

論文内容の要旨

博士論文題目 Systematization of Genome and Transcriptome Data based on BLSOM

氏名 Yu Bai

(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におけるバイオインフォマティクス研究を展開した。実際に用いたデータは、(1)ヒトとマウスのゲノム情報解析ならびに(2)ミドリムシにおける転写発現データであり、前者では大量ゲノム情報をもとにヒトとマウスゲノムの塩基組成における構造相違、後者では環境に応じた細胞全体の遺伝子発現の特徴情報を体系的かつ視覚的に理解することを目的に学習順序に依存しない自己組織地図法(Batch-learning Self-organizing mapping; 以下ではBLSOMと略す)により解析した。(1)ヒトとマウスのゲノム情報解析においてヒトとマウスのゲノムにおける7種類の5塩基配列分布(AAATT/AATTT、AACAC/GTGTT、ACAAC/GTTGT、ACAAG/CTTGT、ACACT/AGTGT、ATCAC/GTGAT、TTCAA/TTGAA)に大きな違いがあることが示された。またこれらの相違とゲノムにおける機能単位の構築原理を考慮した考察を行った。(2)ミドリムシにおける転写発現データにおけるBLSOM解析において、嫌気と好気条件、野生株と色素合成系欠失株、中期対数増殖期と対数増殖期におけるミドリムシにおける発現遺伝子の特徴を体系的かつ悉皆的に理解する目的でBLSOMにより解析を行い、転写因子を中心とした発現プロファイル変動によりこれらの条件における遺伝子発現制御がなされているという知見が得られた。このように、バイオインフォマティクスの要素技術を適用することにより、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におけるゲノム情報解析ならびに転写発現データからえられる細胞全体メカニズムの解明に向けたマイニング法を提案することが出来た。

氏名	Yu Bai
----	--------

(論文審査結果の要旨)

平成 28 年 7 月 27 日に開催した公聴会の結果を参考に、平成 28 年 8 月 29 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を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、自己組織化地図法を活用したゲノム情報処理ならびに遺伝子発現プロファイルの体系的視覚化を目指した研究である。また、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。