農学生命情報科学特論 I

ICT や IoT 等の先端技術を活用し、効率よく高品質生産を可能にするスマート農業への取り組みは世界的に進められています。その基礎を支えている技術の一つがプログラミング言語。なかでも、習得しやすくかつ応用範囲の広い Python がとくに注目されています。本科目では、農学や分子生物学などの分野で利用される Python の最新事例を紹介しながら、Python の基礎文法の講義を行います。

孫　建強　https://aabbdd.jp/
農研機構・農業情報研究センター

June
08 17:15–20:30

基本構文

第 1 回目の授業では、プログラミング言語の基本であるデータ構造とアルゴリズムを簡単に紹介してから、Python の基本構文を紹介する。Python のスカラー、リスト、ディクショナリ、条件構文と繰り返し構文を取り上げる。

June
15 17:15–20:30

文字列処理

バイオインフォマティックスの分野において、塩基配列やアミノ酸配列などの文字列からなるデータを扱うことが多い。第 2 回目の授業では、Python を利用した文字列処理を紹介し、FASTA や GFF などのファイルから情報を抽出する方法を取り上げる。

June
22 17:15–20:30

データ解析

Python で CSV や TSV ファイルに保存された数値データを扱うときに、NumPy や Pandas ライブラリーを使用する。第 3 回目の授業では、NumPy や Pandas の機能を紹介し、ベクトルや行列のデータ処理を中心に取り上げる。

June
29 17:15–20:30

データ可視化

Python で数値データを可視化するときに matplotlib ライブラリーを使用する。第 4 回目の授業では、matplotlib の基本的な使い方を紹介し、全回の授業を復習しながらデータの可視化を行う。

成績評価

- 授業の始めに出席確認を 1 回だけを行う。出席 1 回につき 1 点を与える。
- 出席確認後、レポート課題を示す。毎回 3 問出題し、授業全体を通して合計 12 問出題する。1 問 8 点とする。
- 授業を聞かなくても、レポート課題を解けそうであれば、遠慮なく退室していただいて構いません。

レポート課題の提出方法

- レポート課題を Jupyter Notebook / Jupyter Lab 上で解き、そのファイル（.ipynb）を メールで提出する。

  ✉ report＠aabbdd.jp

- 注意事項
  - メールの件名を「特論課題2」としてください。
  - メールの本文に何も書かないでください。
  - ファイルの名前を学生証番号（例：310000A.ipynb）としてください。
  - ファイル中に、名前・所属・研究内容などの個人情報・機密情報を書かないでください。個人情報・機密情報を含むレポートを零点とする。

レポート課題（第 2 回）

問題 1

FASTA 形式のテキストファイル ft.fa に FT 遺伝子の塩基配列が記載されている。ft.fa を読み込み、FT 遺伝子の GC 含量を計算するプログラムを作成せよ。

問題 2

GFF3 形式のテキストファイル IWGSCv1.1.gff3 に小麦遺伝子のアノテーションが記載されている。IWGSC.v1.1.gff3 を読み込み、最も長い遺伝子の名前を出力するプログラムを作成せよ。

問題 3

PDB / mmCIF 形式のテキストファイル 1alk.cif に 1ALK タンパク質の立体情報が記載されている。1alk.cif を読み込み、A 鎖（全アミノ酸の C_α 原子）の重心を求めるプログラムを作成せよ。

レポート課題（第 2 回）

FASTA フォーマット

FASTA フォーマットは、遺伝子の配列情報を記載するために定義されたテキストファイルのフォーマットである。「>」から始まる行は、ヘッダー行と呼ばれ、遺伝子名や遺伝子 ID が記載されている。ヘッダー行以降には、その遺伝子の塩基配列が記載されている。

```
>FT|AF152096.1
ACAAAAACAAGTAAAACAGAAACAATCAACACAGAGAAACCACCTGTTTGTTCAAGATCAAAGATGTCTA
TAAATATAAGAGACCCTCTTATAGTAAGCAGAGTTGTTGGAGACGTTCTTGATCCGTTTAATAGATCAAT
CACTCTAAAGGTTACTTATGGCCAAAGAGAGGTGACTAATGGCTTGGATCTAAGGCCTTCTCAGGTTCAA
AACAAGCCAAGAGTTGAGATTGGTGGAGAAGACCTCAGGAACTTCTATACTTTGGTTCTTTCACTTGAAC
TCCCTTTTGTCTCTTTTCTTCTTTAGTTTCTTCAGTGCTTCTTACACCTTCTTTTTTAAAATAGAAATTA
TTTTCCTTTTTTGGGGTATACTGAAAATATTTCTTGGGCATGCAGAGACCTTGGTTAAAAATGCCCCACG
```

https://aabbdd.jp/notes/data/ft.fa

レポート課題（第 2 回）

GFF3 フォーマット

GFF3 フォーマットは、遺伝子アノテーションを記載するために定義されたテキストファイルのフォーマットである。各行に、染色体名、アセンブリ名、分子名、開始位置、終了位置、スコア、ストランド、フェーズ、属性がタブ区切りで記載されている。例えば、下記の例では、遺伝子 TraesCS1A02G000100 は染色体 1A の 40098〜70338 の位置に存在し、その遺伝子長は 30241 と計算できる。

```
chr1A IWGSC_v1.1_201706 gene 40098 70338 33 - . ID=TraesCS1A02G000100;
chr1A IWGSC_v1.1_201706 mRNA 40098 70338 . - . ID=TraesCS1A02G000100.1;
chr1A IWGSC_v1.1_201706 three_prime_UTR 40098 40731 . - . ID=TraesCS1A02G000100.1.utr3p1;
chr1A IWGSC_v1.1_201706 exon 40098 40731 . - . ID=TraesCS1A02G000100.1.exon1;
chr1A IWGSC_v1.1_201706 gene 70239 89245 35 + . ID=TraesCS1A02G000200;
chr1A IWGSC_v1.1_201706 mRNA 70239 89245 . + . ID=TraesCS1A02G000200.1;
chr1A IWGSC_v1.1_201706 CDS 70239 70556 . + 0 ID=TraesCS1A02G000200.1.cds1;
```

https://aabbdd.jp/notes/data/IWGSCv1.1.gff3

レポート課題（第 2 回）

PDB / mmCIF フォーマット

PDB / mmCIF フォーマットは、タンパク質の立体情報を記載するために定義されたテキストファイルのフォーマットである。各原子の立体座標は ATOM から始まる行に記載されている。例えば、A 鎖の C_α 原子の立体座標は (66.663, 52.938, 2.184) と記載されいてる。

```
ATOM   1    N  N    . THR A 1 1   ? 67.510  52.432 1.100  1.00 53.47 ? 1   THR A N    1
ATOM   2    C  CA   . THR A 1 1   ? 66.663  52.938 2.184  1.00 53.80 ? 1   THR A CA   1
ATOM   3    C  C    . THR A 1 1   ? 66.660  51.955 3.361  1.00 53.28 ? 1   THR A C    1
ATOM   4    O  O    . THR A 1 1   ? 65.713  51.931 4.167  1.00 53.34 ? 1   THR A O    1
ATOM   5    C  CB   . THR A 1 1   ? 65.183  53.192 1.684  1.00 54.32 ? 1   THR A CB   1
ATOM   6    O  OG1  . THR A 1 1   ? 64.737  51.920 1.096  1.00 54.92 ? 1   THR A OG1  1
ATOM   7    C  CG2  . THR A 1 1   ? 65.042  54.354 0.698  1.00 54.82 ? 1   THR A CG2  1
ATOM   8    N  N    . PRO A 1 2   ? 67.726  51.174 3.426  1.00 52.46 ? 2   PRO A N    1
ATOM   9    C  CA   . PRO A 1 2   ? 67.891  50.164 4.478  1.00 51.28 ? 2   PRO A CA   1
```

https://aabbdd.jp/notes/data/1alk.cif.txt

農学生命情報科学特論Ⅰ

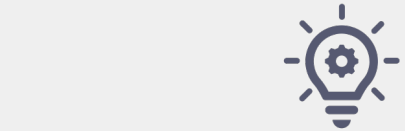
②

- テキスト処理
- ファイル処理
- ニューラルネットワーク

農学生命情報科学特論Ⅰ

② テキスト処理

ファイル処理



ニューラルネットワーク

テキストデータ

テキストデータはアルファベットや仮名などの文字からなるデータを指す。Python のオブジェクトには、数値の他にアルファベット・漢字・仮名などの文字を代入することもできる。文字をオブジェクトに代入するとき、その文字が、オブジェクトの名前ではなく、文字のデータであることを明示するために、文字データの両側を引用符で囲む。

```
s = 'a'


t = 'B'


u = 't'
u
# 't'


v = t
v
# 'B'
```

t が引用符で囲まれているため、文字データとしての t がオブジェクト u に代入される。

t が引用符で囲まれていないため、t はオブジェクトである。オブジェクト t の内容がオブジェクト v に代入される。

テキストデータ

単語や文章などのような文字列も、1 つのオブジェクトに代入できる。この場合、1 つのオブジェクトに、複数の文字データが保存されている、と捉えることができるため、このオブジェクトをリストのように扱うことができる。添字を指定して、特定の位置の文字を取り出したり、スライスして部分文字列を取り出したりすることができる。また、for 構文を使用して、文字列中の文字を 1 つずつ順に取り出すこともできる。

```
s = 'Smile. Tomorrow will be worse.'

s[0]
# 'S'



s[7:15]
# 'Tommorow'



for t in s:
    print(t)
# 'S'
# 'm'
# 'i'
# 'l'
# 'e'
# ......
```

テキストデータ

文字列を保持しているオブジェクトに対して、足算が定義されている。そのため、+ 演算子を使用することで、複数の文字列を連結することができる。

```
s1 = 'Smile.'
s2 = 'Tomorrow will be worse.'
s3 = ' '

s = s1 + s2
s
# 'Smile.Tomorrow will be worse.'


s = s1 + s3 + s2
s
# 'Smile. Tomorrow will be worse.'


s = s1 + ' ' + s2
s
# 'Smile. Tomorrow will be worse.'
```

問題 T1-1

赤色で書かれたオブジェクトが保持している値を答えよ。

```
s1 = 'anything that can go wrong'
s2 = 'it will go wrong'



s1[:8]



s2[3:]



s3 = s1 + ',' + s2[3:]
s3
```

```
s1 = 'left to themselves'
s2 = 'things tend to go'
s3 = 'from bad to better'



s = s1 + ', ' + s2
s = s + ' ' + s3[:12] + 'worse.'
s
```

問題 T1-2

与えられた塩基配列の中から ATG を検索し、ATG が見つかればその位置を、そうでなければ -1 を出力するプログラムを for/while 構文や if 構文で作成せよ。

```
s = 'CCACAGTCATGTGTCAGTCGTAAGT'



# 8
```

```
s = 'CATTGTGTCACAGCCAGTCGTAAGT'



# -1
```

問題 T1-3

与えられた塩基配列中の A、C、G、T の出現回数および出現確率を求めよ。

```
s = 'AAAGGTCTTT'



# A: 3, G: 2, C: 1, T: 4
```

与えられた塩基配列に含まれる AA、AC、・・・、TT のような 2 文字パターンの出現回数を求めよ。

```
s = 'AAAGGTCTTT'



# AA: 2, AG: 1, GG: 1, GT: 1,
# TC: 1, CT: 1, TT: 2
```

問題 T1-4

for/while 構文や if 構文を使用して、与えられた塩基配列の相補鎖を求めよ。

```
s = 'AAAGGTC'



c
# 'TTTCCAG'
```

for/while 構文や if 構文を使用して、与えられた塩基配列の逆相補鎖を求めよ。

```
s = 'AAAGGTC'



r
# 'GACCTTT'
```

文字列操作関数

文字列の操作には、連結、分割、検索、置換などがある。これらの操作は、次の関数（文字列メソッド）で行える。

`a + b`	文字列 a の後ろに文字列 b を連結する。
`a.split(',')`	コンマ , を区切り文字として、文字列を分割して、部分文字列のリストに変換する。
`a.find('ATG')`	文字列 a の先頭から ATG を探す。見つかればその位置の添字を返し、そうでなければ -1 を返す。
`a.replace('TAG', '*')`	文字列 a 中ににある部分文字列 TAG を * に置き換える。

```
s = '21,31,41,51,61'


s.split(',')
# ['21', '31', '41', '51', '61']



s.find('41')
# 6


s.find('71')
# -1


s.replace(',', ';')
# '21;31;41;51;61'
```

文字と数値の交互変換

Python の世界で、文字と数値の扱い方が異なる。文字と文字の足し算では文字同士が連結され、数値と数値の足し算では数学的に和が計算される。文字と数値の足し算は定義されておらず、エラーが出る。

```
a = '12'
b = 21


a + b
# TypeError: can only concatenate str
(not "int") to str
```

文字列 a に、整数 b を連結できないことを示すエラー。

```
b + a
# TypeError: unsupported operand type(s)
for +: 'int' and 'str'
```

整数 b に文字列 a を足せないことを示すエラー。

文字から数値への変換

文字列を整数または小数に変換することができる。整数への変換は int 関数を利用し、小数への変換は float 関数を利用する。これらの関数は、すべての文字列を整数・小数に変換できるわけではない。変換できない場合は、エラーが起こる。

```
a1 = '12'
a2 = '12.345'
a3 = '1.23e6'

int(a1)
# 12

int(a2)
# ValueError: invalid literal for int()
with base 10: '12.345'

float(a1)
# 12.0

float(a2)
# 12.345

float(a3)
# 1230000.0
```

数値から文字への変換

数値から文字への変換は str 関数を使用する。基本的に、すべての数値を文字に変換できる。桁数の多い小数を文字に変換するとき、桁落ちが発生する場合がある。

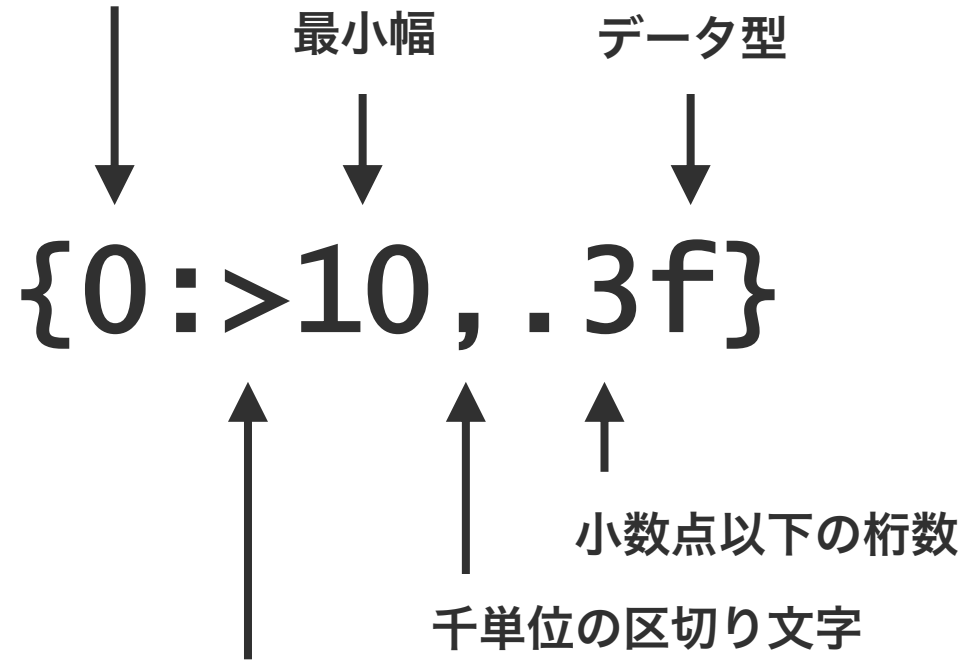
```
b1 = 12
b2 = 12.345
b3 = 12.34567890123456789 01
b4 = 1.23e6


str(b1)
# '12'


str(b2)
# '12.345'


str(b3)
# '12.345678901234567'


str(b4)
# '1230000.0'
```

