

【招待講演】

行列・テンソル分解を用いた異種バイオデータ統合解析の数理

露崎弘毅¹

概要：生命は幾つもの生体分子（例：RNA, DNA）や現象（例：SNP, CNV）が複雑に関連しあったネットワークで構成される。この大規模なネットワークに関わる生体分子・現象を全て同時に計測することは現在までのところできていない。そのかわりに、生命科学研究ではオミックスと称し、特定の生体分子・現象のみに限定した上で、それらを網羅的に計測するアプローチがとられている。このようなアプローチで得られたパッチワーク状のデータ集合から、いかに生命現象の全体像を導き出せるかが、今後のバイオインフォマティクス研究の重要な課題の一つだと考えられる。本発表では、生命科学研究で頻発する上記のようなデータ集合を「異種バイオデータ」と定義し、異種バイオデータに対して、これまでどのようなデータ解析が取り組まれてきたのかをレビューする。特に発表者の専門でもある、行列・テンソル分解によって、紹介する問題は統一的に扱えることを示し、発表者が現在取り組んでいる、行列・テンソル分解計算の共通フレームワーク化や、データ解析の自動化の構想についても議論する予定である。

¹ 国立研究開発法人理化学研究所