

平成28年度

日本バイオインフォマティクス学会 (JSBi)

バイオインフォマティクス技術者認定試験

解説集

問 1 正解【4】

電気泳動法では一般的に密度の違いを利用した分離は行われぬ。物質の密度の違いを利用した分離手法としては遠心分離機を利用した密度勾配遠心法がある。

問 2 正解【2】

エドマン分解ではタンパク質のアミノ末端側から化学的に 1 残基ずつアミノ酸を分解・分離し、放出されたアミノ酸を同定することによりアミノ酸配列を決定する。

問 3 正解【1】

本問は「適切なもの」を選択することに注意。ヒトの配偶子は一倍体、ヒトの体細胞は二倍体である。

問 4 正解【4】

ショットガンシーケンシングで読み出された配列をアセンブルすることで参照配列となるゲノム配列を構築することが可能である。

問 5 正解【2】

減数分裂では減数第一分裂と減数第二分裂の 2 回の細胞分裂が起こる。

問 6 正解【3】

1 は Thermo Fisher Scientific 社の Ion Proton システムを、2 はイルミナ社のシーケンサーの基本原則である Sequencing By Synthesis を、4 は Pacific Biosciences 社の SMRT システムを説明したものである。

問 7 正解【4】

タンパク質の合成はアミノ (N) 末端からカルボキシル (C) 末端に向かって進行する。

問 8 正解【3】

細胞の体積のほとんどを占めるような液胞は動物細胞よりも植物細胞で発達している。

問 9 正解【4】

mRNA は RNA ポリメラーゼ II によって転写される。

問 10 正解【3】

原核生物のゲノムは一般に環状である。

問 11 正解【2】

ユビキチン化はタンパク質に見られる翻訳後修飾である。

問 12 正解【2】

siRNA は RISC 複合対中に取り込まれることで標的の DNA ではなくて RNA を切断する。RITS 複合体は siRNA の配列特異性によって標的領域へと誘導されヘテロクロマチン形成に寄与すると考えられている。

問 13 正解【1】

一般的に mRNA は 5' 末端に 7-methylguanosine のキャップ構造を有し、3' 末端にはポリ A 配列が付加されている。

問 14 正解【1】

正しい mRNA の構造と翻訳されうるアミノ酸配列を 3 文字表記で示す。

5' -m7G-AAUAAGGUAUGCUUGUAGCAUGGUAAGUGUUUAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA-3'

Frame1-AsnLysValCysLeuStpHisGlyLysCysPhe

Frame2- _IleArgTyrAlaCysSer**Met**ValSerValLeu

Frame3- __**Stp**Gly**Met**LeuValAlaTrp**Stp**ValPheStp

(但し、Stop コドンは文字数の都合上 Stp と表現し、開始コドンと終止コドンを太字で示している)

このうち、オープンリーディングフレームが組めるのは Frame3 の「MetLeuValAlaTrp」のみである。これらのアミノ酸は全て非極性アミノ酸に分類されるため、答は 1 である。

問 15 正解【4】

エクソーム解析は、主に遺伝子コーディング領域周辺のゲノム配列を調べる解析手法である。

問 16 正解【3】

リーディング鎖は DNA ポリメラーゼが複製フォークの進行と同一方向に合成を行う鎖であり、連続した合成が可能であるため長い DNA 鎖となる。選択肢 3 が説明しているのはラギング鎖である。

問 17 正解【2】

逆転写酵素を持つものがレトロウイルスである。

問 18 正解【1】

図中の遺伝子モデルの矢印に注目すると PDE1A は左に向かって転写される遺伝子であることがわかる。矢印は PDE1A の転写物の転写終結点付近にあるので 1 の説明が間違い。

問 19 正解【3】

特になし。

問 20 正解【4】

定量 PCR 法では標的領域以外の配列が増幅されないようになるべく反復配列を含まないユニークな領域にプライマー配列を設計することが一般的である。

問 21 正解【2】

桁落ちは絶対値の差が近い値の引き算を行うときに生じる。選択肢 2、3 は数学的には同じものであるが、選択肢 3 は引き算を避けることにより、桁落ちを回避している。一方、 x に関する条件から、選択肢 1、4 については桁落ちの心配はあまりない。

問 22 正解【3】

`&` がアドレスを得る演算子、`*` がアドレスの指す先を得る演算子である。(b) は仮引数の宣言で `i` をポインタにするため `*i`。(c) は `x` のアドレスをえるため `&x`。選択肢 4 の (b), (c) は C++ では有効であるが、C 言語では値渡しなので誤り。

