

[1] 次の各設問に対応する用語を下の語句 (a)から(p)の中から選択しなさい。(30 点)

(1) 進化の過程で、タンパク質の立体構造は、そのアミノ酸配列に比べ保存することが経験的に知られている。このことを利用し、立体構造未知のタンパク質の構造のモデルを、アミノ酸配列が類似する立体構造既知のタンパク質の座標データを鋳型として構築すること。(5 点)

(2) 二つの相同なタンパク質の立体構造の重ね合わせを行う時、最小になるように処理される評価関数。(5 点)

(3) DNA チップを用いて多数の遺伝子の発現レベルを複数の異なる環境で計測した時、発現パターンの類似性に基づいて遺伝子を分類する時に使用される方法。(5 点)

(4) ある生物のタンパク質 A と B が相互作用しており、別の生物でもその二つのタンパク質のオーソログが相互作用している時、このタンパク質ペアの関係を表す用語。(5 点)

(5) 分子進化の過程におけるタンパク質のアミノ酸置換の生じやすさを数値化した 20 ×20 のサイズの行列 (あるいはその上 (下) 三角部分)。(5 点)

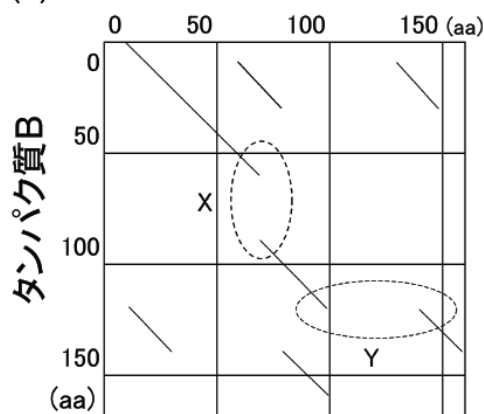
(6) 生体の中のタンパク質ネットワークはグラフで表現される。グラフの節点(node)はタンパク質を、辺(edge)はその両端の節点に相当するタンパク質の間の相互作用を表す。このグラフ中、非常に多くの辺を有する節点、すなわち多くのタンパク質と相互作用しているタンパク質を表す用語。(5 点)

- | | | | |
|-----------|-----------|------------|----------------|
| (a) BLAST | (b) ホモログ | (c) 分子軌道法 | (d) スコアマトリクス |
| (e) パラログ | (f) 分子動力学 | (g) インターログ | (h) XML |
| (i) RMSD | (j) モチーフ | (k) ベイズ推定 | (l) ホモロジーモデリング |
| (m) FASTA | (n) ハブ | (o) クラスタ分析 | (p) ロゼッタストーン法 |

[2] 2つのタンパク質のアミノ酸配列の類似領域を図として表したものをハープロットとよぶ。ここでは、2つの配列の一方が左端から右方向に N 末から並べられ、他方は左端から下方に N 末から並べられている。目盛りは 50 アミノ酸残基(aa)ごとに挿入されている。また、20 アミノ酸のサイズのウィンドウで部分配列を比較し、20 残基ペ

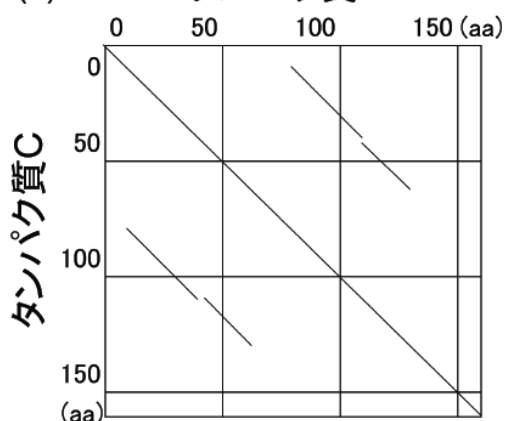
ア中で一致するアミノ酸の数が15個以上の時に、斜めの線で類似している領域を表している。以下の3つのハープロットについて設問に答えなさい (30点)。

(a) タンパク質A



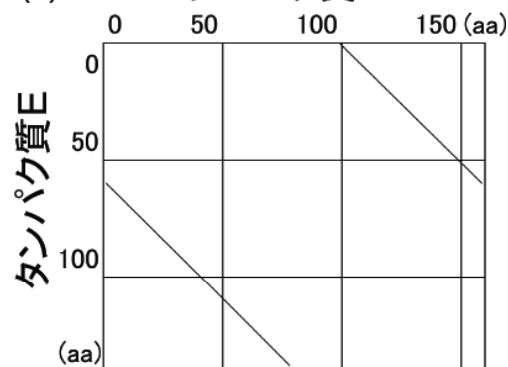
(1) 分子進化の過程では、アミノ酸置換だけではなく、部分配列の挿入や欠失が生じる。図(a)中で、挿入あるいは欠失が生じたと思われる箇所を破線の楕円で囲って示してある。このパターンの原因をどちらも挿入であるとした場合、xとyのそれぞれについて、タンパク質AとBのどちらに挿入が生じたかを説明しなさい。また、挿入/欠失について知るところ(機構や機能的意味)を記述しなさい。(10点)

(b) タンパク質C



(2) 同じタンパク質Cのアミノ酸配列をこの方法で比較した所、図(b)に示すような対称なパターンが描かれた。このパターンから、タンパク質Cの一次構造の構成について考えられることを説明しなさい。また、このような一次構造が進化の過程でどのように形成されたか、遺伝子重複と遺伝子融合に基づいて説明しなさい。(10点)

(c) タンパク質D



(3) タンパク質Dとタンパク質Eのハープロットは、図(c)のパターンを示した。どちらのタンパク質も2つの構造ドメインより構成されるとして、この2つのタンパク質のドメイン構成の進化について説明しなさい。(10点)

[3] 動的計画法(dynamic programming algorithm)によるタンパク質のアミノ酸配列のアラインメントについて知っていることを、ローカルアラインメントとグローバルアラインメントの違い、またペアワイズアラインメントとマルチプルアラインメントの違いを含めて説明しなさい。(40点)