

# バイオインフォマティクス技術者認定試験

## 2025 年度 過去問と解説

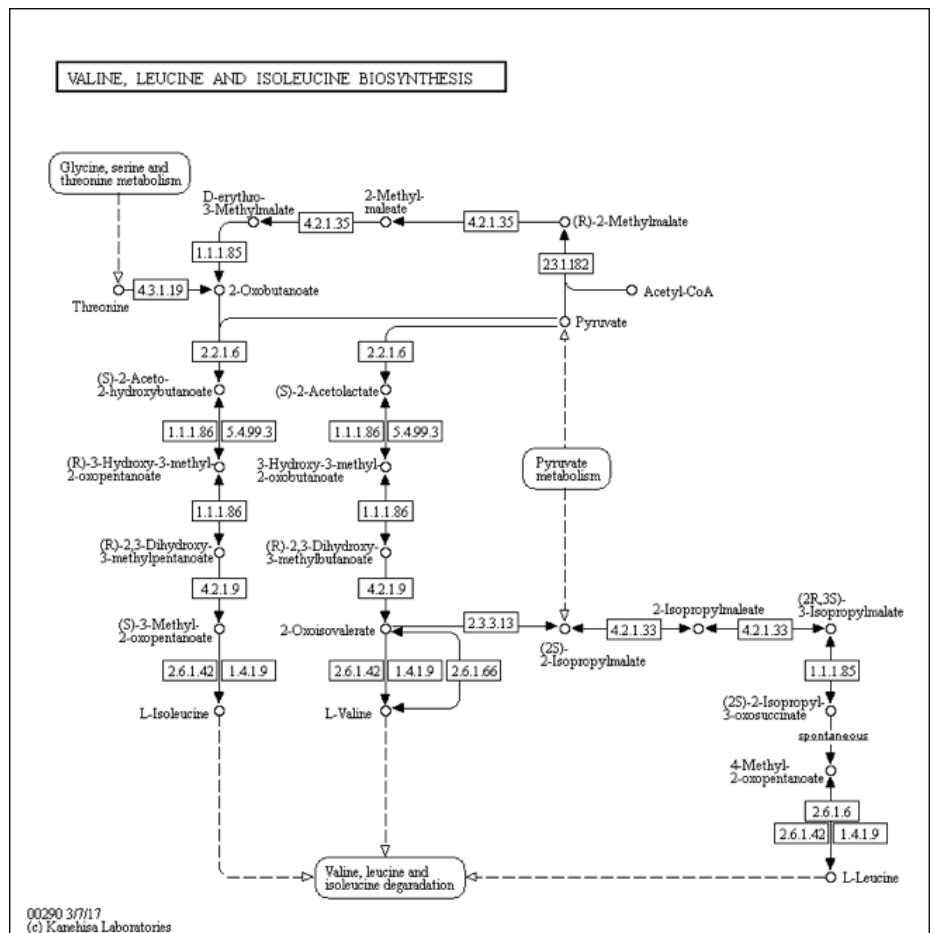
2025 年度試験までに出題された過去問のうち数問をピックアップして解説します。分野によっては出題の傾向と今後の学習に関するコメントもありますのでぜひ今後の試験対策としてご活用ください。

### 【配列】

(1)

下記の図は KEGG のパスウェイマップ(Valine, leucine and isoleucine biosynthesis)である。このパスウェイマップに関して述べた次の記述のうち、不適切なものを選択肢の中から一つ選べ。

1. 図中の○は、代謝物質を意味している。
2. 図中の四角は、代謝の過程の中間生産物を意味し、中の数字は対応する酵素番号(EC number)である。
3. 化合物によっては、酵素タンパク質の反応を経ずに別の化合物になることもある。
4. ゲノムアノテーションにより同定された酵素タンパク質をこのマップ上に表示することにより、その生物ではたらいっている代謝経路を推定することができる。



-----解説-----

正解は 2 である。図中の四角は代謝酵素を表しており、代謝の中間生産物を示すものではない。中間生産物(化合物)は四角ではなく○で表記される。よって選択肢 2 は不適切である。なお、四角の中に書かれている数字が酵素番号(EC number)であるという点は正しい。なお、EC 番号は 4 つの数字からなり、最初の数字は酵素の大分類(例:EC1 は酸化還元酵素、EC2 は転移酵素)を示し、続く数字が基質や反応の詳細を表している。

