

平成28(2016)年度

慶應義塾大学入学試験問題

看護医療学部

生 物

- 注 意
1. 受験番号と氏名を解答用紙の所定の欄にそれぞれ記入してください。
 2. 解答用紙は1枚です。解答は、必ず所定の欄に記入してください。
解答欄外の余白、採点欄および裏面には一切記入してはいけません。
 3. 問題用紙の余白は計算および下書きに用いてもかまいません。
 4. この冊子の総ページ数は20ページです。問題文は2～19ページに書かれています。
試験開始直後、総ページ数および落丁などを確認し、不備がある場合はすぐに手を上げて監督者に知らせてください。
 5. 不明瞭な文字・まぎらわしい数字は採点の対象としませんので注意してください。
 6. 問題冊子は終了後必ず持ち帰ってください。

《 指示があるまで開かないこと 》

〔I〕以下の文章を読んで設問に答えなさい。

ヒトの体細胞に含まれる染色体 [A] 本の DNA の全塩基配列を解読するヒトゲノム計画は、1990年に米国が約30億ドルの予算を組んで発足し、その後、日本も参加した ①国際ゲノムプロジェクト に拡大し、2003年に完成版が公開された。このとき DNA の塩基配列を解読する方法として用いられたサンガー法では、DNA ポリメラーゼ (DNA 合成酵素) を利用して、配列解読したい [B] 本鎖 DNA を鋳型として相補的な DNA の合成反応 (シーケンス反応) を行う。このとき材料となるヌクレオシド [C] リン酸の中に、糖の構造が異なる特殊なヌクレオチドを少量混ぜておくと、それを取り込んだところで DNA の合成が止まる。[D] 種類の塩基ごとに異なる標識をつけておいて電気泳動し、DNA の長さの順番に末端の塩基を並べれば、それが鋳型の塩基配列となる。この方法では一度に1サンプル当たり500～1000塩基対ほどの配列を決定できるが、1台の塩基配列解読装置 (シーケンサー) で一度に電気泳動できるサンプル数は100程度に限られる。

その後、米国では個人のゲノムを安価に解読して個別医療に役立てるために2004年から1000ドルゲノム計画がスタートし、新しい原理に基づく次世代シーケンサーが数多く開発され、塩基配列を解読する能力は大幅に改善された。この方法では、同時に多数 (10億程度) のシーケンス反応を行い、CCD カメラを用いてシーケンス反応を光で同時に検出するので、サンガー法と比べて1サンプル当たりの解読できる長さは短い (当初は50～100塩基対程度)、同時に解析できるサンプル数を多くすることで、全体として1台のシーケンサー当たりサンガー法の約 [E] 万倍もの DNA 配列を得ることができた。この方法の最初の応用例は、2006年に報告された ②現生人類に最も近い絶滅人類であるネアンデルタール人の化石から抽出された核 DNA の塩基配列の大規模解読 である。また、2009年にはワトソン (DNA の二重らせん構造の発見者の1人) の個人ゲノムが解読されたが、そのときの費用は約100万ドルと言われている。その後もさらに技術革新が続き、2014年には数千ドルで個人ゲノムの解読が可能となっており、個別医療 (テーラーメイド医療) への応用が期待されている。

病気の原因には大きく分けて環境要因と遺伝要因という2つの要因がある。近年の遺伝医学の進歩によって多くの疾患の原因遺伝子が同定され、それらの病態解明や ③治療法の開発 が進められている。また、その過程で開発されてきた数々の ④遺伝学的検査・診断 は、疾患の治療法や予防法の適切な選択を可能としている。このような遺伝学的検査としては、すでに発症している患者の診断を目的とした検査のみならず、保因者検査、発症前検査、易罹患性検査、出生前検査、先天代謝異常症等に関する新生児マススクリーニングなどが含まれる。一方、遺伝情報は原則として生涯変化せず、⑤血縁者にも影響を与え得る究極の個人情報 であるため、その取り扱いには十分な配慮が必要となっている。

問1 左の文章の空欄 A ～ E にあてはまる数字を書きなさい。

問2 下線部①について、国際ゲノムプロジェクトが対象とする生物種はヒトだけではなく、表1に示すような数多くのモデル生物のゲノムが解読されている。以下の2つの問いに答えなさい。

表1 ゲノム解読された生物の例

生物種	塩基対数	タンパク質をコードする遺伝子数
(a) 大腸菌	約 0.046 億	約 4,300
(b) 酵母	約 0.12 億	約 6,000
(c) 線虫	約 1 億	約 23,000
(d) シロイヌナズナ	約 1.2 億	約 28,000
ショウジョウバエ	約 1.8 億	約 14,000
(e) ハツカネズミ	約 25 億	約 30,000
ヒト	約 30 億	約 22,000

