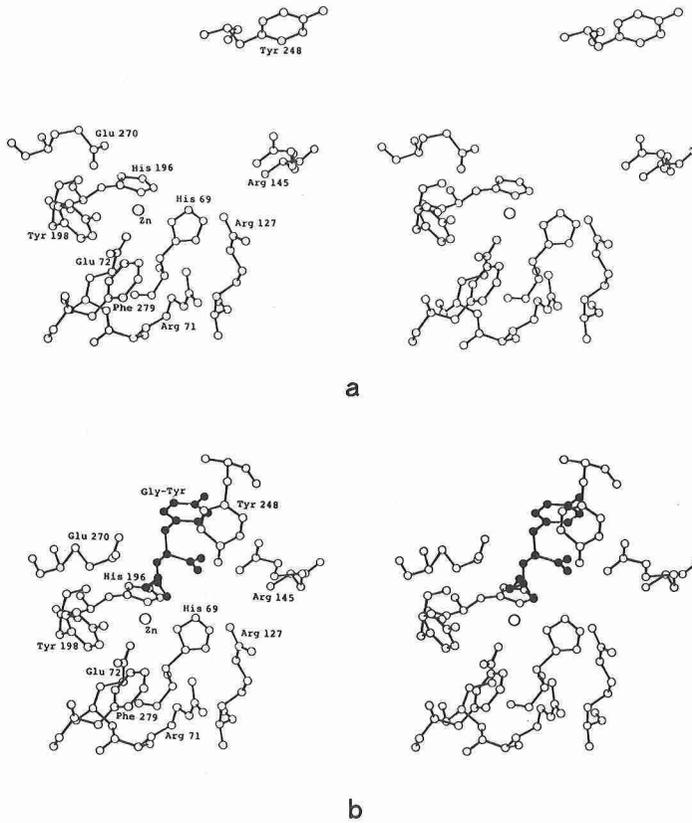


廣 報

(題字は柴田雄次名誉教授)

東京大学理学部



目 次

曜日の公式など	岩 堀 長 慶… 3	電子顕微鏡写真からの三次元像再	
銀河系プラズマの研究	海野和二郎… 5	構成 — 特に筋収縮などの生物物	
学会で発表出来ない研究	佐佐木行美… 7	理への応用 —	若 林 健 之…12
最近の核融合研究	遠 山 潤 志… 8	<学部消息>	17~19

タンパク質の分子構造と機能 II

(表紙説明)

今回も前号にひき続いて、ブルックヘブン国立研究所編集のタンパク質データバンクに収められている結晶構造データから、酵素タンパク質カルボキシペプチダーゼAの構造を立体図に描いてみた。

カルボキシペプチダーゼAは牛の膵臓から得られるタンパク質分解酵素で、分子量は34600、活性部位に亜鉛イオンを1個もち、いろいろな点で前号のサーモライシンとよく似ている(研究の歴史はカルボキシペプチダーゼのほうがはるかに古い)。

表紙のaはこの酵素の活性部位付近の構造で、亜鉛の近くにあるアミノ酸残基のうちで機能発現に関与していると考えられているものを選び出して描いてある。亜鉛の配位子としては2個のヒスチジン(His69, His196)とグルタミン酸(Glu72)、触媒作用をもつ残基としてはチロシン(Tyr248)とグルタミン酸(Glu270)、基質との結合に関係するものとしてはアルギニン(Arg145)が考えられている。残

りの残基(Arg71, Arg127, Tyr198, Phe279)は大きな基質が結合するときのサブサイトを構成するものである。bはこの酵素に基質グリシルチロシン(黒い玉で示してある)を結合させたときの構造で、Tyr248, Glu270, Arg145が動いていることがわかる。特にTyr248は約12Åも移動して基質に近づいてきており、基質の結合によるコンホメーション変化(誘導適合)の典型的な例であるとされている。

このX線結晶解析は、昨年ノーベル化学賞を受賞したW.N.Lipscombらの業績によるものであるが、これに対してB.L.Valleeらはこの酵素の活性部位の構造が水溶液中と結晶中で大きく異なっている可能性を分光学的研究によって示し、その後現在に至るまで熱い論争が続いている。非常に多くの研究がなされている酵素であるだけに、この論争のゆくえは興味深い。

(生物化学教室 田隅三生)