

【正誤表】

書 名：ワトソン遺伝子分子生物学 第7版
 版 数：7版2刷

ページ	箇所	誤	正
122	下1行目	部分的に二重結合をつくる性質を	二重結合に近い性質を
124	4行目		
131	1行目から	折りたたまれたポリペプチド鎖の2つ以上のドメインのそれぞれでは、アミノ酸残基が連続して配列している場合もある。しかし多くの場合、少なくともドメインの1つは2つ（あるいはそれ以上）の非連続的な部位から折りたたまれ、鎖の間の部分は別のドメインを形成する（図6-10b）。間のドメインは、隣接する部位から折りたたまれたドメインに挿入されているように見える。	折りたたまれたポリペプチド鎖では、2つ以上のドメインのそれぞれが一続きのアミノ酸残基配列からなる場合もある。しかし多くの場合、少なくともドメインの1つは隣接していない2つ（あるいはそれ以上）の部位で折りたたまれ、その間にある鎖が別のドメインを形成する（図6-10b）。間のドメインは、両側の部位が折りたたまれてできたドメインに挿入されているように見える。
	下10行目から	それらにはたいい水素結合のパートナーとなっていること。この特性の理由は簡単で、極性基がドメインの表面に露出していれば、水（供与体であり受容体でもある）との間に同様な水素結合をつくるだろう。折りたたまれた構造で水素結合が存在しないような場合は、ポリペプチド鎖が折りたたまれる過程でその基から水がはぎ取られ（水素結合の）エネルギー的な優位さが失われたということだろう。疎水性アミノ酸残基でも	それらにはたいい水素結合をつくっている相手があること。この特性の理由は簡単で、極性基がドメインの表面に露出していたならば、水（供与体であり受容体でもある）との間に同様な水素結合をつくれるはずだ。しかし、ポリペプチド鎖が折りたたまれる過程でその基から水がはぎ取られてしまうと（水素結合の）エネルギー的な優位さが失われる。しまい込まれた官能基間の水素はそれを補完しているのである。疎水性アミノ酸残基でも

ページ	箇所	誤	正
133	コラム6-3 右段下4行目	C _H 2とC _H 3	C _H 1とC _H 2
136	17行目	類似性と予測に期待する正確性によって	類似性と予測が求める精度によって
137	3行目	結合して初めて構造を	結合して初めて一定の構造を
	下16行目	リプレッサーには、ファージゲノムへの結合部位が6個あり、	ゲノム上にはリプレッサーが結合する部位が6箇所あり、
	下15行目	正確な配列	厳密な配列
	下4行目	側鎖数個を対合した塩基の	側鎖数個を塩基対の
	下3行目	各塩基対の主溝の縁では	主溝の縁では各塩基対の
139	1行目	塩基配列と一致する。	塩基配列の特性と一致する。
140	5行目	ヘリックスの1番目	ヘリックスの-1番目
141	1, 9, 10行目	構造をもたない	一定の構造をもたない
142	6行目	起こるねじれを	起こるゆがみを
	下3行目	活性部位が阻止される構造	活性部位が働けない構造
143	まとめ 左段7行目	ペプチド結合は部分的に二重結合を形成する性質	ペプチド結合は二重結合に近い性質
144	問題6 5行目	タンパク質間で異なるのは	タンパク質間で最も異なるのは
327	図10-14 解説文中	らせんからはみ出し、	らせんからはじき出され、
331	下16行目	切断部の両側を通して元の配列を正確に	切断部と周辺の領域を元の配列に正確に
332	下8行目	加熱した芽胞が、	加熱された芽胞は、
745	下4行目	Olig2は抑制しない。	Olig2の抑制はしない。
751	下8行目	異なる機構については	別の機構については
752	コラム21-4 右段5行目	110細胞胚のB7.5割球で選択的に活性化される (図1, 矢印)。	110細胞胚のB7.5割球 (図1, 矢印) で選択的に活性化される。
	コラム21-4 右段7行目	Tbx6b/cはB7.5割球と同じく、	Tbx6b/cはB7.5割球のみならず、
	コラム21-4 右段8行目	(図1a, 矢印)	(図1a, 青色染色部分)
	コラム21-4 右段下5行目	(図1b, 矢印)	(図1b, 青色部分)

ページ	箇所	誤	正
757	コラム21-6 左段7行目	(図21-12)	(図21-13)
	コラム21-6 左段9行目	(図3)	(コラム21-3の図3)
763	8行目	エボ-デボ研究の推進力は、ハエ、線虫、 その他のモデル生物の発生 の 遺伝解析によ る 進化的多様性を引き起こす重要な遺伝子 の同定 であり、	エボ-デボ研究の推進力 となったのは 、ハ エ、線虫、その他のモデル生物 での発生に おける 遺伝 的 解析によ って 進化的多様性を 引き起こす重要な遺伝子 が同定されたこと である。
772	10行目	1年前には	数年前には
	11行目	ゲノム解析 例が ある。	ゲノム解析 がその例 である。
834	解答14.C 下1行目	冗長性を示唆している。	補完があることを示唆している。

2023年4月現在