他の選択肢について順に検討する。まず選択肢 1 であるが、既に述べた通り代謝物は○で表記されるため、この選択肢は正しい。なお本パスウェイマップの下部を見ると、左から順に L-イソロイシン、L-バリン、L-ロイシンの 3 つが○で表記されており、これら 3 つのアミノ酸が本パスウェイの生成物であることがわかる。

次に選択肢 3 であるが、多くの代謝反応には酵素が必要であるものの、酵素を必要としない反応が存在することも知られている。本パスウェイにそのような反応が含まれているかを調べるには、2 つの○を結ぶ矢印に四角の代謝酵素が存在しない箇所がないかを探せば良い。すると、右下の(2S)-2-Isopropyl-3-oxosuccinate から 4-Methyl-2-oxopentanoate へ向かう矢印には代謝酵素が存在せず spontaneous と書かれており、自発的に進行することがわかる。よって選択肢 3 は正しい。

最後に選択肢 4 であるが、これは KEGG の典型的な利用法である。ゲノムから予測された遺伝子をオーソログ解析によって EC 番号に対応づけ、パスウェイマップ上に表示することで、各生物がどの代謝経路を保持しているかを推定する。よって選択肢 4 は正しい。

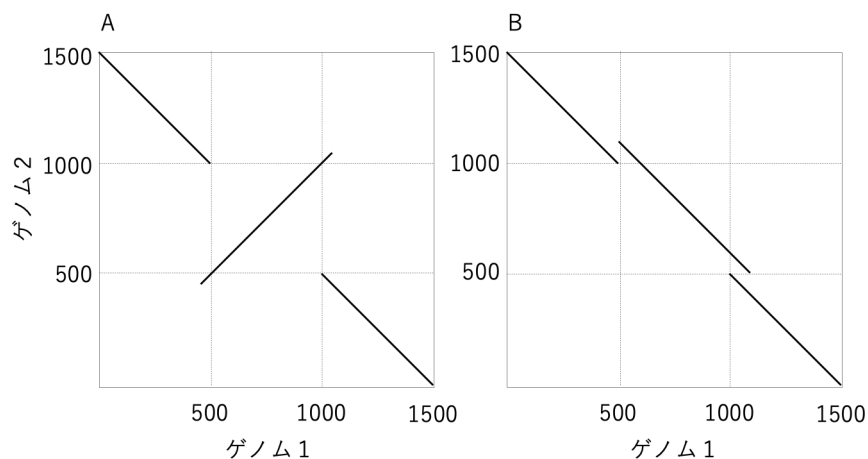
(2)

2 本の近縁ゲノム DNA の配列断片を、BLAST を用いて比較したところ、以下の表に示す 3 つの相同領域が見つかった。ただし、表の各行の 4 つの数字は、それぞれアラインメントにおける配列 1 の開始位置、終了位置、配列 2 の開始位置、終了位置を表し、開始位置が終了位置より大きい場合は逆鎖とヒットしたことを意味する。

	ゲノム 1	ゲノム 2
領域 1	1~500	1500~1001
領域 2	461~1040	461~1040
領域 3	1001~1500	500~1

これについて述べた以下の文章の(a)~ (c)に入る語句の組み合わせとしてもっとも適切なものを選択肢の中から一つ選べ。

この結果を、ドットプロットを用いて表すと、下図の( a )の図が得られる。この中には大きな構造変化として( b )が見られ、それに付随する構造として各ゲノム上に( c )がある。



1. (a) A (b) 逆位 (c) 逆方向反復配列 (inverted repeat)
2. (a) B (b) 重複 (c) 逆方向反復配列 (inverted repeat)
3. (a) A (b) 逆位 (c) 直列反復配列 (direct repeat)
4. (a) B (b) 重複 (c) 直列反復配列 (direct repeat)

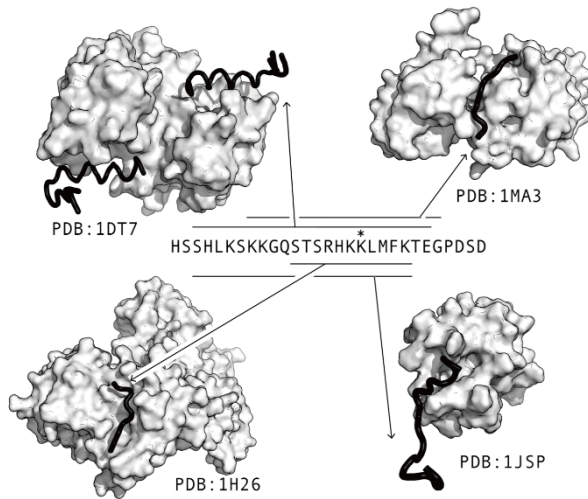
-----解説-----

まず、各アラインメントが順鎖に対するヒットか逆鎖に対するヒットかを、開始位置と終了位置の関係から判定する。その結果、領域1および領域3は逆鎖に対するヒットであり、領域2は順鎖に対するヒットであることがわかる。したがって、これをドットプロットで表すと図Aのようになる。このように染色体の一部が逆向きに配置される事象を逆位と呼ぶ。

