

## バッハの音楽と蛋白質または形式と自由度

有坂文雄（バイオ単分子研究会/東工大命理工学研究科）



1747年5月、大バッハはプロシヤのフリードリッヒ大王の招きに応じてポツダムの宮殿を訪問した。宮殿にはいくつかの部屋にジルバーマンの製作になるピアノフォルテが置かれ、バッハは各部屋を廻りながら即興で名人芸を披露した。それがほぼ終わったところで、バッハは大王にフーガのテーマを与えてくださるよう、恭しくお願いした。そこで与えられたのがいわゆる大王のテーマ（Royal theme）で、バッハはこのテーマに基づいていくつかの即興演奏を行った。そして後日、大王に約束したとおり、更に形式を整え、いくつかの曲を書き足して献呈した<sup>1)</sup>。これがバッハの「音楽の捧げ物」である。この曲は2曲のリチェルカーレと10曲のカノンからなり、さらにちょうど真ん中にフルートとヴァイオリンのためのトリオソナタがある。これは、大王がフルートの名手で、作曲も行ってたことを意識してのことだろう。このトリオソナタをいつか美しく吹けるようになって合奏したい、というのが筆者の切なる夢だ。

池辺晋一郎氏の「バッハの音符たち」<sup>2)</sup>によれば、フーガという形式は古典音楽の形式の中でも「特に厳格な形式で、音楽をアカデミックに勉強する者は今でも、このフーガの学習に苦しめられる」そうだ。そういう形式の曲を即興で演奏してしまうこと自体驚くべきことだが、音楽の捧げ物はゲーム

ヨハン・ゼバスティアン・バッハ  
（音楽の父と呼ばれる）

に満ちている。1例を挙げると、18小節からなる大王のテーマから始まる旋律があって、終わったところになにやら、ト音記号（原譜ではハ音記号）を左右反転させた記号が書かれている。この反転されたト音記号から左に向かって音符を逆向きに読んでいくと、これも美しい旋律で、そればかりでなく、順方向と逆方向の旋律を同時に演奏すると、みごとに2重奏になるのだ。

私事だが、5、6年前から、四半世紀ぶりにフルートのレッスンを受けている。レッスンを始めるに当たって、フルートの師匠に、私の究極の目標はバッハなので、あまり時間もないし、バッハに限って練習してはダメでしょうか、と聞いてみたら、「バッハはバッハだけ吹いていて吹けるようにはなるものではありません。」と一蹴された。プロの演奏家にとってもバッハの作品は金字塔で、さうとう吟味を重ねた上で演奏されるものらしい。ある著名なフルーティストが、どこかで「バッハを演奏するたびに勉強不足を感じる。」と言っておられたのを思い出す。

さて、不思議に思うのはこのような厳格な形式に則った上で、バッハの音楽はあくまでも自由で流麗で、形式による束縛を全く感じさせないことだ。考えてみると、短歌、俳句、漢詩などもそれぞれの形式に則って創作される。そこで、形式はなぜ必要なのか、という疑問が湧く。何か表現したいものがあつたときに、自由に散文で書いた方がより多くの内容を正確に盛り込めるのではないか、そうしないでわざわざ厳格な形式に基づいて表現しようとするのはなぜなのだろうか。それなりの理由があるはずだ。美学の本でも読めば、こういうことはおそらく先人が考察を巡らしているのだろうが、ここでは、ある歌人がど



ここに書いておられたように、「形式を意識することによって緊張感が生まれる。」ということでひとまず満足しておきたい。長年の淘汰を経て表現の可能性を実証された形式には、そういう形式でのみ表現できるような「こと」があるのだ。

話が変わるが、形式と自由度という観点から蛋白質を眺めると、同じような疑問が湧いてくる。ペプチド結合、水素結合、疎水性相互作用などを形式と考え、自由度として構造・機能を捉えてみる。ここ20年ほどの間に、主としてX線結晶構造解析によって、多くの蛋白質の立体構造が明らかにされ、現在その数は6万を超える。最近ではウイルスを含む巨大な複合体や膜蛋白質の構造も多数決定されるようになってきた。それらの構造をコンピュータグラフィックスの描画技術を用いて眺めてみると、まず形の美しさに感嘆する(多少グラフィックデザインのバイアスがあるとしても)。飛行機や新幹線が流体力学的にもっとも抵抗が少ない構造を追求した結果、大変美しい流線形になるのは「機能美」と呼ばれるが、蛋白質も何億年かの淘汰を経て機能美が備わってきたのだろうか。そして、美しさと共に、20種類のアミノ酸が線状に並んだものがこんなにいろいろな形をとり、いろいろな機能を持ちうる、ということに驚かされる。

蛋白質の立体構造はアミノ酸配列によって規定される。これがいわゆるアンフィンゼンドグマだ。100残基のアミノ酸からなるポリペプチドの可能なコンフォメーションの数が天文学的な数字になることはよく知られているが、蛋白質の折りたたみ方(フォールド)の種類は1000よりそれほど多いことはないだろう

うという、見積もりがある<sup>3)</sup>。また、アミノ酸配列情報の元になっているDNAの塩基配列の偏りから、アミノ酸配列のバリエーションは可能なアミノ酸配列の数に比べるとずっと少ないという考察もある<sup>4)</sup>。

折りたたみの過程も蛋白質によって異なり、一旦 $\alpha$ ヘリックスを経てから $\beta$ 構造になったり、膜に埋め込まれて初めて構造をとるものなどもあるが、これもアミノ酸配列で決ましていると考えられる。最近トピックスになっている、天然状態が変性状態であるという蛋白質には驚かされたが、考えてみると、蛋白質はふつう内部での相互作用によって構造が形成される。しかし、内部でなくて外部の他の生体高分子との相互作用によってはじめて構造が規定されるものがあったとしても、それほど不思議なことではないだろう。

音楽と蛋白質の形式と自由度をながめていたら、形式は自由度を制限するのではなく、むしろ、意味のある構造を効率よく創り出す役割を果たしているように思えてきた。

- 1) H.T. David: J.S.Bach's Musical Offering (1945)
- 2) 池辺晋一郎「バッハの音符たち」音楽之友社 (2000)
- 3) Chothia, C., Nature, 357:543-544 (1992)
- 4) 美宅成樹、「タンパク質予測によるゲノム集団の情報解析」第2回バイオ単分子研究会 (2009)

