

## 論文審査の要旨及び担当者

No.1

報告番号	甲 乙 第	号	氏 名	玉木 聡志
論文審査担当者	主 査	富田 勝	政策・メディア研究科委員	兼環境情報学部教授
	副 査	金井 昭夫	政策・メディア研究科委員	兼環境情報学部教授
		内藤 泰宏	政策・メディア研究科委員	兼環境情報学部准教授
		黒田 裕樹	政策・メディア研究科委員	兼環境情報学部准教授
		荒川 和晴	政策・メディア研究科委員	兼環境情報学部准教授
学力確認担当者：				
(論文審査の要旨)				
<p>玉木聡志君の学位申請論文は「Computational approaches for comparing biological data in the fields of genomics and RNA-protein interactions」と題され、邦題は「ゲノミクスとRNA-タンパク質相互作用比較のための情報学的アプローチ」である。本論文では生命情報の比較というテーマに基づき、生命情報の根幹をなすゲノミクスと、RNA-タンパク質の相互作用という2つの分野をとりあげている。本研究の主たる貢献は、請求者が開発したゲノム再アノテーションソフトウェアRestauro-Gの開発が爆発的に増加しているゲノム配列情報に対応した比較ゲノム解析を可能にした点と、翻訳というプロセスにおいて非常に重要な分子であるtRNAとアミノアシル合成酵素の相互作用領域が持つ普遍性と特異性を明らかにした点である。</p> <p>第一章では、遺伝情報の流れをセントラルドグマの概念に沿って説明しながら、バイオインフォマティクスの手法を用いた生命情報比較の重要性を論じている。近年のシーケンシングテクノロジーの発達が可能にした網羅的な比較ゲノム解析が生物学に与えたインパクトと、セントラルドグマにおける翻訳というプロセスにおいてtRNAとアミノアシル合成酵素が担う役割を示しながら、本研究の目的について論述している。</p> <p>第二章では、ゲノムの再アノテーションソフトウェアRestauro-Gの開発とその性能の評価を行い、その結果及び考察について示している。請求者は現在爆発的に増加しているゲノム情報を厳密に比較するためには、ゲノムの再アノテーションソフトウェアが必要であり、(a)それがオープンソースであること、(b)全自動でプロセスが遂行され高速・高精度であること、(c)得られたアノテーションには信頼度の指標が必要である事を説き、これらの課題に対応したソフトウェアの開発を行った。請求者は比較ゲノム解析に有用な情報を複数のデータベースから網羅的に取得し、アノテーションをその信頼度と合わせて記述する機能の実装に成功した。また、ソフトウェアの精度検証実験により、専門家がキュレーションした既存のデータベースと比較しても遜色ない精度で再アノテーションを高速に行うことが可能であることを示した。Restauro-Gはオープンソースソフトウェアであり、GNUライセンスで公開されている。</p> <p>第三章では、RNA-タンパク質間の相互作用について立体構造と大規模配列情報を定量的に比較する手法について論じている。セントラルドグマにおいて主要な役割を果たしているtRNAとアミノアシル合成酵素の相互作用領域について網羅的な解析を行い、その結果並びに考察について示している。請求者はバクテリア、アーキア、ユーカリアという、3つの生物ドメインからtRNA</p>				

# 論文審査の要旨及び担当者

No.2

とアミノアシル合成酵素の立体構造データを取得し、それらが相互作用する領域について解析を行った。これによりtRNAがアミノアシル合成酵素と強く結合する領域はCCA tail、アンチコドン、D-stemであることを定量的に示した。さらに、バクテリア83種、アーキア182種、ユーカリア150種より網羅的にtRNA配列情報を取得し、tRNAのクローバーリーフ構造におけるポジショニングと配列の保存性が持つ関係について解析を行った。結果、tRNAのループ領域はステム領域と比べ高度に保存されている事を示し、アミノアシル合成酵素と強く相互作用を行うD-stemのみが例外的に他のステム領域と比べて保存性が高いという結果を明らかにしている。本成果はRNA-タンパク質立体構造と大規模なゲノム配列情報データを組み合わせることによってtRNA進化の包括的な理解を試みたはじめての例であり、本成果によって開発された手法は他のRNA-タンパク質の複合体にも応用が可能であることが期待できる。

二章ならびに三章で論じられた本研究の成果によって、請求者は生命情報の比較というテーマの中で重要な課題をいくつも発見し、これを解決することに成功している。生命情報を正確に比較するための手法を提案し、実データに即する形でアルゴリズムの実装を行っている。学位申請論文中で請求者はゲノム分野におけるソフトウェア開発と、トランスクリプトーム・プロテオームの分野における情報学的な解析を行っており、分野横断的な研究を一人の研究者が成し遂げたことは賞賛に値する。

以上により、請求者は今後独立した研究者として新規研究を立案・遂行する能力があると言える。よって本学位請求論文は博士（政策・メディア）の学位授与の要求水準を満たすものと認められる。