

48. DNA の複製様式

2 本鎖 DNA 数が世代を重ねるたびに 2 倍になる。

0 世代の 2 本の H 鎖の数は一定。

複製により L 鎖のみが生じる。

より,

世代	0	1	2	3	...	n
2本鎖DNAの本数	1	2	4	8	...	2^n
(HH)の本数	1	0	0	0	...	0
(HL)の本数	0	2	2	2	...	2
(LL)の本数	0	0	2	6	...	$2^n - 2$

また,

一本鎖で見た場合

n 世代では,

DNA 鎖の数 = 2^{n+1}

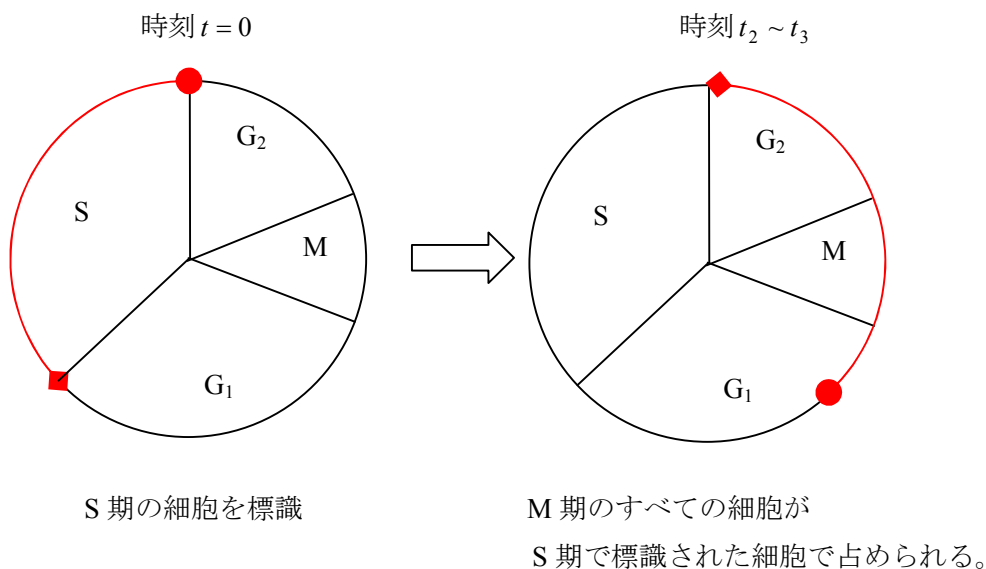
H 鎖の数 = 2

L 鎖の数 = $2^{n+1} - 2$

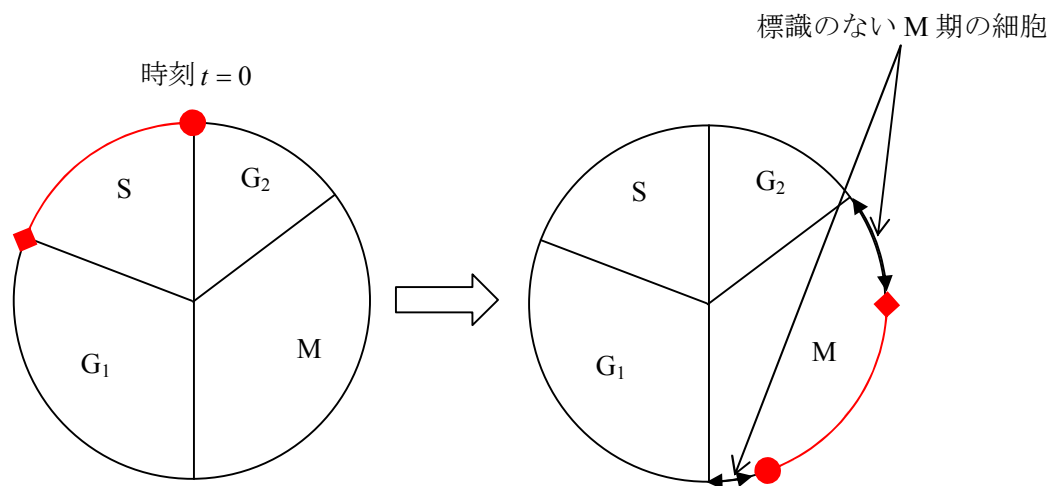
49. 細胞周期とDNAの複製

S期に標識された細胞がM期に入っていくにしたがい標識細胞百分率が増加していく。
 t_2 から t_3 にかけて標識細胞百分率が100%であることは、その間のM期の細胞はすべてS期で標識された細胞がM期の細胞になったものであることを示している。
 また、各期の長さは細胞数に比例するから、S期の長さがM期より長いことも意味する。

