

受験 番号	000000	名 前	静岡太郎
----------	--------	--------	------

問 1-1

初期 DNA 量[DNA ₀]	初期 DNA 量の対数値 (log[DNA ₀])
1	0
10	1
100	2
1000	3
10000	4
100000	5

Excel の数式を利用する。

「=log(**)」 **は数値でもセル番地でも問題ないが、上記のように入力することで、**の対数値が計算される。初期 DNA 量を**に指定するとこのような解答になる。

大問 1-2

遺伝子 A のグラフの傾き	-3.3286
遺伝子 B のグラフの傾き	-3.514

1-1 で求めた初期 DNA 量の対数値を横軸、Ct 値を縦軸にグラフ用紙にプロットすると次ページのようになり、ここから傾きを求める。

大問 1-3

遺伝子 A の増幅効率	0.99722
遺伝子 B の増幅効率	0.92564

1-2 で求めたグラフの傾きと、問題で与えられている一般式から求める。一般式より、傾き a と増幅効率には次の関係性がある。
 $a = -1/\log(1+e)$ これを e について解くと、
 $e = 10^{(-1/a)} - 1$ である。この式に傾き a を代入することで増幅効率が求められる。

大問 1-4

発現量の差	2.075
-------	-------

1-3 で求めた増幅効率を用いて PCR 後の増幅産物比を求めるとこのようになる。

大問 1-5

従来用いられてきた RT-PCR ではあるサイクル数で PCR を停止する必要がある、そのサイクル数によって本来見られる差が正確に見積もれない可能性がある。定量 RT-PCR では、リアルタイムに PCR をモニターできるため、もっとも良い条件で増幅している箇所から正確な量比を見積もることができる (ある DNA 量まで増幅するのに要するサイクル数から計算できる)。