(1) ヒトゲノムが解読されたときの驚きの1つは、ヒトの遺伝子数が線虫などヒトよりも単純と考えられていた生物の遺伝子数と同程度だったことである。ヒトの遺伝子数が他の生物と比べて必ずしも多いわけではないにもかかわらず、ヒトが複雑な構造と機能を有している原因として考えられる分子メカニズムを2行以内で説明しなさい。

(2) 以下の系統樹(図1)の(あ)～(お)にあてはまる生物種を表1の(a)～(e)の中からそれぞれ1つずつ選び、記号で答えなさい。

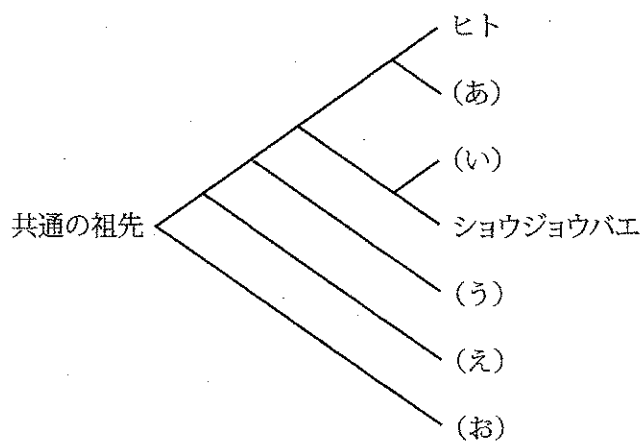


図1 モデル生物の系統樹

問3 下線部②に関する次の文章を読んで、以下の3つの問いに答えなさい。

初期の人類として有名なアウストラロピテクス（猿人）の化石はアフリカの約300万年前の地層から発掘され、ゴリラやチンパンジーなどの類人猿と比べると、Fの大きさは類人猿と変わらないが、骨格の違いからGしていたと考えられる。約20万年前にアフリカに出現した現生人類ホモ・サピエンスは猿人の頭骨の化石と比べると、Fが大きく発達し、オトガイが形成され、Hが小さいという特徴がある。一方、ネアンデルタール人の化石は中近東からヨーロッパのみで発見されており、骨格やFの大きさは現生人類と同程度かむしろ大きい、オトガイは無い。ネアンデルタール人は約50万年前に現生人類との共通の祖先から分岐し、約3万年前に絶滅したと考えられており、ヨーロッパの現生人類とネアンデルタール人とが共存していた時期があることから混血があったかどうか謎であった。2014年までにネアンデルタール人の高品質なゲノム配列の解読が行われ、世界各地の現代人1000人のゲノム配列と比較した結果、アフリカ以外の現生人類はネアンデルタール人由来の遺伝子を1～3%含んでおり混血があったことがわかった。アフリカ以外の現生人類のもつネアンデルタール人由来の遺伝子としてはケラチンに関係する遺伝子が多かった。また、全体として見ると、ネアンデルタール人由来の配列が含まれる割合は、遺伝子部分よりも非遺伝子部分で高く、また、X染色体よりも常染色体で高かった。

(1) 上の文章の空欄F～Hにあてはまる語句を書きなさい。

(2) 上記の文章に示した内容から推測される説明としてもっとも不適切と考えられるものを以下の選択肢(ア)～(オ)の中から1つ選び、記号で答えなさい。

[選択肢]

- (ア) 現生人類は中近東からヨーロッパでネアンデルタール人と混血し、アジアに広がったといえる。
- (イ) ネアンデルタール人は言葉によるコミュニケーション能力が現生人類よりも劣っていたといえる。
- (ウ) ネアンデルタール人との混血は現生人類が寒冷地に適応するのに役立ったといえる。
- (エ) ネアンデルタール人と混血した現生人類が進化する過程で、ネアンデルタール人由来の遺伝子の多くを排除する選択圧が働いたといえる。
- (オ) ネアンデルタール人由来の遺伝子は女性の生殖能力の低下を引き起こしたといえる。

(3) 2015年には、ネアンデルタール人由来の遺伝子を高頻度で含む現生人類の化石 DNA の配列が報告された。ルーマニアで出土した約 4 万年前のこの現生人類の個体のゲノム配列は、ネアンデルタール人由来の長い染色体の部分配列を含んでおり、配列比較解析の結果からこの個体のゲノム配列の 6～9 % がネアンデルタール人由来であると推定された。この数値が正確に 6.25 % であったと仮定すると、この個体の何世代前の祖先にネアンデルタール人が 1 人いたと考えられるか、整数で答えなさい。ただし、この祖先から化石の個体に至る途中で 2 度目の混血はなかったと仮定する。