S期の長さがM期より長い場合はしばらくの間標識百分率100%の状態が続く。
 赤は時間 $t=0$ で標識された細胞の分布範囲を示す。



S期の長さがM期より短い場合は標識百分率が100%にならない。



では、図 1 と対応させながら説明する。

図 1 : $t = 0$

S 期の細胞を標識

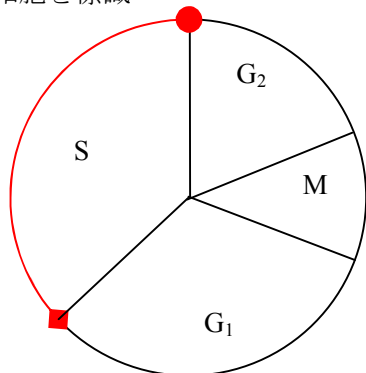


図 2 : $t = t_1$

S 期で標識された細胞（先頭の赤丸）が初めて M 期に入る。

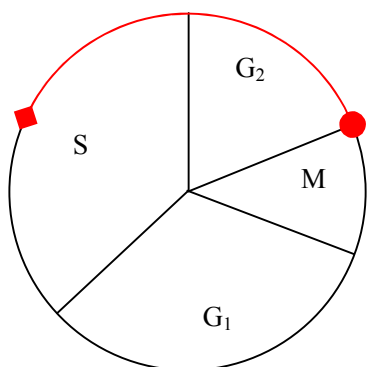


図 1 と図 2 より、

時間 $t_1 - 0 = t_1$ は、赤丸の細胞が G_2 期を経るのに要した時間であることがわかる。

よって、

$$t_1 = G_2 \quad \dots \textcircled{1}$$

図 3 : $t = t_2$

S 期で標識された細胞がどんどん M 期に移行し、
M 期の細胞がすべて S 期で標識された細胞で埋められる。

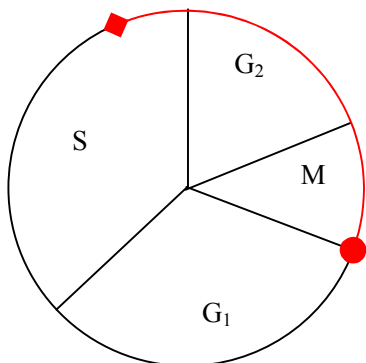


図 2 と図 3 より、
時間 $t_2 - t_1$ は、赤丸の細胞が M 期を経るのに要した時間であることがわかる。

よって、

$$t_2 - t_1 = M \quad \dots \textcircled{2}$$

図 4 : $t = t_3$

しばらく標識百分率 100%の状態が続いたあと、
標識されていない細胞の M 期への移行が開始する。

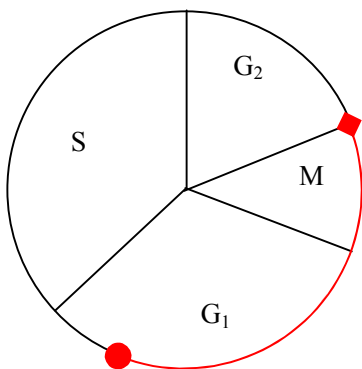


図 1 と図 4 より、
時間 $t_3 - 0 = t_3$ は、ひし形の細胞が S 期と G₂ 期を経るのに要した時間であることがわかる。

よって、

$$t_3 = S + G_2 \quad \dots \textcircled{3}$$

①, ③より、

$$t_3 - t_1 = S$$

図 5 : $t = t_4$

S 期で標識された細胞がちょうど M 期から抜け出す。

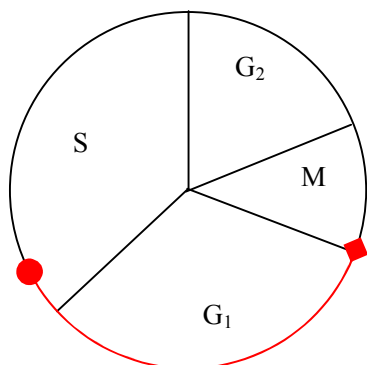


図 4 と図 5 のひし形で示した細胞の移行から、
時間 $t_4 - t_3$ も M 期の長さを表すことがわかる。
つまり、グラフの形は等脚台形である。

図 6 : $t = t_5$

$t = t_1$ の状態と同じになる。

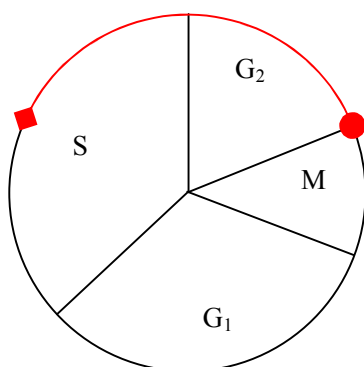


図 2 と図 6 から、赤丸の細胞が細胞周期を 1 周したことがわかる。

よって、

$$t_5 - t_1 = G_1 + S + G_2 + M$$

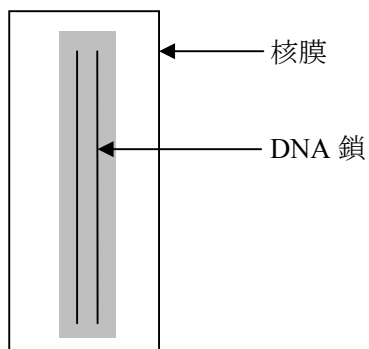
問 2

(1)

第 1 ピーク前の G₁ 期

二本鎖 DNA が 1 本

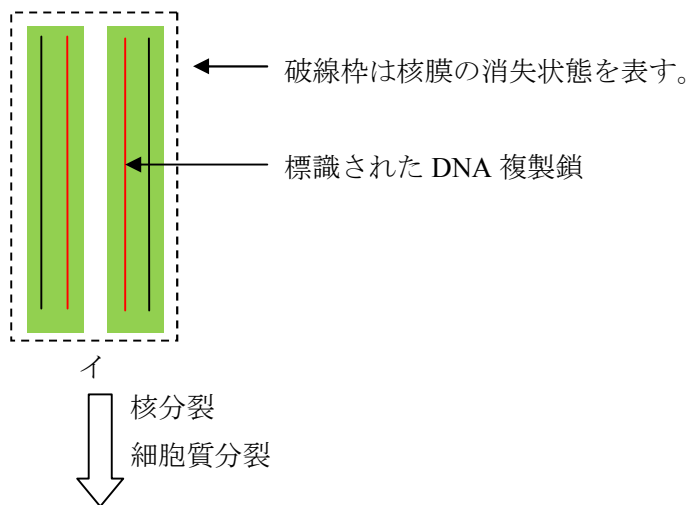
灰色は標識されていない染色体（黒色粒子をもたない染色体）



第 1 ピーク

赤は標識された DNA 複製鎖

緑色は標識された染色体（黒い粒子をもつ染色体）

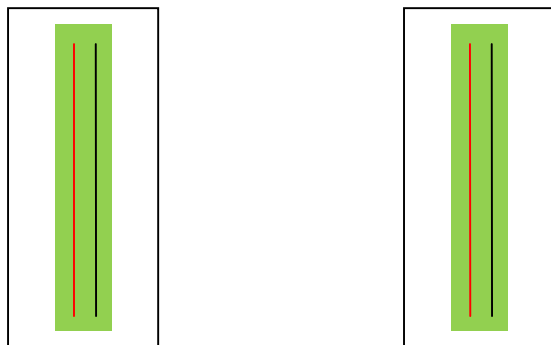


第 2 ピーク前の G₁ 期

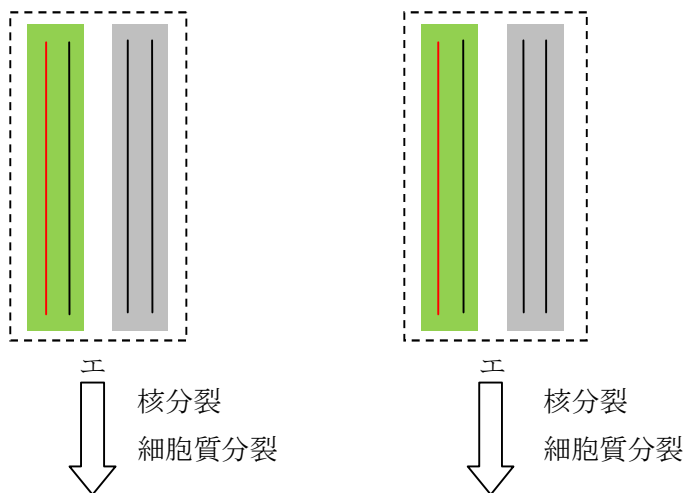


(2)

