

令和元年6月6日現在

機関番号：11301

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2016～2018

課題番号：16K08638

研究課題名（和文）深層学習による大規模ゲノムコホート解析

研究課題名（英文）Large-scale Genomic Cohort Study by Deep Learning

研究代表者

田宮 元（TAMIYA, Gen）

東北大学・東北メディカル・メガバンク機構・教授

研究者番号：10317745

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,700,000円

研究成果の概要（和文）：大規模ゲノムコホート研究では、数万人の参加者について、健康診断結果や疾患アウトカム、各種の血液検査値や画像データ、時には、メタボロミクスやプロテオミクスまで含めて、数百から千を超える表現型形質データが計測される。これらの計測データの高次元性とその高度な相関構造は、遺伝子や環境、その相互作用の効果を統計的に検出する際の本質的障害である。そこで本研究では、人工知能の一種である深層学習の枠組みを用いて、この高次元データから柔軟に特徴抽出を行い、それを個々の健康状態の指標（健康状態変数）として用いることで、この障害を解決し、これまで未知であった遺伝子や環境因子、その相互作用の効果を解明しつつある。

研究成果の学術的意義や社会的意義

現在、深層学習の研究は人工知能分野で活発に行われ、すでに多くのアルゴリズムが工夫され公開されている。本研究は、このような最先端の枠組みを遺伝学・ゲノム医学分野に応用して、大規模ゲノムコホートデータ解析の限界を克服し、より網羅的な遺伝統計学的分析手法を開発しているところが特色・独創的な点である。これにより、大規模ゲノムコホートデータを網羅的に用いた因子間相互作用解析手法が開発され、妥当な計算機資源で実行可能なソフトウェアとして整備される。このようなソフトウェアは、限られた研究施設でなくとも解析の実行を可能にし、大規模ゲノムコホート研究でのジレンマを打破するブレークスルーになると期待される。

研究成果の概要（英文）：In large-scale genomic cohort studies, we have several hundreds or over thousand phenotype data from tens of thousands participants: health exam results, diseases outcome, blood test and imaging data, if any, metabolomics and proteomics data. The high dimensionality and correlation structure may become an obstacle in the statistical detection of the effect among genes, environments and their interactions. In this study, we utilized a framework of deep learning to flexibly extract features from the high dimensional data as health status variable that overcome the obstacle to be deciphering these effect.

研究分野：人類遺伝学、遺伝統計学、ゲノム科学

キーワード：遺伝統計学 人類遺伝学 コホート研究 遺伝子×環境相互作用 深層学習

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19、CK - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

タバコや血友病遺伝子のように、疾患などの健康状態に単独で強い効果を及ぼす遺伝子や環境因子は、すでに取りつくされてしまったとされているが、それらの因子だけでは、ヒトの健康状態を説明しきれない。誰もが知っているような強い効果を持つ因子ではなく、疫学とゲノム医学の両分野はともに、中程度の効果や複雑な効果をもつ因子の同定に方向転換されてきたが、それぞれ単独では有効な打開策を見出せていない。疫学とゲノム医学の両分野は現在、隠された強い効果として期待される「因子間（遺伝子×遺伝子あるいは遺伝子×環境）の相互作用」の研究に収斂しつつあり、その実現のため、両分野の融合した大規模ゲノムコホートが整備され始めている。

しかしながら、大規模ゲノムコホート研究が生産する網羅的データは典型的な少標本高次元データであって、これを統計学的な保証を持って有効に分析する方法が存在しない。例えば、従来、血圧や血糖値のような量的データであれば線形回帰が、疾患のような悉無形質（二値形質）であればロジスティック回帰分析が用いられてきた。特に、多数の説明変数を許す重回帰モデルであれば、交絡因子や相互作用項を容易に扱うことが出来るため、回帰分析の枠組みが好んで用いられる。この重回帰モデルで、 n 人のサンプルに対する p 個のパラメータを持つ複数次元の線型方程式（正規方程式）を解き、各回帰係数を推定する際に、 $p \gg n$ 条件下（説明変数よりもサンプルサイズが小さい条件）では正則性の破綻から逆行列が得られず、一意な解が求められない。一方で、単純な単回帰の反復では、交絡関係が調整されないだけでなく、その多重性のために補正に耐えない。これがいわゆる $p \gg n$ 問題あるいは機械学習分野で古くから知られる「次元の呪い」であり、その本質的解決なくしては、大規模ゲノムコホート研究はその本来の目的を達し得ない。他方で、遺伝子やの環境因子、その相互作用が寄与すると想定される表現型形質（回帰分析の枠組みでの応答変数に相当する）についても、昨今のゲノムコホート研究では、計測技術の進歩もあって、非常に多くのデータが取得される傾向にある。例えば、罹患状態のような従来のアウトカムデータだけではなく、健康診断での血液検査値であれば、血糖値や肝機能値のような一般的な項目でも数十、場合によっては数百にもおよび項目が取得され、中間表現型として分析に用いられる。更には、レントゲン画像や MRI 脳画像のような画像診断データ、メタボロミクスやプロテオミクスまで含め、時にはこれらのデータが経時的に取得されることもあり、数千にも及ぶデータ数となる。

