

社団法人日本化学会 バイオテクノロジー部会

# NEWS LETTER

*Division of Biotechnology, The Chemical Society of Japan*

Vol. 5, No. 1 (2001.5.10)

## 目 次

|                   |    |
|-------------------|----|
| ◆巻頭言 .....        | 1  |
| ◆研究紹介 .....       | 2  |
| ◆学会見聞録 .....      | 7  |
| ◆掲示板 .....        | 10 |
| ・第5回バイオ部会シンポジウム案内 |    |
| ◆編集後記 .....       | 11 |

## バイオテクノロジーにおけるバイオインフォマティクス

甲南大学理工学部・HRC 杉本 直己

今年（2001年）2月、遂に、Nature 誌と Science 誌にヒトゲノムの解読内容の詳細が報告された。昨年、当時のクリントン米国大統領が、ホワイトハウスで世界に向けてヒトゲノム解読の終了を発表していたので、いよいよ来たかという感じである。偶々2001年という新しい世紀の最初の年にこの報告がなされたこともあって、新しい「紀元」を擬して、2001年をバイオサイエンスの新「A.D.」と呼ぶ向きもある。つまり、「Anno Domini」ではなく、「Anno DNA」というわけである。

このような状況下、すでにポストゲノム研究が進展している。核酸やタンパク質の構造と機能の研究、プロテオーム解析、遺伝子や SNPs（ゲノム一塩基多型）の探索、ゲノム創薬、アンチセンス医療など、あらゆるポストゲノム研究でゲノムの解読情報が利用されている。また、ゲノムの解読情報をさらに有効に利用するため、多種多様な情報をデータベース化しようとするバイオインフォマティクス（生命情報科学）も盛んになってきた。

一方、バイオテクノロジーに関してはどうであろうか。ラショナル法とランダム法が盛んである。ラショナル法に関しては、機能性タンパク質の高次構造が明らかになるにつれ、その活性部位をさらに高機能化するような変異を導入する方法や超分子の開発が流行している。また、ランダム法に関しては、インビトロ選択やコンビナトリアルバイオエンジニアリング、ファージディスプレイ、モレキュラーインプリンティングなどの手法が主流になっている。ラショナル法もランダム法も、バイオテクノロジーとして、これからますます有望である。

しかしながら、ゲノムにおけるバイオインフォマティクスに相当するようなデータベース化は進んでいるのかと問われれば、答えは甚だ心許ない。いろいろな手法でいろいろな有用分子の探索や開発が進んではいるが、例えば、どのような場合に疎水性相互作用が何%働き、どのような条件なら水素結合が何%働くのかというデータが集約できていないのである。それゆえ、新しい分子の開発は各論的な手法や予測に限定され、一般化されたバイオテクノロジーの創製には程遠い。

多くの研究室が各々のデータを提供し、さらにその集約に協力し、データベース化が可能になれば、新しい分子の探索や開発の指標になるだけでなく、生命の本質の相互作用は何なのかという命題の答えが得られるかもしれない。その第一歩を、このバイオテクノロジー部会からはじめてみては如何であろうか。望外の成果が得られ、2001年がまさにバイオテクノロジーの新「A.D.」となるかもしれませんぞ。

