

早水 桃子

情報・システム研究機構統計数理研究所
助教

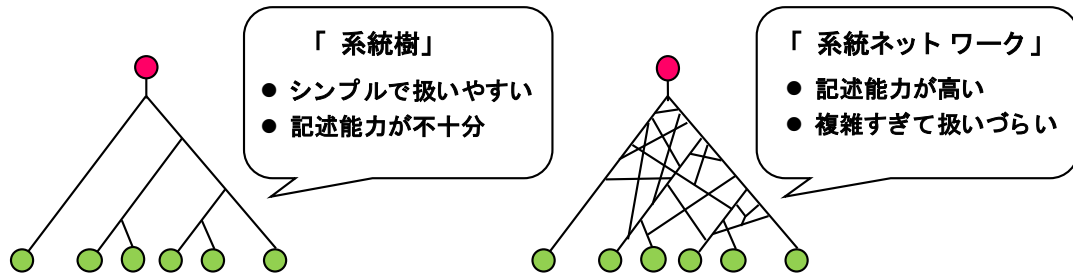
基礎医学と社会医学をつなぐ離散幾何学的モデリング

§ 1. 研究成果の概要

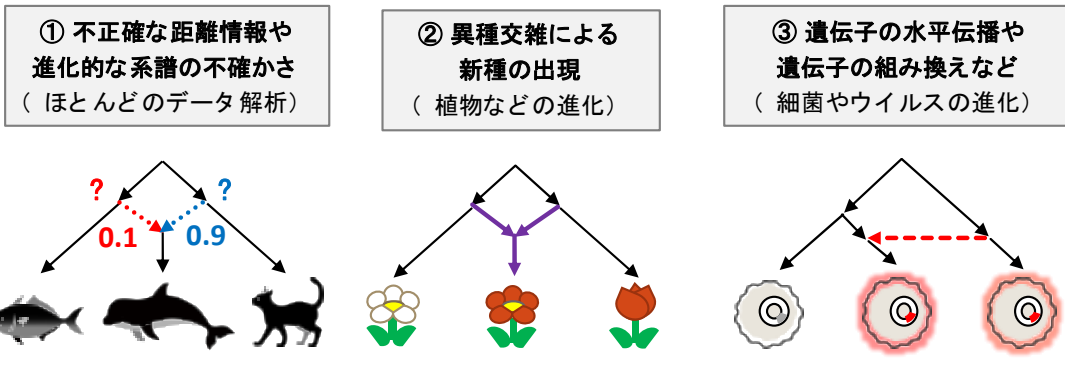
本研究では、色々な生物学的現象の記述や理解を助けるデータ解析の方法論を構築することを目指して、距離データ(非類似度データ)からグラフ構造を推定することに関する幾つかの数学的問題を扱っている。細胞の分化と生物の進化という医学的に重要な現象に焦点を合わせた研究をしているが、2018 年度は進化系統樹の推定に関して特筆すべき研究成果が得られた。

生物の進化は系統樹というグラフで記述されることが多いが、現実のデータは不正確さやノイズを含むため木構造で表せるほど単純ではなく、異なる種同士の非類似度などを正確に記述するには「系統ネットワーク」が必要である。特に最近の理論生物学分野では、系統樹の辺と辺の間に過剰な辺を追加して作られる tree-based network という系統ネットワークのクラスに注目が集まっていたが、tree-based network から系統樹を推定する方法論は数学的には十分に研究されておらず、よって実際のデータ解析に活かせるアルゴリズムもなかった。本研究では、tree-based network から系統樹を推定することに関する一連の問題(探索問題, 数え上げ問題, 列挙問題, 最適化問題)を定式化し、それらの問題を統一的に解く枠組みとなる「tree-based network の構造定理」を証明した。これにより、各問題に対する線形時間/線形時間遅延アルゴリズムを導出して tree-based network に関する複数の未解決問題を解決するとともに、最適化問題などへの新たな応用可能性も開拓することができた。(詳細は M. Hayamizu, A structure theorem for tree-based phylogenetic networks, arXiv:1811.05849 [math.CO])

◆ 進化を記述するための新しい数学的モデルが必要とされている



◆ 系統樹モデルでは記述できない生物学的現象・対象の例



§ 2. 研究実施体制

- ① 研究者: 早水 桃子 (情報・システム研究機構統計数理研究所 助教)
- ② 研究項目
 - ・基礎医学と社会医学をつなぐ離散幾何学的モデリング