

研究タイトル：

ソフトコンピューティング技術によるデータ解析



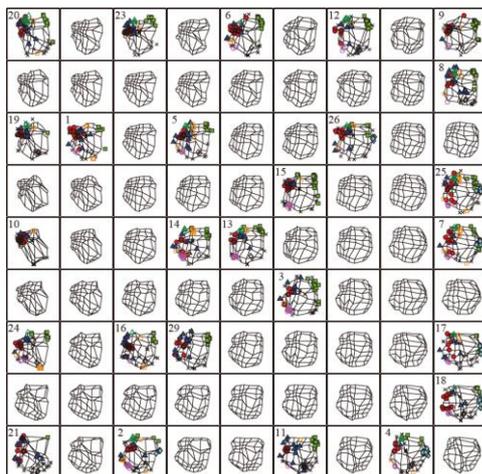
氏名：	三澤 秀明 / MISAWA Hideaki	E-mail：	misawa@ube-k.ac.jp
職名：	助教	学位：	博士(工学)
所属学会・協会：	電子情報通信学会, 日本知能情報ファジィ学会, 人工知能学会		
キーワード：	ソフトコンピューティング, データ可視化, パターン認識, データマイニング		
技術相談 提供可能技術：	・ソフトコンピューティング技術等を応用したデータ解析		

研究内容： ソフトコンピューティング技術の医療分野への応用

ソフトコンピューティング技術(ニューラルネットワーク, ファジィ理論, 進化計算など)の医療分野への応用を中心に研究を行っています。

近年では, 従来用いられてきた表形式(ベクトル形式)の多変量データに加え, 配列, 木, グラフなどの構造を持ったデータの解析の必要性が高まりつつあります. このような構造を持ったデータにおいては, 多くの場合, データ間の関係が近接度(類似度あるいは非類似度)として表されます. データ間の非類似度のみが与えられるデータは, 非類似度データと呼ばれます.

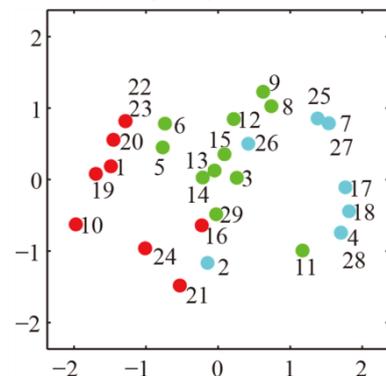
人工ニューラルネットワークモデルの1つである自己組織化マップやその拡張モデル, 次元削減手法を用いて, 非類似度データ集合間の類似性の可視化を行いました. 下図は, ヒトの腸内細菌叢について, その菌構成の類似性を可視化した例です. 遺伝子に基づいた細菌叢解析では, 各細菌叢は細菌の DNA 塩基配列の集合として表現されます. 細菌の DNA 塩基配列の非類似度は, アライメントスコアや進化距離として求めることができます. 細菌の DNA 塩基配列は非類似度データと考えることができます. 細菌の DNA 塩基配列の非類似度から細菌叢の構成に関する類似性を可視化しています.



- *Ruminococcus*
- *Bacteroides*
- ▲ *Clostridium*
- ◇ *Prevotella*
- *Faecalibacterium*
- *Eubacterium*
- △ *Roseburia*
- ◇ *Streptococcus*
- × Others

- *Ruminococcus*属で特徴づけられるグループ
- *Bacteroides*属で特徴づけられるグループ
- *Prevotella*属で特徴づけられるグループ

細菌叢の類似性マップ



提供可能な設備・機器：

名称・型番(メーカー)	