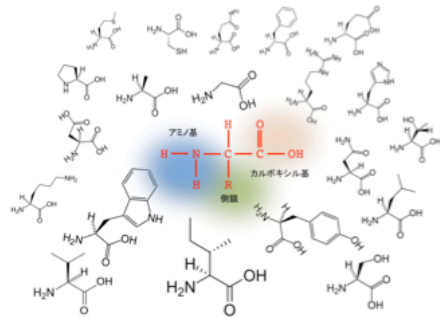


問題1

生物に重要な働きをしているタンパク質は、20種類からなる化合物を単位として、直線状に連なっています。この化合物とはなんでしょうか？



- A: グルコース B: 脂肪酸
C: アミノ酸 D: ヌクレオチド

問題1 答え：C: アミノ酸

タンパク質は20種類のアミノ酸がつながったもので、その数や組み合わせにより様々な大きさ、性質や機能をもった分子が存在します。タンパク質はゲノムのDNA配列に遺伝子として暗号化されていて、コドンと呼ばれる3つの塩基配列で1つのアミノ酸が指定されます（NL46問題4参照）。

グルコースはブドウ糖のことで、生命活動に必要なエネルギーを作りだすもとになり、いくつもつながることでデンプンなどの炭水化物（多糖類）を作ります。ヌクレオチドはDNAやRNAを構成する単位です。

問題2

1995年に世界で初めて生物の全ゲノム配列が解読されましたが、その生物はなんだったでしょうか？



- A: ラン藻 B: ヒト
C: シロイヌナズナ D: インフルエンザ菌

問題2 答え：D: インフルエンザ菌

世界初の全ゲノム配列解読はインフルエンザ菌 (*Haemophilus influenzae*) で成功しました。これはインフルエンザウイルスとは異なります。ラン藻は1996年にかずさDNA研究所により、全ゲノム配列が解読されました。ヒトゲノムは2001年にドラフト版、2003年に完成版が発表されました。モデル植物のシロイヌナズナは、2000年に全ゲノムの完全解読が行われ、国際共同プロジェクトとしてかずさDNA研究所も参加しました。

問題3

ヒトと類縁関係の一番近いチンパンジーとゲノム配列を比べたら、塩基の並び方はどのくらい似ているでしょうか？



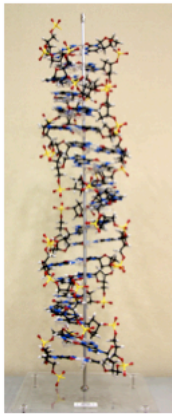
- A: 36% B: 57%
C: 78% D: 99%

問題3 答え：D: 99%

ヒトとチンパンジーは、約500万年前に共通の祖先から分かれたと考えられていますが、ゲノム配列の塩基の並び方はかなり似ています。チンパンジーの22番染色体とそれに相当するヒト21番染色体のDNAの並び方を比較すると、対応するDNAの塩基は1.44%違ったので、約99%は同じ配列になります。しかしながら、この一塩基ごとの違いの他に、DNA配列の挿入や欠損が68,000ヶ所も見つかっています。

問題4

1953年に分子模型を構築して、DNAの二重らせん構造を提唱したのは誰と誰でしょうか？



- A: マキサムとギルバート
B: ワトソンとクリック
C: ハーシーとチェイス
D: ジャコブとモノー

問題4 答え：B: ワトソンとクリック

1953年にはDNAが遺伝物質であることがわかっていましたが、モーリス・ウィルキンスとロザリン・フランクリンらのDNAの構造研究で得られたDNAのX線回折の写真をヒントに、ジェームズ・ワトソンとフランシス・クリックは、DNAの二重らせん構造を推定しました。この業績により、1962年に、既に他界したフランクリンを除くワトソン、クリックとウィルキンスにノーベル生理学・医学賞が与えられました。アラン・マキサムとウォルター・ギルバートは、DNA配列決定技術を発表し、ノーベル賞を受賞しました。アルフレッド・ハーシーとマーサ・チェイスは、遺伝情報の担い手がDNAであることを実験で証明しました。フランソワ・ジャコブとジャック・モノーは、遺伝子発現調節を説明するオペロン説を発表し、1965年にノーベル賞を受賞しました。

問題5

DNAはヌクレオチドが連なった二本の鎖が二重らせん構造をした形をしています。らせんの直径はどれくらいでしょうか？



- A: 2ナノメートル B: 2マイクロメートル
C: 2ミリメートル D: 2センチメートル

問題5 答え：A: 2ナノメートル

DNA（デオキシリボ核酸）は、五単糖、塩基とリン酸から成る核酸で、その最小単位であるヌクレオチドが連続的に鎖状に並んだものです。通常は二重らせん構造をしていて、その直径は2ナノメートルです。らせん構造は約10塩基対で1回転し、その長さは3.4ナノメートルです。

1マイクロメートル = 1ミリメートルの千分の1

1ナノメートル = 1ミリメートルの百万分の1

問題6

個人個人のゲノム配列が少しずつ異なることから、病気のなりやすさや薬の効き方が違う場合があります。個々人のゲノム配列を考えながら医療を行うことをなんというのでしょうか？



- A: 東洋医学
B: オーダーメイド医療
C: 対処療法
D: 健康診断

問題6 答え：B: オーダーメイド医療

オーダーメイド医療は、個々人の体質などに合わせた医療を行うことで、個別化医療やテーラーメイド医療とも呼ばれます。ヒトゲノム配列が解読され、個々人のゲノム配列が少しずつ異なる（NL47問題2参照）ことが明らかになり、薬の効き方や投薬量、副作用の出やすさなどを予測できる可能性があり、患者さんごとに適した治療方法を施せるなど期待されています。