

生物学の対象であるタンパク質は、物理学的方法論の対象たり得るか？

横浜市立大学 木寺詔紀

一般的に、物理学的方法によって、物質の一般原理を論じるとき、物質の多様性、またその微細な構造・物性を何らかの疎視化の過程で消し去り、ひとつの物理的に抽象化された概念・モデルとして対象を捉える。はたして、そのようにタンパク質を見ることはできるのだろうか。例えば、流体の臨界現象のように、臨界点近傍で、物質は微細な構造の違いを超えて共通するスケール則に従い、そこから離れてくるとそれぞれの個性が見えてくる、などというときの臨界状態に対応するような概念をタンパク質で想定することは意味があるだろうか。臨界状態の考え方に従って、タンパク質をひとつの高分子鎖だとみれば、分子量無限大で「3次元空間にあるスピン自由度=0の系」という化学構造によらない一般性に到達する、という高分子物理学の自己排除鎖の記述があり得る。しかし、そのような記述の中には、タンパク質の基本的統一的理解につながるべき何物も残されていないように思われる。

それではなにが、タンパク質研究における価値観か。分子生物学のパラダイムはその全体像をセントラルドグマに求めてきた。即ち、生命現象は、遺伝子から転写・翻訳を経て、フォールディング、機能発現と伝達されるセントラルドグマに対応した遺伝子情報の実現過程として捉えられており、物質としての折れたたまった高分子鎖としてのタンパク質の理解が目的ではない。博物学をその基礎におく生物学の価値観に基づけば、ゲノムに記載されている多様な遺伝子情報とそれに対応する多様なタンパク質のすべてをそのまま抽象化して一通りに議論することはできないだろう。物質それ自体ではなく、情報の変換過程の一般論を論じなければならない。

ひとつの課題として、物質科学のことはでいかにタンパク質の機能を分析的に表現するか、を考えてみよう。生物学では、タンパク質機能は遺伝子配列に対する注釈(annotation)として記述的、現象論的に与えられている。その記述を、物質科学的立場から要素過程に分解し、最終的にはそこに現れる原子の配座と相互作用を時間の関数として、曖昧さを残さず記述し尽くさなければならない。生命現象を還元的に原子レベルの運動・相互作用・反応などという物質科学のことに分解して記述することが、第一段階である。

仮にそのようにして、機能の分析的な表現が数多くのタンパク質で可能になったとして、次の課題はそのような多様性からどのようにして一般性を抽出できるかである。我々の目的は、情報の変換過程にあり、物質それ自体としてのタンパク質にはない。相互作用の多様性は、単にその起源であるアミノ酸配列の多様性が写し取られたに過ぎないと考える。求めるべき一般性は、配列の多様性と立体構造・機能の多様性を結びつける情報の変換の一般的原理である。ここで想定される一般的原理の最終型は、超然とした抽象概念としての物理的原理ではなく、ある種のトランスデューサのようなものになるだろうと想像する。多様な高自由度の入力に対して、それに対応した多様な高自由度の時間変化を含んだ出力を与えるような。

さて、それは可能か。それが、表題の答えとなる。