

平成 19 年度

日本バイオインフォマティクス学会 (JSBi)

バイオインフォマティクス技術者認定試験

試験問題

※無断転載を禁じます。

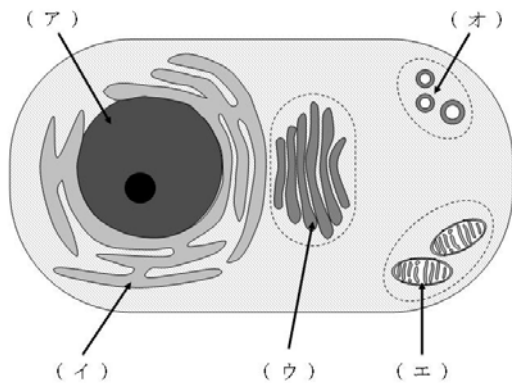
Copyright © 2007 Japanese Society for Bioinformatics. All Rights Reserved.

余白

余白

問1

次に示す図は、真核生物の細胞を模式的に描いたものである。(ア) から (オ) で示している細胞内小器官のうち、ミトコンドリア、ゴルジ体 (ゴルジ装置)、核に相当するものはどれか。選択肢の中から、正しい組み合わせを一つ選べ。



	ミトコンドリア	ゴルジ体 (ゴルジ装置)	核
1	(ウ)	(ア)	(エ)
2	(オ)	(ウ)	(イ)
3	(エ)	(ウ)	(ア)
4	(イ)	(オ)	(ア)

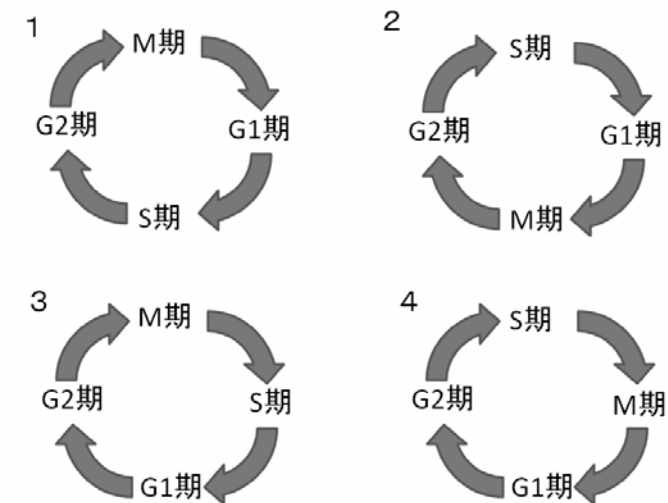
問2

次に示した細胞内小器官名の中で、タンパク質に対する糖鎖の付加、カルシウムイオンの貯蔵並びに脂質の合成の場として機能している細胞内小器官はどれか。選択肢の中から一つ選べ。

- 1 ミトコンドリア
- 2 葉緑体
- 3 小胞体
- 4 核

問3

細胞分裂における細胞周期では、細胞の状態は4つの「期」に分けられて解釈されている。この細胞周期における4つの期の順序として適するものを選択肢の中から一つ選べ。ただし、G0期は考慮しないものとする。



問4

ヒトの染色体に関する次の記述のうち、もっとも適切ではないものはどれか。一つ選べ。

- 1 間期の細胞では、染色体は核の中に存在する。
- 2 体細胞には、46本の染色体が存在する。
- 3 ヒトの染色体は、環状である。
- 4 染色体の末端には、テロメアと呼ばれる配列が存在する。

問5

次に示した遺伝子の発現に関する文章の中で、不適切なものはどれか。一つ選べ。

- 1 ゲノムから mRNA さらにタンパク質への遺伝情報の流れは、セントラルドグマと呼ばれている。
- 2 真核生物のゲノムには、RNA ポリメラーゼが結合するプロモーターの他、エンハンサーやサイレンサーと呼ばれる転写調節領域がある。
- 3 細胞の維持に不可欠な遺伝子群はハウスキーピング遺伝子と呼ばれる。
- 4 真核生物においては、全ての遺伝子の情報が転写・翻訳されタンパク質として機能している。

問6

次に示したゲノム DNA (染色体 DNA) に関する説明文の中で、不適切なものはどれか。一つ選べ。

- 1 原核生物には、核が存在しない。
- 2 真核生物のゲノム DNA は、ヒストンに巻きついてヌクレオソーム構造を形成している。
- 3 真核生物においては、高等生物になるほど染色体の数が多くなっている。
- 4 原核生物のゲノム DNA は、ほとんどの場合環状である。

問7

ある生物種の遺伝に関する観察結果について書かれた 4 つの説明文の中に不適切なものが一つ含まれている。選択肢の中から一つ選べ。

観察結果

「この生物は二倍体で有性生殖する。また、この生物の常染色体上には、体色に関する対立遺伝子 A と a がコードされていることがわかっている。体色が赤で AA の遺伝子型を有する雄と、体色が白で aa の遺伝子型を有する雌を交配させたところ、その第一世代の子孫の体色は全て赤であった。」

- 1 A は優性遺伝子で、a は劣性遺伝子である。
- 2 第一世代の子孫の遺伝子型は、Aa である。
- 3 第一世代の子孫同士を交配させた時、第二世代の子孫では、体色が赤の個体と白の個体の比率は、3 : 1 となる。
- 4 第一世代の子孫同士を交配させた時、第二世代の子孫にもっとも多く見られる遺伝子型は AA である。

問8

遺伝情報を保持する DNA の化学構造に関する次の説明文について、 から 内に入る語句の組み合わせとしてもっとも適切なものを選択肢の中から一つ選べ。

「DNA 鎖は、ヌクレオチドがリン酸を介した 結合によって連結し高分子を形成している。遺伝情報は、DNA 鎖に結合した塩基の並びによって保持されている。この塩基には4種類あり、A (アデニン) と T (チミン) の塩基は 本、G (グアニン) と C (シトシン) の塩基は 本の 結合を形成し2本の DNA 鎖による二重らせん構造を維持している。」

- | | | | | |
|---|------------|-----|-----|------------|
| 1 | a 水素 | b 2 | c 3 | d ホスホジエステル |
| 2 | a 水素 | b 3 | c 2 | d ホスホジエステル |
| 3 | a ホスホジエステル | b 2 | c 3 | d 水素 |
| 4 | a ホスホジエステル | b 3 | c 2 | d 水素 |

問9

次に示したアミノ酸の組み合わせの中で、中性条件下で負電荷を帯びたアミノ酸の組み合わせはどれか。一つ選べ。

ここで、それぞれのアミノ酸は3文字表記によって記されている。

- 1 Val、Leu、Ile
- 2 Trp、Tyr
- 3 Asp、Glu
- 4 Lys、Arg、His

問10

ゲノム DNA に保持された遺伝情報は、まず、mRNA に転写され、次に、この mRNA が 3 文字ずつ翻訳され、アミノ酸が連結されることによってタンパク質が合成される。この翻訳において、翻訳開始の合図として利用されているコドン（開始コドン）は一つであり、あるアミノ酸もコードしている。この開始コドンの配列とコードされているアミノ酸の組み合わせとして適切なものを選択肢の中から一つ選べ。

ただし、遺伝暗号として、普遍遺伝暗号が用いられているとする。

	開始コドン	アミノ酸
1	GAG	グルタミン
2	UGC	メチオニン
3	AUG	メチオニン
4	AUG	プロリン

問11

翻訳によって合成されたタンパク質には、様々な化学物質が結合されることが分かっており翻訳後修飾と呼ばれる。次に示した語句の中で、この翻訳後修飾とは関係がないものを一つ選べ。

- 1 ユビキチン化
- 2 アセチル化
- 3 ジアゾ化
- 4 リン酸化

問12

ゲノム DNA に結合して転写調節機能を担うタンパク質群を転写因子と呼んでいる。転写因子の持つ DNA 結合領域の構造の中で特徴的なものには、呼び名が付けられている。次に示した用語の中で、転写因子の構造の呼び名と関係の低いものを一つ選べ。

- 1 ロイシンジッパー
- 2 ジンクフィンガー
- 3 ヘリックス-ターン-ヘリックス
- 4 バレル

問13

タンパク質の二次構造に関する次の記述について、 から 内に入る語句の組合せとしてもっとも適切なものはどれか。選択肢の中から一つ選べ。

「タンパク質中にもっとも多く存在する二次構造は であり、アミノ酸残基の主鎖のカルボキシル基と 4 残基離れたアミノ酸残基のアミノ基の間に水素結合を形成する。一方、 は、主鎖が伸長した状態で形成され、平行または逆平行に隣接した他の との間で水素結合を形成し、 と呼ばれる構造を作る。」