## 星形ポリアミノ酸の合成と光学異性体分割機能

愛媛大学 工学部 応用化学科

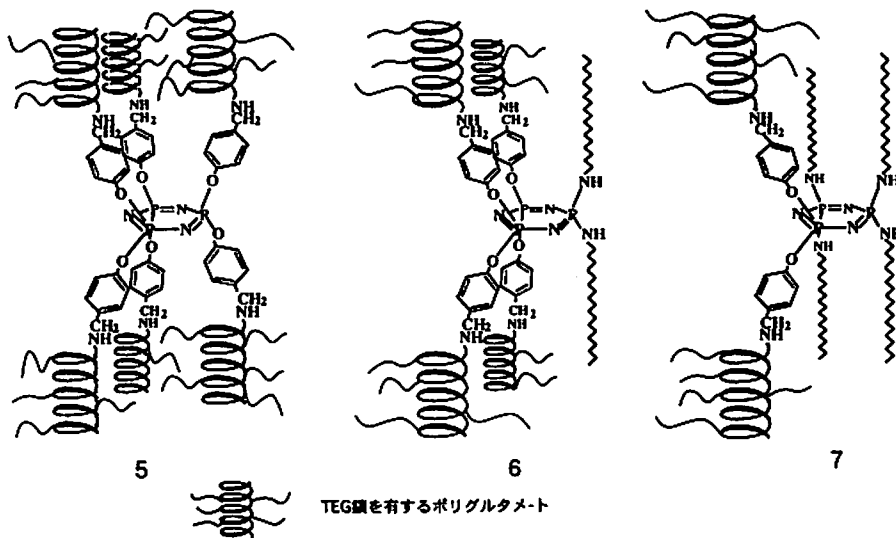
井上 賢三

生体分子は特定の二次構造を有するポリペプチド鎖が水素結合、疎水相互作用等により機能性基を有する定められた位置に配置し、特有の機能を発揮している。このような生体分子を模倣し、分子レベルの認識に由来する機能を合成高分子に付与するためには意図した形状を有し、弱い結合・作用をも利用した高度に構造制御された高分子構築が機能を高める上で不可欠と考えられる。光学異性体認識機能を持つポリマー-膜は学術的、工業的に興味ある分野として、ポリアミノ酸誘導体を含む様々なポリマーを用いた研究が報告されてきているが、高い光学異性体分割機能を有する例はまだ極めて少ない<sup>1,2</sup>。

ヘキサクロロシクロトリホスファゼン (1) は有機-無機ハイブリッドポリマーのモノマーとして古くから用いられている。この環状ホスファゼンを、例えば、p-ヒドロキシ安息香酸エチルエステルで全置換し、その後加水分解したホスファゼン誘導体 (2) と6個のピリジル基を有するホスファゼン誘導体 (3) を1:1で混ぜ合わせると、水素結合により2と3が交互に並ぶシリンダー-状超分子を構築する。他のホスファゼン誘導体のx-線構造解析結果とも併せると、このことはほぼ平面構造をとる環上に導入されるp-置換フェノキシ基は環を挟み、上下に3個ずつ存在することを意味している<sup>3-5</sup>。

6個のアミノ基を有するホスファゼンを重合開始剤としてアミノ酸無水 (NCA) の重合を行うと、ホスファゼンを核とする6本鎖星型ポリアミノ酸誘導体が得られる<sup>6,7</sup>。このNCAの開環重合はリビング重合的に進行するため、開始反応が成長反応より速ければ核上の各ポリマー鎖は分子量が揃ったアームとなる。実際、 $\text{NH}_2\text{CH}_2\text{C}_6\text{H}_4\text{O}$ -基を導入した開始剤 (4) を用い得られたポリマーの分散度 ( $M_w/M_n$ ) は1.05-1.30と狭く、GPCより求められた分子量と計算値はほぼ一致することから、各鎖は揃っていると考えられる。この星形ポリ ( $\gamma$ -ベンジル-L-グルタメート) は、一本鎖当たりの重合度が10程度以上となると右巻きのヘリックス構造をとる<sup>6</sup>。

このようなポリマーにエステル交換反応で親水性基であるトリエチレングリコールモノメチルエーテル (TEG) (5) を側鎖に導入し、多孔質テフロンメンブランに充填した後、サンドイッチ型透過セルにセットし、D,L-アミノ酸の透過を行った。図1に示すようにこの膜はTrpでは100% eeで長時間



に渡ってD-体のみを透過し、PheとTyrを用いた場合には、それぞれ32 %ee, 45%eeでD-体を選択的に透過した。ベンジルアミンから得た通常の1本鎖で類似構造をもつポリグルタメート膜ではこのような分離機能は認められない。星形ポリマーの光学異性体分離機能は核として用いたホスファゼンの上述したような構造的特徴に由来し、ポリグルタメート鎖はホスファゼン環上下に3 $\alpha$ -ヘリックスバンドル構造を形成し、それらが側鎖間相互作用により集合・組織化し高度な認識機能が発現していると考えられる。

