

## 「遺伝学」練習問題解答 15 章

- 1 SSR は simple sequence repeat の略で、ゲノム配列上に散在する一塩基ないしは数塩基単位で DNA 配列が繰り返している領域を指す。SNP は single nucleotide polymorphism の略で、ゲノム上の特定の領域の塩基配列を個体間で比較したときに、塩基が一つ異なっている状態、あるいは異なっている領域を指す。
- 2 EST は expressed sequence tag の略で、細胞から抽出した mRNA から得られる cDNA をクローニングし、そのインサートである cDNA について、3'末端あるいは 5'末端から塩基配列を数百塩基程度解読したもの。
- 3 DNA マイクロアレイは、プローブと呼ばれる多数の DNA をガラスなどの基板上にスポットしたもの。細胞から抽出した核酸を蛍光標識し、これをターゲットとしてプローブとハイブリダイゼーションした後に、それぞれのプローブの蛍光強度を測定することで、プローブに対応する核酸の細胞中での存在量を知ることができる。遺伝子の配列をプローブにし、細胞から抽出した RNA をターゲットとすることで、その細胞の遺伝子発現プロファイルを得ることができる。
- 4 相互作用を解析したい二つのタンパク質をそれぞれ A、B とした場合、転写因子 GAL4 を欠損した酵母にタンパク質 A と GAL4 の DNA 結合領域をもつ融合タンパク質を発現するベクターと、タンパク質 B と GAL4 の転写活性化領域をもつ融合タンパク質を発現するベクターを導入し、タンパク質 A と B が結合すれば、GAL4 の転写活性化領域と DNA 結合領域によって、レポーター遺伝子である  $\beta$ -ガラクトシダーゼの発現が誘導することを利用して、両タンパク質の相互作用を調べる方法。
- 5 X 線結晶構造解析、NMR 法。
- 6 二次元ゲル電気泳動法により分離したタンパク質をゲル内消化により分解し、ペプチド混合物について質量分析により質量スペクトルを得る方法。得られた質量スペクトルデータを、アミノ酸配列を元に計算される理論的な質量スペクトルのデータベースに対して検索し、タンパク質や遺伝子を同定する。
- 7 DNA やアミノ酸配列の類似性があるものをそれらのデータベースから検索し、類似性が高ければその機能も類似している、あるいは進化的に関連性があるという考えに基づき、DNA やアミノ酸配列の機能を予測したり進化的に保存されている領域を予測したりする方法。
- 8 X 線結晶構造解析や NMR 法などで決定されたタンパク質分子や核酸分子、あるいはそれら複合

体分子の立体構造が登録・公開されていて、それらの分子を構成する原子の立体構造上での配置を知ることができる。