

早水桃子さんの文部科学大臣表彰若手科学者賞受賞に寄せて

京都大学大学院理学研究科
國府 寛司

令和 4 年度の科学技術分野の文部科学大臣表彰若手科学者賞が、早稲田大学理工学術院准教授の早水桃子さんに授与されました。受賞理由は「生命科学のデータ解析に関わる離散数学の諸問題の研究」です。令和 4 年度の表彰式はコロナ禍のため文科省が指名した各賞の代表 1 名しか出席できなかつたそうですが、早水さんは若手科学者賞の受賞者 98 名の代表として出席されたそうで、数学分野に関わる代表が選ばれたという点でも喜ばしいことだと思います。

早水桃子さんは、東京大学医学部医学科を卒業後、臨床医を経て数学者に転身したという珍しい経歴の持ち主です。私は 2014 年 4 月から 6 年間、JST さきがけ数学協働領域の研究総括を務めました。早水さんは私のさきがけ領域の 3 期生の 1 人であり、そのようなご縁で私がこの早水さんのお祝いの記事を書くことになったと思います。今回の早水さんの受賞は、私にとっても大変に嬉しいことです。

早水さんはさきがけ採択時はまだ総合研究大学院大学の博士課程 3 年生で、統計数理研究所の福水健次さんの指導を受けて学位論文の準備中でした。早水さんは博士課程の当初から数学の研究を行っていたわけではなく、博士 1 年目は医学系研究者と共同して細胞の遺伝子発現データを解析するというバイオインフォマティクスに近い研究をしていたそうです。ところがその過程で多種多様な細胞のデータを 1 つのツリー構造で縮約表現するという課題に直面し、その解決を目指す中で現在の専門分野となったグラフ理論・組合せ論に出会い、近くに専門家がいなくてもかわらず、極めて短期間でその分野の論文を発表するレベルになったということです。学位取得後は順調に統数研の助教に採用されてさきがけ研究に取り組み、現在まで数学・数理科学と生命科学・統計科学・情報科学をまたぐ分野で、医学の学識と離散数学の専門性を活かしたユニークな研究を活発に続けています。

早水さんのさきがけ研究は「基礎医学と社会医学をつなぐ離散幾何学的モデリング」というテーマで、生物の進化の系統樹に限らず、生命科学の幅広い現象やデータを多様なグラフを用いて記述するための方法論を創出し、社会的意義の大きい基礎医学の課題解決に貢献することを目指すものでした。特に感染症医学や公衆衛生学において重要な細菌・ウィルスの変異プロセス、再生医療の研究で重要な幹細胞の分化プロセスなどの、系統樹モデルでは記述し切れない生命現象を表現できる、系統樹を拡張した系統ネットワークと呼ばれるグラフのクラスの数理的性質を明ら

かにする研究や、距離データのグラフ表現に関する方法論の研究を行いました。さらに単一細胞の遺伝子発現データから推定された細胞分化のツリーの良し悪しを幾何的に評価する手法の開発にも取り組み、それを実装した **Treefit** というソフトウェアも開発しました。

早水さんはさきがけ研究で多くの成果を挙げましたが、中でも組合せ論的系統学の多くの未解決問題に解決をもたらした系統ネットワークの構造定理は特に重要な成果です。上に述べた系統ネットワークは、グラフ理論的には系統樹と同じく有向非巡回グラフの一種ですが、枝の分岐だけでなく合流を許すという意味で系統樹より広い概念であり、系統樹では記述し切れない複雑な情報を一旦、系統ネットワークで記述して、その系統ネットワークから余分な枝を除去することで系統樹を求める効率的な方法があれば、系統ネットワークを活用した広範なデータの解析が可能になると考えられます。しかし系統ネットワークは系統樹より格段に広いグラフのクラスであるため、系統ネットワークが関与する計算問題で、多項式時間で解けるものはほとんど知られていませんでした。特に系統ネットワークの内部に含まれる全域系統樹というものに関しては、系統ネットワークと系統樹を関連づける生物学的に重要な意味を持つ問題が多くありますが、早水さんはこの、系統ネットワークとその中に含まれる全域系統樹の関係を明確に記述する構造定理を証明し、その構造定理を用いることで、系統ネットワークの中に全域系統樹が存在するか否かの決定問題、全域系統樹を求める探索問題、全域系統樹の総数を求める数え上げ問題、尤度などの目的関数を最大化する全域系統樹を求める最適化問題などの、応用上重要な多くの問題に対して線型時間のアルゴリズムを与え、系統ネットワークを解析する方法を整備しました。これは **SIAM Journal of Discrete Mathematics** という離散数学分野でのトップジャーナルに掲載されています。以上の結果は、早水さんが今年の日本数学会秋季総合分科会の応用数学分科会特別講演で詳しく解説していますので、ぜひその予稿をご一読されることをお勧めします。

