

# 論文審査の結果の要旨

氏名 岩 崎 渉

ゲノムの解読は哺乳類そして脊椎動物の場合には依然として難しく時間もかかるが、原核生物などゲノムサイズが小規模の場合は容易になってきている。現在では数百生物種のゲノム配列情報が利用可能である。この資源を活用すれば祖先生物種の遺伝子セットを精密に推定することが期待される。ただし推定は単純ではない。なぜなら、進化は一定した変異率により単調に進行するのではなく、ゲノム重複や遺伝子水平伝搬など急激な非単調な変化が進化のドライビングフォースとなることが知られているからである。したがって非単調的進化をうまく取り入れた理論を構成する必要がある。

岩崎は、系統樹上の各枝における遺伝子の獲得／欠失速度の急激な変化を表現できるモデルを作成し、最尤法および期待値最大化法により推定するアプローチを提案している。例えば、ゲノム重複や寄生生活への移行により遺伝子数の急激な増加や減少がしばしば起こることに代表されるようなゲノムの非単調な進化過程をモデル化したものである。本手法を実際のゲノムデータに適用しその進化解析を行うことで、ゲノムは時に急激な変化を経つつ進化してきたことを確認するとともに、生物種横断的にゲノムの進化解析を行う場合に本手法のような工夫を行うことの必要性を示唆している。この方法で推定した遺伝子セットは急速な変化をうまく描出しており、他の独立な推定とも一致する場合が多く、世界的にも評価されている。

最近は一歩進んで、遺伝子セット進化の理論を応用して、代謝パスウェイの進化過程の再構築にも岩崎は取り組んでいる。160種の原核生物ゲノムデータに適用し、代謝パスウェイの進化過程の再構築・解析を行った。その結果、パスウェイは個々の遺伝子の獲得以上に活発に進化してきたこと、この活発な進化は遺伝子グループとしての遺伝子水平伝播によることを確認している。さらに、その中でも初期のパスウェイ獲得は異なる系統群間で同時代的に起こったことを明らかにし、パスウェイの獲得が原核生物コミュニティ内での遺伝子水平伝播によって促進されるというモデルを提案している。

これら一連の研究は、現在利用可能なゲノム情報を上手に利用して、あたらしい進化像を提案している点で評価できる。論文は平易な英語でわかりやすく書かれている。

なお、本論文は、指導教員である高木利久との共同研究であるが、論文提出者が主体となって分析及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（科学）の学位を授与できると認める。