

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

2021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

データから木構造を推定する問題は、生物の進化を表す系統樹を推定する課題との関連で古くから研究されてきたが、生命科学においては系統樹推定の古典的な方法論で解決できない多様な系統解析の課題がある。例えば、ウイルスや細菌の複雑な進化を記述するには、系統樹ではなく、系統樹を一般化した系統ネットワークを用いることが生物学的には適切だが、系統ネットワークは巨大かつ網目のように複雑なネットワークも含む大きなグラフのクラスなので、系統ネットワークに関するどのような問題に対して効率的なアルゴリズムを設計できるのかが十分に理解されていない。そのため、系統樹に比べると、系統ネットワークはまだデータ解析の実践現場で活用し尽くされていないのが現状である。早水は以前に「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、その帰結として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・最適化などの諸問題に対する高速アルゴリズムを与え、系統ネットワークに関する統計学的な応用を開拓した。本年度は 2020 年度に得た新しい結果を含めてこれまでの成果をまとめ上げた単著論文を SIAM Journal on Discrete Mathematics で出版し¹⁾、さらなる発展といえる内容の研究を進めた。生物の進化以外では、細胞の分化も重要なテーマと考える。早水は以前の研究で単一細胞の遺伝子発現データから計算された細胞分化の木構造の信頼性を測る手法を考案して Treefit というソフトウェアを発表した。本年度は領域内のさきがけ研究者やエンジニアと協働し、新しい数理的アイデアを取り入れて Treefit を改良して性能評価実験を進めた。本年度も国内・国際研究集会等で招待講演を多数行ったが、さらに YouTube で離散数学や組合せ論的系統学のアウトリーチ活動を本格的に実践し(日本語・英語・中国語)、e-Teaching Award 受賞などの高い評価を得た。その他、領域内外の研究者や企業等との連携・協働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, SIAM Journal on Discrete Mathematics 35(4), 2490–2516, 2021.