

C - 4 蛋白質の内側と外側におけるアミノ酸置換の相違

(Spatial Distribution of Invariant Amino Acids in the Three Dimensional Structure of Homologous Protein)
宮澤三進・郷 通子 (九大・理・生物)

相同蛋白質のアミノ酸配列の比較によって分子進化に関して多くの情報が得られた。その一つに、アミノ酸置換率一定の原理がある。この原理は、二つの問題を含んでいる。

1) 何故 rate が一定か? 2) 何故 rate が、異なる蛋白質で、異なるか?

前者は、Kimura 等により進化の「中立説」という方向へ発展した。後者については、通常、蛋白質の機能の差異によるものと説明されている。しかし、蛋白質の機能の重要性について、定量的考察はなされておらず、この説明だけ不十分のように思われる。

一方、最近、蛋白質の X 線解析が進み、相同蛋白質によつて、アミノ酸配列の差異にもがかります。その立体構造は一般に極めてよく保存されてゐる。(例えば、Cyt-C, globin 族)¹⁾ このことは、立体構造の保持が、蛋白質の機能を保つ上で、本質的に重要なことを意味している。どうだとすると、蛋白質の内側の方が外側に比べ、アミノ酸置換は生じにくくようと思われる。何故なら、内側の残基は外側より、より多くの残基と相互作用をもつ。そのため、内側での置換は、外側に比べ、蛋白質の立体構造に及ぼす影響は、より大きいであろう。今回の報告では、蛋白質の外側では内側より、置換率が下りることを示し、ある残基の置換の生じやすさは、蛋白質の立体構造上でのその残基の占める位置により決定される事を示す。残基が内側に属するか外側に属するかは、次のようにならぬ。その残基の C_α から、半径 r 以内の距離にある他の C_α 原子の数 n を用ひ、(n_{max} + n_{min}) / 2 = n として、n > r をすれば、内側、n ≤ r をすれば外側に属するとする。(図参照) この量は、残基の、周围を取り囲んでいるアミノ酸との相互作用 (Van der Waals energy) が測ったもの) をよく近似していふことが、大井²⁾ の結果より確かめられた。内側、外側での置換の生じやすさを調べるために、不变残基 (相同蛋白質間で置換が全く生じないアミノ酸残基) の内側、外側の分布をみた。(下図参照)

表は、隣接 C_α 原子数を算出するために用ひる半径 r を、5, 7, 10, 15, 20 Å の 5 通りとり、内側と外側に属する各アミノ酸残基中の不变残基の割合の比 (内側 / 外側) を求めた。いずれの蛋白質についてても、半径 r によらず、不变残基は内側の方がより高い割合で存在する。

よって、多くの残基と相互作用している残基は置換しにくることが明らかである。これを考えて、個々の蛋白質分子の置換率の違いも、その蛋白質と相互作用する他の分子等を考慮の上で、内、外を定義することにより、説明され得るようになる。

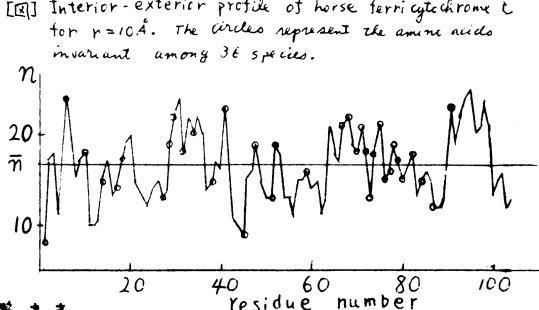
更に講演では、内、外の rate の違いをもたらす要因 (残基間相互作用) が一律どのようなものであるかを、考え方のみ、内、外にかけ 20 種のアミノ酸毎の mutability の比較、又内、外にかけ、置換による物理化学的性質の変化について、半径、polarity の侧面からの分析を合わせ報告する予定である。

• M. GO & S. MIYAZAWA, J. Molecular evolution 掲載中

1) Perutz et al., J. Mol. Biol. 42 (1969) 65-86

2) 大井他 「蛋白質と和ややかで柔軟なコンフォメーション」

文部省科学研究費補助研究、研究報告書文集 (1976)



[表]	半径 r (Å)				
	5	7	10	15	20
Cytocrome C	2.2	1.7	1.7	1.9	2.2
lysozyme	1.1	1.5	1.5	1.3	1.4
lysozyme ^{a)}	1.3	2.0	2.4	2.1	2.4
ribonuclease S	1.1	1.4	1.9	1.9	1.6
myoglobin	1.1	1.2	1.1	1.4	1.2
subtilisin	1.3	1.5	1.6	1.7	1.6
α-chymotrypsin	2.2	5.5 ^{b)}	5.5	4.7	4.4
hemoglobin	1.1	1.0 ^{b)}	1.3	1.1	1.4

a) lactalbumin を含む b) r=7.5 Å