数値から文字への変換

参考

数値から文字への変換は、str 関数のほかに format 関数も用意されている。format 関数を使うことで、有効桁数を指定したり、ゼロ埋めしたりすることができる。

埋め込みインデックス



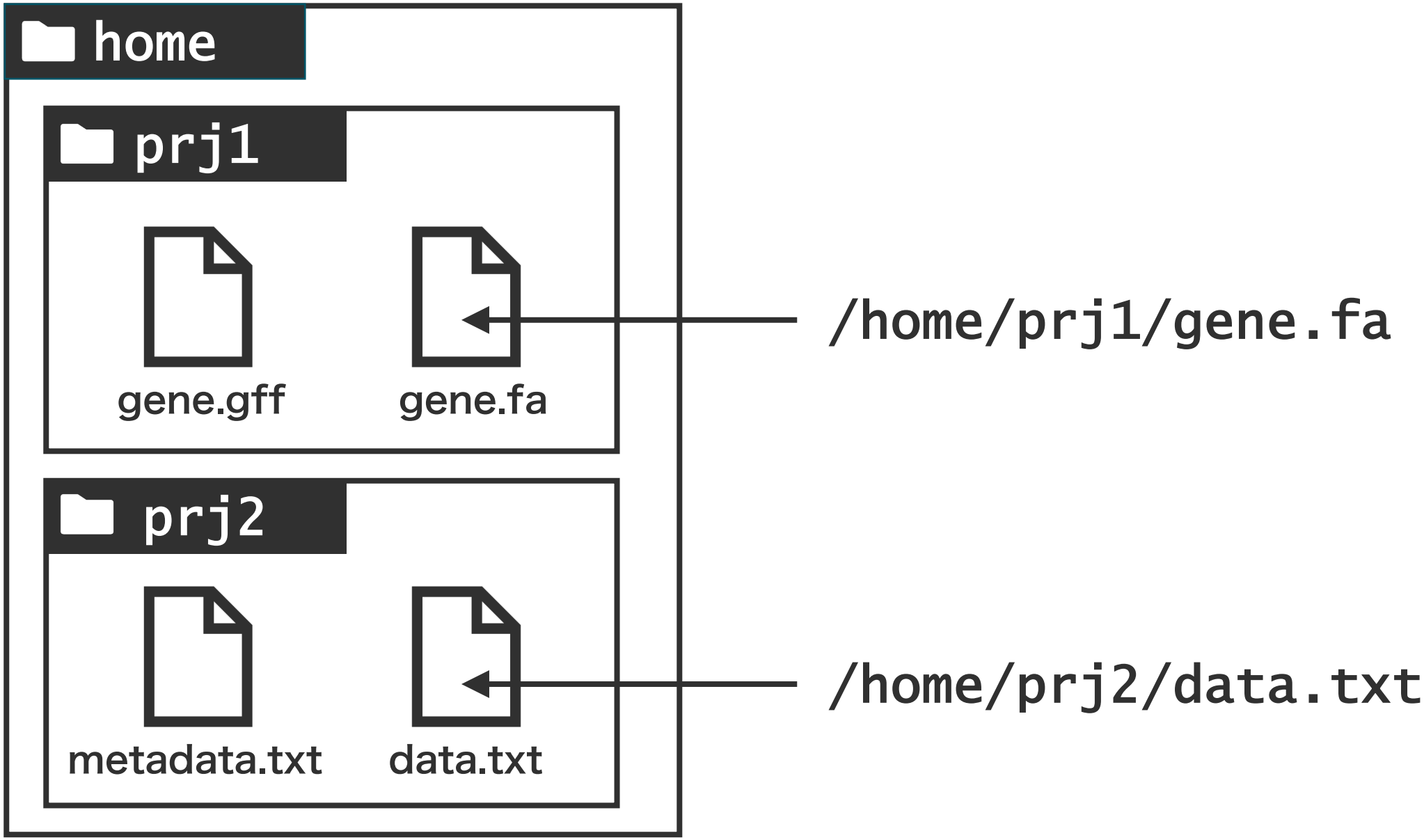

```
b1 = 12
b2 = 12.3456789


'{:4d}'.format(b1)
# '  12'

'{:04d}'.format(b1)
# '0012'

'{:.3f}'.format(b1)
# '12.000'

'{:.3f}'.format(b2)
# '12.345'

'{:.2e}'.format(b2)
# '1.23e+01'
```

農学生命情報科学特論Ⅰ

②

- テキスト処理
- ファイル処理
- ニューラルネットワーク

ファイルパス

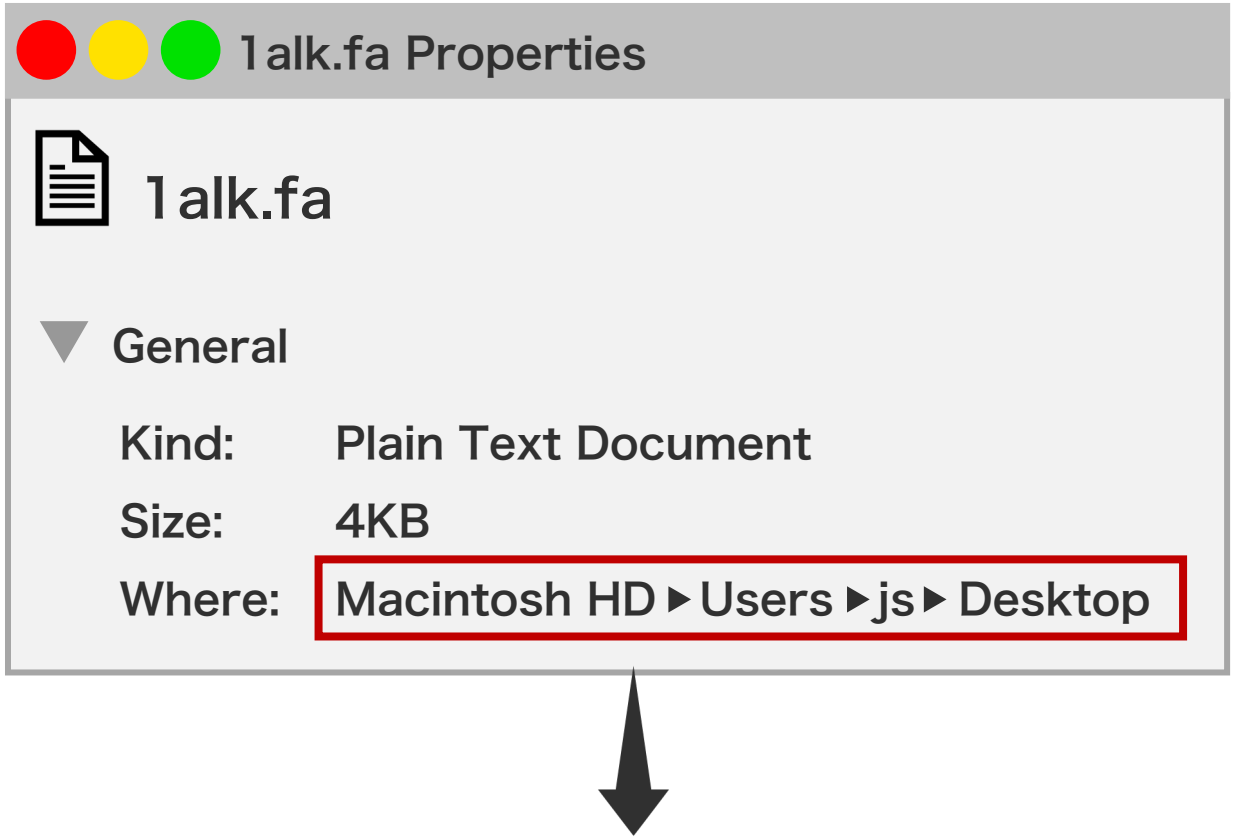

home
prj1
gene.gff
gene.fa
prj2
metadata.txt
data.txt
/home/prj1/gene.fa
/home/prj2/data.txt

ファイルパス（Macintosh）

1. パスを調べたいファイルを右クリックし、「Get Info」を選ぶ。

2. 「General」タブの「Where」項目にファイルへのパスが記載されている。

    - ファイルパスの「Macintosh HD」は最上層を表し、パスを書くとき「/」と書く。
    - 小さい三角形はフォルダの包含関係を表すので、パスを書くときは「/」と書く。



/Users/js/Desktop/1alk.fa

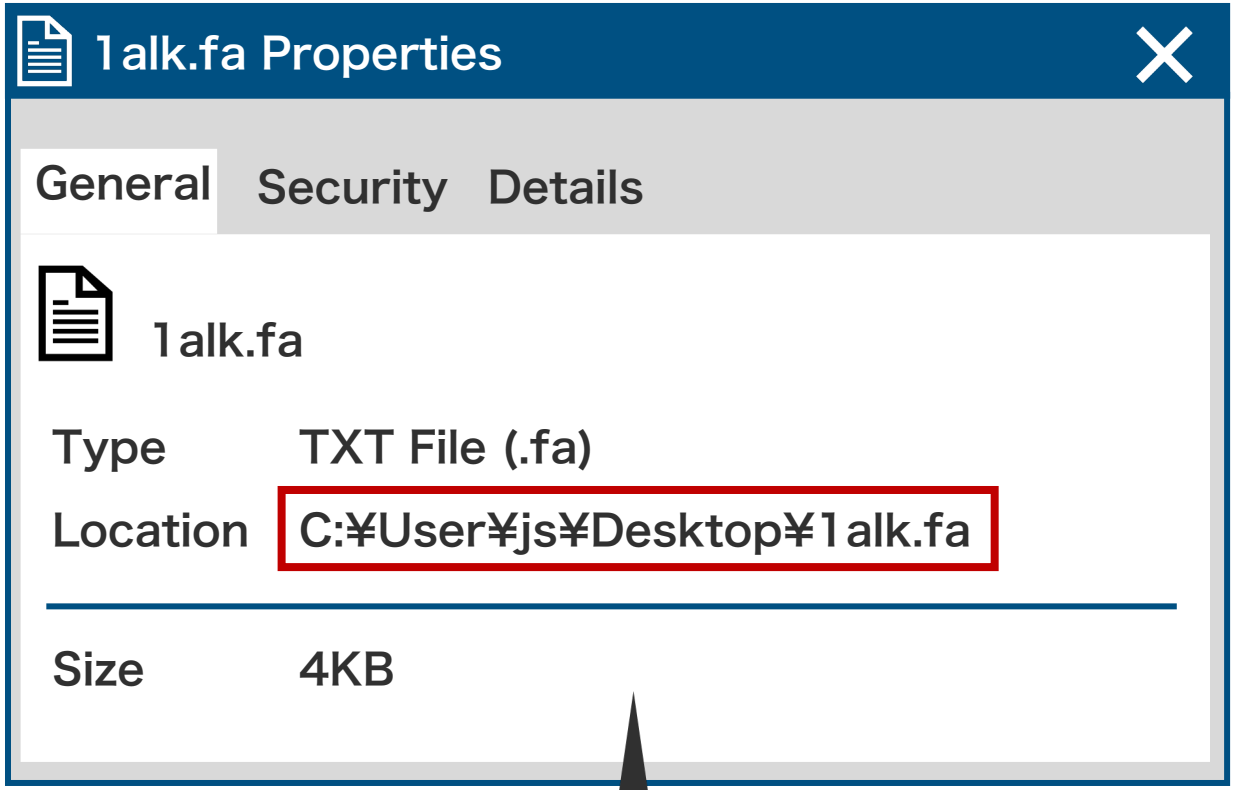
ファイルパス（Windows）

1. パスを調べたいファイルを右クリックし、「Properties」を選ぶ。

2. 「General」タブの「Location」項目にファイルへのパスが記載されている。

   - **日本語環境の場合、「＼」が「¥」として表示される。**どちらも Windows コンピューター内部では 0x5C として認識されている。

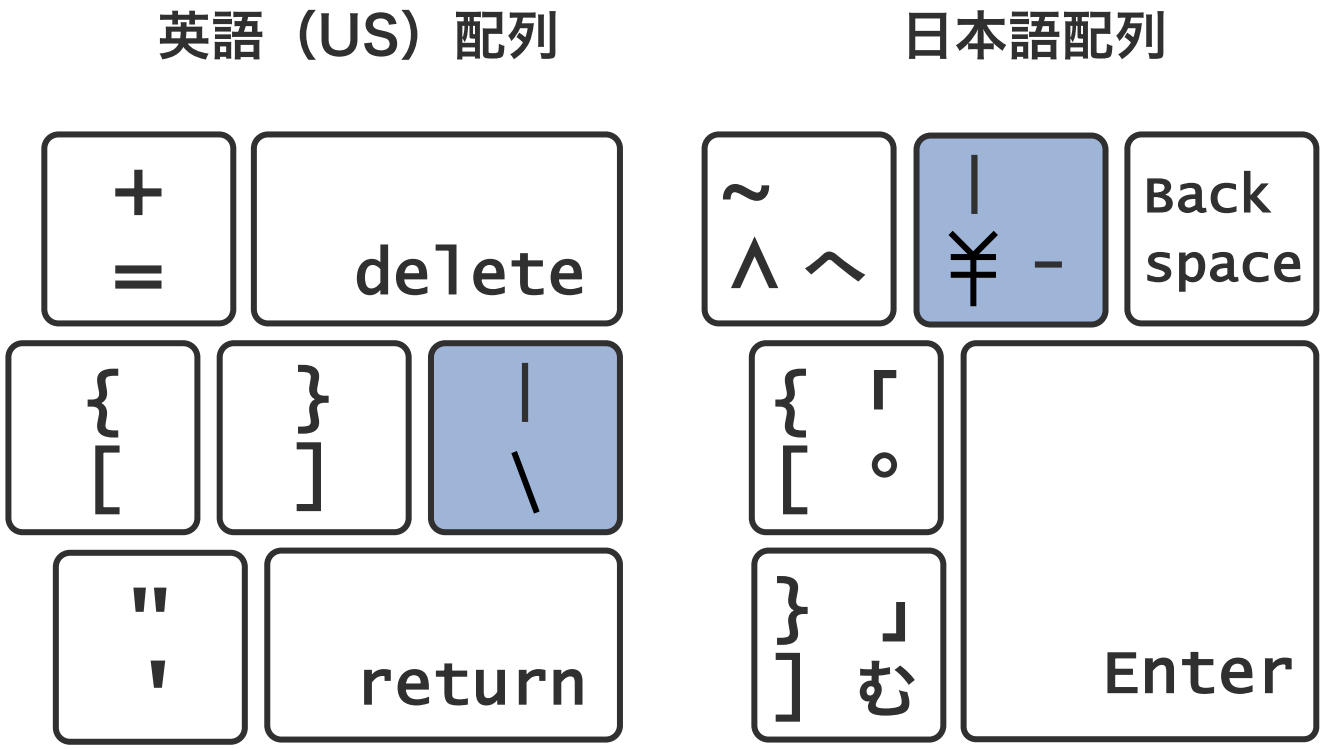
   - パスとして使用するとき、Location 欄に書かれているパス中の**「＼」を「/」に置き換える。**



