

論文 / 著書情報
Article / Book Information

題目(和文)	“単純化遺伝暗号”構成手法の汎用性の検証
Title(English)	
著者(和文)	網蔵和晃
Author(English)	Kazuaki Amikura
出典(和文)	学位:博士(工学), 学位授与機関:東京工業大学, 報告番号:甲第9541号, 授与年月日:2014年3月26日, 学位の種別:課程博士, 審査員:木賀 大介,山村 雅幸,木川 隆則,小長谷 明彦,瀧ノ上 正浩
Citation(English)	Degree:Doctor (Engineering), Conferring organization: Tokyo Institute of Technology, Report number:甲第9541号, Conferred date:2014/3/26, Degree Type:Course doctor, Examiner:,,,,,
学位種別(和文)	博士論文
Category(English)	Doctoral Thesis
種別(和文)	論文要旨
Type(English)	Summary

(博士課程)
Doctoral Program

論文要旨

THESIS SUMMARY

専攻:	知能システム科学	専攻
Department of		
学生氏名:	網蔵 和晃	
Student's Name		

申請学位 (専攻分野):	博士 (工学)
Academic Degree Requested	Doctor of
指導教員 (主):	木賀 大介
Academic Advisor(main)	
指導教員 (副):	
Academic Advisor(sub)	

要旨 (和文 2000 字程度)

Thesis Summary (approx.2000 Japanese Characters)

本論文は、「単純化遺伝暗号」構成手法の汎用性の検証」と題し和文で書かれ、5 章から構成されている。

第 1 章「序論」では、本研究の背景として遺伝暗号についてと近年に開発された単純化遺伝暗号の概要と単純化遺伝暗号を用いた進化分子工学の利点について述べている。また、単純化遺伝暗号の適用が期待される分野について工学的分野と理学的分野の中から幾つか例示して述べた。

第 2 章「Arg 抜き単純化遺伝暗号の構成」では、これまで tRNA 変異体 1 種類を用いて構成されていた単純化遺伝暗号とは異なり tRNA 複数種を用いて単純化遺伝暗号の構成を行える事を示した。この結果は、複数種類の tRNA 変異体を用いれば複数種類のアミノ酸が同時に除かれた単純化遺伝暗号の構成を行える事を示しているといえる。Trp や Cys といったこれまで遺伝暗号から除く事に成功していたアミノ酸以外も除けた事は、単純化遺伝暗号構成手法の汎用性の高さを示している。

第 3 章の「複数種類のアミノ酸が同時に除かれた単純化遺伝暗号の構成」では、複数種類の tRNA 変異体を用いれば複数種類のアミノ酸が同時に除かれた単純化遺伝暗号の構成を行える事を示した。最もアミノ酸が除かれた単純化遺伝暗号は、Trp, Cys, Tyr, Asn が同時に除かれたアミノ酸 16 種類から構成される単純化遺伝暗号である。第 2 章と同じく Trp と Cys 以外のアミノ酸を遺伝暗号から除く事に成功しており単純化遺伝暗号構成手法の汎用性の高さを示した。また、tRNA の 32 位と 38 位はアンチコドンにより特定のペアが保存されており、そのペアの変更は翻訳効率の変化を引き起こす事が知られているが、本論文の実験においてもその影響が観察されているかを考察した。

第 4 章の「硫黄抜き単純化遺伝暗号の構成」では、これまでの手法では単純化が困難である事が判明していた Met 抜き単純化遺伝暗号が、tRNA^{Met} 変異体を用いる事で構成できる事を示した。この手法を用いる事でこれまでの単純化遺伝暗号や普遍遺伝暗号といった C, H, N, O, S という 5 種類の元素から成るアミノ酸から構成される遺伝暗号ではなく、Met と Cys を同時に除く事で硫黄原子 S が除かれた元素 4 種類から成るアミノ酸から構成される単純化遺伝暗号を構成できる事を示した。

第 5 章の「総合討論」は、研究結果をまとめ、今後の展望や課題を述べている。本論文で除くのに成功したアミノ酸以外を除けるかの考察を tRNA 修飾に着目し行った。また、tRNA 変異体 2 系列 tri と loop の間での翻訳効率の際についての考察も行った。

これを要するに本論文は、これまでの単純化遺伝暗号構成手法が Tyr, Asn, Arg といったアミノ酸にも適用可能であることを示すと同時に、アミノ酸 1 種類のみではなく複数種類のアミノ酸を遺伝暗号から同時に除く事が可能であることを示し、その単純化遺伝暗号構成手法の汎用性の高さを示した。さらには、これまでの単純化遺伝暗号構成手法では除けない事が判明していた Met を新規手法により除く事に成功した。進化分子工学のツールである単純化遺伝暗号の構成手法の汎用性を示す事は工学上貢献するところが大きい。よって、本論文は、博士 (工学) の学位論文として十分な価値があるものと認められる。

備考：論文要旨は、和文 2000 字と英文 300 語を 1 部ずつ提出するか、もしくは英文 800 語を 1 部提出してください。

Note：Thesis Summary should be submitted in either a copy of 2000 Japanese Characters and 300 Words (English) or 1copy of 800 Words (English).

(博士課程)
Doctoral Program

論文要旨

THESIS SUMMARY

専攻 :	知能システム科学	専攻
Department of		
学生氏名 :	網蔵和晃	
Student's Name		

申請学位 (専攻分野) :	博士	(工学)
Academic Degree Requested	Doctor of	
指導教員 (主) :	木賀大介	
Academic Advisor(main)		
指導教員 (副) :		
Academic Advisor(sub)		

要旨 (英文 300 語程度)

Thesis Summary (approx.300 English Words)

It is generally accepted that the ancient genetic code employed fewer amino acids. In other words, biochemistry in ancient organism was realized by only using simplified proteins which was constructed by fewer amino acids. A “simplified genetic code”, with only 19 amino acids assigned to the sense codons, was recently developed. A simplified code is useful as an engineering tool for the construction of the simplified protein and for the improvement of industrial enzymes and pharmaceuticals. In this thesis, I showed versatility of a method to construct a simplified genetic code.

I showed novel simplified genetic codes in which multiple amino acids are simultaneously excluded from the universal code. In the simplest code, Tryptophan (Trp), Cysteine (Cys), Tyrosine (Tyr), and Asparagine (Asn) are assigned to serine by using four kinds of tRNA^{Ser} variants. Simplified codes in which multiple amino acids are simultaneously excluded from the code can be more effective tools than codes excluding only one amino acid. Additionally, I have demonstrated in the work will be crucial for the construction of even simpler code encoding fewer than 16 amino acids. Such simplified codes including only the amino acids that were considered to be used in putative ancient genetic codes.

It is difficult to exclude Methionine (Met) from genetic code only using our previous technique to simplify the genetic code. I developed novel technique to exclude Met from the genetic code using tRNA^{fMet} variant and tRNA^{Ser} variant. Using the novel technique and previous one, I showed sulfur-free simplified genetic codes in which Met and Cys are assigned to the other amino acid. The simplified code is constructed by four kinds of elements of carbon, hydrogen, oxygen, and nitrogen.

備考 : 論文要旨は、和文 2000 字と英文 300 語を 1 部ずつ提出するか、もしくは英文 800 語を 1 部提出してください。

Note : Thesis Summary should be submitted in either a copy of 2000 Japanese Characters and 300 Words (English) or 1copy of 800 Words (English).