

## 表紙の図について

「しゃくとりむしか、だんごむしか？」

ご存知DNAの二重らせん構造にタンパク質（Transcription Factor: TFIIIA）がへばりついている。DNAは4種類（A, T, G, C）の分子がつながった高分子で、A, T, G, Cがどのような配列になっているかということに、遺伝子の情報が蓄えられている。そして、DNA二重らせんにへばりつくタイプのタンパク質の多くは、遺伝情報の読み出しのスイッチとして働いている。DNAに結合したり、離れたりすることで、遺伝情報の読み出しをON-OFFする。これらのスイッチのタンパク質はDNAの塩基配列をちゃんと読み、特定の配列のところにくっつくことで、その近傍の遺伝子を制御するのである。

ここで疑問を一つ。このタンパク質がDNAに結合したときは、図で見てとおりの伸びた形をしている。それでは、このタンパク質はDNAから離れたとき、どんな形をしているのだろうか？しゃくとりむしは枝から離しても伸びたままでくねくねと身体を動かす。DNAから離れたスイッチのタンパク質も伸びたままでくねくねしているのだろうか？それともだんごむしのようにくると丸まって球状になってしまうのだろうか？

少なくともタンパク質の立体構造のデータを蓄積しているデータベース（pdb）には、DNAから離れたときの、このタンパク質の立体構造は報告されていない。もしこのタンパク質が単独でも伸びていてふらふらと動いているとしたら、それはタンパク質という生体機能を担う高分子の構造形成の一般論に対して、非常に重要な問題を投げかけているような気がする。タンパク質の立体構造形成を考えると、研究者はついジャガイモのように球状のタンパク質をイメージしてしまうからである。

バイオインフォマティクスという学問分野が最近生まれている。ヒトゲノム計画の産物として、さまざまなモデル生物のゲノムが解析された（全DNA塩基配列が解読されたという意味）。得られるデータ量の大きさから必然的にコンピュータ技術が利用されるようになるし、その中から生物学的意味を抽出する情報科学的な手法も多用される。しかし、こうした新しい流れと同時に、ほとんど半世紀もの歴史があるコンピュータによるタンパク質の立体構造解析（予測）が、バイオインフォマティクスの柱の一つとなっている。しゃくとりむしかだんごむしかというような基本的な疑問もこれからの問題なのである。

バイオインフォマティクスには未解決の問題がたくさんあって、その一端を若い人たちに知っていただきたいと思ったというのがこの表紙の趣旨である（この複合体の構造に関してはpdbのTFIIIAを参照していただきたい）。

（名古屋大学大学院工学研究科：美宅 成樹）