問 23 正解【4】

選択肢 1、2、3 はいずれも式を展開すれば一致する。選択肢 4 のみ A、B、C が表現している関数が異なる。

問 24 正解【1】

選択肢 1 の 0.1 は 2 進表現では有限桁で表すことができないため、誤差なく表現することができない。他の選択肢は 2 進表現でも有限桁で記述される。

問 25 正解【3】

関数 f が $f(n) = O(g(n))$ を満たすとは「ある定数 $C > 0$ と自然数 N が存在して、 $N \leq n$ ならば $f(n) \leq Cg(n)$ である」ことをいう。 $f(n) = n^{0.5}$ は $f(n) = O(n^2)$ を満たす ($C = N = 1$) が任意の自然数 n に対して $f(n) = n^{0.5} \leq n$ であり、選択肢 3 は誤りである。

問 26 正解【1】

連結リストの場合、値 k を受け取り k 番目の要素を削除するにはポインタを k 回辿らね

ばならず、とくに $k = n$ などの場合 $\Omega(n)$ 時間必要である。また、配列で要素の順序を保存する必要がない場合、 k 番目と末尾の要素を交換し、要素数 n を 1 減らすことにより $O(1)$ 時間で k 番目の要素が削除可能である。

問 27 正解【1】

プログラムを実行すると幅優先探索になる。このとき、同じ節点の子の間では、左の子ほど先に出力される。なお、このプログラム上でキューをスタックに変更するだけで探索を深さ優先探索に変更可能である。

問 28 正解【3】

2 分探索木においては、全ての要素が「左の子 $<$ 親 \leq 右の子」という大小関係を満たす必要がある。

問 29 正解【1】

二分木の代表的な探索法に関する知識を確認する問題である。なお、この問題の例のように二分木が二分探索木である場合には、正解である選択肢 1 でも観察されるように、中間順によって並べた結果はソートされた数列となる。

問 30 正解【4】

アライメントアルゴリズムの知識を確認する問題である。動的計画法の漸化式と一致スコア、不一致スコア、ギャップスコアをもとに計算する。

問 31 正解【3】

1 の個数にかかわらず奇数個の 0 が入力数列中に含まれているとき、状態は S1 となる。故に選択肢 3 が不適切となる。

問 32 正解【2】

Push はスタックの末尾にデータを追加する操作、Pop はデータの末尾からデータを取り出す操作である。与えられた操作において最後の取り出せるデータは B である。選択肢 2 が正解。

問 33 正解【3】

クイックソートがうまく働かない例としてよく挙げられる例である。この場合の計算量はより正確には $\Theta(n^2)$ 時間と表記することができる。なお、ピボットの選択をランダムに行うように変更するだけで、クイックソートの計算量は平均的に $O(n \log n)$ となる。ただし、その場合も最悪計算量は $O(n^2)$ である。

問 34 正解【1】

選択されるのは、サンプル ID が 10206 である行のみで、それらが結合されて出力される。

問 35 正解【2】

標準正規分布は原点を中心に左右対称な確率密度関数を持つことから、 $F(0)=0.5$ になる。

問 36 正解【4】

中心極限定理から導かれる。独立で同一の確率分布(i.i.d.)にしたがう n 個の確率変数に対して、その確率分布の平均が m で、分散が v で、 v が有限な場合、その標本平均は、変数の数が多くなるにつれ正規分布 $N(m, v/n)$ に収束する。

問 37 正解【1】

条件付き確率の定義より。

問 38 正解【1】

2 回目の数字が 1 回目の数字よりも大きくなる確率は $5/12$ である。

問 39 正解【3】

F 値は $2PR / (P+R)$ で定義される。システムの性能が良いほど、P も R も 1 に近づくので、定義式より、F 値も 1 に近づく。

問 40 正解【1】

選択肢の 2、3、4 を同時に満たすものを距離と呼ぶ（距離の公理）。ユークリッド距離は 3 つの条件のいずれをも満たす。一方、ユークリッド距離が負の値をとることは、ユークリッド距離の定義からあり得ない。

問 41 正解【4】

SCOP (Structural Classification of Proteins) はタンパク質をその立体構造に従って分類したデータベース。

問 42 正解【3】

置換行列から G-G が+5、R-R が+6 のようにスコアを読み取り、ギャップは-1 として加算していく。結果は、 $+5 -1 +6 +9 +3 -1 +12 = 33$ となる。