遺伝的多型などの説明変数に相当する因子の側の高次元性については、最近では、高次元変数選択のような統計的機械学習の最新手法を用いた次元削減の努力により、申請者たち自身によって部分的には解決され始めているが、上記のような応答変数側の高次元性については、ほとんど対策が行われていない。実際には、目的とする表現型のみを不適切に逐次的に取り出して分析したり、全ての表現型を盲目に一度に分析することが行われるが、このような対処法では、高度の相関を示す表現型については研究が過度に保守的になったり、統計学的な困難が生じることは、説明変数の高次元性の場合と状況は変わらない。

2. 研究の目的

本研究では、深層学習の枠組みを利用して、高次元の表現型計測データから健康状態変数を特徴表現抽出するためのソフトウェアを開発する。これを ADNI（800 人余りのアルツハイマー病コホート）のような公開ゲノムコホートデータや東北メディカル・メガバンク機構で収集されている数万人規模の大規模ゲノムコホートデータへ適用して、遺伝子×遺伝子ならびに遺伝子×環境相互作用の同定を可能にする。

3. 研究の方法

まず、入力とする表現型の選抜とそのスケージングの検討、深層学習のための多層ニューラルネットワークをデザインし、テストデータを与えて、特徴表現学習のトレーニングとフィードバックを行った。このプロトタイプングをもとに、健康状態変数を抽出するための深層学習アルゴリズムのソフトウェア実装を行った。また、実際のゲノムコホートデータを与えて、特徴表現抽出を行い、抽出された健康状態変数を応答変数とし、ゲノムワイド SNPs 情報と環境因子（生活習慣）その相互作用を説明変数とした高次元変数選択による網羅的解析を行っている。同定された効果については、アノテーションを行い、追試研究へのリストアップを進めている。

4. 研究成果

深層学習の顕著な特性のひとつは、多層ニューラルネットワークを用いて、目標出力を行わずに、入力だけの訓練データでの教師なし学習を行いデータに含まれる特徴量（特徴表現）を柔軟に抽出することである。これは、柔軟でより適切なデータの特徴表現学習とも言える。例えば、単層の順伝播ニューラルネットワークでの入力 x と出力 y を以下の様に定式化するとする。

$$y = f(Wx + b) \quad (\text{式1})$$

この単層ニューラルネットワークを折り返して二層化した場合、二層目での入力は一層目での出力 $y(x)$ であり、一層目の入力 x から二層目の出力 \hat{x} への変換は、以下のように書ける。

$$\hat{x}(x) = \tilde{f}(\tilde{W}y + \tilde{b}) = \tilde{f}(\tilde{W}(Wx + b) + \tilde{b}) \quad (\text{式2})$$

ここで、訓練データ x_1, x_2, \dots, x_N が与えられたときに、各サンプル x_n を入力したときのネットワークの出力 \hat{x}_n が x_n に近づくように、確率的勾配降下法などで誤差関数を最小化することで、学習が行われる。ここで、 x に対して決まる中間層の出力 y を x の符号 (code) と見做して、最初の変換 (式 1) を符号化 (encode)、次の変換 (式 2) を復号化 (decode) と呼ぶ。ここで、入力を符号化・復号化したときに、入力が再現されるように符号化が行われるニューラルネットワークを自己符号化器 (autoencoder) と呼び、深層学習における特徴表現学習の基本デザインとなる。この自己符号化器で、活性化関数 f が恒等関数である場合は通常の主成分分析と見做せ、深層学習で非線形関数を選ぶ場合には非線形主成分分析に等しい。ここで、深層学習における自己符号化器の中間層パラメータ (W, b) がデータを表現する「特徴」と呼ばれ、この変換を受けた y が「特徴表現」と呼ばれる (主成分分析における主成分得点に相当する)。以上のデザインを基礎にして、実際のデータに最適な具体的デザインを定めた。

