

Data-driven discovery and parameter estimation of mathematical models in biological pattern formation

菱沼, 秀和

<https://hdl.handle.net/2324/7363691>

出版情報 : Kyushu University, 2024, 博士 (医学), 課程博士
バージョン :
権利関係 : Creative Commons Attribution 4.0 International



(別紙様式 2)

氏 名	菱沼 秀和		
論 文 名	Data-driven discovery and parameter estimation of mathematical models in biological pattern formation (生物学的なパターン形成における数理モデルのデータ駆動型の発見とパラメータ推定)		
論文調査委員	主 査	九州大学	教授 今井 猛
	副 査	九州大学生体防御医学研究所	教授 久保田 浩行
	副 査	九州大学	教授 池ノ内 順一

論 文 審 査 の 結 果 の 要 旨

これまで生物のパターン形成を説明するために様々な数理モデルが用いられてきた。しかし、モデルやパラメータの選択は研究者の知識と経験に基づいて行われており研究全体のボトルネックとなっていた。そこで本研究では、特に二次元の空間パターンの場合を対象として、数理モデルが適用できるかどうかをデータ駆動型で検証するアプローチを提案した。具体的には、対象となるパターンに応じて適切な数理モデルを自動的に選択し、モデルパラメータを推定する手法を開発した。数理モデルの選択においては、Contrastive Language-Image Pre-training (CLIP)と呼ばれる追加の学習が不要な深層学習モデルを用いて特徴抽出を行い、与えられたパターン画像を潜在空間へマッピングし、そこから最適な数理モデルを特定した。一方、パラメータ推定においては、Natural Gradient Boosting (NGBoost) と呼ばれる機械学習モデルを用いた近似ベイズ推論の手法を新たに開発した。この手法は、時系列データや初期条件を必要とせず、最小限の制約下で多様な数理モデルに対してパラメータ推定を可能にした。申請者らは数理モデルの選択に関して、生物の体表模様や細菌のコロニーの形状を例として実際に類似のパターンを生成する数理モデルが候補として選択されることを確認した。また、パラメータ推定に関してはTuring パターンを用いて検証し、高精度の推定結果が得られること、およびパラメータと生じるパターンについて解析的に導かれる関係との対応が示されることを確認した。この手法により、空間パターンを用いて数理モデルを効率的に検証することが可能となった。

以上の成績はこの方面の研究の発展に重要な知見を加えた意義あるものと考えられる。本論文についての試験はまず論文の研究目的、方法、実験成績などについて説明を求め、各調査委員より専門的な観点から論文内容及びこれに関連した事項について種々質問を行ったが適切な回答を得た。

よって調査委員合議の結果、試験は合格と決定し、博士（医学）の学位に値すると認める。