問 43 正解【2】

接尾辞配列は、配列上の「位置」を、その位置以降の文字列である「接尾辞」の辞書順に並

べ替えたもので、任意の部分文字列の配列上の位置を素早く検索するための索引として用いられる。従って、問題図の右側の各接尾辞に対して、対応する「位置」を左側から読み取って並べ替えればよい。

問 44 正解【4】

ホモロジー検索では、クエリ配列中の固定長のワードの位置をハッシュテーブルとして記録して検索の索引として使う。マルチプルアラインメントの逐次改善法は、アラインされた配列を二つの組に分け、それらの間でアラインメントを計算する処理を繰り返すことにより、アラインメントを改善していく方法。バローズ・ホイラー変換は、接尾辞配列と同様に任意の長さの部分文字列に対する索引として使われ、ショートリードのマッピングでよく用いられる。ホモロジーモデリングは、タンパク質の立体構造予測を、立体構造既知の相同タンパク質の構造に基づいて行う方法で、配列モチーフ検索の方法ではない。

問 45 正解【3】

ド・ブラングラフは、各リードから k -mer を抽出して頂点とし、 $k-1$ 文字が重なる隣接する k -mer 対を辺でつないで作成されたグラフ。従って、**** は、前後の k -mer から CGCA とわかる。アセンブル後の文字列は、グラフ上のパスに沿って k -mer をつないでいくことにより構成できる。実際のアセンブルでは、 k は各 k -mer の出現がゲノム上でユニークになるくらい大きくするが、リード数は同じ配列が何度も重複して読まれるほど大きいため、典型的な k -mer の出現頻度はリードの重複度を反映した値となる。これに対して、シーケンシングエラーにより生じた k -mer の出現頻度は、一般にずっと小さくなることから区別できる。

問 46 正解【1】

相同性検索の結果は、「ランダムな配列データベースに対して検索したときに、そのスコア以上のスコアをとる配列が偶然に見つかる確率」(p 値)を使って統計的に検定される。 $4e-20$ は 4×10^{-20} の意味であり、十分小さいので「有意」となる。なお、Expect の値(E 値)は、正しくは「そのスコア以上のスコアをとる配列数の期待値」であって、確率と違って 1 より大きな値もとるが、 E 値が十分小さいときは p 値とほぼ等しくなるので、確率と見なしてもよい。

問 47 正解【1】

UTR (untranslated region) は mRNA 中で 5' 端側および 3' 端側の翻訳されない領域。よって典型的な遺伝子構造は、プロモーター、5'UTR、コーディングエクソンとイントロンの繰り返し、3'UTR、ポリ A シグナルの順となり、1 が正解。なお、mRNA の 3' 端のポリ A 配列は、転写後に付加されるためゲノム配列には含まれないが、ポリ A 配列付加に関わるポ

リ A シグナルはゲノム配列に含まれる。

問 48 正解【2】

リファレンス配列とリード配列の間で、ミスマッチは 2、3、11 文字目の 3 箇所。これらについてクオリティ値が 20 (アスキーコードでは 53) より大きいかを確認すると、ミスマッチとして扱われるのは 3 文字目の 1 個のみとなる。

問 49 正解【3】

局所配列アラインメントのアルゴリズムはスミス・ウォーターマン法。その特徴は、「計算の途中でスコアが 0 より小さくなったら 0 にリセットする」という処理で、擬似コードの 11-12 行目にこの処理が含まれている。コードに従って数値を埋めていくと右図のようになり、a 点のスコアは 2、最高となる点は c (スコアは 5) となる。

Seq1	C	G	A	G	T	G	A	G	G	T	A	T	G	A	C	G	G
Seq2	C	T	A	C	C	G	A	C	G	T	A	A	G	A	T	A	G
Score	1	0	1	0	0	1	2	1	2	3	4	3	4	5	4	3	4

問 50 正解【1】

前問の図で最大スコアをとるアラインメント領域を図の下部に示してある。(※)はスコアが最高になった時点で処理されるが、領域の終了点はスコアが最高になった点だからそのときの i の値、開始点はそれ以前に最後にスコアが 0 となった点(そのときの i が p として保存される)の 1 つ後、すなわち $p+1$ をとればよい。

問 51 正解【4】

Seq2 は Seq1 に対して 3 文字ずらした文字列をとって比較している。これは、AGCAGCAGC...のような 3 文字単位の繰り返し配列において高いスコアをとるので、そのような領域を局所アラインメントによって見つけることができる (実用的には最高スコアだけでなく、閾値以上のスコアをとる領域をすべて出力した方がよい)。このように、ゲノム上で連続して並ぶような繰り返し構造は、タンDEM反復配列と呼ばれる。

