

## 論文内容の要旨

### 博士論文題目

シロイヌナズナゲノムにおける隣接遺伝子の共発現データに基づいたオペロン様遺伝子群の推定に関する研究

氏名 和田 眞昌

生物の遺伝子発現の制御機構は、生命維持を担う一次代謝やそれぞれの生物固有の物質生産を担う二次代謝を調節する要因の一つである。すなわち生存のうえで重要なシステムであるタンパク質の生成の初期段階にあり、外部環境などに適応するための生体の制御機構でもある。植物の二次代謝物は人間社会においても薬品や健康食品に利用されており、この経路に関わる遺伝子の発現制御を理解することは最重要課題である。そのため、植物の二次代謝に関わる制御機構は長年にわたり研究対象とされてきた。近年の研究で、微生物の発現制御機構であるオペロンと類似した遺伝子発現機構が、植物の二次代謝経路に関わる遺伝子について報告されている。ゲノムプロジェクトによりモデル植物シロイヌナズナのゲノム解析が完了したことによって、世界中の研究者により採取されたシロイヌナズナ全遺伝子の膨大な発現データがビッグデータとして公開されている。そこで、本研究ではシロイヌナズナ的全遺伝子を対象として、公開されている遺伝子発現データを活用し、オペロン様遺伝子群を推定する方法を提案した。まず遺伝子発現群を特定するために全遺伝子の遺伝子対遺伝子の発現相関データベースを作った。次に、このデータベースにおける遺伝子発現が、過去の研究に報告される発現傾向と同様であることを確認した。さらに統計手法により、遺伝子群の大きさの閾値を決定して、オペロン様遺伝子群の推定を行う方法を開発した。これにより、統計的に有意なオペロン様遺伝子群を推定することが可能となり、100個のオペロン様遺伝子群が推定された。この方法により予測された遺伝子群について、現在報告されている植物遺伝子の機能アノテーションを用い、これらが機能的にオペロン様遺伝子群と同様の機能を持つことが確認された。

氏名	和田 眞昌
----	-------

(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バイオインフォマティクスで研究開発活動を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。

和田眞昌は、遺伝子発現プロファイルデータをもとに、隣接遺伝子の共に発現解析に注目し、偽陽性率に着目したゲノム全体における遺伝子を対象とした、共発現遺伝子クラスターを検出する方法を提案した。

この提案手法をシロイヌナズナにおいて世界中で測定されたトランスクリプトームデータに適用し、シロイヌナズナ・ゲノムにおいては100個の遺伝子クラスターが存在すると予測した。また、偽陽性率を非常に小さく設定することで、偽陽性を含まない共発現クラスターを検出することに成功した。これらの共発現クラスターを構成する遺伝子の機能の関連性を検討し、さらに、機能未知遺伝子の機能推定への可能性を示すことができた。

本研究で提案された方法は、情報科学と生物学の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。