

バイオインフォマティクス領域におけるアニーリングアプリケーションの開発 ～ アニーリング手法による機械学習のアプリケーションフレームワーク ～

山崎 清仁

- ・ 生命科学分野における機械学習のためのフレームワーク
- ・ ベンダーのアニーラーに対応
- ・ R言語による実装
- ・ オープンソース化（予定）

主な機能：

- ・ 塩基配列データのencoding・decoding
- ・ アニーリングマシンへのAPI実行
- ・ 訓練データによる学習、特徴抽出
- ・ 評価データの推論

ビッグデータの活用と、より高度なデータ処理が求められているゲノム科学のために。バイオ研究に専念したい研究者のためのフレームワーク。

バイオ分野への訴求

バイオインフォマティクスにおける汎用的なプログラミング環境への対応
TF-DNA結合問題を検証済み

Bioinformatics

Machine Learning

Annealing Machine

新しい計算リソースの活用

物理学を基礎とする計算手法を実装した
新しい計算リソース「アニーリング・マシン」を利用可能
ベンダー毎のプラグイン機能で個々のAPIに対応

機械学習の利用

代謝パスウェイ、遺伝子ネットワーク推定、
タンパク質間相互作用ネットワーク解析、
薬物・標的タンパク質間相互作用の予測、特徴抽出
などバイオ分野での「機械学習」の適用へ