

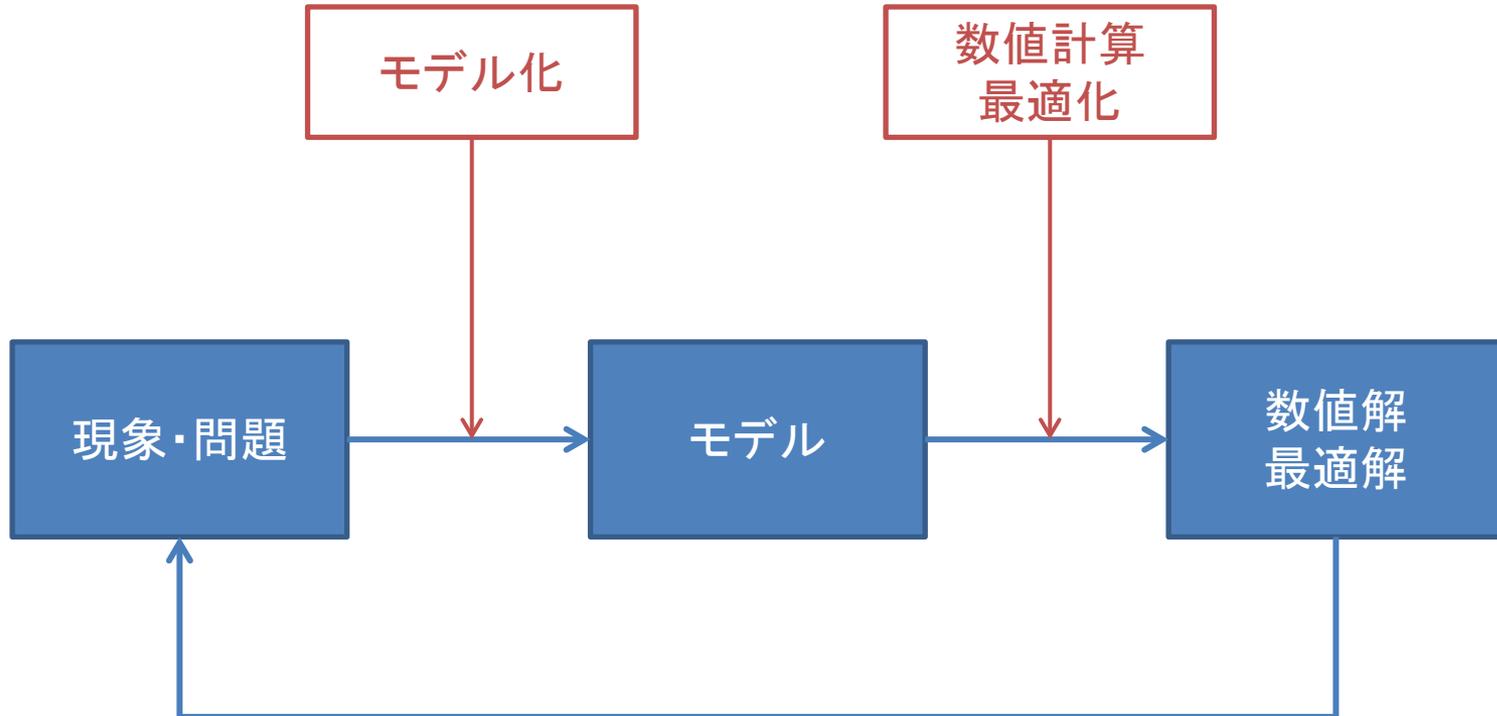
CREST「数理モデリング」領域

大規模複雑システムの  
最適モデリング手法の構築

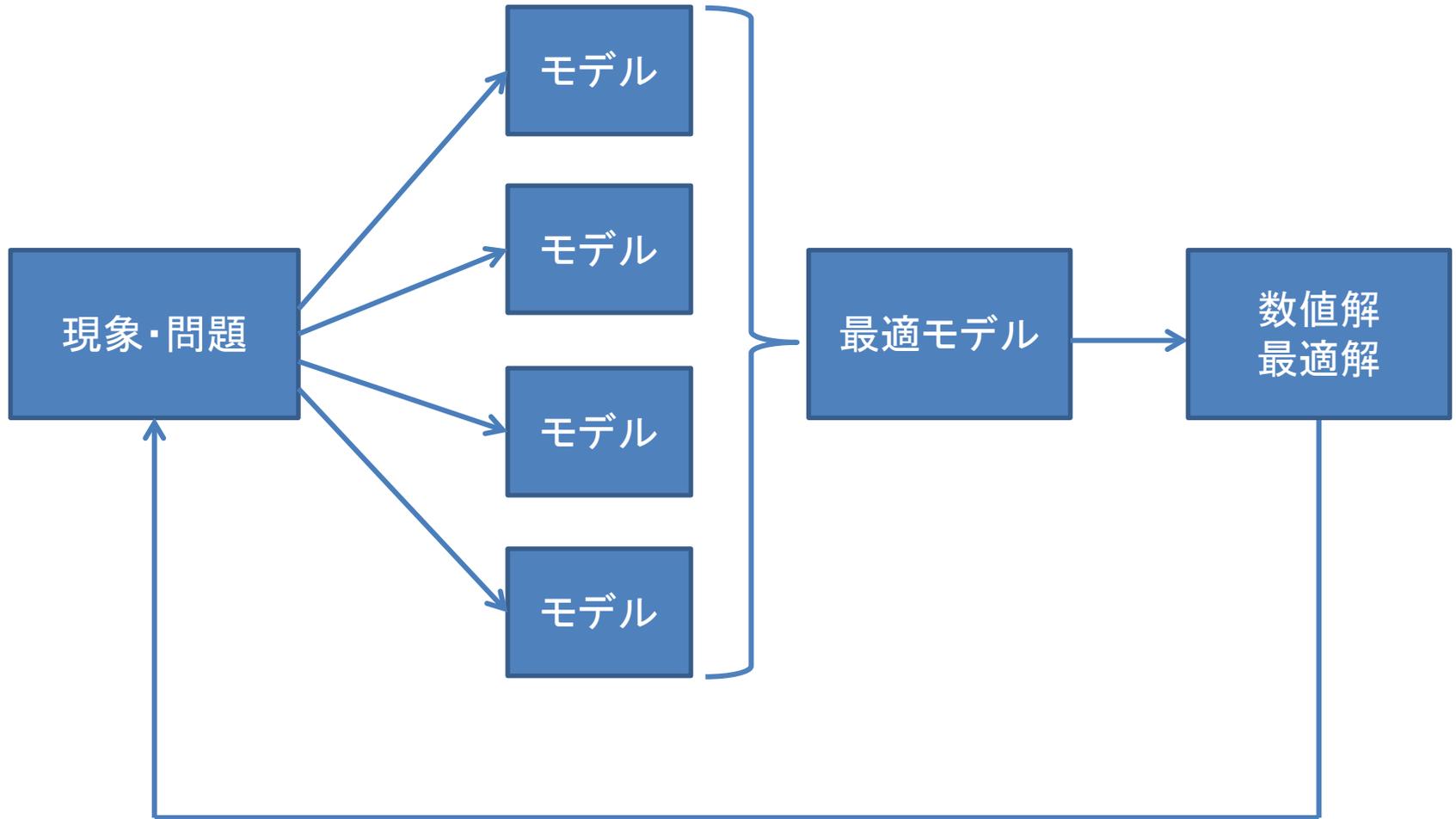
岩田 覚

(東京大学情報理工学系研究科)

# 数理工学の基本的な枠組



# 最適モデリング



# 回路解析における最適モデリング

混合解析 Kron (1939)

マトロイド Whitney (1935)

最小基本方程式

甘利 (1962) → 伊理 (1968)

