

Title	科学データのための先進的計算手法
Author(s)	ホー, ツーバオ
Citation	科学研究費補助金研究成果報告書: 1-6
Issue Date	2011-06-10
Type	Research Paper
Text version	publisher
URL	http://hdl.handle.net/10119/9798
Rights	
Description	研究種目: 基盤研究 (B), 研究期間: 2007 ~ 2009, 課題番号: 19300045, 研究者番号: 60301199, 研究分野: 機械学習・知識発見とデータマイニング, 科研費の分科・細目: 情報学・知能情報学

機関番号：13302

研究種目：基盤研究（B）

研究期間：2007～2009

課題番号：19300045

研究課題名（和文） 科学データのための先進的計算手法

研究課題名（英文） Advanced computation methods for analyzing scientific data

研究代表者

Tu・Bao H0（ツー・バオ ホー）

北陸先端科学技術大学院大学・知識科学研究科・教授

研究者番号：60301199

研究成果の概要（和文）：本プロジェクトでは、科学データの構造に付随する複雑性がもたらす計算上の困難な問題に対処するための技術的な基盤を確立し、効率的で効果的な機械学習／データマイニング手法、特に(1)カーネル手法、(2)構造化予測のための準教師付学習手法の開発に取組み、開発した手法を医学、バイオインフォマティクス、材料化学の各分野に適用する中で、これらの手法の有効性や、各分野の科学的発見に貢献する可能性を示した。

研究成果の概要（英文）：The project objective is twofold. First to establish basic technologies and to develop efficient and effective machine learning/data mining methods for hard problems caused by complexly structured data, in particularly methods in the two directions: (1) kernel methods; (2) semi-supervised learning for structured prediction. Second is to apply the developed methods for new discovery in medical bioinformatics and materials science. As the result of the project, different methods have been developed and applied to solve problems in biomedicine and materials science.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2007年度	6,600,000	1,980,000	8,580,000
2008年度	3,900,000	1,170,000	5,070,000
2009年度	3,400,000	1,020,000	4,420,000
年度			
年度			
総計	13,900,000	4,170,000	18,070,000

研究分野：機械学習・知識発見とデータマイニング

科研費の分科・細目：情報学・知能情報学

キーワード：データマイニング、構造化データ、知識発見、科学データ

1. 研究開始当初の背景

さまざまな科学分野における発見プロセスが、従来の技法に従った研究から計算機を活用する方向へと本質的な変化を遂げつつある。分子構造に代表されるように、科学データは本質的に「複雑な構造」をしており、計算機上でのデータの蓄積・解析に際しても構造の複雑性に起因する困難（出力結果の構造独立性、非均衡性、異種混交性、大規模性）が立ちはだかる。

一方、機械学習／データマイニングの分野では理論的な魅力だけでなく複雑なデータの取扱いへの有効性から、構造化予測等を目的とする準教師付学習やカーネル学習手法が注目を集めている。

2. 研究の目的

科学データのマイニングにあたり、科学データの希少性や複雑なデータ構造を原因とする様々な難しさに対する基盤技術の確立、

効果的で効率的な計算手法の開発、特に構造予測などに有効な(1)カーネル手法、(2)準教師付学習の開発とともに、これらの手法の実科学分野への応用として(3)タンパク質や医学的相互関係の解明、(4)ナノ触媒におけるPtナノクラスタ構造研究、を研究の目的とし、次項3の図1に示す個別課題を設定した。

