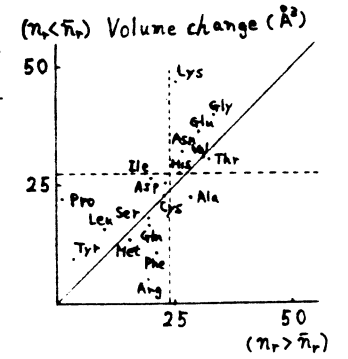
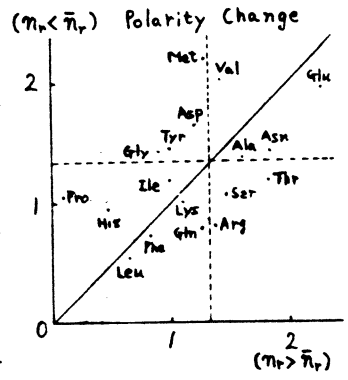


図演 14-F-4 において、置換率はその sites の周辺の環境と深く関係し、 $n_r$  (各残基の  $\bar{r}$  を中心として半径  $r$  の球を描き、その中に存在する他の  $\bar{r}$  の数) が大きくなると共に、置換率は減少することが判明した。この事実は以下のように解釈される。置換率は置換可能な sites の数とその sites における variability より定まる。又一方で蛋白質の立体構造の維持は、その蛋白質が機能を果たす上で重要なので、残基が果たさねばならぬ機能は置換によっても保持されねばならない。よって、 $n_r$  が大きくなると共に、周囲にある残基との物理化学的相互作用は強まり、置換可能な sites は、減少するであろう。更に置換可能な sites における variability も又減少するかもしれない。その結果、置換率が減少するものと思われる。そこで残基のもつ 2 つの性質 (体積, Polarity) が置換によりどの程度保持されねばならないかを、 $n_r > \bar{n}_r$ ,  $n_r < \bar{n}_r$  の 2 領域の sites について調べ、置換の際課されるこの 2 つの性質の保持という制約によりもたらされる variability が  $n_r$  が大と共に減少するかどうかを解析した。下図は、縦軸は  $n_r < \bar{n}_r$ 、横軸は  $n_r > \bar{n}_r$  なる sites における置換により生じた体積又は Polarity の変化の平均値を各アミノ酸毎に plot したものである。(半径  $r$  は  $10 \text{ \AA}$ ,  $\bar{n}_r$  は  $n_r$  の平均) 図中の破線は全平均を示す。残基の体積, Polarity のデータは、Grantham (1974) を用いた。これは、Cyt-C, Hem-d,  $\beta$ , Myoglobin (主に Dayhoff (1972)) を用い、置換の遷移行列を作成し求めたものである。ただし、1 base change により置換されたもののみを考慮に入れた。全平均が、 $n_r > \bar{n}_r$ ,  $n_r < \bar{n}_r$  の sites でほぼ等しいこと、又、各アミノ酸毎の plot は、(データの数が少ないため、それ自体の信頼性には欠ける所が多いが) その分布がほぼ random であることがわかる。このことは、置換可能な sites であれば、体積, Polarity の保持に関する淘汰圧は、その sites の置かれている立体構造内の環境によらず一定であることを意味している。つまり置換可能な sites においては、体積, Polarity の保持という制約からもたらされる variability は、その sites の位置によらず一定であり、 $n_r$  が大と共に置換率減少なる事実は、主に置換可能な sites が減少するためと思われる。Fitch et al. (1970, 1971) は concomitantly variable codon の考えを提唱し、いくつかの蛋白質について、ある時点で置換可能な sites (covariation) の数を求めた。Fitch のこの方法を使い 2 領域での covariation の数を求めることにより、置換率の差が置換可能な sites の数の差により生じるかどうかを検証できよう。この結果も又報告する予定である。



- Grantham, R. Science 185 (1974)
- Dayhoff, M.O. Atlas of Protein Sequence and Structure
- Fitch, W.M. & Markowitz, E. Biochem. Genet 4 (1970)
- Fitch, W.M. J. Mol. Evol. 1 (1971)