- 1 a α ヘリックス b β ストランド c β ターン
- 2 a β ストランド b α ヘリックス c β ターン
- 3 a α ヘリックス b β ストランド c β シート
- 4 a β ストランド b α ヘリックス c β シート

問14

以下に示した糖鎖に関する記述のうち、間違っているものはどれか。一つ選べ。

- 1 糖鎖は、各種の糖がグリコシル結合によってつながりあった一群の化合物を指す。
- 2 タンパク質の中には、翻訳後に糖鎖の修飾を受けるものがある。この糖鎖付加は、タンパク質の細胞内での輸送にのみ関係している。
- 3 コレラ菌やインフルエンザウイルスなどは、細胞表面の糖鎖を認識し結合することによって細胞に感染する。
- 4 ABO 式血液型は、赤血球表面の糖鎖の違いによって分類している。

問15

DNA 断片を長さによって分離する技術であるアガロースゲル電気泳動について説明した次の文章において、不適切なものはどれか。一つ選べ。

- 1 アガロースゲルの濃度によって DNA 断片の流れる速さが変わる。
- 2 同じ長さの DNA 断片であっても条件によって流れる速さが違うことがある。
- 3 DNA 断片の長さを概算するため、マーカーと呼ばれる長さの分かっている断片を同時に流すことがある。
- 4 長い DNA 断片は多くの電荷をもっているためゲルの中を高速で進む。

問16

次に示した説明文の中で、遺伝子工学実験に用いられる制限酵素に関する記述として正しいものはどれか。一つ選べ。

- 1 制限酵素は、特異的な塩基配列を認識して切断する酵素である。
- 2 制限酵素は、酵母のみが持っている酵素である。
- 3 制限酵素の多くは、60℃付近で酵素活性が現れる特性を持つ。
- 4 制限酵素は、2本鎖のDNA鎖を連結する酵素である。

問17

次に示した説明文の中で、遺伝子組み換え実験で用いられるプラスミドベクターについての記述として間違っているものはどれか。一つ選べ。

- 1 コスミドベクターに比べて長いDNA断片を挿入することができる。
- 2 組み換えに利用しやすいように人工的な配列が組み込まれていることが多い。
- 3 プラスミドベクターは、一般に環状2本鎖DNAである。
- 4 プラスミドは、大腸菌内で染色体DNAとは独立して複製されるDNAとして発見された。

問18

次に示した実験手法名の中で、タンパク質の発現を観察するための実験ではないものはどれか。一つ選べ。

- 1 プロテインチップ
- 2 サザンブロッティング
- 3 2次元ゲル電気泳動
- 4 ウェスタンブロッティング

問19

次に示した用語の中で、生体高分子の立体構造を解析するための技術名ではないものはどれか。一つ選べ。

- 1 X線結晶構造解析
- 2 NMR（核磁気共鳴）法
- 3 電子顕微鏡解析
- 4 ショットガン法

問20

機能が未知の遺伝子の機能を推定するために、生体中でのその遺伝子の発現を欠損させた実験動物を観察することは、非常に有用である。この遺伝子を欠損させた実験動物を作成する技術は、マウスの胚性幹細胞を用いて開発された。この2007年のノーベル生理学・医学賞の受賞対象ともなった技術は、一般に何と呼ばれているか。選択肢の中から一つ選べ。

- 1 ノックアウト
- 2 インバージョン
- 3 エレクトロポレーション
- 4 RNAi

問21

以下に示した 6 つの数値のデータが与えられたとする。このデータにおける 3 つの基本統計量（平均値、中央値、最頻値）の値として正しい組み合わせを選択肢の中から一つ選べ。

ここで、中央値はメジアン、最頻値はモードとも呼ばれる。

データ：2、3、8、2、6、9

	平均値	中央値	最頻値
1	5	4.5	2
2	5	5	5
3	4.5	4.5	2
4	4.5	2	5

問22

10,000 人が受験した試験があるとする。その採点結果を集計したところ、得点分布が平均 60 点、標準偏差 10 点の正規分布に従っていることが分かった。ここで、受験生の A さんが 80 点を獲得した時、A さんの成績に関する記述としてもっとも適切な説明を選択肢の中から一つ選べ。

ここで、必要であれば、下記の標準正規分布表を利用してよい。なお、標準正規分布表では、 z で示された位置よりも上側の確率を示している。

z	0.0	0.2	0.4	0.6	0.8
0.0	0.50000	0.42074	0.34458	0.24196	0.21186
1.0	0.15866	0.11507	0.08076	0.05480	0.03593
2.0	0.02275	0.01390	0.00820	0.00466	0.00256
3.0	0.00135	0.00069	0.00034	0.00016	0.00007

- 1 A さんの成績は、ほぼ平均であり、5,000 位前後であろう。
- 2 A さんの成績は、平均より高く、おおよそ 1,600 位前後であろう。
- 3 A さんの成績は、平均より高く、おおよそ 230 位前後であろう。
- 4 A さんの成績は、平均より高く、おおよそ 15 位前後であろう。

問23

1つのサンプルから2つの測定値（例、ある人の身長と体重、ある人の国語の成績と算数の成績など）が得られる場合、この2つの測定値に相関関係があるかどうかを判定する方法に相関係数 r がある。1つのサンプルが、 x と y の2つの測定値を持つような集団に対して測定を行い、測定結果を散布図を用いて表現した結果を以下に示した。この時、相関係数 r の値は、どのような範囲の値を持つと考えられるか。適当なものを選択肢の中から一つ選べ。



- 1 $1 < r$
- 2 $0 < 1 \leq r$
- 3 $r = 0$
- 4 $-1 \leq r < 0$

問24

次に示した2つの確率変数 X , Y に関する記述において、正しくないものはどれか。一つ選べ。

ここで、それぞれの記号は、次のように用いられている。

$P(A)$ ・・・ A が起きる確率

$P(A, B)$ ・・・ A と B が同時に起きる確率

$V(A)$ ・・・ A の分散

$\sigma(A)$ ・・・ A の標準偏差

$E(A)$ ・・・ A の平均値

- 1 X と Y が独立の時、 X と Y が同時に起きる確率 $P(X, Y)$ は、それぞれの起きる確率 $P(X)$ と $P(Y)$ の積に等しい。
- 2 Y の標準偏差 $\sigma(Y)$ は、分散 $V(Y)$ の2乗に等しい。
- 3 Y が起こったという条件のもとで X が起きる確率（条件付き確率） $P(X | Y)$ は、 $P(X, Y)/P(Y)$ と表すことができる。
- 4 X の分散 $V(X)$ は、 $E(X^2) - E(X)^2$ と表すことができる。

問25

2つの独立な変数 X と Y があり、それぞれ平均0、分散1の標準正規分布に従うことが分かっているとす。次に示したこの2つの確率変数についての説明文の中で、間違っているものはどれか。一つ選べ。

- 1 X と Y の積 XY の平均値は0である。
- 2 $X + Y$ は、正規分布に従う。
- 3 $X + Y$ の分散は、1である。
- 4 $X - Y$ の分散は、2である。

問26

スタックは、コンピュータ上でよく用いられるデータ構造の一つで、最後に入ったデータが最初に出る、後入れ先出し(Last In First Out: LIFO)が特徴である。ここで、十分な大きさのスタックがあるとし、PUSH 命令はスタックにデータを格納する操作、POP 命令は、データを取り出す操作とする。下記のように9回の命令を実行した時、最後のPOP命令によって出力されるデータは何か。適切なものを選択肢の中から一つ選べ。

- (1) PUSH a
- (2) PUSH b
- (3) PUSH c
- (4) PUSH b
- (5) POP
- (6) POP
- (7) PUSH b
- (8) POP
- (9) POP

- 1 a
- 2 b
- 3 c
- 4 空なので何も得られない。

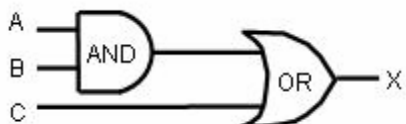
問27

コンピュータ上では、数値は二進数で扱われる。十進数の 50 を二進数で表現すると「00110010」となる。ここで、十進数の 200 は、二進数ではどのように表現されるか。選択肢の中から適するものを一つ選べ。

