

# 論文審査の結果の要旨

氏名 サティラポンサスティ ヌアンカンヤー

本論文は、遺伝子間領域に存在する転写開始点の特徴量について、次世代シーケンサー・イルミナGAを用いて、詳細な解析を行ったものである。イルミナGAから産出された約1億5000万の塩基配列データの解析結果、これらの遺伝子間転写開始点から転写される転写産物は明確なタンパク質コード領域を持たず、いわゆる **non-coding RNA** に対応するものと考えられた。塩基配列データの計算機的解析により、これまで画一の集団と考えられていた遺伝子間転写開始点群は、それぞれ特徴量の異なるいくつかのグループから形成されることが示された。また、明確に生物学的機能の示唆される群は、それぞれの特徴量の組み合わせについての統計的な解析から区分可能であった。同様に次世代シーケンサーを用いたクロマチン免疫沈降解析、ヌクレオソーム構造解析を始めとする多角的な次世代シーケンサーを用いた解析の結果、これらの転写開始点群近傍には、その転写を合目的的に保証すると考えられる特徴的なゲノム構造が存在していることが明らかとなった。さらに、本論文では、低酸素状態で培養されたヒト癌細胞、4種類について、今回提案された多角的トランスクリプトーム解析を実践し、癌細胞の低酸素応答においては、遺伝子間に見出された転写開始点群は、細胞接着に関係すると考えられる遺伝子群とその発現パターンが密接に相関することを明らかにした。

本論文は、近年のゲノム/トランスクリプトーム解析から大量に同定されつつも、その生物学的意義の不明であった遺伝子間の転写産物に対し、初めて次世代シーケンサーを用いて行われた解析であり、タンパク質をコードしない転写産物の生物学的意義、また遺伝子間領域におけるゲノムからの転写制御様式の全体像の解明に向けて大きく貢献するものであると考えられたために、博士（生命科学）を授与するのに適当であると判断された。