C:/User/js/Desktop/1alk.fa

バックスラッシュ（＼）・円マーク（¥）

バックスラッシュは、OS の種類、言語環境や文字コードによって、ディスプレイでの表示が異なる。日本語環境のシステムであれば円マーク「¥」として表示され、それ以外の言語環境では「＼」として表示される。バックスラッシュと円マークは、表示が異なるものの、コンピューター上では同一のコード 0x5C として扱われる。



macOS 日本語環境を使用している場合は、＼ と ¥ の両方を入力できる。Option を押しながら＼または¥キーを押すことで、＼と¥の入力の切り替えができる。

ファイル

Python でファイルを読み込むには、open 関数を使用する。open 関数に、ファイルへのパスとともにオープン・モードを与えて使う。

モード	意味
r	読み込みモード。ファイルが存在しない場合はエラーになる。
w	書き込みモード。ファイルが存在しない場合は新規作成される。ファイルが存在する場合は、既存のファイルを削除したうえで新規作成する。
a	追記モード。既存のファイルの最後に追記する。ファイルが存在しない場合は新規作成される。

https://aabbdd.jp/notes/data/1alk.fa

```
f = '1alk.fa'


with open(f, 'r') as fh:

    for line in fh:

        print(line)


# >1ALK:A|PDBID|CHAI...
# TPEMPVLENRAAQGNITA...
# TGQYTHYALNKKTGKPDY...
# AHVTSRKCYGPSATSQKC...
```

ファイル読み込み

パス f に保存されているファイルを、r モードで開き、ファイルハンドルにセットアップする。

```
f = '1alk.fa'


with open(f, 'r') as fh:

    for line in fh:

        print(line)


# >1ALK:A|PDBID|CHAI...
# TPEMPVLENRAAQGNITA...
# TGQYTHYALNKKTGKPDY...
# AHVTSRKCYGPSATSQKC...
```

https://aabbdd.jp/notes/data/1alk.fa

ファイル読み込み

ファイルの内容がリストに変換されてファイルハンドルに代入される※。ファイルの i 行目の文字列情報が、リストの i 番目の要素に代入されている。そのため、for 構文を利用して、リストの先頭から要素を順に取り出せば、ファイルの内容を 1 行目から順に取り出せるようになる。

```
>1ALK
TPEMPV
TGQYTH
AHVTSR
```

```
fh = [
  '>1ALK\n',
  'TPEMPV\n',
  'TGQYTH\n',
  'AHVTSR\n'
]
```

```
f = '1alk.fa'

with open(f, 'r') as fh:
    for line in fh:
        print(line)

# >1ALK:A|PDBID|CHAI...
# TPEMPVLENRAAQGNITA...
# TGQYTHYALNKKTGKPDY...
# AHVTSRKCYGPSATSQKC...
```

※ 正確には、ファイルの何行の何文字目まで読み込んだかの位置情報（ファイルポインター）がファイルハンドルに保存される。ファイルハンドルに対して for 構文を適用すると、ポインターを自動的に 1 行ずつ進めさせることができる。また、read メソッドと for 構文を組み合わせることで、ポインターを 1 文字ずつ進めさせることもできる。

ファイル読み込み

```
f = '1alk.fa'


with open(f, 'r') as fh:

    for line in fh:

        print(line)


# >1ALK:A|PDBID|CHAI...
# TPEMPVLENRAAQGNITA...
# TGQYTHYALNKKTGKPDY...
# AHVTSRKCYGPSATSQKC...
```

すべての行の読み込みが終わり、ファイルが閉じら ▶
れる。

エスケープシーケンス

Python では、特殊な用途向けに、いくつかの特殊文字が定義されている。例えば、改行とタブがその特殊文字にあたる。改行文字は、人には見えないが、コンピュータが改行として認識するために必要な特殊文字である。限られたアルファベットと数字の中で、このような特殊文字を表すためには、既存文字を組み合わせて表現する。一般に、バックスラッシュに 1 文字を足して、特殊文字を表現していることが多い。例えば、改行ならば \n、タブならば \t のように表現する。

```
s = 'Smile. nTomorrow will be worse.'
s
# 'Smile. nTomorrow will be worse.'



s = 'Smile. \nTomorrow will be worse.'
s
# 'Smile.'
# 'Tomorrow will be worse.'



s = 'Smile. \\nTomorrow will be worse.'
s
# 'Smile. \nTomorrow will be worse.'
```

問題 F1-1

リスト fh の要素のうち、「>」から始まる要素の個数を求めよ。

```
fh = ['>1ALK:A',
      'TPEMPVL',
      'TGQYTHA',
      '>1ALK:B',
      'TPEMPVL',
      'TGQYTHA']
```

問題 F1-2

1alk.fa ファイルを読み込んで、「>」から始まる行の行数を求めよ。

```
f = '1alk.fa'
n = 0
```

https://aabbdd.jp/notes/data/1alk.fa

問題 F1-3

ft.fa ファイルは FASTA 形式のテキストファイルである。このファイルは「>」から始まる行に遺伝子名が記載され、それ以降の行に遺伝子の塩基配列が記載されている。ft.fa に記載されいてる遺伝子の塩基配列の長さを求めよ。

```
f = 'ft.fa'
l = 0
```

小文字エル l、大文字アイ I、数字 1 はフォントによって区別しにくい場合がある。

https://aabbdd.jp/notes/data/ft.fa

問題 F1-4

ft.fa に記載された塩基配列について、A の出現確率を求めよ。

```
f = 'ft.fa'
pA = 0
```

https://aabbdd.jp/notes/data/ft.fa

問題 F1-5

diversity_galapagos.txt は、タブ区切りのテキストファイルであり、ガラパゴス島における種の多様性データが記載されている。このファイルを読み込み、面積（Area 列）の最も大きい島の名前（Island 列）を答えよ。ただし、このテキストファイルには、「#」から始まるコメント行とデータの属性を示すヘッダー行が含まれていることに注意。

```
f = 'diversity_galapagos.txt'
island_name = ''
```

https://aabbdd.jp/notes/data/diversity_galapagos.txt

問題 F1-6

diversity_galapagos.txt は、タブ区切りのテキストファイルであり、ガラパゴス島における種の多様性データが記載されている。面積（Area）あたりの種数（Species）が最も大きい大きい島の名前とそのときの面積当たりの種数を求めよ。

```
f = 'diversity_galapagos.txt'
island_name = ''
island_dens = 0
```

https://aabbdd.jp/notes/data/diversity_galapagos.txt

ファイル書き込み

ファイルの書き込みには w および a モードが定義されている。このほかにも w+ や a+ などのモードも定義されているが、初めは w モードのみ使えればよい。

モード	意味
r	読み込みモード。ファイルが存在しない場合はエラーになる。
w	書き込みモード。ファイルが存在しない場合は新規作成される。ファイルが存在する場合は、既存のファイルを削除したうえで新規作成する。
a	追記モード。既存のファイルの最後に追記する。ファイルが存在しない場合は新規作成される。

```
f = 'output.fa'


with open(f, 'w') as outfh:

    outfh.write('abcdefg')
    outfh.write('1234567')
```

ファイル書き込み

パス f を書き込みモードで開き、ファイルハンドル ▶ にセットアップする。

```
f = 'output.fa'


with open(f, 'w') as outfh:

    outfh.write('abcdefg')
    outfh.write('1234567')
```

ファイル書き込み

abcdefg をファイルに書き込む ▶

```
f = 'output.fa'


with open(f, 'w') as outfh:

    outfh.write('abcdefg')
    outfh.write('1234567')
```

ファイル書き込み

1234567 をファイルに書き込む ▶

```
f = 'output.fa'


with open(f, 'w') as outfh:

    outfh.write('abcdefg')
    outfh.write('1234567')
```

ファイル書き込み

書き込みが終了し、ファイルが閉じられる。 ▶

```
f = 'output.fa'


with open(f, 'w') as outfh:

    outfh.write('abcdefg')
    outfh.write('1234567')
```

問題 F1-7

ft.fa ファイルは FASTA 形式のテキストファイルである。このファイルは「>」から始まる行に、塩基配列の名前が記載され、それ以降の行は塩基配列が大文字で記載されている。配列の名前を変更しないで、塩基配列をすべて小文字に変換し、これらの情報を新しいファイル new_ft.fasta に保存するプログラムを作成せよ。

```
>ft
ACCGTGFA
ATTTGCTA
CACATTTA
AAAC
```

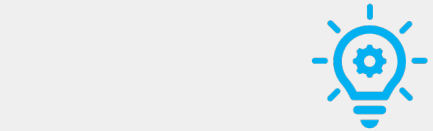
```
>ft
accgtgfa
atttgcta
cacattta
aaac
```

https://aabbdd.jp/notes/data/ft.fa

```
f = 'ft.fa'
l = 0
```

農学生命情報科学特論Ⅰ

2

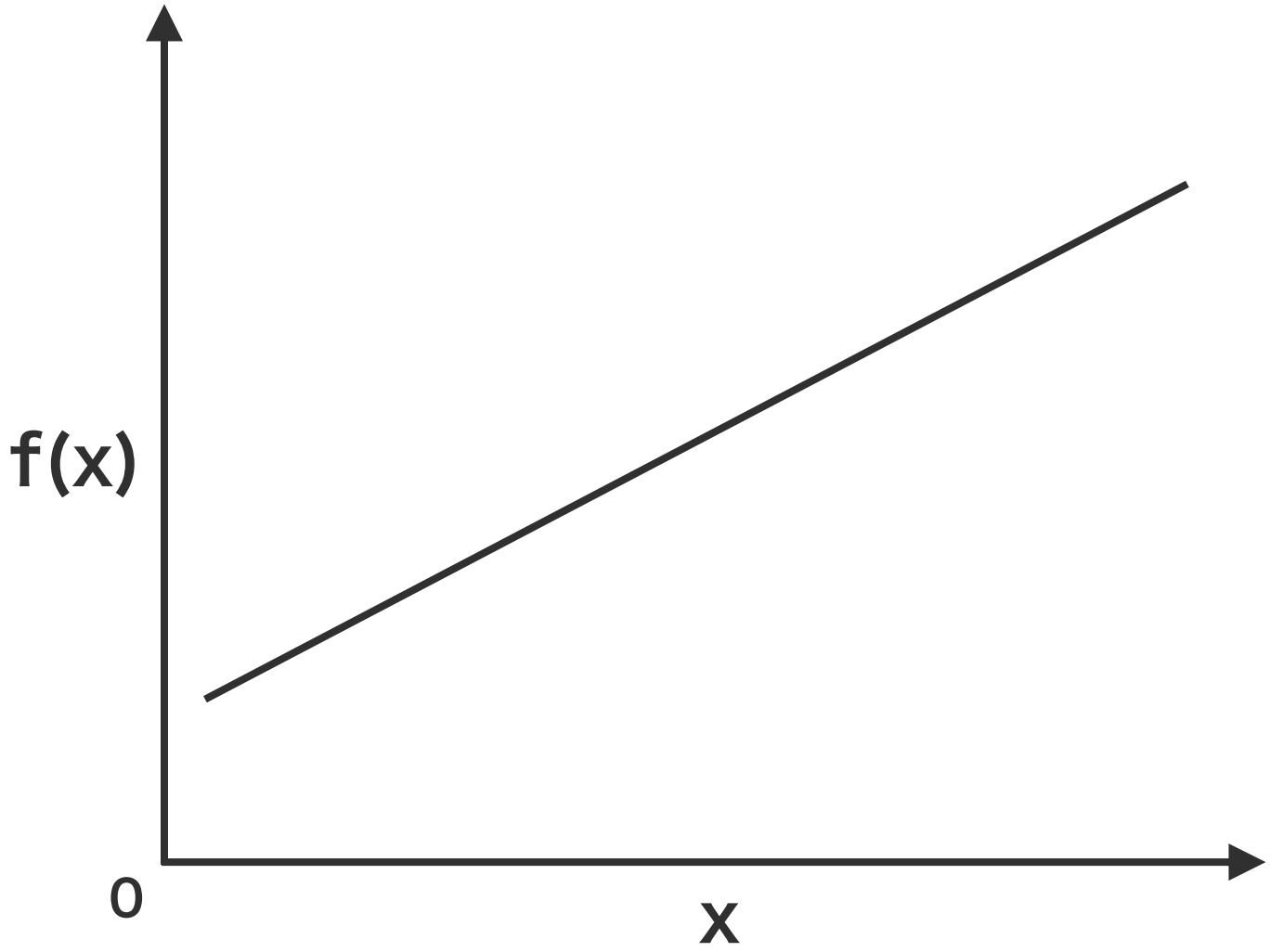
- テキスト処理
- ファイル処理
-  ニューラルネットワーク

関数

１次関数 f を考える。f は入力値 x を受け取り、x に対して何らかな演算を行なって、その結果を返す関数となる。例えば、気温 x を関数 f を与えると、関数の中で気温に対して何らかの演算を行なって、穀物の収量を出力する。

$$f(x) = w_0 + w_1 x$$

▲ 収量　　▲ 気温

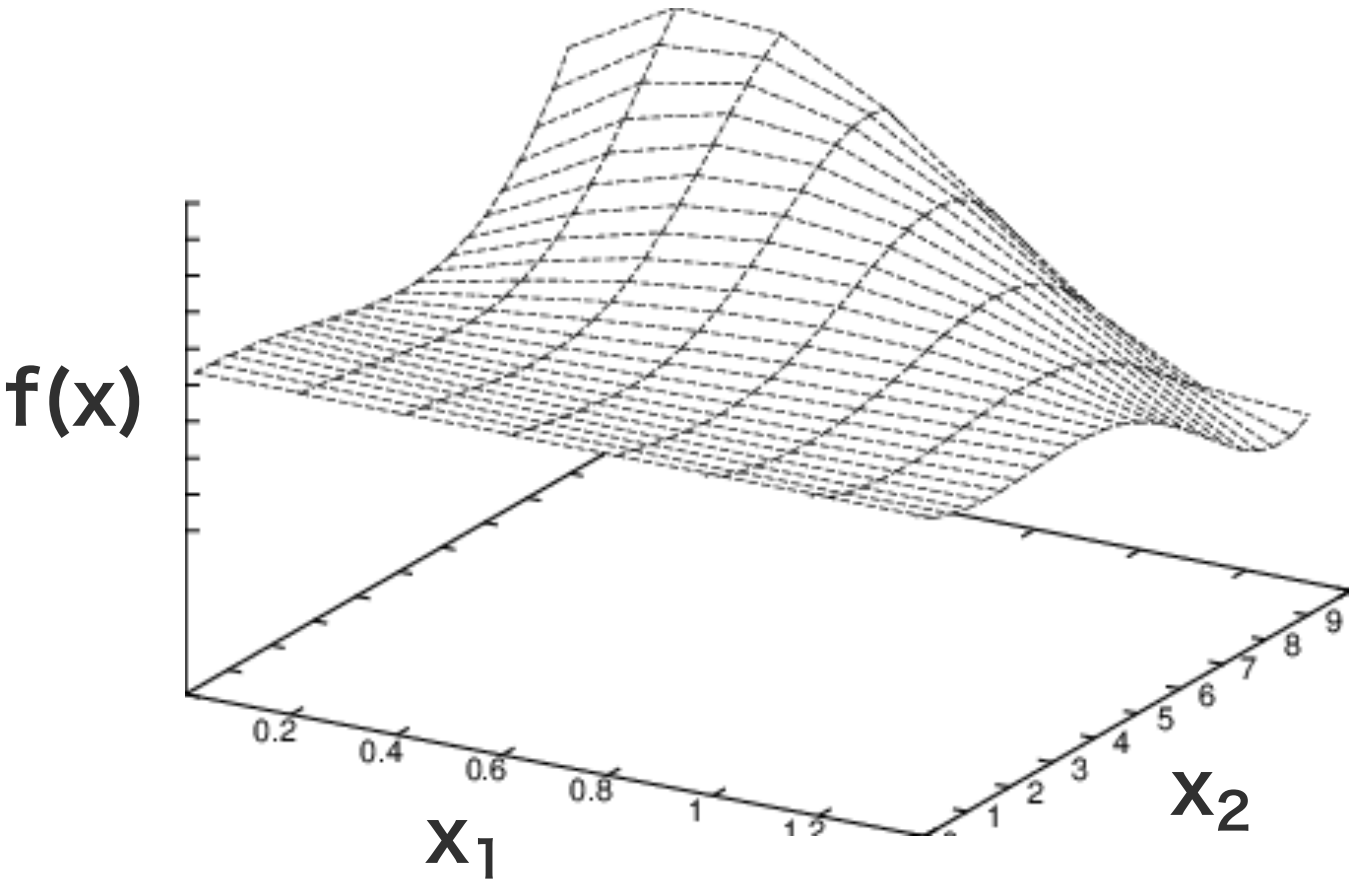


関数

複数の値を受け取り、1 つの値を返す関数を多変量関数という。例えば、穀物の収量は、気温だけでなく、施肥量にも影響される。そこで、気温 x1 と施肥量 x2 を関数 f に与えると、関数の中で気温と施肥量に対して何らかの演算を行なって、穀物の収量を出力する。

