

## *Modeling and Control of Biomolecular Functions* キーワード集

### [Itaru Hamachi: Control of protein functions by chemistry-based engineering](#)

#### Protein: 「タンパク質」

生体を構成する主要な高分子物質の一つ。生体内での化学反応の触媒や認識機能の物質的主役を演じる。酵素や抗体もタンパク質の仲間である。アミノ酸を要素としている。

#### protein engineering: 「タンパク質工学」

生体内で高度な機能を発現する。タンパク質を人類の役に立つように工学して利用するための指針を構築しようとする学問分野。

#### DNA: 「デオキシリボ核酸」

遺伝子の本体。遺伝情報をこの中の塩基配列で担う。

#### Amino acid: 「アミノ酸」

タンパク質を構成する基本要素となる分子。アミンとカルボン酸をもつためにこの名前がある。遺伝情報のコピーとしてタンパク質に組み込まれるものは20種類のアミノ酸に限られている。

#### Unnatural amino acid: 「非天然アミノ酸」

遺伝子の情報でコードされていないアミノ酸のこと。非天然アミノ酸を組み込むような遺伝コードの改変が活発に行われている。

#### Saccharide: 「糖鎖」

生体内でタンパク質や核酸とともに広範に存在する生体高分子。ブドウ糖などの単糖がつながった構造をしている。近年、数個つながったオリゴ糖およびその誘導体の生理活性が次々に明らかにされている。

#### Lectin: 「レクチン」

特定の構造をもった糖鎖を選択的に認識・結合することのできるタンパク質の一群。

#### Ligation: 「ライゲーション」

アミノ酸が複数つながったペプチド断片をつなぐ化学反応のこと

Solid phase synthesis : 「固相合成」

核酸やタンパク質を効率的に化学合成するために樹脂担体上で行う化学反応手法のこと。

Fluorescence : 「蛍光」特定の光を照射することによって別の波長の光が生じる現象。

化学分析に利用される。

Titration : 「滴定」

ある物質の存在量を定量するために行う分析実験の手法。

## Hiroaki Suga: Artificial evolution of RNA catalysts

### **RNA-related terms**

#### RNA: ribonucleic acid (リボ核酸)

RNA has two ends, called 5' and 3' end. It has four bases, called A (adenosine), G (guanosine), C (cytosine), and U (uridine), and the basic structure of RNA resembles to DNA. Like DNA, A pairs with U and G pairs with C via specific hydrogen bonding interaction, and hence RNA can form duplex. However, in cell or even in test tube, RNA often folds by itself and form a variety of non-canonical pairs stabilized by hydrogen bonding network, resulting in the formation of a higher order structure.

RNA は 5'末端と 3'末端の二つの末端を持つ。RNA の基本骨格は DNA と類似した構造を持ち、DNA と同じく 4 つの塩基 (A, G, C, U) を持つ。DNA のように、RNA の核酸塩基も通常 A と U、G と C と塩基対を取り、2 重らせん構造をつくる。しかし、細胞内や試験管内で、RNA は自己で折りたたまれ、通常の塩基対を超えた様々な塩基対を形成し、高次構造を構成する。

#### tRNA: transfer RNA (トランスファーRNA)

This RNA plays a critical role in reading the genetic alphabet encoded on mRNA (see below) in translation apparatus, called ribosome. Since 20 natural amino acids exist in cell, there are 20 functionally distinct tRNAs assigned to the cognate amino acids. The tertiary structure of tRNA is L-shaped, where one side, generally referred to as 3' end or aminoacyl-acceptor end, is charged with amino acids by the formation of ester bond (see chemistry term). The other side of the L-shape structure, called anticodon loop, is responsible to read the genetic triplet through base pair interactions with mRNA.

この RNA は mRNA(下を参照)上にコードされた遺伝子アルファベットをリボソーム翻訳系で読み取る働きをしている。細胞内では、20 種類の天然アミノ酸があるため、それぞれに対応した 20 種類の tRNA が存在している。tRNA の 3 次元構造は L 型をしており、その L 型構造の一方側 (通常 3'末端もしくはアミノアシル受容末端と呼ばれるが) にアミノ酸がエステル結合様式 (化学用語参照) を介して結合 (チャージ) される。L 型構造のもう一方側はアンチコドンループと呼ばれ、mRNA 上の 3 塩基からなる遺伝暗号に対し塩基対を形成することでそれを読み取る機能を担っている。

#### ARS: aminoacyl-tRNA synthetase (アミノアシル合成酵素)

The above tRNA must be charged with the cognate amino acid. ARS is the protein

enzyme responsible for carrying out this event. Generally, there are 20 ARSs that correctly charge the amino acids onto the cognate tRNAs.