このような集合・組織化は、疎水性長鎖アルキル基を核として用いるホスファゼン環の同一P原子上に導入することにより、より有効に起こると考えられる。TEG鎖を有する4本鎖ポリグルタメート(6)を同様にテフロン膜に充填し、PheとTyrの透過を行うとこの膜はより高い分離機能を示し、D-体をそれぞれ66%ee, 82%eeで分離した<sup>8</sup>。一方、2個の同一P原子にアルキル基を導入したポリグルタメート膜(7)では、グルタメート鎖の集合化が低下するため分離機能はTrpで40%eeと低下し、PheではD-体の優先透過はまったく認められなかった。

デンドリマー、高分岐ポリマー、星型高分子など従来検討されてきた線状高分子とは異なる構造を有するポリマーの機能性について極めて広範な分野で検討されており、最近ではこのような高分岐ポリマーと水素結合、配位結合等を巧みに利用した超分子の構築とその機能性についての研究例も報告され始めている<sup>9</sup>。ここに述べた星形ポリアミノ酸の組織膜による光学異性体の分離は、従来にない新しいタイプの光学異性体分離膜であり、三次元構造構築に伴う機能発現は生体高分子の模倣をベースとする機能展開という点で重要と思われる。

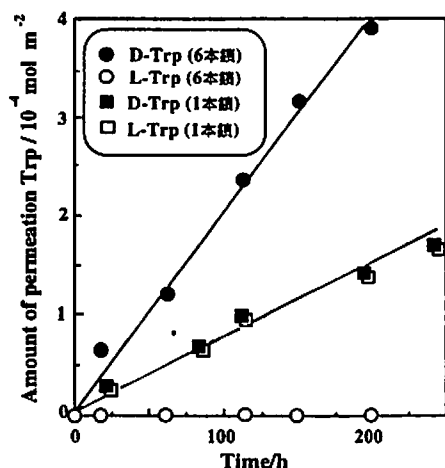


Fig. 1 Permeation behavior of racemic Trp through membrane 5

- (1) N. Ogata, *Makromol. Symp.*, **77**, 167 (1994). (2) A. Maruyama, N. Adachi, T. Takatuski, M. Torii, K. Sanui, N. Ogata, *Macromolecules*, **23**, 2748 (1990). (3) K. Inoue, T. Itaya, N. Azuma, *Supramol. Sci.*, **5**, 163 (1998). (4) T. Itaya and K. Inoue, *Bull. Chem. Soc. Jpn.*, **73**, 2829 (2000). (5) T. Itaya and K. Inoue, *Bull. Chem. Soc. Jpn.*, **73**, 2615 (2000). (6) K. Inoue, H. Sakai, S. Ochi, T. Itaya, T. Tanigaki, *J. Am. Chem. Soc.*, **116**, 10783 (1994). (7) K. Inoue, A. Miyahara, T. Itaya *J. Am. Chem. Soc.*, **119**, 6191 (1997). (8) K. Inoue, S. Horibe, E. Ihara, unpublished data. (9) K. Inoue, *Prog. Polym. Sci.* **25**, 453 (2000).

## 研究紹介：嫌いこそもの上手なり：PURE システムの開発へ

東京大学・大学院新領域創成科学研究科・先端生命科学専攻  
教授 上田 卓也

物理と化学で大学受験をした筆者にとって、教養課程での生物学の講義は苦痛以外のなにものでもなかった。試験はみごとに不可、さらに追試では教官に問題を教えてもらいながら、堂々の赤点を取り担当教官に絶句された記憶がある。ともかく暗記することが多く、また理論的裏付けの少ない理論に満ちた生物学にはなじめず、足を踏み入れこともなからうと考えていた。しかし、そうした生物学にイメージを変えてくれたのが、下北沢の古本屋で気まぐれに購入した、ケンドルーの「生命の糸」という本であった。ヘモグロビンの構造を決めた作者による、生物が分子から構成されており、その分子には決まった形があるとする内容は、捕まえどころのない生物というイメージを一変させるものであった。この本との出会いがきっかけの一つとなり、分子生物学の世界に踏み入れたわけであるが、生物は分子から構成されており、組み立て可能な分子機械であるとするコンセプトは、筆者が生物学の分野になんとか踏みとどまっていたら、大きな理由である。