$$f(x) = w_0 + w_1 x_1 + w_2 x_2$$

▲ 収量　▲ 気温　▲ 施肥量



パーセプトロン

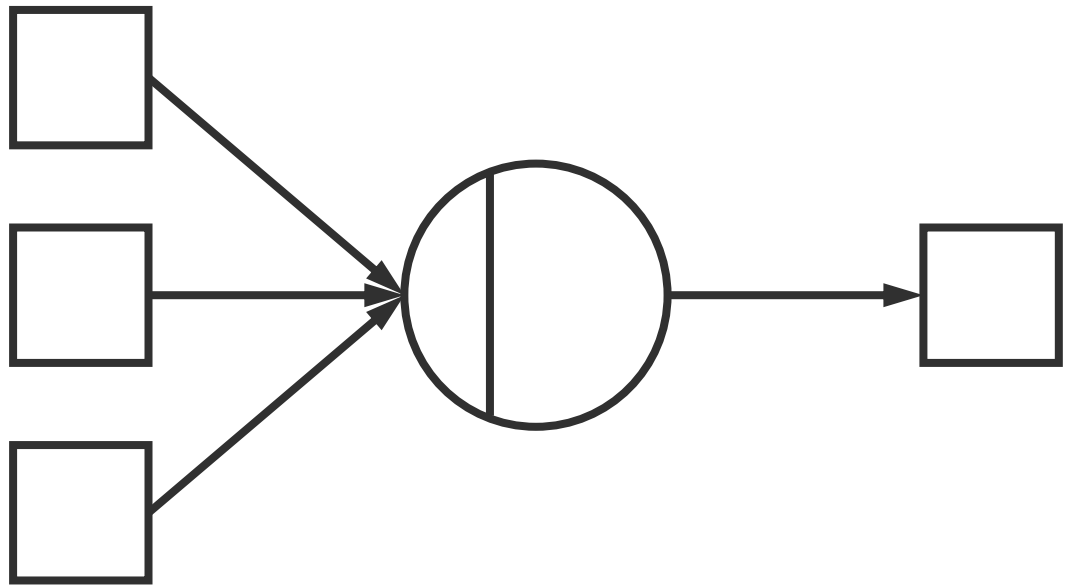
パーセプトロンは、複数の入力値に重みをかけ、その和を計算し、その和の符号に応じて値を出力するアルゴリズムである。

入力　x_1　x_2

処理　$z = w_0 + w_1 x_1 + w_2 x_2$

処理　$\phi(z) = \begin{cases} 0, & z < 0 \\ 1, & z \geq 0 \end{cases}$

出力　1



パーセプトロン

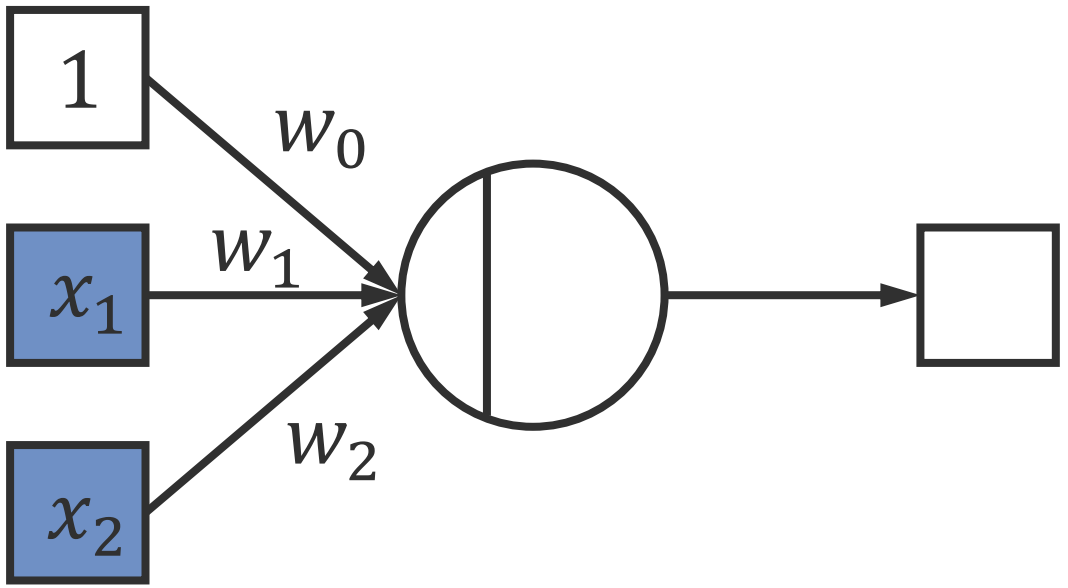
パーセプトロンは、複数の入力値に重みをかけ、その和を計算し、その和の符号に応じて値を出力するアルゴリズムである。

入力　x_1　x_2

処理　$z = w_0 + w_1 x_1 + w_2 x_2$

処理　$\phi(z) = \begin{cases} 0, & z < 0 \\ 1, & z \geq 0 \end{cases}$

出力　1



パーセプトロン

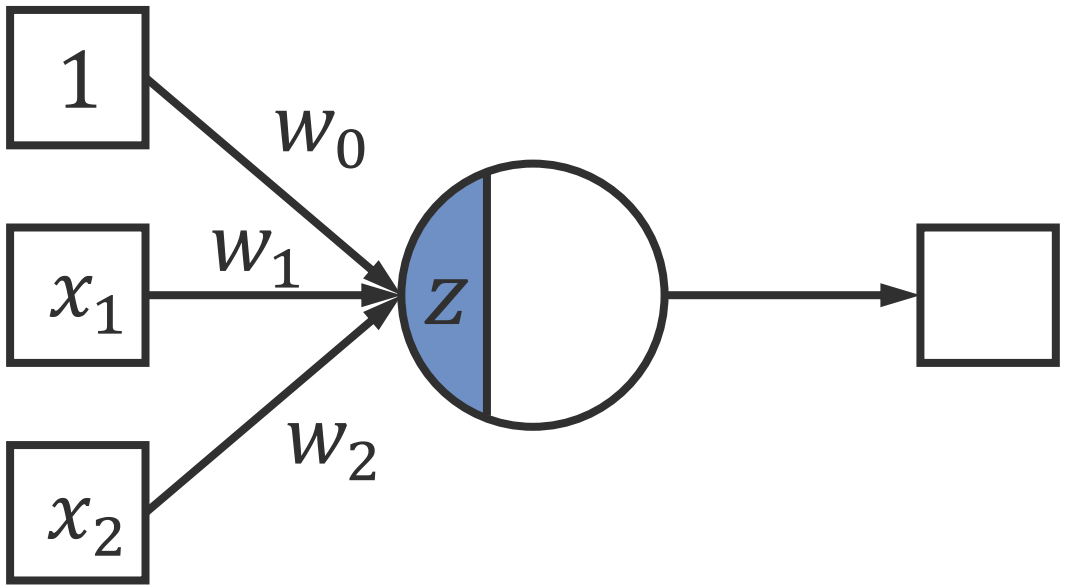
パーセプトロンは、複数の入力値に重みをかけ、その和を計算し、その和の符号に応じて値を出力するアルゴリズムである。

入力　x_1　x_2

処理　$z = w_0 + w_1 x_1 + w_2 x_2$

処理　$\phi(z) = \begin{cases} 0, & z < 0 \\ 1, & z \geq 0 \end{cases}$

出力　1



パーセプトロン

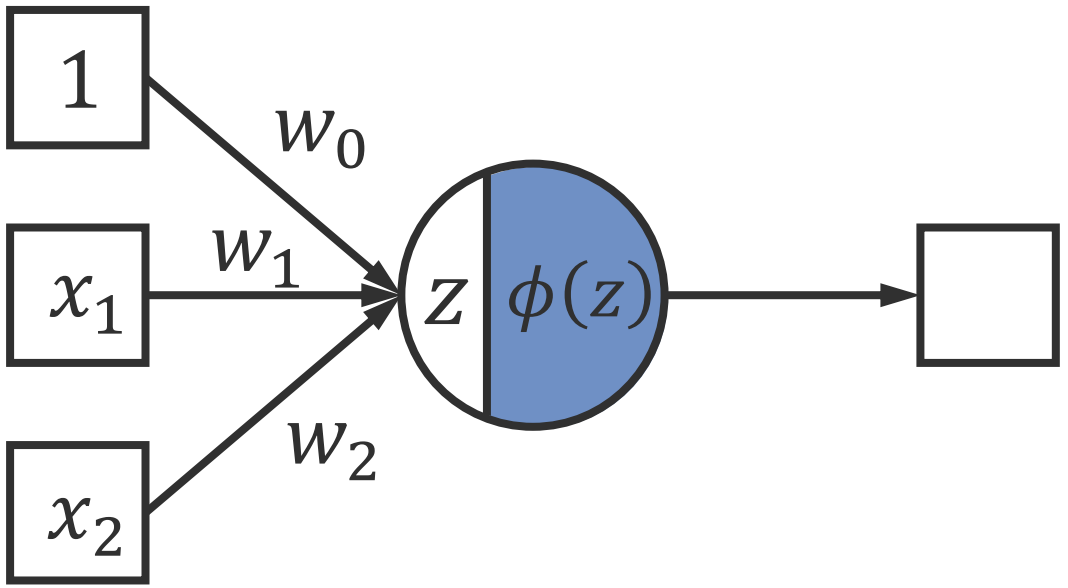
パーセプトロンは、複数の入力値に重みをかけ、その和を計算し、その和の符号に応じて値を出力するアルゴリズムである。

入力　x_1　x_2

処理　$z = w_0 + w_1 x_1 + w_2 x_2$

処理　$\phi(z) = \begin{cases} 0, & z < 0 \\ 1, & z \geq 0 \end{cases}$

出力　1



パーセプトロン

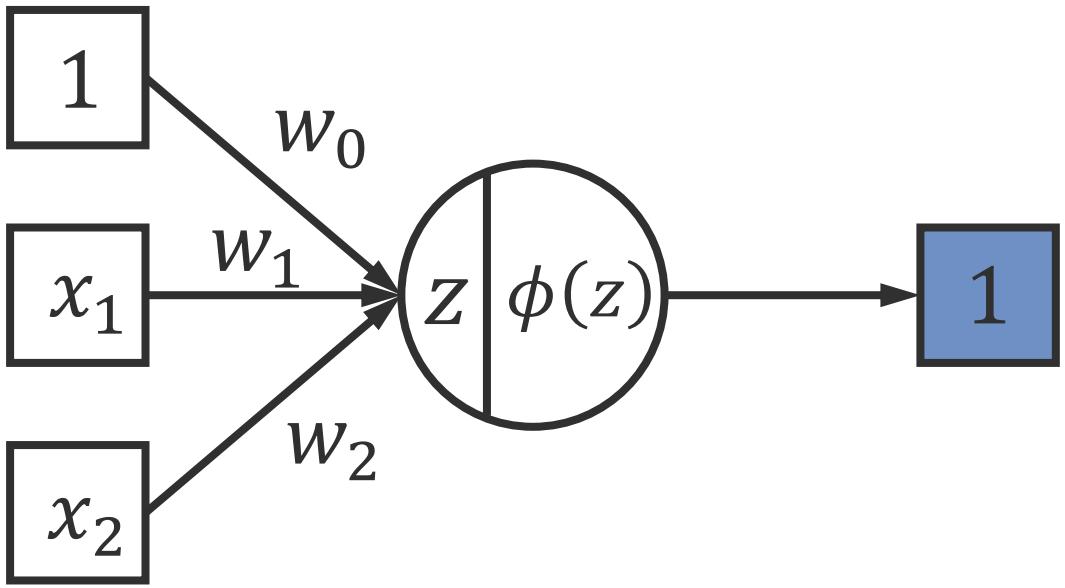
パーセプトロンは、複数の入力値に重みをかけ、その和を計算し、その和の符号に応じて値を出力するアルゴリズムである。

入力　x_1　x_2

処理　$z = w_0 + w_1 x_1 + w_2 x_2$

処理　$\phi(z) = \begin{cases} 0, & z < 0 \\ 1, & z \geq 0 \end{cases}$

出力　1

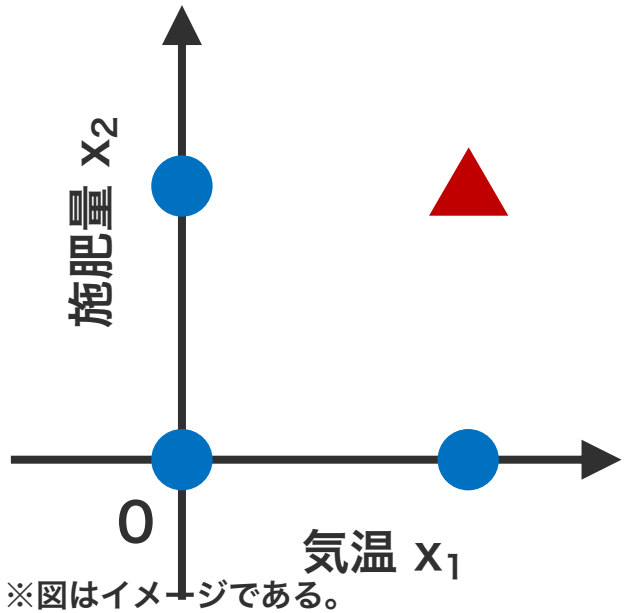


パーセプトロン学習則

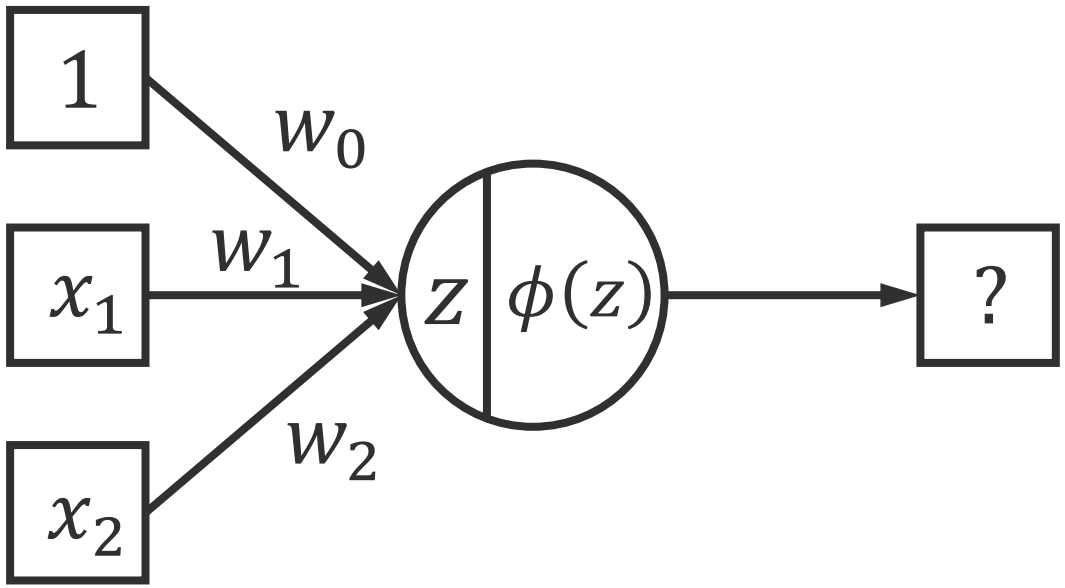
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