- 1 01100100
- 2 01100110
- 3 11001000
- 4 11001100

問28

下記の図（ア）は、2つの論理素子を接続した論理回路を表現している。この回路では、A,B,Cは入力でありXが出力である。この回路に対する入出力の結果によって真理値表（イ）を作成した。ここで、真理値表の（a）、（b）に入る値の組み合わせとして正しいものを選択肢の中から一つ選べ。



図（ア） 論理回路図

A	B	C	X
0	0	0	0
0	0	1	(a)
0	1	0	0
0	1	1	1
1	0	0	0
1	0	1	1
1	1	0	(b)
1	1	1	1

表（イ） 真理値表

- 1 (a) = 0 (b) = 0
- 2 (a) = 0 (b) = 1
- 3 (a) = 1 (b) = 0
- 4 (a) = 1 (b) = 1

問29

プログラミング言語の実行形式による分類に関する以下の説明において、に入る用語として適切なものを選択肢の中から一つ選べ。

「Perlなどの言語では、作成したプログラム（ソースコード）をコンピュータが理解できる機械語にあらかじめ変換せず、と呼ばれるプログラムが、ソースコード（または、中間言語）を逐次的に解釈しながら実行を行う。そのため、このようなプログラミング言語は 型言語とも呼ばれている。」

- 1 CPU
- 2 コンパイラ
- 3 インタプリタ
- 4 メインメモリ

問30

コンピュータ上でのデータの記述形式には、様々なものが開発されているが、その中でもXML (Extensible Markup Language) はもっとも普及した形式の一つである。次に示した説明文の中で、XMLに関する記述として不適切なものを一つ選べ。

- 1 各要素をタグで囲み階層的なデータ構造を入れ子で表現する。
- 2 XML は、HTML から派生したプログラム言語である。
- 3 XML 文章の交換に利用されるプロトコルに SOAP がある。
- 4 XML では、DTD によってタグの定義を行うことができる。

問31

一定の順序に並べられたデータの列から目的の値を見つけ出す探索法の一つに二分探索法がある。二分探索法によって下記に示したデータから「4」を見つけ出す例を示す。

データの列 1 3 4 6 7 9 10

- ① 並べられたデータの中央の値「6」と目的の値「4」を比較する。
「4」の方が小さいため、範囲を 1 3 4 の3つに絞る。
- ② 中央の値「3」と目的の値「4」を比較する。
「4」の方が大きいため、範囲を「4」に絞る。
- ③ 目的の値「4」と等しいため、目的の値が見つかる。

このように、二分探索法では、探索の範囲を半分に絞り込む操作を繰り返すことによって探索を行う方法である。ここで、対象のデータが 1,000 個与えられた時、そこに含まれているデータを見つけ出すのに最大何回の二分操作が必要であるか。もっとも適した回数を選択肢の中から一つ選べ。

- 1 8回
- 2 10回
- 3 12回
- 4 14回

問32

与えられたデータの列を一定の順序に並べ替えるアルゴリズムにバブルソートがある。バブルソートを用いてデータを昇順に並べ替える手順の一部を次に示す。

データの列 3 2 1

①一番左の要素「3」とその右隣の要素「2」を比較し、右の方が小さければお互いを交換する。

3⇔2 1

↓交換

2 3 1

②操作を一つ右にずらし「3」について、同様に右隣の要素「1」と比較し、右の方が小さければお互いを交換する。

2 3⇔1

↓交換

2 1 3

この操作によって、もっとも大きな値「3」が一番右に移動することが分かる。また、この操作を左から交換操作が起こらなくなるまで繰り返すことによって、全ての並びを昇順にすることができる。ここで、「5 3 4 7 1」のデータが与えられた時、このデータをバブルソートによって昇順に並べ替えるには、何回の交換操作が必要となるか。もっとも適した値を選択肢の中から一つ選べ。

1 4回

2 6回

3 8回

4 10回

問33

与えられたデータの列を一定の順序に並べ替えるソートアルゴリズムの一つに選択法がある。選択法によってデータを昇順にソートするには、「与えられたデータの中から最小値を選び出し取り出す。次に、それを除いたデータの中から最小値を取り出す。」という操作をデータが無くなるまで繰り返す。この選択法に必要な計算の回数に関する説明として、もっとも適切なものを選択肢の中から一つ選べ。

ここで、データ数を N 個とする。

- 1 データの内容には依存せず、およそ N の 2 乗に比例する。
- 2 データの内容には依存せず、およそ N の 3 乗に比例する。
- 3 データの内容によって異なるが、平均的にはおよそ N の 2 乗に比例する。
- 4 データの内容によって異なるが、平均的にはおよそ N の 3 乗に比例する。

問34

サンプルに対する測定結果を用いて、サンプルについての性質（例、罹患・非罹患など）の陽性もしくは陰性を予測できる計算手法があるとする。以下の表は、独立な 100 件のサンプルについて、この手法を用いて事前に得た予測結果と、厳密な実験で確認した陽性もしくは陰性の確定結果を比較し、それぞれの場合ごとの件数を示したものである。この手法に関する記述として、適切ではないものを選択肢から一つ選べ。

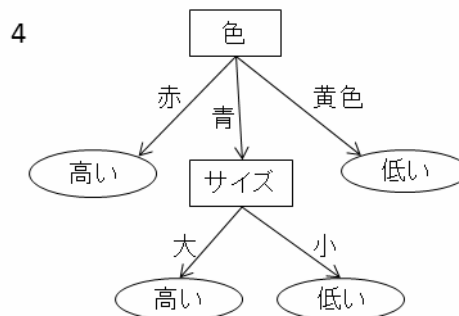
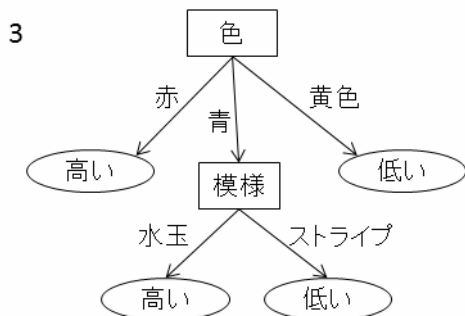
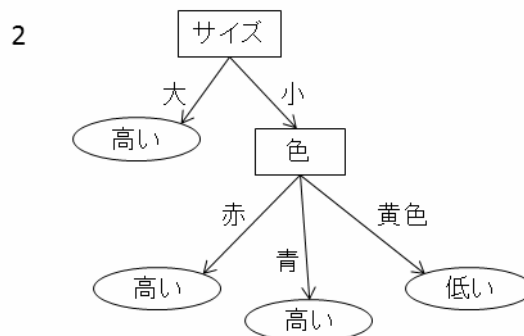
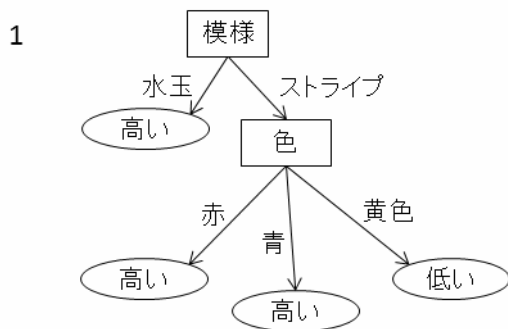
		確定結果	
		陽性	陰性
予測結果	陽性	48 件	12 件
	陰性	2 件	38 件

- 1 確定結果が陽性であるものについて、およそ 96%の確率で正しく陽性と予測できる。
- 2 陽性と予測されるサンプルのうちおよそ 20%は、実際には陰性である。
- 3 陰性と予測されるサンプルのうちおよそ 5%は、実際には陽性である。
- 4 確定結果が陰性であるものについて、およそ 48%の確率で正しく陰性と予測できる。

問35

意志の決定プロセスなどをグラフを用いて表現する方法に決定木がある。ある商店において、売られている 6 種類のマグカップの売れ行きを調べた結果、次のような結果が得られた。この表を元にして売れ行きを予測するための決定木を作成した時、もっとも適切なものを選択肢の中から一つ選べ。

マグカップの特徴			マグカップの 売れ行き
サイズ	色	模様	
大	赤	ストライプ	高い
小	赤	水玉	高い
大	青	ストライプ	低い
大	青	水玉	高い
小	黄色	ストライプ	低い
大	黄色	水玉	低い



