

解答例・略解

[1]

(1) のみ解答例を示す。(1) **テイラー展開**

テイラー展開は、ある関数を特定の点を中心に無限級数で近似する方法。関数が十分に滑らかであれば、関数の値やその点での導関数を用いて、関数の挙動を多項式として表現できる。微分方程式の固定点のまわりの振る舞いは低次の多項式近似の解析で定性的な振る舞いがわかる。具体的には、関数のテイラー級数は次のように表される：

$$f(a+x) = f(a) + f'(a)x + f''(a)/2!x^2 + \dots$$

[2]

問題 1

(1) $f'(x) = \tan x, f''(x) = \frac{1}{\cos^2 x}$

(2) 解答略

(3) $x^2 + (y-1)^2 = 1$

問題 2

(1) $P_0(x) = 1, P_1(x) = x, P_2(x) = \frac{3}{2}x^2 - \frac{1}{2}, P_3(x) = \frac{5}{2}x^3 - \frac{3}{2}x$

(2) すべての異なる n, m の組に対して計算を行い、値が 0 であることを示す。

(3) $a_0 = \frac{\int_{-1}^1 f(x)P_0(x)dx}{\int_{-1}^1 P_0(x)P_0(x)dx} = \frac{\int_{-1}^1 (x^3+x^2+x+1)dx}{2} = \frac{4}{3}$

問題 3

(1) $\tan \frac{\theta}{2} = \frac{\sin \frac{\theta}{2}}{\cos \frac{\theta}{2}} \therefore \sin \frac{\theta}{2} = \tan \frac{\theta}{2} \cdot \cos \frac{\theta}{2}$ また $\sin^2 \frac{\theta}{2} + \cos^2 \frac{\theta}{2} = 1$

$$\therefore \tan^2 \frac{\theta}{2} + 1 = \frac{1}{\cos^2 \frac{\theta}{2}}$$

$$\therefore \cos^2 \frac{\theta}{2} = \frac{1}{1+x^2}$$

$$\sin \theta = 2 \sin \frac{\theta}{2} \cos \frac{\theta}{2} = 2 \tan \frac{\theta}{2} \cdot \cos^2 \frac{\theta}{2} = \frac{2x}{1+x^2}$$

$$\cos \frac{\theta}{2} = \sqrt{1 - \sin^2 \theta} = \frac{1-x^2}{1+x^2}$$

(2) $\int_0^1 \frac{1}{1+x^2} dx - \int_0^1 \frac{x}{1+x^2} dx = \frac{\pi}{4} - \frac{1}{2} \ln 2$

[3]

問題 1

(1)

	女性	男性
前期課程	131.25	189.75
後期課程	43.75	63.25

(2) $(2-1)^2 = 1$

問題 2

(1) 植物密度によって種子重量をよく説明できる。

(2) $10554/12259 = 0.86$

(3) ③回帰係数と相関係数は正負が一致するため。

問題 3

解答例を 1 つ示す。

解答例・略解

- ほかとくらべてより公正、より不公正と思う場面設定はあるのか。
- 質問1～5と、公正不公正の回答比率は独立である。
- 「質問1／2／3／4／5」を行、「公正回答数／不公正回答数」を列としたクロス集計表に対して、自由度4のカイ二乗独立性検定を行う。

[4]

問題1

隠れマルコフモデル (Hidden Markov Model, HMM) は、観測できない隠れ状態 S_1, S_2, \dots, S_N と、それに基づいて観測されるデータ O_1, O_2, \dots, O_T を確率的にモデル化する手法です。HMM は、隠れ状態間の遷移確率 $P(S_t|S_{t-1})$ と、各状態から観測されるデータの確率分布 $P(O_t|S_t)$ に基づきます。

HMM は、以下の要素から構成されます：

- 隠れ状態 $S = \{S_1, S_2, \dots, S_N\}$
- 状態遷移確率 $A = \{a_{ij}\}$ 、これは状態 i から j への遷移確率を示します。
- 出力確率 $B = \{b_i(o)\}$ 、は状態 i で観測データ o を観測する確率を表します。

