

# 生物学

## 【第8問】

I 次の文章を読んで、生体分子とそれらの代謝に関する以下の問題に答えよ。

タンパク質、(ア)、複合脂質など生体内で働くポリマーは、それぞれ構成単位となる(イ)、単糖、脂肪酸からつくられる。(ア)はエネルギー源として重要で、動物では(ウ)、植物ではデンプンという貯蔵物質からグルコースがつけられる。グルコースは解糖系と(エ)回路により水と二酸化炭素に分解され、ATPが合成される。(A) 解糖系はすべての生物に存在し、(オ)が触媒する反応により、無酸素下で、1分子のグルコースから2分子のATPが合成される。好気条件では、解糖系でつくられたピルビン酸は(カ)に変換された後、(エ)回路で二酸化炭素と水素に完全に分解される。この過程で生成するATPはグルコース1分子あたり4分子である。(B)しかし、その過程で生じた水素が酸素により完全酸化され、水分子になる一連の反応により、合計38分子のATPが生成する。

- (1) (ア)から(カ)に入る適切な語句を答えよ。
- (2) (イ)のうち、光学異性体が存在しないものの名称を述べ、構造式を書け。
- (3) 解糖系ではどのような反応でATPが合成されるか30文字程度で答えよ。
- (4) 下線部(A)について、解糖系はすべての生物に存在する一方で、(エ)回路は好気性生物にのみ存在する。また、解糖系でつくられた分子が反応系に組み込まれることで(エ)回路は始まる。これらの事実をもとに、解糖系と(エ)回路が辿ったと考えられる進化の歴史を、地球の歴史における大気中酸素分圧の変遷にも言及しつつ、100文字程度で述べよ。な

お、(エ)に入る語句がわからない場合は、その回路について「(エ)回路」等の呼称を用いても構わない。

- (5) 下線部(B)の一連の反応を何というか述べてよ。また、この反応ではどのようにしてATPが合成されるか、200文字程度で答えよ。ただし、そこで用いられる酵素の名称と、かつ、解糖系におけるATP合成よりも優れていると考えられる点にも言及すること。

## II 次の文章を読んで、以下の問いに答えよ。

分子生物学の研究手法、特にDNA配列の決定に関する技術には、原核生物を用いたものが多い。例えば<sup>(A)</sup>PCR法や<sup>(B)</sup>サンガー法において用いられる酵素である(ア)としては、高温の条件下で増殖する細菌のものが利用されている。一方、分子クローニング法は大腸菌と、(イ)と呼ばれる小さな環状のDNAを用い、<sup>(C)</sup>抗生物質耐性遺伝子と<sup>(D)</sup> $\beta$ -ガラクトシダーゼ遺伝子をマーカーとして挿入する。これらのマーカーは、(イ)により形質転換した大腸菌と、そうでない大腸菌を見分けることに利用される。

- (1) (ア)と(イ)に当てはまる語句を答えよ。
- (2) 下線部(A)における反応を起こす上で、高温で増殖する細菌の持つ(ア)を利用する理由を50字程度で説明せよ。また、PCR法を用いてDNA配列を増幅する際に、最適アニーリング温度を推定する上で考慮すべきプライマーの条件を2つ挙げよ。
- (3) 下線部(B)の原理を、ジデオキシヌクレオシド三リン酸とデオキシヌクレオシド三リン酸の2つの語句を用いて、150字程度で説明せよ。
- (4) 下線部(C)の抗生物質耐性遺伝子を用いた分子クローニング法で使用される抗生物質の名称を1つ挙げよ。
- (5) 下線部(D)の $\beta$ -ガラクトシダーゼ遺伝子を用いて、形質転換した大腸

菌を見分けるための具体的な方法について、MCS、X-gal、培地、の3つの語句をすべて用いて150字程度で説明せよ。ただし、MCSはmultiple cloning siteの略である。

# 生 物 学

## 【第9問】

I 次の文章を読んで、以下の問いに答えよ。

生物の進化の原動力は遺伝子に起こる変異の蓄積である。そのような変化はタンパク質のアミノ酸配列、タンパク質をコードする遺伝子の塩基配列に記録される。従って、これらの分子の配列情報から過去に起きた進化の過程を推定することができる。一方で、進化の直接の証拠である化石は地層中に記録されている。現在生きている生物のみから過去を推定することには限界があることから、現生種と化石種の情報を統合して検討することが生物の進化を理解する上で重要である。