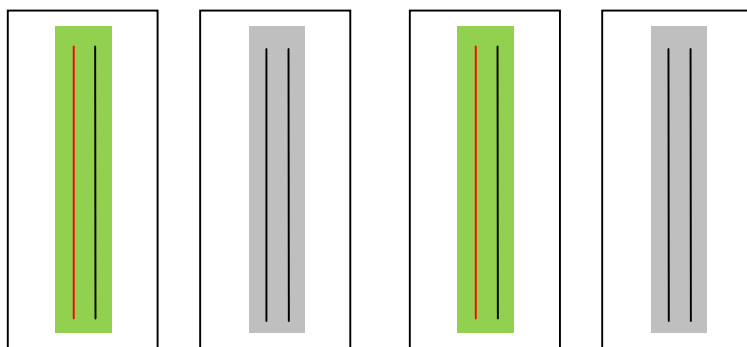
第2 ピーク前の G₁ 期



第2 ピーク

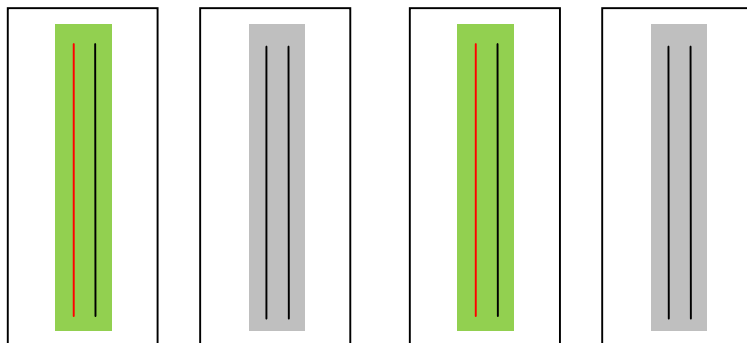


第3 ピーク前の G₁ 期

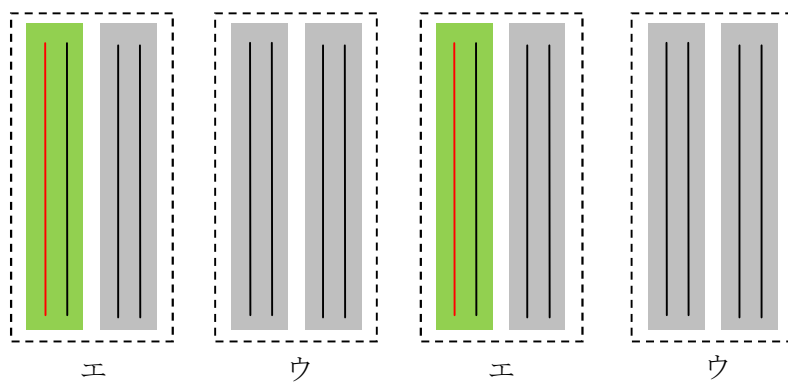


(3)

第3 ピーク前の G_1 期



第3 ピーク



50. 一遺伝子一酵素説

- 合成系の最終段階にある物質ほどより多くの変異株を生育させることができる。これを少ない順に、つまり、合成系の先駆物質を合成順に左から並べると、無添加, R, P, Q, アルギニンの順になる。
- 合成系の最終段階に近い酵素に欠陥がある変異株ほど有効な先駆物質が少ない。変異株を有効な先駆物質が多い順に、つまり、合成系の最初の段階に近い酵素に欠陥がある変異株から順に上から並べると、III, V, I, IV, IIの順になる。

これを表にすると、

	無添加	R	P	Q	アルギニン
III	+	+	+	+	+
V	-	+	+	+	+
I	-	-	+	+	+
IV	-	-	-	+	+
II	-	-	-	-	+

よって、

先駆物質 1 は R

先駆物質 2 は P

先駆物質 3 は Q

また、

IIIは野生株

VはR(先駆物質1)をつくれなから、酵素1に欠陥

IはP(先駆物質2)をつくれなから、酵素2に欠陥

IVはQ(先駆物質3)をつくれなから、酵素3に欠陥

IIはアルギニンをつくれなから、酵素4に欠陥

がある。

まとめ

生育できる株の多い物質 ⇔ 最終産物に近い先駆物質

生育できる培地の多い物質 ⇔ 合成系初期の先駆物質をつくる酵素に欠陥

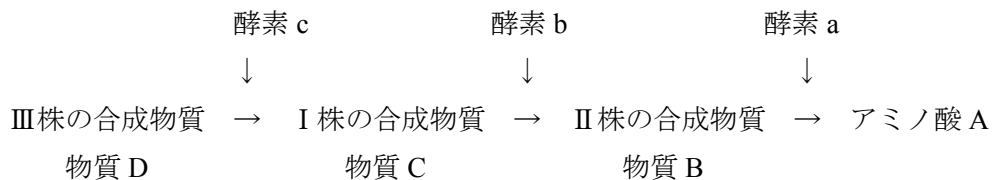
	物質生成の順 →				
	無添加	R	P	Q	アルギニン
III	+	+	+	+	+
V	-	+	+	+	+
I	-	-	+	+	+
IV	-	-	-	+	+
II	-	-	-	-	+