(1) 入力に用いる表現型の選択とスケールリング

実際のコホートデータに含まれる表現型について、そのデータ型やスケールを整理し、各表現型間の相関構造などを事前に調査して、入力に用いることのできる表現型計測値を選択し、入力に適したスケールリングを行った。ここで、入力データの次元数が決定された。

(2) 深層学習のための多層ニューラルネットのデザイン

ニューラルネットワークは、入力層、中間層、出力層からなるとする。各層の初期ユニット数は、上記(1)で決定された入力データの次元数によって増減させた。中間層のユニット数はランダムに設定し、最終的に成績のよいユニット数を採用した。事前に学習用のサンプルデータを使ってネットワークの適合学習を実施し、この際、中間層のユニット数とネットワークの初期重み変数をランダムに設定し、複数種類のネットワークを生成するものとした。学習後に各ネットワークの推定精度を評価し、最も成績のよいネットワークを採用した。学習時には、過学習を避けるために、推定精度を逐次チェックした。

(3) ソフトウェア実装

以上につき、ソフトウェア実装を行った。特に、計算負荷の高い確率勾配降下法などは、安価で高速な supercomputing を可能とする GPGPU (General Purpose Graphical Processing Unit) 技術で行った。

(4) 健康状態変数の構築

作成された深層学習ソフトウェアを、ADNI データや東北メディカル・メガバンク機構で収集された表現型データに適用し、特徴表現抽出を行い、健康状態変数としての定義を進めている。必要に応じて、健康状態変数値に対応する実際の健康状態変化を prospective に記録し、今後の更なる応用に備えた。

(5) 網羅的分析による効果を持つ因子の同定

上記の健康状態変数を応答変数とし、ゲノムワイド SNPs 情報、環境因子 (生活習慣)、その相互作用項を全て説明変数として含めて、高次元変数選択法によるアソシエーション解析を進めている。高次元変数選択手法としては、これまでの研究で罰則付き回帰 (Sure Independence Search; SIS) を実装したソフトウェアプログラムを利用した。

(6) 同定された因子のアノテーションとリストアップ

上記手順で同定された遺伝子や環境因子、その相互作用を機能的な情報でアノテーションし、リストアップを進めつつある。

5 . 主な発表論文等

[雑誌論文] (計 17 件)

Sakurai R, Ueki M, Makino S, Hozawa A, Kuriyama S, Takai-Igarashi T, Kinoshita K, Yamamoto M, Tamiya G. Outlier detection for questionnaire data in biobanks. Int J Epidemiol. 査読あり、印刷中、2019
doi: 10.1093/ije/dyz012

Miura E, Tsuchiya N, Igarashi Y, Arakawa R, Nikkuni E, Tamai T, Tabata M, Ohkouchi S, Irokawa T, Ogawa H, Takai-Igarashi T, Suzuki Y, Kuriyama S, Tamiya G, Hozawa A, Yamamoto M, Kurosawa H. Respiratory resistance among adults in a population-based cohort study in Northern Japan. Respir Investig. 査読あり、印刷中、2019
doi: 10.1016/j.resinv.2018.12.008

Shido K, Kojima K, Yamasaki K, Hozawa A, Tamiya G, Ogishima S, Minegishi N, Kawai Y, Tanno K, Suzuki Y, Nagasaki M, Aiba S. Susceptibility Loci for Tanning Ability in the Japanese Population Identified by a Genome-Wide Association Study from the Tohoku Medical Megabank Project Cohort Study. J Invest Dermatol. 査読あり、印刷中、2019

