■ 6 章 ■

9. イントロンの発見につながったアデノウイルスの研究はどのように行われたかを説明せよ.
10. ヒト遺伝子におけるイントロンの平均鎖長を述べよ.
11. ヒト cDNA をすべて含む，プラスミドベクターを用いたライブラリーがある．この挿入断片の平均鎖長はどれほどと考えられるか.
12. 入れ子遺伝子について説明せよ.
13. ヒトゲノムに含まれる以下の種類の配列が，ゲノムに占めるおよその割合を述べよ.
    (a) タンパク質コード配列
    (b) イントロン
    (c) RNA に転写される全配列
14. miRNA と lncRNA は，標的遺伝子の発現をどのように調節するか.
15. 単純反復配列と転位因子の違いを説明せよ.
16. 逆転写によってコピーされた遺伝子を同定するために用いられる特徴を述べよ.
17. 多くの種類の植物がヒトよりも多数の遺伝子をもつ理由を述べよ.
18. 酵母のゲノム DNA に結合しているヒストン H1 分子の概数を計算せよ.

【解 答】

9. アデノウイルスはゲノムが小さく，感染した細胞内で多量に複製されるため，ウイルスの DNA や mRNA をすぐに分析することができた.
10. 表 6・1 から，イントロン配列の全長を平均的なヒト遺伝子のイントロン数で割ると，ヒトのイントロンの平均長さは約 5800 bp となる.
11. 表 6・1 の平均的なヒトの遺伝子の全エキソン配列（約 4.3 kb）.
12. 入れ子遺伝子は，大きな宿主遺伝子のイントロン内に含まれる遺伝子のことである.
13. (a) タンパク質をコードする配列：1.2%，(b) イントロン：35%，(c) 全転写配列：75%.
14. miRNA は mRNA を標的として翻訳を阻害し，mRNA の分解を誘導する．lncRNA は転写を制御する.
15. 単純反復配列は，短い配列が同方向に反復している配列（縦列反復）である．転位因子は，ゲノム全体に分散している.
16. 逆転写でコピーされた遺伝子にはイントロンがない.
17. 植物の多くの種は，全ゲノムの重複の結果，大量の遺伝子をもっている.
18. 1 分子のヒストン H1 は約 200 bp ごとにゲノム DNA と結合しているので，酵母のゲノムに結合しているヒストン H1 分子の数は，酵母のゲノムサイズ（12 Mb）を 200 bp で割ると 60,000 個となる.