

変化を楽しむ

大阪大学蛋白質研究所 佐藤 衛

私の好きな作家（経済評論家）の一人に堺屋太一さんがいる。ある新聞のインタビューに答えて、「これからの子供達は楽ですよ、住宅ローンの苦勞はないし。一人っ子同士が結婚したら家は二軒もあってあまってしまう。子供達は住宅ローンに使う金を情報関係に使って楽しく生きていきますよ」。では、その親の老後はどうなるのでしょうか。「心配しすぎることはない。お金がなくなってきたら、子供に自分の家を売ればいい。好きなことを見つけ、自尊心が満足できるようなこと、自分にとって充実した分野をもてばいい」。何とも明快だ。では、これからの日本の社会は？。「日本に必要な行動や能力はこれまでのように欧米から学んで猛烈に働くことだけではないはず。こうした中で幸せに生きるには、変化を積極的に楽しむ余裕のある気持ちが大切になってくる」。

さて、話を私の専門の蛋白質結晶学の分野に移そう。蛋白質結晶学というより構造生物学といったほうが適切かもしれない。要は、蛋白質（生体高分子）がなぜ特定の分子を選択的に認識して生理作用を発揮できるのか、また、なぜその作用を高度にコントロールできるか、などを X 線結晶解析法で得られた原子レベルの立体構造に基づいて理解しようというものである。ところが、この分野に 10 年程前から大きな変化の足音が近づいてきた。その変化とは、シンクロトロン放射光やすぐれた二次元検出器の実用化によって蛋白質の構造解析が容易になり、解析に要する時間がたいへん短くなったことである。

このような変化は、ここ数年間に X 線結晶解析法で決定される蛋白質の立体構造の数が飛躍的に増大しているのを見て明らかであり、毎号のように Nature や Science 誌を賑わしている。ところが、表

面は明るいようにみえても、一歩中にはいると熾烈な先陣争いが待ち受けている。同じ蛋白質を複数のグループで構造解析していることも多く、もはや知的好奇心のみで楽しみながら研究できる状態ではない。X 線結晶解析法は方法論的にはほぼ確立されているので、要は新規で話題性のある蛋白質をいかに早くタイムリーに解析するか重点が置かれ、それが Nature や Science 誌へ受理される絶対条件になっているようである。このような現状を目のあたりにするときいつも脳裏を掠めるのは、X 線結晶解析法で決定された蛋白質の立体構造をベースにその機能や安定性を議論するときに必要な物理化学的データの不足である。蛋白質の物理化学的データを得るためには、地味で根気強い実験が必要である。その結果はおそらく Nature や Science 誌を賑わすことはないだろう。日本化学会の欧文誌に投稿して却下された論文が、そのまま Nature 誌に掲載されたという例も私の身近であった。「蛋白質を究める」という大楼阁を X 線という灯りを照らしながら作り上げていくとき、砂上の楼阁となることを憂い、もう一度サイエンスの原点に還って、蛋白質結晶学の将来を考えてみたい。そして、その将来を中性子に託してみた。「性質が異なる X 線と中性子、得られる構造情報も自ずと異なる。併用すれば必ずこれまで得られなかった新しい構造情報が得られるはずだ」と確信し、X 線から中性子への変化を楽しんで行きたいと思う。

原研にも変化が起きて、先端基礎研究センターができた。「基礎的で、独創的な研究を！」と肩肘をはらなくても、変化を楽しむことができる余裕さえあれば、結果は自ずと基礎的かつ独創的なものになるであろう。今後の成果を期待したい。