

論文審査の結果の要旨

氏名 道菅紳介

本論文は、タンパク質間相互作用の有無を、配列情報・局在情報等を組み合わせて予測する手法を開発し、その性能の検証を行ったものである。タンパク質間相互作用の有無に関するデータは、生命システムの理解のために重要である。本来、これらのデータは実験によって得られるべきものであるが、ハイスループットな実験による結果には誤りが多く、バイオインフォマティクスの貢献が求められている。本論文では、従来の手法に比べて予測精度の向上に成功していると判断できる。

タンパク質間相互作用の網羅的な予測を行う場合、予測対象に比べて実際に相互作用するペアの割合が少なく、通常の予測手法では多くのペアを陽性と判定してしまうため、擬陽性を如何に少なく抑えるかが重要である。本論文では、正例に比べ多くの負例を用いることにより、擬陽性を減少させることに成功していると判断できる。また、複数の Support Vector Machine (SVM) を用い、それぞれ異なった負例を用いて学習することによる予測が試みられているが、個々の SVM の学習を並列に行うことによって速度が向上するメリットはあるものの、予測精度の向上には成功していないと判断できる。

本論文で提案されたシステムはウェブ上で利用可能となっており、ユーザが自ら興味のあるタンパク質ペアの相互作用を予測できることは有用であると判断できる。

本論文の手法は、配列のアミノ酸組成、ドメインの有無、局在性等の情報を SVM で統合化してタンパク質間相互作用の有無を推定するものであるから、個々の情報のどの部分の貢献によって相互作用の有無が決まっているかの知見を得る目的や、人工タンパク質やスプライシングバリエント等の微妙な違いを捕らえて予測する用途への応用は限界があると判断できる。

本論文は、生命システムの解明に重要なタンパク質間相互作用に関する実験を行う際に、必要な予測結果を従来よりも高精度に提供する手法を提案しており、本審査委員会は全員一致で博士（科学）の学位を授与することが適当であると判断した。