doi: 10.1016/j.jid.2019.01.015

Yasuda J, Kinoshita K, Katsuoka F, Danjoh I, Sakurai-Yageta M, Motoike IN, Kuroki Y, Saito S, Kojima K, Shiota M, Saigusa D, Otsuki A, Kawashima J, Yamaguchi-Kabata Y, Tadaka S, Aoki Y, Mimori T, Kumada K, Inoue J, Makino S, Kuriki M, Fuse N, Koshiha S, Tanabe O, Nagasaki M, [Tamiya G](#), Shimizu R, Takai-Igarashi T, Ogishima S, Hozawa A, Kuriyama S, Sugawara J, Tsuboi A, Kiyomoto H, Ishii T, Tomita H, Minegishi N, Suzuki Y, Suzuki K, Kawame H, Tanaka H, Taki Y, Yaegashi N, Kure S, Nagami F; Tohoku Medical Megabank Project Study Group, Kosaki K, Sutoh Y, Hachiya T, Shimizu A, Sasaki M, Yamamoto M. Genome analyses for the Tohoku Medical Megabank Project towards establishment of personalized healthcare. *J Biochem.* 査読あり、165(2)、2019、139-158

doi: 10.1093/jb/mvy096

Obara T, Ishikuro M, [Tamiya G](#), [Ueki M](#), Yamanaka C, Mizuno S, Kikuya M, Metoki H, Matsubara H, Nagai M, Kobayashi T, Kamiyama M, Watanabe M, Kakuta K, Ouchi M, Kurihara A, Fukuchi N, Yasuhara A, Inagaki M, Kaga M, Kure S, Kuriyama S. Potential identification of vitamin B6 responsiveness in autism spectrum disorder utilizing phenotype variables and machine learning methods. *Sci Rep* 査読あり、8(1)、2018、14840

doi: 10.1038/s41598-018-33110-w

Yasuda J, Katsuoka F, Danjoh I, Kawai Y, Kojima K, Nagasaki M, Saito S, Yamaguchi-Kabata Y, Tadaka S, Motoike IN, Kumada K, Sakurai-Yageta M, Tanabe O, Fuse N, [Tamiya G](#), Higasa K, Matsuda F, Yasuda N, Iwasaki M, Sasaki M, Shimizu A, Kinoshita K, Yamamoto M. Regional genetic differences among Japanese populations and performance of genotype imputation using whole-genome reference panel of the Tohoku Medical Megabank Project. *BMC Genomics* 査読あり、19(1)、2018、551

doi: 10.1186/s12864-018-4942-0

Kuroha T, Nagai K, Gamuyao R, Wang DR, Furuta T, Nakamori M, Kitaoka T, Adachi K, Minami A, Mori Y, Mashiguchi K, Seto Y, Yamaguchi S, Kojima M, Sakakibara H, Wu J, Ebana K, Mitsuda N, Ohme-Takagi M, Yanagisawa S, Yamasaki M, Yokoyama R, Nishitani K, Mochizuki T, [Tamiya G](#), McCouch SR, Ashikari M. Ethylene-gibberellin signaling underlies adaptation of rice to periodic flooding. *Science* 査読あり、361(6398)、2018、181-186

doi: 10.1126/science.aat1577

Hiyama G, Mizushima S, Matsuzaki M, Tobar Y, Choi JH, Ono T, Tsudzuki M, Makino S, [Tamiya G](#), Tsukahara N, Sugita S, Sasanami T. *Sci Rep.* 査読あり、8(1)、2018、10012

doi: 10.1038/s41598-018-28368-z

Koshiha S, Motoike I, Saigusa D, Inoue J, Shiota M, Katoh Y, Katsuoka F, Danjoh I, Hozawa A, Kuriyama S, Minegishi N, Nagasaki M, Takai-Igarashi T, Ogishima S, Fuse N, Kure S, [Tamiya G](#), Tanabe O, Yasuda J, Kinoshita K, Yamamoto M. Omics research project on prospective cohort studies from the Tohoku Medical Megabank Project. *Genes Cells.* 査読あり、23(6)、2018、406-417.

doi: 10.1111/gtc.12588

Yamaguchi-Kabata Y, Yasuda J, Tanabe O, Suzuki Y, Kawame H, Fuse N, Nagasaki M, Kawai Y, Kojima K, Katsuoka F, Saito S, Danjoh I, Motoike IN, Yamashita R, Koshiha S, Saigusa D, [Tamiya G](#), Kure S, Yaegashi N, Kawaguchi Y, Nagami F, Kuriyama S, Sugawara J, Minegishi N, Hozawa A, Ogishima S, Kiyomoto H, Takai-Igarashi T; ToMMo Study Group, Kinoshita K, Yamamoto M. Evaluation of reported pathogenic variants and their frequencies in a Japanese population based on a whole-genome reference panel of 2049 individuals. *J Hum Genet.* 査読あり、63(2)、2017、213-230