次に、各ゲノムには複数箇所とアラインメントされる領域があることに注目する。たとえば、ゲノム1の座標461~500は、領域2ではゲノム2の461~500と、領域1ではゲノム2の1040~1001とアラインメントされる。このように、同じ配列断片が複数の場所に対応する現象は反復配列に典型的に見られる。今回の例では、対応する反復配列の向きが逆であるため、これは逆方向反復配列と呼ばれる。以上の考察から、選択肢1が適切な選択肢である。なお、逆方向反復配列は当該領域間での相同組換えを介して逆位を生じさせやすいことが知られている。

【構造】

(1)



以下の文中の下線(a)と(b)に関連の深い語句、および、空欄 ( c ) に入る語句の組み合わせとしてもっとも適切なものを選択肢の中から一つ選べ。

転写因子 p53 の C 末端ドメインは特定の立体構造をとらない天然変性領域である。しかし(a)特定のタンパク質と結合したときは特定の立体構造をとることが知られている。図は p53 の C 末端ドメイン(黒色で

示した) が 4 種類のタンパク質と結合した複合体構造をそれぞれ示している。なお図中左上 (PDB: 1DT7) では、p53 の C 末端ドメインが 2 箇所<sup>\*</sup>に結合している。このように(b)単一のアミノ酸配列が異なる複数の相手と特異的に結合することが、天然変性領域においてよく見られる。細胞内の状況に応じて結合相手を選択するためのメカニズムとしては、( c ) がある。例えば、p53 の C 末端ドメインでは図中 \* で示した Lys が変化することが知られている。

- |   |                                 |            |          |
|---|---------------------------------|------------|----------|
| 1 | (a) coupled-folding-and-binding | (b)ハブ性     | (c)翻訳後修飾 |
| 2 | (a) coupled-folding-and-binding | (b)ネットワーク性 | (c)一塩基多型 |
| 3 | (a) lock-and-key メカニズム          | (b)ハブ性     | (c)一塩基多型 |
| 4 | (a) lock-and-key メカニズム          | (b)ネットワーク性 | (c)翻訳後修飾 |

-----解説-----

多くのタンパク質はその配列に応じて決まった立体構造をとり、その形に応じて特徴的な機能を持つ。例えばタンパク質はその分子表面に特徴的な凹凸を持つことで、その凹凸にフィットする形をもつ化合物だけを選択的に結合することができる。この機構はちょうど鍵と鍵穴の関係に似ており、それになぞらえて lock-and-key メカニズムと呼ばれている。しかし配列によっては決まった立体構造を取らずに常に揺れ動いている場合もあり、このような配列をもつ領域を天然変性領域という。このような決まった形を持たない領域は X 線結晶構造解析などの構造解析手法でその形をとらえることができない。しかし天然変性領域でも、普段は自由に揺れ動きながらも特定の相手と結合した場合は特定の形に固定される場合がある。このような現象を coupled-folding-and-binding といい、このような状態で

あれば構造解析によってその形を明らかにできる。

この問題で示した p53 の C 末端ドメインは天然変性領域であるが、この部位に結合できるタンパク質が複数存在する。そして結合した相手に応じて、異なった立体構造をとる。これは上で述べた lock-and-key とは全く異なるタイプの分子認識と言える。このように結合のペアが一对一の関係でなく、結合相手となるタンパク質が複数存在するようなタンパク質を「ハブタンパク質」と呼び、その性質を指して「ハブ性」と表現する。数多くの空港への直行便が離発着する空港のことを「ハブ空港」などと呼ぶが、これと同じような概念である。ハブタンパク質は生命システムにおいて特に重要性の高いタンパク質と言える。

また天然変性領域は翻訳後修飾を受ける部位を多く持つことでも知られている。細胞内の状況に応じて特定のアミノ酸が修飾されたり、逆に修飾を外すことで、その機能を調整することができる。

