

令和 7 年度 九州大学大学院生物資源環境科学府
修士課程一般入試問題

科 目 名：専門科目
専 攻：生命機能科学
教育コース：システム生物学
研 究 分 野：遺伝子制御学

注意

1. 「解答はじめ」の合図があるまで問題用紙を開いてはいけません。
2. 問題用紙は 4 枚（表紙を含む）あります。試験開始後、まずすべての用紙がそろっていることを確認しなさい。
3. 解答のスペースが足りないときには、裏を使用しなさい。

第一志望研究分野	受験番号（自筆）
遺伝子制御学	

問題 1. 原核生物と真核生物は、転写調節因子（活性化因子と抑制因子）を使って遺伝子の発現を制御している。原核生物と真核生物のそれぞれにおける遺伝子の転写機構について、以下の問いに答えよ。

問 1. 原核生物におけるトリプトファン生合成酵素群の発現制御機構を以下の語句を用いて 300～400 字程度で説明せよ。図示しても構わない。

（語句）プロモーター、オペレーター、オペロン、転写調節因子、転写抑制因子（リプレッサー）、RNA ポリメラーゼ、アロステリックタンパク

問 2. 真核生物では、原核生物と異なり、転写活性化因子がプロモーターから離れたところに結合しても転写を促進できる。これまでに幾つかの転写機構が提案されているが、転写開始複合体を直接的に制御する場合の転写機構について、以下の語句を用いて 300～400 字程度で説明せよ。図示しても構わない。

（語句）エンハンサー、プロモーター、TATA ボックス、転写活性化因子（アクチベーター）、基本転写因子、介在因子、RNA ポリメラーゼ、ループ構造

解答は以下に記述（足りない場合は裏面を使用すること）

第一志望研究分野	受験番号（自筆）
遺伝子制御学	

問題 2. 現在、様々な生物についてのゲノム配列が次世代シーケンサーを用いて次々に解読されている。

問 1. 以下の表は、ゲノム解読された生物名とゲノムサイズ（塩基対）、タンパク質指令遺伝子の数をまとめたものである。この表に記載されている生物を原核生物と真核生物に分け、それらのゲノム構造と遺伝子構造の違いについて、以下の語句を用いて 300 字程度で説明せよ。

生物名	ゲノムサイズ（塩基対）	タンパク質指令 遺伝子の数
<i>Homo sapiens</i> （ヒト）	$3,200 \times 10^6$	19,000
<i>Mus musculus</i> （マウス）	$2,800 \times 10^6$	22,000
<i>Arabidopsis thaliana</i> （シロイヌナズナ）	103×10^6	28,000
<i>Saccharomyces cerevisiae</i> （出芽酵母）	12.5×10^6	6,600
<i>Escherichia coli</i> （大腸菌）	4.6×10^6	4,300

（引用）Essential 細胞生物学 原著第 5 版

（語句）環状、線状、菌類、動物、植物、ジャンク DNA、クロマチン

問 2. ゲノム配列を解読した後、遺伝子の位置を予測するための解析が行われるが、原核生物と真核生物では方法が異なる。その方法の違いを以下の語句を用いて 300 字程度で説明せよ。また、真核生物では、次世代シーケンサーを用いて転写産物をシーケンスした RNA-Seq データが遺伝子予測に有効である。その理由も述べよ。

（語句）開始コドン、終止コドン、ATG、TAA、TAG、TGA、開いた読み枠、エキソン、イントロン、スプライイス

解答は以下に記述（足りない場合は裏面を使用すること）

第一志望研究分野	受験番号（自筆）
遺伝子制御学	

問題 3. 生物は DNA 塩基配列を正確に複製し，修復できる精巧な機構を持っているにも関わらず，細胞が分裂するたびにゲノムの塩基対は，頻度が低いが変化することがある．単一塩基対が変化する点変異が生物で生じた場合，生物に対して影響が無い場合と大きな影響を与える場合がある．この点変異が遺伝子機能におよぼす影響について，以下の語句を用いて 300 字程度で述べよ．