のように表を整理する。

51. 大腸菌の栄養要求株

	Ⅲ株の合成物質	I株の合成物質	Ⅱ株の合成物質	アミノ酸A
Ⅲ株	-	+	+	+
I株	-	-	+	+
Ⅱ株	-	-	-	+

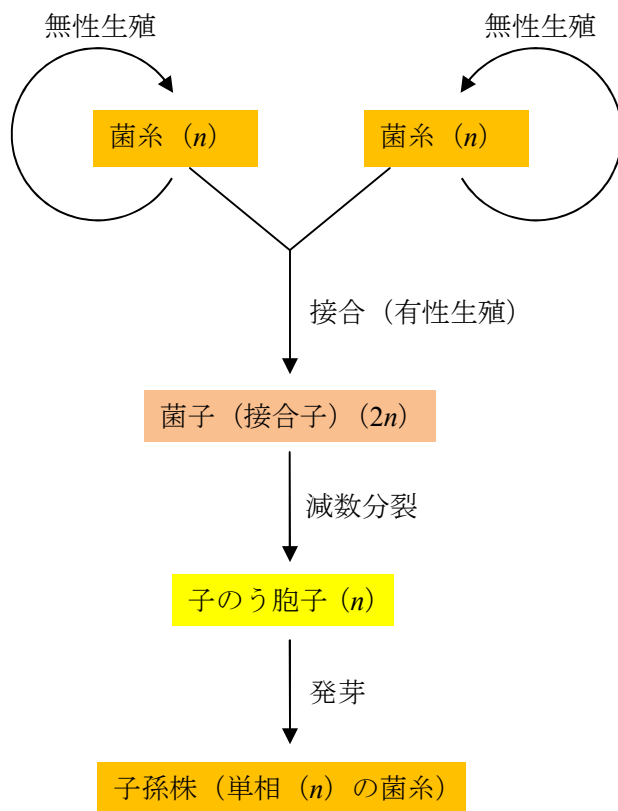
より,



I株は酵素 b に欠陥,
 Ⅱ株は酵素 a に欠陥,
 Ⅲ株は酵素 c に欠陥
 がある。

52. アカパンカビの遺伝

問 2



交配 1 について

正常遺伝子を大文字で表すと、

A2 株の遺伝子型は、 $A_1a_2A_3M_1M_2M_3$

A3 株の遺伝子型は、 $A_1A_2a_3M_1M_2M_3$

よって、接合子の遺伝子型は、

$A_1A_1A_2a_2A_3a_3M_1M_1M_2M_2M_3M_3$

このうち、 $A_1A_1M_1M_1M_2M_2M_3M_3$ は正常遺伝子のホモ接合体だから変異に関与しない。

よって、子孫株 (n) の表現型については、接合子の遺伝子型の $A_2a_2A_3a_3$ だけを扱えばよい。

すると、子孫株の遺伝子型は、組換え価 0 より、

$A_2A_3 : A_2a_3 : a_2A_3 : a_2a_3 = 1 : 1 : 1 : 1$

となる。

これらのうち、

遺伝子型 A_2A_3 の子孫株の表現型は野生型

遺伝子型 A_2a_3 の子孫株の表現型は A3 型

遺伝子型 a_2A_3 の子孫株の表現型は A2 型

遺伝子型 a_2a_3 の子孫株の表現型は変異株 A3 と同じ栄養要求性を示すから A3 型

よって、A2 型 25%、A3 型 50%、野生型 25%、非 A2・非 A3 型は 0%となる。

交配 2 について

A2 株の遺伝子型は、 $A_1a_2A_3M_1M_2M_3$

M2 株の遺伝子型は、 $A_1A_2A_3M_1m_2M_3$

よって、接合子の遺伝子型は、

$A_1A_1A_2a_2A_3A_3M_1M_1M_2m_2M_3M_3$

ここで、交配 1 と同様に、

接合子の遺伝子型の $A_2a_2M_2m_2$ だけを扱う。

すると、子孫株の遺伝子型は、組換え価 0 より、

$A_2M_2 : A_2m_2 : a_2M_2 : a_2m_2 = 1 : 1 : 1 : 1$

