

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 26 年 6 月 5 日現在

機関番号：12611

研究種目：基盤研究(C)

研究期間：2011～2013

課題番号：23500113

研究課題名(和文)空間充填型木構造可視化手法に基づくオイラー図の描画

研究課題名(英文)Euler diagram drawing applying a space-filling tree data visualization technique

研究代表者

伊藤 貴之 (ITO, Takayuki)

お茶の水女子大学・大学院人間文化創成科学研究科・教授

研究者番号：80401595

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 4,000,000円、(間接経費) 1,200,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では木構造の可視化手法として知られている空間充填法を用いて、オイラー図を描画する手法について検討・開発した。申請採択後の研究期間中に多数の類似手法が発表されたため、本研究ではそれらの手法との主観比較評価に重点を置き、類似手法と比較しての長所や短所を導き、今後の当該課題における研究の展望をまとめた。さらに本課題から派生して一般的なグラフ構造のためのエッジ束化という課題にも取り組み、遺伝子ネットワークおよび論文参照関係ネットワークの可視化にも取り組んだ。

研究成果の概要(英文)：We studied and developed an Euler diagram drawing technique applying a space-filling algorithm for tree data visualization. Since many related techniques were presented after this proposal is accepted, we focused on subjective comparative evaluation of the drawing results as well as the development of the presented technique. We found pros and cons of the presented technique and conducted the future work in this problem. We also focused on visualization of general graph drawing with an edge bundling algorithm derived the presented technique. We visualized gene network datasets, and academic paper citation network datasets.

研究分野：総合領域

科研費の分科・細目：情報学/メディア情報学・データベース

キーワード：可視化 オイラー図

1. 研究開始当初の背景

情報可視化は人文・社会・自然科学を問わず幅広い分野に蓄積される情報をグラフィカルに表現する技術である。当該分野で世界的権威を有する B. Shneiderman は、情報可視化が対象とするデータ構造を、

1次元, 2次元, 3次元, 多次元,
時系列, 木構造, グラフ

の7種類と定義している。この7種類の中で研究代表者は、主に木構造の可視化において成果をあげている。

一方で、木構造の可視化に関する代表的な手法として、

- ノード=リンク法：ノードとリンクの接続で木構造を表現する（図 1(上)参照）
- 空間充填法：表示空間を分割してできる部分空間に葉ノードを充填する（図 1(下)参照）

がある。空間充填法のノード=リンク法に対する長所は、大規模な木構造を、より多数の葉ノードを互いに重ならないように表示し、それらを一望できるという点である。

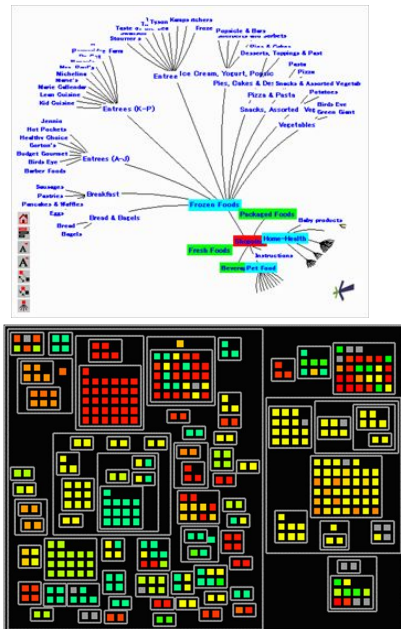


図 1 木構造の情報可視化。
(上) ノード=リンク法。
(下) 空間充填法。

ところで日常生活には、DAG (Directed Acyclic Graph) で表現される情報も多い。これらの情報の中には、子ノードが複数の親ノードに連結される特殊な木構造として扱えるものが多い。例えば、人物群を子ノード、人物の所属団体を親ノードとすれば、これは子ノードが複数の親ノードに連結される木構造として考えられる。また例えば、文書群を子ノード、個々の文書を代表するキーワードを親ノードとすれば、これは子ノードが複数の親ノードに連結される木構造として考えられる。

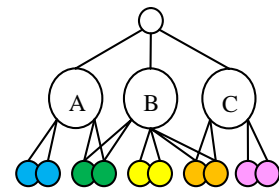
よって、DAG を木構造の情報可視化手法

の拡張によって可視化したい、と考えるのは自然なことである。しかし、ノード=リンク法で DAG を表現する手法は旧来から多々提案されているが、空間充填法の拡張で DAG を表現するのは容易ではない。