問 52 正解【3】

各経路の確率は、経路に沿った遷移確率と、経路上の各ノードで観測された文字の出力確率とをすべて掛け合わせた値となる。前者は、例えば選択肢 1 では $0.1 \times 0.8 \times 0.8 \times 0.8 \times 0.9$ となるが、すべての選択肢で、順番は変わるものの同じ値になるので無視できる。また後者のうち Ins ノードはすべての文字の出力確率が等しいので、これも無視できる。よって、M1、M2、M3 での文字の出力確率だけを考えればよい。例えば選択肢 1 では M1:A、M2:C、M3:G と出力されるので、確率は $0.0 \times 0.0 \times 0.9 (=0.0)$ である。同様に見ていくと、選択肢 3

(M1:T、M2:A、M3:G と出力される) の確率が最大であることは、正確に計算しなくても分かる。

問 53 正解【2】

天然変性 (natively unfolded) タンパク質は、本来的に不規則 (intrinsic disorder) 領域とも呼ばれ、生体内で特定の立体構造を形成しないタンパク質 (もしくは、領域) である。従来、タンパク質は、特定の立体構造を形成することにより特異的な機能を発揮すると考えられてきた。しかしながら、近年、天然変性タンパク質の存在が明らかとなり、新たなタンパク質の構造・機能相関の概念となりつつある。

問 54 正解【3】

ラマチャンドラプロットは、タンパク質の主鎖の二面角 (ϕ 、 Ψ) と二次構造 (α ヘリックス、 β シート、コイル) の関係性を表現している。 ϕ と Ψ の許容範囲は限られており、二次構造を形成することにより特定の分布範囲をとる。従って、グロビンフォールド (All α 型)、免疫グロブリンフォールド (All β 型)、TIM バレルフォールド (α/β 型) は、二次構造を反映した特徴的なプロットを示す。

問 55 正解【4】

タンパク質の内部に埋もれたアミノ酸と露出したアミノ酸の特徴について問うている。膜タンパク質の膜貫通領域においては、外側に露出し脂質と接するアミノ酸は疎水的、内側に埋もれたアミノ酸は親水的な傾向にある。バイオイフォマティクス分野における古典的な問題である膜タンパク質と水溶性タンパク質の判別、膜貫通領域の認識に際して、この特徴の違いが考慮されている。なお、本問題の正答率は、今年度全問題中、最低であった。

問 56 正解【4】

この問題で使用した図では、相同な関係にあるアミノ酸配列同士は、互いの一致度が低い場合でも、立体構造同士は酷似する傾向にあることを示している。選択肢 4 では互いの機能についてまで言及しているため誤選択肢となる。相同な配列同士は配列一致度が高く、立体構造同士の類似度が高い。結果として互いの機能が一致あるいは類似する傾向にある。この関係は、相同な配列同士は一致あるいは類似した機能を担う必要に迫られているために生じる。

問 57 正解【1】

タンパク質と基質が結合する際のモデルとして、構造変化を考慮しない「鍵と鍵穴(lock-and-key) モデル」と、基質がタンパク質に接近することでタンパク質の構造変化が引き起こされる「induced-fit モデル」、およびタンパク質の構造変化揺らぎが基質の接近にする

ことによって結合型の構造になる「pre-existing モデル」の三つがある。

問 58 正解【4】

タンパク質分子における他分子との結合サイトの性質と、結合サイトを予測する方法についての知識を問うた。ヘムや ATP など比較的小さな分子が結合するサイトは、くぼんだポケットの形をしている。酵素の活性部位は特に深いポケットにあることが多い。様々な戦略に基づき、様々な低分子結合サイトの予測手法が開発されているが、どのような低分子が結合するのかを予測することは、依然として困難である。

問 59 正解【4】

タンパク質と低分子との間の相互作用のプロファイルの類似度評価には Tanimoto 係数がよく用いられ、タンパク質-低分子ドッキング後の解析で得られた候補構造を分類する際などに利用されることが多い。