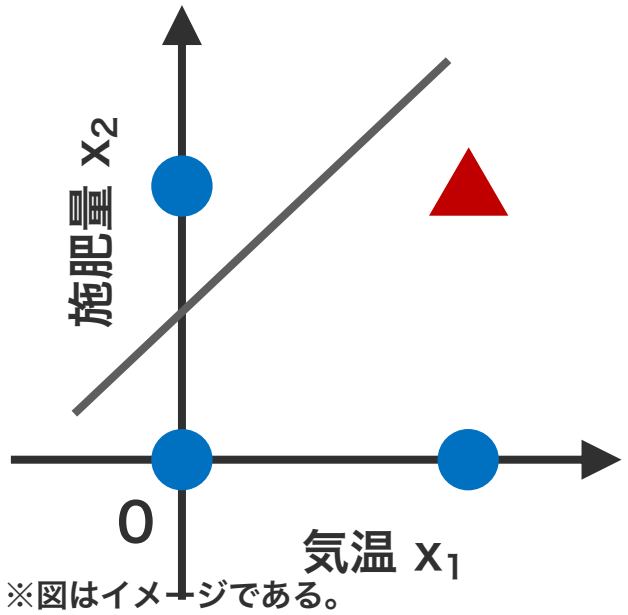


パーセプトロン学習則

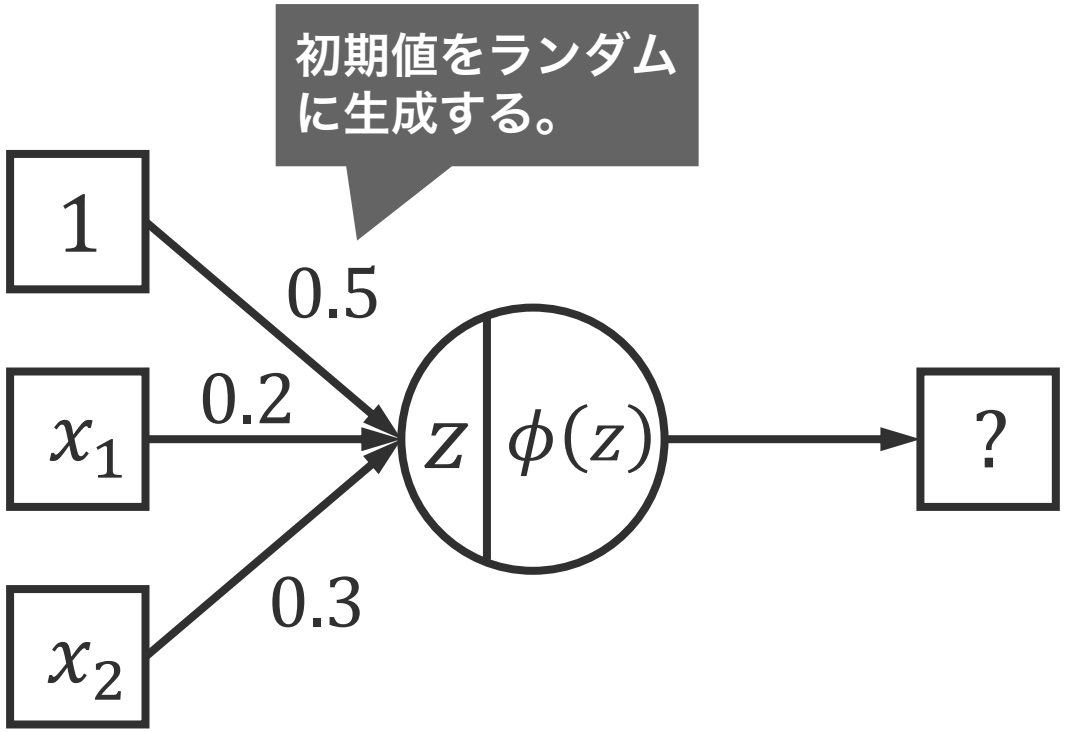
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

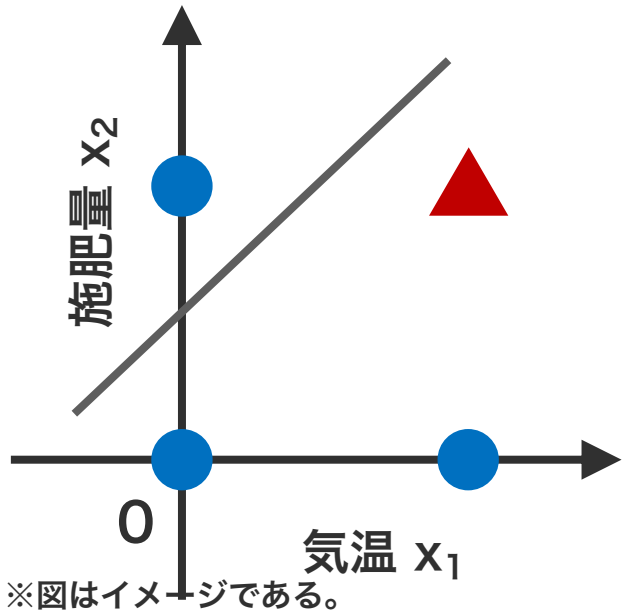


パーセプトロン学習則

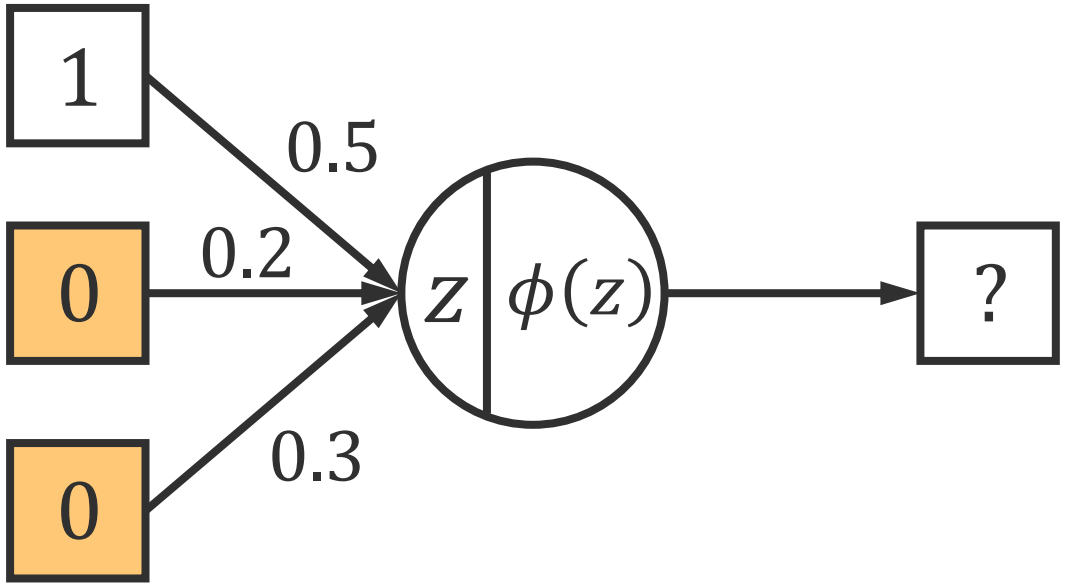
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

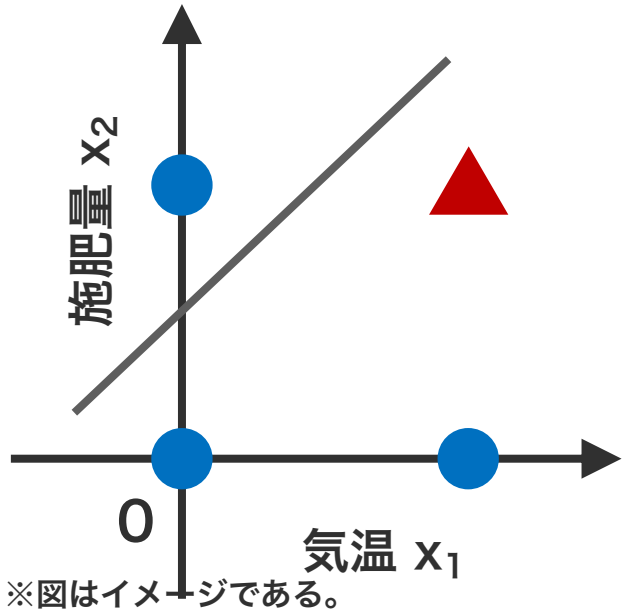


パーセプトロン学習則

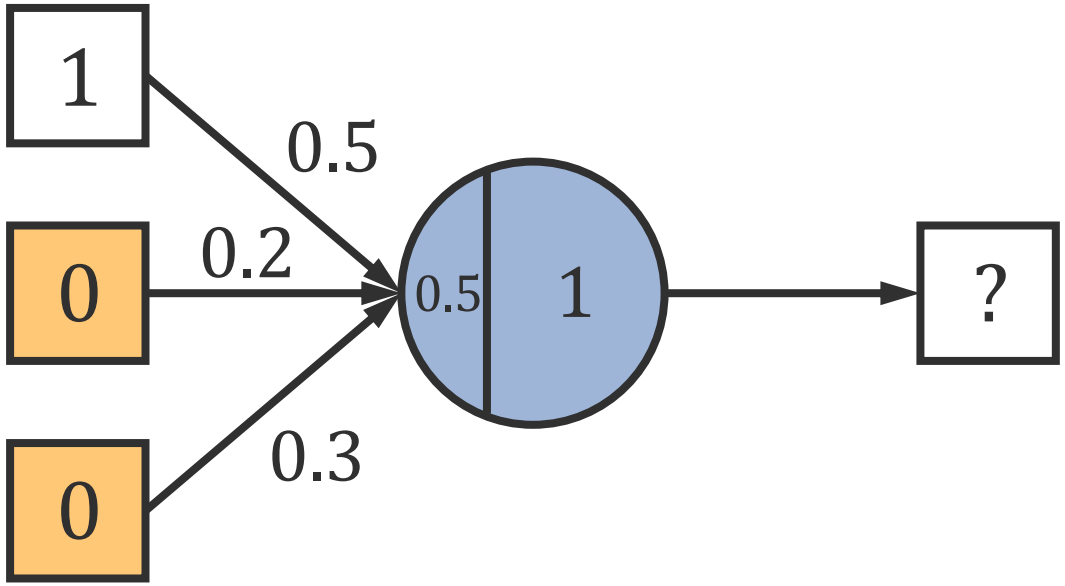
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

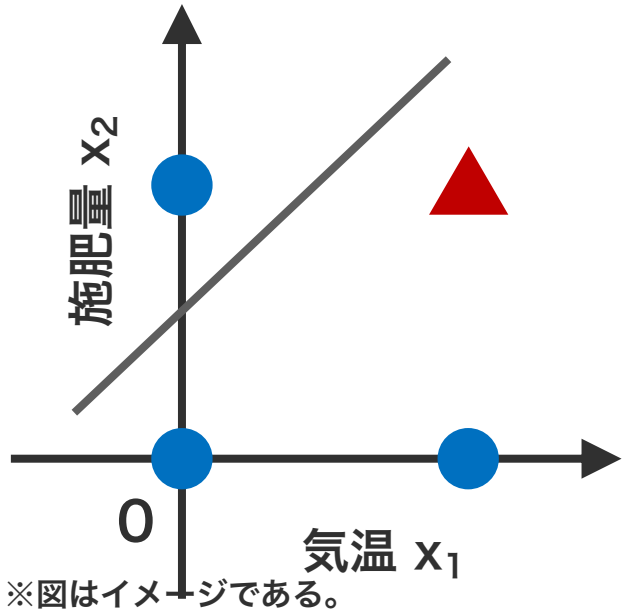


パーセプトロン学習則

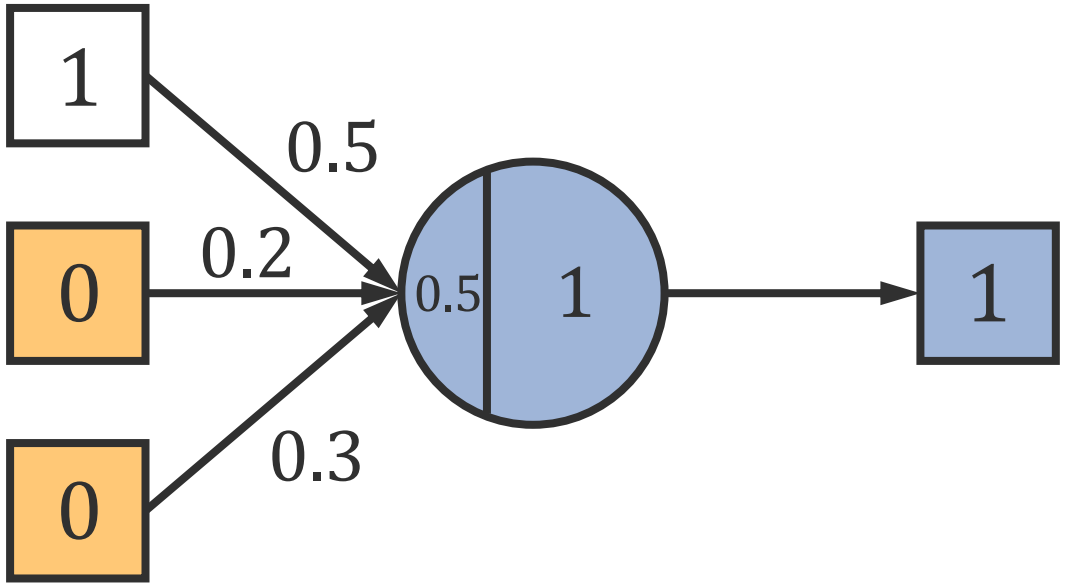
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