さて、分子生物学の創成期において、セントラルドグマの提唱は重要な出来事であった。すべての生物において、核酸の情報が蛋白質へと翻訳されるプロセスが必須であり、その意味で生命を支える中心的な分子メカニズムである。筆者は、この翻訳機構の成立こそ生命の起源そのものであろうと考え、tRNA やリボソームについての研究を、大学院時代から、一次の切れ目はあるものの、細々と地道に進めてきた。そうした中で、衝撃的な出来事が、ロシア（当時はソ連）の蛋白質研究所（科学アカデミー）の A.Spirin 教授らの、細胞の抽出液を用いて、蛋白質を大量に合成しようとする試みであった。特に、1988年 Science 誌に掲載された、アミノ酸やエネルギー源を恒常的供給することにより、蛋白質合成時間を数十時間まで継続させることに成功したという報告は、きわめて野心的なものであった。もし、このシステムが発展すれば、遺伝子組み換えによる蛋白質生産に変わる革新的なバイオテクノロジーとなることは間違いないであろうと思われた。当時は、遺伝子操作により有用蛋白質を生産するという研究が花盛りの時代であり、正直に言えばそうした流行がいやでたまらず、テクノロジーとはもっとも縁遠い翻訳メカニズムに研究を進めていた筆者には、まさに目から鱗が落ちる思いのした論文であった。ひょっとすると、もっとも基礎的な研究というのは、応用面ではきわめて先端的になり得るのではないか、という気になった。そこで、大腸菌などのバクテリアの抽出液を用いて、蛋白質を生産する研究を、1990年ごろから開始した。

しかし、実際研究をスタートさせると、なかなか一筋縄ではいかないことに気づかされた。特に、バクテリアの抽出液を用いた場合、その生産性の再現性が得られず、頭を悩ませることとなった。この経験から、このシステムの問題点は二つあるのではないかと考えられた。一つは、蛋白質合成に関与する因子が、抽出液の調整の段階で、失活している可能性であり、もう一つは、系内のヌクレアーゼの存在である。後者に関しては、mRNA を安定化することを試みた。具体的には、ホスホジエステル結合に硫黄を導入したホスホロチオエートmRNA を用いると、蛋白質の合成効率の向上が観察された。通常のmRNA は10分もたてば半分は分解されてしまうが、この安定化により、30分以上

に半減期を延ばすことに成功した。

しかし、前者の因子の失活防止については、解決策も見いだせないままに何年かがすぎた。愛媛大学の遠藤教授のグループは、小麦の胚芽を丁寧に調整することにより、安定で合成効率の高い抽出液を得ることに成功したが、不器用な筆者としては、誰でも作れるシステムを指向すべきではないかと、考えていた。そこで、ケンドルーの本に立ち返り、生物のシステムは分子から組み立てられるはずであるという考えから、アプローチをすることにした。

バクテリアの蛋白質合成系を構成する分子はおそらく200種類は下らないであろう。これらをすべて精製し再構築することは、たいへん困難であることは言うまでもない。そこで、その中から、31種類の、可溶性の蛋白性の因子に的をしぼり、大量発現し、精製をすることとした。31種類の蛋白質は、翻訳の開始、伸長、終結に関与する11種類の因子と20種類のアミノアシル tRNA 合成酵素である。すでに大腸菌のゲノム情報は決まっていたため、ゲノムDNAからPCR法により発現ベクターへとクローニングし、his-tag 融合蛋白質の形で発現させることに成功した。さらに、電気泳動的に単一バンドまで精製し、また活性も十分に保持している形で精製されていることを確認した。リボソームや tRNA についても、十分な精製度が高い標品を調整した。これらの作業は、たいへん地道な実験であり、再構築が可能かどうかの目途のないものであったが、大学院生の清水義宏君とポスドクの井上暁夫君の注意深くまた忍耐のいる努力により、2年あまりで終えることができた。そして、これらの因子から再構成した蛋白質合成系は、幸運なことに、十分な合成活性を示したのであった。この系は、真の意味で、生体外蛋白質合成系と呼ぶことができるであろう。現在いくつかの蛋白質の合成を試しているが、1ml 当たり 0.1mg 程度の蛋白質の合成活性を示している。筆者らは、この系を“Protein-synthesizing using recombinant elements”の頭文字を取って、PURE システムと名付けている。PURE システムは、まだ産声を上げたばかりであり、現在その特性を解析しているところである。まだ、ひ弱なシステムと言わざると得ないが、このシステムは、たいへん将来性に富むものと自負しており、大事に育てて行きたいと考えている。