マトロイド理論の  
工学的応用

修正節点解析 SPICE (1973)

微分代数方程式モデルによる過渡解析

最小指数混合方程式

岩田・高松 (2010)

修正節点解析に対する混合解析の優位性

高松・岩田 (2010)

岩田・高松・Tischendorf (2012)

# 微分代数方程式の最適モデリング

指数： 常微分方程式からの離れ具合

→ 指数が高い程，数値計算が困難

電気回路網： 指数2以下

機械力学系： 指数3

化学反応系： より高い指数

## 高い指数 ( $\geq 2$ ) の微分代数方程式の解法

隠れた制約式の導出

Pantelides (1988), Pryce (2001)

指数減少法の適用

Matsson, Sonderlind (1997)

# 統計的モデリング

統計的モデルの良さを測る尺度

情報量規準 AIC 赤池 (1973)

$$\text{AIC} = -2(\text{最大対数尤度}) + 2(\text{自由パラメタ数})$$

AIC最小化によるモデル選択  $\longrightarrow$  組合せ爆発

多重線形回帰, グラフィカル・モデリング

離散DC計画 前原・室田 (2014)

離散凸関数(劣モジュラ集合関数)の  
差を最小化する近似アルゴリズム

# 大規模ネットワーク

ソーシャル・ネットワーク	——	評判の伝搬
感染症伝搬ネットワーク	——	流行の予測・予防
時空間ネットワーク	——	物流・避難計画

巨大なネットワーク構造が入手可能



解析には莫大な計算資源

本質の抽出・粗視化が必要

劣モジュラ関数の近似手法・学習理論

Goemans, Harvey, 岩田, Mirrokni (2009)

Balcan, Harvey (2011)

高階テンソルの分解手法

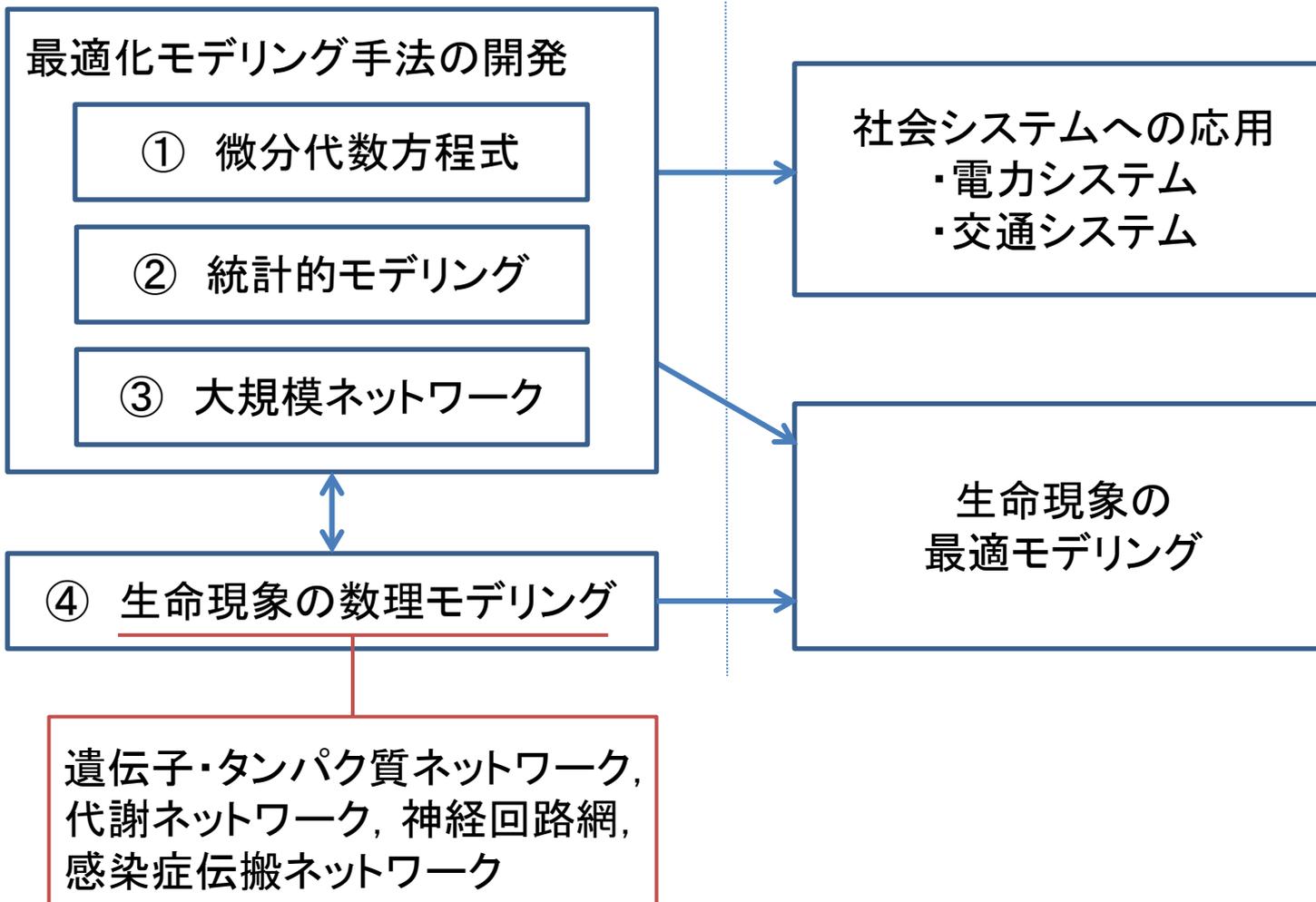
Tucker (1966), Kolda, Bader (2009)

