

2024 年度
創発的研究支援事業 年次報告書【公開版】

研究担当者	早水桃子
研究機関名	早稲田大学
所属部署名	理工学術院
役職名	准教授
研究課題名	離散数学と統計科学の融合による生命科学データ解析の技術革新
研究実施期間	2024 年 4 月 1 日～2025 年 3 月 31 日

研究成果の概要

本研究の目的は、シングルセルの遺伝子発現データ解析や細胞分化の軌跡推定に役立つ数的手法を開発し、細胞の系統解析の方法論を構築・整備することにある。2023 年度に続き、2024 年度も研究計画に沿って着実に成果を上げることができた。

昨年度に引き続き、シングルセル遺伝子発現データを用いた細胞分化の軌跡推定の数理的基盤となる、高次元点群データの tree-likeness の定量化手法を研究し、複数の実データセットで検証実験を行い、有効性の確認や改良を進めた。また、応用数学の国際会議 ICIAM 2023 で始まった複数の国際共同研究を順調に進展させ、特に合意系統樹の推定や系統ネットワークの平面性などについて重要な進展があった。一部の成果は Mathematical and Computational Evolutionary Biology (MCEB 2024) やブラウン大学の Semester Program (Theory, Methods, and Applications of Quantitative Phylogenomics) などの滞在型国際研究集会で発表し、国際的な共同研究活動を積極的に展開した。

その他、無向系統ネットワークの向き付け問題に対する実用的なアルゴリズムの開発に関しても進展があり、生命情報学に関するアルゴリズムの一流国際会議 Workshop on Algorithms in Bioinformatics (WABI 2024) に論文が採択された。また、前年度に発表したプレプリントが生命情報学の主要な国際誌 IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics (TCBB) にて出版された (Bridging Between Deviation Indices for Non-Tree-Based Phylogenetic Networks)。

異分野融合の観点では、2025 年 3 月に日本解剖学会/日本生理学会/日本薬理学会合同大会 (APPW 2025) において系統ネットワークの数学的基礎から生命科学とのつながりまでを紹介する招待講演を行うなど、異分野間の研究交流も促進した。

若手研究者の育成にも力を入れ、系統樹の評価手法の開発や、カクタスグラフのランダムサンプリング手法の構築など、離散数学と計算生物学を融合した多角的な研究を進め、国内外の学会・研究会で博士課程学生 RA の研究発表機会を創出した。例えば応用系の研究成果としては、鳥類の飛行様式をめぐる進化系統解析の論文が情報処理学会論文誌 IPSJ Transactions on Bioinformatics (TBIO) に再録決定し、国際会議でも口頭発表を行った。

次年度は、本年度に開発した高次元点群データやネットワーク解析の方法論をさらに発展させ、tree-likeness の定量化手法やネットワークの構築手法などをさらに洗練させるとともに、実際の生物学的データへの応用研究を本格化させる予定である。