ケンブリッジで生まれた分子生物学は、生命を分子の視点から観察することにより、20世紀後半のもっとも輝かし学問となった。ゲノム計画の発展により、分子生物学が21世紀において変容する予感誰も感じているに違いない。筆者は、その発展の一つが、「創る生物学」ではないかと、考えている。つまり、分子レベルで観察する「見る生物学」から分子から生物のシステムを再構築し、細胞を作ろうと方向へと発展するのではなかろうか。筆者らは、蛋白質合成のシステムについては、その試みに成功することができた。このPUREシステムが、「創る生物学」の誕生のきっかけとなることを願っている。

【参考文献】ケンドルー、「生命の糸」みずず化学ライブラリー；Spirin, A. S. *et al.* *Science* 242, 1162-1164, 1988；Ueda, T., *et al.* *Nucleic Acids Res*, 19, 547-552, 1991；Tohda, H. *et al.*, *J. Biotechnol.*, 34, 61-69, 1994；Shimizu, Y. *et al.*, submitted

## 研究紹介：新原理の免疫測定法「オープンサンドイッチ法」の開発

東京大学・院・新領域創成科学研究科・先端生命科学専攻  
助教授 上田 宏

突然で恐縮だが周知の如くサンドイッチは、二枚のパンの間に具が挟んである。一方外国へ行くと皿の上に一枚パンを置きその上に具が載っていて好きな味付けをして食べるオープンサンドイッチが結構人気がある。挟まない皿なしでは具が落ちてしまって食べにくい等、日本で不人気な理由は色々考えられるが（でもピザやお好み焼きは流行っている）、それはともかく最近私たちはそんな名前の測定法を開発したので以下に紹介したい。

ご存じ我々の体内で外敵（抗原）からの防御の最前線を担当する抗体は、H鎖とL鎖の二本鎖から出来ており、これらの可変部位 VH,VL と呼ばれる部分で抗原に結合する。この部分だけあれば抗原に結合できるという訳で、最近では可変部位のみを大腸菌で安価に製造して免疫測定試薬にしたり、更に多様な可変部位をライブラリとして繊維状ファージ上に提示して選択し、その後大腸菌で大量生産することで、従来のモノクローナル抗体法よりも格段に早く安価に目的抗体を得られるようになってきている。しかし可変部位 Fv には小さい故の弱点もあり、そのうち最も大きな問題として VH/VL の間に共有結合がないので相互作用が弱く、不安定である事があげられる。このためこれらをペプチドリンカーや SS 結合でつないだ scFv や dsFv 等が開発されてきているが、筆者らはこの性質、すなわち VH/VL 間の相互作用が弱いことを逆にうまく利用することで迅速に抗原濃度が測定できる事を示してきた。その発端は、半ば偶然遭遇した抗リゾチーム抗体 HyHEL-10 において、抗原非存在下では VH/VL 相互作用は非常に弱いのが抗原が結合すると VH/VL 相互作用が顕著に安定化することが分かった事にある。それまで我々は、抗原で活性化可能な細胞表面受容体を作製する目的でこの様な性質を持つ抗体断片を探し求めていた。しかし正直言ってそれまで試していた抗体では残念ながらその様な性質はそれ程明確ではなかったのである。この時の偶然には極端に言えば神に感謝する他はない様にさえ思うのだが、その後我々は類似の性質を持つ抗体であれば、VH と VL の会合を何らかの方法で検出することで抗原濃度を迅速に、極端な場合一瞬で測定できる、という事を色々な系で示してきた。その場合の検出法は酵素免疫測定であったり蛍光や発光のエネルギー移動であったり細胞増殖だったり色々だが、それらの方法は全て抗体を一個しか必要とせず、また小分子から蛋白まで抗原の大きさに関わらず測定が可能である、という特徴がある。特に小分子物質を非競争的かつホモジニアスな系で測定できる免疫測定系は現在のところ我々の方法以外にない。その意味では更なる発展への期待も大きい様に感じている。ちなみにこの測定法をオープンサンドイッチ法と名付けた所以であるが、通常行われる2個の抗体分子で抗原を挟んで測定する方法をサンドイッチ法と呼ぶのに対し、我々の方法は1個の抗体（パン）の上に抗原（具？）が乗っている様な具合であるというのがその理由である。問題は今後この方法が既存の測定法との競争に負けずに普及するかどうかであるが、このためにはやはりこの方法に適した抗体を迅速に得る一般的方法論の開発が不可欠と思われる。このため現在既存の抗体から良いものを選ぶ方法と、この方法に適した抗体をライブラリから選択していく二種類のアプローチで問題を解決すべく努力を重ねている所である。またこの様な二つの分子の結合が他の分子の影響で変わる現象は最近抗体以外の系（シクロスポリン結合蛋白, aptamer 等）でも注目されている。基礎的分子論の観点からも、こういった現象はもっと追求する価値のあるテーマであろう。