HMM は音声認識や自然言語処理、バイオインフォマティクスなどで広く利用され、状態推定や最適な状態遷移予測に用いられます。

問題2

- (1) x_1 と x_3 を選んで満足度合計 130 となる。
- (2) $D[i][j] = \max(D[i-1][j], D[i-1][j-p_i/100] + s_i)$.
- (3) Python の擬似コードを示す：

```
i=0
for j=0, ..., U:
    D[i][j]=0
for i=1, ..., n:
    for j=0, ..., U:
        if p_i/100 > j:
            D[i][j] = D[i-1][j]
        else:
            D[i][j] = max(D[i-1][j], D[i-1][j-p_i/100] + s_i)
return D[n][U]
```

- (4) まず、(3) のプログラムにおいて、各 $D[i][j]$ の最大値の元となった要素 $(i-1, j)$ または $(i-1, j-p_i/100)$ を記録する配列を用意する。次に、 $D[n][U]$ の元となった要素を辿っていき、選んだ品物を復元する。

問題3

- (1) 求める尤度関数は以下の通り：

$$L(p_1, p_2, \dots, p_6 | c_1, c_2, \dots, c_6) = \prod_{i=1}^6 \binom{n}{c_i} p_i^{c_i} (1-p_i)^{n-c_i}$$

- (2) (1) の尤度関数に対してラグランジュの未定乗数法を適用する。解は次となる： $\hat{p}_i = \frac{c_i}{n}$.
- (3) 出目 i の回数 c_i は二項分布に従うので、その確率 p_i の推定値は二項分布の平均に基づく $\hat{p} = c/n$ (以下、添字 i を省略) である。

$$Z = \frac{c - np}{\sqrt{np(1-p)}} = \frac{c/n - p}{\sqrt{p(1-p)/n}} \quad (1)$$

は n が十分に大きいと標準正規分布に従い、 $\hat{p} = c/n$ は近似的に

$$\hat{p} \sim N\left(p, \frac{p(1-p)}{n}\right) \quad (2)$$

に従う。標準正規分布の上側 $\alpha/2$ 点を $z_{1-\alpha/2}$ とすると (例えば $\alpha = 0.05$ のとき $z_{0.975} = 1.96$),

$$-z_{1-\alpha/2} \leq \frac{\hat{p} - p}{\sqrt{p(1-p)/n}} \leq z_{1-\alpha/2} \quad (3)$$

解答例・略解

が成り立つ。

\hat{p} は p の一致推定量であり、 n が大きいとき p に近いと考えられるので、分母の p を \hat{p} に置き換える。その結果、両側 $100(1 - \alpha)\%$ 信頼区間は

$$\hat{p} - z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{\hat{p}(1-\hat{p})}{n}} \leq p \leq \hat{p} + z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{\hat{p}(1-\hat{p})}{n}}. \quad (4)$$

[5]

問題 1

- (1) $\dot{x} = x(x-1)(x+1)$
- (2) $\dot{x} = x^2(x-1)^2$
- (3) $\dot{x} = \sin x$
- (4) $\dot{x} = r - x^2, r = 0$
- (5) $\dot{x} = (x^2 + r)(x+1)(x-1), r = 0$

問題 2

- (1) $a + b, \begin{bmatrix} 1 \\ -1 \end{bmatrix}, a - b, \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \end{bmatrix}$ (2) $y = x$ を満たす (x, y) (3) $y > x$ を満たす (x, y)

問題 3

- (1) $h = H/(rK), a = A/K$
 - (2) $x^* = 0, 1$
 - (3) (略解)
- $a \leq 1$ かつ $h \leq \left(\frac{1+a}{2}\right)^2 4$ 、または、 $a > 1$ かつ $h < a$

[6]