# 研究計画

H26.10

H29.3

H32.3



# 優モジュラ関数に対するリスト彩色定理

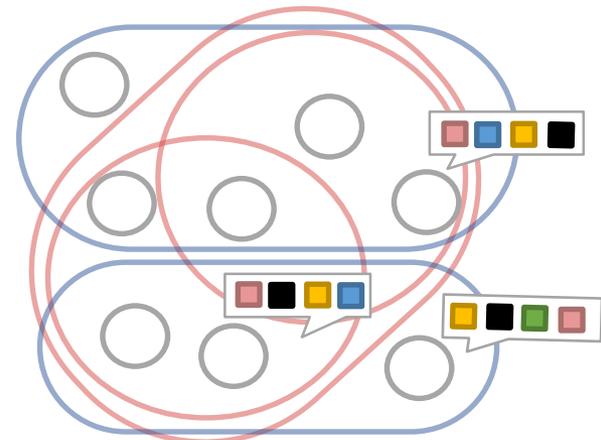
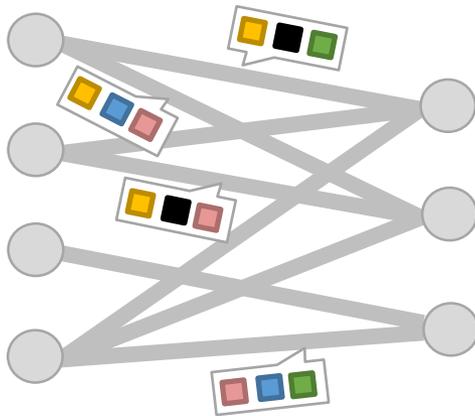
岩田 覚 横井 優 (東京大学)

優モジュラ彩色 [Schrijver 85]  
の枠組みへ

2部グラフの  
リスト辺彩色定理  
[Galvin 95]

