

情報生物学 (1 / 2)

(注意) 問題 [1] [2] はそれぞれ別の答案用紙に解答すること。

[1] バイオインフォマティクスにおける遺伝子の配列解析や機能予測について以下の問いに答えなさい。(計 50 点)

(1) 種分岐の結果生じた 2 つの相同遺伝子はオーソログの関係にあると言われる。計算機的にオーソログ同定するときには双方向ベストヒット (Bi-directional Best Hit (BBH)) と呼ばれる方法が使われることがあるが、この手順について説明しなさい。(20 点)

(2) 複数生物種のゲノム情報を比較することで、オーソログの関係に基づく遺伝子と生物種の対応を要約する以下の行列を得た。その行ベクトルを、各遺伝子の系統プロファイルと呼ぶ。系統プロファイル間の類似性を内積で評価し、2 つの遺伝子クラスターに分けるとすると、行列の 6 つの遺伝子はどのように分かれるか示しなさい。(10 点)

	生物種 A	生物種 B	生物種 C	生物種 D	生物種 E
遺伝子 1	(1	1	0	1	1)
遺伝子 2	(0	1	0	1	1)
遺伝子 3	(1	0	1	0	1)
遺伝子 4	(0	1	0	1	1)
遺伝子 5	(1	0	1	0	1)
遺伝子 6	(1	0	1	1	1)

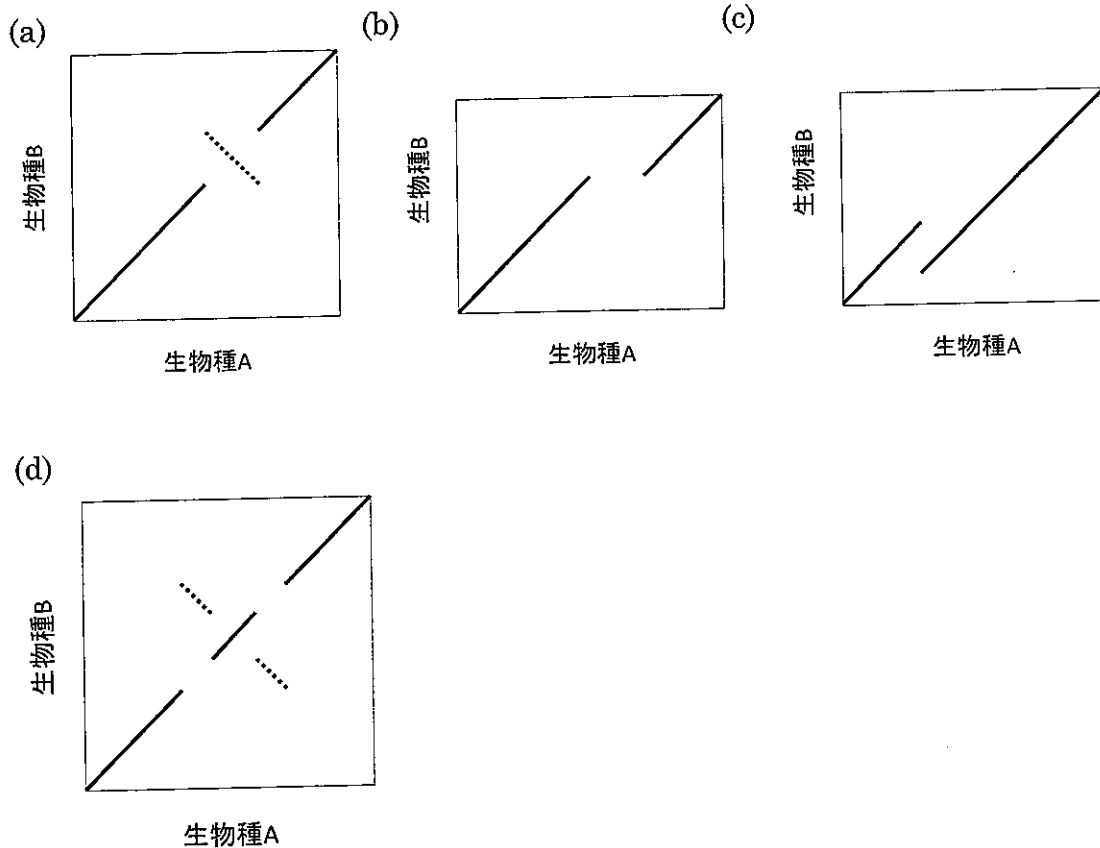
(3) 主にバクテリアでは、系統プロファイルが似ている遺伝子群は機能的に関連があることが推測できる。その生物学的背景について考察しなさい。(10 点)

(4) 系統プロファイル以外にも、ゲノムの様々な特徴や他の実験データを利用して遺伝子間の機能的関連を推測することは可能である。考えられる方法を 1 つ説明しなさい。(10 点)

情報生物学 (2 / 2)

(注意) 問題 [1] [2] はそれぞれ別の答案用紙に解答すること。

- [2] 次の 4 つの図(a-d)は 2 種の近縁生物種 A と B のゲノム配列を、左下を起点 (5'末端) として、それぞれ横軸と縦軸に並べたものである。A と B のゲノム配列間の比較を行い、一定の割合以上で一致した塩基が含まれる類似領域のうち、forward strand 同士が類似していれば実線の斜線で、forward strand と reverse complementary strand が類似していれば点線の斜線で示してある。このプロットの解釈から、ゲノムの再配置についての知見を得ることができる。以下の設問に答えなさい。なお、どの設問においても最小のイベント数で説明できるものを答えること。また、文章だけでなく図も用いて解答してもよい。(計 50 点)



- (1) 図(a), (b), (c)はそれぞれどのようなゲノムの再配置を表しているか、できるだけ詳細に述べなさい (どちらの生物種で起きたどんなイベントか、複数の解釈の可能性など)。(15 点)
- (2) たとえば図(a)に見られるイベントの場合、生物種 A と B の比較だけではどちらの生物種で起きたかを定めることができない。どちらの生物種で起きたイベントかを推定するには、これら 2 種の生物種のゲノム情報以外にどのような情報が必要か、また、その情報からどのようにしてイベントが起きた生物種が推定できるかを述べなさい。(15 点)
- (3) 図(d)のプロットはどのように解釈できるか述べなさい (複数の解釈が可能な場合は、できるだけ多くのシナリオについて述べる)。(20 点)