3. 研究の方法

本プロジェクトでは、手法開発とともに科学データベースを取得・整備を基盤に、図1に示す体制のもと、以下の方法で上記の研究目的に段階的に取り組むこととした。

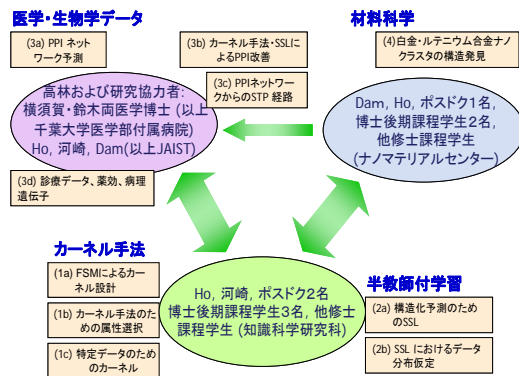


図1. 研究体制

- (1a) 多様なカーネル関数属(線形関数、ラプラス関数、ガウスBRF、多項式関数など)を異なるパラメタ設定により評価し、最適なFSMスコアをもつ関数を自動的に選択するフレームワークを確立する。
- (1b) FSMやその変形を目的関数とする高次元空間でもよく機能する組み込み型属性選択手法を開発し、SMOなどの最適化手続、半正定値計画法およびDC計画法を合わせて全体の最適化を図る。
- (1c) 構造化データに、ありうる部分構造(配列やグラフ)をすべて抽出し、その部分構造の出現頻度や類似度に基づいてカーネルを定義する畳み込みカーネルからアプローチする。重要な部分オブジェクトと複合オブジェクトの関係の検出が課題となり、今回は、タンパク質配列、医療時系列、白金・ルテニウム合金ナノクラスタ等の個別のデータとそれらの部分構造とを見ながら進める。
- (2a) ラベルなしデータにラベルを割当てる伝達手法、配列上の全要素の和集合に関するグラフカーネルを生成するアプローチ、次いで、このグラフカーネルを標準的な構造化学習カーネルマシンに適用するアプローチの二段階で取り組む。
- (2b) 準教師付学習で不可欠なデータ分布に関する前提について、これまでに開発してきた類似尺度を用いて領域の分布密

度の高低を評価し、特定の科学データに関する準教師付学習にも一般化できるかを、試行を繰り返しながら確認する。

- (3) 医療/生物学データのマイニングに関する諸課題に関しては、ゲノム/プロテオムの複数DBからタンパク質、タンパク質ドメイン、病因遺伝子などの基盤ファクトベースを完成・整備し、適切な正・負の事例の選択や、モチーフ、結合ドメイン等のパターン検出のための準教師付伝達手法を開発する。
- (4) 白金・ルテニウム合金ナノクラスタの構造発見に関して、白金・ルテニウム合金ナノクラスタ(1nm以下)の構造に関するDBを生成、このDBを用いた白金・ルテニウム合金ナノクラスタの最適構造発見の2段階で取り組み、グラフ構造の類似尺度に基づき最適構造の集合を高速に生成する学習手法、第一原理計算の高速化を実現する。

4. 研究成果

本研究課題では、科学データに関する(1)カーネル手法および(2)準教師付学習を中心とするマイニング手法に関する基礎研究とともに、(3)医学生物学データ、(4)ナノテクデータにおける応用に加え、応用分野に取り組む過程で不可欠な背景知識の獲得や情報の取り扱いの制約への対応に関して、(5)その他の拡張研究としてテキストマイニングの新手法や個人情報保護や並列コーパス生成などにおいて一定の成果を挙げた。

(1) カーネル手法の開発:

- (1-1) 特徴空間モデル(FSM)を用いたカーネル設計手法:FSMとその関連手法の開発を継続し、多様なカーネル関数を評価する枠組みを確立し、成果をUncLog'08, MJISAT 2007等の学会で発表した。
- (1-2) カーネル手法のための特徴抽出等:特徴の選択/抽出などに用いる類似空間の特徴類似度をモデルする枠組みや他の指標や手法を開発し国際学会誌に採録。
- (1-3) 特定科学データ向けのカーネル開発:特にタンパク質間相互作用データに関する多様なデータ型に対応するカーネル統合法を開発し、学会誌に発表。
- (1-4) カーネルマトリクス自動評価用のFMS指標によるカーネル設計での研究成果がPattern Recognitionに採録。
- (1-5) 特徴類似度による特徴選択の研究で、幾何学的モデリングと識別カーネル学習を開発し「DMSS'08」にて発表。
- (1-6) 相互情報量および2-PART完全分散(2PFD)を用い情報検索で複合語を抽出する手法を開発しExpert Systems with

Applications その他において発表。

(2) 準教師付学習手法の開発 :

- (2-1) 構造予測用の準教師付学習アルゴリズムの開発 : 疾病遺伝子予測用に新たな準教師付学習手法を開発し、BIBM 2007 等の国際学会で発表
- (2-2) 科学データに適切な仮説の評価法 : タンパク質間相互作用データに対し根本的な一貫性仮説を評価し、国際学会 (DMSS2007) で発表
- (2-3) 準教師付学習と構造予測に関して、複合語での情報検索 (JICIC, ESA)、統計的機械翻訳 (JSNST, CNLL' 08, AMALP' 08) 等で研究成果を発表。
- (2-4) 科学データでの仮説探索では、ヒトゲノムの miRNA 調節モジュールの発見 (BMC Bioinformatics), 多変量例外検出と個人情報保護 (KICSS' 08), 材料科学における計算手法 (JCMS, JKPS, PCCP, PRB) での成果を発表
- (2-5) C 型肝炎ウイルスの NS5A 領域とインタフェロン/リビリン併用療法の治療効果に関して、準教師付学習手法を開発し、初期的な成果を KICSS2010 にて発表。