問題 1

mRNA の遺伝情報を読み取り、アミノ酸を結合させてタンパク質を合成する役割を果たしている。

問題 2

16S rRNA 遺伝子は、細菌や古細菌に共通して存在するタンパク質合成に不可欠な遺伝子である。保存領域と多型領域が交互に存在することから、PCR プライマーを多型領域を挟むように保存領域に設定することで、多くの細菌や古細菌に対して、共通のプライマーを用いて PCR 増幅を行うことができる。多型領域の塩基配列をもとに、データベースと照合することで、どのような種が含まれているかを調べることができる。以上の理由により、16S rRNA 遺伝子は細菌叢の多様性の研究に用いられている。

問題 3

以下の試薬および試料が必要である。

- 鋳型 DNA (PCR 産物、ゲノム、RNA の逆転写産物などでも可能) : PCR の鋳型 DNA として働く
- フォワードプライマー : PCR の起点 (または終点) を指定する働き。
- リバースプライマー : PCR の終点 (または起点) を指定する働き。
- ポリメラーゼ : ヌクレオチドを重合していく働きをする酵素
- dNTP : DNA 鎖の基本単位である 4 種類のヌクレオチド、dATP, dGTP, dTTP, dCTP が含まれている。各ヌクレオチドは、糖、塩基、リン酸基部分からなる。
- Mg²⁺(optional) : DNA ポリメラーゼとヌクレオチドとの結合の促進、アニーリングの安定性の向上に役立つ。

解答例・略解

- PCR buffer (optional) : PCR 反応液の pH を一定に保ち、プライマーと鋳型 DNA の結合を最適化するなど、安定した PCR 増幅を維持する。

問題 4

プライマーが合わない細菌や古細菌は検出されない。多型領域の配列が似ている種は区別できない。データベースに登録されていない種は同定することができない等。

問題 5

目的：電子レンジと冷蔵庫環境中のメタゲノムを対象とし、電磁波や低温環境の影響により細菌叢が変化するかを調べる。

- 電子レンジおよび冷蔵庫の庫内を綿棒で拭き取り、メタゲノムを抽出する。
- メタゲノムを鋳型として、16S rRNA を対象として PCR 増幅を行う。
- 増幅された PCR 産物の塩基配列決定を行い、細菌や古細菌の 16S rRNA 登録データベースと照合し、細菌の種などを分類し、電子レンジと冷蔵庫の細菌叢の比較を行う。

[7]

問題 1

(1) イ (2) ウ (3) 粗面小胞体はリボソームが付着しタンパク質の合成を行うが、滑面小胞体は脂質の合成や薬物代謝を主に行う。(4) ア、ウ、オ

問題 2

(1) 伸長速度 = (on-rate \times [G-アクチン]) - off-rate = $11 \mu\text{M}^{-1}\text{s}^{-1} \times 5 \mu\text{M} - 1.4 \text{s}^{-1} = 55 - 1.4 = 53.6$ サブユニット/s (2) 膜突出速度 = $53.6 \text{ サブユニット/s} \times 2.7 \text{ nm/サブユニット} = 144.72 \text{ nm/s}$

問題 3

(1) 細胞質中での不要な分解を防ぎ、細胞成分への損傷を防ぐため。(2) 中性付近では酵素活性が極めて低く抑えられているという安全装置的性質。(3) 酵素 X に GFP などの蛍光タンパク質を融合させ、蛍光顕微鏡で観察する方法。(4) ミカエリス・メンテン式より、 $K_m = \frac{V_{max}[S]}{V} - [S] = \frac{10 \times 1}{4} - 1 = 1.5 \text{ mM}$

問題 4

(1) 位相差顕微鏡。生細胞を染色せず、内部構造の動態を観察可能なため。(2) 電子顕微鏡。光学顕微鏡より分解能が高く、詳細な微細構造を観察できるため。(3) 蛍光物質が励起光で繰り返し照射されることで退色し、蛍光強度が低下するため。