

# ビギナーズ生物学

## 確認問題の解答

### 第1章

1. 現在、存在している生き物を作っている細胞は、見かけや働きは多種多様であっても、細胞内で働く分子が化学的に非常に似ているから。
2. 原核細胞は DNA はもつが、核や細胞小器官はもたない。真核細胞は、核や細胞小器官をもつ。
3. DNA を作っている 4 種類のヌクレオチドの並び方がタンパク質のアミノ酸の並び方を規定している。タンパク質は細胞の機能分子であり、タンパク質の構造と機能はタンパク質を作っているアミノ酸の配列で決まっている。このことから、DNA の遺伝情報は、タンパク質の構造と機能を指令しているといえる。
4. 蛍光顕微鏡を使うと、蛍光色素と結合した分子の細胞内局在を観察できる。一般には、特定の分子に対する抗体（一次抗体）と一次抗体を認識する二次抗体を蛍光標識して使うことが多い。また、GFP などの蛍光物質を融合させた分子を細胞内で発現させると、生きた細胞内での分子の局在を観察できる。また電子顕微鏡でも、抗体を用いて細胞内での分子の局在を観察できる。
5. 細胞分画法では、遠心分離とクロマトグラフィーがよく用いられる。遠心分離では、大きい分子や密度の高いものが、より沈澱されやすいことを使って分離する。クロマトグラフィーでは、分子のもつ電荷の違い（イオン交換）、大きさの違い（ゲルろ過）、あるいは生理活性（アフィニティー）を用いて分離する。

## 第 2 章

1. ミトコンドリア (本文 17 ページ), ペルオキシソーム (本文 22 ページ), リソソーム (本文 21 ページ) を参照.
2. 小胞体で作られたタンパク質は, 輸送小胞の形で運ばれ, ゴルジ体のシス面で受け入れられる.
3. 本文 22~26 ページと表 2.2 (23 ページ) を参照

## 第3章

1. 細胞膜を作っているリン脂質は、水溶液中で二層になり、疎水性尾部の脂肪酸が内側に並び、水と接する外側には親水性の頭部が並ぶ。
2. 小胞体で合成されたタンパク質は、輸送小胞にパッケージングされた形でゴルジ体に運ばれ、そこで化学修飾を受ける。その後、再び輸送小胞にパッケージングされて細胞膜まで運ばれた後、細胞膜と融合して内容物が細胞外に放出される。
3. 速い応答は、細胞内にあるタンパク質の活性が、シグナルによって直接制御されて細胞機能が変化する。遅い応答は、遺伝子発現の変化と新たなタンパク質の生産が細胞の応答に必要である。
4. 細胞周期の移行期に、細胞周期をさらに進めてよいかどうか細胞が診断する監視メカニズムをチェックポイントとよぶ。G1 チェックポイント、G2/M チェックポイント、それにM期での中期・後期チェックポイントがある。それぞれのチェックポイントの働きは、本文 39～40 ページ (3.4.2 細胞周期の制御) を参照。
5. 不要になった細胞は、プログラムされた細胞死へと誘導される。この現象をアポトーシスと呼ぶ。これに対して、損傷など偶発的に細胞が死ぬ病的な現象をネクローシスと呼ぶ。
6. 上皮組織は、上皮細胞どうしが接着しシート状の構造を形成している。上皮組織のシートの体側には基底膜があり、基底膜の内側には結合組織が発達している。結合組織は、繊維芽細胞などの細胞と、細胞外マトリックスと呼ばれる繊維状のネットワークでできている。

## 第4章

1. タンパク質，核酸，多糖などの生体高分子は，構成単位であるアミノ酸，ヌクレオチド，単糖などが重合してできる。
2. 水分子は，酸素原子が水素原子から電子を引きつけるため分極している．そのため水分子は，隣り合った水分子の酸素原子と水素原子の間で引き合い，非共有結合（水素結合）を形成する．また，水分子は水素結合によって格子のネットワークを作っている．生体高分子を作っている極性分子（親水性分子）は，水分子と水素結合を形成する．一方，非極性分子（疎水性分子）は水分子を引きつけないので水溶液中に出ていかない。
3. 非共有結合には，イオン結合，ファンデルワールス力，水素結合，疎水結合などがある．これらは，共有結合に比べて結合力は小さいが，タンパク質の立体構造の安定化や生体高分子同士の結合・解離において重要な働きをしている。
4. 酸は溶液中に水素イオンを出す物質である．塩基は溶液中の水素イオンを減らす物質である．塩基は，水素イオンと直接結合するか，OH<sup>-</sup>イオンを出して水素イオンと結合させて水分子にすることで，水素イオンを減らしている。