【参考文献】 Ueda, H. *et al.*, *Nature Biotechnology* 14, 1714-1718, 1996; Suzuki, C. *et al.*, *J. Immunol. Methods* 224, 171-184, 1999. ; Ueda, H. *et al.*, *Biotechniques* 27, 738-742, 1999. ; Arai, R. *et al.*, *Protein Eng.*, 13, 369-376, 2000.; Ueda, H., *et al.*, *J. Immunol. Methods* 241, 159-170, 2000.; Suzuki, C., *et al.*, *Anal. Biochem.* 286, 238-246, 2000.; Arai, R., *et al.*, *Anal. Biochem.* 289, 77-81, 2001.

Arabidopsis Genomics Meeting 見聞録

愛媛大学工学部 澤崎達也

Arabidopsis Genomics Meeting が12月7日から4日間、アメリカ・マンハッタンから電車で40分程度の距離にある Cold Spring Harbor Laboratory で行われた。本ミーティングは、モデル高等植物であるシロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*) のゲノム構造解析、バイオインフォーマティクス、そしてゲノム情報をもとに網羅的な解析、それらを研究する者達が一同に介する第3回会議である。参加者はアメリカを始め、フランス、オランダ、日本など多くの国々の大学や国の研究機関、そして今回特に目立ったのはベンチャー企業から多数の発表および出席があったことである。本ミーティングの開催中に、Nature 誌上に高等植物で始めてシロイヌナズナの全ゲノム構造解析が発表されるとあり、エキサイティングな達成感で会場は包まれていた。それと同時に、これらの成果を踏まえて、ポストゲノムで何ができるのかについても非常に熱心な議論が交わされていた。

研究の大きな流れは、マウスなどと異なり植物の場合では目的の遺伝子をノックアウトすることができないため、片っ端から T-DNA やトランスポゾンを用いた挿入突然変異体の作成、そして表現型が“面白いもの”のスクリーニングと解読されたゲノム上へのマッピング、そこから挿入部位近傍遺伝子の同定および発現解析を行う。また、逆のアプローチとして、面白そうな遺伝子を過剰発現させ、その表現型を調べる。さらにこれらの延長として、DNA チップと組み合わせ、表現型では検出できない遺伝子群のスクリーニングと解析が行われていた。

しかし、これらのアプローチはいわばゲノムの配列が決定される前から行われていた解析であり、ゲノム解析の恩恵は単に時間が短縮されたに過ぎず、ミーティングに参加した多くの人達は、ポストゲノムの新たな方法論を模索している段階であるとの強い印象を持った。