遺伝子型 A_2M_2 の子孫株の表現型は野生型

遺伝子型 A_2m_2 の子孫株の表現型は M2 型

遺伝子型 a_2M_2 の子孫株の表現型は A2 型

遺伝子型 a_2m_2 の子孫株は変異株 A2 と M2 と異なる栄養要求性を示すから、

その表現型非 A2・非 M2 型

よって、A2 型 25%、M2 型 25%、野生型 25%、非 A2・非 M2 型 25%となる。

問 3

接合子の遺伝子型を連鎖関係がはっきりするように表すと、 a_1M_1 / A_1m_1

遺伝子型 a_1M_1 の子孫株の表現型は A1 型で 66 株

遺伝子型 A_1m_1 の子孫株の表現型は M1 型 60 株

組換え体である遺伝子型 a_1m_1 の子孫株の表現型は非 A1・非 M1 型で 11 株

組換え体である遺伝子型 A_1M_1 の子孫株の表現型は野生型で 13 株

よって、

$$\text{組換え価} = \frac{11+13}{66+60+11+13} \times 100\% = 16\%$$

53. タンパク質合成の過程

補足

トリプレット：3つのヌクレオチドが連なったものをいう。

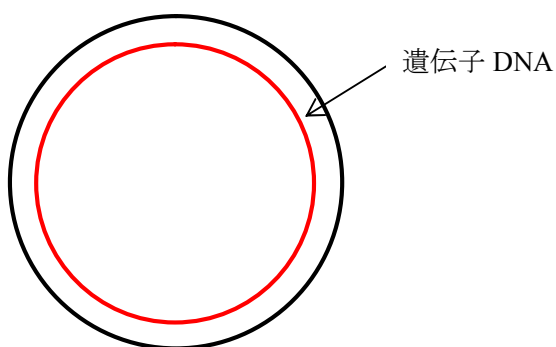
コドン：mRNA の遺伝暗号となるトリプレット

アンチコドン：コドンと相補的に結合する tRNA のトリプレット

原核生物の DNA 鎖と遺伝子の分布

2 本鎖 DNA の一方が遺伝子をコードしている。

また、DNA のほとんどが遺伝子 DNA である。

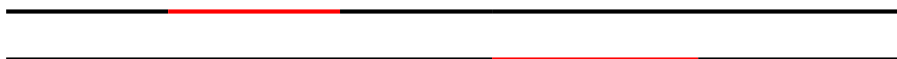


真核生物の DNA と遺伝子の分布

両鎖にランダムに分布する。

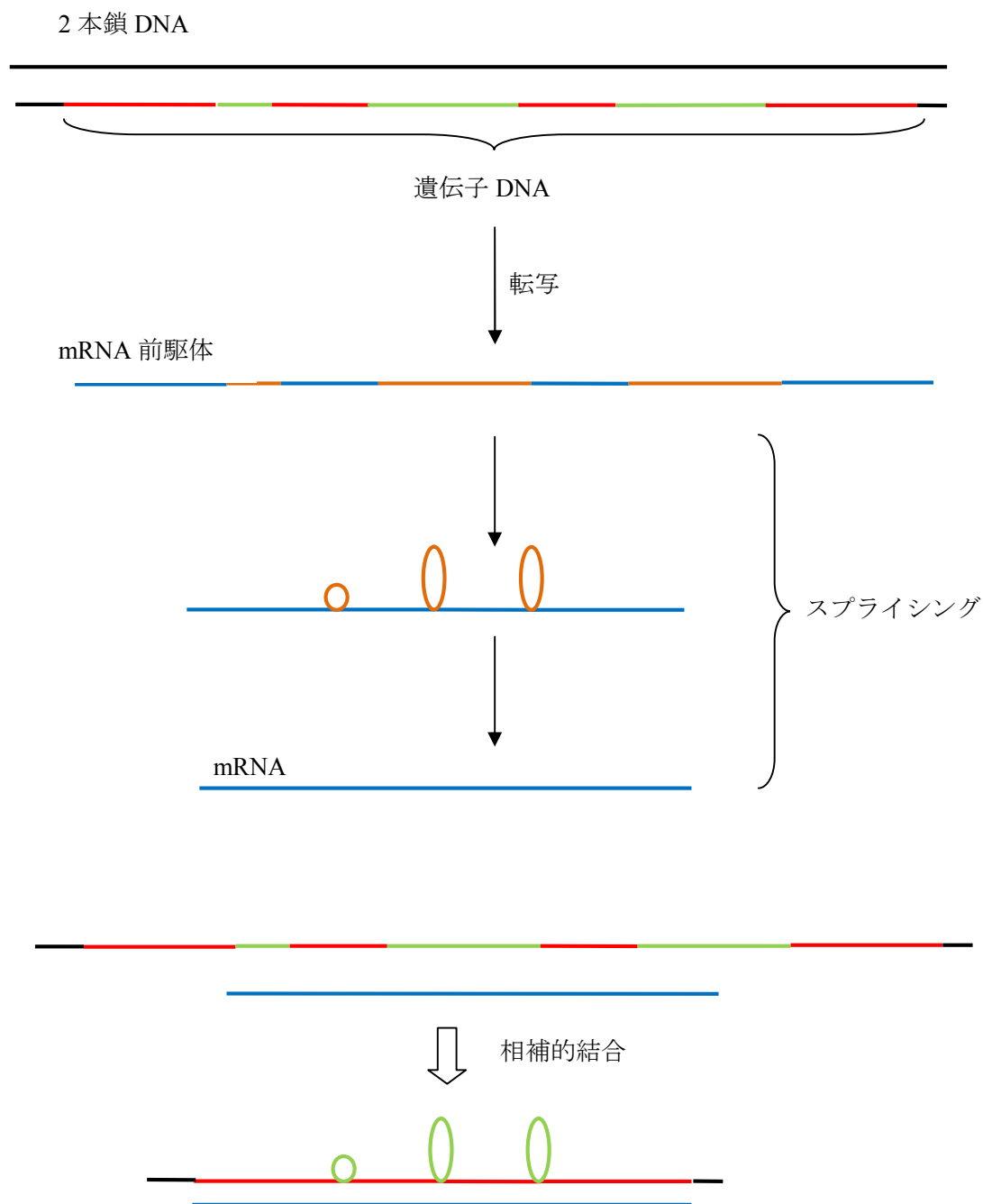
一方が遺伝子 DNA であれば、その相補鎖は非遺伝子 DNA である。

非遺伝子 DNA が多く、ヒトの場合 DNA のほとんどが非遺伝子 DNA である。



54. スプライシング

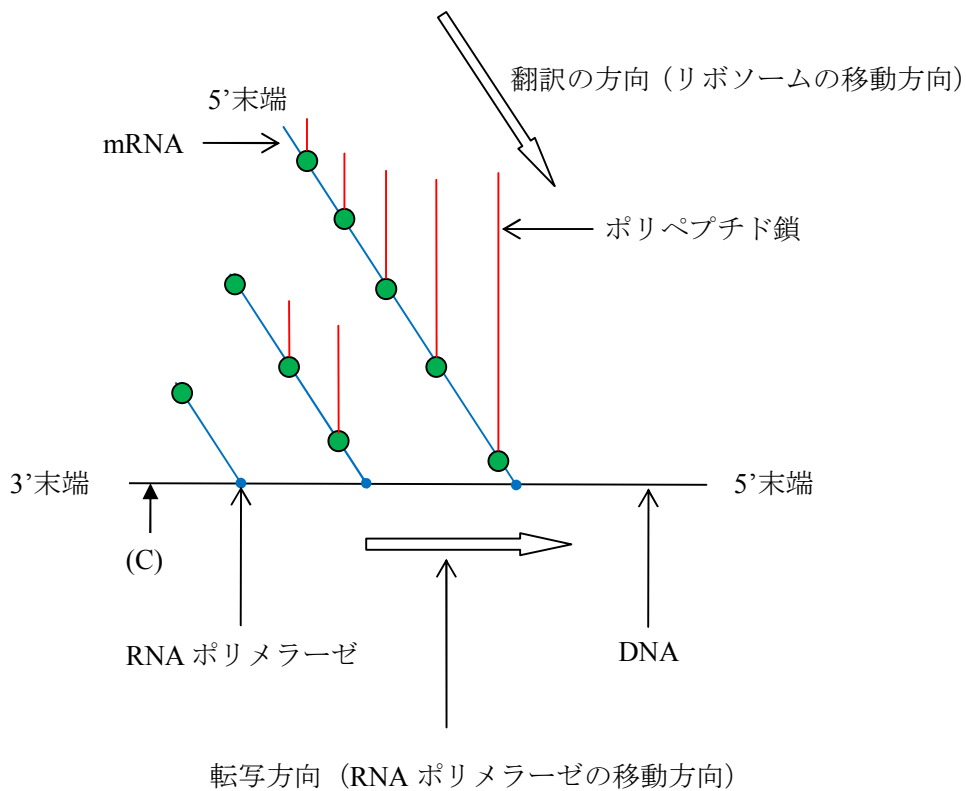
- 非遺伝子 DNA
- エキソン } 遺伝子 DNA
- イントロン }
- エキソンと相補な RNA
- イントロンと相補な RNA