（語句）中立変異，エキソン，コドン，アミノ酸，調節 DNA

解答は以下に記述（足りない場合は裏面を使用すること）

令和 7 年度 九州大学大学院生物資源環境科学府
修士課程一般入試問題

科 目 名：専門科目
専 攻：生命機能科学
教育コース：システム生物学
研 究 分 野：遺伝子制御学

注意

1. 「解答はじめ」の合図があるまで問題用紙を開いてはいけません。
2. 問題用紙は 4 枚（表紙を含む）あります。試験開始後、まずすべての用紙がそろっていることを確認しなさい。
3. 解答のスペースが足りないときには、裏を使用しなさい。

第一志望研究分野	受験番号（自筆）
遺伝子制御学	

問題 1. 原核生物と真核生物は、転写調節因子（活性化因子と抑制因子）を使って遺伝子の発現を制御している。原核生物と真核生物のそれぞれにおける遺伝子の転写機構について、以下の問いに答えよ。

問 1. 原核生物におけるトリプトファン生合成酵素群の発現制御機構を以下の語句を用いて 300～400 字程度で説明せよ。図示しても構わない。

（語句）プロモーター、オペレーター、オペロン、転写調節因子、転写抑制因子（リプレッサー）、RNA ポリメラーゼ、アロステリックタンパク

【解答例】

原核生物のゲノム配列上にコードされた遺伝子上流に位置するプロモーターの中に存在するオペレーターに転写抑制因子（リプレッサー）である転写調節因子が結合すると、RNA ポリメラーゼのプロモーターへの結合が妨げられる。これによって、オペロンの転写が阻害され、トリプトファンが合成されなくなる。リプレッサーはアロステリックタンパクであり、トリプトファンが結合すると立体構造が微妙に変化してオペレーター配列に結合できるようになる。トリプトファン濃度が下がるとリプレッサーは DNA に結合できなくなり、トリプトファンオペロンが転写されるようになる。トリプトファンリプレッサーは細胞内に常に存在しており、細胞内で低濃度ながら転写され、少量のリプレッサータンパク質が絶えず作られている。これにより、細菌は環境変化に素早く応答できる。

問 2. 真核生物では、原核生物と異なり、転写活性化因子がプロモーターから離れたところに結合しても転写を促進できる。これまでに幾つかの転写機構が提案されているが、転写開始複合体を直接的に制御する場合の転写機構について、以下の語句を用いて 300～400 字程度で説明せよ。図示しても構わない。

（語句）エンハンサー、プロモーター、TATA ボックス、転写活性化因子（アクチベーター）、基本転写因子、介在因子、RNA ポリメラーゼ、ループ構造

【解答例】

ゲノム配列上にコードされている遺伝子上流に位置するエンハンサーに結合した転写活性化因子によって、RNA ポリメラーゼと転写基本因子がプロモーター上の TATA ボックスを認識・結合し、転写開始複合体が形成される。これにより DNA がループ構造を形成し、転写活性化因子（アクチベーター）が介在因子と結合し、基本転写因子と接触することで、転写が開始される。

解答は以下に記述（足りない場合は裏面を使用すること）

第一志望研究分野	受験番号（自筆）
遺伝子制御学	

問題 2. 現在、様々な生物についてのゲノム配列が次世代シーケンサーを用いて次々に解読されている。

問 1. 以下の表は、ゲノム解読された生物名とゲノムサイズ（塩基対）、タンパク質指令遺伝子の数をまとめたものである。この表に記載されている生物を原核生物と真核生物に分け、それらのゲノム構造と遺伝子構造の違いについて、以下の語句を用いて 300 字程度で説明せよ。

生物名	ゲノムサイズ（塩基対）	タンパク質指令 遺伝子の数
<i>Homo sapiens</i> （ヒト）	$3,200 \times 10^6$	19,000
<i>Mus musculus</i> （マウス）	$2,800 \times 10^6$	22,000
<i>Arabidopsis thaliana</i> （シロイヌナズナ）	103×10^6	28,000
<i>Saccharomyces cerevisiae</i> （出芽酵母）	12.5×10^6	6,600
<i>Escherichia coli</i> （大腸菌）	4.6×10^6	4,300

