

**4塩基コドン (four-base codon)** : 4つの核酸塩基の並びから成る遺伝暗号。タンパク質合成において、通常は3つ並びの核酸塩基が一つのコドンとしてアミノ酸に翻訳される。しかし、4つの塩基を一つのコドンとして翻訳させることが、相補的な4塩基のアンチコドンを持つ tRNA を用いることにより可能となる。このような4塩基コドンの翻訳機構は、元々はフレームシフトサプレッサー変異株において発見されたものであるが、近年、非天然アミノ酸をタンパク質へ導入するために利用できることが明らかにされ、タンパク質の部位特異的な蛍光標識などに応用されている。同様の目的に利用されているアンバー終止コドンに比べて、非天然アミノ酸の導入効率が高く、2種類以上の非天然アミノ酸を導入できるという特徴がある。

(芳坂貴弘 北陸先端大・マテリアルサイエンス)

**RNA 校正 (RNA editing)** : DNA から RNA へと転写された後、RNA レベルでヌクレオチドの挿入、削除あるいは置換が生じる現象を RNA 校正 (RNA エディティング: editing) と一般に呼んでいる。RNA への U の挿入、削除、C から U への置換、また A から I (イノシン) への修飾等が報告されている。mRNA へのキャップ付加、ポリ A 付加、一般的なヌクレオチドの修飾 (メチル化など) は含まない。mRNA の RNA 校正によってコドンが変化し、翻訳されるタンパク質のアミノ酸変化が生じたり、ストップコドンが現われ完全な翻訳読み枠が出現したりすることが報告されている。また、mRNA 以外にも tRNA のアンチコドンの置換型 RNA 校正によって tRNA のアミノ酸受容特異性が変化したり、コドン認識特性が変化したりすることも報告されている。 (富田耕造 産総研・生物機能工学)



**リボトキシン (ribotoxin)** : リボトキシンはリボソームを酵素的に修飾することによってタンパク質合成を阻害するタンパク質毒素群の総称で、細胞レベルでは強い細胞毒素作用を示す。ヒマ毒素のリシン、赤痢菌志賀毒素やペロ毒素などの A-B 二量体型の A 鎖は、大 rRNA (23S, 28S) の進化的に保存された Sarcin-Ricin Loop (SRL) 中の特異な 1 個のアデノシン残基の N-グリコシド結合を水解する RNA N-グリコシダーゼである。脱アデニンによってリボソームは、伸長因子依存性ペプチド鎖伸長活性を消失する。植物界には A 鎖と同一酵素活性を示す単鎖型のリボソーム不活性化タンパク質 (RIP) が広く存在するが、B 鎖を欠くため細胞毒性はない。その他、*Aspergillus g.* の生産する  $\alpha$ -sarcin や大腸菌の colicin E3 など、rRNA の特異構造を認識する RNA 分解酵素群も ribotoxin に分類され、いずれもリボソーム研究の探査針として利用されている。 (遠藤弥重太 愛媛大・無細胞生命科学工学セ)

**MAGICAL 法 (Method for Assignment with Intelligent Combinatorial Amino acid Labeling)** : 従来のタンパク質 NMR シグナルの帰属方法では、目的タンパク質を  $^{13}\text{C}/^{15}\text{N}$  で均一に安定同位体標識し、時間のかかる複数の三次元 NMR 測定を行い、得られたスペクトルから解析を行っていた。MAGICAL 法では、目的タンパク質をアミノ酸の種類ごとに  $^{13}\text{C}/^{15}\text{N}$  標識アミノ酸と  $^{15}\text{N}$  標識アミノ酸を系統的に組み合わせた標識を行い、二次元 NMR 測定だけを用いて帰属を行う。この方法により、従来法に比較して、より低濃度のサンプルを用い短い測定時間と解析時間で高分子量のタンパク質の NMR シグナル帰属を行うことが可能になった。 (河野俊之 三菱生命研)