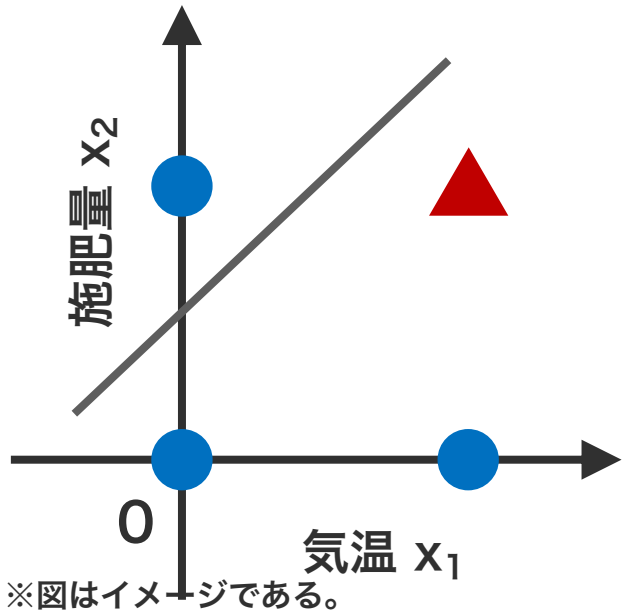


パーセプトロン学習則

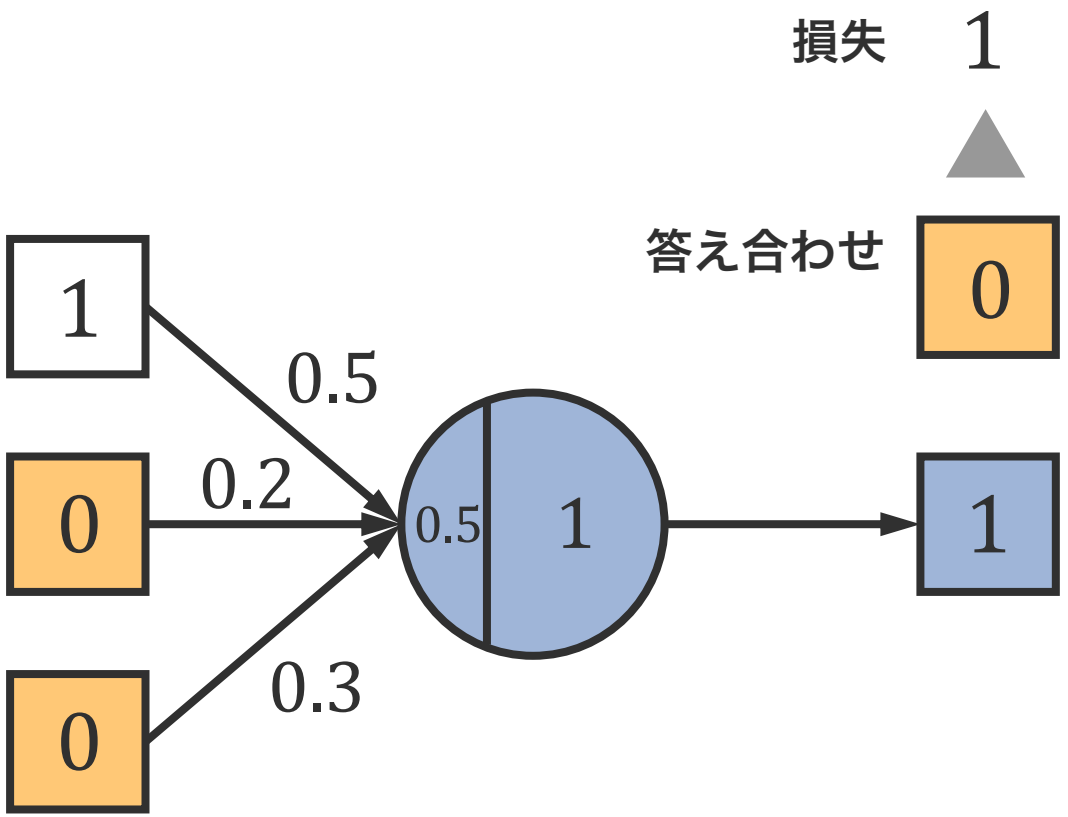
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。



パーセプトロン学習則

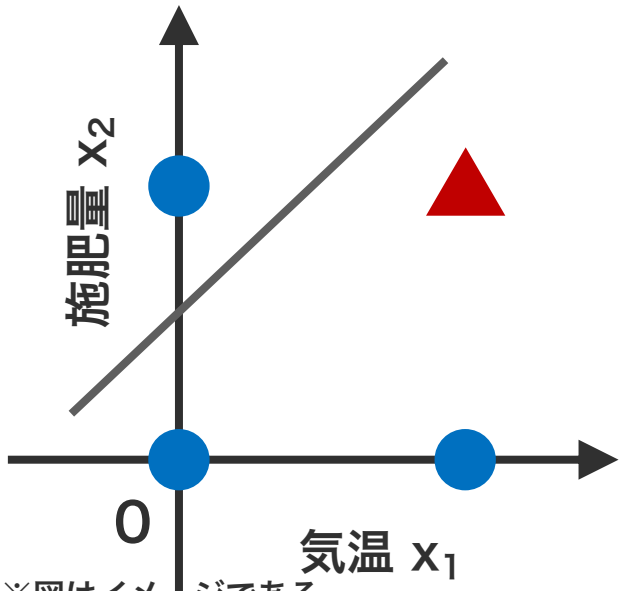
$$w_0^{(new)} = 0.5 + 1(0-1)0.1 = 0.4$$
$$w_1^{(new)} = 0.2 + 0(0-1)0.1 = 0.2$$
$$w_2^{(new)} = 0.3 + 0(0-1)0.1 = 0.3$$

損失 1

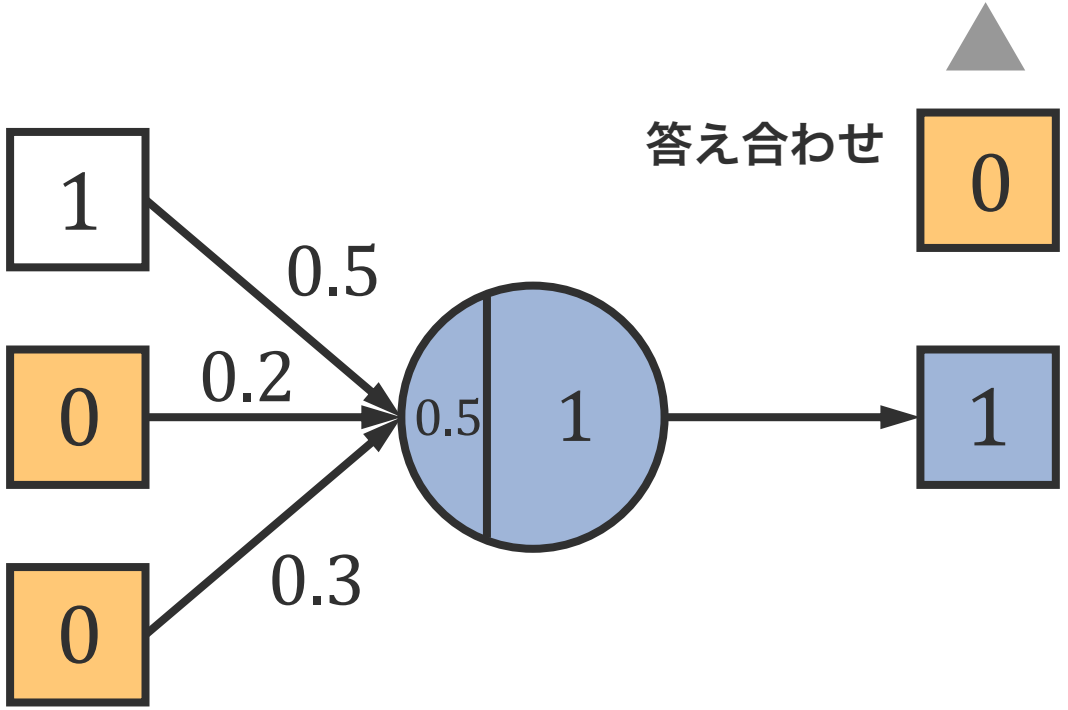
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

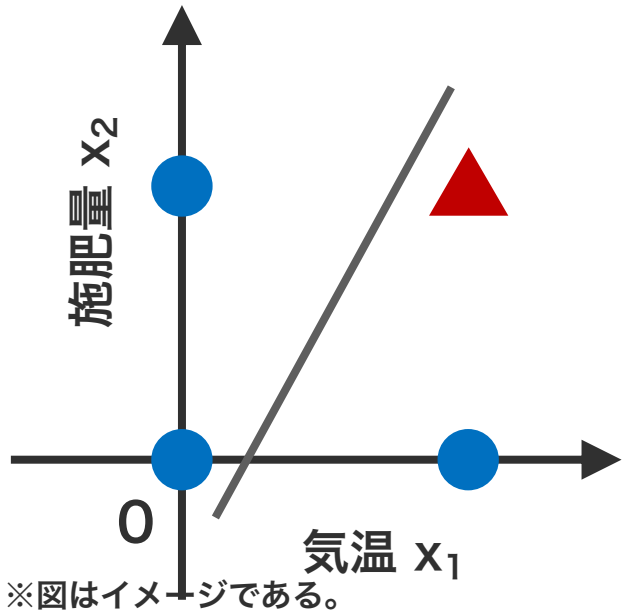


パーセプトロン学習則

学習データ

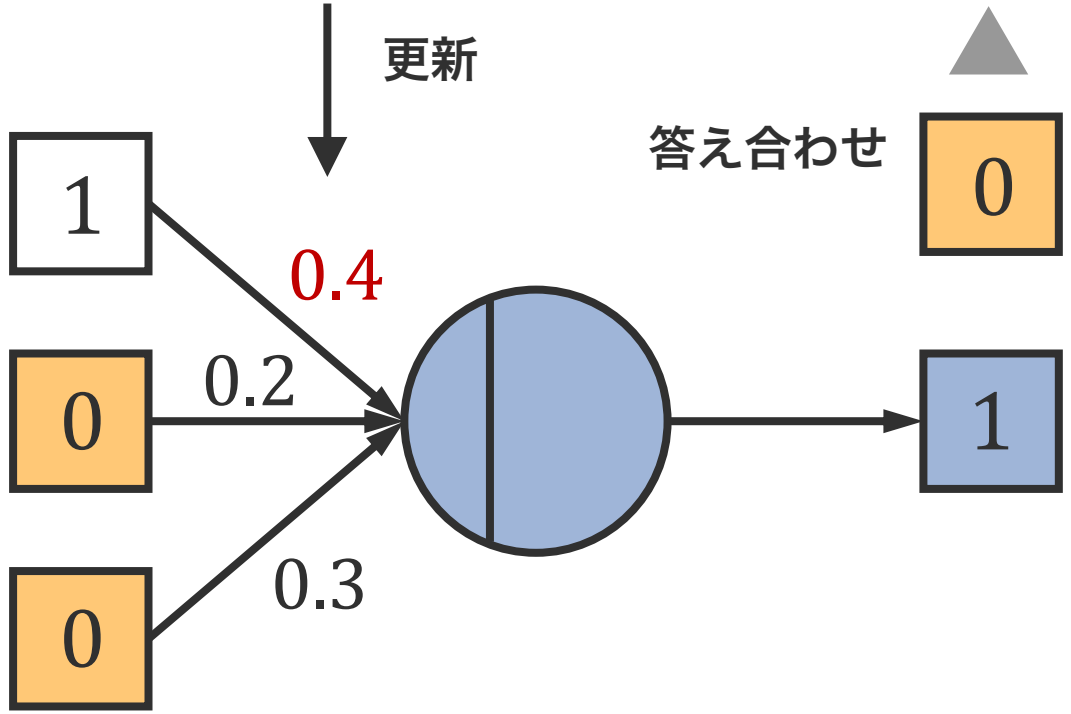
気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

$$w_0^{(new)} = 0.5 + 1(0-1)0.1 = 0.4$$
$$w_1^{(new)} = 0.2 + 0(0-1)0.1 = 0.2$$
$$w_2^{(new)} = 0.3 + 0(0-1)0.1 = 0.3$$

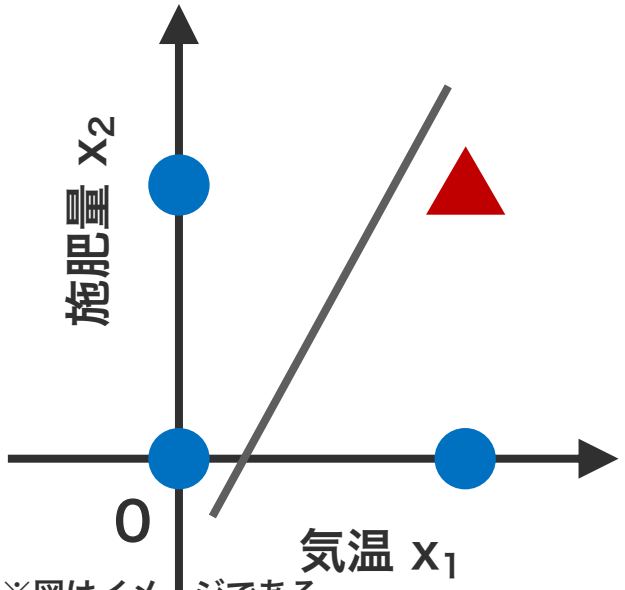


パーセプトロン学習則

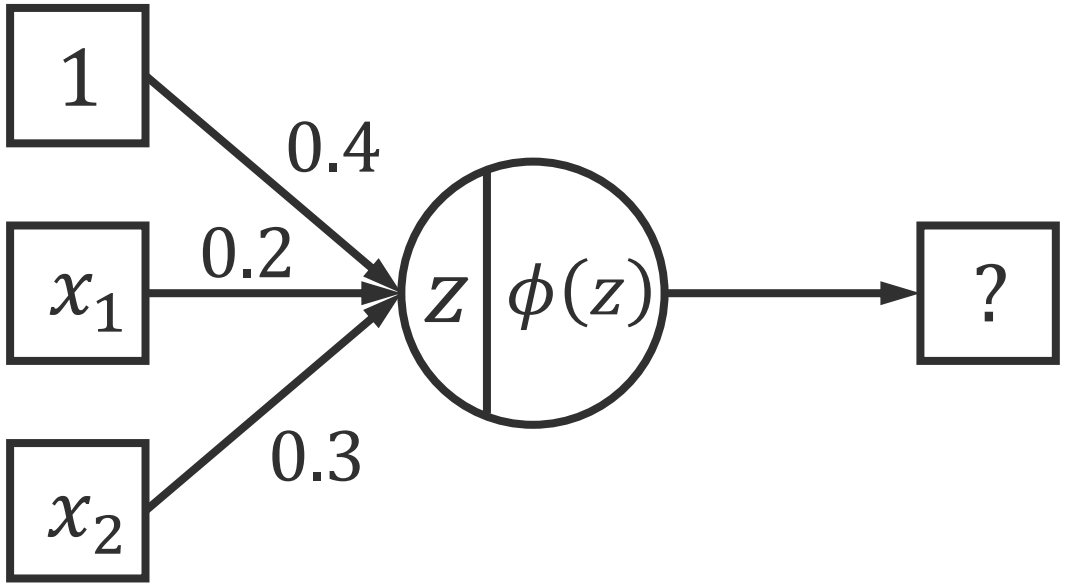
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。