ゲノム配列は確かに様々な“情報”を我々に提示したけれども、具体的な“もの”を与えたわけではない。それを埋める今後の流れとして、アメリカのベンチャー企業、フランスの国立の研究所、そして日本の理化学研究所のグループは、ゲノム上の遺伝子数の“情報”をもとに、“全”遺伝子の完全長 cDNA をそろえる計画を進めていた。約2万5千個といわれる遺伝子を手に入れ、タンパク質の構造解析や単なる表現型だけではない“遺伝子の機能”の網羅的な解析に向けた新たな熱い戦いを感じずにはいられなかった。



## 第2回構造ゲノム科学国際会議と米国ハイスループット蛋白質X線解析企業訪問

三菱化学・横浜総研、三菱化学生命研

フェロー 松崎尹雄

ヒト・ゲノム・プロジェクトに続く国際協力研究として、すべての蛋白質の3次元構造を決定しようという、構造ゲノム科学が動き始めた。国際協力の政策的合意を目指して、2000年4月に英国で第1回国際会議が開催され、課題列挙とワーキング・グループ形成が行われた。第2回国際会議は、2001年4月4-6日に約150人が参加して、ワシントン D.C.郊外で開催された。日本からは文部科学省から3名、理研6、大学6、国研2、企業2、報道1名の合計20名が参加した。基本的には、ワーキング・グループの報告をたたき台に議論し、下記の項目について合意することが承認された。“米国の特許制度が日欧と異なることを考慮すべし”という日本の強硬主張は良く認識され、合意に反映された。この合意は、公的研究資金を得て行われる構造ゲノム科学研究を対象にしたものであり、企業による研究は含めていない。

1. 迅速な成果公開—構造決定された蛋白質の3次元座標および開発された技術を公開、共有することが合意された。特に、3次元座標はPDB(Protein Data Bank)に解析終了後、直ちに預託し、速やかに公開すること。ただし、特許申請に必要な期間として、最大6ヶ月の公開延期期間を認める。この方式は2002年4月から採用する。
2. 研究対象蛋白質リストの公開・共有—研究の重複という無駄を避けるため、研究対象に選択した蛋白質のリストを作成し、大量生産、精製、結晶化、X線測定などの進行状況を入力し、公開する。
3. 高品質の3次元構造を得ることが最も重要—ハイスループットのために質を犠牲にしない。
4. 3次元構造の特許付与条件に“有用性”を課す—特許庁および特許法廷に“有用性”の条件を強化するよう勧告する。
5. 構造ゲノム科学の国際組織設立と次回国際会議企画のため実行委員を選出—Tom Terwilliger (米国)、Udo Heinemann (EU)、横山茂之 (日本)。

ほかに、各国の構造ゲノム科学プロジェクトからの進捗報告があったが、2000年11月2-5日に横浜で開催された構造ゲノム科学2000国際会議および同11月7-8日に播磨Spring-8で開催された播磨ワークショップにおける発表の方が詳細であり、情報も多かった。

会議の帰路、ワシントン D.C.まで送ってくれた DOE（米エネルギー省）の職員によると、DOEのバイオ予算の配分、戦略立案室は35人（内10人は秘書業務）で構成され、構造ゲノム科学の予算（5年間で10億ドル）を配分する NIGMS（National Institute of General Medical Sciences）の同様部門は25人で構成されていると言う。バイオ系の予算全体では、おそらく数百人の専任職員が、将来展望、重要分野、展開戦略の立案を毎日の業務として働いていることになる。別の表現をすれば、米国では研究予算の1%を企画、戦略部門に充てている。現在の構造生物学の隆盛は、1980年代初期、この部門の誰かがバイオ予算申請書に、蛋白質X線解析の共同研究者名を記入する欄を設け、分子生物学研究者と蛋白質X線解析研究者を強制的に連携させたことに始まる。単なる時代の趨勢によるものではないことを、特に日本では、肝に銘じるべきであろう。

