

## 離散的に観測された時系列データからのモデル再構成

大久保潤

京都大学大学院情報学研究科

近年の 1 分子計測技術の発展などに伴い、細胞内反応などの「少数分子系」における揺らぎに関する研究が盛んに行われている。実験技術の発展に呼応して、揺らぎに関する理論研究も実施されており、生物学のみならず、物理学、さらにはデータ解析という観点で情報科学においても研究の幅が広がっている。

アボガドロ数からなる分子系ではない、少数分子系であることによって生じる現象についても研究が進められている。例えば、細胞内情報処理において、少数性に起因する揺らぎが大きな役割を果たしている可能性が示唆されている [1]。示唆された細胞内情報処理機構では、分子の個数に関する分布が、揺らぎの影響によって二峰的になることが重要な役割を果たす。そこで実際に二峰的な分布を与えるような時系列データが観測された場合、ポテンシャルの形状によって二峰的となったのか、それとも揺らぎの影響（拡散項の状態依存性）によって二峰的となったのかを区別する必要がある。その最も直接的な区別の方法は、データからモデルを再構成してしまい、拡散項の状態依存性を調べることだろう。

本講演では、カーネル密度推定の考え方や、確率微分方程式に対する局所線形化と呼ばれる近似手法について概説しながら、それらを組み合わせた時系列データからのモデル再構成方法について説明する [2]。

[1] Tetsuya J. Kobayashi, Phys. Rev. Lett. 106, 228101 (2011).

[2] Jun Ohkubo, Phys. Rev. E. 84, 066702 (2011).