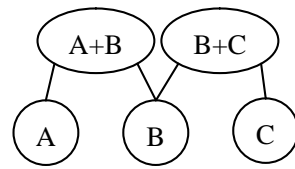
2. 研究の目的

上述の背景にそって本研究では、空間充填法の優位性を活かしながら、オイラー図形式での DAG 可視化手法を確立することを目的とした。具体的には以下のアルゴリズムを検討・開発し、その結果について評価するとともに、実データへの応用、他の可視化手法へのアルゴリズム再利用などを試みた。

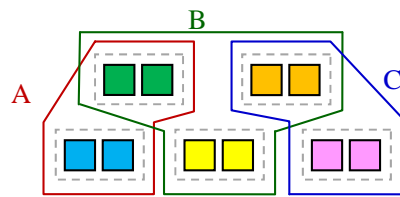
1. DAG を、子ノードが複数の親ノードに連結される特殊な木構造として扱う（図 2(a)参照）。
2. 子ノードによる親ノードの共有関係を表す「親ノードグラフ」を構築し、これを適切に画面配置する（図 2(b)参照）。
3. 2. の結果を参照しながら空間充填法を適用することで、葉ノードが画面を充填するように木構造を表現する。そしてこの結果を、オイラー図形式で描画する（図 2(c)参照）。



(a) 木構造



(b) 親ノードグラフ



(c) 空間充填法による配置

図 2 本研究による DAG の画面配置手法

3. 研究の方法

以下の方法によって各年度において研究を進めた。

平成 23 年度には本手法の基本アルゴリズムを検討・開発し、簡単なデータでいくつかの動作結果を確認した。

平成 24 年度には実データでの可視化を試みた。具体的には Wikipedia の文書構造化に

よって得られる DAG 構造の可視化を試みた。それと同時に本研究では、DAG 構造の可視化から派生した「一般的なグラフ構造のエッジ束化と可視化」という課題にも取り組み、遺伝子ネットワークを題材として可視化結果を検証した。

平成 25 年度には DAG 構造の可視化結果について関連研究との主観比較評価を実施し、本研究による可視化結果の長所と短所について総括した。また本研究から派生したグラフ構造の可視化の研究について、遺伝子ネットワークに続いて論文参照関係ネットワークを題材として可視化結果を検証した。

4. 研究成果

研究開始当初に想定した手法の考察と開発は予定通りに進行し、実データを用いた可視化においても一定の成果を得ることができた。一方で本課題の目的であるオイラー図形式の可視化手法については、本課題の申請直後から急速に多くの手法が発表された。そこで本研究では計画を一部変更し、最終年度には本課題の研究期間中に発表された関連研究との主観比較評価を実施することで、研究成果を総括し、本課題に対する今後の展望を発表した。

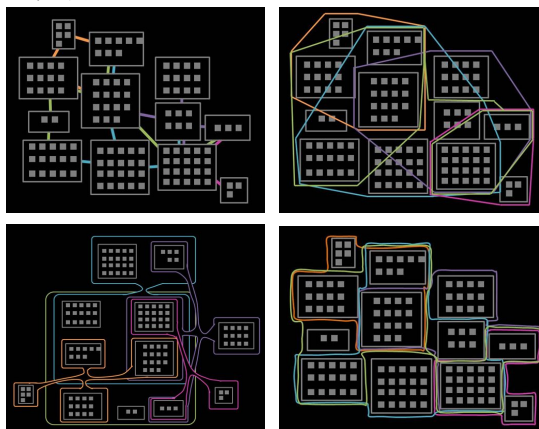


図 3 主観比較評価に用いた可視化例。
(上)提案手法による可視化例。
(下)関連研究による可視化例。

図 3 は本研究で主観比較評価のために用いた可視化例である。上の 2 画像は提案手法によるものであり、下の 2 画像はそれぞれ Untangling Euler Diagrams, Bubble Sets という手法によるものである。被験者のコメントを分析したところ、次のような利点、問題点が挙げられた。

[提案手法 1] (図 3(左上)参照)

接続線のみで描画した場合、一つの親ノードに注目した時にその親ノードに接続している接続線を判断することで、その親ノードが所属するカテゴリの判断が容易である。また、接続線をたどることでカテゴリ内の全ての親ノードを見つけることができた。その反面、一つ一つ接続線を追う必要があるため全体のカテゴリ把握が難しく、複数のカテゴリを

同時に把握しづらいという問題点が挙げられた。

[提案手法 2] (図 3(右上)参照)

凸包と接続線で描画した場合、カテゴリの重なる把握が容易であり、重ね合わせによって複数のカテゴリを同時に把握しやすいという意見があった。しかし、部分的に重なった親ノードがカテゴリに所属するのか迷う、描画されている辺が場所によっては接続線であるのか凸包の一部であるのか判断に迷うという問題点が挙げられた。