問4 下線部③に関連して、インスリン遺伝子に変異が生じる遺伝性のⅠ型糖尿病の治療に大腸菌や酵母で発現させたヒト・インスリンが用いられている。そのために、逆転写酵素によってヒト・インスリン遺伝子の mRNA から DNA を合成し、ベクターに組み込み、大腸菌に導入することで、目的のタンパク質を大腸菌で大量に発現させることが可能となった。以下の3つの問いに答えなさい。

- (1) ヒト・インスリン遺伝子が大腸菌でラクトース誘導体 (IPTG) を用いて発現誘導するために、ラクトースオペロンを利用した DNA (図2) を作製した。図中の記号 (a) ~ (e) にもっともよくあてはまる語句を以下の選択肢 (ア) ~ (ク) の中からそれぞれ1つずつ選び、記号で答えなさい。

[選択肢]

- | | | |
|----------------|---------------|-----------------------|
| (ア) RNA ポリメラーゼ | (イ) インスリン遺伝子 | (ウ) オペレーター |
| (エ) DNA ポリメラーゼ | (オ) プロモーター | (カ) β -ガラクトシダーゼ |
| (キ) 薬剤耐性遺伝子 | (ク) リプレッサー遺伝子 | |

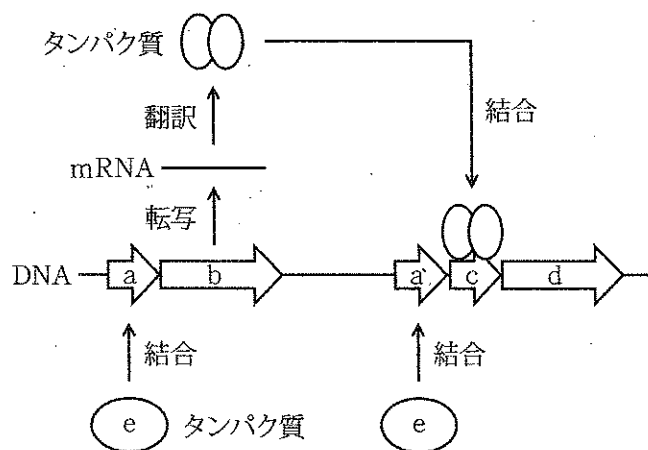


図2 大腸菌におけるヒト遺伝子発現制御の模式図

- (2) ベクターに組み込むヒト・インスリン遺伝子の DNA を調製するために、なぜヒトゲノム DNA から直接 PCR により増幅せずに、mRNA から逆転写した DNA を PCR により増幅するのか、その理由を3行以内で説明しなさい。

- (3) インスリンの他にも遺伝子工学によりタンパク質性の医薬が数多く作製されている。以下の選択肢 (ア) ~ (エ) の中でタンパク質性の医薬ではないものを1つ選び、記号で答えなさい。

[選択肢]

- | | | | |
|------------|--------------|-----------|------------|
| (ア) アドレナリン | (イ) インターロイキン | (ウ) グルカゴン | (エ) バソプレシン |
|------------|--------------|-----------|------------|

問5 下線部④について、以下の疾患の説明（Ⅰ）～（Ⅴ）にもっともよくあてはまると考えられる疾患名を、下記の選択肢（あ）～（お）の中からそれぞれ1つずつ選び、記号で答えなさい。

〔疾患の説明〕

- （Ⅰ）1つの遺伝子の変異によって発症が決まる疾患であり、新生児マススクリーニングの対象となっている。検査によって将来の発症をほぼ確実に予想することができ、対症療法（食事内容の見直し）によって発症を抑えることができる。
- （Ⅱ）1つの遺伝子の変異によって発症が決まる疾患であり、遺伝子型がホモ接合型の場合に発症し、多くは成人前に死亡するが、ヘテロ接合型の保因者は発症しない。一般に、このようなタイプの重篤な疾患では、保因者同士の結婚を避けるために保因者検査を行う人もいる。
- （Ⅲ）多数の遺伝要因と環境要因によって発症が決まる疾患であり、遺伝学的検査（易罹患性検査）によって得られる結果は、疾患発症に関するリスク（確率）である。このリスクは生活習慣（食事内容の見直しや運動）によって下げることができる。
- （Ⅳ）多数の遺伝要因と環境要因によって発症が決まる疾患であり、遺伝学的検査（易罹患性検査）によって得られる結果は、疾患発症に関するリスク（確率）である。リスクがきわめて高い場合には予防のための措置（例えば、乳房切除手術）を行う人もいる。
- （Ⅴ）ほぼ環境要因によってのみ発症が決まる疾患であるが、ヨーロッパでは発症しにくい遺伝子変異をもつ人がみついている。薬剤により完治はできないが、発症を抑えることは可能となっている。