## 第5章

1. 本文 55～56 ページ（5.2 糖の生理的機能）を参照。
2. 飽和脂肪酸は，炭化水素鎖に二重結合がなく炭化水素鎖が直線状なので分子どうしが密にパッキングできる．不飽和脂肪酸は，炭化水素鎖に二重結合があるので，炭化水素鎖がそこで折れ曲がり，分子どうしが密に集まらない．本文 56～57 ページ（5.3 脂肪の構造）を参照

## 第6章

1. 二つのアミノ酸のアミノ基とカルボキシル基の間で縮合反応が起き、ペプチド結合ができる。
2. タンパク質のアミノ酸配列を一次構造と呼ぶ。タンパク質がペプチド結合の C=O と N-H の間の水素結合を使って作る折りたたみ構造を二次構造と呼び、 $\alpha$ ヘリックス構造と $\beta$ シート構造がある。タンパク質の立体構造を三次構造と呼ぶ。タンパク質が複数の分子と複合体を形成している場合、この複合体構造を四次構造と呼ぶ。
3. 細胞内では水分子が 70%を占めており、疎水性側鎖がタンパク質の内部に集まることで、球状タンパク質の表面で疎水性側鎖が水分子と接しないようにしている。
4. 非共有結合は、結合力は弱いが多数の非共有結合を使って結合すると十分な強度になるので、生体高分子どうしが特異的な相互作用をするのに適しているから。

## 第7章

1. 酵素は化学反応の触媒として働き、基質と結合して遷移状態になり化学反応の進行に必要な活性化エネルギーを低くする。
2. タンパク質の機能が他の分子によって調節されること。酵素の場合は、基質以外の分子が結合してその活性が制御される。またシグナル分子では、標的分子以外の分子が結合することで、標的分子との結合が調節される。
3. タンパク質のリン酸化では、タンパク質キナーゼが基質をリン酸化したときとホスファターゼで脱リン酸化したときで基質の活性（オン・オフ）を制御している。GTP 結合タンパク質の場合は、GTP 結合タンパク質に GDP が結合しているときと GTP が結合しているときで GTP 結合タンパク質の活性（オン・

オフ) を制御している。どちらの場合もタンパク質はリン酸基の付加により活性化し、リン酸基の除去により不活性化する。

## 第 8 章

1. (1) DNA を鋳型として RNA を合成すること。  
(2) mRNA の塩基配列に基づいてタンパク質を合成すること。  
(3) 1958 年にクリックによって提唱された、生物のもつ遺伝情報の発現に関する基本原理。DNA のもつ遺伝情報は mRNA に転写され、さらに mRNA からタンパク質に翻訳されることにより、一方向に伝達される。  
(4) DNA や RNA の核酸を構成する基本単位。五炭糖にリン酸と塩基が結合した化合物。  
(5) ヌクレオチドの構成要素の含窒素塩基。アデニン、グアニン。  
(6) ヌクレオチドの構成要素の含窒素塩基。チミン、シトシン、ウラシル。  
(7) DNA や RNA の一方の末端で、ヌクレオチドの 5' の炭素原子にリン酸ジエステル結合に使用されていない三リン酸が結合している側の末端。  
(8) DNA や RNA の一方の末端で、ヌクレオチドの 3' の炭素原子にリン酸ジエステル結合に使用されていないヒドロキシ基が結合している側の末端。
2. 図 8.9, 図 8.14 を参照。
3. 一つのヌクレオチドの 3' の炭素原子と、次のヌクレオチドの 5' の炭素原子とがリン酸ジエステル結合によって連結されている。

## 第9章

1. (1) 同時に現れることのない，優性と劣性の関係にある対になった形質.  
(2) 生殖細胞のうち，卵子や精子のように，接合（受精）すると新しい個体が誕生するもの.  
(3) 大きさ，形が同一の染色体.  
(4) 細胞外から細胞に DNA を導入することによって，細胞の遺伝的性質を変えること.  
(5) 同位体のうち，放射線を発して崩壊する不安定な同位体.  
(6) 細菌を宿主とするウイルスの総称.
  