問36

次に示した説明文中で、予測手法の性能評価の際に行われるクロスバリデーション法（交差検定法）の説明として、不適切なものはどれか。一つ選べ。

- 1 クロスバリデーションは、未知データにも対応できるかを検査する目的で行われる。
- 2 一部のデータを学習に使わず残しておき、テスト用に用いて予測性能を測定する。
- 3 leave-one-out 法は、データのうち 2 個のみをテスト用に残しておく方法である。
- 4 n-fold 法は、データのうち $1/n$ をテスト用に残しておく方法である。

問37

次に示すコンピュータ関連機器の名称中で、コンピュータをネットワークに接続する際に利用される装置として不適切なものはどれか。一つ選べ。

- 1 ルータ
- 2 LAN ケーブル
- 3 スイッチングハブ
- 4 フラッシュメモリ

問38

次に示した説明文中で、コンピュータネットワークに関する用語の説明として不適切なものはどれか。一つ選べ。

- 1 Web サーバをインターネットに接続するためには、プライベートな IP アドレスを取得する必要がある。
- 2 ポート番号は、ネットワークに公開されているサービスを識別するために利用される。
- 3 MAC アドレスは、ハードウェアに書き込まれており世界中でユニークな ID である。
- 4 マシン名は、ユーザが任意に設定することができる。

問39

次に示した説明文のなかでデータベースのモデルの一つであるリレーショナルデータベースに関する説明として不適切なものを一つ選べ。

- 1 データを2次元の表（テーブル）として表現する。
- 2 データの操作言語として、SQLが知られている。
- 3 リレーショナルデータベースを管理するソフトウェアは、RDBMSと呼ばれる。
- 4 データをオブジェクトデータとして扱う。

問40

ある研究室では、cDNAのライブラリに含まれるクローンをシーケンサにより配列決定しデータベースに登録している。一日あたり、96ウェル（96穴）のマルチタイタープレートを10枚用いて960本のcDNAを抽出してシーケンシング（配列決定）している。ここで、この作業の担当者は一人であり、一つのサンプルに対して2回のシーケンシングは行わないこととしている。配列データ登録時には、ID（このシステム内でユニークな整数）、日付（例、2007/11/25）、マルチタイタープレートの番号（0～9の整数）、ウェル番号（1～96の整数）、担当者氏名、塩基配列データの長さも登録している。

このデータベースに対して、IDを指定することにより一意に配列データを指定することができるが、他の情報を組み合わせることで同様に配列データを一意に指定することができる。配列データを一意に指定する属性の組み合わせとしてもっとも適したものを選択肢の中から一つ選べ。

<登録されているデータ項目>

- ア) 実施日
- イ) プレート番号
- ウ) ウェル番号
- エ) 担当者氏名
- オ) 配列の長さ

- 1 ア) イ) ウ)
- 2 イ) ウ) エ)
- 3 イ) ウ) オ)
- 4 ア) エ) オ)

問41

生物学で利用される公共データベースには、DNA 配列やアミノ酸配列だけではなく様々な関連したデータを収めたものも存在している。次に示したデータベース名と登録されているデータの種類の組み合わせの中で、不適切なものはどれか。一つ選べ。

- 1 OMIM –ヒト遺伝子変異と遺伝病データ
- 2 PubChem –化合物の構造データ
- 3 dbSNP –遺伝子多型データ
- 4 PDB –代謝パスウェイデータ

問42

データベースに登録されている内容と、それに該当する代表的なデータベース名の組み合わせとして、適切ではないものを次のうちから一つ選べ。

- 1 塩基配列データベース–EMBL
- 2 アミノ酸配列データベース–PubMed
- 3 タンパク質立体構造分類データベース–SCOP
- 4 タンパク質配列モチーフデータベース–PROSITE

問43

生物学分野での代表的なオントロジーデータベースである Gene Ontology データベースでは、遺伝子産物を 3 つの意味概念によって階層的に分類している。そのうち、二つは、molecular function と biological process である。残り一つの内容は、何と呼ばれるか。選択肢の中から一つ選べ。

- 1 metabolic cycle
- 2 cellular phenotype
- 3 structural feature
- 4 cellular component

問44

決定された DNA やタンパク質の配列に対して、バイオインフォマティクスの手法やウェット実験を用いた解析を行い、その遺伝子の機能の特定や情報の付加を行う作業が行われる。この作業は一般に何と呼ばれるか。適するものを選択肢の中から一つ選べ。

- 1 ブートストラップ
- 2 アノテーション
- 3 サポートベクターマシン
- 4 シミュレーション

問45

以下に示すデータは、フラットファイル形式で記された GenBank エントリーである。このデータから読み取れる情報として間違っているものはどれか。選択肢の中から一つ選べ。なお、出題と関係していない項目については、適宜省略してある。

```

LOCUS       NM_000558                576 bp    mRNA    linear    PRI 14-OCT-2007
DEFINITION  Homo sapiens hemoglobin, alpha 1 (HBA1), mRNA.
ACCESSION  NM_000558
VERSION    NM_000558.3  GI:14456711
SOURCE     Homo sapiens (human)
  ORGANISM Homo sapiens
FEATURES   Location/Qualifiers
     source          1..576
                   /organism="Homo sapiens"
                   /mol_type="mRNA"
                   /db_xref="taxon:9606"
                   /chromosome="16"
                   /map="16p13.3"
     gene           1..576
                   /gene="HBA1"
                   /note="hemoglobin, alpha 1; synonyms: CD31, MGC126895,
                   MGC126897"
                   /db_xref="MIM:141800"
     CDS           38..466
                   /gene="HBA1"
                   /codon_start=1
                   /product="alpha 1 globin"
                   /protein_id="NP_000549.1"
                   /db_xref="MIM:141800"
                   /translation="MVLSPADKTNVKAAWGKVGAGHAGEYGAELERMFLSFPTTKTYF
                   PHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSSDLHAHKLRVDPVNFKLL
                   SHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTISKYR"
ORIGIN
     1 actcttctgg tccccacaga ctcagagaga acccaccatg gtgctgtctc ctgccgacaa
     61 gaccaacgtc aaggccgcct ggggtaaggt cggcgcgcac gctggcgagt atggtgcgga
(中略)
     541 cccccgtggt ctttgaataa agtctgagtg ggcggc
//

```

- 1 この遺伝子は、マウス由来である。
- 2 この遺伝子のコードするタンパク質は、ヘモグロビンと関係している。
- 3 この遺伝子は、第16番染色体上にある。
- 4 このエントリーに登録されている DNA 配列の長さは、576 塩基である。

問46

以下に示すデータは、フラットファイル形式で記された UniProt のエントリーである。このデータから読み取れる情報として適切ではないものを選択肢の中から一つ選べ。なお出題と関係していない項目については、適宜省略している。

```
ID COX7R_HUMAN          Reviewed:          114 AA.
AC 014548; Q9P118;
DE Cytochrome c oxidase subunit VIIa-related protein, mitochondrial
DE precursor (COX7a-related protein) (EB1).
GN Name=COX7A2L; Synonyms=COX7AR, COX7RP;
OS Homo sapiens (Human).
(中略)
CC -!- FUNCTION: May be a regulatory subunit of cytochrome c oxidase that
CC mediates the higher level of energy production in target cells by
CC estrogen.
CC -!- SUBCELLULAR LOCATION: Mitochondrion inner membrane (By
CC similarity).
(中略)
KW Inner membrane; Membrane; Mitochondrion; Transit peptide.
FT TRANSIT      1      55      Mitochondrion (Potential).
FT CHAIN        56     114      Cytochrome c oxidase subunit VIIa-related
FT protein.
FT /FTId=PRO_0000006154.
FT CONFLICT    107     107      M -> N (in Ref. 1).
SQ SEQUENCE    114 AA; 12615 MW; 67BCABEEAE0F552B CRC64;
  MYYKFSGFTQ KLAGAWASEA YSPQGLKPVV STEAPPIIFA TPTKLSDST VYDYAGKNKV
  PELQKFFQKA DGVPVYLKRG LPDQMLYRTT MALTVGGTIY CLIALYMASQ PKNK
//
```

- 1 ヒト由来のタンパク質である。
- 2 シトクロム c 酸化酵素のサブユニットに関するエントリーである。
- 3 未成熟タンパク質のアミノ酸配列の長さは 114 残基である。
- 4 核に局在するタンパク質である。