〔選択肢〕

- （あ）エイズ （い）鎌状赤血球貧血症 （う）がん （え）Ⅱ型糖尿病
- （お）フェニルケトン尿症

問6 下線部⑤について、以下の3つの問いに答えなさい。

- (1) 遺伝子検査の結果、ある稀な常染色体劣性遺伝病の保因者であることがわかったとき、その保因者の兄弟姉妹が同じ遺伝病の保因者である確率は何分の1か（言い換えれば、兄弟姉妹の間では両親から受け継いだゲノムを何分の1共有しているか）、また、その保因者の「いとこ（親の兄弟姉妹の子）」が保因者である確率は何分の1か（「いとこ」の間ではゲノムを何分の1共有しているか）、それぞれ整数で答えなさい。
- (2) 常染色体劣性遺伝病の保因者同士が結婚した場合、彼らの子供がその遺伝病を発症する確率は何分の1か、整数で答えなさい。
- (3) 1万人に1人が発症する、ある重篤な常染色体劣性遺伝病の保因者が「いとこ」と結婚した場合、彼らの子供がその遺伝病を発症する危険性は、その保因者が他人と結婚した場合と比べて約何倍高くなるか、また、その保因者が兄弟姉妹と結婚すると仮定した場合の危険性は、その保因者が他人と結婚した場合と比べて何倍高くなるか、小数点以下を四捨五入してそれぞれ整数で答えなさい。ただし、保因者同士の結婚を避けるための保因者検査は行われておらず、新たな突然変異による発症は無視できるものとする。

〈このページは白紙です〉

〔Ⅱ〕以下の文章を読んで設問に答えなさい。

毎年話題となる感染症として季節性インフルエンザがあり、一部の A 型および B 型ウイルスが流行することがサーベイランスの結果明らかになっている。季節性インフルエンザのウイルスは弱毒型ではあるが、肺炎などの合併症を伴うことで重症化することが知られている。一方、トリを由来とする高病原性ウイルスは国内では確認されていないものの、その高い死亡率が指摘されている。

インフルエンザウイルスは、約100 nm の大きさをもつ RNA ウィルスである（図3）。膜タンパク質であるヘマグルチニン、ノイラミニダーゼ、M2タンパク質が脂質二重層のエンベロープ膜に存在し、その内部にゲノムとして RNA を有している。ウイルスは細胞表層の糖鎖受容体に結合した後、あによって細胞内に侵入する。その後、小胞内の pH が下がって酸性となり、M2タンパク質が小胞内の水素イオンをウイルス粒子内に流入させるいとして働いて脱殻（ゲノムを殻から出すこと）を助ける。ウイルスの殻から抜け出たゲノムは、宿主のシステムを利用してう内部で複製される一方、ウイルスの構成タンパク質をコードする mRNA も生成する。ウイルスから生成された mRNA はうを出て細胞質に移行し、え上でタンパク質に翻訳される。ウイルスのタンパク質はおを経て細胞表面に輸送され、ウイルスゲノムとともにウイルス粒子を再構成し、細胞外へ放出される。

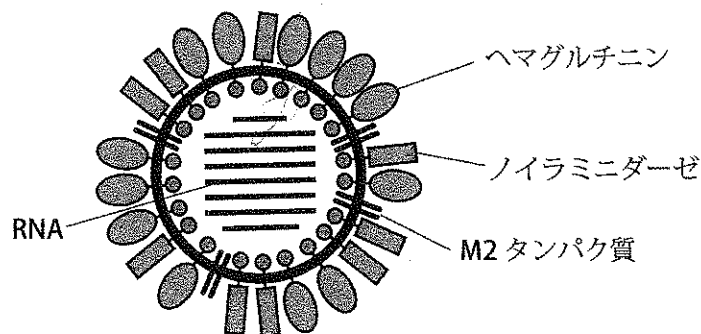


図3 インフルエンザウイルスの構造と主要な構成要素

ウイルスが体内に入ると異物として認識され、排除する免疫機構が働く。感染初期はマクロファージなどによって自然免疫が働き、その後にかが働く。リンパ球の1つであるきは、大量の抗体を血漿中に分泌し、ウイルスを抗原として特異的に結合する抗体を産生する。ここで抗原と抗体が特異的に結合する反応をくとよぶ。抗体によって特定の抗原を除去される仕組みをけという。またウイルスが感染した細胞は直接、こによっても攻撃されて取り除かれるが、このように抗体が関与せずに抗原が排除されるかをさとよぶ。

