

問題1

ある生物のゲノム（DNA）、転写産物（RNA）、タンパク質や代謝物などの生体分子を網羅的に扱う研究手法や学問のことを何というのでしょうか？



- A: コミックス B: ゲノミクス
C: プロテオミクス D: オミックス

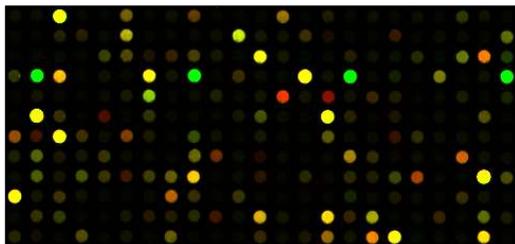
問題1 答え：D: オミックス

オミックスとは、ギリシャ語の「全て (-ome)」と「学問 (-mics)」を意味する接尾辞を合成した造語です。

DNAからなる遺伝子 (gene) の全てでゲノム (genome)、mRNAなどの転写物 (transcript) の全てでトランスクリプトーム (transcriptome)、タンパク質 (protein) の全てでプロテオーム (proteome)、代謝物 (metabolite) の全てでメタボローム (metabolome) といいます。また、その研究などを、それぞれ、ゲノミクス、トランスクリプトミクス、プロテオミクスやメタボロミクスと呼ばれます。

問題2

遺伝子の発現量を測定するために、スライドガラス等の基板上に遺伝子由来のDNAを高密度に固定化した分析ツールを何というのでしょうか？



- A: DNAカップ B: DNAチップ
C: DNAラップ D: DNAロック

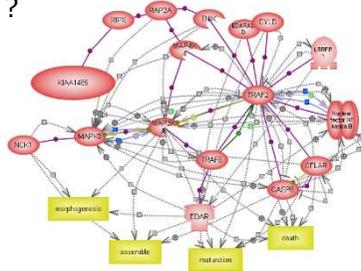
問題2 答え：B: DNAチップ

DNAチップやDNAアレイと呼ばれ、基板上に高密度に数万種類ものDNAを配置させて固定し、細胞や組織由来の転写産物をもとに作製し蛍光標識処理したDNAと「DNAの相補性」を利用したハイブリダイゼーション法で結合させ、一度に数多くの遺伝子の転写量の変化などを解析することができます。

転写物の全てが解析できるトランスクリプトームの解析に用いられる分析ツールです。

問題3

ゲノムが解読されると、そこに暗号化されている遺伝子やタンパク質の一次構造を予想することができます。ある種の生物がもつタンパク質を網羅的に解析する研究や学問を何というのでしょうか？



- A: ゲノミクス B: トランスクリプトミクス
C: プロテオミクス D: メタボロミクス

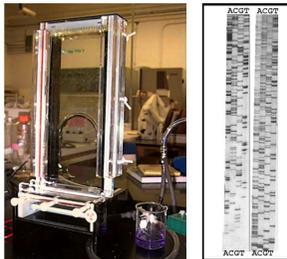
問題3 答え：C: プロテオミクス

ゲノム上の遺伝子領域の情報をもとに、細胞内でつくられるタンパク質には様々なものがあります。これらのタンパク質が、いつ、どこで、どれだけつくられるかは、ゲノム上の設計図の情報や、生きていく中での環境によって異なる場合があります。

これらタンパク質（プロテイン）の動態を網羅的に解析する研究などをプロテオミクスといいます。

問題4

DNAは、「A, G, C, T」と呼ばれる4つのヌクレオチドが、直鎖状につながったものです。このヌクレオチドの並び方を解析する装置をなんというのでしょうか？



- A: DNAシーケンサー B: DNAシンセサイザー
C: DNAシークワーカー D: DNAシークレット

問題4 答え：A: DNAシーケンサー

DNAを構成するヌクレオチドの並び方（塩基配列）を決定することを「DNAシーケンシング」といい、その解析装置を「DNAシーケンサー」と呼びます。

DNAの配列を決定する技術は、マクサムとギルバートが「化学分解法」、サンガーが「酵素法」として1977年に発表し、後にノーベル化学賞を受賞しました。

問題5

DNAの配列を決定する技術は、マクサムとギルバートが「化学分解法」、サンガーが「酵素法」として発表し、ノーベル化学賞を受賞しましたが、開発したのはいつでしょうか？



ウォルター・ギルバート



フレデリック・サンガー

A: 1944年 B: 1953年 C: 1977年 D: 2003年

問題5 答え：C: 1977年

「化学分解法」は、アラン・マクサムとウォルター・ギルバートによって1977年に報告され、放射性同位元素などで末端標識されたDNA断片中の特定の塩基を試薬により修飾することで、部分的にDNAを切断し、様々な長さのDNA断片を解析して塩基配列を決めます。

「酵素法」は、フレデリック・サンガーが1977年に発表し、DNA複製酵素であるDNAポリメラーゼを用いて、開始点から合成されたDNAを特定の塩基で停止させ、様々な長さのDNA断片を解析して塩基配列を決めます。1990年代のゲノム解析全盛期には、酵素法が改良されたものが汎用されました。

問題6

DNAの塩基配列解読技術ができてから40数年、より早く、より安く、より多くの配列を調べるための機器が次々と開発されています。単一のDNAをもとに塩基配列を決定するシーケンサーのことを何と呼ぶでしょうか？



A: シーケンサーネオ B: シーケンサーヌーボー
C: 第三世代シーケンサー D: 三代目シーケンサー

問題6 答え：C: 第三世代シーケンサー

2003年にヒトゲノムの解読が終了してからも、より速く、より安く、より多くの塩基配列を解析するための技術開発が進められています。数百塩基の短いDNAの配列を並列で大量に解析できる「次世代シーケンサー」が開発され、解析能力は、ヒトゲノム解析時の数万倍にも上がりました。

次世代シーケンサーでは、調べたいDNAをDNA複製酵素で増幅する必要がありましたが、その後、DNA増幅せずに、単一のDNA分子を長く解析できる方法が開発され、その解析装置は「第三世代シーケンサー」と呼ばれています。