(3) 医学生物学データへの応用 :

- (3-1) 医学/生物学データのマイニング : 時系列抽象化による肝炎データのマイニングの新結果を IEICE Trans 等で報告、イースト菌のタンパク質間相互作用予測について BIOKDD07 等で報告、DNA 配列中のヒストン修飾の予測について IEEE BIBE 2007 で報告。
- (3-2) ヒトゲノムにおける miRNA と転写因子 (TF) についてルールベース手法を開発し、182 の R-TF 調整モジュールを発見し、その多くの妥当性が検証された。
- (3-3) 病因遺伝子発見のために、複数情報源からタンパク質間相互作用 (PPI) 網構築のための準教師付学習手法を開発し、2010 年度の AI in medicine で発表した。
- (3-4) ヌクレオソムの特性を調べるために、他の諸手法との比較で優位性のあるルールベース手法を開発し、成果を BMC Genomics2007 において発表した。
- (3-5) PPI やヘアピン型 miRNA の応用研究を RIVF' 08, JBSE で発表。
- (3-6) 複数データ源を組合せた PPI 網予測、PPI 網からのシグナル伝達経路 (STP) 予測と PPI 網の STP における生物学的機能推論について JBCB や SRLB' 08 で発表。
- (3-7) 肝炎における病原遺伝子間関係や肝炎治療での複数投薬の副作用に関し、miRNA と PPI 網による病原遺伝子予測手法と miRNA 発現プロファイルによる組織サンプルの解析手法を新たに開発し、

KICSS' 08 で発表。

(4) ナノテクデータに関する応用

- (4-1) 白金ナノクラスターおよび合金ナノクラスターとカーボンナノチューブとの組み合わせによる新規触媒の設計 : 初期的な成果を Physical Review B 等において報告。
- (4-2) 計算材料科学のアプローチを採用し、基本方程式に基づいた物質の分子レベルでのシミュレーションを行い構造を予測し、データベースを構築した。
- (4-3) 構築されたシミュレーションデータベースにから白金金属ナノクラスターにおける触媒反応の解明及び触媒反応場の設計を行った。
- (4-4) 金属ナノクラスターの動的な構造や担持表面との相互作用などを調べ、プライミング電子及び「fluxionality」の概念を導入し、触媒反応場の制御方法の指針を提案し、成果を Physical Review B などに発表した。
- (4-5) シミュレーション DB を用いた溶液中の水分子の分類・水溶液における水和水の構造モデル化手法を提案し、IJCAI' 2011 で発表。

(5) その他の拡張研究

- (5-1) 情報の変換や機械翻訳の基盤となる並列コーパスの作成において、対象言語のニュース記事が英文ニュースサイトを情報源にする場合が多いことに着目し、英文ニュースサイトの記事を検索し、対応付け、トリミングすることで効率的かつ効果的に並列コーパスを拡張する手法を提案し、AIRS2010 で発表。
- (5-2) 医療分野でも配慮が必要なプライバシー保護データマイニングにおける新たな課題とその解消方法として、関係者が完全に分散する 2-PFD の枠組みへの頻度ベースアルゴリズムの開発、例外検出ロトコル、複数関与者モデルにおける EM クラスタリング手法なども提案している。

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 28 件) すべて査読付

1. Tran, D.H., Ho, T.B., Pham, T.H., Satou, K. (2011). MicroRNA expression profiles for classification and analysis of tumor samples, *IEICE Trans. Information Systems* (accepted).
2. Luong, T.D., Ho, T.B. (2010). Privacy Preserving Frequency Mining in 2-Part Fully Distributed Setting, *IEICE Trans.*