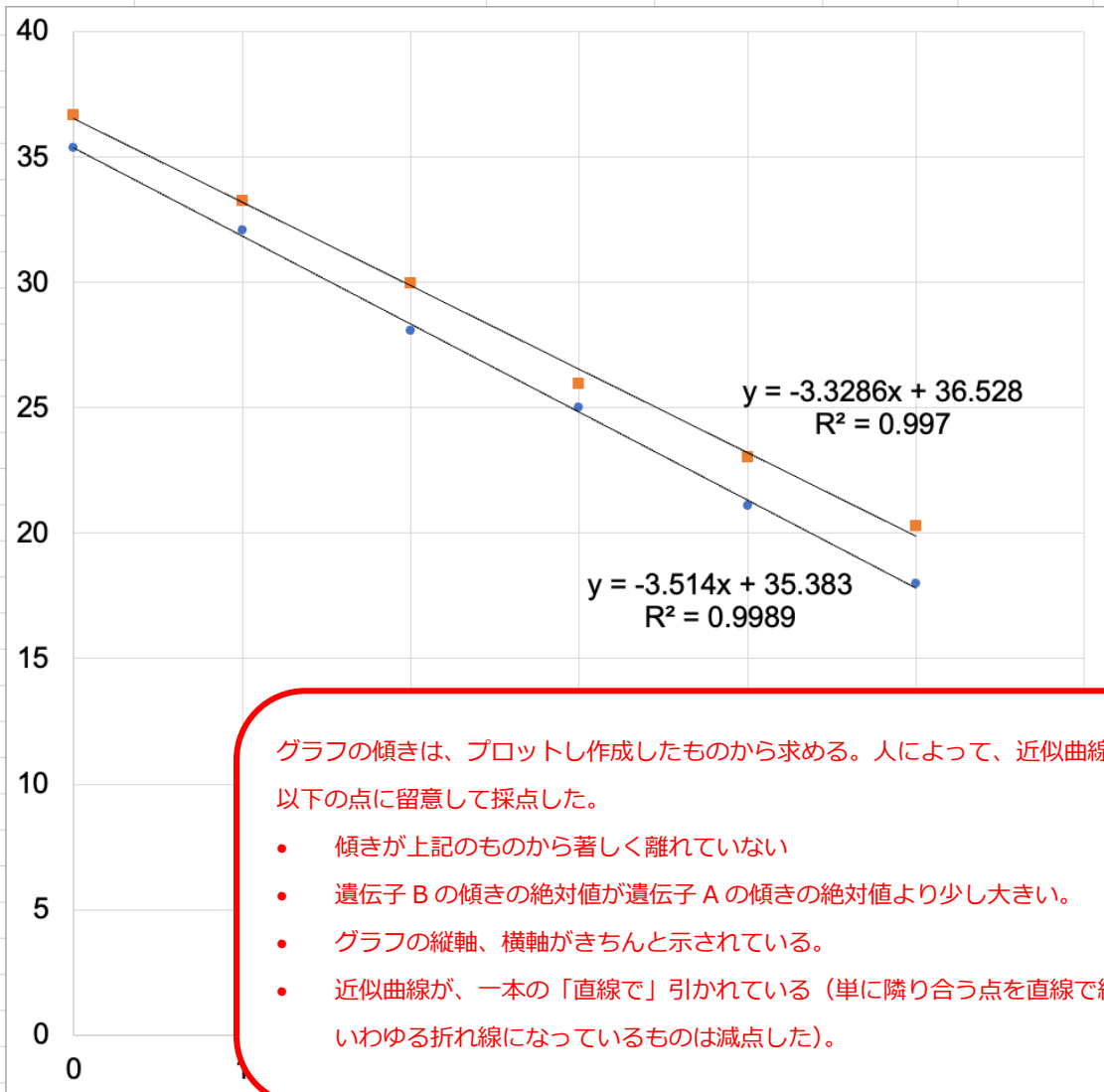
大問 1-6

増幅する可能性があるプライマーセット	①⑥、①⑦、①⑧、①⑨、②⑦、②⑧、②⑨、 ③⑧、③⑨、④⑨
最も適したプライマーセット	③⑧

センス鎖にフォワードプライマー、アンチセンス鎖にリバースプライマーが設定されるものはすべて「増幅の可能性はある」。もちろん増幅しないこともある。混入したゲノムからの増幅を防ぐためには、なるべく長いイントロンをまたぐ、異なるエクソン上にプライマーを設定すると良い。

受験 番号	000000	名 前	静岡太郎
----------	--------	--------	------

log[DNA₀]とサイクル数の関係 グラフ用紙



※解答用紙X-1に記載した結果とエクセルファイル中のデータを用い、上記のグラフ用紙上で、log[DNA₀]とサイクル数の関係をグラフとしてプロットしなさい。また、定規を用いて検量線も記載すること。

受験 番号		名 前	
----------	--	--------	--

コマンド

.¥programs¥clustalo -i seq.txt -o align.txt --force --outfmt=clu

問 2-1, 問 2-2

問 2-1 は、clustalo の出力結果である整列した配列データを
回答枠内に張り付けられていれば、正解とする。

A -VLSPADKTNIKSTWDKIGGHAGDYGGEALDRTFQSFPPTTKTYFPHF-DLSPGSAQVKAH
B MLLSADDKKHIAIMPSIAAHGDTFGGEALYRMFLVNPCKTKTYFSPF-DFHHNSKQITSH
C MVLSPADKTNVKAAWGKVGAGHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHF-DLSHGSAQVKGH
D MSLSDTDKAVVKAIWAKISPKADEIGAEALARMLTVYPQTKTYFSHWADLSPGSGPVKKH
E MVLSGEDKSNIAAWGKIGGHGAEYGAEALERMFAFPTTKTYFPHF-DVSHGSAQVKGH
F MVLSAADKTNVKAAWSKVGNGSGAYMGEALYRTFLSFPTTKTYFPHF-EFSAGSAQIKGQ

** ** [*] .:. .. .*** * : * ***** : :. * :. :

A GKKVADALTTAVAHLLDLPGALSALSDLHAYKL R VDPVNF KLLSHCLLVTLACHHPTEFT
B GKKVVDALNEAANHL DNIAGSMKLSDLHAYDL R VDPGNF PLLAHNLLVVVAMHFPKQFD
C GKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKL R VDPVNF KLLSHCLLVTLAAHLP AEFT
D GKTIMGAVGEAISKIDDLVGGLAALSELHAFKL R VDPANF KILSHNVIVVIAMLPADFT
E GKKVADALANAAGHLLDLPGALSALSDLHAHKL R VDPVNF KLLSHCLLVTLASHHPADFT
F GQKIADAVSLAVAHMDDLATALSALSDLHAHNK R VDPVNF KFLCHNVLVTLASHLGKDF

