Osaka University Knowledge Archive

Title	光演算技術に基づくゲノム情報解析に関する研究
Author(s)	仁田, 功一
Citation	大阪大学, 2003, 博士論文
Version Type	
URL	https://hdl.handle.net/11094/44307
rights	
Note	著者からインターネット公開の許諾が得られていないため、論文の要旨のみを公開しています。全文のご利用をご希望の場合は、大阪大学の博士論文についてをご参照ください。

Osaka University Knowledge Archive : OUKA

https://ir.library.osaka-u.ac.jp/

Osaka University

【3】

氏　　名	仁　田　功　一（にった　こういち）
博士の専攻分野の名称	博　士（工　学）
学　位　記　番　号	第　17790　号
学位授与年月日	平成15年3月25日
学位授与の要件	学位規則第4条第1項該当 工学研究科物質・生命工学専攻
学　位　論　文　名	**光演算技術に基づくゲノム情報解析に関する研究**
論文審査委員	（主査） 教　授　伊東　一良 （副査） 教　授　谷田　純　　教　授　金谷　茂則　　教　授　福住　俊一 教　授　宮田　幹二　　教　授　柳田　祥三　　教　授　横山　正明 教　授　高井　義造

論文内容の要旨

本論文では、光演算技術に基づくゲノム情報解析法を開発し、そのバイオインフォマティックス分野での有効性を確認した。

第1章では、ゲノム解析の目的と現状を述べ、情報処理技術の重要性を明示した。光演算技術に基づくゲノム解析法の開発指針を検討した。具体的な研究項目として、空間符号モアレマッチング（SCMM）法に基づく配列比較と、光アレイロジック（OAL）を用いた遺伝子ネットワーク推定について概説した。

第2章では、SCMM法をゲノム解析に適用するための検討を行った。SCMM法により得られる2配列間の関係を明らかにし、SCMM法が配列間の局所的な情報抽出に有効であることを示した。既存手法との比較により、SCMM法の情報可視化技術としての有効性を明らかにした。また、SCMM法に基づくマッチング情報端末を開発し、簡便な利用環境を構築した。

第3章では、SCMM法のアミノ酸配列比較への拡張を検討し、各アミノ酸要素の化学的性質を反映させる2種類の符号化法を考案した。検証実験により、これらの符号化法が配列間の類縁性部位を高い視認性で抽出できることを示した。また、SCMM法が既存技術単独では検出困難な機能部位の抽出に有効であることを確認した。

第4章では、OAL記述による遺伝子ネットワーク推定法を検討した。遺伝子ネットワーク冗長性除去アルゴリズムを開発した。検証シミュレーションにより、このアルゴリズムが高い推定精度を実現することを示した。また、開発したアルゴリズムが計算量の観点からも実用的であることを明らかにした。

第5章では、遺伝子ネットワーク推定プロセッサの開発について報告した。大規模システムを短期間で開発するためのLSI設計手順を体系化し、機能集積度に優れるアーキテクチャを開発した。プロトタイプを試作し、検証実験に

よりその正常な動作を確認した。これらより、専用ハードウェアの開発指針を提示することができた。

第6章では、大規模画像サイズのOAL操作を実現するための光・電子融合型離散相関プロセッサ（OEDCP）について検討した。OEDCPは高い処理能力と柔軟な設計自由度を有し、既存の光実装に比べ、実現可能性に優れる。電子処理部をLSI試作し、その正常な動作を確認した。これらの検討から、OEDCPが大規模遺伝子ネットワーク推定システムの将来技術として有望であることを示した。

論文審査の結果の要旨

光演算技術を実用化するためには、具体的なアプリケーションに即した成果を提示することが求められている。ゲノム情報解析は大容量情報処理を必要不可欠とし、その社会に対する効果から考えても、光演算技術の応用分野の一つとして有望であると考えられる。光演算技術に基づくゲノムデータ解析法の有用性を明確にし、ゲノム解析の現場での導入に適した実現形態の開発が必要となる。本論文では、光演算技術をゲノム情報解析に適用し、その有効性を実証している。SCMM法において、出力モアレ縞からの情報抽出や、符号化法操作による機能拡張、既存技術との比較、専用視覚化装置の開発、アミノ酸配列比較への適用などの様々な検討を通し、その配列比較結果の視覚化技術としての特性を示している。ディジタル光演算技術の一つであるOALを並列処理記述言語として利用し、遺伝子ネットワーク推定アルゴリズムを考案している。推定結果の精度や計算量に関する評価から既存手法に対する優位性や実用性を示している。これらの結果は、光演算技術の情報可視性や大容量性などの特徴がゲノム研究に有用であることを示唆している。得られた結果を要約すると以下のとおりである。

(1) 出力モアレ縞上の特徴的なパターンと配列間の相関関係を関連付けることで、SCMM法がDNA配列間の大域的かつ局所的な情報抽出に有用であることを示している。符号化法の改良により、2配列間の1塩基置換に対する検出感度が向上することを見出している。ドットマトリックス法との比較により、高い視認性や高速かつ簡便なデータ更新など、SCMM法の情報視覚化技術としての優位性を明らかにしている。さらに、専用コンピュータ端末の開発を通し、SCMM法の利用性を向上させることに成功している。

(2) SCMM法をアミノ酸配列比較に応用し、2配列間の類縁性を含めた情報を抽出できる符号化法を考案している。実アミノ酸配列を用いた検証実験により、これらの符号化法が、既存の解析ツールでは困難な共通機能部位の検出に有効であることを確認している。

(3) OALに基づく遺伝子ネットワーク冗長性除去アルゴリズムを開発している。OALの処理形態である2次元データに対する並列演算が遺伝子間相互作用における直接的な依存関係の高精度な推定に有効であることを実証している。また、計算時間から提案手法の実用性を評価し、並列処理の導入による高速化の可能性についても明らかにしている。

(4) OALに基づく遺伝子ネットワーク推定を効率的に実行する専用ハードウェア開発を通し、機能集積度に優れるアーキテクチャを見出している。試作したプロトタイプを評価し、正確な信号が得られることを確認している。また、OALのシステム設計技術としての有効性を示し、その半導体集積化のための開発指針を提示している。

(5) 大規模データに対するOAL操作を実行するため、高性能かつ実現可能性に優れる光・電子融合型離散相関プロセッサを考案している。本プロセッサの優れた特性が、デバイス技術の現状を考慮し、大ファンイン・ファンアウト光接続系と半導体集積回路との相補的な融合により得られることを明らかにしている。また、電子処理部の試作および評価から、その正しい動作とアーキテクチャの有用性を実証している。

以上のように、本論文は、光演算技術の特性を活かしたゲノム情報解析法の検討とその実装形態の開発について述べたものである。これらの成果は、応用物理学、特にフォトニック情報工学の発展に寄与するところが大きい。よって本論文は博士論文として価値あるものと認める。