

問題用紙

2025	科目名	生命化学情報：情報科学Ⅱ	1 / 4	通し番号	
------	-----	--------------	-------	------	--

問題 1 連立常微分方程式

$$\begin{cases} \frac{dX_1}{dt} = X_2, & X_1(0) = 1.0 \\ \frac{dX_2}{dt} = -X_1, & X_2(0) = 0.0 \end{cases}$$

をオイラー法を用いて数值的に解く下記のプログラムを作成する。プログラム中の注釈を読み、下記の問いに答えよ。なお、この式の解析解は、 $X_1(t) = \cos(t)$, $X_2(t) = -\sin(t)$ となる。(各問 5 点)

問 1 $i = 0$ のとき、下線部(a)の実行結果を記せ。

問 2 空欄①に適切なコードを記せ。

問 3 空欄②に適切なコードを記せ。

問 4 図は、このプログラムの実行結果を可視化したものである。この図を参考に、この数値解法の問題点を述べよ。

問 5 問 4 の問題点を踏まえ、一般によく使われている数値解法を一つ答えよ。

```
#include <stdio.h>
#include<math.h>
```

```
double dxdt(int n, double t, double x1, double x2);
void solver(double t_0, double x1_0, double x2_0, double h, int steps);
```

```
int main(void){
    double t_0 = 0.0;           // 初期時刻
    double x1_0 = 1.0;          // x1 の初期値
    double x2_0 = 0.0;          // x2 の初期値
    double h = 0.05;            // 刻み幅
    int steps = 200;             // 計算ステップ数

    solver(t_0, x1_0, x2_0, h, steps); // 連立常微分方程式を数值的に解く。

    return(0);
}
```

問題用紙

2025	科目名	生命化学情報：情報科学Ⅱ	2 / 4	通し番号	
------	-----	--------------	-------	------	--

// 連立常微分方程式を定義する。

```
double dxdt(int n, double t, double x1, double x2){
    if(n == 1){
        return x2;
    }else if(n == 2){
        return -x1;
    }
    return(0);
}
```

// 連立常微分方程式を数値的に解く関数を定義する。

```
void solver(double t_0, double x1_0, double x2_0, double h, int steps){
    int i;
    double t = t_0;
    double x1 = x1_0;
    double x2 = x2_0;
    double x1_analytical, x2_analytical, x1_new, x2_new;

    printf("t,x1,x2,x1_analytical,x2_analytical\n");
```

```
    for(i=0; i<steps; i++){
```

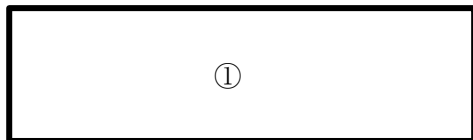
```
        // 比較のため解析解を格納する。
```

```
        x1_analytical = cos(t);
```

```
        x2_analytical = -sin(t);
```

```
        printf("%.2f,%.5f,%.5f,%.5f,%.5f\n", t, x1, x2, x1_analytical, x2_analytical);
```

```
        (a)
```



```
        x1 = x1_new;
```

```
        x2 = x2_new;
```



```
    }
```

```
}
```

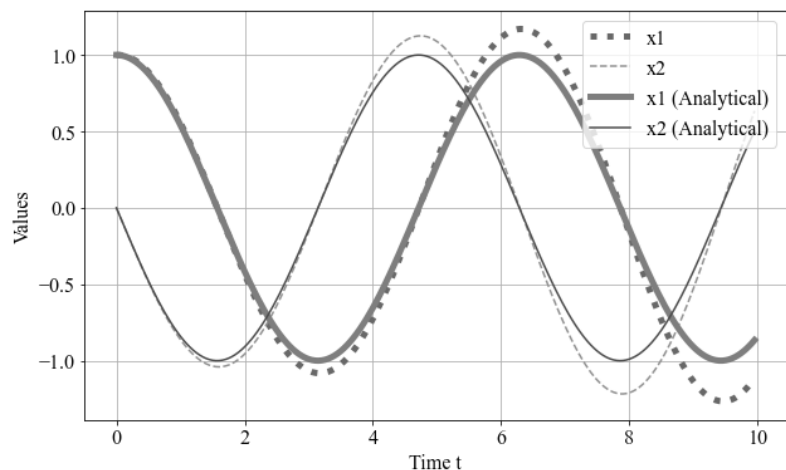


図 数値解と解析解の比較

問題用紙

2025	科目名	生命化学情報：情報科学Ⅱ	3 / 4	通し番号	
------	-----	--------------	-------	------	--

問題2 10個のアミノ酸残基からなるタンパク質に関するデータ（タンパク質名、アミノ酸配列、カウント）を解析する下記のプログラムを作成する。プログラム中の注釈を読み、下記の問いに答えよ。（各問5点）

問1 空欄①に適切なコードを記せ。

問2 下線部(a)を変更し、出力結果を書き込み用ファイル（output.txt）に書き込みたい。変更後のコードを記せ。また、変更に伴い、プログラムへの追加が必要なコードについて説明せよ。

問3 空欄②に適切なコードを記せ。

問4 sort関数で用いられている並び替え方法の名称を答えよ。

問5 問4の方法における、計算量のオーダーを答えよ。

```
#include <stdio.h>
#include <string.h>

typedef struct protein{
    char *name;
    char *seq;
    int count;
}PROTEIN;

void sort(int n, PROTEIN arr[]);

int main(void){
    int i, j, k;

    // 必須アミノ酸を格納する。
    char essential_AAs[9] = {'H', 'I', 'L', 'K', 'M', 'F', 'W', 'T', 'V'};

    PROTEIN p[3] = {
        {"protein_a", "MLPRVGCPAL", 0},
        {"protein_b", "CPPCTPERLA", 0},
        {"protein_c", "SPEQVADNGD", 0}
    };

    // 各タンパク質に含まれている必須アミノ酸の数を求める。
    for(i = 0; i<3; i++){
        for(j=0; j<10; j++){
            for(k=0; k<9; k++){
                if( ① ){
```

問題用紙

2025	科目名	生命化学情報：情報科学Ⅱ	4 / 4	通し番号	
------	-----	--------------	-------	------	--

```

        p[i].count += 1;
    }
}
}

```

// 必須アミノ酸が少ないタンパク質から順に並び替える。
 sort(3, p);

```

for(i = 0; i<3; i++){
    printf("%s\n", p[i].name);
    (a)
}

```

```

return(0);

```

```

}

```

```

void sort(int n, PROTEIN arr[]){

```

```

    int i, j;

```

```

    PROTEIN temp;

```

```

    for (i=0; i<n-1; i++) {

```

```

        for (j=0; j<n-i-1; j++) {

```

```

            if ( ② ) {

```

```

                temp = arr[j];

```

```

                arr[j] = arr[j+1];

```

```

                arr[j+1] = temp;

```

```

            }

```

```

        }

```

```

    }

```

```

}

```