- Information Systems*, Vol.E93-D, No.10, 2701-2708, October 2010.
3. Luong, T.D., Ho, T.B. (2010). Enhancing Privacy in Distributed Data Clustering, *Journal of Computer Science and Cybernetics*, Vol. 26, No. 2, 1-15.
 4. Le, N.T., Ho, T.B., Ho, B.H. (2010). Sequence-dependent histone variant positioning signatures, *BMC Genomics*, Vol. 11 (Suppl 4), 1-9.
 5. Tran, D.H., Satou, K., Ho, T.B., Pham, T.H. (2010). Computational Discovery of miR-TF Regulatory Modules in Human Genome, *Bioinformatics*, 4(8), 371-377.
 6. Sugiyama, A., Shimoda, T., Dam, H.C. (2010). Ab initio study of the polymerisation of cyclopentasilane, *Molecular Physics*, 108, 1649-1653.
 7. Pham, T.L., Phan, V.D., Sugiyama, A., Shimoda, T., Dam, H.C. (2010). First principles study of the physisorption of hydrogen molecule on graphene and carbon nanotube surfaces adhered by Pt atom, *Journal of Computational Materials Science*, 49(1), S15-S20.
 8. Phan V.D., Pham T.L., A. Sugiyama, T. Shimoda, Dam H.C. (2010). First principles study of the thermally induced polymerization of cyclopentasilane, *Computational Materials Science*, 49(1), S21-S24.
 9. Sugiyama, A., Shimoda, T., Dam H.C. (2010). Ab initio study of the polymerization of cyclopentasilane (accepted), *Molecular Physics*.
 10. Le, N.T., Ho, T.B., Tran, D.H. (2009). Characterizing nucleosome dynamics from genomic and epigenetic information using rule induction learning, *BMC Genomics*, 10(Suppl. 3): S27.
 11. Zhang, W., Yoshida, T., Ho, T.B., Tang, X. (2009). Augmented Mutual Information for Multiword Extraction, *International Journal of Innovative Computing, Information and Control*, Vol. 5, No. 2, 543-554.
 12. Zhang, W., Yoshida, T., Tang, X., Ho, T.B. (2009). Improving effectiveness of mutual information for substantial multiword expression extraction, *Expert Systems with Applications*, Elsevier, Vol. 36. No. 8, 10919-10930.
 13. Dam H.C., Nguyen T.C., Sugiyama, A., Ozaki, T., Fujiwara, A., Mitani, T., Okada, S. (2009). Substrate-mediated interactions of Pt atoms adsorbed on single-wall carbon nanotubes: Density functional calculations, *Physical Review B*, 79 (11), 115426.
 14. Nguyen, A.T., Katayama, S., Dam, H.C. (2009). A systematic study of influence of ligand substitutions on the electronic structure and magnetic properties of Mn4 single-molecule magnets, *Physical Chemistry Chemical Physics*, 11, 717-729.
 15. Nguyen T.C., A. Sugiyama, A. Fujiwara, T. Mitani, Dam H.C. (2009). Density functional study of Pt4 clusters adsorbed on a carbonnanotube support, *Physical Review B*, 79 (23), 235417.
 16. Nguyen, C.H., Ho, T.B. (2008). An Efficient Kernel Matrix Evaluation Measure, *Pattern Recognition*, Elsevier, 41 (11), 3366-3372.
 17. Nguyen, T.P., Ho, T.B. (2008). An Integrative Domain-Based Approach to Predicting Protein-Protein Interactions, *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, Vol. 6, Issue 6, 1115-1132, Imperial College Press.
 18. Tran, D.H., Satou, K., Ho, T.B. (2008). Finding microRNA regulatory modules in human genome using rule induction, *Journal BMC Bioinformatics*, Vol. 9, No. Supp 11, 1-10, MedCentral.
 19. Tran, D.H., Pham, T.H., Satou, K., Ho, T.B. (2008). Prediction of human microRNA hairpin using only positive sample learning, *Journal of Biomedical Science and Engineering (JBISE)*, Vol. 1, Issue 2, 141-146, Scientific Research Publishing.
 20. Ho, T.B. (2008). Vietnamese Language Processing: Issues and Challenges, *Special Issue in Journal of Science, Natural Sciences and Technology*, Vol. 24, N3S, Vietnam National University- Hanoi Publishers, 10-16.
 21. Nguyen, A.T., Katayama, S., Dam, H.C. (2008). The role of ligands in controlling the electronic structure and magnetic properties of Mn4 single-molecule magnets, *Computational Materials Science*, 44, 111- 116.
 22. Nguyen, T.C., Fujiwara, A., Mitani, T., Dam, H.C. (2009). Effects of Carbon supports on Pt nano-cluster catalyst, *Computational Materials Science*, 44, 163-166.
 23. Ho, T.B., Pham, N.K., Ha, T.L., Nguyen, P.T. (2008). Issues and First Phase Development of the English- Vietnamese

