

2011年度立命館大学大学院理工学研究科
博士課程前期課程
入学試験問題（専門科目）

生命情報科学型

【注意事項】

1. 解答は問題番号1、2、3・・・ごとに解答用紙1枚を使用すること。
2. 解答用紙には専攻名、課程、受験番号、氏名、問題番号を解答用紙すべてに記入すること。
3. 無記名答案は無効、問題用紙および解答用紙は持ち帰らないこと。
4. 解答用紙はホッチキス止めしてあるので、はずさないこと。
5. 専門科目の選択方法

問題用紙が事前に届け出ている型の問題であるか確認し、以下のような専門科目の選択方式に従って解答してください。

生命情報科学型：以下の3問から2問選択。

- ① 生物科学（物質・代謝生化学、分子生物学）
- ② 物理科学（生命物理科学、構造ゲノミクス）
- ③ 情報科学（プログラミング言語、バイオアルゴリズム）

6. 専門科目試験時間

- 数学科型・物理型 13:00～15:00(120分)試験時間中の途中退室は認めない。
数学科型・物理型以外 13:00～16:00(180分)試験時間中の途中退室は認めない。

立命館大学大学院理工学研究科（博士課程前期課程）

[専門科目] 生命情報科学型

1～3の中から2問選択して解答すること。

1. 生物科学（1. 生物科学の設問は3ページあります。すべてに回答してください。）

問1. 以下の問いに答えなさい。

(1) 0.2Mの酢酸バッファー (pH4.2) を1L調製するには0.2M酢酸と0.2M水酸化ナトリウム溶液を何mlずつ加えるとよいか計算で求めなさい。ただし、酢酸の pK_a は4.7、 $\log 2 = 0.3$ 、 $\log 3 = 0.5$ 、 $\log 5 = 0.7$ として計算しなさい。

(2) 下記の文章の①、②に適当な語句を入れ、文中にある問いに答えなさい。

タンパク質は等電点以下のpHでは(①)の電荷を帯び、等電点以上でのpHでは(②)の電荷を帯びている。等電点が7.0であるタンパク質を問題(1)のバッファーを用いてイオン交換カラムに吸着させ精製するには、陽イオン交換体と陰イオン交換体のどちらを用いるとよいか答えなさい。また、一旦吸着させたタンパク質を精製する目的で溶出するには、どのようにすればよいか簡単に答えなさい。

上で得られたタンパク質の標品から低分子の不純物を除くにはどのようなカラムを利用すればよいか答えなさい。

(3) α -D-グルコースの比旋光度は $+112.2^\circ$ 、 β -D-グルコースのそれは $+18.7^\circ$ である。平衡状態に達したD-グルコースの水溶液の比旋光度は $+52.7^\circ$ である。Haworthの式を用いて α -D-グルコースと β -D-グルコースを表示し、平衡状態でのD-グルコース水溶液中の α -および β -D-グルコースの比率を求めなさい。

(4) 脂質に関する以下の文章の①から⑤に適当な語句を入れなさい。

複合脂質は(①)脂質と(②)脂質に分類される。前者の例としてスフィンゴミエリンが、後者の例にはセレブロシドがあげられる。このような脂質には脂肪酸が含まれるが、 β 酸化により8分子あるいは9分子のアセチル CoA を生成する脂肪酸はそれぞれ(③)酸と(④)酸である。脂肪酸は生体エネルギーの生成に重要であるが、細胞において(⑤)を構成する主成分としても重要である。