*:.: * : * :*: :. :. *** ** .*** ** :*. * :*: :* :*

A PAVHASLDKFFAAVSTVLTSKYR
B PATHKALDKFLATVSTVLTSKYR
C PAVHASLDKFLASVSTVLTSKYR
D PEVHVSVDKFFNNLALALSEKYR
E PAVHASLDKFLASVSTVLTSKYR
F PEIHASLDKFLALLSTVLTSKYR

* * :*: :. :. *:. ***

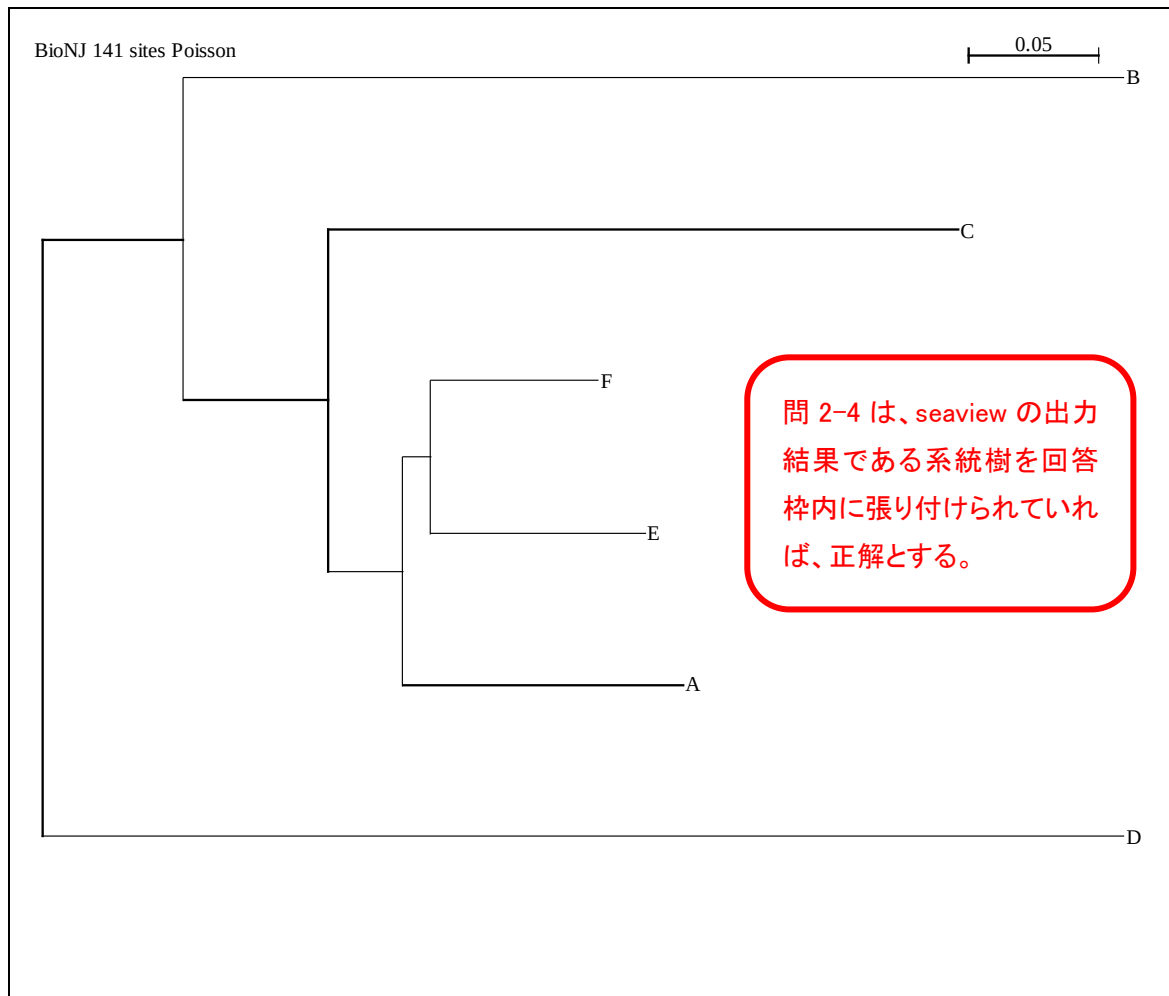
問 2-2 は、当該の座位を黄色のハイライトで
示していれば、正解とする。なお、記号(*など)
については、ハイライトされている必要はない。