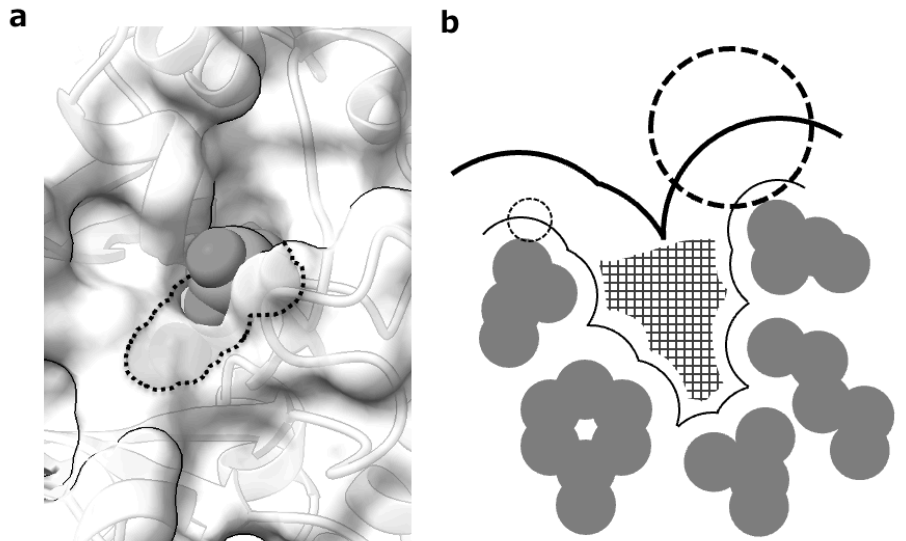
## (2)

タンパク質分子における他分子との結合サイトとそれを予測する方法についての次の記述のうち、もっとも不適切なものを選択肢の中から一つ選べ。

1. 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ことが多い。
2. 酵素の活性部位は、特に深いポケットにあることが多い。
3. 低分子結合サイトの予測では、認識されたポケットにどのような低分子が結合するの かまでは正確にはわからない。
4. 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、いずれもプローブ球をタンパク質の原子の間に置いて予測する戦略をとっている。

-----解説-----

タンパク質の分子結合にかかわる結合ポケット構造の基礎的な知識を問う問題である。<sup>1)</sup>ほとんど全てのタンパク質は、他の分子と相互作用することで機能する。相互作用相手となる分子の分子量は様々であるが、相互作用に関与するタンパク質側の残基はおおむね分子量の小さい分子に対しては少なく、分子量の大きな分子に対しては多い。そのため、小さな分子に対しては認識に十分な残基接触を得るために、分子量の小さい分子は結合ポケットと呼ばれる分子表面に存在する穴で相互作用する傾向がある。したがって選択肢 1 は正しい。



その中でも酵素は深い結合ポケットを持つことが多い(解説図 a, フルクトース-1,6-ビスフォスフェートアルドラーゼが基質を結合した状態。基質は濃い灰色で示されているが、ほとんどタンパク質分子中に埋まっている。PDB コード 3dfo)。これは上記選択肢 1 の理由もあるが、溶媒水分子などの化学反応に影響を与える可能性のある分子を、反応場から排除する目的もある。したがって選択肢 2 の記述は正しい。

ポケットの存在により結合部位の推定は比較的容易だが、官能基が多少異なるなど類似した構造を持つ分子は数多くあるので、結合する分子種を特定することは比較的困難である。そのためには分子動力学計算などのエネルギーを精密に扱える(が計算コストの高い)手法を使う必要がある。したがって選択肢 3 の記述も正しい。

結合ポケットの探索には、解説図 b に示したような複数の異なる半径を持つ分子プローブで求めた溶媒可接触面を利用する場合が多い(PHECOM など)<sup>1)</sup>。これは、半径の小さいプローブで求めた面(解説図 b の細線)と、大きいプローブで求めた面(同太線)の間の空間をポケットと定義する方法である。ただし、ポケットを探索する方法はほかにも存在する。表面の化学的特性や相互作用エネルギーを計算するエネルギー的手法 (SITEHOUND など)、異なる半径の球をタンパク質原子と衝突しないように充填する方法(fpocket, SURFNET など)がある。また、近年では AI を用いて構造データから直接学習・予測する手法も開発されている(DeepSite など)。したがって、選択肢 4 の記述は不正確であり、これが正解である。

参考: 1) バイオインフォマティクス入門 4-9

## 【遺伝進化】

(1)

ABO 式血液型を決める遺伝子多型は 3 つのアレル A、B、O の持ち方によって決まり、その遺伝子型は AA、AO、BB、BO、AB、OO の 6 通りある。それぞれの遺伝子型を持つとき、血液型の表現型は A、A、B、B、AB、O となる。

