

2026年度第2回法政大学大学院理工学研究科入学者選抜試験
解答又は解答例・出題の意図

試験科目	生命機能学専攻 (生命機能学領域) 博士後期課程
小論文	

【出題意図】

生命科学の分野で博士号取得に向けた研究を推進できる能力を評価することを意図している。具体的には、知識を単に羅列するのではなく、問いかけに対して適切に整理して記述する、論理構成力（ロジカルライティング）を有するか、特定分野の専門知識のみならず「生命科学全体を俯瞰するリテラシー」を有するかを評価する。

【解答例】

※ 本解答例はあくまで論述の構成案を示すものであり、特定の学説や応用事例を正答とするものではない。論理的整合性と科学的妥当性が保たれていれば、独自の専門的知見に基づく独創的視点からの論述は、むしろ高く評価される。

ゲノム解読の変遷と生命科学におけるパラダイムシフト

1. 序論：ゲノム解読が拓く新知見

20世紀前半まで抽象的概念に過ぎなかった「遺伝子」は、DNAの二重らせん構造の解明を経て、タンパク質を規定する物理的実体として定義し直された。「セントラルドグマ」の確立以降、遺伝子機能の理解が深化するにつれ、生命の設計図であるゲノムを包括的に捉えることへの期待が高まった。2003年のヒトゲノム計画完了は一つの到達点であったが、その後の技術革新は単なる情報のデジタル化に留まらず、生命科学の思考の枠組みを根底から変容させた。今日、ゲノム解析は基礎生命科学分野はもちろん、多岐にわたる応用分野でも標準的な基盤である。本稿では、技術的潮流を俯瞰し、蓄積されたデータが基礎生物学にいかなる学問的意義をもたらしたか論じる。

2. 技術的進歩：解析のハイスループット化と情報の連続性

シーケンシング技術の歴史は、情報の「断片化」との戦いであった。当初、サンガー法（第一世代）を基盤として、長い領域のDNAシーケンシングを解読する戦術が取られた。そのため、ゲノム構成を大枠に捉える生物学的地図や物理学的地図に加え、SNPを用いたゲノムマップの作成が進められた。その背景で、ある程度の長さのDNAシーケンシングをゲノム上に当てはめ、全体の理解を目指した。1995年、ショットガン法によりインフルエンザ菌ゲノムが解読された。これは、短いランダムなDNAシーケンシングを大量の情報として回収し、情報科学の手法で繋ぎ合わせることで実現したのである。

この方法をベースに、2000年代後半NGS（第二世代）が登場し、同時並列的な解読能力によりコストと時間を劇的に圧縮した。しかし、その主流であるショートリード解析では、ゲノムの約3割を占める反復配列や複雑な構造変異を正確に再構成（アセンブリ）するには限界があった。

近年のナノポアやSMRT技術に代表される第三世代シーケンサーは、数万塩基に及ぶロングリード解析を可能にした。これにより、従来は見落とされていた構造的変異（SV）や染色体のセントロメア近傍などの「難解な領域」の全貌が明らかになり、完全な配列決定（T2Tプロジェクト等）が現実となった。この「断片から連続へ」という進展は、ゲノムを一つの物理的な構造体として統合的に捉えることを可能にした。

3. データ蓄積の意義：比較ゲノミクスから進化の可視化へ

シーケンシングコストの幾何級数的な低減は、モデル生物から非モデル生物、さらには古代DNAに至るまで、膨大なゲノムデータの蓄積をもたらした。この学問的意義は、第一に「進化プロセスの高解像度な復元」にある。全ゲノム情報の比較により、遺伝子重複や水平伝播、非コード領域における選択といった分子メカニズムが塩基レベルで詳らかになった。また、環境メタゲノム解析は、従来の培養バイアスを排し、未知の生命圏の代謝系を直接記述することを可能にした。これは、系統推定を断片的な指標から「ゲノム進化論」へと変貌させるパラダイムシフトであった。

4. 生命科学における意義：システムとしての理解と個別解析の精緻化

全ゲノム情報の網羅的蓄積は、生命をシステムとして捉える視点を与えると同時に、個別の分子メカニズム解析をより高精度な次元へと押し上げた。

第一に、「ゲノム機能の俯瞰的理解の更新」である。非コード領域が 3D ゲノム構造を介して発現を制御する実態の解明は、特定の現象に関わる SNP が、物理的に離れたどの遺伝子に作用するかという「個別の相互作用」の精密な検証を可能にした。つまり、広大なゲノム地図という「座標」を得ることで、初めて個別の分子動態が生命システム全体の文脈で意味をもつようになったのである。

第二に、「デジタル情報と物理的実体の融合」である。全ゲノムおよび多種多様な配列データの蓄積と並行して、タンパク質構造予測（AlphaFold 等）が飛躍的に発展し、実験的な構造決定技術の進展（単粒子解析等）、一分子動態解析や分子動力学シミュレーションなどの技術革新も進行した。今では、全ゲノムという俯瞰的な視点が、個別の分子が織りなす極微の生命現象を真に理解するための不可欠な「鍵」となったのである。

5. 結論：全体俯瞰と深層理解の統合

全ゲノムシーケンスの進展により、かつては個別の現象を追う記述科学であった生物学は、情報の統合系として捉える予測・設計の科学へと進化した。しかし、情報の網羅化は個別解析の終焉を意味しない。むしろ、マルチオミクス解析は、特定の分子や原子レベルの動態がいかにして高次の生命現象を創出するかという、より深く精緻な個別解析への入り口となっている。今後は、ゲノムという「情報」がいかにして生命という「物理現象」へと変換されるのか、その原理を解明することが、次世代の生命科学の核心となるだろう。

(1,998 字)