

数学と情報科学で解き明かす多様な対象の数理構造と活用
2019 年度採択研究者

| |
|------------------|
| 2020 年度 年次報告書 |
|------------------|

早水 桃子

早稲田大学理工学術院
専任講師

離散幾何学が拓く計算系統学の新展開

§ 1. 研究成果の概要

データから系譜を表す木構造を推定する課題は、生物の進化の系統樹を推定する系統学分野で古くから研究されてきたが、現代の生命科学の重要な課題の中には従来の系統学にはない数学的発想による新たな方法論なしに解決できないものが多数ある。

例えば、ウイルスや細菌などの複雑な系統解析の際は系統樹を拡張した系統ネットワークというグラフ構造を使いたくなるが、非常に複雑なグラフも含むのでどのような問題なら効率的なアルゴリズムが設計可能か不明で、系統ネットワークという離散構造を進化のデータ解析にどう活用できるかは大きな課題である。

早水は以前の研究で「系統ネットワークの構造定理」という強力な結果を証明し、任意の系統ネットワークが極大ジグザグトレイルという部分構造の集合に一意に分解されることを示し、系統ネットワークに含まれる系統樹(全域系統樹)の集合の明示的な特徴づけを与えた。この結果により系統ネットワークに含まれる全域系統樹の探索・数え上げ・列挙という多項式時間で解けるか否か不明だった諸問題に対して線形時間／線形時間遅延アルゴリズムを与え、さらに系統ネットワークに含まれる全域系統樹の最尤推定を線形時間で行うアルゴリズムを導出し、全域系統樹を持つ系統ネットワークを活用した統計学的な応用を初めて開拓した。

本年度はさらなる応用の開拓として系統ネットワークの tree-based network からの逸脱度評価問題という問題に対しても線形時間アルゴリズムを導き、全域系統樹の数え上げに関する新たな予想や問題を提起して国際誌に単著論文を投稿した。

本年度は多くの研究集会がオンライン開催となったが、国内のセミナーで細胞分化の軌跡推定に関する数理的的手法について講演を行ったほか、位相的データ解析に関する国際シンポジウムでも招待講演を行った。また、領域内での連携・融合研究やアウトリーチ活動にも精力的に取り組んだ。

【代表的な原著論文情報】

1) M. Hayamizu*: ‘A structure theorem for rooted binary phylogenetic networks and its implications for tree-based networks’, arXiv:1811.05849 [math.CO].