今、ハーディ・ワインベルク平衡にある集団において、血液型の表現型の頻度が A、B、AB、O それぞれ、0.09、0.65、0.10、0.16 のとき、この集団の 3 つのアレル A、B、O のアレル頻度として正しい組み合わせを選択肢の中から一つ選べ。

1	A	0.3	B	0.2	O	0.5
2	A	0.1	B	0.5	O	0.4
3	A	0.1	B	0.4	O	0.5
4	A	0.3	B	0.3	O	0.4

-----解説-----

本問題は、ABO 血液型を題材として、遺伝様式と HW 平衡<sup>1)</sup>の理解を問うものである。ABO 血液型はもっともよく知られている血液型で、赤血球の表面にある糖鎖がどのように修飾されているかによって決まっている。ABO 遺伝子は 9 番染色体上にあり、糖鎖転移酵素をコードしている。A アレルと B アレルの遺伝子がコードするタンパク質はそれぞれ異なった形の糖を糖鎖に付与し、O アレルの遺伝子は途中にフレームシフト変異があるため、糖鎖を付与しない。

ABO 血液型の仕組みについて理解するには、遺伝子のタイプであるアレル、個体がもつ組み合わせである遺伝子型、さらにそれが作り出す表現型である血液型、これら三つの区別をきちんとすることが重要である。ヒト成人の体内では腸内細菌のもつ糖鎖に対する抗体が作られており、これらの抗体は赤血球表面の糖鎖にも交差反応することがある。しかし、ヒトの免疫系は、自分もっている抗原に対しては抗体を作らないという性質をもっている(免疫寛容)<sup>2)</sup>。したがって、例えば AB 型の人には A 型糖鎖と B 型糖鎖の両方がある赤血球をもつため、これらに対する抗体は作られない。一方、O 型の人のもつ赤血球には糖の付加が無いので、A 型糖鎖と B 型糖鎖に対する抗体が体の中にある。したがって、O 型の人のも体内に A 型糖鎖や B 型糖鎖をもつ赤血球が輸血などで侵入すると、抗体によって赤血球同士が結合し、凝集反応を起こす。

遺伝学的には、A アレルと B アレルは共顕性 (co-dominant)、A および B アレルは O アレルに対して顕性(優性)の関係をもつ。それぞれのアレル頻度は人類集団によって異なっていることが知られている。例えば、日本では A アレルが最も頻度が高い一方、アメリカ大陸先住民では O アレルがほとんどを占めている。これらの差が遺伝的浮動によるものなのか、自然選択によるものなのかは議論の余地があるが、血液型と新型コロナウイルスなどの感染

症への罹患率に相関があるとする研究成果も存在する<sup>3)</sup>。

本問題では、血液型の頻度からアレル頻度を推定する必要があり、普通に解こうとすると少々複雑な問題となる。まずは一般的な解法を考えてみよう。A, B, O アレルの頻度をそれぞれ  $p, q, r$  ( $p+q+r=1$ ) とすると、HW 平衡下では遺伝子型 AA, AO, BB, BO, AB, OO 頻度はそれぞれ  $p^2, 2pr, q^2, 2qr, 2pq, r^2$  となる。また、A, B, AB, O 型の血液型の頻度としてそれぞれ、 $p^2+2pr, q^2+2qr, 2pq, r^2$  が導かれる。題意より、

$$p^2+2pr=0.09, q^2+2qr=0.65, 2pq=0.10, r^2=0.16$$

が成り立つ。この連立方程式を解くと正解を導くことができる。

より少ない計算量で表現型からアレル頻度を推測するには、潜性の表現型に注目すると良い。この場合では O アレルが潜性であるので、 $r=0.4$  であることはすぐにわかる。p, q の値を求める式には二次の項があるが、ここでは値がきれいに整っているため、計算はそれほど難しくないだろう。p, q, r はすべて正の値であるから、 $p=0.1, q=0.5, r=0.4$  が導かれ、正答は選択肢 2 となる。

引用 1) バイオインフォマティクス入門 5-1 2) バイオインフォマティクス入門 1-12 3) COVID-19 Host Genetics Initiative, Nature 2021

(2)

2 種の生物の間でオーソログをベストヒット法で推定する場合を考える。比較している 2 種類の生物が共通の祖先から分枝した後に生じたイベントの中で、遺伝子やアミノ酸配列のベストヒット法によるオーソログの推定に影響を与えるものとして、もっとも不適切なものを選択肢の中から一つ選べ。

