## **KU** EXPRESS

関西大学 プレスリリース



研究活動、AI、ゲノム科学 2018年7月19日/No.30

■ 関西大学総合情報学部・仲川勇二研究室による挑戦 ■

# AI 分野のディープラーニングにおける難題「次元の呪い」を克服する新技術を開発

~2018 年 11 月の INFORMS 国際会議(米国)で本研究を発表予定~

関西大学 総合情報学部 仲川 勇二 教授が開発した最適化ソフトウェア「HOPE」は、従来の計算手法では解くことの出来なかった複雑な組み合わせ問題を厳密に解くことができ、その技術と計算理論は、最適化の分野で最も掲載が難しく権威のある INFORMS Management Science 誌に掲載され、高い評価を得ました。

さらに近年、応用研究成果の一つとして、「失われた遺伝率」と呼ばれるゲノム科学の未解決問題を解決する 手法が構築され、DNA の塩基配列の個人差である約90万個の「SNP」から、乳がんとの関係性が知られている 17個のSNPに加え、新たに関与の可能性がある20個を発見しました(朝日新聞2018年4月19日号掲載)。

HOPE の技術を応用することでゲノム科学の難題「次元の呪い」を克服することに成功し、同様の問題を抱える AI 分野のディープラーニングにも応用できることがわかりました。学習性能が大幅に向上することが見込まれています。 <u>その技術に関する研究発表は 2018 年 11 月に INFORMS 国際会議(米国)で予定されています。</u>

#### ■ ディープラーニングにおける「次元の呪い」とは

ディープラーニングは人工知能の一分野で、大量のデータから学習し、データの特徴を抽出することができます。しかし特徴の量が増えると、学習性能が悪くなり計算の量が急激に増大するという問題があり、これを「次元の呪い」と言います。

#### ■ ゲノム科学の難題と次元の呪い

癌や糖尿病等の複雑疾患には多数のヒトゲノムが少しずつ関与していると言われていますが、複雑疾患の原因となるゲノムはその一部しか解明されておらず、分かっているゲノムから病気の説明をしようとしてもほとんど説明ができません。そのためこの問題は『失われた遺伝率』と呼ばれ、未解決の難題とされています。

この問題の難しさは、ゲノムの数に対して臨床データが少なすぎる(つまり次元の呪いが生じている)ことが 要因の一つになっています。この呪いは機械学習、統計学分野等でも未解決の大問題となっています。

#### ■ 仲川 勇二 (なかがわ ゆうじ) プロフィール

関西大学総合情報学部教授。離散最適化と呼ばれる、決定すべき変数が離散値(整数値)をとり、目的とする関数を最大化または最小化する問題を解くための技法を研究し、40年以上独自のソフトウェア『HOPE』を開発し続けている。世界で最も高速な解法の開発に成功し、高い評価を得た。金融工学、広告、マーケティング等を対象とした意思決定支援システムへの応用研究も行っており、近年はレンセラー工科大学の Chanaka Edirisinghe (チャナカ エディリシンハ) (distinguished)教授と研究チームを作り、ゲノム科学・機械学習への応用研究を精力的に行っている。



### 【本件に関するお問い合わせ先】

関西大学総合情報学部 教授 仲川 勇二

TEL: 072-690-2441 E-mail: nakagawa(at)kansai-u.ac.jp ※(at)は@に置き換えてください。

発信元

関西大学 総合企画室 広報課 担当:寺崎、浦田

〒564-8680 大阪府吹田市山手町 3-3-35 Tel.06-6368-0201 Fax.06-6368-1266 www.kansai-u.ac.jp