一方で、本研究の提案手法から派生して研究を進めた一般的なグラフ構造の可視化については、遺伝子ネットワークと論文参照関係ネットワークの 2 つの題材について可視化結果を導き出した。なお、後者については IEEE 主催の国際会議にてベストポスター賞を受賞した。

図 4 に遺伝子ネットワークの可視化例を示す。この例では iRefIndex に公開されているショウジョウバエの遺伝子ネットワークを適用し、各遺伝子をノード、タンパク質間相互作用をエッジとし、GO によって定義される遺伝子機能情報をノードに付与して可視化を試みた。

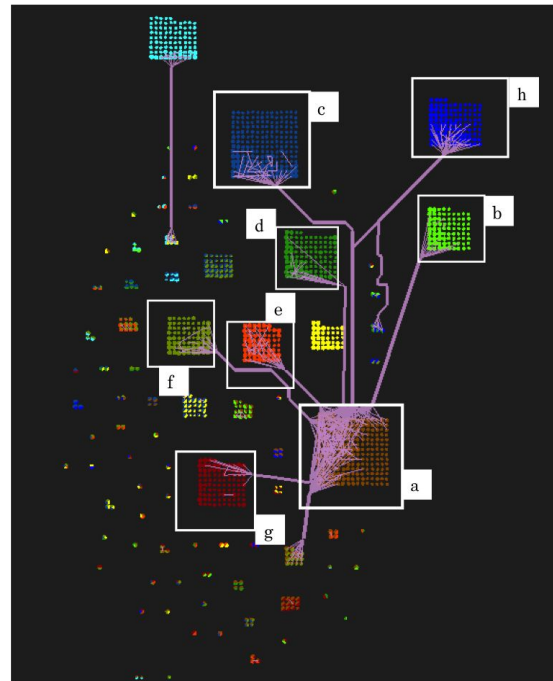


図 4 遺伝子ネットワークの可視化例。

この可視化例において、(a)~(h)に割り当てた機能情報は以下の通りである。

- (a) regulation of biological quality
- (b) determination of adult life span
- (c) cell cycle process
- (d) embryonic development
- (e) cell proliferation
- (f) cell division
- (g) cell adhesion

(h) cell death

この可視化例には、生物学的知見に合致したいくつかの表現が見受けられる。例えば(a)は制御因子であるので、(a)がハブであるという可視化結果は、(b)~(h)に対して制御を行っているために関係性が多く見られるという生物学的知見に一致する。

図5は論文参照関係ネットワークの可視化例である。この例はACM SIGGRAPHにて1990から94年、および2000から2010年までに発表された1072本の論文をノードとし、その参照関係をエッジとして可視化したものである。

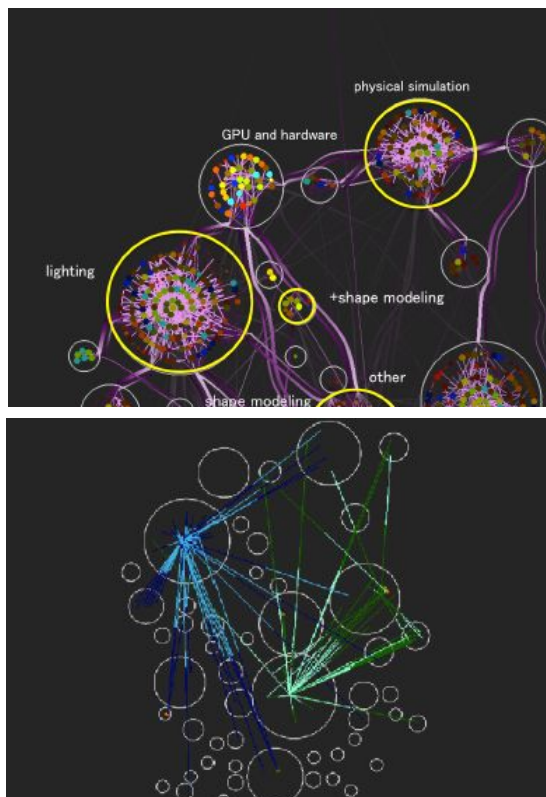


図5 論文参照関係ネットワークの可視化例。

図5(上)では“GPU and hardware”というグループに属する論文が、“physical simulation”および“lighting”のグループに属する論文と多くの参照関係をもっていることがわかる。これらの研究分野はコンピュータグラフィックスの発展に沿って互いに活用されてきた技術であり、その可視化結果の妥当性がうかがえる。図5(下)は“skin”という単語をアブストラクト中に有する論文どうしの参照関係を、2色の線で表示したものである。当該分野において“skin”に関する研究は2種類の異なる方向から発展されている。参照関係からもそのことがよくわかると同時に、関連研究調査時に対象を絞り込むための情報としても有用であることがうかがえる。

