■ 5章 ■

8. ゲノム DNA に含まれるタンパク質コード配列はどのようにして同定できるか.
9. 以下の配列に含まれるオープンリーディングフレームを示せ.

ACTTAGCCCCGTAAGCTCGATT

10. ヒトの医療のモデルとして，イヌが有用な理由を述べよ.
11. ある未知のタンパク質の質量分析スペクトル（マススペクトル）が得られた．このタンパク質の全アミノ酸配列を決定する方法を述べよ.
12. がん細胞と正常細胞におけるミトコンドリアのタンパク質組成を比較する方法を述べよ.
13. 細胞の生存に必要な遺伝子の多くはすべての生物種に共通である．ヒト細胞と細菌の両方で生存に必要な遺伝子の例を三つあげよ．また，細菌の生存には必要だが，ヒト細胞には必要ではない遺伝子には何があるか.
14. 遺伝子の調節配列を同定することは，タンパク質コード配列を同定するよりも難しい．その理由を述べよ.
15. 代謝経路におけるネガティブフィードバックループの意義を述べよ.
16. 合成生物学は，実際に存在する生物システムを理解するうえでどのように役立つか.

【解　答】

8. タンパク質コード配列は，終止コドンを含まない長い塩基配列として同定される.
9. オープンリーディングフレームは、以下のとおりである.

CTTAGCCCCGTAAGCTCGAT

10. イヌにはヒトと同じ病気が多数あり，イヌに多数存在する系統を用いた遺伝解析が可能である.
11. 実験で得られたマススペクトルを既知の全タンパク質のスペクトルと比較する.
12. がん細胞と正常細胞のそれぞれから，細胞分画法によってミトコンドリアを単離し，それらのタンパク質組成をショットガン質量分析で決定する.
13. ヒト細胞と細菌の両方に必要な遺伝子には，DNA ポリメラーゼ，RNA ポリメラーゼ，リボソームの構成因子，および代謝酵素が含まれると予想される．細菌では必要だがヒト細胞で必要ではない遺伝子には，細菌の細胞壁の合成に関わる遺伝子が考えられる.
14. 調節配列は，タンパク質コード配列とは異なり，長さが短いので，大きなゲノム配列中には偶然出現する頻度が大きい．そのため，調節配列を同定することは難しい.
15. ネガティブフィードバックループは，その経路の最終産物がすでに存在するときに作用して経路を阻害し，その結果，無駄な合成を防いでいる.
16. 合成生物学は，現存するシステムを工学的に改変して新しいシステムをつくることによって，現存するシステムをより深く理解する理論的根拠になる.