

論文審査の結果の要旨

氏名 田部井 靖生

RNA の二次構造を配列から予測する問題は、40 年近く研究の歴史がある。近年は 機能を持った non-coding RNA の研究が進展する中で、塩基配列としては異なっている、二次構造的には類似している RNA 配列を、アラインメントにより検出する問題が注目を集めている。

しかしながら RNA の二次構造予測は計算コストが高くつくことが知られている。著名な Sankoff のアルゴリズムも、配列の長さを N としたとき最悪計算量が $O(N^6)$ にも達するため、現実的な時間で動作させることが困難である。そのため、精度をできるだけ保持しながら高速に RNA の二次構造を予測することが大切な基準となっている。さらに、異なる RNA 配列を比較して、進化的に保存された構造を予測して、アラインメントすることは自明でない。特にマッチ率が低い場合でも感度良く構造的類似性を検出するのは困難である。

田部井は、RNA 二次構造の中で、ステム（塩基部分配列が相補的に結合して比較的長い棒状の骨格を構成する部分）に注目した。そして、あらかじめステムの候補を列挙した後に、それをガイドにして RNA 二次構造を予測する効率的な計算アルゴリズムを考案した。最悪計算量が $O(N^3)$ に抑えられており、記憶領域も $O(N^2)$ 程度消費するだけで済むように実用性を重視している。注目の精度であるが、様々なベンチマークテストを使って検証した結果、マッチ率が低い RNA 配列からも高い精度で構造を予測できることを実証した。

田部井は、この二次構造を鑑みて 2 つの RNA 配列のアラインメントを計算するアルゴリズムを、多数の RNA 配列をアラインメントする問題へと拡張している。さらに、全体的な類似性を検出する大域的アラインメント、部分的な類似性を検出する局所的アラインメントという 2 種類の場合にも拡張している。どの場合においても、精度を落とさずに高速化することに成功している。本分野において国際的評価も高く *Bioinformatics* 誌に 2 つの論文を報告している。

なお、本論文第 2 章は、津田宏治、木立尚孝、金大真、浅井潔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。