

どんな研究?

ブログ、ソーシャルネットワーキングサービス (SNS) といったサービスが普及するにつれて、ウェブに対する新たな要求が生まれています。ひとつはコミュニケーションを円滑にするためのシステム環境づくり、もうひとつはウェブ情報の知的処理です。わたしたちのグループでは、セマンティックウェブやコミュニティ支援、ヒューマンコンピュータインタラクションの技術を通じてこれらの問題に取り組んでいます。

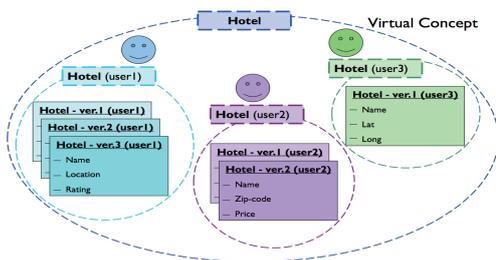
ソーシャルウェブを通じた構造化コンテンツの形成・共有

共同研究者: Aman Shakya (総合研究大学院大学)

コンテンツの「構造」を集合知によってつくる

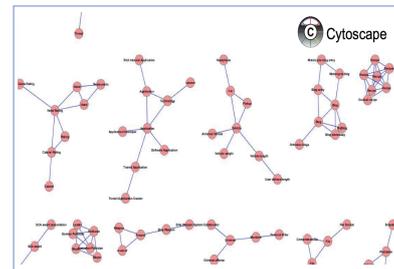
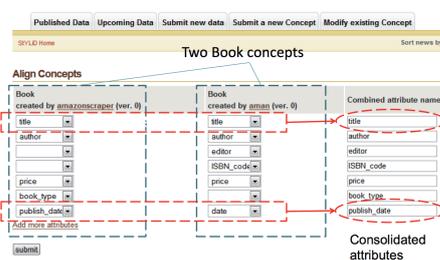
個人ごとの認識の違い
対象・用途の違い
バージョンの違い

これらの差異をどのように埋めて、
統一的な情報の構造をつくるか



StYLid: 構造化コンテンツ共有システム

異なるスキーマの統合管理
半自動的にコンセプトをグループ化
Freebaseを対象とした性能評価



世界初の OWL-Full 処理系

共同研究者: 小出 誠二 (総合研究大学院大学)

OWL (Web Ontology Language) とは

セマンティックウェブ用オントロジー記述言語
OWL-Full: 最高位言語

SWCLOS

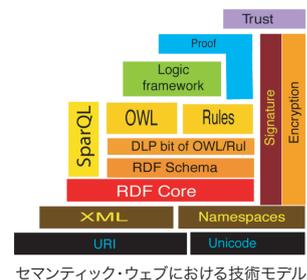
Common Lisp Object System (CLOS) 上での
OWL推論を実現
人工知能用言語Lispによる知的処理

SWCLOSの特徴

RDF/XMLの入出力可能
オブジェクト指向メタモデリングによりOWL-Fullプログラミングが可能
拡張構造包摂推論アルゴリズムを実装

ベンチマーク

他の処理系と比較して計算速度はほぼ互角
すべてのテスト問題で正解を回答



セマンティック・ウェブにおける技術モデル

論文からの研究手法に関する知識の抽出

共同研究者: 荒木 次郎 (総合研究大学院大学)

目的に応じた研究支援ツールの自動選択に向けて

研究手法と研究支援ツールのマッチング
複数の研究支援ツールをどのように組み合わせるか

論文情報の利用
解析手法の蓄積と整理

知識の再利用のためのオントロジー構築と推論・自動処理

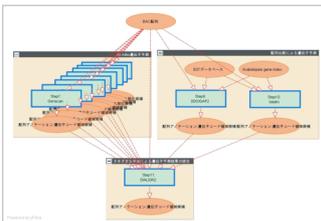
研究論文

Methods
The three centres used similar annotation approaches involving **silico** gene-finding methods, **comparisons to EST and protein databases**, and **blast** recognition of the **Arabidopsis** gene finding involved three steps: (1) analysis of BAC sequences using a computational gene finder; (2) alignment of the sequence to the protein and EST databases; (3) assignment of functions to each of the genes. **GeneMark**, **GeneMark-ES**, **GeneMark-ESL**, **GeneMark-ESL**, **GeneMark-ESL**, **GeneMark-ESL**, **GeneMark-ESL** were used to analyse **BAC sequences**. All of these systems were specially trained for **Arabidopsis** genes. **GeneMark** were predicted using **GeneMark**, **GeneMark** and **GeneMark** of Protea and S. Salzberg, unpublished software). For the second step, BACs were aligned to **EST** and to the **Arabidopsis** using programs such as **BLAST** or **BLAST**. Segment duplications were analysed and displayed using a **modified version of CHAOS** (ref. 12).

The Arabidopsis Genome Initiative

研究論文から、解析手法(ツール): 入力カデータなどの記述を抽出し、その入出力関係をもとにワークフローデータ化した

研究手法(ワークフロー)



収集したワークフローを再利用(分解/合成/同一機能交換など)するためのスキーマを構築した

研究手法知識オントロジー