パーセプトロン学習則

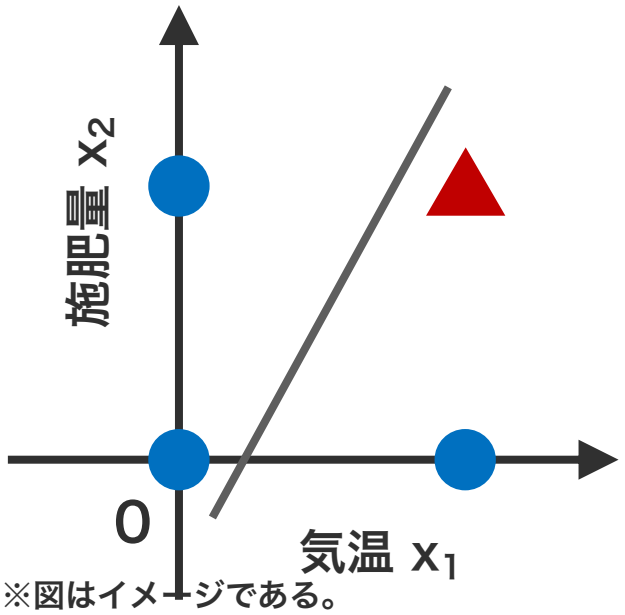
$$w_0^{(new)} = 0.4 + 1(0-1)0.1 = 0.3$$
$$w_1^{(new)} = 0.2 + 1(0-1)0.1 = 0.1$$
$$w_2^{(new)} = 0.3 + 0(0-1)0.1 = 0.3$$

損失 1

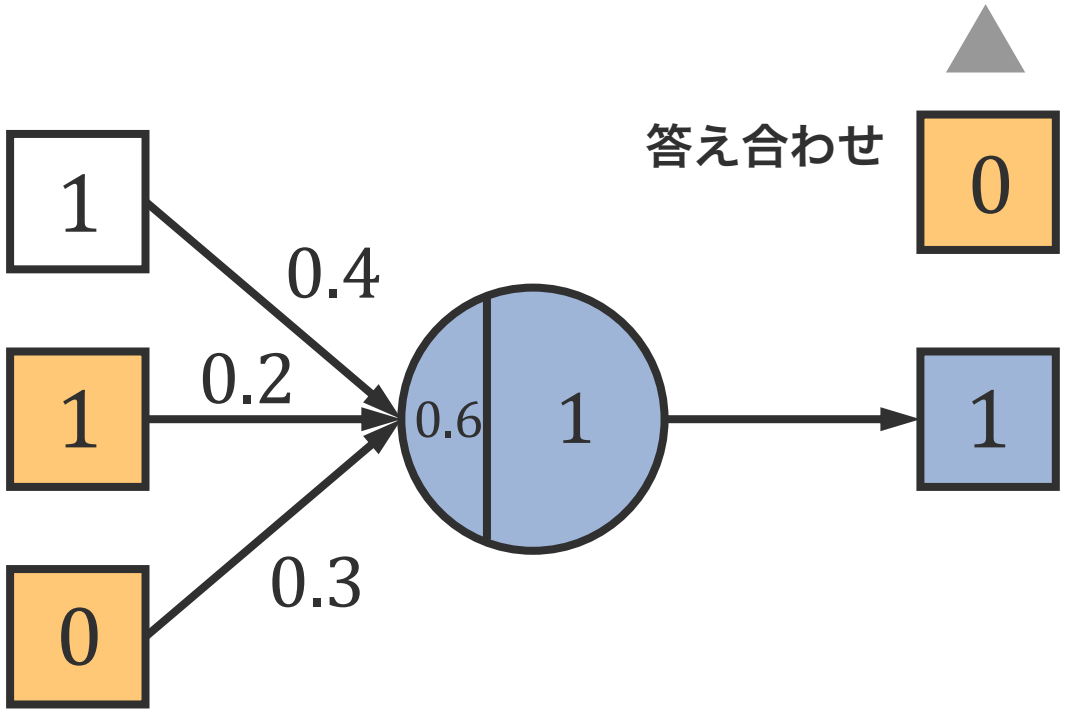
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

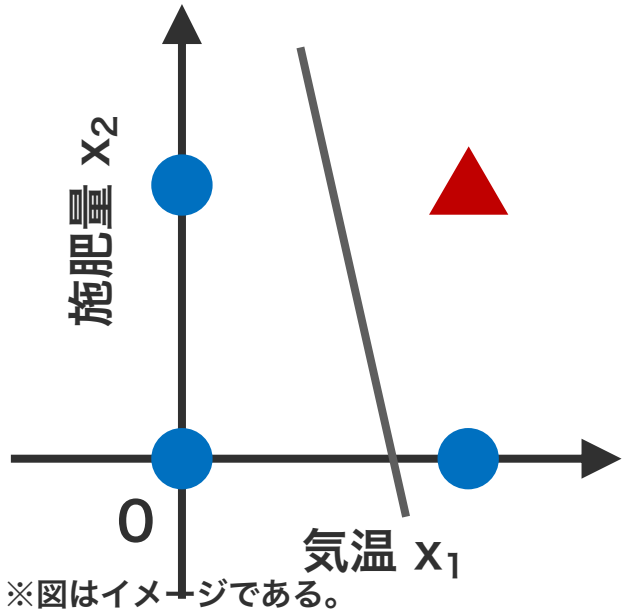


パーセプトロン学習則

学習データ

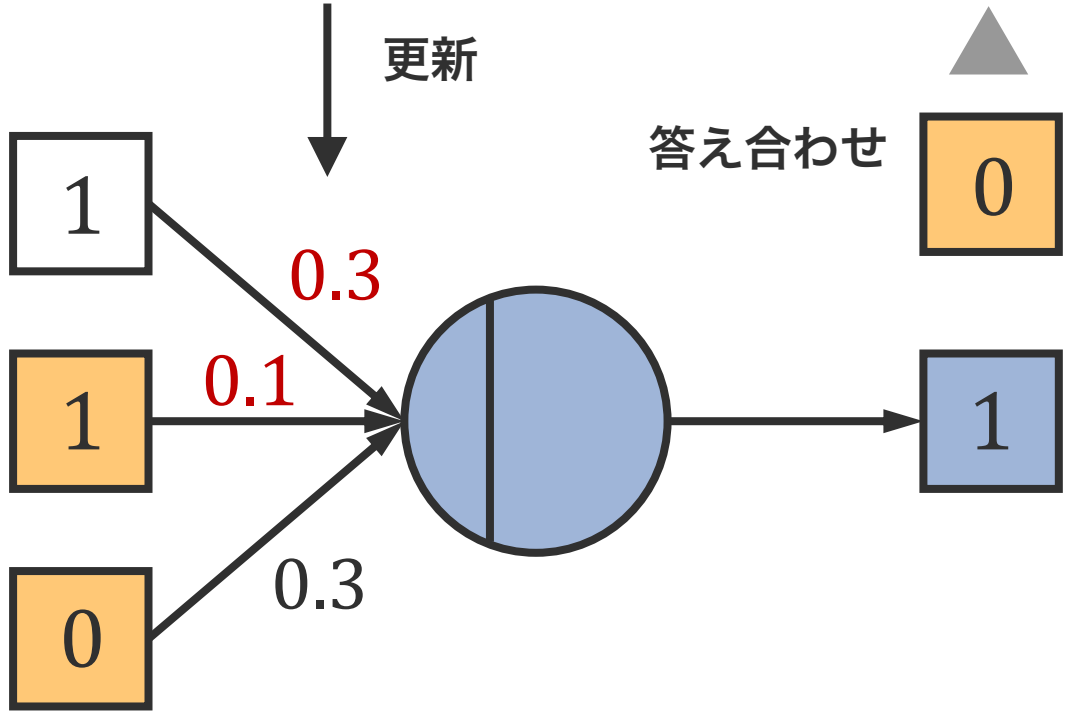
気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

$$w_0^{(new)} = 0.4 + 1(0-1)0.1 = 0.3$$
$$w_1^{(new)} = 0.2 + 1(0-1)0.1 = 0.1$$
$$w_2^{(new)} = 0.3 + 0(0-1)0.1 = 0.3$$

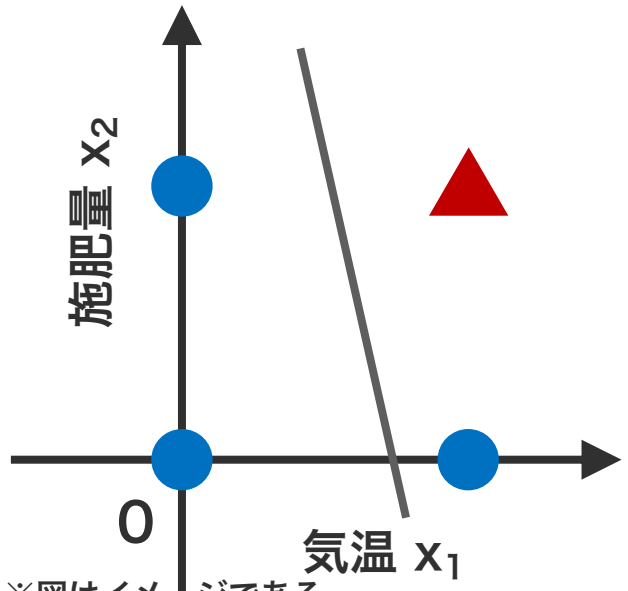


パーセプトロン学習則

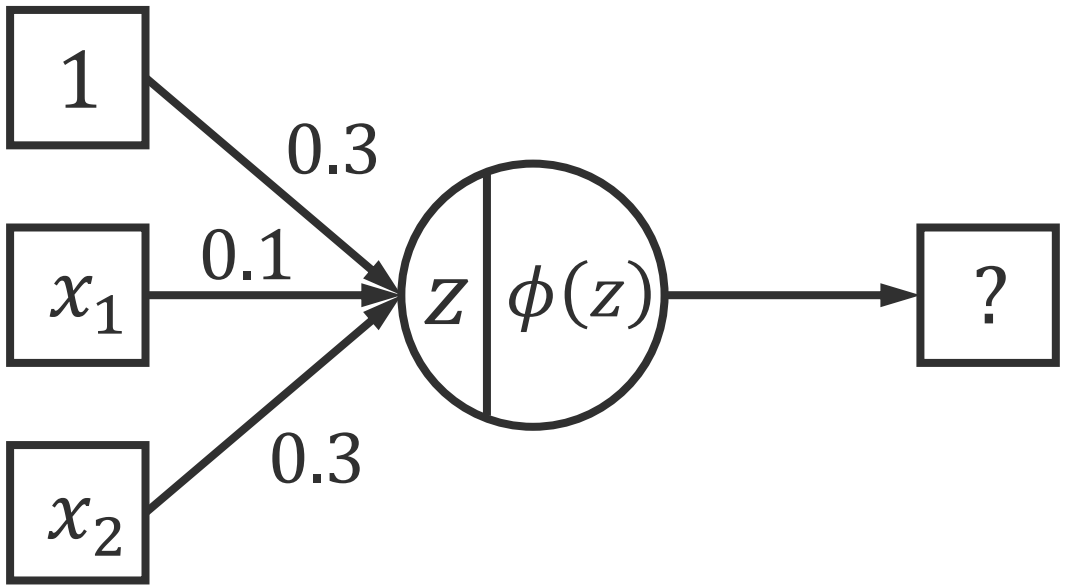
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。



パーセプトロン学習則

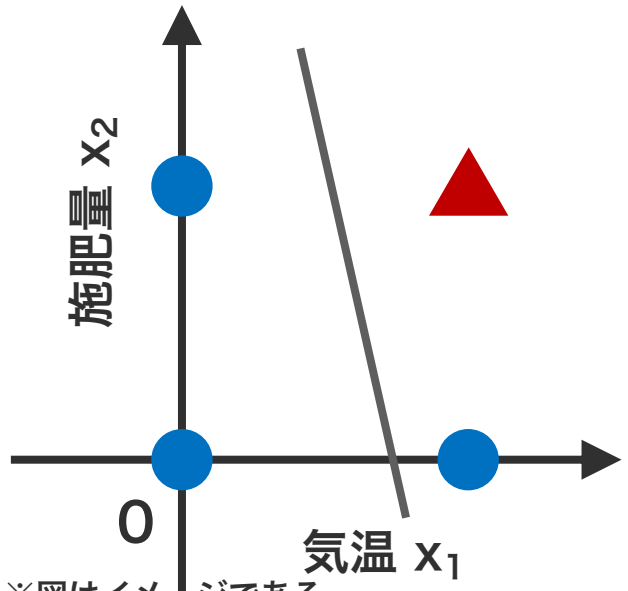
$$w_0^{(new)} = 0.3 + 1(0-1)0.1 = 0.2$$
$$w_1^{(new)} = 0.1 + 0(0-1)0.1 = 0.1$$
$$w_2^{(new)} = 0.3 + 1(0-1)0.1 = 0.2$$

損失 1

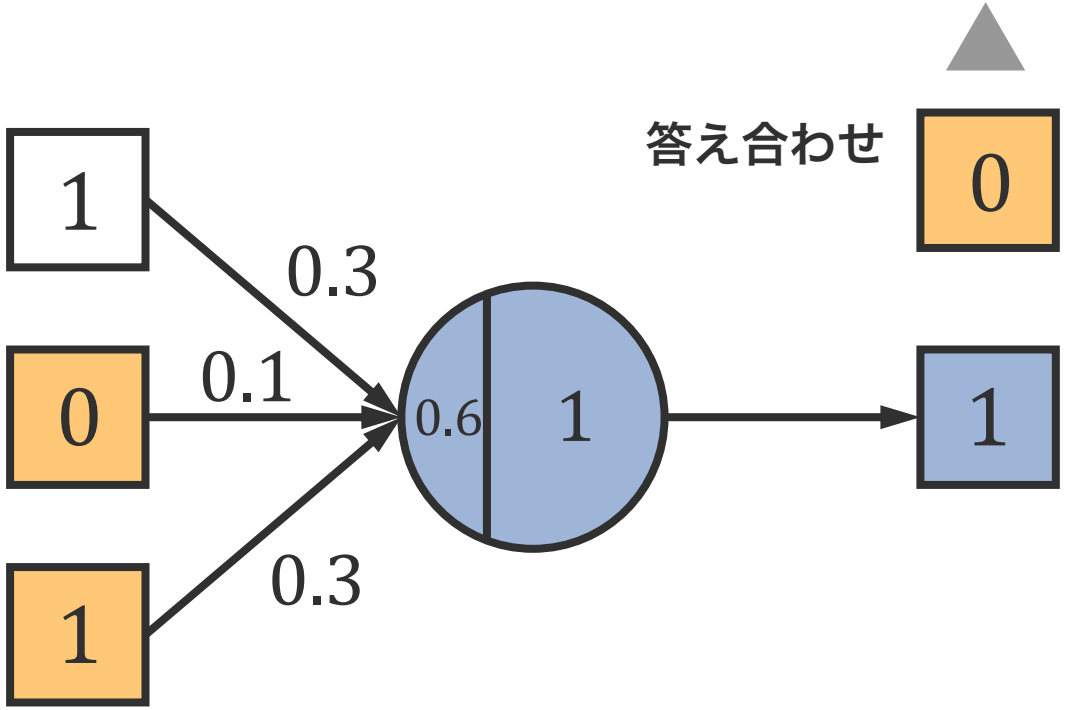
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

