

論文内容の要旨

博士論文題目

ゲノム情報にもとづく生物多様性に関するバイオインフォマティクス

氏 名 池田 俊

生物は構造や機能で多くの共通性を持ちながら、地球上のあらゆる環境に適応し生息している。生物の多様性は生物が獲得してきた多彩な特徴といえる。生物の多様性が構築されていく経緯を明らかにすることは生物進化の解明だけでなく、生物利用としても意義を持つ。本論文では、バイオインフォマティクスの技術を用いた生物の代謝とゲノムの多様性の原因を調べるために、様々な生物の持つゲノム情報を基に共通性について解析を行った。まず、酵素タンパク質の多様性として、生物が保持する酵素の代謝反応クラスに関するデータベースをもちいて、タンパク質のアミノ酸配列のパターンを一括学習型自己組織化マップによってクラスタリングした。タンパク質配列のクラスタリング結果が酵素の二次代謝物グループにもとづいて分類されるだけでなく、各酵素グループの反応や基質に対する関係を反映することを示した。次に、ゲノムの多様性が生まれるメカニズムについて生育環境を基に統計解析を行った。環境がゲノムに対して与える影響を明らかにするために、各原核生物のゲノム指標として、ゲノムの遺伝暗号であるコドンを用いた生物の特徴を反映した指標を開発した。そして、その指標を基に主成分分析を行った結果がゲノムの特徴を反映することを示し、原核生物において、新規コドン指標と生育環境条件を用いた統計検定を行った。その結果、同義コドン選択の多様性について、第1に酸素要求、第2に温度、第3にコドン使用の違いといった環境による影響があることを結論づけた。

氏 名	池田 俊
-----	------

(論文審査結果の要旨)

平成25年12月24日に開催した公聴会の結果を参考に、平成26年2月21日に本博士論文の審査を実施した。

以下に述べる通り、本博士論文は、本学位申請者が情報科学のゲノム生物学の学際領域研究開発活動が続けていくために必要十分な素養を備えていることを示すものである。

池田俊は、ゲノム情報にもとづく生物多様性に関するバイオインフォマティクス研究について、(1)植物における二次代謝経路に関わる酵素をアミノ酸配列水の多様性と共通性から説明すること、ならびに、(2)微生物における環境と遺伝コードの使用特徴、すなわちコドン使用特性との関係を、種々の多変量解析法により検討した。(1)について、一括学習型の自己組織化法によりフラボノイド、アルカロイド、さらにはテルペン類を生合成する酵素を二アミノ酸組成により分類することに成功した。また、(2)においては微生物におけるコドン使用特性には、それぞれの生物における生育環境の因子が含まれることを示した。

本論文における非常に大量かつ悉皆的解析により、新たな生物多様性を定量的に評価することは、情報科学とゲノム生物学における境界領域におけるバイオインフォマティクスの発展に大きく貢献するものである。よって、本論文は、博士(工学)の学位論文として十分な価値があるものと認める。