2. 9.3.2 項を参照. アベリーらは，S 型菌の抽出液を生きている R 型菌と混ぜ，寒天培地にまいて培養し，形質転換が起きることを確認した。さらに，タンパク質や DNA の分解酵素で処理した S 型菌の抽出液を用いて同様の実験を行い，タンパク質を分解しても形質転換が起きるが，DNA を分解すると形質転換が起きないことを示した。これにより形質転換物質が DNA であることが証明された。
  
3. 9.4.2 項を参照. タンパク質の標識には  $^{35}\text{S}$  を，DNA の標識には  $^{32}\text{P}$  を用いた。  $^{35}\text{S}$  で標識されるアミノ酸は，システインとメチオニンである。
  
4. 9.4.3 項と 9.4.4 項を参照. ファージを DNA 分解酵素で処理してもファージの DNA は分解されないが，加熱処理した大腸菌にファージを感染させて DNA 分解酵素で処理すると，ファージの DNA が分解されることから，感染後にファージの DNA が菌体内に注入されると考えられた。さらに，大腸菌にファージを感染後，ブレンダー処理を行ってから遠心すると，ファージの DNA が大腸菌とともに沈殿に回収されることから，感染後にファージの DNA が菌体内に注入されることが示された。

## 第 10 章

1. (1) 細胞において、2本の相補的な DNA 鎖が塩基対を作ることにより形成する、平行したらせん状の構造。

(2) 二つの相補的な塩基 (A と T (U) または C と G) が水素結合で結ばれて対を作ること。

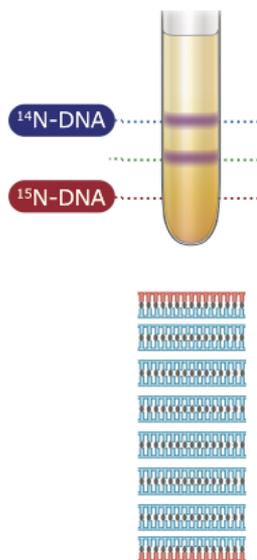
(3) 複製によって生じた娘分子の一方のポリヌクレオチド鎖が親鎖で、もう一方のポリヌクレオチド鎖が新たに合成されたポリヌクレオチド鎖である複製様式。

(4) 塩化セシウム溶液のような密度の大きい溶液と DNA を混ぜて、超遠心機で遠心することにより、塩化セシウムの密度勾配を作り、DNA を自身の密度と等しい溶媒密度の位置にバンドを形成させる分離・分析手法。

2. 10.1.4 項を参照。二重らせん構造モデルでは、2本の DNA 鎖の間で A と T、C と G が塩基対を作るので、シャルガフの塩基存在比 ( $A=T$ ,  $C=G$ ) を満たす。

3. 10.2.3 項を参照。DNA 合成において  $^{14}\text{N}$  を取り込んだ DNA と  $^{15}\text{N}$  を取り込んだ DNA の密度の違いを利用した。

4.



## 第 11 章

1. (1) 複製が開始する DNA の部位.  
(2) 複製のために二本の親鎖 DNA が解離してできる Y 字型の領域.  
(3) DNA 複製におけるラギング鎖の合成時に, RNA をプライマーとして合成される比較的短い DNA 断片.  
(4) 真核生物の染色体の末端部分の構造.
  
2. 11.2 節を参照. DNA ポリメラーゼ I は RNA プライマーの除去とその部分の DNA 鎖の合成を行う. それ以外のリーディング鎖とラギング鎖の合成を DNA ポリメラーゼ III が行う.
  
3. 11.2.2 項を参照. リーディング鎖の合成においては, 複製フォークの移動方向と DNA 合成の方向が一致しているので, リーディング鎖はそれまでに合成された DNA の 3' 末端に親鎖と相補的な塩基をもつヌクレオチドが付加され, 連続的に合成される. 一方, ラギング鎖の場合には, 複製フォークの移動方向と DNA 合成の方向が逆になるので, まず岡崎フラグメントが合成され, RNA プライマー部分が DNA に置き換えられた後, DNA が連結されることにより, 不連続的に合成される.
  