1. スプライシングパターンが大きく変化した遺伝子がある。
2. その遺伝子を含む領域が、転座して染色体上の位置が変化した。
3. 分断または融合を起こした遺伝子がある。
4. パラログとなる遺伝子が多数できた。

-----解説-----

レシプロカル (双方向) ベストヒットは、オーソログを推定する代表的な手法である (前問を参照のこと)。レシプロカルベストヒットは配列類似度に基づいてオーソログを推定するため、真のオーソログであっても配列類似度が低下すると、他の遺伝子がベストヒットとして誤って選ばれる可能性がある。例えば、2 種類の生物の分岐後に、スプライシングパターンが大きく変化すると、オーソログ間の配列類似度が低くなりうる。また、遺伝子の分断や融合を起こした場合も、オーソログ間の配列類似度が低くなりうる。他に重複遺伝子が存在しなければ、レシプロカル (双方向) ベストヒットの相手に影響はないと考えられるが、他に重複遺伝子が存在した場合には、オーソログがベストヒットにならない可能性もあり、

オーソログの推定に影響を与えうる。

生物種の分岐後に遺伝子重複によりパラログとなる遺伝子が多数できると、パラログ間で配列類似度に差が生じオーソログがレシプロカルベストヒットにならないケースもありえる。例えば図1のように、生物種1と生物種2の種分岐後に、それぞれの系統で遺伝子重複が起きて遺伝子A1と遺伝子A2が生じ、遺伝子A2では進化速度が上昇したとしよう。この場合、生物種1の遺伝子A1のベストヒットは生物種2の遺伝子A1となり、生物種2の遺伝子A1のベストヒットは生物種1の遺伝子A1となるので、遺伝子A1同士がレシプロカルベストヒットとなる。しかしながら例えば、生物種1の遺伝子A2は、生物種2の遺伝子A1のベストヒットとはならない。したがって、生物種1の遺伝子A2や生物種2の遺伝子A2がオーソログ同定からもれることになる。

以上をふまえて問題の選択肢について考える。選択肢1は配列類似度に影響を与えるため、オーソログ推定に影響を与えうる。よって選択肢1は適切である。選択肢2は、遺伝子を含む領域が転座して染色体上の位置が変化しても、遺伝子配列そのものに変化はないため、配列類似度にも影響はない。したがってオーソログ推定に影響は与えない。よって選択肢2は不適切である。選択肢3は配列類似度に影響を与えるため、オーソログ推定に影響を与えうる。よって選択肢3は適切である。選択肢4は、オーソログの同定をもらす可能性があり、オーソログ推定に影響を与えうる。よって選択肢4は適切である。したがって正答は選択肢2となる。

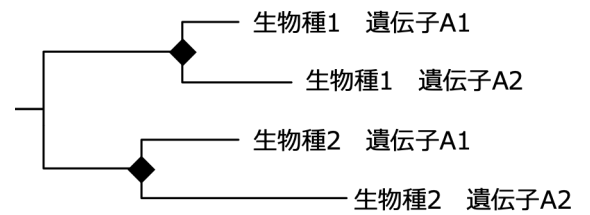
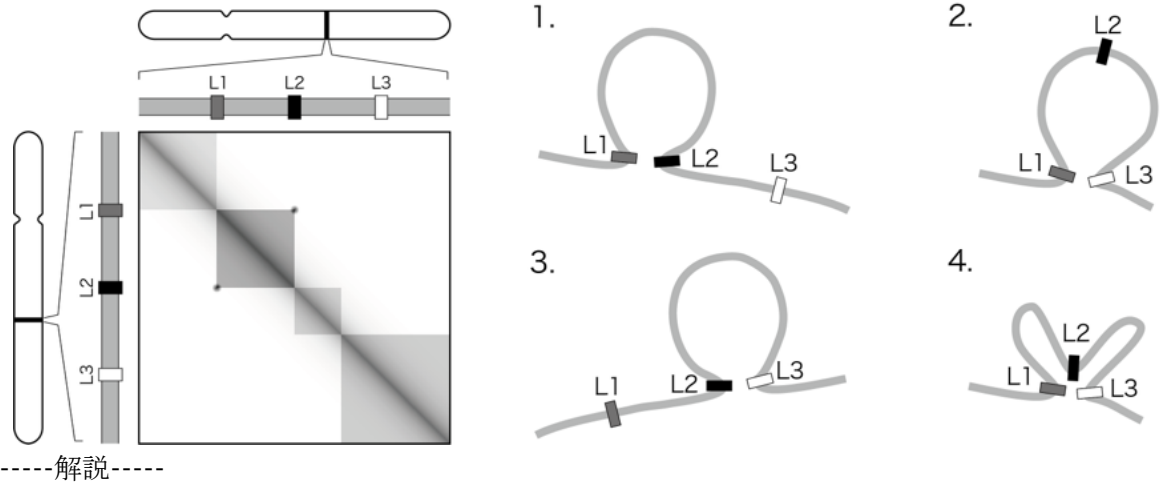


