



第7回 2012年12月7日(金) 14:50~16:30

**Fighting against uncertainty:  
An essential issue in bioinformatics**

不確実性との格闘：バイオインフォマティクスにおける本質的問題

**Michiaki Hamada / 浜田 道昭**

Graduate School of Frontier Sciences, University of Tokyo

東京大学大学院新領域創成科学科

Many bioinformatics problems (such as alignment, gene prediction, phylogenetic tree estimation and RNA secondary structure prediction) often suffer from “uncertainty” (or “ambiguity”) of the solution, which comes from the estimation problems in high dimensional discrete spaces. Hence, we should carefully handle the uncertainty in our pipelines and prediction algorithms. In this lecture, I will explain several ways to fight against the uncertainty, in which many actual examples of studies in bioinformatics are presented.

Keywords: Pipeline/algorithm design, ambiguity of solution, maximum likelihood estimator, sequence analysis

アラインメント、遺伝子予測、系統樹推定、RNA2次構造予測などの、多くのバイオインフォマティクスの問題は、しばしば、高次元離散空間上の推定問題に起因する解の「不確実性 (uncertainty)」（または、「曖昧性(ambiguity)）」の影響を受ける。我々は、パイプラインや予測手法において、この不確実性を注意深く扱う必要がある。本講義では、多くの実際のバイオインフォマティクスにおける研究の例を提示しながら、この不確実性と格闘する方法について、できる限り丁寧に説明する予定である。

Keywords: パイプライン/アルゴリズム設計、解の曖昧性、最尤推定、配列解析