インフルエンザウイルスのエンベロープ（膜状構造）にあるヘマグルチニンおよびノイラミニダーゼはしばしば変異を起こし、①多くの亜型（H1, H3, H5, H7など）が出現する。変異が入ったへ

マグルチニンおよびノイラミニダーゼを抗原とする抗体の違いに基づいて亜型が決定される。インフルエンザウイルスの感染や重症化を防ぐには、^② ワクチンによる予防接種が有効である。ワクチンとしては、ウイルスを薬剤処理してウイルスを不活性化もしくは毒性を弱めたものが用いられているが、製造に半年くらいかかるため、次のシーズンに流行する型を予測して製造する必要がある。したがって、ワクチンによる予防接種は、1ヶ月程度で世界中に広がってしまう新型ウイルスの流行には間に合わない。そのため、2009年のパンデミックでは、^③ 抗インフルエンザ薬が世界中で使用された。

問1 上の文章の空欄 あ ～ さ にもっともよくあてはまる語句を、以下の選択肢 (A) ～ (U) の中からそれぞれ1つずつ選び、記号で答えなさい。

[選択肢]

- (A) iPS細胞 (B) アクチン (C) ES細胞 (D) イオンチャネル
- (E) エキソサイトーシス (F) エンドサイトーシス (G) 核 (H) 獲得免疫
- (I) 基質特異性 (J) 拒絶反応 (K) キラー T細胞 (L) 抗原抗体反応
- (M) 酵素-基質複合体 (N) ゴルジ体 (O) 細胞性免疫 (P) 粗面小胞体
- (Q) 体液性免疫 (R) B細胞 (S) 微小管 (T) 非特異的免疫
- (U) ミトコンドリア

問2 下線部①について、ウイルスの亜型を決定する診断法に関する次の文章を読んで、以下の2つの問いに答えなさい。

インフルエンザウイルスはトリやヒトの赤血球表面にある糖鎖に結合して赤血球を凝集させる性質をもつ。その凝集はウイルスの亜型を認識する抗体で特異的に抑制されることから、凝集抑制の有無でウイルスの亜型を判別できる。これを赤血球凝集抑制試験（HI 試験）とよぶ。具体的には、患者が感染した特定の亜型のウイルスに対する抗体が患者の血清中に産生されているので、評価基準となる様々な亜型のウイルス標品とニワトリの赤血球浮遊液を患者の血清に加え、室温で30分反応させた後、赤血球凝集が抑制されるかどうかを調べることで、血清中の抗体が認識するウイルスの亜型を知ることができる。

(1) ある患者の血清を発病直後と回復する時期の2回に分けて採取し、それぞれ段階希釈して（まず16倍希釈し、それ以後は2倍ずつ段階希釈）、HI 試験をおこなったところ表2のような結果が得られた（＋は凝集したことを示す）。この患者が感染したウイルスの亜型としてもっとも適当と考えられるものを1つ挙げなさい。また、その亜型を選んだ理由を2行以内で説明しなさい。

表2 ある患者の血清を用いた HI 試験の結果

血清	ウイルス (亜型)	血清の希釈倍率							血清 なし
		16	32	64	128	256	512	1024	
発症直後	A 型 H1	＋	＋	＋	＋	＋	＋	＋	＋
	A 型 H3	－	＋	＋	＋	＋	＋	＋	＋
	B 型	－	－	＋	＋	＋	＋	＋	＋
	ウイルス なし	－	－	－	－	－	－	－	－
回復期	A 型 H1	＋	＋	＋	＋	＋	＋	＋	＋
	A 型 H3	－	－	－	－	－	－	＋	＋
	B 型	－	－	＋	＋	＋	＋	＋	＋
	ウイルス なし	－	－	－	－	－	－	－	－

(2) 血清のない状態で A 型もしくは B 型ウイルスによる赤血球凝集を観察した後、37℃で一晩放置すると凝集が解消された。これは赤血球表面の糖鎖をウイルスの酵素ノイラミニダーゼが切断したからである。しかし、同じサンプルを37℃ではなく4℃で一晩放置した場合には凝集は解消されなかった。この理由として考えられることを2行以内で説明しなさい。