図1 遺伝子重複後の進化速度の不均一性

### 【オーミクス】

図は Hi-C 法によるクロマチン構造解析で得られたコンタクトマップ（接触頻度行列）をヒートマップ形式で図示したものである。このコンタクトマップが示すゲノム領域 L1、L2、L3 の局所的な空間近接性のパターンを表現した模式図として、もっとも適切なものを選択肢の中から一つ選べ。



Hi-C 解析では、データをコンタクトマップ（行列）に変換して解析を行う事が多い。このコンタクトマップは、ゲノム上の 2 点間がどれだけ空間的に近くにあるか（接触頻度）を示している。これは、Hi-C 実験で得られたシーケンスリードをリファレンスゲノムにマッピングし、ゲノム全体にマップされたリード数を任意のウィンドウ幅（解像度）でカウントし、その数値を正規化や標準化することで得られる。コンタクトマップの数値は接触頻度の相対的な大小に過ぎないため、これを実際の物理的距離に直接的に換算することは困難であることに注意が必要である。

コンタクトマップの要素数は、ゲノムを分割した区間数の二乗で増える。例えば、40 kb 単位で作成したコンタクトマップと比較すると、20 kb で作成したものは要素数が 4 倍になる。すなわち、基準となるコンタクトマップに対して、その  $n$  倍の解像度のコンタクトマップを得るためには、 $n^2$  倍の接触の観測が必要、つまり  $n^2$  倍のシーケンスデータ量が必要となる。解像度に影響するファクターとしては、シーケンスデータ量以外にも、酵素選択（DNA 断片サイズ）や、ゲノム配列へのマッピング可能性（ゲノム配列に一意にマッピングできるリードの割合、mappability）などが挙げられる。行列要素の数値の比較には、各要素の数値がある程度の大きさを持つ必要がある。例えば、1 kb 程度の極めて高解像度なコンタクトマップを作成しても、シーケンスデータ量が十分でない場合、ほとんどの要素が 0 や極めて低い数値（スパースな行列）になり、意味のある解析が実施できない。逆に 100 Mb といった大きな区間設定では解像度が低くなりすぎてしまう。解析の目的やデータセットにあわせて、最適な解像度を設定する事が重要である。

ゲノム配列上で距離が近い領域同士は、当然ながら空間的にも近くなるため、コンタクト

マップの対角線は常に最も濃くなる。対角線を挟んで正方形に現れる濃い色の領域は TAD (topologically associating domains) と呼ばれ、その領域内では DNA が頻繁に折りたたまれて空間的に近接していることを示している。対角線から離れた場所にポツンとある点は、遠く離れたゲノム領域同士がピンポイントで接着するクロマチンループ (エンハンサーとプロモーターの相互作用など) を示す。ブロック間の境界 (インシュレーター、濃いブロック同士の境目) は、物理的に仕切られていて相互作用が少ない場所であり、転写抑制因子 CTCF (または CCCTC 結合因子 (CCCTC-binding factor)) などが結合していることが多い。これらのことを念頭に、コンタクトマップの図を眺めると、以下のことが分かる。

- L1 と L2 に境界があり、L1~L2 の内部が濃い領域で表示されていることから、この領域は TAD を形成している。
- L1 と L3、および L2 と L3 には明瞭な境界は見られず、それらの内部領域には小さな TAD は見られるものの、領域全体に渡る大きな TAD は形成されていない。

これらのことから、L1 と L2 が近接しており、L3 は他の 2 つとは近接していないことが分かる。この条件を満たす模式図は、選択肢の中では 1 しかなく、これが正解である。

参考：1) バイオインフォマティクス入門 6-3

2) エピゲノム情報解析 (コロナ社, 2025) 第 5 章

(2)

血液中や尿などの生体サンプル内の代謝物を網羅的に測定するメタボローム解析について、もっとも不適切なものを選択肢の中から一つ選べ。

1. 核磁気共鳴 (NMR) 法によるメタボローム解析は、測定のスループットが高く、多くのサンプルを測定するのに適している。
2. 液体クロマトグラフィー質量分析 (LC/MS) 法によるメタボローム解析は、極性が比較的高い成分の分析に有効である。
3. ガスクロマトグラム質量分析 (GC/MS) 法によるメタボローム解析は、ガス状または気化する成分の分析に有効である。
4. NMR 法は LC/MS 法に比べて感度が高く、より少ないサンプルで濃度の低い化合物を測定することができる。