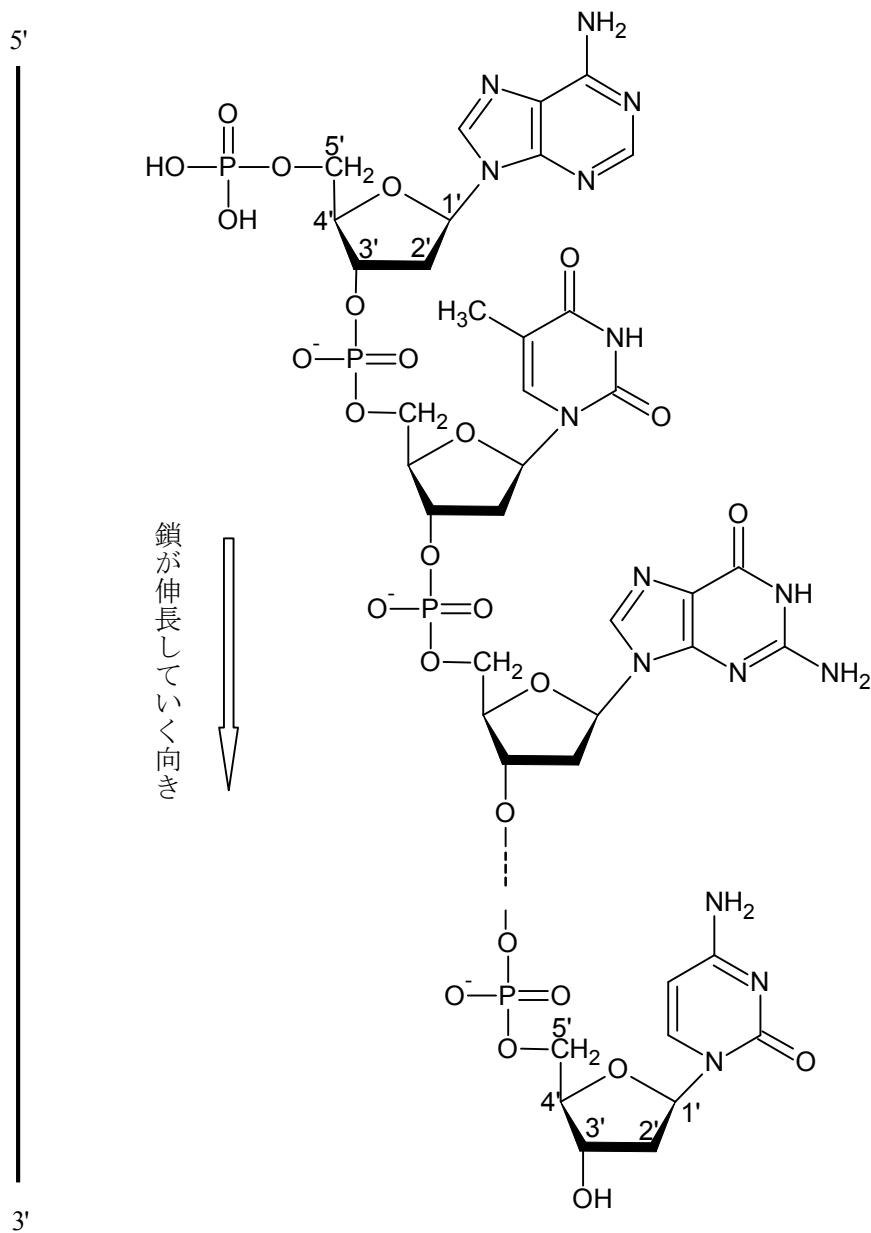
55. 原核生物のタンパク質合成

問2

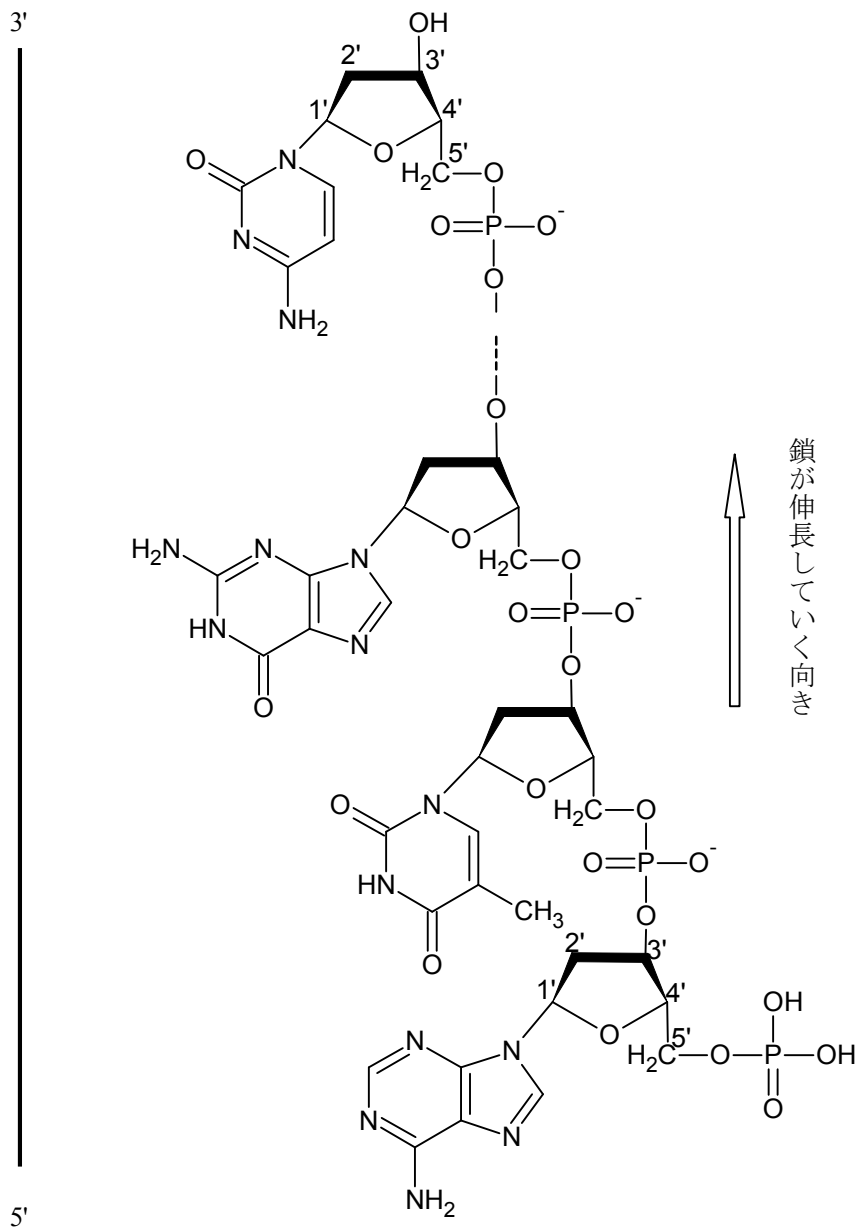
mRNAはCからDの方向に長くなっていくことから、転写開始点はCである。



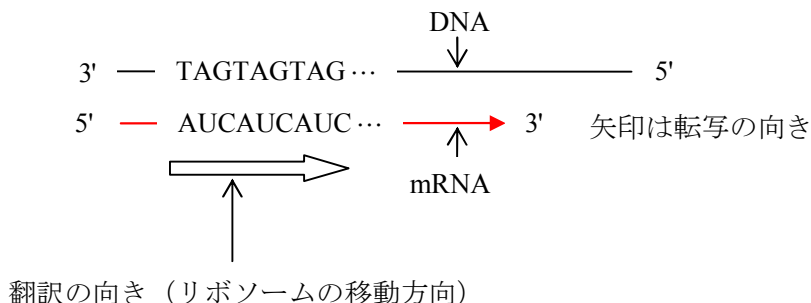
5'炭素原子にリン酸基あるいはヒドロキシ基が結合している末端を5'末端
 3'炭素原子にリン酸基あるいはヒドロキシ基が結合している末端を3'末端という。
 複製や転写でのヌクレオチド鎖の伸長は常に5'→3'の方向に行われる。



3'を上にとすると上下が逆さまになる。

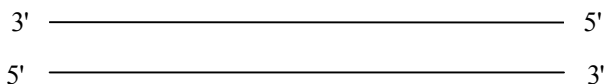


57. 転写・翻訳・複製の方向



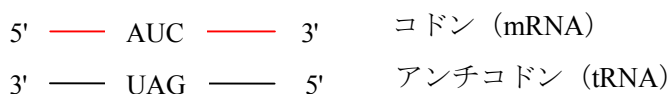
問 3

相補的結合は、必ず



となる。

よって、コドンとアンチコドンの相補的結合は、



となる。

問 4・問 6

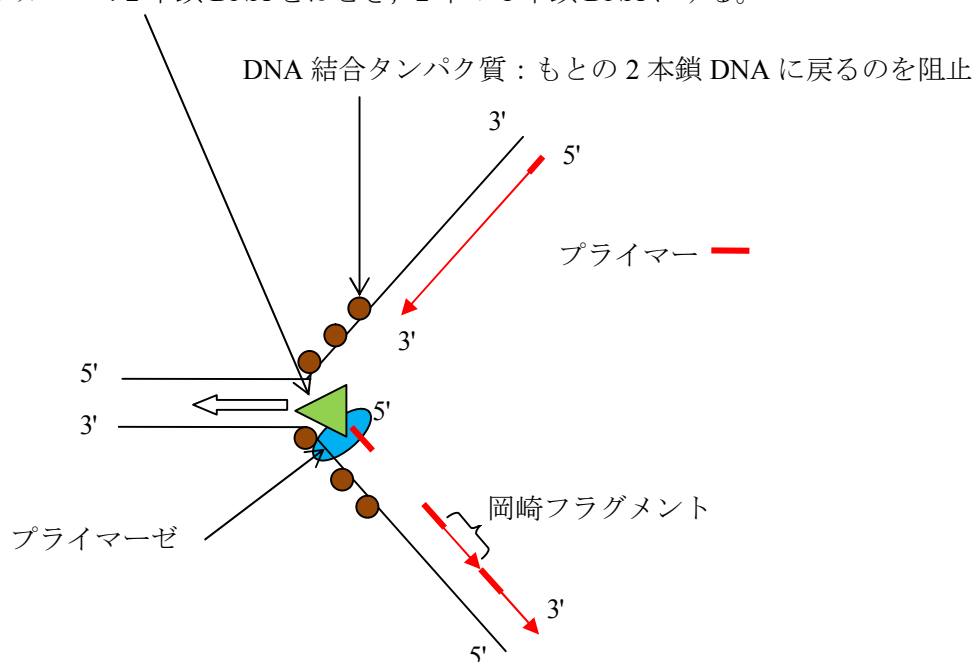
- ・ 開始コドンは AUG, GUG 教科書的には AUG でよい。
AUG はメチオニン, GUG はバリンのコドンでもあり,
タンパク質合成開始時のペプチド鎖の N 末端は常にメチオニンかバリンとなるが,
合成途中や合成終了直後にそれが除去されることもあるので,
タンパク質の N 末端は必ずしもメチオニンあるいはバリンというわけではない。
- ・ 終止コドンは UAA, UAG, UGA の 3 種類あり,
これらに対応するアミノ酸はないので, 翻訳はその手前のコドンで終わる。