4. 11.3.2 項を参照. 真核生物の直鎖状のゲノム DNA の末端は短い配列の繰り返しになっているが, 複製のたびに少しずつ短くなる. テロメラーゼは, 末端の反復配列を伸長させる酵素である.

## 第 12 章

- (1) 転写開始のために、RNA ポリメラーゼが結合する DNA 上の領域。

(2) 原核生物の RNA ポリメラーゼのホロ酵素のサブユニットの一つで、プロモーターの認識に関与する。

(3) 転写終結のシグナルとなる DNA 上の領域。

(4) 真核生物において、RNA ポリメラーゼによる特異的な転写に必要なタンパク質群。
- 12.2.1 項を参照。コア酵素は  $\alpha 2 \beta \beta'$  のサブユニット構成で、DNA を転写する活性はあるが、プロモーターに特異的に結合することはできない。ホロ酵素は  $\alpha 2 \beta \beta' \sigma$  のサブユニット構成で、プロモーターに特異的に結合し、DNA を転写する活性をもつ。
- 12.3.2 項を参照。基本転写因子 UBF が rRNA 遺伝子上流の UCE に結合すると、続いて基本転写因子 SL1 が UBF との相互作用を介して、転写開始点近傍の CPE に結合する。さらに SL1 が RNA ポリメラーゼ I を転写開始点から転写を開始できる位置に引き寄せ、転写が開始する。
- 12.3.2 項を参照。TBP (TATA 結合タンパク質) は、RNA ポリメラーゼ I, II, III のそれぞれの基本転写因子である SL1, TFIIID, TFIIIB のサブユニットである。

## 第 13 章

1. (1) mRNA 上のタンパク質のアミノ酸配列をコードする領域で、開始コドンと終止コドンに挟まれている。

(2) 真核生物の mRNA の 5'末端に、5'-5'結合で付加される 7 位がメチル化されたグアノシン。

(3) mRNA のコドンと塩基対を形成する tRNA の三つ組のヌクレオチド。

(4) 対応するアミノ酸を 3'のヒドロキシ基にエステル結合で連結した tRNA。

(5) 翻訳において、リボソームが mRNA 上を 1 コドン分 3'方向に移動すること。

(6) 翻訳において、リボソームの A 部位に mRNA の終止コドンが位置すると、A 部位に取り込まれ、翻訳の終結に関与するタンパク質。

2. 13.3.1 項と 13.4 節を参照。原核生物では、翻訳開始コドンのすぐ上流にあるリボソーム結合部位 (シャイン-ダルガーノ配列) とリボソームの 30S サブユニットに含まれる 16S rRNA が塩基対を形成することを利用して、30S サブユニットが mRNA に結合する。真核生物では、リボソームの 40S サブユニットに結合した eIF3 と、mRNA のキャップ構造に結合した eIF4G とが結合することにより、リボソームが mRNA に結合する。

3. 13.2.3 項を参照。揺らぎの塩基対を形成することにより、複数のコドンに対応できる tRNA が存在する。

## 第 14 章

1. 14.2.2 項と 14.2.4 項を参照. 人工合成した polyU などの RNA と, 大腸菌の無細胞タンパク質合成系を用いて, コドンを初めて解明した. さらに, トリヌクレオチドとアミノアシル tRNA のリボソームへの結合を解析することにより, 多くのコドンを解明した.

2. 14.2.5 項を参照. Poly-AG の場合には, アルギニンとグルタミン酸が交互に並んだポリペプチドが生成したので, AGA と GAG の二つのコドンのうち, 一方がアルギニンのコドンで, もう一方がグルタミン酸のコドンと考えられる. Poly-AAG の場合には, リシンだけからなるポリペプチド, グルタミン酸だけからなるポリペプチド, アルギニンだけからなるポリペプチドの 3 種類のポリペプチドが生成したので, AAG, AGA, GAA のどれかがそれぞれリシン, グルタミン酸, アルギニンのコドンと考えられる. 両者の比較から, AGA がリシンのコドンでないことはわかるが, この 2 種類の RNA の結果だけでは, それ以上のことは明らかにならない.