拡張

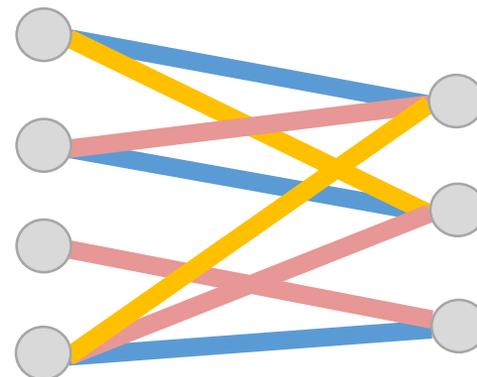
本研究  
リスト優モジュラ  
彩色定理



# 2部グラフの辺彩色

隣接する辺が同色になってはいけない

彩色数: 彩色に必要な色の数



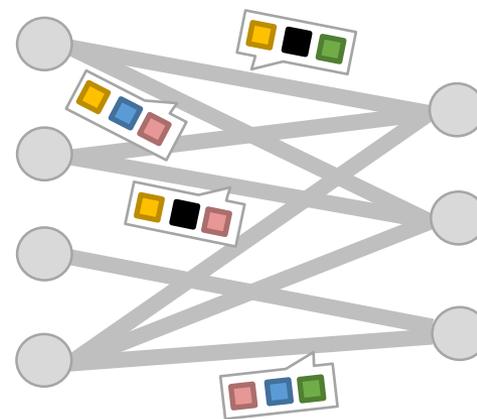
辺彩色数 = 3

## 2部グラフのリスト辺彩色定理

[Galvin 95]

各辺が彩色数以上の色をリストにもつとき, リスト中の色で辺彩色可能

**安定マッチング** [Gale-Shapley 62] を用いた  
構成的証明



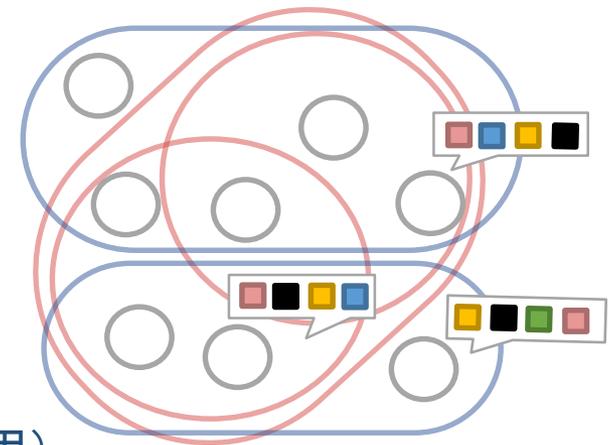
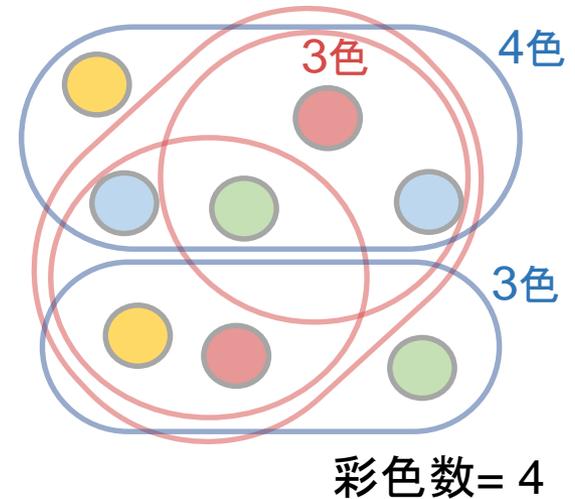
# 優モジュラ彩色 [Schrijver 85]

2つの交叉優モジュラ関数が  
各部分集合に割当色数の下限を課す

**成果:** リスト優モジュラ彩色定理

各要素が彩色数以上の色を  
リストにもつとき, リスト中の色で  
優モジュラ彩色可能

有向グラフのカーネルを用いた構成的証明  
(単色パス定理 [Sands, Sauer & Woodrow 82] を活用)



# Regret Ratio Minimization in Multi-objective Submodular Function Maximization

Tasuku Soma (Univ of Tokyo)

w. Yuichi Yoshida

## Submodular Maximization

$f : 2^E \rightarrow \mathbb{R}_+$  submodular,  $C \subseteq 2^E$

maximize  $f(X)$       subject to  $X \in C$

Useful in Machine Learning, Social Science, etc.