問 5

コドンはトリプレットだから, $4^3 = 64$ 通りある。

DNA 複製のしくみ (大腸菌)

DNA ヘリカーゼ：2本鎖DNAをほどき、2本の1本鎖DNAにする。

**末端が3'の一本鎖DNAを鋳型とするDNAの複製**

プライマーゼという酵素が3'末端に結合し、

そのDNA塩基配列と相補的なプライマーと呼ばれる短いRNA断片を合成する。



DNAポリメラーゼIIIがプライマーRNAの3'末端にヌクレオチドを加えることにより

DNA複製が開始され、以後DNAポリメラーゼIIIは5'→3'の方向のDNA鎖(「リーディング鎖」という)を合成していく。

プライマーRNAは分解され、その部位に相補的なDNAが挿入され、

DNAポリメラーゼIIIが合成したDNA鎖と酵素(DNAリガーゼ)により連結される。

補足**テロメア**

真核生物の染色体の場合染色体DNAの3'末端はテロメアと呼ばれる反復配列があり、

ヒトの場合TTAGGGTTAGGG・・・とTTAGGGの配列が約2500回繰り返されている。

これらの反復配列は染色体末端の安定性を維持する特別なタンパク質と結合する。

ヒト正常細胞の染色体のほとんどは、DNA複製と細胞分裂の周期を終えるごとに、

テロメアDNAを5'末端から50~200塩基対を失っていく。

そして、20~30代分裂しテロメアを失うと細胞分裂ができなくなり細胞死を迎える。

しかし、骨髄幹細胞・生殖細胞のように絶えず分裂している細胞は、失われたテロメア配列を補充するテロメラーゼと呼ばれる酵素をもち、テロメアDNAを維持している。

テロメラーゼは90%以上のヒトの癌でも発現していて、絶え間なく分裂する癌細胞の分裂

能力との関係で関心がもたれている。

また、ヒト正常細胞で遺伝子操作によりテロメアーゼ遺伝子を過剰に発現させると、20~30代分裂で死ぬはずの細胞が不死化することから、テロメアーゼの発現と加齢との関係でも関心がもたれている。

末端が 5' の一本鎖 DNA を鋳型とする DNA の複製

一本鎖 DNA ができる部位に DNA ヘリカーゼと結合して存在するプライマーゼによりプライマーが合成される。

↓

DNA ポリメラーゼⅢがプライマーRNA の 3' 末端にヌクレオチドを加えることにより DNA 複製が開始され、以後 DNA ポリメラーゼⅢは 5'→3' の方向の DNA 鎖を合成していく。鋳型となる DNA 配列は短いので複製された DNA 鎖は DNA 鎖というより DNA 断片である。よって、この DNA 鎖はラギング鎖と呼ばれる。(rag : 小片)

↓

こうして、プライマーが合成されてはラギング鎖ができるのが繰り返され、いくつものラギング鎖ができていくとともに、酵素 (DNA ポリメラーゼ I) によりプライマーRNA が分解され DNA に置き換えられ、ラギング鎖とこの DNA が酵素 (DNA リガーゼ) により連結される。

なお、このラギング鎖は、その発見者である岡崎令治 (名古屋大学教授・広島原爆による被爆が原因の白血病で死亡) にちなんで岡崎フラグメントと呼ばれる。

補足

DNA ポリメラーゼ

ほとんどの細胞は数種類の DNA ポリメラーゼをもつが、染色体の DNA 複製を担っているのはそれらの 1 個だけである。

その他のものは、

プライマーの除去と DNA の置き換え

紫外線などで傷付いた DNA の修復

複製ミスの修復

にかかわっている。

大腸菌では 5 個の DNA ポリメラーゼがあり、

そのうち複製に関わるものは DNA ポリメラーゼⅢである。

ヒトでは、14 個の DNA ポリメラーゼが同定されており、

DNA ポリメラーゼ δ がほとんどの複製に関わっている。

58. 遺伝暗号**補足**

遺伝暗号は全生物共通である。

ただし、コドン使用頻度は異なる。

アミノ酸の略号

アミノ酸	三文字表記	一文字表記
グリシン	Gly	G
アラニン	Ala	A
セリン	Ser	S
トレオニン	Thr	T
システイン	Cys	C
アスパラギン	Asn	N
グルタミン	Gln	Q
ロイシン	Leu	L
イソロイシン	Ile	I
バリン	Val	V
メチオニン	Met	M
フェニルアラニン	Phe	F
チロシン	Tyr	Y
トリプトファン	Trp	W
プロリン	Pro	P
アスパラギン酸	Asp	D
グルタミン酸	Glu	E
ヒスチジン	His	H
リシン	Lys	K
アルギニン	Arg	R

59. タンパク質合成に関する計算

問1

相補性より,

mRNA の A の% = 鋳型 DNA 鎖の T の% = 相補 DNA 鎖の A の%

mRNA の G の% = 鋳型 DNA 鎖の C の% = 相補 DNA 鎖の G の%

mRNA の C の% = 鋳型 DNA 鎖の G の% = 相補 DNA 鎖の C の%

mRNA の U の% = 鋳型 DNA 鎖の A の% = 相補 DNA 鎖の T の%

塩基	mRNA	鋳型 DNA 鎖	相補 DNA 鎖	二重鎖 DNA
A	31.0	27.0	31.0	$(27.0 + 31.0) \div 2 = 29.0$
G	25.4	16.6	25.4	$(16.6 + 25.4) \div 2 = 21.0$
C	16.6	25.4	16.6	$(16.6 + 25.4) \div 2 = 21.0$
U (T)	27.0	31.0	27.0	$(27.0 + 31.0) \div 2 = 29.0$

問2

$$1 \text{ 分子の mRNA に含まれるヌクレオチドの数} = \frac{1.8 \times 10^5}{300}$$

ヌクレオチド3個とアミノ酸1個が対応するから,

$$\text{タンパク質のアミノ酸の数} = \frac{1.8 \times 10^5}{300} \times \frac{1}{3}$$

よって,

$$\text{タンパク質の分子量} = \underbrace{\frac{1.8 \times 10^5}{300}}_{\text{ヌクレオチド数}} \times \underbrace{\frac{1}{3}}_{\text{アミノ酸数}} \times 100 = 2.0 \times 10^4$$

問3

タンパク質1種類あたりのアミノ酸数

$$\text{タンパク質がもつ平均アミノ酸数} = \frac{\text{タンパク質の平均分子量}}{\text{アミノ酸の平均分子量}} = \frac{5.0 \times 10^4}{120}$$

