

問題 11 (物理学)

両端に質量 m のおもりがついた長さ $2r$ で質量の無視できる固定されていない剛体棒が、角速度 ω_1 で時計と反対方向に xy 平面内を原点を中心に回転している(図1)。おもりのついた剛体棒の質量中心は原点にある。 z 軸は紙面に垂直な方向とする。重力の影響はない。

問1) おもりのついた剛体棒の z 軸に対する慣性モーメントを求めよ。

問2) おもりのついた剛体棒のもつ力学的エネルギーを求めよ。

次に、おもりのついた剛体棒が x 軸となす角 θ の時、速度 V で x 軸と平行に等速運動する質量 $2m$ の物体と剛体棒のおもりのひとつが衝突した(図2)。衝突後、物体はおもりと一体となり角速度 ω_2 で回転運動した。

問3) 衝突直後の、おもりのついた剛体棒の質量中心の座標を求めよ。また衝突後 t 時間経過後の質量中心の座標を求めよ。

問4) おもりのついた剛体棒の質量中心の座標をとおり z 軸に平行な軸に対する剛体棒の慣性モーメントを求めよ。

問5) 角速度 ω_2 を求めよ。

問6) 衝突の際に失われた力学的エネルギーを求めよ。

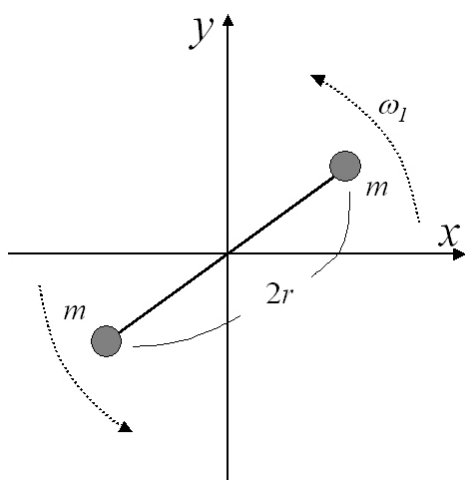


図1

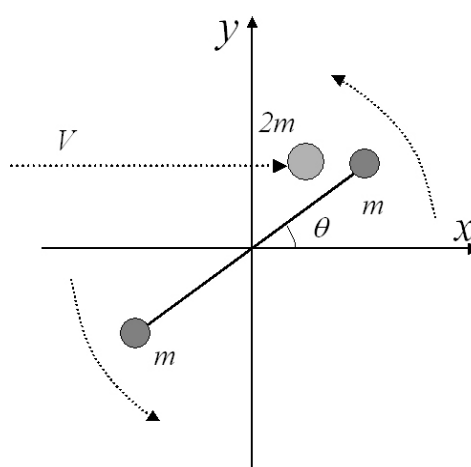
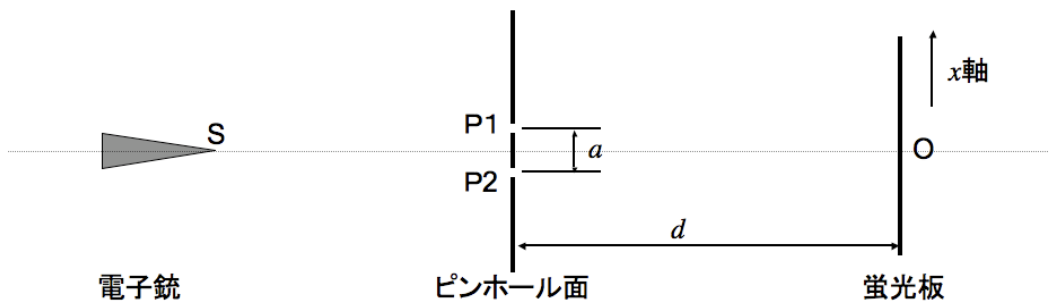


図2

問題 12 (物理学)

電子は波としての性質も持つ。この波動性を端的に示す以下のような実験を考える。これと等価な実験が実際に行われ、電子の波動性は直接的に示された。電子は点源 S から放出され、二つのピンホール ($P1$, $P2$) を通過し、蛍光板にぶつかって発光する。 S と $P1$, S と $P2$ の距離は等しく、ピンホール面と蛍光板は平行である。ピンホールの間隔を a , ピンホール面と蛍光板の距離を d , 電子線の波長を λ とする。 S , $P1$, $P2$ が為す平面と蛍光板の交線に x 軸をとり、 x 軸上の $P1$, $P2$ と等距離にある点を原点とする。