- Translation System EVSMT1.0, *Special Issue in Journal of Science, Natural Sciences and Technology*, Vol. 24, N3S, Vietnam National University- Hanoi Publishers, 59-66.
24. Ho, T.B., Kawasaki, S., Takabayashi, K., Nguyen, C.H. (2007). Integration of learning methods, medical literature and expert inspection in medical data mining, *IEICE Trans. Information and Systems*, Vol. E90-D, No. 10, 1574-1581
 25. Ho, T.B., Nguyen, C.H., Kawasaki, S., Le, S.Q., Takabayashi, K. (2007). Exploiting Temporal Relations in Mining Hepatitis Data, *Journal of New Generation Computing*, Ohmsha, Ltd. and Springer-Verlag, Vol. 25. No. 3, 247-262.
 26. Huynh, V.N., Nakamori, Y., M. Ryoke, Ho, T.B. (2007). Decision making under uncertainty with fuzzy targets, *Fuzzy Optimization and Decision Making*, Springer, Volume 6, Issue 3, 255-278.
 27. Pham, T.H., Ho, T.B. (2007). A hyper-heuristic for descriptive rule induction, *International Journal of Data Warehousing and Mining*, Vol. 3, No. 1, 54-66.
 28. Ben Hassine, A., Ho, T.B. (2007). An Agent-Based Approach to Solve Dynamic Meeting Scheduling Problems with Preference, *International Journal of Engineering Applications of Artificial Intelligence*, Elsevier Publishers, Volume 20, Issue 6, 857-873.
- [学会発表] (計 24 件) すべて査読付
1. Dam, H.C., Ho, T.B., Sugiyama, A. (2011). Simulation-based Data Mining Solution to the Structure of Water Surrounding Proteins. *International Join Conference on Artificial Intelligence (IJCAI-2011)*, 16-2 July 2011, Barcelona, Spain.
 2. Pham, N.K., Ho, T.B. (2010). Mining parallel documents across Web sites, *The Sixth Asia Information Retrieval Societies Conference AIRS 2010*, 1-3 December, Taipei, Taiwan.
 3. Sugiyama, A., Mizukami, T., Dam, H.C., Ho, T.B. (2009). Support Vector Machine Study for Dynamical Water Classification Problem in Biosystems, *International Conference on Knowledge, Information and Creativity Support Systems (KICSS 2009)*, November 25-28, Seoul, Korea, 7-16.
 4. Kawasaki, S., Ho, T.B., Kanda, T., Yokosuka, O., Takabayashi, K., Le, T.N. (2010). Discovering Relationship between Hepatitis C Virus NS5A Protein and Interferon/Ribavirin Therapy, *International Conference on Knowledge, Information and Creativity Support Systems*, November 25-27, 2010, Chiangmai, Thailand (**Best paper award**).
 5. Ho, B.H., Le, N.T., Ho, T.B. (2010). Quantitatively assessing the effect of regulatory factors on nucleosome dynamics, *IEEE-RIVF International Conference on Computing and Communication Technologies*, 1-4 November, Hanoi, Vietnam.
 6. Ho, T.B., Takabayashi, K., Pham, T.H., Nguyen, T.P., Kawasaki, S., Tran, D.H. (2009). Towards service-oriented knowledge discovery in biomedicine research, *International Workshop on Third Generation Data Mining, ECML/PKDD 2009*, 7-11 September, Bled, Slovenia, 100-113.
 7. Nguyen, L.M., Nguyen, H.T., Nguyen, P.T., Ho, T.B., Shimazu, A. (2009). An Empirical Study of Vietnamese Noun Phrase Chunking with Discriminative Sequence Models, *7th Workshop on Asian Language Resources at 47th Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics, ACL-IJCNLP 2009*, 2-7 August, Singapore, Singapore, 9-16.
 8. Luong, T.D., Ho, T.B. (2009). Privacy preserving EM-based Clustering, *IEEE RIVF International Conference on Computing and Communication Technologies*, RIVF09, 13-17 July 2009, Da Nang, Vietnam, 111-117, IEEE Press.
 9. Tran, D.H., Ho, T.B., Satou, K., Pham, T.H. (2008). A computational method for classifying and analyzing tumor samples using microRNA expression profiles, *International Conference on Knowledge, Information and Creativity Support Systems (KICSS 2008)*, December 22-23, Hanoi, Vietnam, 120-127 (**Student Best Paper Award**).
 10. Nguyen, P.T., Shimazu, A., Ho, T.B., Nguyen, L.M., Nguyen, V.V. (2008). A Tree-to-String Phrase-based Model for Statistical Machine Translation, *Twelfth Conference on Computational Natural Language Learning*, 16-17 August, Manchester, U.K., 143-150.
 11. Tanabe, H., Ho, T.B., Nguyen, C.H., Kawasaki, S. (2008). Simple but effective