問47

実験から得られる配列データの解析には様々なソフトウェアが利用されている。次に示すソフトウェア名とその利用目的の組み合わせにおいて、適切ではないものはどれか。一つ選べ。

- 1 FASTA－相同性検索
- 2 ClustalW－アラインメント作成
- 3 PHYLIP－DNA 配列断片の連結
- 4 GenScan－遺伝子領域の発見

問48

相同性検索に用いられる **BLAST** には、クエリ配列と対象データベースのデータの種類によって使い分けられるいくつかの異なるバージョンがある。**BLAST** に含まれる **blastn** プログラムでの、クエリ配列と対象データベースの組み合わせは、どのようなものか。適しているものを選択肢の中から一つ選べ。

	クエリ配列	対象データベース
1	DNA 配列	DNA 配列
2	DNA 配列	タンパク質 (アミノ酸)
3	タンパク質 (アミノ酸)	タンパク質 (アミノ酸)
4	タンパク質 (アミノ酸)	DNA 配列

問49

ある塩基配列に対して BLAST を用いて相同性検索を行った結果、Score = 150、Expect = $3e-20$ という結果が得られた。この結果の解釈としてもっとも適切なものを選択肢の中から一つ選べ。

- 1 150 以上のスコアが偶然に出る確率は、およそ 3×10^{-20} である。
- 2 150 以下のスコアが偶然に出る確率は、およそ 3×10^{-20} である。
- 3 150 以上のスコアが偶然に出る確率は、およそ $1-3 \times 10^{-20}$ である。
- 4 150 以下のスコアが偶然に出る確率は、およそ $1-3 \times 10^{-20}$ である。

問50

相同性検索に用いられるツールの一つに、PSI-BLAST がある。この PSI-BLAST では、位置特異的スコア行列 (PSSM) を利用している。次に示した説明文の中で、PSI-BLAST とそこで用いられる PSSM についての記述として不適切なものはどれか。一つ選べ。

- 1 一般的に、通常の BLAST に比べて感度が高い。
- 2 一度作成された PSSM を用いて検索を行い、その結果を用いて PSSM を再構築する処理を繰り返す。
- 3 PSI-BLAST は DNA 配列しか取り扱えない。
- 4 PSI-BLAST では、ギャップを取り扱うことができる。

問51

タンパク質などの生体高分子をコンピュータで表示するためのソフトウェア名として適切ではないものを選択肢の中から一つ選べ。

- 1 RasMol
- 2 Chime
- 3 TMHMM
- 4 Swiss-PdbViewer

問52

タンパク質の立体構造予測に利用される手法名として適切ではないものを選択肢の中から一つ選べ。

- 1 ホモロジーモデリング法
- 2 スレッディング法
- 3 フラグメントアセンブリ法
- 4 系統フットプリント法

問53

以下に示すような位置特異的スコア行列 (PSSM) がある。この PSSM を利用してスコアを付けた結果、もっとも高いスコアを示す配列を選択肢の中から一つ選べ。

	位置				
	1	2	3	4	5
A	6	-3	-3	0	-3
C	-9	0	-5	-3	6
G	-3	7	-4	-7	0
T	2	-3	0	0	-3

位置特異的スコア行列

- 1 AGTAC
- 2 CACGA
- 3 TCTTG
- 4 TG TTC

問54

塩基配列やアミノ酸配列において、特定の機能を持った配列は進化の過程で多少の変化を起こしながらも種間で保存されている。このような配列をモチーフ配列と呼びパターンの表現方法の一つには正規表現がある。次に示した正規表現で表わされるアミノ酸配列として適切なものを選択肢の中から一つ選べ。

正規表現：C-x(2,4)-C-[LIV]-H

ここで、正規表現の記号の意味は次の通りである。

- []は、[]内に並べられた文字のうちいずれか1文字が選択される。
- x(a,b)は、任意の文字が a 個以上 b 個以下挿入されることを表す。
- -は、文字の連結を表す。

- 1 CPKRLH
- 2 CPKRCLVH
- 3 CPKRGCIH
- 4 CPKRGKCVH

問55

配列データ解析の一つであるアラインメントに用いられる置換スコア行列に関する次の説明の中で不適切なものはどれか。一つ選べ。

- 1 通常の置換スコア行列では、進化的に置換の起こり難い組み合わせに正の数が付けられている。
- 2 PAM スコア行列は、タンパク質の変異による進化モデルに基づいている。
- 3 進化的に遠縁の配列を比較する場合は、PAM60 よりも PAM120 を用いた方が良い。
- 4 BLOSUM スコア行列は、BLOCKS データベースを元に作成されている。

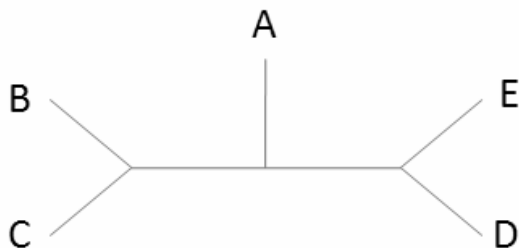
問56

分子進化の研究において系統間の関係を視覚的に表現するために、系統樹が利用されている。次に示した手法名の中で、分子系統樹作成手法として用いられていないものはどれか。一つ選べ。

- 1 近隣結合法 (NJ 法)
- 2 最尤法
- 3 最節約法
- 4 鞍点法

問57

系統樹を表記する方法に **Newick format** がある。この形式では、括弧を利用した入れ子で系統樹を表現する。しかし、この方式では、同じ系統樹であってもいくつかの異なる表現ができる。ここで、以下に示した 5 種類の生物 (A,B,C,D,E) 間の無根系統樹を **Newick format** で表現した時、間違っているものを選択肢の中から一つ選べ。



- 1 (A,(B,C),(D,E))
- 2 ((A,(B,C)),D,E)
- 3 (B,((D,E),A),C)
- 4 ((A,E),D,(B,C))

問58

タンパク質をコードしている遺伝子の塩基配列に進化の過程で生じる置換は、同義置換と非同義置換に分類される。次に示した説明文の中で、同義置換、非同義置換の説明として不適切なものはどれか。一つ選べ。

- 1 あるコドンに生じた同義置換は、そのコドンによってコードされているアミノ酸を変化させない変異である。
- 2 一般に、非同義置換によってコドンにコードされているアミノ酸が変化する場合、元のアミノ酸と物理化学的性質の類似しているアミノ酸の方が進化の過程で受容されやすい。
- 3 通常、生物種 A と生物種 B が持っているオーソログ遺伝子同士を比較した場合、同義置換率（同義置換数／同義サイト数）は非同義置換率（非同義置換数／非同義サイト数）よりも大きい。
- 4 同義置換は、そのコドン内の塩基の挿入や欠失により生じる。

問59

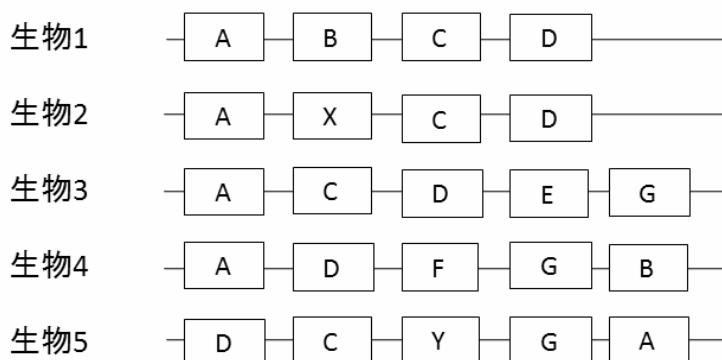
ゲノム DNA 配列中には、タンパク質の設計図となる遺伝子領域とそうではない領域が存在する。真核生物における遺伝子領域を発見する方法（遺伝子予測法）として不適切なものを選択肢の中から一つ選べ。

- 1 同じ生物の cDNA 配列を決定し、ゲノム DNA 配列に対して相同性検索を行う。
- 2 既知の遺伝子領域の DNA 配列の特徴を抽出し、隠れマルコフモデルを作成してゲノム DNA 配列中を検索する。
- 3 ゲノム配列が既知である近縁な生物と比較して、遺伝子の並びの保存を前提として遺伝子が見つからない領域を探索する。
- 4 ゲノム中の 2 塩基単位の単純な繰り返し配列の中を集中的に探索する。