問1) 蛍光板面の x 軸上での電子分布 $|\Psi(x)|^2$ を求めよ。ここで、 $\Psi(x)$ は x 軸上における電子の波動関数である。ピンホールが一つの場合、ピンホールを通過した電子の波動関数は球面波

$$\frac{e^{ikr}}{r} \quad \text{ただし、} \quad k = \frac{2\pi}{\lambda}$$

として表せるものとする。 r はピンホールからの距離である。 $d \gg a, d \gg x$ とし、

$$\left(\frac{a}{d}\right)^2 \cong 0, \left(\frac{x}{d}\right)^2 \cong 0$$

とみなして良いものとする。また、波動関数の規格化は考えなくて良い。

問2) 問1の結果をみればわかるように、蛍光板上には干渉縞が発生する。この干渉縞の間隔が 37 nm , $a = 0.10 \text{ mm}$, $d = 1.0 \text{ m}$ であるとするとき、電子線の波長を求めよ。

問3) 電子の粒子性と波動性の二重性は量子力学以前の物理学(古典力学、電磁気学、相対性理論)では説明できないことである。同様に、量子力学以前の物理学では説明できず、量子力学によって初めて説明できる現象の一つあげ、その現象が量子力学以前の物理学では説明できない理由を簡潔に述べよ。

問題 13 (物理学)

タンパク質のX線結晶解析に関する次の文章を読み、以下の問いに答えなさい。

X線結晶解析は低分子だけでなくタンパク質など生体高分子の構造も原子レベルで解くことを可能にする強力な手法である。タンパク質のX線結晶解析では、まず目的のタンパク質を大量に精製して結晶化することが必要である。タンパク質を結晶化するには、タンパク質溶液に塩やポリエチレングリコール、あるいは有機溶媒、などの沈殿剤を含む結晶化母液を加えてタンパク質の溶解度を低下させ、結晶の析出を待つのが一般的である。結晶が得られたら、X線回折データ収集に先立って、(1) 結晶が塩の結晶でなく、目的のタンパク質の結晶であることを確認しておくのが望ましい。

(2) 結晶にある角度でX線が入射したときに、どの方向に回折X線が観測されるかを理解するには、ブラッグ反射の考え方(ブラッグの法則)が便利である(図1)。結晶構造解析の第1段階として、X線回折パターンに基づいて、結晶の単位格子のパラメータ(軸長、軸間角)ならびに(3)空間群を決定し、各反射がそれぞれどのミラー指数に対応するかを明らかにすること(指数付け)がまずは必要である。結晶構造を解くためには、指数付けをした上で、さらに回折X線の「振幅」と「位相」の定量的な解析が必要である。

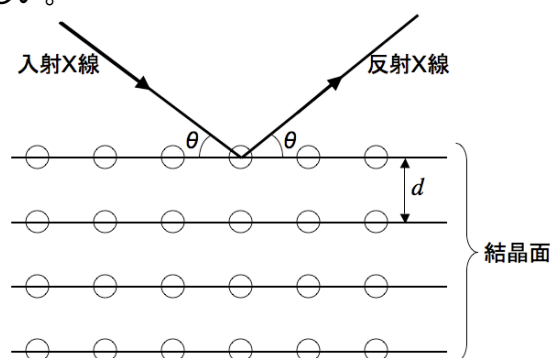


図1 ブラッグ反射

結晶の分率座標(単位格子の各軸長を1とした座標)を xyz として、結晶の電子密度分布関数を $\rho(xyz)$ とあらわすと、ミラー指数 hkl の結晶面による反射X線の強度 $I(hkl)$ は、次式であらわされる構造因子 $F(hkl)$ の振幅の二乗に比例する(V は単位格子の体積である)。

$$F(hkl) = V \int_0^1 \int_0^1 \int_0^1 \rho(xyz) \exp[2\pi i(hx + ky + lz)] dx dy dz \quad \dots \textcircled{1}$$

回折X線の強度測定により、構造因子 $F(hkl)$ の振幅の値はただちに求まる。構造因子 $F(hkl)$ の位相角が重原子同型置換法などの手法で求まると、(4) 構造因子 $F(hkl)$ の振幅と位相の値を使って、タンパク質結晶の電子密度マップを計算することができる。

問1) 下線部(1)のためにはどのような実験をすればよいか。

問2) 下線部(2)に関連して、図1のように、あるミラー指数に対応する結晶面の面間隔を d とし、波長 λ のX線を、この結晶面に対し θ の角度で入射させたとき、(結晶中に無数に平行に存在する)このミラー指数の結晶面からの反射X線が互いに同位相で強め合うためには、 λ 、 d 、 θ の間にどのような関係式が成り立てばよいか。

問3) 下線部(3)に関連して、以下の対称性のうち、タンパク質の結晶にありえない対称性(ひとつとは限らない)はどれか、理由をつけて答えなさい。

- (a) 並進対称、(b) 回転対称、(c) 反転対称、(d) らせん対称、(e) 鏡映対称

(問題文は次頁に続く。)

