

岡山大学大学院環境生命自然科学研究科（博士前期課程）

Graduate School of Environmental, Life, Natural Science and Technology (Master's Course)
OKAYAMA UNIVERSITY

2024年4月入学 第2回入学試験
Entrance Examination for April 2024 (2nd Application)

専門科目 Specialized subject	作物遺伝育種学
-----------------------------	---------

◎ 以下の用紙が揃っているか確認し、用紙の過不足、印刷不明瞭や汚れ等に気づいた場合は、静かに手を挙げて監督者に知らせること。

Check if the following papers are present as indicated below. If you find excess or deficiency, some incomplete printing or collating, please let the supervisor know by raising your hand silently.

表紙（この紙） Front page (This paper)	1 枚
問題用紙 Examination Questions	2 枚
解答用紙 Answer Sheet	3 枚
下書用紙 Scratch Paper	3 枚
合計 Total	9 枚

◎ 解答用紙全てに受験番号と氏名を記入すること。

Please write your examinee's number and your full name on all answer sheets.

裏面には記入できません。解答用紙の追加が必要な方は監督者に申し出てください。

You cannot write your answer on the back of this sheet. If you need additional answer sheets, please notify the supervisor.

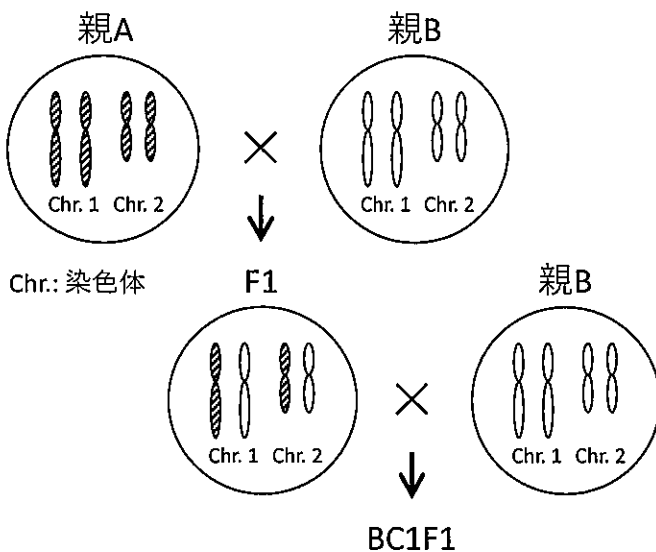
2024年4月入学 第2回入学試験問題用紙

Entrance Examination for April 2024 (2nd Application) Questions Sheet

専門科目 Subject
作物遺伝育種学

問1. 次の設問に答えなさい。

(1) 自殖性の2倍体種(例:イネ)において2つの異なる純系(親Aと親B)を交雑してF1種子を作成した。次にF1個体を育成し、親Bと交雑して多数の種子(BC1F1種子)を作成したのち、BC1F1個体を育成した。下図に示した親A, 親B, F1個体の染色体の図示方法に従って、BC1F1個体の染色体構成を全て図示し、その出現割合を答えなさい。ただし、減数分裂において相同染色体間の乗換えが生じず、どちらの親に由来する相同染色体であっても生存上の有利・不利はないものと仮定する。



(2) 早生・長稈のイネ品種と晩生・短稈のイネ品種を交雑したF1個体は早生・長稈であった。このF1個体にもう一度、晩生・短稈の品種を交雑して100粒の種子を獲得し、植物体を育成したところ早生・長稈, 早生・短稈, 晩生・長稈, 晩生・短稈であった個体がそれぞれ41個体, 9個体, 11個体, 39個体出現した。早晩性(早生・晩生)と草丈(長稈・短稈)の遺伝様式と、このような出現割合になった原因を答えなさい。

注: 長稈・短稈はそれぞれ草丈が高い・低いこと

問2. DNAマーカーに関する次の設問に答えなさい。

(1) 作物の遺伝解析において、供試した各個体の塩基配列多型を解析（ジェノタイピング）するために様々なDNAマーカーが開発され、利用されてきた。以下に示す代表的なDNAマーカーのうち2種類を選択し、それぞれの特徴や原理、塩基配列多型の検出方法等を説明しなさい。

DNAマーカー：「RFLP」、 「RAPD」、 「AFLP」、 「SSR」、 「CAPS」

(2) DNAマーカーを用いた遺伝解析によって、出穂期や収量性、病害抵抗性など重要な農業形質に関わる遺伝子座が同定されている。そのような遺伝解析法のひとつであるQTLマッピングによって遺伝子座を同定する際の手順を詳しく説明しなさい。イネにおいて病害抵抗性に関わる遺伝子座を同定する実験を想定して説明すること。

問3. 次世代シーケンサーを利用した解析法に関する次の設問に答えなさい。

近年、次世代シーケンサー（以下NGSとする）を利用した様々な遺伝解析の手法が開発されている。作物の遺伝育種学分野でよく利用されている解析方法の略称を以下に示す。これらの中から2種類を選択し、その原理や解析方法についてわかりやすく説明しなさい。

NGSを利用した解析法：「GWAS」、 「RAD-seq」、 「QTL-seq」、 「RNA-seq」、 「MutMap」