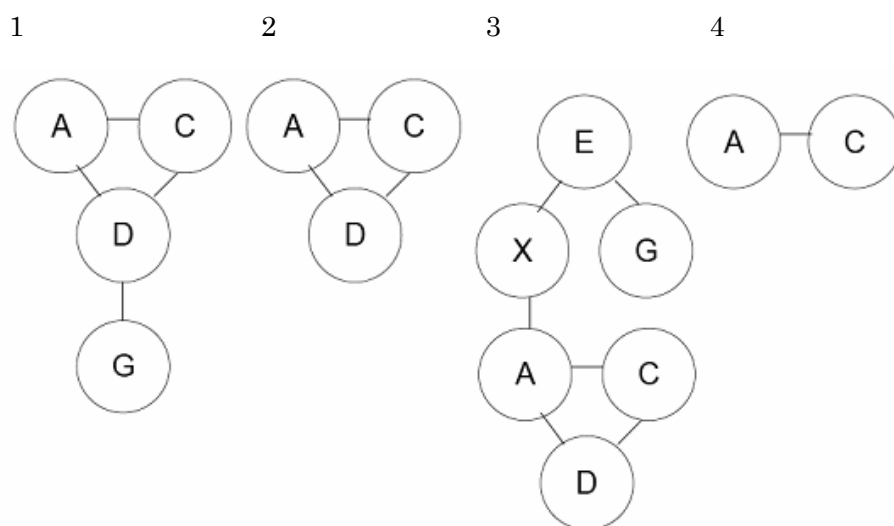
問60

お互いに進化的に遠い関係にある 5 つの原核生物のゲノム中にあるオペロン中の遺伝子の並びを以下に示す。5 種類の中で 3 種以上で遺伝子の順番が保存されている場合、それらの遺伝子にコードされているタンパク質は、相互作用すると予測することとすると、この図からどのようなタンパク質相互作用関係が予測されるか。選択肢の中から一つ選べ。

ここで、遺伝子の順番が保存されるとは、2 つの遺伝子 α と β において、遺伝子 α が上流で遺伝子 β が下流にあるという関係があるとき、この並びが他の生物種のゲノムにおいても観察されることを指す。この時、他の遺伝子がある間に存在してもよい。



5 つの生物種のアペロン中での遺伝子の並び



ただし、○はその中の文字で示される遺伝子の産物、線は遺伝子産物間の相互作用を示す。

問61

ヒトのゲノム DNA 配列中には、様々な多型が存在することが知られている。次に示した用語のうちヒトゲノムにおける多型の呼び名ではないものを一つ選べ。

- 1 SNP
- 2 VNTR
- 3 マイクロサテライト
- 4 ORF

問62

次に示した遺伝子による疾患に関する説明において、不適切なものはどれか。一つ選べ。

- 1 疾患遺伝子の近くにある変異が連鎖不平衡にあるとき、この変異を病気のマーカーとして利用できることがある。
- 2 同じ遺伝子が原因の病気であっても、変異の種類によって異なる病態を持つことがある。
- 3 遺伝子変異が原因の病気でも環境によって発症しない場合がある。
- 4 原因遺伝子の発見には、正常な人と患者のゲノム配列全体を必ず比較する必要がある。

問63

ゲノム科学の進展後、トランスクリプトームやプロテオームという分野が注目されるようになってきた。次に示した説明文の中から、それらの説明として不適切なものを一つ選べ。

- 1 トランスクリプトーム解析に用いられている実験手法の一つに、SAGE (serial analysis of gene expression) がある。
- 2 プロテオーム解析では、細胞で発現するタンパク質を網羅的に解析する。
- 3 トランスクリプトーム解析では、細胞内での代謝産物を網羅的に測定することが主要な目的である。
- 4 プロテオーム解析でのタンパク質の同定には質量分析装置が大きな役割を果たす。

問64

cDNA マイクロアレイによる遺伝子発現データの解析は、いくつかのステップに分けることができる。そのうち、最初のステップをサンプル細胞からの RNA の回収として、最後のステップを測定されたデータに対する解析とすると、この間のステップの順序はどのようになるか。もっとも適したものを選択肢の中から一つ選べ。

RNA 回収 ⇒ ⇒ データ解析

- 1 イメージスキャン ⇒ ハイブリダイゼーション ⇒ 蛍光サンプル合成 ⇒ データ正規化 ⇒ 数値化
- 2 ハイブリダイゼーション ⇒ 蛍光サンプル合成 ⇒ イメージスキャン ⇒ データ正規化 ⇒ 数値化
- 3 数値化 ⇒ ハイブリダイゼーション ⇒ イメージスキャン ⇒ データ正規化 ⇒ 蛍光サンプル合成
- 4 蛍光サンプル合成 ⇒ ハイブリダイゼーション ⇒ イメージスキャン ⇒ 数値化 ⇒ データ正規化

問65

DNA マイクロアレイなどによって測定された遺伝子発現プロファイルの解析について述べられた次の文章の中で不適切なものはどれか。一つ選べ。

- 1 癌に特異的に発現する遺伝子を見つける方法の一つとして、正常細胞と癌細胞の遺伝子発現プロファイルの比較が行われる。
- 2 DNA マイクロアレイは高精度な測定技術なので、mRNA 量の 1 %程度の違いを検出することができる。
- 3 遺伝子機能や遺伝子発現ネットワークを推定するために、多数の遺伝子における時間的な遺伝子発現プロファイルの変化をクラスタリングする処理が行われる。
- 4 マイクロアレイの遺伝子プロファイルデータのクラスタリング手法として k-means 法や自己組織化マップが利用されている。

問66

マイクロアレイの発現プロファイル解析には、階層的クラスタリングが用いられることがある。ここで、階層的クラスタリングにより N 個のデータをクラスタリングする場合は、はじめは 1 個ずつのデータを含んだ N 個のクラスタから出発する。次に、全てのクラスタのうちもっとも「距離」の近い 2 個のクラスタを選んで併合し 1 個のクラスタとする。この併合処理を全てのデータが 1 個のクラスタに併合されるまで繰り返す。その後、この過程を振り返ることにより、樹形図が得られる。ここで、2 個のクラスタ間の「距離」には、いくつかの定義の方法が知られている。選択肢の中で、手法名とその距離の定義法の説明として不適切なものを一つ選べ。

- 1 最短距離法では、2 個のクラスタ内の要素（データ）間でもっとも近いペアの距離をクラスタ間の距離とする。
- 2 最長距離法では、2 個のクラスタ内の要素（データ）間でもっとも遠いペアの距離をクラスタ間の距離とする。
- 3 群平均法では、2 個のクラスタの要素（データ）間の全ての組み合わせの平均距離をクラスタ間距離とする。
- 4 ウォード法では、2 個のクラスタの要素（データ）間の個数の差をクラスタ間の距離とする。

問67

4つの遺伝子（遺伝子 A,B,C,D）から構成される遺伝子ネットワークの構造を推定するために、それぞれの遺伝子を破壊する実験を行った。実験と結果は以下の通りである。この実験の評価としてもっとも適切ではないものを選択肢の中から一つ選べ。

<実験と結果>

遺伝子 A を破壊すると、遺伝子 B と遺伝子 C の発現量が抑制された。

遺伝子 B を破壊すると、遺伝子 C の発現量が抑制された。

遺伝子 C を破壊しても他の遺伝子の発現量には変化が見られなかった。

遺伝子 D を破壊すると、遺伝子 A,B,C の発現量が増加した。

- 1 遺伝子 A は、遺伝子 B の発現量を増加させている。
- 2 遺伝子 B の発現量を多くすると遺伝子 C の発現量は増加する。
- 3 遺伝子 B は、遺伝子 D の発現量を増加させる。
- 4 遺伝子 A が直接的に遺伝子 C の発現量を増加させているかはわからない。

問68

5つのタンパク質（タンパク質 A,B,C,D,E）の相互作用を酵母ツーハイブリッド法を用いて観察した結果、以下に示した組み合わせにおいて相互作用が見られた。この実験の評価として適切ではないものを選択肢の中から一つ選べ。

<相互作用した組み合わせ>

タンパク質 A-タンパク質 C

タンパク質 A-タンパク質 A

タンパク質 B-タンパク質 C

タンパク質 D-タンパク質 E

- 1 タンパク質 A,B,C は、複合体を形成している可能性がある。
- 2 タンパク質 A はホモダイマーを形成する可能性がある。
- 3 タンパク質 A とタンパク質 B は、結合する可能性がある。
- 4 タンパク質 D とタンパク質 E は、結合する可能性がある。