問3 下線部②について、以下の4つの問いに答えなさい。

(1) ワクチンを接種すると、発症を予防または症状を軽減できる理由を2行以内で説明しなさい。

(2) ワクチンによって産生される抗体は免疫グロブリンと呼ばれるタンパク質である。この分子はそれぞれ2本ずつのH鎖とL鎖でできており、自然界に存在する様々な異物を認識するために多くの種類の抗体を準備するシステムを備えている。異なるアミノ酸配列をもつ可変部の組み合わせにより、多種多様な抗原に対応できる抗体を作製することができる。

この可変部のアミノ酸配列を決める遺伝子断片としてV遺伝子、D遺伝子およびJ遺伝子があり、それぞれの遺伝子断片を再構成することによって多様性が生じる。H鎖は51個の V_H 遺伝子、27個の D_H 遺伝子および6個の J_H 遺伝子で構成され、一方、L鎖は40個の V_L 遺伝子および5個の J_L 遺伝子で構成される。H鎖およびL鎖が連結されて1つの免疫グロブリン分子となる。これらの遺伝子が再構成して作製される可変部の種類は計算上いくつになるか、以下の選択肢(a)～(h)の中から1つ選び、記号で答えなさい。ただし、再構成後の各遺伝子内での点変異は含めないものとする。

[選択肢]

(a) 45 (b) 84 (c) 129 (d) 200 (e) 3,780 (f) 8,262 (g) 8,462 (h) 1,652,400

(3) 抗体の多様性の仕組みを発見し、1987年にノーベル生理学・医学賞を受賞した日本人研究者の氏名を書きなさい。

(4) ある施設(収容数1,000人)でワクチンの集団接種を希望者に行ったところ、910人が接種を受けた。ワクチンが有効なシーズン中にインフルエンザを発症した人数は施設全体で73名であり、そのうちワクチン接種者は55名、非接種者は18名であった。この結果を説明する文章としてもっとも適切と考えられるものを以下の選択肢(a)～(f)の中から1つ選び、記号で答えなさい。

[選択肢]

- (a) ワクチンを接種して発症しなかった人がいることから、今回の接種は有効であったといえる。
- (b) ワクチンを接種しても発症した人がいることから、今回の接種は有効ではなかったといえる。
- (c) 発症者の中で接種者の人数が非接種者の人数よりも多いことから、ワクチン接種は有効ではなかったといえる。
- (d) 非発症者の中で接種者の人数が非接種者の人数よりも多いことから、ワクチン接種は有効であったといえる。
- (e) 接種者で発症した人の割合が非接種者で発症した人の割合よりも高いことから、ワクチン接種は有効ではなかったといえる。
- (f) 接種者で発症した人の割合が非接種者で発症した人の割合よりも低いことから、ワクチン接種は有効であったといえる。

問4 下線部③について、以下の2つの問いに答えなさい。

(1) ある抗インフルエンザ薬は、ウイルスが細胞外に発芽および放出する際に必要な酵素ノイラミニダーゼの働きを抑える化合物であり、酵素本来の基質となる分子の構造と類似している。このように基質に類似した構造をもつ化合物が、基質との共存下で酵素の活性部位に基質の代わりに結合し、本来の基質との酵素反応を阻害することを一般に何というか、その語句を書きなさい。

(2) 抗インフルエンザ薬が大量に使用され始めた2000年初頭、いくつかの耐性株が単離された。その中の1つの耐性株ではノイラミニダーゼの基質結合部位付近(270-280残基; 図4上; アミノ酸は3文字表記で示している)に1塩基の変異が入り、酵素が基質には結合できるが、薬剤は酵素に結合できなくなったことがわかった。この耐性株のノイラミニダーゼ遺伝子の基質結合部位付近の塩基配列をサンガー法により解析した電気泳動結果の一部を図4左に示す。図4右の遺伝暗号表を参考にして、耐性株ではノイラミニダーゼ遺伝子の何番目のアミノ酸に変異が生じたのか、変異部位のアミノ酸残基番号と、変異前および変異後のアミノ酸の名称を書きなさい。