問4) 下線部(4)の計算をするための数式を導出してみよう。

(1) まず、準備として、定積分

$$\int_0^1 \exp[2\pi i(h+h')x] dx \quad (h, h' \text{は整数})$$

の値を、 $h+h'=0$ の場合と、 $h+h' \neq 0$ の場合、の2つの場合にわけて、求めなさい。必要であれば、以下の公式を利用してよい。

$$e^{i\theta} = \cos \theta + i \sin \theta \quad (\text{オイラーの公式})$$

$$\int \cos \theta d\theta = \sin \theta + C \quad (C \text{は積分定数})$$

$$\int \sin \theta d\theta = -\cos \theta + C \quad (C \text{は積分定数})$$

(2) 次に、結晶の中では分子が規則正しく並んでいることから、結晶構造が「周期関数」であることに着目して、フーリエ級数展開の考え方を導入しよう。

結晶の電子密度分布関数 $\rho(xyz)$ は、結晶の単位格子と同じ周期をもつ3次元の周期関数であるので、さしあたりフーリエ係数を未定係数 $c(h'k'l')$ として、

$$\rho(xyz) = \sum_{h'} \sum_{k'} \sum_{l'} c(h'k'l') \exp[2\pi i(h'x + k'y + l'z)] \quad \dots \textcircled{2}$$

のように $\rho(xyz)$ をフーリエ級数に展開できるはずである (xyz は結晶の分率座標)。②式の未定係数 $c(h'k'l')$ を構造因子を用いてあらわすことができれば、②式は下線部(4)の計算をするために使えることになる。そこで、②式を①式に代入し、前問の結果を利用して、未定係数 $c(h'k'l')$ と構造因子の関係を求め、 $\rho(xyz)$ を構造因子 $F(hkl)$ から計算する式を導出しなさい。

問題 14 (物理学)

ショウジョウバエの初期発生期において、前後軸方向の位置の決定は、主に母性遺伝子産物の濃度勾配によることがわかっている。たとえば、bicoid 遺伝子の mRNA は、前部の膜付近に局在し、そこから翻訳される bicoid タンパク質が拡散によって濃度勾配を作り、各部位の位置情報は bicoid タンパク質の濃度により決定されていると考えられている。拡散により、実際にどのような濃度勾配ができるかを、数理モデル化とシミュレーションによって検証する。

bicoid タンパク質の濃度を表す変数を b 、bicoid タンパク質の拡散係数を D 、bicoid タンパク質の自然分解の速度定数を S 、前端部領域の bicoid の mRNA の濃度を M 、mRNA からタンパク質の翻訳効率を P とする。 $(D, S, P$ は、胚の部位や、時間によって変化しないとする。前端部の mRNA の濃度 M も時間によらない。(それ以外の部分では 0))

問 1) bicoid タンパク質の濃度変化を偏微分方程式で書き表せ。(胚の前後軸方向の位置を x とする)

前端部領域 $\frac{\partial b}{\partial t} =$

前端部以外の領域 $\frac{\partial b}{\partial t} =$

問 2) 胚の前後軸方向(長さ= L)を 100 の微小区画に分け、一番前側の区画のみ mRNA を含むと仮定する。この条件で、胚全体の濃度変化を計算するシミュレーションを行う。 \textcircled{A} 、 $\textcircled{1}$ 、 \textcircled{U} 、 \textcircled{E} の空欄を埋めて、以下の書きかけのプログラムを完成させよ。ただし、 L 及び、問 1 で述べた D, S, P, M は定義済みであり、プログラム中で使用して良い。また、下のプログラムは BASIC になっているが、他の言語の書き方になっていても可。

<初期設定部分>

LET dt=0.01 (dt は計算の時間区切り)

LET dx= \textcircled{A} (dx は微小区間の長さ)

DIM b(1 to 100), b_diff(1 to 100) (配列の宣言)

(b_diff は x による b の 2 回微分)

FOR n=1 to 100

LET b(n)=0, b_diff(n)=0

NEXT n

<計算部分>

DO

<bの2回微分の計算>

LET b_diff(1) = (-b(1)+b(2))/dx^2

FOR n=2 TO 99

LET b_diff(n) = ㊦

NEXT n

LET b_diff(100) = (b(99)-b(100))/dx^2

<前端部におけるbの増減の計算>

LET b(1) = ㊧

<その他の部分におけるbの増減の計算>

FOR n=2 to 100

LET b(n) = ㊨

NEXT n

<計算の出力部分（省略）>

LOOP

END

- 問3) 現実に即した定数の値を代入して上のシミュレーションを行うと、下の図のような濃度勾配になり、ショウジョウバエにおける実験のデータと一致する。しかしながら、bicoid のみの位置情報からでは、正しい分節ができないこともわかっている。その原因を、下の図の濃度勾配から説明し、その問題は、実際のハエの発生ではどのような仕組みで回避されているか説明せよ。