国際会議の前に San Diego に立ち寄り、ハイスループット蛋白質X線解析を掲げる企業として Syrrx と Structural GenomiX（SGX）、2社を訪問した。Syrrx は多数のミュータント蛋白質を生産し、結晶化することで成功率を上げることを狙っていて、そのために、1日に138,500個の結晶化実験を行うロボットを作製している。2001年2月に完成したとのことで、試験運転中であった。SGX は多生物種の類縁蛋白質を生産することによって成功率を上げることを目指し、既に150蛋白質で成果をあげていた。

（参考資料）<http://www.nigms.nih.gov/funding/psi.html>

（謝辞）旅費の一部を助成いただいた日本学術振興会回折構造生物第169委員会に感謝します。

# 第5回バイオテクノロジー部会シンポジウム

主催 日本化学会バイオテクノロジー部会

共催 文部科学省科学研究費補助金・特定領域研究「バイオターゲットングのための生体分子デザイン」

会 期 9月22日(土)、23日(日)

会 場 千葉大学西千葉キャンパス(千葉市)

発表申込締切 6月8日(金)

予稿原稿締切 7月27日(金)

発表形式 口頭発表(質疑を入れ20分、使用機器はOHP)を予定しておりますが、申込件数が多い場合はポスター発表に回ってもらう場合もあります。

発表申込方法 発表題目、研究者氏名、ふりがな(演者に○)、所属、連絡先(住所、氏名、電話番号、FAX番号、電子メールアドレス)を明記の上、下記まで郵送、FAXまたは電子メールでお申し込み下さい。

予稿原稿 A4判用紙1枚。執筆要領の詳細については、講演申込受理後に送付します。

参加登録費 日本化学会第80秋季年会で正規参加登録をお願いします。正規参加登録により、本シンポジウム・秋季年会だけでなく、生体機能関連化学シンポジウム・有機結晶部会シンポジウムにも参加できます。詳細は「化学と工業誌」6月号掲載(予定)の日本化学会第80秋季年会・連合討論会の案内をご参照下さい。

懇親会 9月22日(土)18時より、けやき会館(大学ホール)内「レストランコルザ」(千葉大学西千葉キャンパス)にて開催します。参加費6,000円。原則予約制ですので、下記宛てFAXあるいは電子メールでお申し込み下さい。折り返し会場の案内図をお送りします。参加費は当日、懇親会場にてお支払い下さい。

申込先 101-8307千代田区神田駿河台1-5 日本化学会バイオテクノロジー部会事務局 電話(03)3292-6163 FAX(03)3292-6318  
E-mail:bio@chemistry.or.jp

## ◆ 編集後記 ◆

バイオテクノロジー部会NEWS LETTER Vol. 5, No. 1では、ポストゲノム研究の中心物質であるタンパク質に焦点を絞った。研究紹介を3名の先生方にお願ひし、短鎖ホモペプチドから成る新規機能ポリマーの開発から始まり、無細胞タンパク質合成システムの開発、人工小分子抗体を用いる新原理による免疫測定法の開発、についてそれぞれの独創的な研究を紹介いただいた。また、アメリカで開催された学会の見聞録を2名の先生に執筆をお願いした。一つは、有核生物のゲノム・ポストゲノム研究のモデルとなる、シロイヌナズナ遺伝子学会で、他の一つは、第2回構造ゲノム科学国際会議からの報告である。さらに、これからの構造型物学に向けて、タンパク質X線解析ハイスループット機器の開発を推進するアメリカ企業の開発状況についても紹介いただいた。これら報告は、バイオテクノロジーの最先端研究動向です。

巻頭言にも述べられているとおり、ポストゲノム研究には科学の知恵を結集したまさに総合的なアプローチが"今"求められている。

編集担当 遠藤弥重太  
(愛媛大学工学部)

NEWS LETTER Vol.5, No. 1 2001年5月10日発行

事務局：〒101-8307 東京都千代田区神田駿河台1-5, 日本化学会バイオテクノロジー部会

Office of Secretary : The Chemical Society of Japan, 1-5, Kanda-Surugadai, Chiyoda-ku, Tokyo 101-8307, Japan