

P4-32

変分ベイズ学習に基づく 複数ネットワークのクラスタリング

志賀 元紀^{1,2}, 馬見塚 拓^{1,2}

¹京都大学 化学研究所 バイオインフォマティクスセンター

²科学技術振興機構 (JST), バイオインフォマティクス推進センター (BIRD)

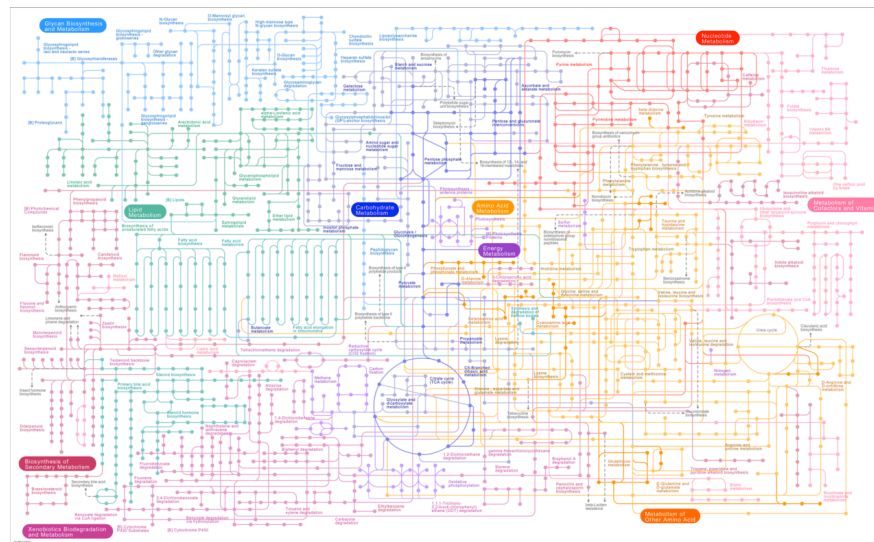
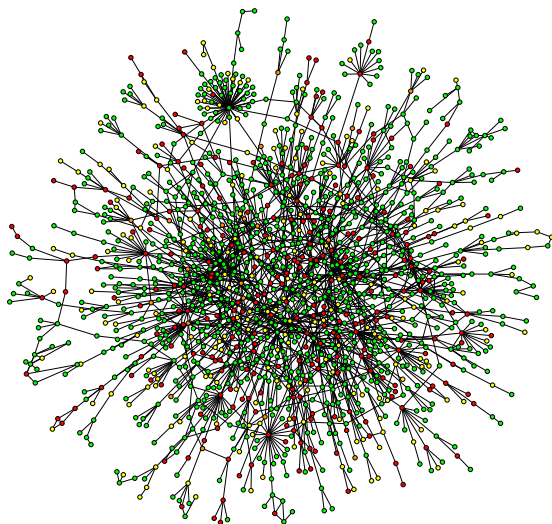
目的: ネットワーク上のノードのクラスタリング

設定: 複数のネットワーク (同じノード集合、異なるエッジ集合)

例) 遺伝子ネットワーク (ノード=遺伝子)

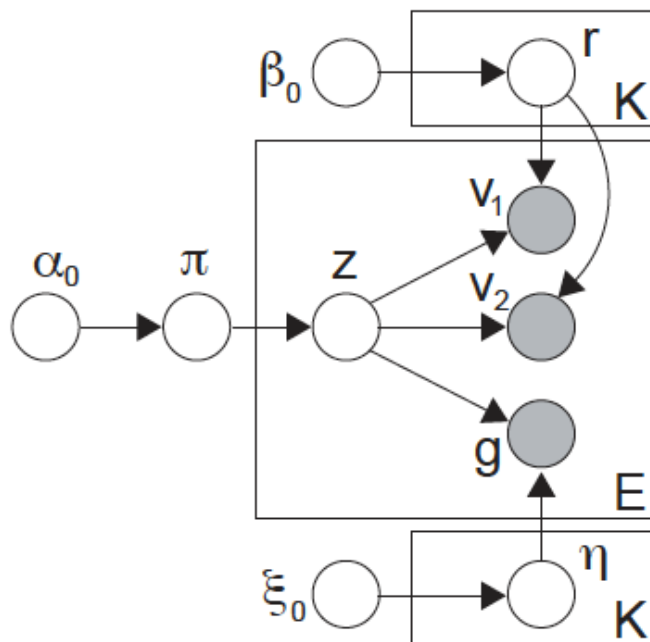
タンパク質相互作用

代謝経路



■ ■ ■

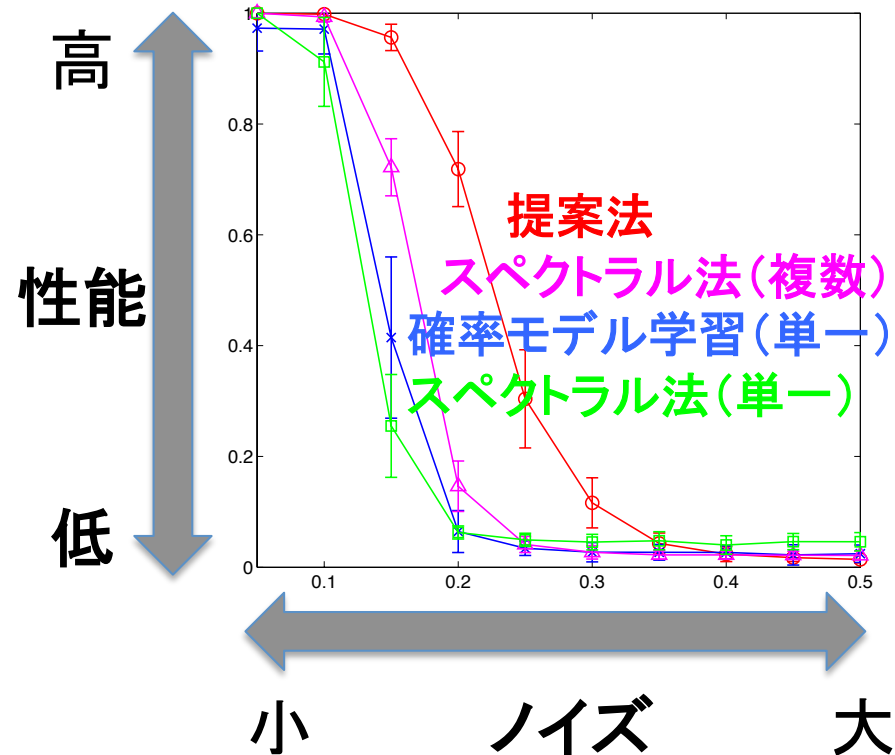
確率的生成モデル



定義

K: クラスタ数	g: ネットワークID
E: エッジ数	π : クラスタラベルの生成確率
N: ノード数	r: ノードIDの生成確率
z: クラスタラベル	η : ネットワークIDの生成確率
v_1, v_2 : ノードID	$\alpha_0, \beta_0, \eta_0, \xi_0$: ハイパーパラメータ

人工データ実験の結果



特徴: 各ネットワーク特徴を捉える**確率的なモデル**
変分ベイズ法による頑健な推定
小さい計算コスト(空間的および時間的)