以上を総括すると、本課題では当初の計画と同等の研究成果を得られたものと考えられる。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

〔雑誌論文〕(計1件)

中澤里奈, 伊藤貴之, 瀬々潤, 寺田愛花, エッジの束化を用いた遺伝子ネットワークの可視化, 可視化情報学会論文集, 査読あり, Vol. 33, No. 11, pp. 25-32, 2013. https://www.jstage.jst.go.jp/browse/tvsj/33/11/_contents/-char/ja/

〔学会発表〕(計15件)

R. Nakazawa, T. Itoh, T. Saito, A Citation Network Visualization Applying Topic-Based Paper Clustering, IEEE Pacific Visualization 2014, Poster Session, 2014年3月4日, 慶応義塾大学. (**best poster award**)

中澤里奈, 伊藤貴之, 斎藤隆文, 研究分野と参照関係からたどる文献可視化インタフェース, 第21回インタラクティブシステムとソフトウェアに関するワークショップ(WISS 2013), デモ/ポスター発表, 2013年12月4日, 高知市.

中澤里奈, 伊藤貴之, 斎藤隆文, 論文参照関係可視化の一手法 —SIGGRAPH 発表論文を例として, 画像電子学会ビジュアルコンピューティングワークショップ, 2013年11月30日, 福岡県.

東原真希, 伊藤貴之, 無閉路有向グラフ可視化手法の主観評価, 可視化情報全国講演会, D104, 2013年9月27日, 会津大学.

中澤里奈, 伊藤貴之, 瀬々潤, 寺田愛花, 遺伝子機能間の関係を明示する遺伝子ネットワークの束化と可視化, 情報処理学会第35回バイオ情報学研究会, BIO-35-2S, 2013年9月19日, 北海道大学.

中澤里奈, 伊藤貴之, 瀬々潤, 寺田愛花, エッジバンドリングを用いた遺伝子ネットワークと Gene Ontology の可視化の一手法, 可視化情報シンポジウム, B213, 2013年7月16日, 工学院大学.

M. Higashihara, T. Itoh, On Node Layout and Category Drawing for Euler Diagram, IEEE Pacific Visualization, Poster Session, 2013年2月26日, シドニー(オーストラリア).

T. Itoh, Analytics and Applications Using Multiple Category Graph Visualization, Pacific VAST (Visual Analytics Science and Technology), 2013年2月26日, シドニー(オーストラリア). (**invited talk**)

東原真希, 伊藤貴之, 無閉路有向グラフ可視化のための画面配置とカテゴリ描画の一手法, NICOGRAPH 2012, pp. 9-15, 2012年11月16日, 京都大学.

R. Nakazawa, T. Itoh, J. Sese, A. Terada, Integrated Visualization of Gene Network and Ontology Applying a Hierarchical Graph Visualization Technique, IEEE VisWeek, Poster Session, 2012年10月14日, シアトル(アメリカ合衆国).

R. Nakazawa, T. Itoh, J. Sese, A. Terada, Integrated Visualization of Gene Network and Ontology Applying a Hierarchical Graph Visualization Technique, 16th International Conference on Information Visualization (IV2012), pp. 81-86, 2012年7月10日, モンペリエ(フランス).

中澤里奈, 伊藤貴之, 瀬々潤, 寺田愛花, エッジの束化を用いた遺伝子ネットワークの可視化, 2012年度人工知能学会全国大会, 2B1-R-3-3, 2012年6月12日, 山口市.

中澤里奈, 伊藤貴之, 瀬々潤, 寺田, 遺伝子ネットワークと Gene Ontology の統合可視化の一手法, 情報処理学会第74回全国大会, 2ZB-1, 2012年3月6日, 名古屋工業大学.

中澤里奈, 伊藤貴之, 瀬々潤, 寺田愛花, 遺伝子ネットワークと Gene Ontology の統合可視化の一手法, 第4回データ工学と情報マネジメントに関するフォーラム(DEIM 2012), C10-3, 2012年3月3日, 神戸市.

東原真希, 伊藤貴之, 長方形の空間充填による無閉路有向グラフの可視化, 2011年度人工知能学会全国大会, 1D3-1, 2011年6月1日, 盛岡市.

〔その他〕

ホームページ等

<http://itolab.is.ocha.ac.jp/>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

伊藤 貴之 (ITO, Takayuki)

お茶の水女子大学・大学院人間文化創成科学研究科・教授

研究者番号：80401595

(2) 研究分担者

なし

(3) 連携研究者

なし