立命館大学大学院理工学研究科（博士課程前期課程）

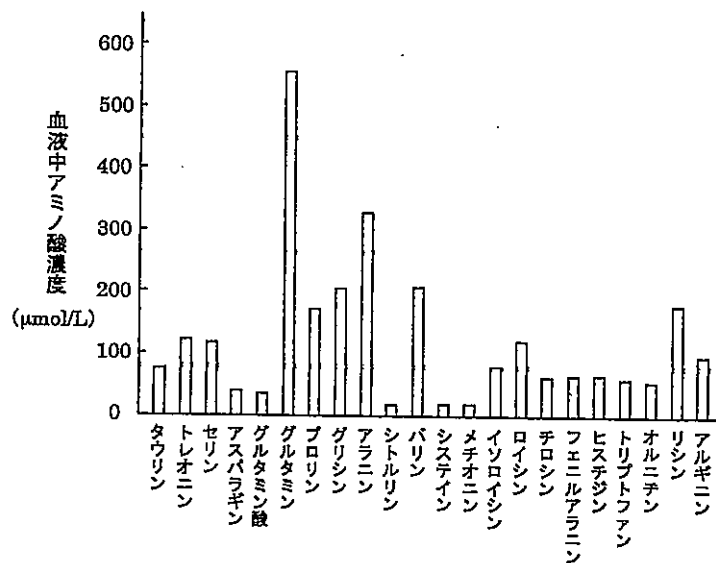
〔専門科目〕 生命情報科学型

1～3の中から2問選択して解答すること。

1. 生物科学（つづき2枚目。すべてに回答してください。）

問2. ヒトのアミノ酸代謝についての以下の問いに答えなさい。

以下に正常なヒトの血中のアミノ酸濃度を示す。健康なヒトの場合、血中のアミノ酸濃度はほぼ一定の範囲に保たれる。



- (1) 図中のアミノ酸のうちで遺伝コードに含まれる20種類のアミノ酸ではなく、尿素回路に含まれるアミノ酸をすべて書きなさい。
- (2) 図を見るとグルタミンとアラニンの濃度が他のアミノ酸濃度に比較して高いことが分かる。アミノ酸代謝の観点からこの理由を考察しなさい。
- (3) アラニンが α -ケトグルタル酸にアミノ基転移して生じる解糖系の最終産物である α -ケト酸の名称を述べて、その構造を書きなさい。
- (4) 上記の酵素反応に必要な補酵素（補因子）と、そのもととなるビタミンの名称を述べなさい。

立命館大学大学院理工学研究科（博士課程前期課程）

[専門科目] 生命情報科学型

1～3の中から2問選択して解答すること。

1. 生物科学（つづき3枚目。すべてに回答してください。）

問3. 以下の問いに答えなさい。

- (1) DNAの二重らせんの構造を化学的に説明しなさい。
- (2) 「情報の安定的な複製」という遺伝子にとって重要な役割を実現するためにDNA分子の構造がどのように機能しているか説明しなさい。
- (3) 以下の各酵素が関与するDNA複製の過程について説明しなさい。
①トポイソメラーゼ ②プライマーゼ ③リガーゼ

立命館大学大学院理工学研究科（博士課程前期課程）

[専門科目] 生命情報科学型

1～3の中から2問選択して解答すること。

2. 物理科学

問1 温度 T に保たれた体積 V の容器の中に N 個の単原子理想気体が入っているとき、粒子系のエントロピー S は、ボルツマン定数 k を使って以下のように記述される。

$$S = kN \left(\frac{V}{N} T^{3/2} + c \right)$$

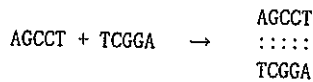
ただし、 c は定数である。また、気体の内部エネルギー U は、以下のように記述されるとする。

$$U = \frac{3}{2} kNT$$

いま、管でつながった容器1と容器2に、粒子重量 M の異なる単原子理想気体が入っているものとする。容器1と2の体積はそれぞれ V_1, V_2 、地表からの高さはそれぞれ h_1, h_2 とし、容器中の粒子の数はそれぞれ N_1, N_2 とする。また、両容器は、一定の温度 T に保たれているものとする。なお、重力加速度は g とする。

- (1) 重力を考慮した気体の全エネルギー E を示せ。
- (2) この系のエントロピー S を示せ。
- (3) 容器1に N_1 個の粒子が存在する確率 $p(N_1)$ を示せ。
- (4) ヘルムホルツの自由エネルギーについて説明し、この系が平衡状態に達したときに成立する条件を説明せよ。
- (5) 容器1と2の気体の密度比を求めよ。

問2 5つの塩基からなるDNAが2本ある。それぞれの塩基配列は、(5'側) AGCCT (3'側)、(3'側) TCGGA (5'側) である。この2つのDNAが相互作用して下記の2本鎖ヘリックスが形成されるとききの自由エネルギーを隣接塩基対法に基づいて求めよ。また、この2本鎖ヘリックスが融解するとききの平衡定数は、温度310K、気体定数を 1.986 cal/molK とするとき、この自由エネルギー値を用いてどのようにあらわされるか。



ただし塩基対のスタッキング自由エネルギーは下記のとおりとする。

スタックしている塩基対	自由エネルギー変化 ($-\Delta G$, Kcal/mol)	スタックしている塩基対	自由エネルギー変化 ($-\Delta G$, Kcal/mol)
(3')AA(5')	1.00	(3')CT(5')	1.28
(5')TT(3')		(5')GA(3')	
(3')AT(5')	0.88	(3')GA(5')	1.30
(5')TA(3')		(5')CT(3')	
(3')TA(5')	0.58	(3')CG(5')	2.17
(5')AT(3')		(5')GC(3')	
(3')CA(5')	1.45	(3')GC(5')	2.24
(5')GT(3')		(5')CG(3')	
(3')GT(5')	1.44	(3')GG(5')	1.84
(5')CA(3')		(5')CC(3')	