問 2-3

1

タンパク質において機能的に重要な領域に変異が起こり、機能が損なわれた場合、その個体は生存・繁殖するうえで不利になる。そのため変異を起こした個体の遺伝子は次世代に伝わりにくくなる。したがって、機能的に重要な領域は他の領域よりも変異が起こりづらく(進化速度が遅くなり)、より保存的になる。

問 2-4



問 2-5

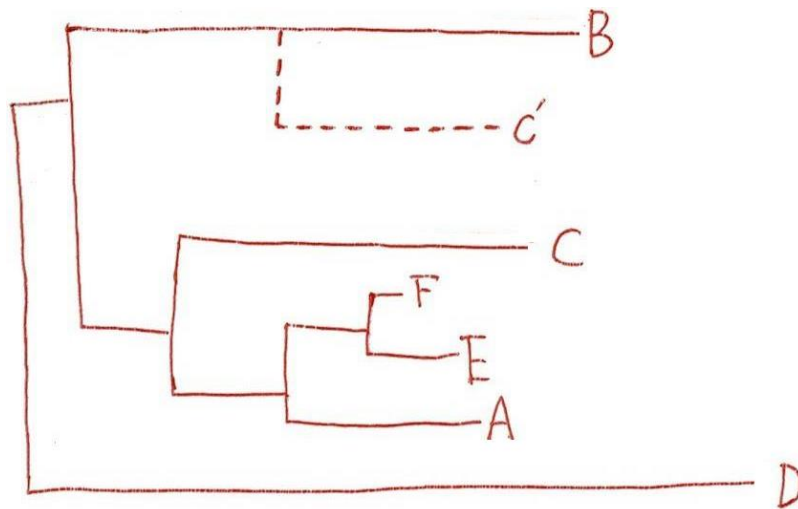
A	1
B	2
C	5
D	3
E	4

外群である D は最も早い時期に分岐したゼブラフィッシュ、次に分岐した B は両生類であるアフリカツメガエル、次に分岐した C は哺乳類であるが胎盤を持たないオポッサム、次に分岐した A は食肉目のイヌ、最後に分岐し、ヒトと最も近縁な E はマウスである。

問 2-6

祖先を共有する生物間では最後の種分岐から現在に至るまでに経過した時間が等しいため、枝の長さの違いは種分岐してからの一定時間における変異の量、つまり進化速度の違いを示す。このタンパク質にかかる淘汰圧が強い場合は多くの変異が許容されないため、進化速度が遅くなるが、淘汰圧が弱い場合は逆に進化速度が速くなる。つまり、種によって淘汰圧が異なることが様々な枝長を持つ原因であると考えられる。また、世代時間が短いときにも一定時間あたりに組み換えや減数分裂が起こる頻度が高くなるため、進化速度が速くなる。このことも様々な枝長を持つ原因となりうる。

問 2-7



C' をコードする遺伝子は、もともと B の祖先の遺伝子に由来するため、C' は B との類似性が高い。したがって、C' は B にもっとも近縁な位置から分岐することが予測される。C' が B の近くから分岐している図が描写されていれば、正解とする。

問 2-8

複数のタンパク質を用いて系統樹を作成し、そのうちの多くのタンパク質の系統樹によって支持された樹形は正しい生物種の系統関係を示すと考えられる。なぜなら、ある特定の生物間の水平伝播を起こした遺伝子の数とその水平伝播を起こさなかった遺伝子の数よりも多いことは想定しにくいからである。