つまり, タンパク質1種類あたり $\frac{5.0 \times 10^4}{120}$ 個のアミノ酸をもつ。・・・①

DNA鎖がコードするアミノ酸の総数

DNA鎖は2本鎖の一方が転写されるから,

$$\text{タンパク質に対する情報をもつ DNA の分子量} = \frac{3.3 \times 10^9}{2}$$

よって,

$$\text{ヌクレオチドの総数} = \frac{3.3 \times 10^9}{2} \div 330 = \frac{3.3 \times 10^9}{2} \times \frac{1}{330}$$

ゆえに

$$\text{コードするアミノ酸の総数} = \frac{3.3 \times 10^9}{2} \times \frac{1}{330} \times \frac{1}{3} \quad \dots \textcircled{2}$$

以上より,

$$\text{DNA がコードするタンパク質の種類} = \frac{\textcircled{2}}{\textcircled{1}} = \frac{\frac{3.3 \times 10^9}{2} \times \frac{1}{330} \times \frac{1}{3}}{\frac{5.0 \times 10^4}{120}} = 4.0 \times 10^3$$

60. 遺伝暗号の解読**問3～問5**

U : G = 3 : 1 のトリプレットだから、

$$(3U + G)^3 = 27U^3 + 27U^2G + 9UG^2 + G^3$$

U^3 は UUU

U^2G は UUG, UGU, GUU の 3 種類

UG^2 は UGG, GUG, GGU の 3 種類

G^3 は GGG

よって、

	UUU	UUG	UGU	GUU	UGG	GUG	GGU	GGG
相対数	27	9	9	9	3	3	3	1

フェニルアラニン : バリン : システイン : ロイシン : グリシン : トリプトファン

$$27 : 12 : 9 : 9 : 4 : 3$$

また、GGG はグリシン

バリンとグリシンを指定する塩基配列は 2 種類あり、いずれも G で始まる。

以上より、

UUU : フェニルアラニン

GUU : バリン

GUG, GGU : 一方がバリン, 他方はグリシン

UGG : トリプトファン

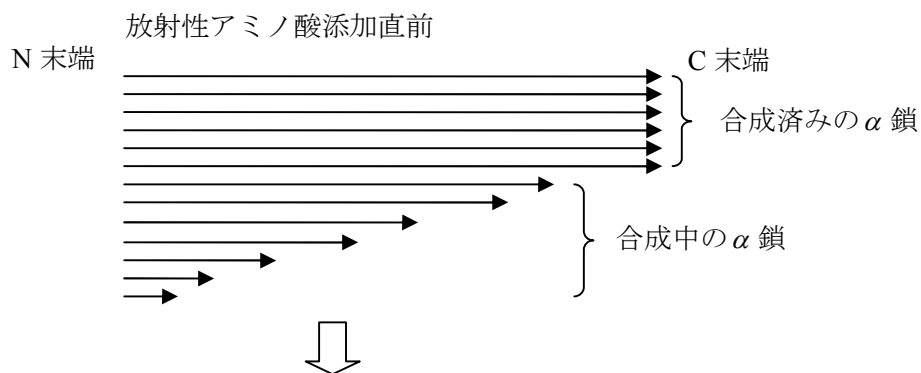
UUG, UGU : 一方がシステイン, 他方はロイシン

61. 翻訳の方向性

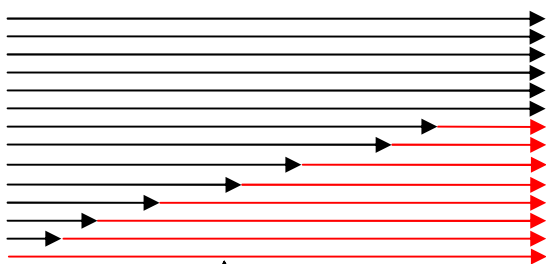
問 2

(C)

放射性アミノ酸添加直後に合成を開始した α 鎖がその合成を完了したとき、N 末端に放射性活性をもつ α 鎖が初めて現れる。よって、 α 鎖の合成に要する時間は約 7 分である。



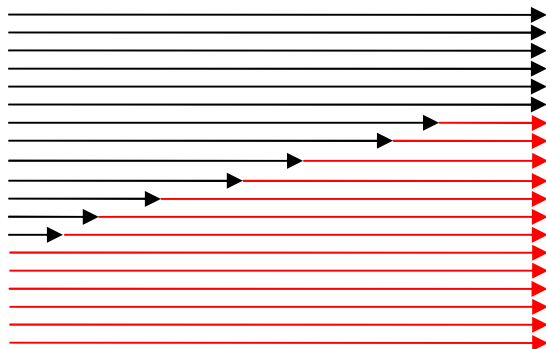
放射性アミノ酸添加後約 7 分



鎖全体が放射性標識された α 鎖が初めて生成する。
これは、放射性アミノ酸添加時に合成を開始した α 鎖である。



鎖全体が放射性標識された α が時間の経過とともに増加していくので、放射活性の相対値が 1 に近づいていく。



(D)

7分で142個のアミノ酸が結合するから、4分で結合するアミノ酸数は、

$$\frac{4 \times 142}{7} \approx 81.1 \text{ より, } 81 \text{ 個である。}$$

(E)

残り122個のアミノ酸が結合するから、

$$\text{完了するのは } \frac{7 \times 122}{142} \approx 6.0 \text{ より, } 6 \text{ 分後である。}$$

63. 大腸菌の遺伝子発現の調節(2)

問 1

(ア)

ラクトースを与える。

↓

I^+ からのリプレッサーとラクトースが結合する。

↓

リプレッサーはオペレーター O^+ に結合できなくなる。

↓

構造遺伝子 Z^+ が転写される。

↓

ラクトース分解酵素が合成される。

よって、

③

(イ)

ラクトースを与える。

↓

I^+ からのリプレッサーとラクトースが結合する。

↓

リプレッサーはオペレーター O^+ に結合できなくなる。

↓

構造遺伝子が Z^- のためラクトース分解酵素が合成されない。

よって、

④

(ウ)

オペレーター O^- のためにリプレッサーが結合できない。

↓

構造遺伝子 Z^+ が常に転写される。

↓

ラクトース分解酵素が常に合成される。

よって、

①

(エ)

リプレッサー遺伝子が I^- のため、リプレッサーが合成されない。

↓

構造遺伝子 Z^+ が常に転写される。

↓

ラクトース分解酵素が常に合成される。

よって、

①

(オ)

リプレッサー遺伝子が I^S のため、ラクトースと結合できない。

↓

リプレッサーはオペレーター O^+ と常に結合する。

↓

構造遺伝子 Z^+ が常に転写されない。

↓

ラクトース分解酵素が常に合成されない。

よって、

④

64. 転写の調節

問 2

実験 2 は DNA のみの電気泳動であり、バンド B は X を表す。

したがって、バンド A は X と R の複合体である。

1.

R と X 以外の転写調節領域との相互作用について調べていないので正しいとはいえない。

よって、×

2.

実験 1 と実験 4 より、正しい。

3.

X が R 以外の物質と結合するかについては調べていないので正しいとはいえない。

よって、×

4.

実験 1 と実験 3 より、正しい。