問69

5種類の生物種について、6つの遺伝子(A,B,C,D,E,F)のゲノム中の有無を調べ系統プロファイルを作成した。系統プロファイルは、生物種の数(この例では、5つ)を持つベクトルで表現され、遺伝子がある場合は1、無い場合は0が要素となる。以下の系統プロファイルから、相互作用すると考えられる遺伝子の組み合わせはどれか。選択肢の中から一つ選べ。

ただし、ベクトル中の要素(生物種)の並びは、同じになっている。

<系統プロファイル>

遺伝子 A(1,0,0,1,1)

遺伝子 B(0,1,1,0,0)

遺伝子 C(1,0,0,1,1)

遺伝子 D(1,0,1,0,0)

遺伝子 E(0,0,1,1,1)

遺伝子 F(0,1,0,1,1)

- 1 遺伝子 B と遺伝子 C
- 2 遺伝子 A と遺伝子 C
- 3 遺伝子 D と遺伝子 E
- 4 遺伝子 E と遺伝子 F

問70

DNA マイクロアレイによって観測された遺伝子発現プロファイルデータから遺伝子制御ネットワーク推定を行うために数学モデルが適用される。その目的で現在一般的に利用される数学モデルとして不適切なものを選択肢の中から一つ選べ。

- 1 ベイジアンネットワーク
- 2 ダイナミックプログラミング
- 3 ブーリアンネットワーク
- 4 微分方程式モデル

問71

次に示した球状タンパク質の性質に関する記述の中で、不適切なものを一つ選べ。

- 1 一般に、表面ではアミノ酸の挿入・欠失や置換が起こりやすく、内部では起こりにくい。
- 2 生物種間で比較した時に保存されているアミノ酸が、タンパク質表面で集中している領域は、他のタンパク質やリガンドとの結合に関与していると予測できる。
- 3 DNA と相互作用するタンパク質の場合、DNA との結合面は、負電荷を持つアミノ酸が集中することから容易に予測できる。
- 4 一般に、表面には溶媒との相互作用のため極性基をもつアミノ酸が多く、内部は疎水性アミノ酸による疎水コアを形成していることが多い。

問72

以下に示したホモロジーモデリングによるタンパク質の立体構造モデルの構築についての記述の中に、不適切なものがある。一つ選べ。

- 1 信頼性の高いモデルを得るには、立体構造既知のアミノ酸配列と立体構造未知のアミノ酸配列の正確なアラインメントが要求される。
- 2 一般に、立体構造既知のアミノ酸配列と立体構造未知のアミノ酸配列の一致度が低かったり、一方に大きな挿入あるいは欠失が含まれていると、高精度のモデル構築は構築できない。
- 3 基本的には、ホモログの既知立体構造を鋳型として、モデル構築が構築される。
- 4 一般に、保存度の高い活性中心よりも保存度の低いループ領域の方が、モデル中で正確に構築されている。

問73

立体構造の似ている2つのタンパク質間で、対応関係にある原子が分かっている場合には、RMSD (Root Mean Square Deviation) と呼ばれる数値を計算することにより、立体構造の重なり合いの程度を数値化することができる。RMSD は、全ての対応する原子間の距離を2乗した値の平均値 (相加平均) にルートをとったものとして定義される。

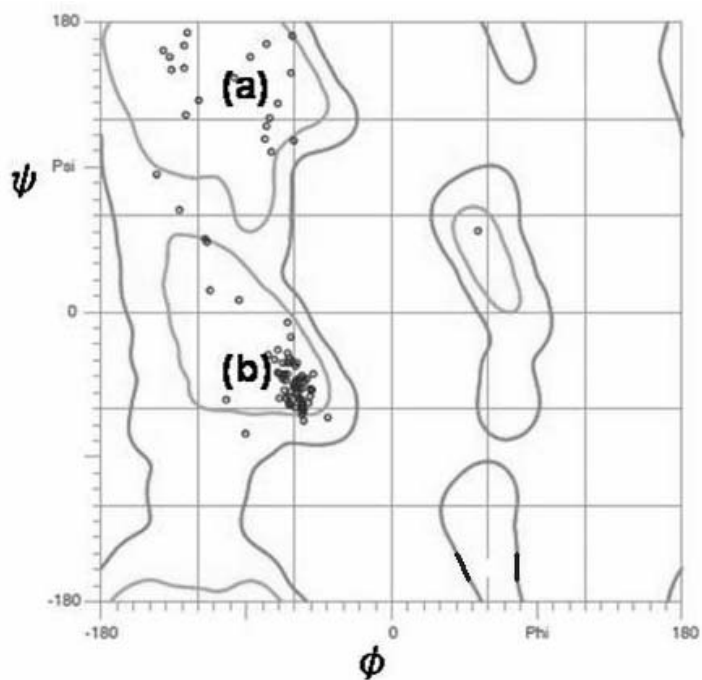
あるタンパク質における6つの原子 A、B、C、D、E、F と別のタンパク質の6つの原子 A'、B'、C'、D'、E'、F' について対応関係が分かっており、互いにもっともよく重なるように回転して重ねた時の対応原子間の距離は以下の表のようになった。この表から B-B'、C-C'、E-E' は正確に重なったが、他の原子間ではずれが見られることがわかる。ここで、6つの原子に対する RMSD 値はいくらになるか。選択肢の中からもっとも適切な値を一つ選べ。ただし、原子間距離の単位は考慮しないものとする。

対応原子	距離
原子 A-原子 A'	2.0
原子 B-原子 B'	0.0
原子 C-原子 C'	0.0
原子 D-原子 D'	1.0
原子 E-原子 E'	0.0
原子 F-原子 F'	1.0

- 1 0.5
- 2 0.66
- 3 1.0
- 4 1.33

問74

タンパク質の主鎖に添って定義される二面角のうち、 ϕ (窒素原子と α 炭素原子の間の二面角)と、 ψ (α 炭素原子とカルボニル基の炭素原子の間の二面角)の値を各残基ごとに計算して二次元にプロットしたものを、ラマチャンドラン・プロットと呼ぶ。以下に示したラマチャンドラン・プロットに対する説明文の中で、もっとも適切なもの一つ選べ。

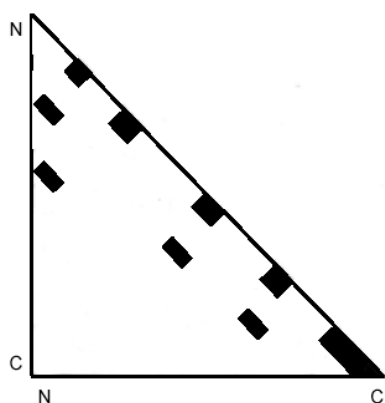


- 1 (a)、(b) はともに α ヘリックスの領域である。
- 2 (a)、(b) はともに β ストランドの領域である。
- 3 (a) は α ヘリックス、(b) は β ストランドの領域である。
- 4 (a) は β ストランド、(b) は α ヘリックスの領域である。

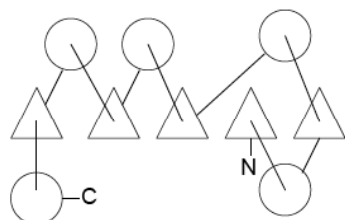
問75

次の図は、あるタンパク質の立体構造のコンタクトマップの模式図である。図中斜めの太い線のそれぞれは、10Å以内にある残基対の集合を表す。このタンパク質は、N末側からβ α β α β α β α という二次構造の構成をとっている。選択肢に示した二次構造要素の配置の中で、βストランドの配向に着目した時に、このタンパク質の構造として適切なものはどれか。一つ選べ。