doi: 10.1038/s10038-017-0347-1

Hachiya T, Komaki S, Hasegawa Y, Ohmomo H, Tanno K, Hozawa A, [Tamiya G](#), Yamamoto M, Ogasawara K, Nakamura M, Hitomi J, Ishigaki Y, Sasaki M, Shimizu A. Genome-wide meta-analysis in Japanese populations identifies novel variants at the TMC6-TMC8 and SIX3-SIX2 loci associated with HbA1c. *Sci Rep.* 査読あり、7(1)、2017、16147

doi: 10.1038/s41598-017-16493-0

Takai-Igarashi T, Kinoshita K, Nagasaki M, Ogishima S, Nakamura N, Nagase S, Nagaie S, Saito T, Nagami F, Minegishi N, Suzuki Y, Suzuki K, Hashizume H, Kuriyama S, Hozawa A, Yaegashi N, Kure S, [Tamiya G](#), Kawaguchi Y, Tanaka H, Yamamoto M. Security controls in an integrated Biobank to protect privacy in data sharing: rationale and study design. *BMC Med Inform Decis Mak.* 査読あり、17(1)、2017、100

doi: 10.1186/s12911-017-0494-5

高山順、田宮元、AI創薬に向けた複雑な疾患の遺伝統計学モデル、日本化学会情報化学部会誌、査読あり、35、2017、128-132

doi: 10.11546/cicsj.35.158

Ueki M, Kawasaki Y, Tamiya G. Detecting genetic association through shortest paths in a bidirected graph. Genet Epidemiol. 査読あり、41(6)、2017、481-497

doi: 10.1002/gepi.22051

Araki Y, Okamura K, Munkhbat B, Tamiya G. Erdene-Ochir B, Nemekhbaatar L, Hozumi Y, Suzuki T. Whole-exome sequencing confirmation of multiple MC1R variants associated with extensive freckles and red hair: Analysis of a Mongolian family. J Dermatol Sci. 査読あり、84(2)、2016、216-219

doi: 10.1016/j.jdermsci.2016.08.009

Kuriyama S, Yaegashi N, Nagami F, Arai T, Kawaguchi Y, Osumi N, Sakaida M, Suzuki Y, Nakayama K, Hashizume H, Tamiya G, Kawame H, Suzuki K, Hozawa A, Nakaya N, Kikuya M, Metoki H, Tsuji I, Fuse N, Kiyomoto H, Sugawara J, Tsuboi A, Egawa S, Ito K, Chida K, Ishii T, Tomita H, Taki Y, Minegishi N, Ishii N, Yasuda J, Igarashi K, Shimizu R, Nagasaki M, Koshiba S, Kinoshita K, Ogishima S, Takai-Igarashi T, Tominaga T, Tanabe O, Ohuchi N, Shimosegawa T, Kure S, Tanaka H, Ito S, Hitomi J, Tanno K, Nakamura M, Ogasawara K, Kobayashi S, Sakata K, Satoh M, Shimizu A, Sasaki M, Endo R, Sobue K, Tohoku Medical Megabank Project Study Group T, Yamamoto M. The Tohoku Medical Megabank Project: Design and Mission. J Epidemiol. 査読あり、26(9)、2016、493-511

doi: 10.2188/jea.JE20150268

Ueki M, Tamiya G. Smooth-threshold multivariate genetic prediction with unbiased model selection. Genet Epidemiol. 査読あり、40(3)、2016、233-43

doi: 10.1002/gepi.21958

[学会発表](計21件)

田宮元、人工知能・機械学習手法による大規模ゲノムコホート解析、第1回日本メディカルAI学会学術集会(招待講演)2019年1月25日~1月26日、国立がん研究センター研究所(東京都中央区)

植木優夫、全ゲノム配列情報を用いた疾患発症予測に向けて、科研費研究集会「予測モデリングとその周辺-機械学習・統計科学・情報理論からのアプローチ-」2018年11月23日~11月25日、成蹊大学(東京都武蔵野市)

田宮元、RNF213の遺伝統計解析、日本脳神経外科学会第77回学術総会(招待講演)2018年10月10日~10月12日、仙台国際センター(仙台市)

田宮元、ジャポニカアレイの遺伝統計解析、第3回ジャポニカアレイ研究会(招待講演)2018年9月15日、株式会社東芝本社ビル(東京都港区)

