

Z206a 機械学習アルゴリズムを用いた分子輝線データからの H₂ 柱密度の予測 -高密度領域の予測精度の改善-

島尻芳人 (九州共立大学), 川西康友 (理化学研究所), 藤田真司 (IoA), 大西利和 (大阪公立大), 宮本祐介 (福井工業大), 西村淳, Doris Arzoumanian (NAOJ), 伊藤篤史 (核融合科学研究所), 井上剛志 (甲南大), 竹川俊也 (神奈川大), 金子紘之 (上越教育大/国立天文台), 徳田一起 (九州大), 山田麟, 立原研悟, 出町史夏 (名古屋大), FUGIN AI チーム, Nobeyama-CIRCUS チーム

ハーシェル宇宙赤外線による近傍 ($d < 500$ pc) 星形成領域に対する探査観測により、観測したすべての分子雲でフィラメント構造が検出された。さらに、これらのフィラメントは、0.1 pc という特徴的な幅を持つことが示された。測定に用いるトレーサーが異なると同じフィラメントを測定しても幅が異なることも明らかになっている。そのため、この幅の普遍性を明らかにするには、大質量星形成領域にあるフィラメントの幅を近傍星形成領域と同様に連続波観測で測定する必要がある。しかし、連続波で、数 kpc にある大質量星形成領域の 0.1 pc 幅のフィラメントを十分に空間分解し、広がった構造も再現できる観測装置がない。この問題に対処するため、分子輝線データから、H₂ 柱密度を予測するため、機械学習の手法としてランダムフォレストを発展させた Extra Trees Regressor を活用し、¹²CO、¹³CO、C¹⁸O (1-0) 分子輝線データから H₂ 柱密度を予測するモデルを構築した。しかし、このモデルでは、密度が高いフィラメントの構造を再現することができなかった。そこで、おうし座分子雲 B211/213 フィラメントに対して、追加観測データを取得し、H¹³CO⁺ (1-0) などの高密度トレーサーの分子輝線データを学習に加えることで新しい予測モデルを構築した。結果、高密度領域の H₂ 柱密度予測精度を大幅に改善することに成功した。本講演では、予測された H₂ 柱密度の構造について詳細に議論する。