- (1) あるタンパク質を構成するアミノ酸の配列を種Aと種Bで比較したところ、両種の間で10箇所の違いが見つかった。このタンパク質ではアミノ酸1つの置換に100万年かかると仮定すると、両者の分岐から現在までに何年かかると推定されるか、理由とともに50字程度で述べよ。
- (2) 分子時計とはどのような概念であるか、50字程度で説明せよ。また、化石記録の示す年代と分子時計の示す年代が合わない場合にはどのような原因が考えられるか、50字程度で説明せよ。
- (3) DNAの塩基配列情報を用いて系統樹を作成する場合は、種間で異なる塩基数の総塩基数に対する割合を計算する。しかし、分岐年代が古い場合は、推定される分岐年代は実際に分岐年代より過小評価になる可能性があるため、補正した値を用いなければならない場合がある。そのような補正が必要になる理由を50字程度で述べよ。
- (4) 年代が新しい化石を除いて、多くの化石ではタンパク質やDNAは保存されていない。分子データが利用できない化石を用いて系統推定する場合、

どのような手法が用いられるか答えよ。また、分子データを用いる場合との推定法の違いを 50 字程度で述べよ。

II 生物の個体群に関する以下の文章を読み、問いに答えよ。

個体群において、個体数  $N$  の時間変化が次の式で表される場合、マルサス増殖と呼ぶ。

$$\frac{dN}{dt} = rN \quad (\text{A})$$

ここで  $t$  は時間、 $r$  は内的増加率である。

しかし個体数が増加して、環境収容力  $K$  に近づくと、次の式で表されるように個体数の増加率は減少する。

$$\frac{dN}{dt} = rN \frac{K-N}{K} \quad (\text{B})$$

このような式に従う場合の個体数の変化パターンをロジスティック増殖と呼ぶ。

(1) ロジスティック増殖の式における  $(K-N)/K$  は、生物学的には何を表しているか、40 字程度で説明せよ。

(2) 同じ  $r$  を持つ個体群が初期個体数  $N_0$  ( $0 < N_0 < K$ ) からマルサス増殖する場合と、一定の環境収容力  $K$  を持ちロジスティック増殖する場合の 2 つの個体数増加曲線を、横軸に時間  $t$ 、縦軸に個体数  $N$  をとった図 1 のようなグラフ（縦軸は対数目盛り）にそれらの違いが明らかになるように示せ。ただし、式 (B) は  $N$  の大きさによらず成立する。

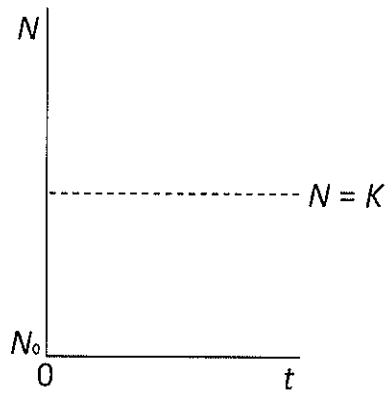


図 1

- (3) 捕食者と被食者の2つの個体群が同時に存在し、影響を及ぼしあう場合には、被食者の個体数  $N_y$  と捕食者の個体数  $N_d$  の時間変化は次のロトカ・ヴォルテラの式で表すことができる。初期条件は  $N_y = N_d \neq 0, q/f \neq r$  とする。

$$\frac{dN_y}{dt} = rN_y - aN_yN_d$$

$$\frac{dN_d}{dt} = faN_yN_d - qN_d$$

ここで  $r$  は被食者の内的増加率、 $a$  は捕食効率、 $f$  はエサから獲得したエネルギーを繁殖に変換する係数である。また、 $q$  は被食者がいない時の捕食者の死亡率である。この式について、以下の問いに答えよ。

- (3-1) 横軸を時間  $t$ 、縦軸を個体数とする平面上に、被食者と捕食者の個体数の典型的な時間的変化を示す定性的な曲線を描け。

- (3-2) 横軸を被食者の個体数  $N_y$ 、縦軸を捕食者の個体数  $N_d$  とする平面上で、これらの個体数の推移を示す定性的な曲線を、個体数の変化の方向を示す矢印とともに描け。また、そのグラフ上で、 $(N_y, N_d) = (q/(fa), r/a)$  となる点の位置を示せ。