

論文内容の要旨

論文題目 大量生物情報の可視化に関する研究

氏名 阿部 浩二

生物・医学分野における測定機器の開発・改良により、多くの実験に関して並列処理が可能となり、遺伝子配列や蛋白質の立体構造、DNA の発現量情報、蛋白質間の相互作用情報などに関するデータは膨大なものとなってきた。このため、大量に取得された生物情報を効果的に利用する技術の重要性が高まりつつある。しかし、これら情報群が蓄積されたデータベースは多数公開されてきているものの、格納された個別の情報を提示する以上の機能を有するものは少なく、多くのものは生物学的に高度な知見の導出を望む利用者の要求を満たすものとなっていないと考えられた。

本論文は、大量の生物情報群の生物学的により高度な把握を目指す立場から、提示情報の要約処理技術および提示形式としての可視化手法について論じたものである。具体的には、大規模ネットワークの持つ **Graph** 的な特性情報を明確にし、この構造特性に現われる可視化上の問題点、反映すべき生物学的知見に応じた情報処理方式の提案および可視化手法の実装、あわせて将来の大量生物情報提示環境のあり方について論じたものである。すなわち、次世代の生物学分野における高度で複雑な情報処理・利用に向けて、

- ・どのような情報が必要となるのか？
- ・どのように生物学的知見を導出可能とするのか？
- ・どのように情報を提示すべきなのか？

という問題を、特に蛋白質間相互作用ネットワークを対象とし、可視化により解決することを目的としたものである。

本論文は、7章から構成されており、第1章序論では、背景と目的について述べ研究の位置づけを明確化している。

第2章で、従来のネットワークモデル、**Graph drawing**、大量上情報の提示技術についてそれぞれ概観し、大量生物情報提示の実現に必要な研究課題及び方針について整理している。

第3章では、大量生物情報で構築されたネットワークの **Graph** 論的な特性についての調査を行っている。具体的には、ヒトに関する全蛋白質間相互作用ネットワークの大規模性の確認と **Graph** 構造的な特性を求めている。確認された、対象ネットワークの示すスケールフリー性に由来する問題点を解決することは、今後情報量がさらに増大した同種のネットワークに対しても容易に適用可能となることが示唆される。

第4章では、大量生物情報の新たな処理・提示手法として、**Graph** 構造の折り畳みによる

要約化および可視化手法を提案している。

具体的には、他の要素間の経路情報に影響を及ぼさない要素、および同一経路パターンを保持する要素群の要約化を行うことで、把握が容易な段階まで大規模ネットワークを簡略化する。また、部分的に要約を解除することで階層的な可視化も可能とする。さらに、要約化後の大域的な要約表現中においても、同時に提示することが難しかった異なるスケールでの複数視点を同時に提供することが出来るようにする。

第5章では、提案可視化手法を2種類の異なる薬剤によるDNA発現量データに適用し、提案手法の適用事例を紹介している。

この結果を元に、実在データへの適用時の有効性評価及び導き出される生物学的な知見に関する議論する。さらに、従来の描画手法との比較も行い、本提案手法の有効な特性についての確認も行う。

第6章では、前章までに得られた知見から、本手法の意義の評価・考察を述べている。

まず、現状での情報提示手法が情報の再構築および高度な意味の抽出に向いておらず、本提案手法で採用した大量情報全てを反映させた結果の提示が持つ重要性を示す。次いで、より具体的な情報提示を行うために、各種情報処理アルゴリズムに目的とする生物学的な知見を反映させることについて述べる。さらに、提案手法による情報提示が、現在の生物・医学分野で行われている作業に対し、高い正確性と時間効率を提供可能とすることについて議論する。

最後に第7章では、結論として、本論文の主たる成果についてまとめると共に、今後の課題と展望が述べられている。

大量生物情報の例として挙げた、蛋白質間相互作用ネットワークについて、従来の手法に比べ生物学的に高度な考察を可能とするような提示手法を提案および実証することができたと考えられる。今後、実際に利用してもらった研究者からのフィードバックを活かしインタフェースの改良を行い、幅広い生物学的な知見の取り込み方の検討を行うことで、本提案手法の適用可能な情報群を増やしていくことが期待される。