

## 論文内容の要旨

博士論文題目 Curcuminoid synthesis pathway analysis based on integration of  
RNA-Seq and metabolite data

氏名 Li Donghan

### (論文内容の要旨)

新型DNAシーケンサから排出される大量ショートリードデータと質量分析装置から得られる代謝物スペクトルデータを統合し、遺伝子発現と代謝物質量から4種のウコン栽培種(*Curcuma longa*, *C. aromatica*, *C. longa* OUGON, *C. longa* SEKIYOU)におけるクルクミン類の生合成の多様性の解明を目指した研究である。新型シーケンサから出力される大量情報から発現量を正確に推定することを目的にSelection-first expression analysisという方法を提案し、発現量推定の安定性を示すパラメータである分散係数(CV)を用いて、本手法の有効性を定量的に評価した。その結果、他の方法に比べて有意に安定していることが示された。この手法を用いて、根に蓄積されるウコン類が生合成されるために一次代謝経路として発現される遺伝子種を統計的に選択し、ウコン類生合成において必要とされる一次代謝経路の様相を遺伝子発現により体系的に理解することができた。また、4種のウコン栽培種において、*Curcuma longa*と*C. longa* SEKIYOUの2種においては、Curcumin生合成量がbisdemethoxycurcuminとdemethoxycurcuminに比べて高く、*C. aromatica*と*C. longa* OUGONの2種ではdemethoxycurcuminの生合成量が高い。これらのクルクミン類の生合成量の違いを遺伝子発現量ならびに中間代謝物量により説明することが出来た。このように、バイオインフォマティクスの要素技術を開発し、さらに、開発した要素技術をもとに4種のウコン栽培種のクルクミン類の生合成過程をの分子メカニズムを解明することができた。

氏名	LI DONGHAN
----	------------

(論文審査結果の要旨)

平成 27 年 8 月 4 日に開催した公聴会の結果を参考に、平成 27 年 9 月 7 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、独立した研究者としてバイオインフォマティクスを中心とした分野で研究開発活動が続けていくために必要な素養を備えていることを示すものである。

本論文は、メタボロミクスとトランスクリプトミクスを統合したデータ解析を中心に今後の発展が期待される分野での新規アルゴリズムの提案ならびにデータの解釈といった、情報科学とバイオサイエンスの境界領域の発展に貢献するものである。よって、本論文は、博士(理学)の学位論文としての価値があるものと認める。