

## 化研若手派遣滞在記

数理生物情報研究領域 成田祐紀

平成 24 年度化研若手研究者派遣事業の支援を受けて、12 月 1 日から 1 月 27 日まで間、ドイツのベルリン自由大学数学教室で Alexander Bockmayer 教授の率いる研究グループ “AG Mathematics in Life Sciences” に研究滞在させていただきました。この研究グループは CSB (Computational Systems Biology) と呼ばれる分野横断型の大学院プログラムに属しています。この研究グループは CSB (Computational Systems Biology) と呼ばれる分野横断型の大学院プログラムに属しています。このプログラムにはベルリン自由大学の他にフンボルト大学、Max Planck 分子遺伝学研究所、Max Delbrück 分子医科学研究所などのさまざまな研究室が属しており、多様なバックグラウンドを持つ意欲的な学生や若手研究者との交流の機会があって、京大単独ではなかなか得られない、非常に新鮮で刺激的な毎日を送ることができました。

広く知られている通り、ベルリンは冷戦中長らく東西に分断されていた都市で、現在でも街の雰囲気が東西で全く異なるなど、その爪跡の深さを窺い知ることができます。ベルリン自由大学も東西分断中、西側によって急遽郊外の高級住宅街を買い占めて作られたという特異な歴史を持つ大学で、戸建ての大きな住宅をそのまま改装して利用している校舎も多々あり、旧東側を代表する名門フンボルト大学の古風で重厚な外観とは全く異なった独特の趣がありました。

今回私の携わらせていただいた研究題目は「距離空間の低歪み埋め込みを利用した代謝錘の解析と高速近似アルゴリズムの開発」です。生体内の代謝ネットワークについては化研 KEGG をはじめとして近年膨大な量のデータが蓄積されつつあり、その流量解析には elementary mode と呼ばれる特徴量の計算が重要であることが知られているのですが、e.m. の列挙は通常計算量上困難であるとともに、その結果には解析上必ずしも重要でない e.m. までも含んでしまい、あまり実用的であるとは言い難いのが現状です。そこで今回、我々は高次元における距離空間埋め込みの理論を応用して e.m. の大まかな情報を維持しつつ効率的に計算する手法を提案し、その有用性を理論的ながら検証しました。

私の滞在していた期間中ドイツは非常に寒い上に陽が短く、特に冬至周辺では午後 3 時台にはもう日が沈んで真っ暗になってしまうほどで、陽が長く気候も温暖な夏とは鋭い対照をなしているのが印象的で、日本のものとは全く違った季節感を実感させられました。特に 12 月中は街中のあちこちでクリスマスマーケットが開催されていて、この国独特華やかな風物詩を楽しむことができました。このような貴重な機会を与えてくださった化研若手研究者派遣事業の関係者の方々に、この場を借りて心からお礼を申し上げたいと思います。



(左) ベルリンを代表する観光名所、ブランデンブルグ前に建てられたクリスマスツリー。

(右) ベルリン・コンツェルトハウス前のクリスマスマーケット。この広場はクリスマス以外の時期にも観光名所として人気がある。