## Motivation

What if we have **multiple** submodular functions?

## Issue

**Exponentially many** Pareto optimal solutions!



## Our Approach

Choose  $k$  Pareto optimal solutions to minimize “**regret**”.

## Our Result

- 1 Algorithms for minimizing regret ratio, given approx algorithms for single-obj problems.
- 2 Lower bound for regret ratio.

# 加速近接勾配法の改善と2値判別モデルの統一的解法への応用

伊藤直紀(東大) ・ 武田朗子 (統数研) ・ TOH Kim-Chuan (NUS)

[JMLR採択済](#)

- 汎用的な最適化手法である加速近接勾配法 + 高速化の工夫

	収束レート
Backtracking (Beck & Teboulle, '09)	$O(1/k^2)$
Modified Backtracking (Scheinberg et al., '14)	$O(1/k^2)$
Restarting (O'Donoghue & Candes, '13)	unknown
Maintaining top-speed (Monteiro et al., '15)	unknown

**本研究**

組み合わせ + 安定化

$O((\log k/k)^2)$

- 統一的2値判別モデルを提案 ← 提案手法を適用

- SVM・ロジスティック回帰・フィッシャーの線形判別器 などを含むモデル
- 様々なモデルを既存手法より高速に解くことができた
- モデル選択をする上で有用



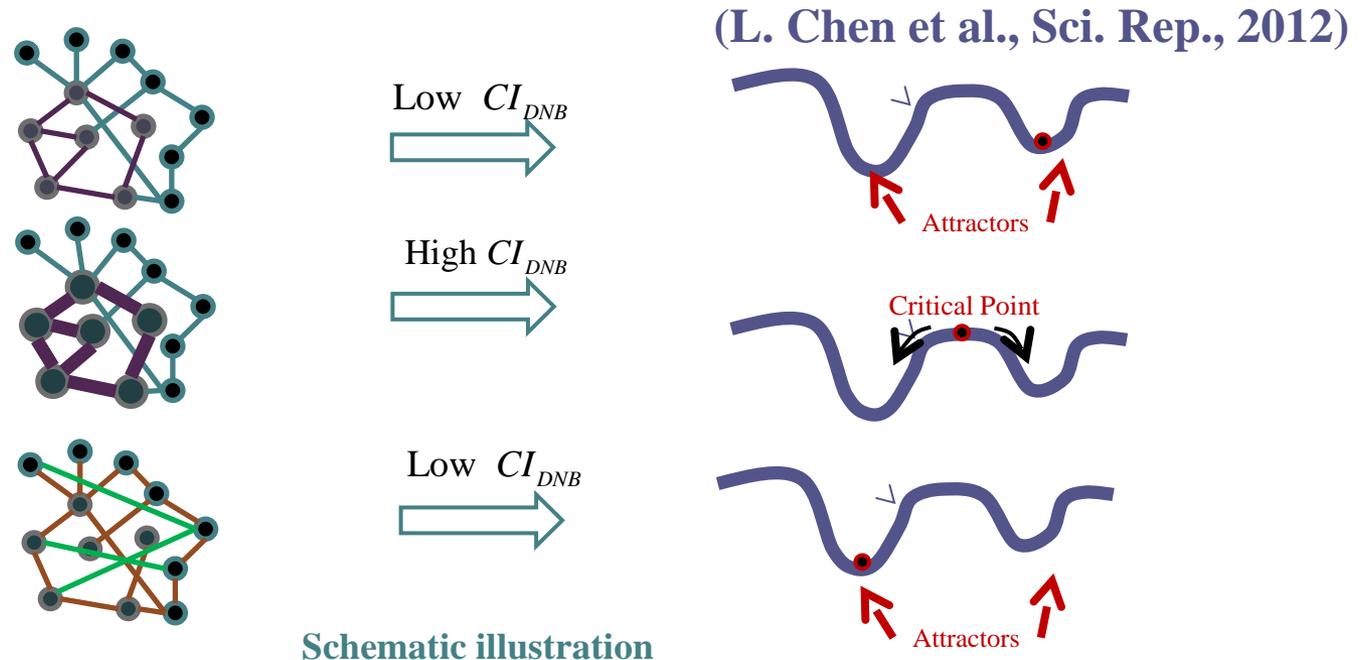
# A critical point of an intestinal dynamical network and its association with aging in mice