植木優夫、ゲノムデータ解析の理論と実践、リスク解析戦略研究センターシンポジウム(招待講演)2018年7月17日、フクラシア丸の内オアゾ(東京都千代田区)

田宮元、人工知能技術によるゲノムコホート研究、第225回日本小児科学会宮城地方会(招待講演)2018年7月1日、東北大学星陵オーデトリウム(仙台市)

Ueki M, Kawasaki Y, Tamiya G. Detecting genetic association through shortest paths in a bidirected graph. International Workshop at Waseda University 2018 (IWAWU2018)(招待講演)(国際学会)2018年3月23日、早稲田大学西早稲田キャンパス(東京都新宿区)

植木優夫、川崎能典、田宮元、双方向グラフ上の最短経路を利用した遺伝関連解析、科研費研究集会「生命・自然科学における複雑現象解明のための統計的アプローチ」2018年2月15日~2月16日、滋賀大学彦根キャンパス(彦根市)

Ueki M. Rapid and accurate genetic predictive modelling for large-scale genetic study. IASSL 3rd INTERNATIONAL CONFERENCE(招待講演)(国際学会)2017年12月28日~12月29日、Colombo (Sri Lanka)

田宮元、東北メディカル・メガバンク機構の大規模ゲノムデータの紹介、2017年度生命科学系学会合同年次大会(招待講演)2017年12月6日~12月9日、神戸ポートアイランド(神戸市)

Ueki M. Detecting genetic association through shortest paths in a bidirected graph. ISI-ISM-ISSAS Joint Conference(国際学会)2017年11月30日~12月2日、統計数理研究所(東京都立川市)

Tamiya G. Machine Learning / Artificial Intelligence Based Methods for Genomic Cohort. 2nd Karolinska-Tohoku Joint Symposium on Medical Sciences(招待講演)(国際学会)2017年10月2日~10月4日、東北大学星陵オーデトリウム(仙台市)

田宮元、ジャポニカアレイを用いた東北メディカル・メガバンク機構大規模ゲノムコホートの解析について、第2回ジャポニカアレイ研究会(招待講演)2017年9月23日、株式会社東芝本社ビル(東京都港区)

Tamiya G. Genetic Epidemiological Studies of the ToMMo Genomic Cohorts. 第21回国際疫学会総会(招待講演)(国際学会)2017年8月19日~8月22日、ソニックシティ(さいたま市)

Ueki M., Kawasaki Y., Tamiya G. Detecting genetic association through shortest paths in a bidirected graph. IFCS2017(招待講演)(国際学会)2017年8月8日~8月10日、東海大学高輪キャンパス(東京都港区)

田宮元、ゲノム医療におけるリスク予測へ向けて、NGS現場の会第五回研究会(招待講演)2017年5月22日~5月24日、仙台国際センター(仙台市)

田宮元、ゲノムコホートの遺伝統計学、統数研生物統計ネットワークシンポジウム(第8回)(招待講演)2017年3月27日~3月28日、アクロス福岡(福岡市)

Ueki M., Rapid and accurate genetic predictive modeling for large-scale genetic study. ISI-ISM-ISSAS Joint Conference(国際学会)2017年2月19日~2月21日、Delhi (India)

Ueki M., Tamiya G. Smooth-threshold multivariate genetic prediction with unbiased model selection. Annual Meeting of the American Society for Human Genetics(国際学会)2016年10月18日~10月22日、Vancouver (Canada)

Ueki M., Tamiya G. Smooth-threshold multivariate genetic prediction with unbiased model selection. 2016 International Conference for JSCS 30th Anniversary in Seattle(国際学会)2016年10月16日~10月17日、Seattle (USA)

⑳ 田宮元、大規模ゲノムコホートの遺伝統計学、第5回生命医薬情報学連合大会(IIBMP 2016)2016年10月1日、東京国際交流館プラザ平成(東京都江東区)

〔図書〕(計1件)

富田誠、植木優夫、共立出版、ゲノムデータ解析、2016、116

〔その他〕

ホームページ等

<http://www.genetix-h.com/~AMERI/>

6. 研究組織

(1)研究分担者

研究分担者氏名：植木 優夫

ローマ字氏名：(UEKI, masao)

所属研究機関名：国立研究開発法人理化学研究所

部局名：革新知能統合研究センター

職名：研究員

研究者番号(8桁)：10515860

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。