-----解説-----

NMR 法では、分子中に存在する原子核の共鳴周波数が周囲の化学結合環境によって変化する度合い (化学シフト) を計測するのに対し、質量分析法では、分子をイオン化した際の  $m/z$  (質量と電荷数の比) を計測する。NMR 法で得られるシグナルは、分子の物質質量に比例するため定量性や再現性にも優れている。試料をほぼ非侵襲で計測でき、複雑な前処理を必要としないという点でスループットに優れている。よって 1 は正しい。質量分析法は対象化合

物をイオン化する破壊的な計測であり、そのシグナル強度は、計測化合物の物質質量に加え、分子のイオン化効率や、共存する夾雑成分によるイオン化の抑制・促進（マトリックス効果）などの影響を受けるため、タンパク質や塩などの夾雑成分を除去するための前処理を行うのが一般的である。測定感度と計測対象は、NMR法が一般に  $\mu\text{M}$  オーダーで数十種類程度を同時測定できるのに対し、質量分析法は  $\text{nM}$  オーダーで数百～数千成分を一斉計測できる。よって 4 は誤りである。

質量分析法で化合物を分離する代表的な手法がクロマトグラフィーで、移動相によって運ばれる化合物が固定相との相互作用の差によって分離される（図 a）。固定相を充填したカラムと呼ばれる筒やキャピラリーの中に移動相を流し、カラム

から溶出した化合物を順に質量分析装置に導入して検出する。

得られるデータは化合物がカラムから溶出した時間を表す保持時間、その化合物がイオン化した時の  $m/z$ 、シグナル強度という 3 次元のデータになる（図 b）。このデータを保持時間－強度軸

方向から表示したものをクロマトグラム、 $m/z$ －強度軸方面から表示したものをマススペクトルという。移動相に気体を用いる手法をガスクロマトグラフィー（GC）、液体を用いる手法を液体クロマトグラフィー（LC）という。GC は移動相のガスに

のって化合物が移動する必要があるため、分析化合物はガス状または加熱によって気化しやすい成分に限られる。よって 3 は正しい。LC/MS に比べて GC/MS は装置が比較的安価で堅牢

であり、化合物の分離能に優れていることから、メタボローム解析で広く利用されている。液体クロマトグラフィーでは、分離したい分子の物性に応じた適切な移動相と固定相を選択することで、計測対象とする分子群を調整できる。例えば、移動相に水やメタノール、固定相に低極性カラムを用いる逆相クロマトグラフィーは中極性から低極性の化合物（脂質やペプチドなど）の分析に汎用されている。移動相に水やアセトニトリル、固定相には高極性カラムを用いる親水性相互作用クロマトグラフィー（HILIC と呼ばれる）は水溶性低分子（アミノ酸、有機酸、糖リン酸、核酸など）の分析に適している。よって 2 は正しい。

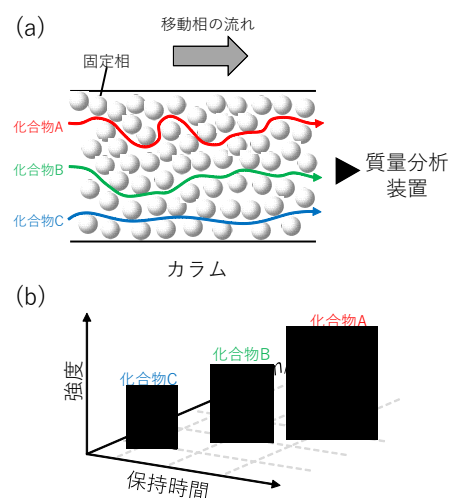


図 クロマトグラフィー質量分析装置 (a) クロマトグラフィーで化合物が分離される模式図 (b) 得られるデータのイメージ

参考：1) バイオインフォマティクス入門 6-4, 2) 『決定版 質量分析活用スタンダード～代謝物からタンパク質、食品・環境の分析まで質量分析のポテンシャルを活かしきる戦略とプロトコール』（実験医学別冊, 羊土社, 2023）, 3) 『メタボロミクス実践ガイド～サンプル調製からデータ解析まで、あなたに合った実験デザインと達人テクニック』（実験医学別冊, 羊土社, 2021）