基質結合部位(変異前): ---⁽²⁷⁰⁾ Ala-Pro-Asn-Tyr-His-Tyr-Glu-Glu-Cys-Ser-Cys⁽²⁸⁰⁾ ---

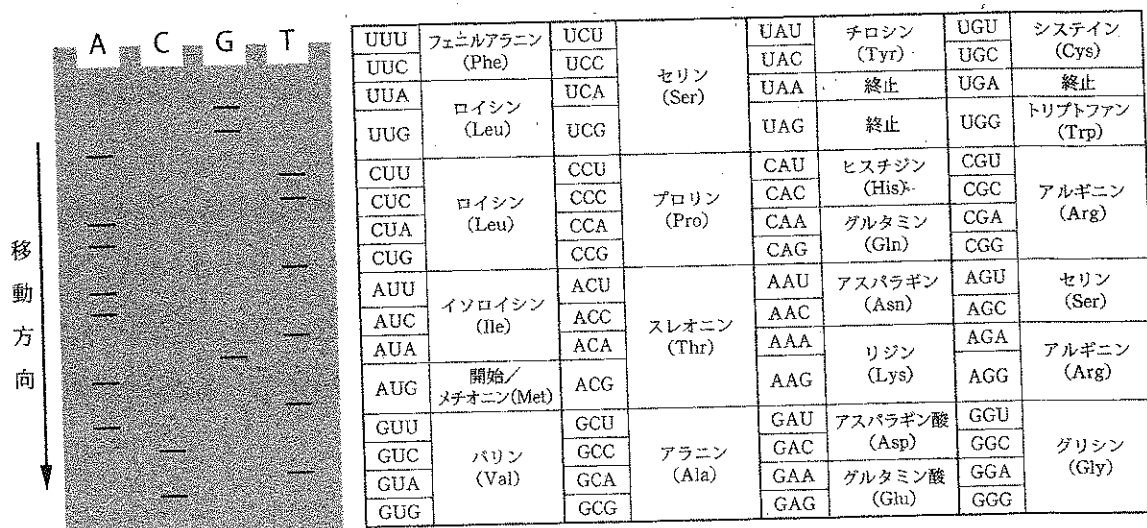


図4 ノイラミニダーゼの基質結合部位のアミノ酸配列(上),
ゲル電気泳動図(左), 遺伝暗号表(右)

〔Ⅲ〕以下の文章を読んで設問に答えなさい。

我々を取り巻く環境には様々な生物が存在しており、それら生物は環境からの影響を受けながら生活している。そして、場所によって環境は異なるため、^①その環境条件に適応した様々な生物の集団であるバイオーム (Biome) が成立している。生物学の世界では、ある研究対象にオーム (ome) という接尾語をつけて、その対象「全体」を指すことが多い。例えば、全ての遺伝情報を表すゲノム (Genome) という言葉は、遺伝子 (Gene) に全体を示す接尾語 (ome) を付けた造語である。他にも、タンパク質全体を表すプロテオーム (Protein + ome = Proteome) などがある。また、オミックス (omics) という接尾語をつけて、研究分野を表すこともある。例えば、ゲノミクス (Genomics) やプロテオミクス (Proteomics) がこれに相当する。

ある限られた環境に生存する微生物全体を「マイクロバイオーム」という。例えば、ヒトの口腔、胃、腸や皮膚などにはそれぞれ固有のマイクロバイオームが形成されている。そして、ヒトのマイクロバイオームを構成する微生物の種類や比率は、体の部位によって異なることがわかっている。なかでも^②大腸に生息するマイクロバイオームは、食事成分の代謝やヒトが生合成できないビタミンの生産など、ヒトの恒常性維持に不可欠な存在であることがわかってきた。このように、ヒトの腸内のマイクロバイオームには様々な特徴を持った微生物が存在しており、^③ヒトと共生関係にある微生物も存在すると考えられている。

2010年に出版された科学雑誌「Nature」に、フランスのロスコフ海洋生物研究所のチームによる海草の細胞壁の分解を行う酵素に関する論文が掲載された。この論文の著者は、^④紅藻類の細胞壁で見つかったポルフィランという化合物を分解する酵素の遺伝子を^⑤海洋細菌 *Zobellia galactanivorans* から見いだした。さらに、日本人の腸マイクロバイオームに生息する微生物 *Bacteroides plebeius* が、この遺伝子をもつことを明らかにした。しかし、北米に住むヒトのマイクロバイオームからは、ポルフィラン分解酵素の遺伝子をもつ微生物は見つからなかった。これらの事実から、過去のある時点で、*Z. galactanivorans* から *B. plebeius* にポルフィラン分解酵素をコードする^⑥遺伝子の移動 (水平伝搬) が起こったと考えられる。そして、海草を分解するという新しい能力を獲得した *B. plebeius* はいつしか日本人に広がり、日本人はこの微生物の働きにより日常的に食べる海草から栄養を得ることができるようになったと、この論文の著者は考えている。