その他にも早水さんは高次元の点群データが最小全域木で記述できるのはどのような場合かという問題意識に基づき、単一細胞の遺伝子発現データに摂動を加えて木構造を繰り返し計算し、その木構造の安定性を評価する手法を考案して、それを前述の **Treefit** というソフトウェアに実装しており、現在もその開発を継続しています。早水さんの今回の若手科学者賞は、以上のような生命科学に貢献する離散数学の幅広い業績に対して授与されたのだと思います。

早水さんは明るく好奇心旺盛で、私の領域でもさきがけ研究者同士の議論にも積極的に関わり、領域の活動を大いに盛り上げてくれました。そのような早水さんの我々のさきがけ領域活動への貢献の1つが、今年で6回目を迎えた「**JST** 数学関連

領域 未解決問題ワークショップ」です。これは早水さんが中心になって企画立案して始まったもので、JST のさきがけ・CREST・ACT-X で数学に関連する領域に参加した研究者が、自身の研究に関わる「ちょっとした未解決問題」を持ち寄って、3日間で集中的に議論して解決を目指す（もちろん解決できるとは限らない、というより解決できる方が珍しい）という合宿型の共同研究イベントです。これまで実際に多くの問題が取り上げられ、最終的に良い解決が得られた問題については、議論に参加した人たちの共著論文が発表されたりしています。私自身も毎回、参加していて、議論に参加したり、それぞれの問題グループでの熱心なディスカッションの様子を眺めて刺激を受けたりしています。今回は9月23～25日に札幌をベースにハイブリッドで開催されましたが、同じく毎回参加している早水さんとも（残念ながらオンライン越しでしたが）直接の議論もできて、楽しい時間を過ごせました。この未解決問題ワークショップのような試みは他ではあまり聞いたことがないのですが、数学ならではのユニークな試みではないかと思っており、それを考案した早水さんのアイデアに、今でもとても感謝しています。

早水さんは私のさきがけ領域の終了に重なるように、現行のさきがけ数理構造活用領域（研究総括は坂上貴之さん）にも採択され、また同じ頃に早稲田大学に異動されました。その時期がコロナ禍の始まりであり、それまで研究所勤務のためあまり経験していなかった学部生向けの授業をいきなりオンラインでやることになって大変な苦勞をされたとのことですが、コロナ禍でもYouTubeでの公開授業などに自ら挑戦し、着任1年目の終わりには必修の微分積分の授業で第9回 Waseda e-Teaching Award 大賞、2年目には早水さんが立ち上げた離散数学入門という全学の授業で第10回 Waseda e-Teaching Award 大賞を受賞されたということで、さすが早水さんと感心しました。早水さんのYouTubeチャンネルでは、前述の系統ネットワークの構造定理の論文を解説する動画も日本語と英語で公開されており、国内外で多くの方に試聴され、大規模な教育・アウトリーチ活動の成功例にもなっているようです。

医学・生命科学の深い学識や問題意識を持って数学研究に取り組む早水さんは、標準的な数学者の型にはまらないユニークな若手研究者です。そんな早水さんがこれからどんな研究を行なっていくのか、個人的にはとても楽しみです。今回の受賞を1つのステップとして、おもしろい成果をどんどんと出していかれることを大いに期待しています。若手科学者賞の受賞、おめでとうございます！