**DUAN Fang<sup>1</sup>, Shinji Fukuda<sup>2</sup>, and Kazuyuki Aihara<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Institute of Industrial Science, the University of Tokyo

<sup>2</sup>Institute for Advanced Biosciences, Keio University

**A Dynamical Network Biomarker (DNB)** is a biomarker consisting of multiple genes/proteins with possible interactions, that are selected based on their dynamics.



Proposed for genetic and biochemical studies for clinical usage

Detect THE PRE-DISEASE (tipping point) state

**Heal before ill!**

*Core issue: How to find the leading network?*

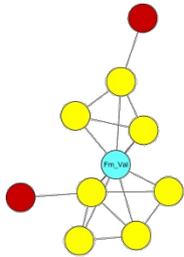
We proposed **DNB Landscape** method and **Local DNB Index** to avoid the opening question of leading network and mapping the landscape of DNB. The 3 components of **CI** of node ***n*** were calculated under reference network as follow:

***SD<sub>n</sub>*** : Average standard deviations of node and first-order neighbors.

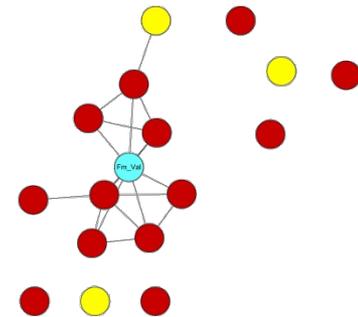
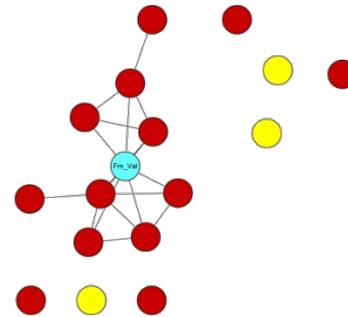
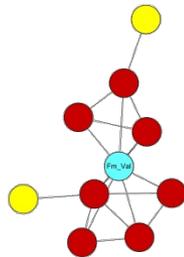
***Rin<sub>n</sub>*** : Average absolute PCCs between node and first-order neighbors.

***Rout<sub>n</sub>*** : Average absolute PCCs between node and random selected nodes outside the network.

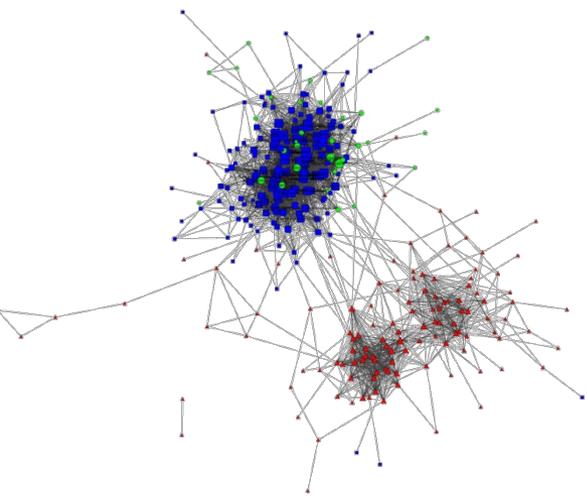
$$CI_n = \frac{SD_n Rin_n}{Rout_n}$$



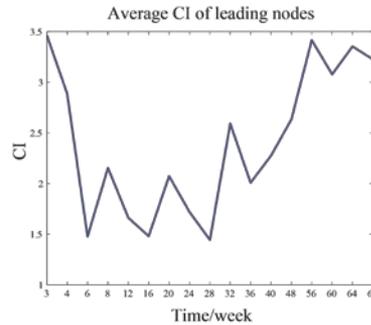
Nodes for calculate ***SD*** and ***Rin***



