

タンパク質配列における原始遺伝符号の痕跡の探索

水田 智史[†]、森 太郎[†]

[†] 弘前大学大学院理工学研究科

1 はじめに

生命体を構成するタンパク質はアミノ酸の1次元配列として合成され、その設計図は、塩基配列から成る遺伝子としてゲノム配列中に格納されている。そこでは、20種のそれぞれのアミノ酸が塩基の3個組によって符号化されているが、この極めて合理的な符号化パターンは進化の過程において獲得されてきたものに他ならない。本研究では、現在のような符号化パターンが形成されるまでのプロセスを明らかにするために、生命の初期においては塩基2個組で構成されるコドンによってアミノ酸が符号化されていたという仮説を立て、タンパク質のアミノ酸配列中を探索することによって初期の符号化パターンの痕跡を得ることを目的とする。

2 原始遺伝符号とその痕跡

2.1 原始遺伝符号

進化が単純な形態から複雑な形態へと進むということを考えると、生命の初期段階においては1個もしくは2個の塩基の組によって1個のアミノ酸を符号化していたのではないかと仮説が自然に導かれる。実際、RNAコドン表を見ると、バリン (Val)、プロリン (Pro)、トレオニン (Thr)、アラニン (Ala)、グリシン (Gly) の5つのアミノ酸が、コドンの第1-2塩基の組と1対1の対応をもっていることがわかる。これらは塩基2個組による符号化の名残であると解釈することも可能ではないだろうか。

本稿では今後、生命の初期段階におけるアミノ酸の符号化パターンを原始遺伝符号、その符号化に用いられる1個の塩基または塩基の2個組を原始コドン、原始コドンから構成される遺伝子を原始遺伝子と呼ぶ。なお、本稿では特に断りがない限り塩基2個組による原始コドンに焦点を絞ることとし、原始遺伝符号とし

表 1: 想定される原始コドン表

1st	2nd			
	U	C	A	G
U	Phe/Leu	Ser	Tyr/STOP	Cys/Trp/STOP
C	Leu	Pro [‡]	His/Gln	Arg
A	Ile/Met	Thr [‡]	Asn/Lys	Ser/Arg
G	Val [‡]	Ala [‡]	Asp/Glu	Gly [‡]

[‡] 網掛けのアミノ酸は第1-2塩基の組と1対1の対応をもつ

て上に述べた観察から最も単純に導かれる、現在のコドン表の第3塩基を削除して得られるコドン表 (表1) を考える。

2.2 コドン進化のシナリオ

図1は本研究において想定しているコドン進化のシナリオである。表1に示すように、原始コドンはアミノ酸と多対多の対応をもつため、1個の原始遺伝子から一般に複数のアミノ酸配列が確率的に合成される。やがてその中で、生命の維持にとって重要な機能をもち合わせたアミノ酸配列が決定論的に合成されるように、原始コドンに対して1個の塩基が付加され3個組に進化してきたものと考えられる。

2.3 準相同タンパク質

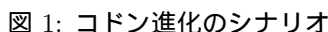
1個の原始遺伝子を基に合成される複数のアミノ酸配列の内、2個以上の配列が生命の維持にとって重要な機能をもつようになる可能性が考えられる。この場合、これらのアミノ酸配列は現存の生物種に生き残り、原始遺伝符号に関する重要な手掛かりを与えることになるだろう。本稿ではこれらのアミノ酸配列を準相同タンパク質と定義し、原生種のタンパク質配列を検索してその痕跡を探索する。

2.4 準相同タンパク質の探索

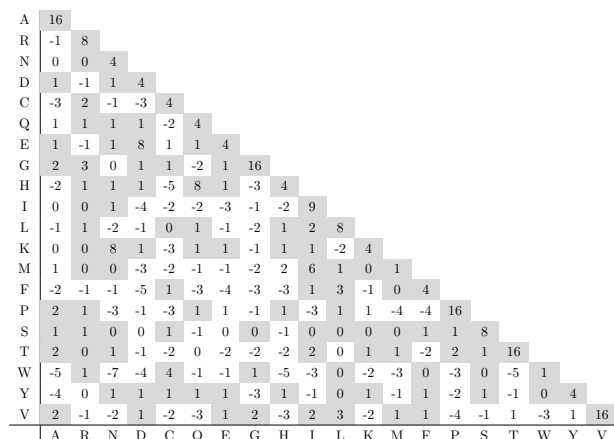
図2は準相同タンパク質の形成のプロセスを示したものである。準相同タンパク質を符号化する遺伝子は

Searching for the Relics of Primitive Codes in Protein Sequences

[†]Satoshi Miuzta and Taro Mori, Graduate School of Science and Technology, Hirosaki University



なお、準相同タンパク質はお互いに大きく異なる機能をもっているものと仮定する。なぜなら、それらが類似した機能をもっていた場合は、いずれか1つの配列を残してその他は淘汰されてしまっている可能性が大きいからである。



3 結果と考察

表 2: 準相同タンパク質の検索結果

タンパク質 (生物種)	長さ (aa)	e-value	一致度
Dihydrofolate reductase (<i>M. genitalium</i>)	160		
Segregation and condensation protein A (<i>M. genitalium</i>)	592	1.5e-32	30.6%
Mgp-operon protein 1 (<i>M. genitalium</i>)	318		
50S ribosomal protein L9 (<i>Onion yellows phytoplasma</i>)	849	3.8e-8	24.7%
P32 adhesin (<i>M. genitalium</i>)	280		
Protein transport protein SEC31 (<i>D. discoideum</i>)	1355	1.8e-7	26.2%

本研究は JSPS 科研費 24650152 の助成を受けたものである。