

論文審査の結果の要旨

氏名 小宮 健

生体中において DNA 分子は、4 種の塩基 {A, C, G, T} が並んだ記号列として遺伝情報を符号化（コード）している。DNA 分子上の各塩基は互いに相補的な塩基とのみ塩基対を組み、安定な二重らせん構造を形成する。この過程にもとづいて行われる様々な反応を利用した塩基配列の変換によって、任意の演算を実行することができる。

従来の「DNA コンピューティング」では、溶液中に存在する膨大な数の DNA 分子を用いて「解」の候補をコードし、正しい解の条件を満たす候補分子を分子生物学的な実験操作によってスクリーニングすることで、たくさんのデータを同時に処理する演算についての研究が主に行われてきた。そこでは、DNA 分子は「分子メモリ」として活用され、実際にいくつかの問題について解法が報告されている。これに対して、生体分子が本来持っている「自律的」かつ「特異的」に相互作用するという性質を、演算に活用するところみも行われてきた。そこでは、塩基配列特異的な反応を利用して、各演算ステップを実現する反応を実行する手順をプログラミングすることで、自律的に進行する演算が実現される。だが、これまでに実装された計算モデルでは、いずれもプログラムを複数の分子に分割してコードしており、1 つの反応容器内で 1 つのプログラムを処理するものであった。そのため、複数のプログラムについて、同時に段階的な演算ステップを実行することが要求される問題の解法を行うことは不可能であった。

論文提出者は、分子生物学的な実験により、一本鎖 DNA 分子を用いた分子機械を構築した。この分子機械のデザインによれば、連続的な状態の変化（状態遷移）を行うことが可能であり、1 つの反応容器内で複数のプログラムを同時に処理することができる。論文提出者は、分子機械の動作を実験によって検証し、自律的なプログラムの実行について研究を行った。本論文では、その研究の成果が述べられている。

本論文は5章からなる。第1章では、DNA コンピューティング研究の経緯と、論文提出者が行った研究のこの分野における位置づけについて述べられている。第2章では、研究の概要と、連続的な状態遷移が実行できる新規な反応のデザインについて述べられている。第3章と第4章では、論文提出者が行った実験について、材料と方法、および結果と考察がそれぞれ述べられている。まず、新規にデザインされた反応によって複数回の状態遷移を行うことが実現可能であるのかどうかを、連続2回の遷移反応について解析している。この解析において論文提出者は、複数のヘアピン構造が競合する状態遷移反応が、比較的高温な等温条件下での非平衡状態を利用して進行させることができることを見出し、効率の良い反応条件を決定している。この結果にもとづいて、さらに多段階の遷移反応をこころみ、配列セットの設計や相補鎖伸長を利用した分子機械への入力法とあわせて、連続8回の遷移反応を行うことに成功している。そして、連続8回の状態遷移反応を行った結果については、DNA コンピューティング研究では数少ない定量レベルでの解析を行っており、分子機械の性能やこれを用いた演算の妥当性についての考察を行っている。さらに論文提出者は、プログラムの同時処理という新規な並列性を有する演算パラダイムの実現可能性を検証するため、変数の数が増えるにしたがって検証すべき解の候補の数が指数関数的に増加する、「NP 完全問題」と呼ばれるクラスに属する「有向ハミルトン経路問題」を例にとり、実験による解法を行っている。異なるプログラムをコードする複数種の DNA 分子を用いて、一つの反応容器内でそれぞれ独立に遷移

反応を実行させて問題を解くことに成功しており，個々の分子がそれぞれ独立した「分子計算機」としてはたらくことを示している．以上の成果にもとづいて，第5章においては，総合討論を行っている．

なお，本論文の第2～5章の一部は，東京大学の横山茂之教授，萩谷昌己教授，坂本健作助手，西川明男博士，合津秀隆研究員，電子技術総合研究所の有田正規博士との共同研究，第3～4章の一部は，埼玉大学の伏見譲教授，北海道大学の大内東教授，山本雅人助教授，亀田充史博士との共同研究であるが，論文提出者が主体となって研究を遂行し，解析および検証を行ったもので，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．