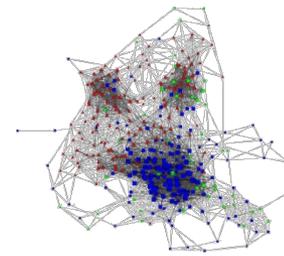
Three type of nodes selection method for calculate ***Rout***



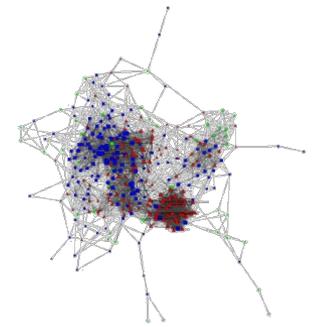
**Common Reference Network**



**Critical point of aging at 60 week**

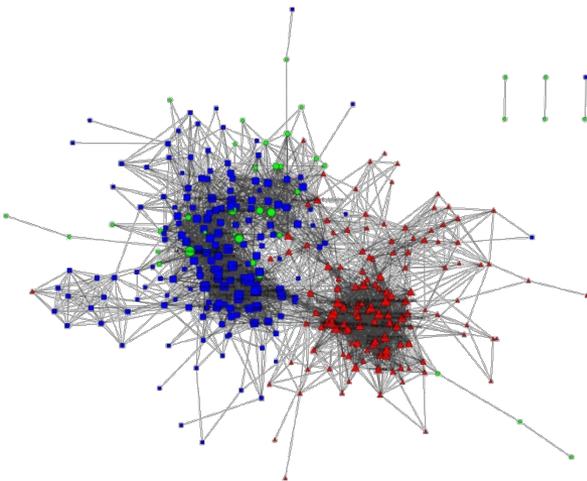
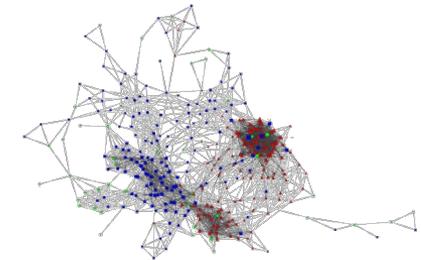


**56 week**

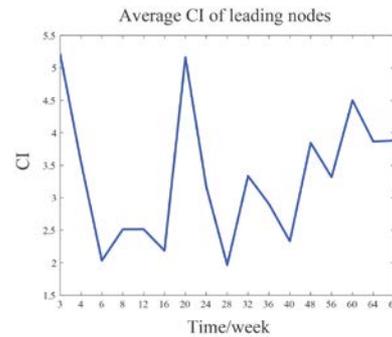


**64 week**

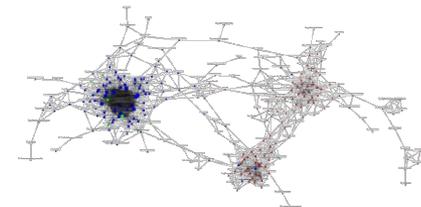
**60 week**



**Average Reference Network**

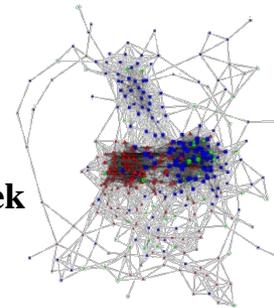


**Critical point of growing at 20 week**

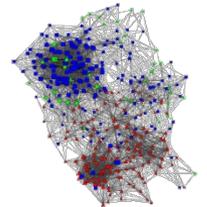


**20 week**

**16 week**



**24 week**



*Found the critical points of the aging process of mice by biochemical data of blood and feces in mice. We linked the aging process and intestinal microbial flora.*