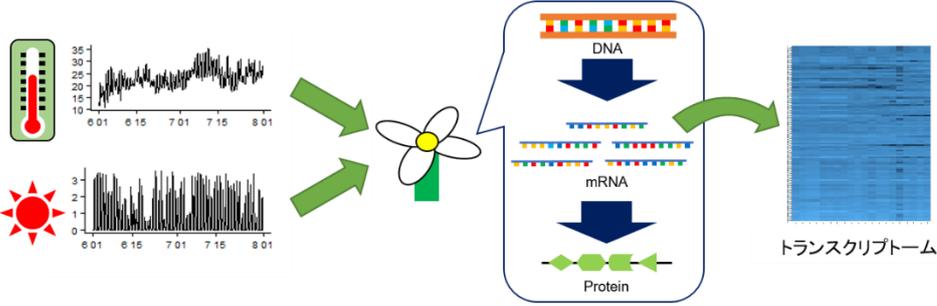


<p>データサイエンス</p>	<p>【代表的な研究テーマ】</p> <p>□ トランスクリプトームデータの統計モデリング</p> <p>□ 不確実環境における栽培条件の効率的最適化</p>
<p>key word</p>	<p>課題解決に役立つシーズの説明</p>
<ul style="list-style-type: none"> ■ トランスクリプトーム ■ 遺伝子発現 ■ 高次元データ ■ 統計モデル ■ 機械学習 	<p>・野外に生育する植物トランスクリプトームの統計モデリング</p> <p>DNA 上の遺伝子が、転写や翻訳といったプロセスを経て、そこにコードされた機能を果たす過程を遺伝子の発現と呼ぶ。この過程で生成される転写産物を定量することで、各遺伝子がどの程度働いているかを知ることができる。数万からなる遺伝子について網羅的に発現量を定量したデータをトランスクリプトームデータと呼ぶ。トランスクリプトームは生物の内部状態について非常に多くの情報を含んでいると考えられる。</p>
	<p>野外に生育する植物は、実験室の制御された環境とは異なり複雑に変動する環境に曝されつづけている。このような複雑に変動する環境に対して、植物が遺伝子レベルでどのように応答するのかを明らかにするために、野外の植物から定量されたトランスクリプトームの変動を説明できる統計モデルの構築を試みている。具体的には、イネのトランスクリプトームを、気温や日射量などの気象データ、田植え後の日数、時刻を説明変数として予測するモデルとその効率的なパラメータ探索法を提案した。このモデルは、パラメータの最適化を行ったデータとは異なる年についても、トランスクリプトームを精度よく予測することができる。最近では、自然言語処理などの全く異なる分野で提案された機械学習手法をもとに新たなトランスクリプトームデータのための分析手法の開発に取り組んでいる。</p>
<p>岩山 幸治 Koji Iwayama</p>	 <p style="text-align: center;">植物の環境応答とトランスクリプトーム</p> <p style="text-align: center;">統計モデルによるトランスクリプトームの予測</p>
<p>データサイエンス学部 准教授</p>	<p>・野外に生育する植物トランスクリプトームの統計モデリング</p>
<p>【プロフィール】</p> <ul style="list-style-type: none"> ・2008 年 慶應義塾大学大学院 政策・メディア研究科 修士課程 修了 ・2011 年 東京大学大学院情報理工 学系研究科数理情報学専 攻 博士課程 修了 ・2011 年 - 2014 年 FIRST 合原最先端数理モ デルプロジェクト 研究員 ・2014 年 - 2015 年 京大大学生態学研究センタ ー 特定研究員 ・2015 年 - 2017 年 龍谷大学食と農の総合研 究所 博士研究員 ・2017 年 - 2019 年 滋賀大学データサイエンス 教育研究センター 助教 ・2019 年 - 滋賀大学データサイエンス 学部 准教授 	<p>・栽培条件の効率的最適化</p> <p>より高収量・高品質な収穫を実現する栽培条件を効率的に探索する数理的手法の開発を行っています。作物を収穫するまで栽培するには、長い時間を要するため、多くの条件を網羅的に試すことはできません。また、栽培時の気象条件によって同じ条件で栽培しても得られる結果は異なってきます。このように不確実な環境で、最適な条件を効率的に探索するため、ベイズ的最適化という手法の研究を行っています。</p>
<p>【主な社会的活動】</p> <ul style="list-style-type: none"> ● 所属学会 ・人工知能学会 ・日本計算機統計学会 	<p>企業・自治体へのメッセージ</p>
<p>【主な論文】</p> <p>・ K. Iwayama, Y. Aisaka, N. Kutsuna, A.J. Nagano, FIT: Statistical modeling tool for transcriptome dynamics under fluctuating field conditions, Bioinformatics, 33 (11), 1672-1680, 2017.</p>	<p>主に、野外で生育する植物に関するデータの解析を行っていますが、開発した手法はこうした対象以外にも適用可能です。高次元データの分析や条件を完全に制御できない状況での最適化などに関する共同研究を希望します。</p>