上記の tRNA は同種のアミノ酸でチャージされなければならない。この反応を担うのが、ARS と呼ばれるタンパク質酵素である。一般には、20種類の天然アミノ酸に対応した20種類のARSがあり、ARSは間違いを犯すことなくそれぞれに対応したtRNAにアミノ酸をチャージする機能を持っている。

#### mRNA: messenger RNA (メッセンジャーRNA)

This RNA has the encoded genetic information that is translated to a protein sequence. Generally, the genetic code consists of triplet of bases, and assigned the initiation, elongation (for 20 different amino acids), and termination of the translation. The triplet bases designating each amino acid interact with the anticodon of tRNA (see above) and the genetic codon is translated.

このRNAは、タンパク質に翻訳される暗号化された遺伝情報を持っている。一般的には、遺伝暗号は3塩基からなり、mRNAはそれぞれ翻訳の開始、伸長(20種類のアミノ酸に対応している)、停止の暗号から構成される。3塩基はそれぞれのアミノ酸を指定しており、その遺伝暗号はtRNAが持つアンチコドンと塩基対構成して翻訳される。

#### ribosome (リボソーム)

This is the molecular machinery that translates the genetic information encoded on mRNA, and synthesizes proteins. It consists of rRNA (see below) and ribosomal proteins. However, very recently it has been shown that the catalytic function relies on the component of rRNA.

リボソームは、mRNA上の遺伝情報を翻訳し、タンパク質を合成する分子装置である。それは、リボソームRNAとリボソームタンパク質から構成されるが、最近になりその触媒活性中心がリボソームRNAにあることがわかった。

#### rRNA: ribosomal RNA (リボソームRNA)

The rRNA refers to as the RNA component of ribosome, which is divided into two big RNA molecules (called 23S and 16S in prokaryotic ribosome) and one small RNA molecule (called 5S). The 23S and 5S assemble together that is responsible for catalyzing peptide bond formation, and the 16S rRNA directly interacts with mRNA and stabilizes the interaction between mRNA and tRNA.

リボソーム RNA は、リボソームの RNA 構成要素を指し、2つの大きい RNA 分子（真核生物のリボソームでは 23S と 16S と呼ばれる）と1つの小さい RNA 分子（5S と呼ばれる）から構成される。23S と 5S は会合して巨大複合体を構成し、ペプチド結合合成機能を持つ。一方、16S は直接 mRNA の相互作用を持ち、mRNA と tRNA の相互作用の安定化に寄与している。

#### precursor tRNA (前駆体 tRNA)

In prokaryotic cell, tRNA is generally transcribed as a precursor tRNA, containing an extra sequence at the 5' end of tRNA, called 5'-leader sequence. This 5'-leader sequence is processed by RNase P (or M1 RNA, see below) and removed to produce the mature tRNA.

真核生物では、一般的に tRNA は 5'末端に余分な塩基配列（5'リーダー配列という）も持った前駆体 tRNA として転写される。この 5'リーダー配列は RNase P（もしくは M1 RNA、下参照）により除去され、成熟型 tRNA に変換される。

#### M1 RNA

This RNA is an RNA component of RNase P, known as an endonuclease that cleaves the 5'-leader sequence of precursor tRNA. Although prokaryotic RNase P contains M1 RNA and a small protein, Sidney Altman et al. discovered that M1 RNA alone exhibits the endonuclease activity; thus it is a ribozyme.

この RNA は、前駆体 tRNA の 5'リーダー配列を切断除去する RNase P の RNA 構成要素のことである。真核生物由来の RNase P は M1 RNA と小さいタンパク質の複合体であるが、シドニーアルトマンらが M1 RNA そのものにエンドヌクレアーゼ（RNA 分子を内部塩基配列部位で特異的に切断する酵素）活性があることを発見し、リボザイム（下参照）であることが判明した。

#### ribozyme (リボザイム)

Ribozyme is a hybrid word of ribonucleic acid and enzyme. It is referred to as RNA molecule that has a catalytic function.

リボザイムとは、核酸（ribonucleic acid）と酵素（enzyme）の混種語で、触媒機能を持つ RNA 分子のことを指す。

**Chemistry terms:**Ester bond (エステル結合)

Ester bond presents the bond consisting of  $R-C(=O)-OR'$  (R and R' is arbitral chemical group). The bond is hydrolytically less stable than amide (peptide) bond consisting of  $R-C(=O)-NH-R'$ . However, this in turn provides an energetically higher source to form amide (peptide) bond in the translation.

エステル結合は  $R-C(=O)-OR'$  (R と R' は任意の化学官能基) の一般化合物式で示される結合である。その結合は、 $R-C(=O)-NH-R'$  の一般化合物式で表されるアミド(ペプチド)結合よりも加水分解されやすい。しかし、このエステル結合の特徴は、一方でエネルギー的に高いことを意味し、翻訳系でアミド(ペプチド)結合の生成に寄与している。

Aminoacylation (アミノアシル化)

Aminoacylation is a specific term for the formation of ester bond between amino acid and the 3'-hydroxyl group of tRNA.

アミノアシル化とは、一般的に tRNA の 3'末端で起きるアミノ酸のエステル結合形成を指す。