



巻頭言

雑 感

勝部幸輝*

Kendrew らが、1960年にミオグロビンのX線結晶解析に成功し、蛋白質の立体構造を初めて世に示してから30年、今日では350以上の蛋白質の立体構造がX線結晶解析によって決められています。

蛋白質の構造研究は、その蛋白質の作用、作用機構、機能などの研究を伴わない限り無意味なものといえるでしょう。とはいえ、従来のX線結晶解析法で得られた構造から直接に、その蛋白質の機能や作用機構を議論することはかなり無理で、時には誤った結論に導く危険さもあります。

最近、シンクロトン放射光や2次元X線検出器などの開発によって、m秒の時間分割で、反応過程中の酵素や基質の構造変化をX線結晶解析法で追跡できるようになり、また、NMR法による溶液中での蛋白質の動的構造の決定法も確立されようとしております。これらの方法を相補的に用いた構造研究は、蛋白質の機能やその作用機構に対してより高精度の情報を与えるものと思われます。このような、蛋白質結晶学をはじめとする蛋白質分子の立体構造決定手段の発達、および蛋白質の化学合成法、化学修飾法、アミノ酸配列決定法、遺伝子工

学的手法の最近の発展が、従来の蛋白質研究の枠組みを大きく変え、基礎面では動物の記憶や行動などを蛋白質の分子レベルで理解しようとする新しい試みを、また、応用面では蛋白質工学を誕生させました。

蛋白質研究所では、このような蛋白質研究をめぐる最近の新しい情勢に対応するため、「結晶解析研究センター」と「ペプチドセンター」を統合し、さらに遺伝子研究系を加えた新しい「蛋白質工学基礎研究センター」を発足させました。これは、蛋白質研究所独自の伝統と実績をもち、これらの分野の中心的存在であった両研究組織を有機的に結合し、さらに新しい一つの伝統を築いていこうとするものです。さらに蛋白質研究所では、現在、蛋白質分子レベルからのニューロサイセンスに関する研究をも推し進めており、最近では、この分野の我が国での推進役を果たすようになってきました。今後、この分野の研究と前述の構造研究分野の相俟った進展によって、例えば動物の記憶、行動などが、それらに関与する蛋白質の立体構造との関連で詳細に議論できるようになるものと思っています。蛋白質結晶学を学ぶ私にとって、永年の夢であったこのような研究が可能になってきたことに、年甲斐もなく胸をおどらせています。

*勝部幸輝 (Yukiteru KATSUBE), 大阪大学蛋白質研究所所長, 理学博士,