ただし、選択肢中の「○」はヘリックス、「△」はストランドであり、同じ向きの「△」の隣接は平行シート、逆向きの「△」の隣接は逆平行シートの形成を表しているとする。



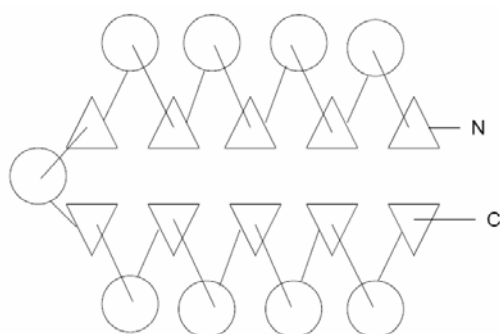
1



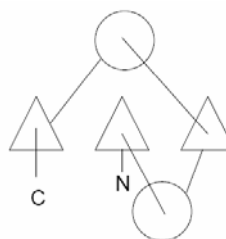
2



3

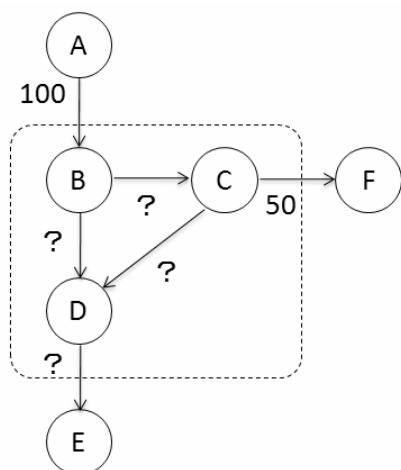


4



問76

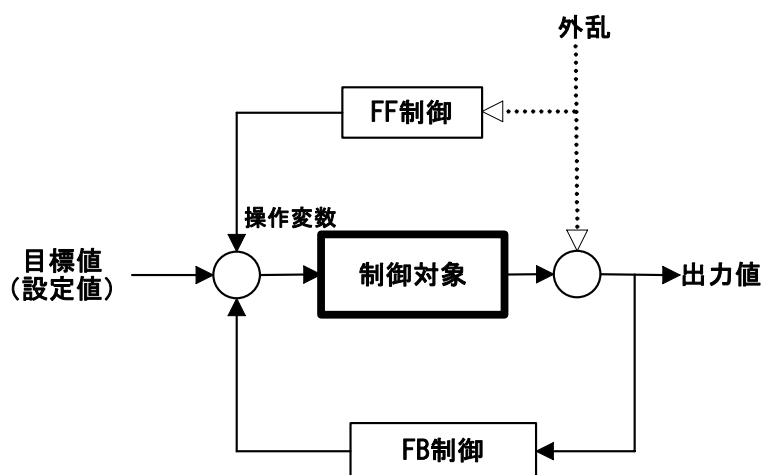
以下に示す図は、代謝物の流束が定常である $A \rightarrow B$ 、 $B \rightarrow C$ 、 $B \rightarrow D$ 、 $C \rightarrow D$ 、 $D \rightarrow E$ 、 $C \rightarrow F$ の代謝反応モデルである。矢印に添えられている数値は流束の測定値、「?」は流束を測定していないことを示す。A は基質、B,C,D は中間産物、E と F は生成物である。この代謝流束モデルの解釈として適切ではないものを選択肢の中から一つ選べ。ただし、流束は全て 0 (ゼロ) 以上である。



- 1 D から E の流束は 50 である。
- 2 C から D の流束が 0 となる場合はあり得る。
- 3 B から D への流束が測定できれば、全ての代謝流束分布が求められる。
- 4 B から D への流束を最大にする条件下では、B から C の流束は 60 となる。

問77

次の図は、フィードバック制御（FB制御）とフィードフォワード制御（FF制御）を用いることによって制御対象を乱す外的要因（外乱）のある状態で、出力値を目標値（設定値）に制御する系を模式的に示している。これらの制御に関する次の説明文中で、不適切なものはどれか。一つ選べ。



- 1 フィードフォワード制御（FF制御）は、外乱が発生した場合に、その影響が出力値に現れる前にあらかじめその影響をなくすように必要な修正動作を行う制御方式である。
- 2 フィードフォワード制御（FF制御）は、与えた操作量（操作変数）の結果である目標値（設定値）をモニターしてから修正する。
- 3 フィードバック制御（FB制御）は、外乱が発生した場合にその影響が出力値に現れてからでなければ修正を行えないという問題点がある。
- 4 フィードバック制御（FB制御）とフィードフォワード制御（FF制御）は、それぞれ異なる制御特性を持つため、両者を適切に組み合わせることによって制御性能は向上する。

問78

タンパク質の発現量の変化が次のような微分方程式で与えられる時、この数学モデルの解釈として適切ではないものを選択肢の中から一つ選べ。

$$\frac{dX}{dt} = a \frac{K}{K+X} - bX$$

ただし、 X は対象としているタンパク質の濃度、 a, b, K は定数、 t は時間を表している。

- 1 定数 b が増加すると X の定常状態値 ($\frac{dX}{dt} = 0$ の時の X の値) は上昇する。
- 2 定数 a が増加するとタンパク質の合成速度の項が大きくなるので X の定常状態値 ($\frac{dX}{dt} = 0$ の時の X の値) は上昇する。
- 3 K が X よりもはるかに大きい時 ($K \gg X$)、 X の定常状態は、 $\frac{a}{b}$ と近似できる。
- 4 定数 $a=0$ の時、 X は時間とともに0に近づいてゆく。

問79

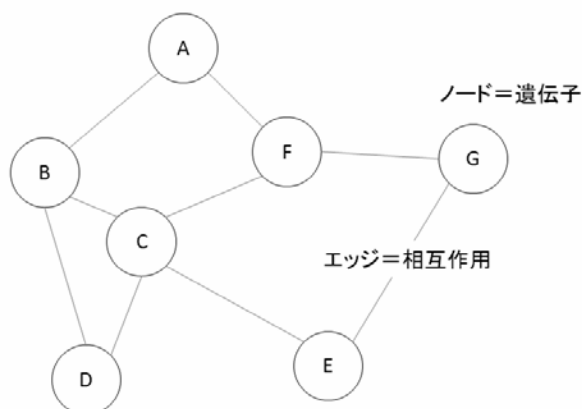
ロバストネスは、生命システムが環境変化や遺伝子の欠損に対して恒常性を維持する性質と考えることができる。次に示す説明文のうち、ロバストネスに関する記述として適切ではないものはどれか。一つ選べ。

- 1 フィードバック制御やフィードフォワード制御はロバストネスを生み出すメカニズムである。
- 2 冗長なネットワーク構造はロバストネスの向上に有用である。
- 3 ロバストネスは脆弱性と言い換えられる。
- 4 ロバストネスを評価する方法として感度解析や安定性解析が用いられる。

問80

以下に示したように、遺伝子をノード（○）、遺伝子間の相互作用をエッジ（—）とした、無向グラフを用いて、遺伝子ネットワークを表すことができる。次に示した説明文の中で、遺伝子ネットワークの特徴についての記述として適切なものはどれか。一つ選べ。

ただし、選択肢の中で、スケールフリー性とは、次数（各ノードが持つエッジの数）の分布がべき乗則に従う性質を、ランダムネットワークとは、エッジがノード間に規則性を持たずに張られているネットワークを、さらに、完全グラフはどの二つのノードも必ずエッジで連結されているグラフをそれぞれ表す。



- 1 遺伝子ネットワークには、スケールフリー性が見られる例はない。
- 2 全ての遺伝子ネットワークは、ランダムネットワークとみなされる。
- 3 遺伝子ネットワーク中で、多数の遺伝子と相互作用をするハブの役割をもつ遺伝子がみられる場合がある。
- 4 全ての遺伝子ネットワークは、完全グラフである。

余白

平成 19 年度 日本バイオインフォマティクス学会 (JSBi)

バイオインフォマティクス技術者認定試験

【解答】

問 1	問 2	問 3	問 4	問 5	問 6	問 7	問 8	問 9	問 10
3	3	1	3	4	3	4	3	3	3
問 11	問 12	問 13	問 14	問 15	問 16	問 17	問 18	問 19	問 20
3	4	3	2	4	1	1	2	4	1
問 21	問 22	問 23	問 24	問 25	問 26	問 27	問 28	問 29	問 30
1	3	4	2	3	2	3	4	3	2
問 31	問 32	問 33	問 34	問 35	問 36	問 37	問 38	問 39	問 40
2	2	1	4	3	3	4	1	4	1
問 41	問 42	問 43	問 44	問 45	問 46	問 47	問 48	問 49	問 50
4	2	4	2	1	4	3	1	1	3
問 51	問 52	問 53	問 54	問 55	問 56	問 57	問 58	問 59	問 60
3	4	1	3	1	4	4	4	4	1
問 61	問 62	問 63	問 64	問 65	問 66	問 67	問 68	問 69	問 70
4	4	3	4	2	4	3	3	2	2
問 71	問 72	問 73	問 74	問 75	問 76	問 77	問 78	問 79	問 80
3	4	3	4	1	4	2	1	3	3

試験問題に記載されている会社名または製品名は、それぞれ各社の商標または登録商標です。なお、試験問題では、®および™を明記していません。