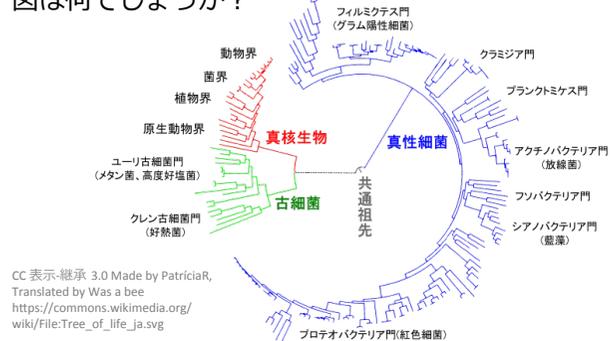


問題1

異なる生物でも遺伝子の塩基配列やタンパク質のアミノ酸配列の並び方に似たところがあります。その比較をもとに生物の類縁関係を示した図は何でしょうか？



A: 系統樹 B: 家系図 C: 路線図 D: 関係図

問題1 答え：A: 系統樹

1962年、L.ポーリングとE.ズッカーカンドルは、赤血球を構成するタンパク質の α サブユニットのアミノ酸配列について、ヒト、ゴリラ、イヌやイモリなどいくつかの生物で調べたところ、系統的に遠い関係にある生物間では近い関係にある生物間よりアミノ酸が違っている箇所が多くあることを発見しました。生物種間で塩基配列やアミノ酸配列の相同性を解析して、それらの類縁関係を図にしたものを系統樹と呼んでいます。

図は、微生物からヒトまでゲノム配列が解読された191種類の生物に共通に見られる31個の遺伝子にコードされたアミノ酸配列を比較した系統樹の結果を示しています。遠い昔には現在地球上に生きている生き物の共通の祖先がいたのかもしれませんが。

問題2

DNAに生じる変異が、環境に適応しているかどうかによって選択されて、その仲間（生物集団）に広がるという進化を説明する「自然選択説」を唱えたのは誰でしょうか？



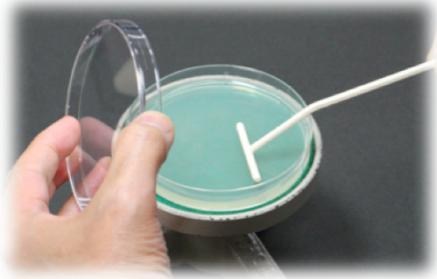
A: メンデル B: ワトソン C: クリック D: ダーウィン

問題2 答え：D: ダーウィン

1859年、ダーウィンは「自然選択説」を発表しました。《生存に有利な変異が自然選択によって種に広まる環境に適応した変異型を自然が選択して、集団に広めているように見える。》とのこと。また、1968年には、日本の木村資生先生が、「分子進化の中立説」を発表しました。《DNAや遺伝子、タンパク質など分子の世界でみられる大多数の進化は、有利でもなく不利でもない、中立な変異が偶然に集団に広まった結果起こる。》とのこと。

問題3

組み換えDNA技術は、ある生物由来のDNA断片を切り出し、ベクターDNAに結合させ、大腸菌など別の生物に導入して複製させる技術ですが、開発されたのはいつ頃でしょうか？



A: 2013年 B: 1993年 C: 1973年 D: 1953年

問題3 答え：C: 1973年

DNAを配列特異的に切断できる制限酵素が1968年に、またDNAをつなぐことができるDNAリガーゼが1970年に発見される中、1972年にはP.バーグが、これらの技術を駆使してSV40ウィルスのDNAに大腸菌のDNAを結合させることに成功しました。

S.N.コーエンとH.W.ボイヤーらは1973年に大腸菌を用いた組み換えDNA実験に使用可能なプラスミド (pSC101) を開発し、翌年、J.F.モローらは、カエルの遺伝子を大腸菌に導入し、異種DNAの複製と異種RNAの発現に成功しました。これら一連の研究により「組み換えDNA技術」が開発されました。

問題4

「組み換えDNA技術により危険な生物が作られる可能性はないか」と研究者自らが懸念し、28ヶ国から専門家が集まり、遺伝子組み換えに関するガイドラインを議論したカリフォルニア州の都市名が付いた会議は何でしょうか？



A: ロサンゼルス会議 B: サンディエゴ会議
C: サンフランシスコ会議 D: アシロマ会議

問題4 答え：D: アシロマ会議

組み換えDNA技術が開発されると、研究者自身が組み換えDNA生物の潜在的な危険性について懸念をいただき、米国を中心とする世界の主要な研究者が集まり遺伝子組み換えに関するガイドラインが議論されました。

結果、「生物学的封じ込め」や「物理学的封じ込め」などのガイドライン制定が行われ、1976年に米国NIH（国立衛生研究所）は組み換えDNAガイドラインを公布しました。日本では、1979年に「組換えDNA実験指針」が制定され、2004年には「カルタヘナ法」により組み換えDNA実験の規制がなされています。

問題5

2015年にノーベル賞を受賞した大村智博士は、ゴルフ場の近くの土から発見した放線菌から寄生虫病の治療薬を開発しました。ある環境に棲息する複数の未知の微生物のゲノム配列をまとめて解読する方法は何と呼ばれるのでしょうか？



- A: モノゲノム解析 B: メタゲノム解析
C: テトラゲノム解析 D: デカゲノム解析

問題5 答え：B: メタゲノム解析

メタゲノムという言葉は、「土壌などのある環境サンプル中に存在する様々な微生物がもつゲノム全体」を意味しますが、培養方法が確立していない環境中の微生物のゲノムDNAをまとめて抽出してゲノム解析する方法をメタゲノム解析と言います。

微生物がもつ有用な酵素や天然物化合物をつくりだす遺伝子を探索したり、ヒトの腸内細菌を解析し、ヒトの健康との関係を調べる研究など、メタゲノム解析の応用が広がっています。

問題6

メタゲノム解析でヒトの腸内に棲む細菌のゲノム配列を解読して、ヒトの健康に役立てようという研究が進んでいます。ヒトの腸にはどのくらいの細菌がいるのでしょうか？



- A: 100兆個 B: 1兆個 C: 100億個 D: 1億個

問題6 答え：A: 100兆個

ヒトの体には、腸内細菌を含めてたくさんの種類と数の細菌（常在菌）がいます。乳酸菌やビフィズス菌などは善玉菌として体を守ってくれたり健康にかかわっていて、ブドウ球菌や毒素を出す大腸菌などは悪玉菌とし病気の引き金となることがわかってきました。

ヒトによって常在している腸内細菌の種類と量に違いがあるようですが、どのような腸内細菌がどのくらいの割合で棲息しているかをメタゲノム解析で調べて、病気や健康との関係について調べる研究が進んでいます。