

りでないとするならば、統計物理学を分子生物学を介して生命現象に結び付けるというこれまでの生物物理学や、生体物性論的な行き方の他に、もう一つ、統計物理学と生物学とを直接結び付けるという必要性が生じてくるものと思われる。こゝに、この研究会が求めたかった方向がある。そして、更には、このような接触において、物理科学と情報科学と生物科学という三者の統一的理解が可能になってくるのではあるまいか。

以上は言うは易いが行うは難い。こゝで望まれるのは、対象との対決の重要さということであろう。地味ではあるが真実の積み上げが必要である。この意味において、結論を急いだり、自己の信念に忠実な余り、他のアプローチを排除することは避けたいと考える。

「生体高分子の特異的立体構造の統計力学的安定性 一次構造の heterogeneity の影響」

九大・理 郷 信 広

物性物理学では「もの」とその「状態」とを対置して認識し、与えられた「もの」が、異った環境のもとで異った「状態」をとることに興味をもつ。例えば温度というパラメータを変えることによって、鉄が常磁性体から強磁性体に転移することに興味をもつ。これは「もの」の潜在的に持っている性質が環境の変化によって開示されるものと理解される。生物の「状態」としての特長の1つは、「生きている」状態が、平衡状態から大きく離れた所で実現されていることであろう。平衡状態から大きく離れた所で起る物理現象としてよく引用されるものに対流におけるベナード・セルがあるが、これは、それ自身生物ではない。生物の特長のもう1つの側面は、それを構成している「もの」の多様性にある。この多様性は、遺伝機構の必然的な結果であるが、物性物理的に言えば、

生物は「もの」の複雑多様さの方向の極限に存在している状態である。これからの生物物理学は、構成している「もの」の多様性の側面と、生きている状態が平衡状態から大きくはずれている側面の両面をにらみながらおし進めてゆくべきものと思われる。

さて複雑多様なものとはなにか？最も重要なのは核酸と蛋白質である。分子生物学の発展以前には、これら生体高分子の複雑多様さは、全く手のつけられないものと言う感じであったが、最近20年間の研究によって、これら生体高分子が、核酸においてはわずか4種、蛋白質では20種の低分子の重合してできた高分子であることが明らかにされ、これらの分子の間のかかわり合いも、非常に簡単なものであることが分った。

生体高分子の機能を理解するには、しかし、高分子の化学組成だけでなく、その立体構造をも知る必要がある。DNAのもつ機能（遺伝情報の保持・伝達）は、DNAのとる簡単で規則的な二重らせん構造にもとずいて理解し得る。これに対して蛋白質の立体構造は、X線解析法によって明らかにされて来たが非常に複雑で、簡単な規則性はみられない。しかし、個々の蛋白質の特異的立体構造は、個々の蛋白質の特異的機能を理解する上の基礎となるもので、蛋白質を理解する上で避けて通れない本質的なものである。ところで、この特異的立体構造は、Anfinsenによって自由エネルギー極少の原理によって定まっていることが示された。そこで、この性質を利用して、理論的に特異的立体構造を定めようと言う試みがなされたが、その結果、自由エネルギーの極少点は非常に多く存在することが明らかとなり、蛋白質の結晶中および溶液中での立体構造とはエネルギー的にみて何であるか反省を強いられることとなった。

重水中に溶かした蛋白質における、DeuteronとProtonの交換の実験からは、蛋白質の立体構造の「息吹き」という概念が生まれた。すなわち溶液中で蛋白質の立体構造は大きな揺動をしていると言うのである。アロステック蛋白の概念にも、実は、立体構造の揺動が陰に仮定されている。そこで、結晶のX線解析から得られた硬い蛋白質のイメージと、H-D交換等から得られた柔らかい蛋白質のイメージとの矛盾をとり除くことが問題となる。これは、生（なま）の蛋白質の立体構造は統計力学的にいかなるものであるかと言う問題である。この問題は、当然蛋白質の変性の機構ともからんで来る。球状蛋白質の変性過程の特長は、それがall-or-none的に起ることである。すなわち個々の蛋白質分子に着目すると、それらは、すべてほぼ完全に生（なま）の状態であるか、

完全に融けたランダム・コイルの状態のいずれかにあり、その中間の状態の存在確率は小さい。この変性過程の振舞いを理解することは、生の状態の統計力学的理解には必須のことである。そこで、高分子の格子模型において、最隣接格子点を占めるセグメント間には引力が働くようにして解析してみると、球状状態とランダム・コイル状態の間のゆるやかな転移は出るが、この転移において個々の高分子は all-or-none 的には振る舞わない。実際の蛋白質の変性過程と、このモデル系の振る舞いの違いは、蛋白質は 20 種のアミノ酸が重合してできたヘテロ・ポリマーである事に由来するのであろう。ヘテロ・ポリマーであるためにその蛋白質に特異的な立体構造が特に安定化され、それから少しはずれ構造は急激に不安定となり、その結果個々の分子が all-or-none 的に振る舞うのであろう。この点を調べるための計算機実験を準備中である。この様な研究を通して溶液中の蛋白質の立体構造の理解が進むことが期待される。

生体物質の濃度分布に関する運動の定常解

京大基研、京大理^{*} 垣谷俊昭、多田宏子^{*}

生体の営みは物質の濃度分布、エネルギー分布等について平衡から遠くはなれた状態でおこなわれている。そして非平衡状態にあることが、生体の物質代謝の制御をたくみに行なわせていると考えられる。ところで生体の制御の機能を高めていゝを要素として、極度に機能を専門化した優秀な物質（蛋白質、核酸、脂質、イオン、その他）と、それら物質の機能を結合させる巧妙な回路網の二つが重要である。我々はここでは後者の回路網のしくみについて考える。まず生体に於ては、物質の流れやエネルギーの流れは外からの刺激に対してかなり安定でなければならず、又免疫、再成、適応等の変化の機能も兼ね備えていなければならない。従って系の制御は安定性と可変性をもっている必要がある。このような性質は平衡から遠くはなれた定常状態が幾種類も存在し、それらの