- methods of combining kernels for the prediction problem in biology, *IEEE RIVF International Conference on Computing and Communication Technologies*, RIVF 08, 13-17 July 2008, Ho Chi Minh City, Vietnam, IEEE Press, 71-78.
12. Nguyen, C.H., Ho, T.B., Kreinovich, V. (2008). Estimating Quality of Support Vector Machines Learning Under Probabilistic and Interval Uncertainty: Algorithms and Computational Complexity, *International Workshop on Interval/Probabilistic Uncertainty and Non-Classical Logics (UncLog'08)*, March 25-28, Kanazawa, Japan, *Advances in Soft Computing* 46, Springer, 57-69.
 13. Nguyen, T.P., Ho, T.B. (2007). A Semi-Supervised Learning Approach to Disease Gene Prediction, *2007 IEEE International Conference on BioInformation and BioMedicine (BIIM 2007)*, November 2-4, Silicon Valley, U.S.A., 423-428.
 14. Pham, T.H., Ho, T.B., Tran, D.H., Satou, K. (2007). Prediction of Histone Modifications in DNA sequences, *IEEE 7th International Symposium on Bioinformatics & Bioengineering (IEEE BIBE 2007)*, October 14-17, Cambridge-Boston, U.S.A., 959-966.
 15. Takabayashi, K., Ho, T.B., Yokoi, H., Nguyen, T.D., Kawasaki, S., Le, S.Q., Suzuki, T., Yokosuka, O. (2007). Temporal Abstraction and Data Mining with Visualization of Laboratory Data, *Medinfo 2007 Congress*, 20-24 August, Brisbane, Australia, IOI Press, 1304-1308.
 16. Nguyen, T.P., Ho, T.B. (2007). Combining Domain Fusions and Domain-Domain Interactions to Predict Protein-Protein Interactions, *Workshop on Data Mining in Bioinformatics BIOKDD07*, 13th International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining ACM SIGKDD 2007, August 12-16, San Jose, U.S.A., 27-34.

[図書] (計8件)

1. Ho, T.B. (2011). Knowledge Discovery (Chapter 4), *Knowledge Technology and Science*, Y. Nakamori (Ed.), CRC Press and Taylor & Francis, 57-81.
2. Nguyen, T.P., Ho, T.B. (2011). Mining multiple biological data for reconstructing signal transduction

networks, *Data Mining: Medical, Health, Social and Biological Applications*, D. Holmes (Ed.), Springer (to appear).

3. Ho, T.B., Nguyen, T.P., Tran, T.N. (2007) Study of protein-protein interactions from multiple data sources. *Advances in Data Warehousing and Mining*, David Taniar (Ed.), IGC Publishers, 280-307.
4. Nguyen, H.S., Ho, T.B. (2007). Rough Document Clustering and the Internet, *Handbook of Granular Computing*, Pedrycz, Skowron, Kreinovich (Eds.), John Wiley & Sons, 987-1004.
5. Ho, T.B. (2007). Finding Rules in Data, *In Selected Contributions in Data Analysis and Classification*, P. Brito, P. Ber-trand, G. Cucumel, F. De Carvalho (Eds.), Springer, 387-396.

[産業財産権]

○出願状況 (計0件)

○取得状況 (計0件)

[その他]

なし

6. 研究組織

(1) 研究代表者

T u ・ B a o H o (ツウ・バオ ホー)
北陸先端科学技術大学院大学・知識科学研究科・教授
研究者番号：60301199

(2) 研究分担者

高林 克日己 (TAKABAYASHI KATSUHIKO)
千葉大学・医学部附属病院・教授
研究者番号：90188079

(3) 研究分担者

河崎 さおり (KAWASAKI SAORI)
北陸先端科学技術大学院大学・知識科学研究科・助教
研究者番号：40377437

(4) 研究分担者

Dam Hieu Chi (ダム ヒョウチ)
北陸先端科学技術大学院大学・知識科学研究科・講師
研究者番号：70397230