

論文内容の要旨

博士論文題目 Protein sequence modeling and transcription regulation network analysis towards big data biology

氏 名 Kibinge Nelson Kipchirchir

(論文内容の要旨)

ゲノム科学の一環として、ゲノム、トランスクリプトーム、プロテオーム、フェノームなどの情報を体系的に理解することが目標にビッグデータ・バイオロジーという新規分野が提案されている。このような背景をもとに、タンパク質のペプチド配列にもとづいて、4種のテルペン合成酵素群を分類する手法を、ランダムフォレスト法を応用し、開発した。その結果、これらの4種のテルペン合成酵素配列における物理化学的特性と酵素反応の間に関連性を得ることができた。

また、がんにおける遺伝子発現調節ネットワークの攪乱を視覚化するためのツールを開発した。本提案手法は、それぞれの遺伝子の上流の制御配列構造解析から転写因子が結合する配列を有するか否かを判定し、転写因子が直接制御する遺伝子の関係を表示した。さらに、遺伝子の機能ごとの分類に従って転写因子が直接制御する遺伝子の関係を表示し、発現情報を追加することにより、がんの遺伝子発現攪乱の様子を視覚的に理解することが可能になった。本研究の遂行にあたり、がんの発生メカニズムならびに酵素の機能を体系的に理解したうえで、情報科学における手法を選択し、新規手法を開発研究するという、生物学と情報科学の学問分野を融合することが必要であり、このことを具体的に実施された。

氏 名	Kibinge Nelson Kipchirchir
-----	----------------------------

(論文審査結果の要旨)

平成 27 年 12 月 17 日に開催した公聴会の結果を参考に、平成 28 年 2 月 17 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ビッグデータ・バイオロジー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、タンパク質におけるペプチド配列と細胞における機能を推定するアルゴリズムもランダムフォレスト法をもとに開発した。また、遺伝子発現制御ネットワーク解析における新規アルゴリズムを提案した研究であり、情報科学と分子生物学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。