問 60 正解【2】

タンパク質間相互作用ネットワークからの情報抽出に際しては、物理的に接触する相互作用と、他のタンパク質を介した間接的な相互作用を分けて考える必要がある。多数のタンパク質と相互作用するタンパク質をハブタンパク質と呼ぶが、一度に多数のタンパク質と相互作用するものをパーティーハブタンパク質、一度に相互作用する相手の数は少ないが時と場所に応じて相手を変えて相互作用するタンパク質はデートハブタンパク質と呼ばれる。一過的な相互作用であっても細胞機能に重要な役割を担っているものは多い。一度に多数の相手と相互作用するタンパク質と、一度に相互作用する相手の数は少ないが時と場所に応じて相手を変えて相互作用するタンパク質を分けて考える必要がある。

問 61 正解【4】

図の系統樹は、遺伝子重複(B)で本来は 2 分岐する部分系統樹(サブツリー)を重ねて示している。2 つの遺伝子の間を枝に沿って辿ったときに、遺伝子重複ノードを通過しなければ両者はオーソログ (設問では F から G の場合)、通過すればパラログ (設問では F から H) である。パラログ (設問では F と H) を含む系統樹は通常は種系統樹とは異なる。同様に G から H に辿ると B を通過することから、両者の分岐タイミングは遺伝子重複である。よって選択肢 4 が正解である。

問 62 正解【2】

一般に中立変異の割合が高いほど進化速度の一定性 (分子時計の正確性) が高くなると考えられるが、中立変異の蓄積速度は遺伝子によって異なる。よって遺伝子によらず分子時計の進み方が同じであるとの仮定は不適切であるので、選択肢 2 が正解である。

問 63 正解【3】

GWASにおけるSNPはDNAマーカーとみなされる。実際には、そのSNPを持つ遺伝子(あるいはゲノム領域)と連鎖不平衡にある近傍の遺伝子などが疾患に関連している可能性があるため、設問に示された情報だけから、これを疾患原因遺伝子と結論するのは不適切である。よって選択肢3が正解である。

問 64 正解【4】

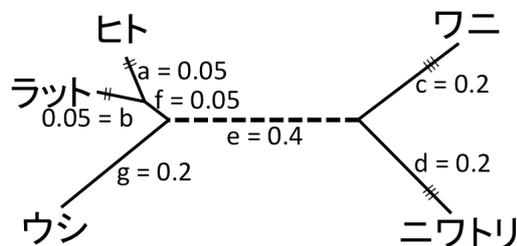
最大節約法では、あるノードにおけるある塩基(たとえばA)の最小置換数は、そのノードの下流に位置する(通常2つの)子ノードの異なる塩基(この例ではC, G, T)の値に1を加えた値、および同一塩基(この例ではA)の値の最小値を求め、子ノード間で和をとることで求められる。よって選択肢1~3は正しい計算方法を述べている。選択肢4は値は正しいものの、求め方が不適切であるため、これが正解である。

問 65 正解【2】

問64解説の計算をそのまま適用すれば、ノードaがCの場合は、左の子ノードのC(1+0)と、右の子ノードのC(0+0)の和=1が最小置換数となる。ノードaがGの場合は、左の子ノードのG(1+0)と、右の子ノードのC(0+1)またはG(1+0)の和=2が最小置換数となる。よって選択肢2が正解である。

問 66 正解【1】

次の問 67 とも関連して、この問題では実際に系統樹を構築するのが確実である。まず最近接のヒトとラットがまとめられ(クラスタリングされ)、次にウシがこれらとまとめられる。このときヒト/ラットとウシは等距離であるので、図の a、b の枝長は等しく $a = b = 0.05 (= 0.1/2)$ であり、 $f + g = 0.25 (= 0.3 - 0.05)$ となる。次にワニとニワトリがまとめられるが、ここでもワニ/ニワトリとウシまたはヒト/ラットは等距離であるので、 $c = d = 0.2 (= 0.4/2)$ 、 $e + g = 0.6 (= 0.8 - 0.2)$ 、 $e + f = 0.45 (= 0.7 - 0.05 - 0.2)$ である。枝長 e、g、f の連立方程式を解くと、 $e = 0.4$ 、 $f = 0.05$ 、 $g = 0.2$ であることがわかる。この枝長比が表現されている系統樹は選択肢 1 のみなので、これが正解である。ただし、この問題に限定すれば、ヒトとラットが最も近く、次にウシが近いという情報だけから選択肢 1 が正解であると判断することも可能である。