（引用）Essential 細胞生物学 原著第 5 版

（語句）環状，線状，菌類，動物，植物，ジャンク DNA，クロマチン

【解答例】

大腸菌は原核生物，ヒト，マウス，シロイヌナズナ，出芽酵母は真核生物である。原核生物のゲノム構造は環状二重鎖 DNA 分子 1 個が 4,300 個の遺伝子を含んでおり，簡素な構造で遺伝子が密になっている。一方，真核生物のゲノム構造は，1 本の非常に長い線状の DNA 分子とタンパク質であるヒストンが結合しクロマチンと呼ばれる複合体を形成しており，核の中に収められている。真核生物では，遺伝子の他にジャンク DNA が大量に含まれており，それによってゲノムサイズが大きくなっている。菌類である出芽酵母は，動物であるヒトやマウス，植物であるシロイヌナズナよりもゲノムサイズは小さく，遺伝子数も少ない。また，動物と植物の間では遺伝子数はそれほど変わらない。

問 2. ゲノム配列を解読した後，遺伝子の位置を予測するための解析が行われるが，原核生物と真核生物では方法が異なる。その方法の違いを以下の語句を用いて 300 字程度で説明せよ。また，真核生物では，次世代シーケンサーを用いて転写産物をシーケンスした RNA-Seq データが遺伝子予測に有効である。その理由も述べよ。

（語句）開始コドン，終止コドン，ATG，TAA，TAG，TGA，開いた読み枠，エキソン，イントロン，スプラ

【解答例】

原核生物の場合は、イントロンが無い場合、開始コドン(ATG)から終止コドン (TAA, TAG,TGA) までを開いた読み枠として探し、その中から遺伝子候補を同定する。一方、真核生物の場合は、エキソンとイントロンの境界に存在するスプライス配列、遺伝子調節配列、他の生物の翻訳配列との保存性、といった特徴を元に遺伝子を予測する。このように真核生物では遺伝子構造が複雑であるため、予測が難しい。次世代シーケンサーから得られる RNA-Seq データは、スプライシングを受け、エキソンが明確になっているため、遺伝子の位置を正しく推定するために用いられることが多い。

解答は以下に記述（足りない場合は裏面を使用すること）

第一志望研究分野	受験番号（自筆）
遺伝子制御学	

問題 3. 生物は DNA 塩基配列を正確に複製し、修復できる精巧な機構を持っているにも関わらず、細胞が分裂するたびにゲノムの塩基対は、頻度が低いに変化することがある。単一塩基対が変化する点変異が生物で生じた場合、生物に対して影響が無い場合と大きな影響を与える場合がある。この点変異が遺伝子機能におよぼす影響について、以下の語句を用いて 300 字程度で述べよ。

（語句）中立変異，エキソン，コドン，アミノ酸，調節 DNA

【解答例】

点変異はゲノムの全体に渡ってあちこちに生じるが、生物の見かけや生育能、生殖能力に全く影響しない中立変異があり、この場合、エキソン内に中立変異が生じててもコドンの 3 番目の変化で指定するアミノ酸が変わらない場合や変化したアミノ酸配列の性質がよく似ており、タンパク質の機能に影響を及ぼさない。点変異がエキソン上に生じることでアミノ酸配列の性質が変化した場合、もしくは、点変異によって停止コドンに変化した場合、翻訳されるアミノ酸配列が短くなり、折りたたまれたタンパク質の立体構造が変化するため、タンパク質の機能に大きな影響を及ぼす。調節 DNA における点変異はタンパク質の生産に影響するため、生物に多大な影響を及ぼす可能性がある。

解答は以下に記述（足りない場合は裏面を使用すること）

令和7年度 九州大学大学院生物資源環境科学府
修士課程一般入試問題

出題意図

科 目 名：専門科目

専 攻：生命機能科学

教育コース：システム生物工学

研究分野：遺伝子制御学

問 1 遺伝子制御学分野で研究するために必要な基礎的な知識として、原核生物と真核生物間の遺伝子発現の制御機構の違いについて理解しているかを問う。

問 2 遺伝子制御学分野で研究するために必要な基礎的な知識として、原核生物と真核生物間のゲノム構造と遺伝子構造の違いについて理解しているかを問う。

問 3 遺伝子制御学分野で研究するために必要な基礎的な知識として、ゲノム塩基配列の点変異が遺伝子の機能や表現型に対して与える影響について理解しているかを問う。