

# 論文審査の結果の要旨

氏名 三澤 計治

本論文は3章からなり、第1章は、序文、第2章は、多数の遺伝子座を用いた際の系統解析、第3章は、遺伝子の分類方法について述べられている。

現在、多数の生物種において多数の遺伝子座のアミノ酸配列情報およびDNA配列情報が知られている。今後、その量はますます増大していくであろう。したがって、このような大量のデータを有効に解析する方法が必要になってきている。本論文の目的はこのような大量情報を解析する統計的方法を開発することである。

第1章では、これまでに開発された系統樹作成法を要約し、本研究の目的が示されている。

第2章において、論文提出者は多数の遺伝子座のアミノ酸配列情報およびDNA配列情報から系統樹を作成する新しい方法を示している。系統樹作成法には最尤法などいくつかの大別できるが、ここでは距離行列法について研究を行っている。すなわち、個々の遺伝子座で得られた距離行列をどのような加重をかけて一つの距離行列を作るかという問題である。すでに知られている方法および論文提出者が開発した方法をコンピュータ・シミュレーションにより検定したところ、論文提出者が開発したTT+TTO法がもっともよい方法であることが明らかになった。審査委員会はこの方法が有効な方法であり、広く用いられる方法になる可能性があることを確認した。

第3章は、遺伝子の分類方法である。いままで、遺伝子は機能的側面から分類されることもあれば、研究者の主観に基づいて分類されることもあった。本研究においては、客観的分類方法が示されている。この方法は病院の分類方法

として知られている方法を遺伝子の分類方法に応用したものであり、似たものはおなじグループに、そうでないものは異なったグループに分類するという概念に基づいている。論文提出者は、さらにブートストラップ法による統計的検定法も開発している。例として、オプシン遺伝子族をこの方法で分類したところ、機能に基づいて分類したものと一致していることが示されている。審査委員会はこの方法は有効な分類方法の一つであることを確認した。

なお、本論文の第2章および第3章は、田嶋文生との共同研究であるが、論文提出者が主体となって行ったもので、論文提出者の寄与が十分であると判断する。

したがって、博士（理学）の学位を授与できると認める。