問 67 正解【3】

問 66 の解説の通り、点線で示された枝長 e は 0.4 が最も適切である。

問 68 正解【2】

それぞれのアレル頻度を A、B、O としたとき、 $(A + B + O)^2 = 1$ 、 $(A^2 + 2AO) = \{A \text{ 型個体頻度}\}$ 、 $(B^2 + 2BO) = \{B \text{ 型個体頻度}\}$ 、 $2AB = \{AB \text{ 型個体頻度}\}$ 、 $O^2 = \{O \text{ 型個体頻度}\}$ の連立方程式を解くことで求められる。ただしこの問題の場合は、 $O^2 = 0.16$ 、 $2AB = 0.16$ だけに着目して、選択肢 2 が正解であることを導くことも可能である。

問 69 正解【3】

次世代シーケンサは DNA の解析を行う機械である。したがって、直接 DNA や RNA から合成した DNA を解析することはできるが、転写因子などのタンパク質の配列決定を行うことはできない。したがって 3 が不適切。

問 70 正解【3】

次世代シーケンサを用いてもヒストン化学修飾やクロマチン構造を直接解析はできない。したがって、3 が不適切。ただし、ヒストン化学修飾用の抗体や DNase を使うことにより、DNA 上のどの部分にそれらが存在するのかを推定することができる。

問 71 正解【4】

個人のゲノム情報のあり方に関しては、個人情報保護法やゲノムの倫理指針などの規制があり、日本やその他の国でも議論が継続して行われている。現状では、保険会社が積極的に利用しているとは言いがたく、今後そのようになるかどうかはわからない。したがって、4が不適切。

問 72 正解【2】

DNase-seq は露出している DNA を DNase により消化して、ヒストンに巻き付いている DNA のみをシーケンスすることで、ゲノム上のどの位置にヌクレオソーム構造が存在するか推定する技術である。したがって、2が不適切。

問 73 正解【1】

次世代シーケンサから出力される FASTQ ファイルは、テキストファイルであり、そのままの形式で普通のエディタ等で読み込むことができる。したがって、1が不適切。その他の記述は正しい。

問 74 正解【1】

マイクロアレイで発現量に差がある遺伝子が見つかったとしても、その遺伝子に変位が入っていることとは基本的には関係はない。したがって1が不適切。ただし、その遺伝子の制御領域に変異が生じ、発現量に差が生じた可能性はある。

問 75 正解【3】

プロテオーム解析は、質量分析計等を用いて検体中にどのようなタンパク質が含まれるかを調べる技術である。タンパク質の立体構造解析は、X線やNMRを用いて行われる。したがって3が不適切。

問 76 正解【1】

タンパク質 B・タンパク質 B の相互作用が観察されたことから、ホモダイマーを形成する可能性がある。また、D-E の相互作用から、D-E が直接結合する可能性が示唆される。さらに、A-B と A-C の結合が観察されたので A-B-C は複合体を形成する可能性があるが、B-C との相互作用の情報は無いので B-C が直接結合するかどうかは不明である。したがって1が不適切。

問 77 正解【2】

X_1 、 X_2 、 X_3 の 3 つの確率変数からなるベイジアンネットワークでは、 X_2 で条件付けた場合、図(a)と(b)の場合、 X_1 と X_2 が確率的に独立となる。逆に X_2 で条件付けを行わない場合、図

(c)の場合のみ確率的に独立となる。このため正解は2となる。

問 78 正解【1】

$X_1-X_2-X_3-X_5$ では、 $X_1-X_2-X_3$ において図(c)の形となるが、 X_2 で条件付けられていないため、 X_2 でパスはブロックされる。また、 $X_1-X_2-X_4-X_5$ では、 $X_2-X_4-X_5$ において図(a)の形となるが、 X_4 で条件付けられることから、 X_4 でパスがブロックされる。このため、正解は1となる。

問 79 正解【2】

固有値 λ_1 と λ_2 は $A - \begin{bmatrix} \lambda & 0 \\ 0 & \lambda \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 3-\lambda & 2 \\ 1 & 4-\lambda \end{bmatrix}$ の行列式が0となる λ を求めることで得られるが、これは、2と5である。このため正解は2となる。

問 80 正解【2】

問 79 より固有値 λ_1 と λ_2 は双方正であることから、 $y(t)$ は $A^{-1}b$ に収束する。 $A^{-1}b = \frac{1}{3 \times 4 - 2 \times 1} \begin{bmatrix} 4 & -2 \\ -1 & 3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 3 \\ 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 \\ 0 \end{bmatrix}$ であることから、正解は2となる。

試験問題に記載されている会社名または製品名は、それぞれ各社の商標または登録商標です。

なお、試験問題では、®および™を明記していません。

Copyright © 2016 Japanese Society for Bioinformatics. All Rights Reserved.