また、鎖の会合に伴う標準自由エネルギー変化は1本鎖あたり 1.03 kcal/mol とする。

立命館大学大学院理工学研究科（博士課程前期課程）

[専門科目] 生命情報科学型

1～3の中から2問選択して解答すること。

3. 情報科学（3. 情報科学の設問は2ページあります。すべてに解答してください。）

問1 下記のプログラム中の power と power2 は x の n 乗 (x^n) を計算する関数である。ただし x は整数、 n は非負の整数とする。

```
1: #include <stdio.h>
2:
3: int power(int x, int n) {
4:     int i, p=ア;
5:
6:     for (イ)
7:         p = p*x;
8:
9:     return p;
10: }
11:
12: int power2(int x, int n) {
13:     int p;
14:
15:     if (n == ウ)
16:         return 1;
17:     if (n == 1)
18:         return x;
19:
20:     p = power2(x, n/2);
21:     p = p*p;
22:     if (n%2 == 1)
23:         p = x*p;
24:
25:     return p;
26: }
27:
28: int main(void) {
29:     int x=2, n=10;
30:
31:     printf("power: %d ^ %d = %d\n", x, n, power(x, n));
32:     printf("power2: %d ^ %d = %d\n", x, n, power2(x, n));
33:
34:     return 0;
35: }
```

- (1) ア、イ、ウ を埋めてプログラムを完成させよ。
- (2) このプログラムを実行したときの出力を示せ。
- (3) power2 は内部で power2 自身を呼び出している。このような関数の呼び出し方を何を呼ぶか答えよ。
- (4) n の値が 8 の時、このプログラムは 7 行目の実行文を何回実行するか答えよ。
- (5) n の値が 8 の時、このプログラムは power2 の呼び出しを何回行うか答えよ。ただし main 関数からの最初の呼び出しは回数に含めないこととする。
- (6) 一般にこのプログラムは power2 の呼び出しを何回行うか、 n を用いた式で示せ。ただし main 関数からの最初の呼び出しは回数に含めないこととする。

立命館大学大学院理工学研究科（博士課程前期課程）

[専門科目] 生命情報科学型

3. 情報科学 （つづき 2 枚目。すべてに解答してください。）

問 2 以下の問題に答えよ。

(1) ある未知のゲノム配列を解読した結果、アセンブリとして以下の配列を得た。この配列の中から、Open Reading Frame (ORF) として開始コドンから終止コドンまでの一連の配列を検索すると何種類の ORF が予測できるか答えよ。ただし、相補配列も考慮することとする。また、それらの中で、もっとも長い ORF の開始コドンおよび終止コドンを含めた塩基数を答えよ。なお、開始コドンは ATG、終止コドンは TAA、TAG、TGA とする。

5'-CAGTTACTGGATGCTATGTCGACGATTGGAACATTGAGCTGACATT-3'

(2) ある ORF の遺伝子を推定するため、BLAST で相同性検索を行ったところ、表 1 の結果を得た。この結果から、この ORF はどの遺伝子にコードされているものと考えられるか、理由とともに答えよ。

表 1

遺伝子名	生物種名	Bit スコア	Identity (%)	E 値
遺伝子 A	<i>Escherichia coli</i>	135	100	2e-32
遺伝子 B	<i>Homo sapiens</i>	26.9	40	6.4
遺伝子 C	<i>Bacillus subtilis</i>	193	100	4e-50
遺伝子 D	<i>Staphylococcus aureus</i>	207	100	4e-54
遺伝子 E	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	35.8	92	0.014

(3) 相同性に関する説明の中でオーソログとパラログという用語がよく用いられる。これらの意味を説明せよ。

(4) 相同性検索において、100 万個の遺伝子配列を対象にしたところ、計算に 2.0 秒かかった。より広範囲のデータから相同性検索を行うため 10 億個の遺伝子配列を対象にして検索を行った場合、計算時間は何秒程度だと考えられるか答えよ。ただし、利用した相同性検索プログラムは、対象にする遺伝子配列数 n に対して $O(\log_{10} n)$ の速度で動作するものとする。

(5) ゲノムの塩基組成を調べたところ、A:20%、T:30%、G:40%、C:10%であることが判明した。仮に 500 万塩基からなるランダムな塩基配列がこの組成を持っている場合、CTAG という塩基の並びは、この塩基配列中に何回出現すると期待されるか答えよ。ただし、相補配列は考慮しないものとする。