問1 下線部①について、以下の2つの問いに答えなさい。

(1) バイオームを構成する生物種の中で、量的な割合が最も多いまたは広い面積を占め、そのバイオームの性格を決定づけるような種を一般に何というか、その語句を書きなさい。

(2) 陸上のバイオームは植生の違いによって森林や草原などに分けることができる。降水量の多い日本では森林が形成され、その特徴は主に気温で決定される。中部地方内陸から東北・北海道南部にかけての低地に分布し、ブナやミズナラなどによって形成されるバイオームを以下の選択肢(あ)～(か)の中から1つ選び、記号で答えなさい。

[選択肢]

- (あ) 熱帯多雨林 (い) 亜熱帯多雨林 (う) 雨緑樹林
(え) 硬葉樹林 (お) 夏緑樹林 (か) 針葉樹林

問2 下線部②について、次の文章を読んで、以下の2つの問いに答えなさい。

嫌気的な条件で生育可能な大腸菌は、好気的な条件でも生育することができる。また同じように、酵母も好気的な条件でも嫌気的な条件でもグルコースなどの有機物を分解してエネルギー貯蔵物質であるATPを生成することができる。グルコース($C_6H_{12}O_6$)をエネルギー源として酵母を培養する際に供給する酸素量を制限したところ、完全に好気呼吸を行う細胞(細胞X)と、酸素を使わずにアルコール発酵だけを行う細胞(細胞Y)とが、ある比率で混在したと仮定する。また、このとき生成するATP量は、XとYいずれの細胞においても、理論的な最大値と仮定する。このような条件で培養を行い生成する二酸化炭素量を定量したところ、培地に加えたグルコース4分子に対して12分子の二酸化炭素が生成していた。

(1) このときの細胞Xと細胞Yの比率を求め、数字で答えなさい。また、途中の計算式も書きなさい。

(2) この条件において、グルコース4分子から何分子のATPが生成するか、整数で答えなさい。

問3 下線部③について、以下の2つの問いに答えなさい。

- (1) 双方が利益を与えあって生活している関係を相利共生という。相利共生の例として、ダイズと根粒菌の関係がある。それぞれの生物が共生することによって得られる利益をそれぞれ2行以内で書きなさい。
- (2) 異種の生物が一緒に生活するものの、一方の生物にとっては利益であっても、他方の生物が不利益を被る場合がある。このような関係を一般に何というか、その語句を書きなさい。

問4 下線部④について、以下の2つの問いに答えなさい。

- (1) 植物以外で光合成を行う真核生物を一般に藻類と呼び、紅藻類はこれに属する。以下の選択肢(あ)～(く)の中から紅藻類に属する生物を2つ選び、記号で答えなさい。

[選択肢]

- (あ) アサクサノリ (い) アオサ (う) ワカメ (え) シャジクモ
(お) テングサ (か) コンブ (き) クロレラ (く) ボルボックス

- (2) 全ての藻類は光合成色素を持っているが、その種類は藻類によって異なることがわかっている。藻類だけではなく、植物界にも共通して見られる主色素を以下の選択肢(あ)～(か)の中から1つ選び、記号で答えなさい。

[選択肢]

- (あ) フィコビリル (い) クロロフィルa (う) クロロフィルb
(え) ルテイン (お) カロテン (か) キサントフィル

問5 下線部⑤に関する次の文章の空欄「あ」～「え」にあてはまる語句を書きなさい。

Zobellia galactanivorans は学名であり、*Zobellia* が属名、*galactanivorans* が「あ」名である。このような命名法はリンネによって提唱されたものであり、「い」法と呼ばれる。また、後に、ウーズは生物の分類においてドメインを設定した。そして、全生物を細菌ドメイン、「う」ドメイン、真核生物ドメインの3つに分けることを提唱した。細菌ドメインや「う」ドメインの中には硫黄や水素の無機物からエネルギーを得て、炭酸同化を行うものがある。これらは一般に、「え」細菌と呼ばれ、硝化菌もこのグループに含まれる。

問6 下線部⑥について、以下の2つの問いに答えなさい。

(1) 自然界で遺伝子が移動したと考えられる他の例として、細胞小器官のミトコンドリアが挙げられる。アメリカのマーグリスらによってまとめられた学説では、ミトコンドリアは好気性細菌である α -プロテオバクテリアが真核細胞に取り込まれたものと考えられている。この学説の名称を書きなさい。

(2) この学説において、ミトコンドリアが外部から真核細胞内に取り込まれたと考えられている根拠となる事実を2つ挙げ、それぞれ2行以内で書きなさい。