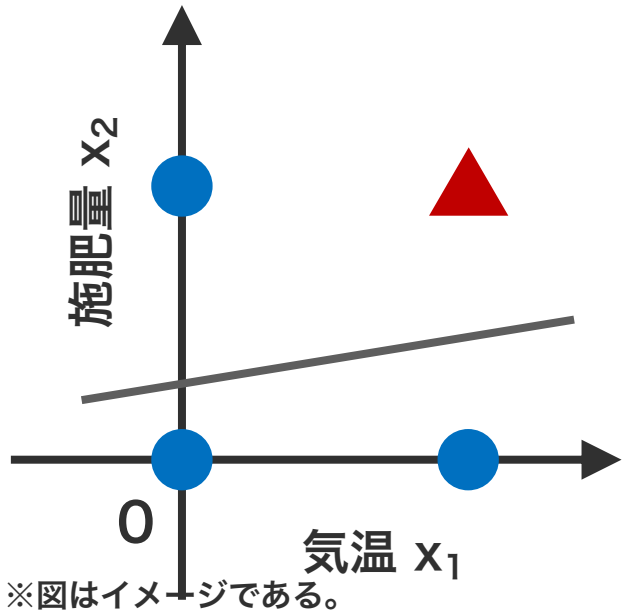


パーセプトロン学習則

学習データ

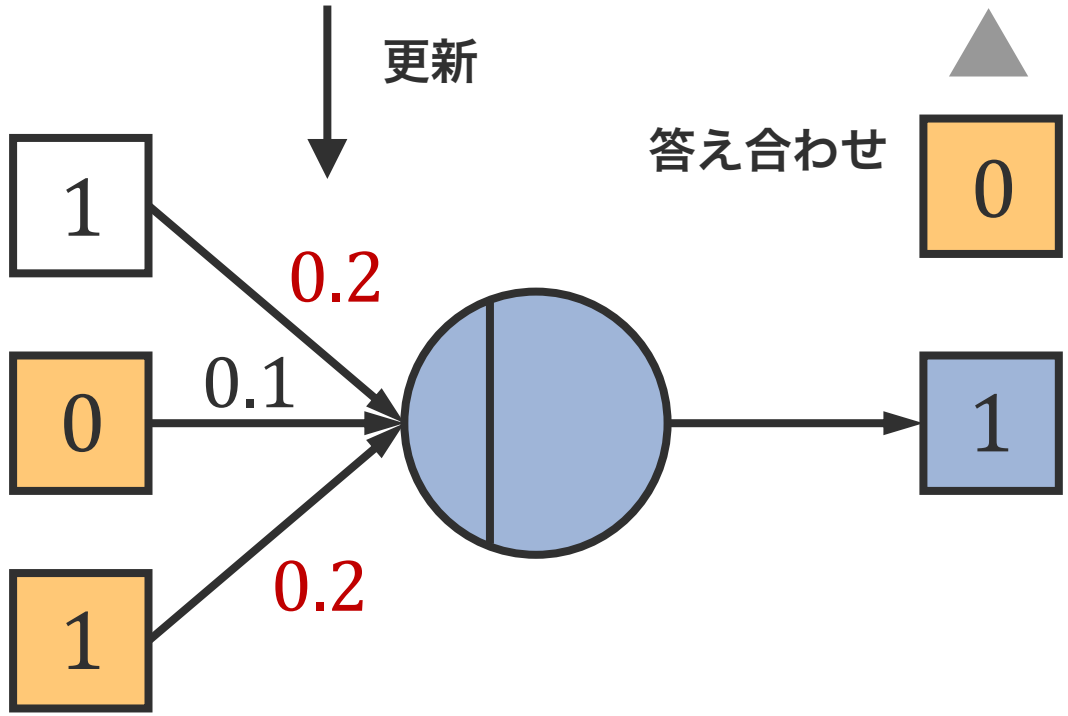
気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

$$w_0^{(new)} = 0.3 + 1(0-1)0.1 = 0.2$$
$$w_1^{(new)} = 0.1 + 0(0-1)0.1 = 0.1$$
$$w_2^{(new)} = 0.3 + 1(0-1)0.1 = 0.2$$

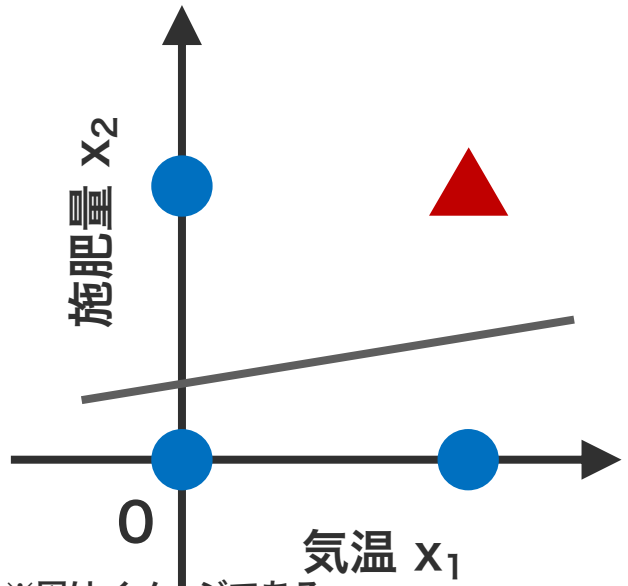


パーセプトロン学習則

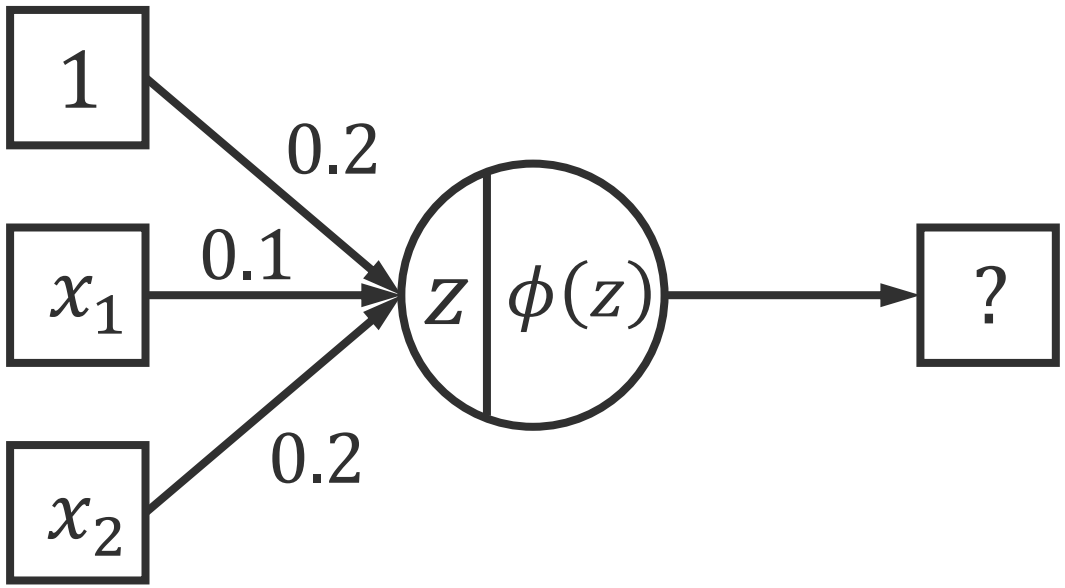
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。



パーセプトロン学習則

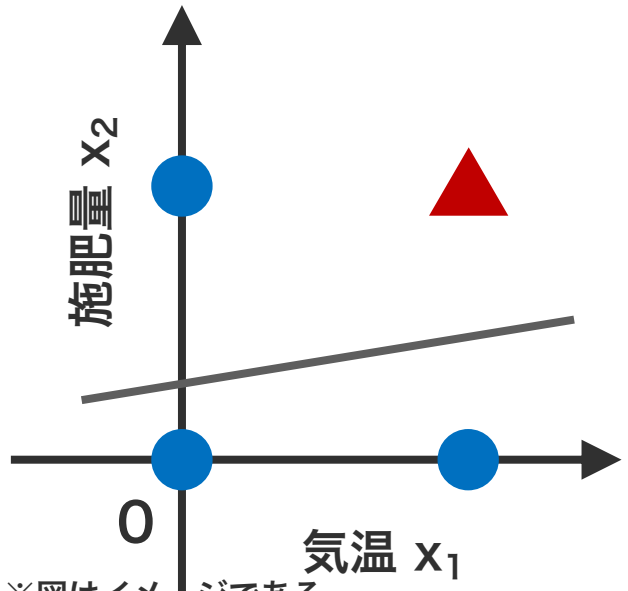
$$w_0^{(new)} = 0.2 + 1(1-1)0.1 = 0.2$$
$$w_1^{(new)} = 0.1 + 0(1-1)0.1 = 0.1$$
$$w_2^{(new)} = 0.2 + 1(1-1)0.1 = 0.2$$

損失 0

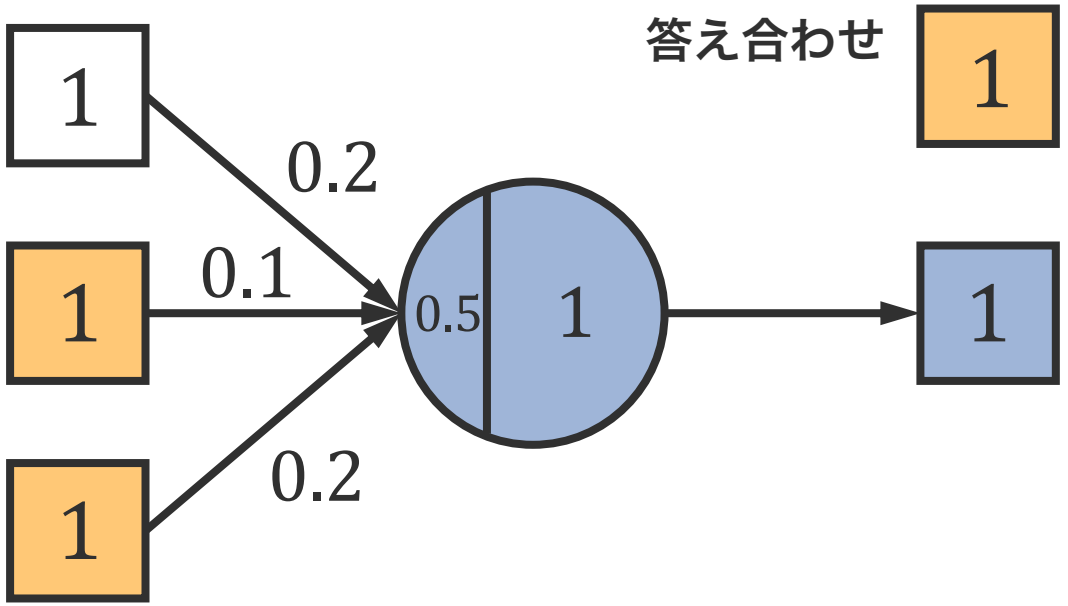
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

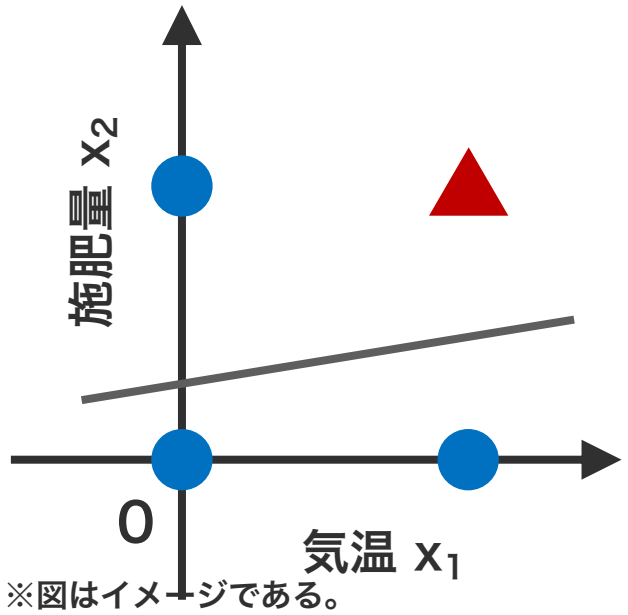


パーセプトロン学習則

学習データ

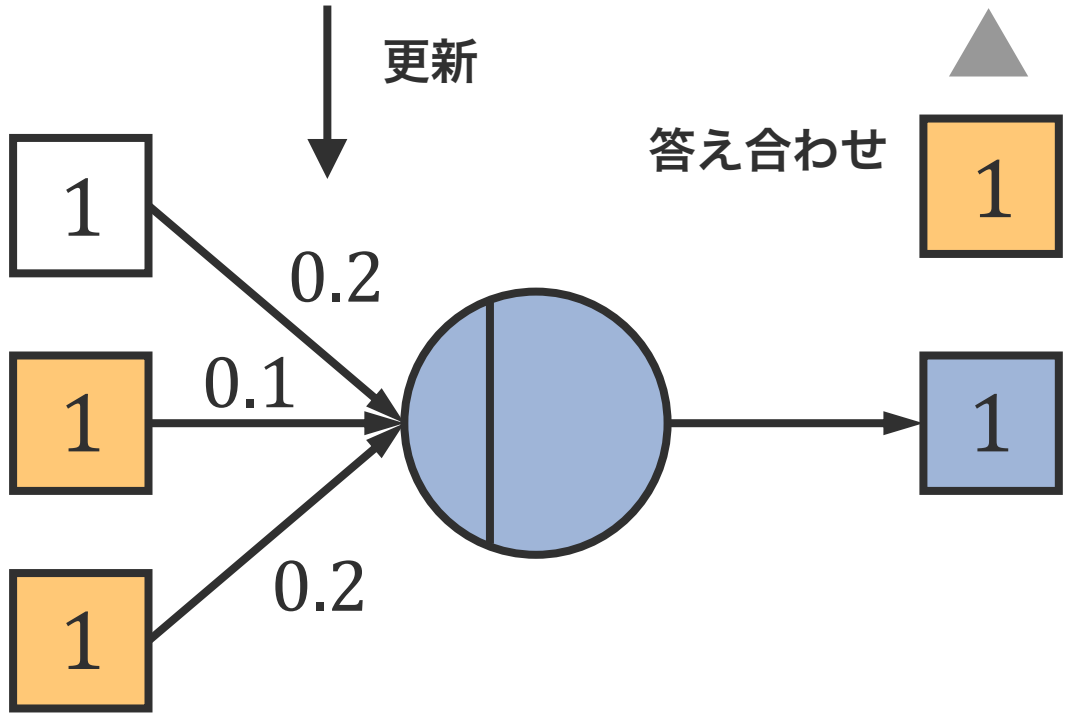
気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

$$w_0^{(new)} = 0.2 + 1(1-1)0.1 = 0.2$$
$$w_1^{(new)} = 0.1 + 0(1-1)0.1 = 0.1$$
$$w_2^{(new)} = 0.2 + 1(1-1)0.1 = 0.2$$

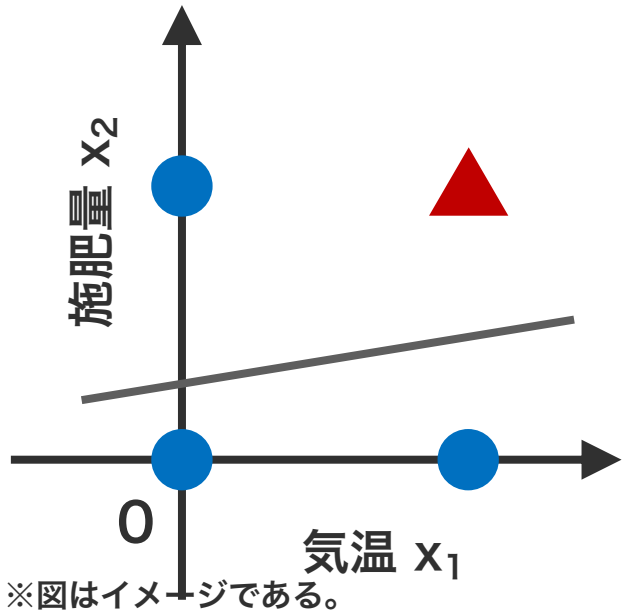


パーセプトロン学習則

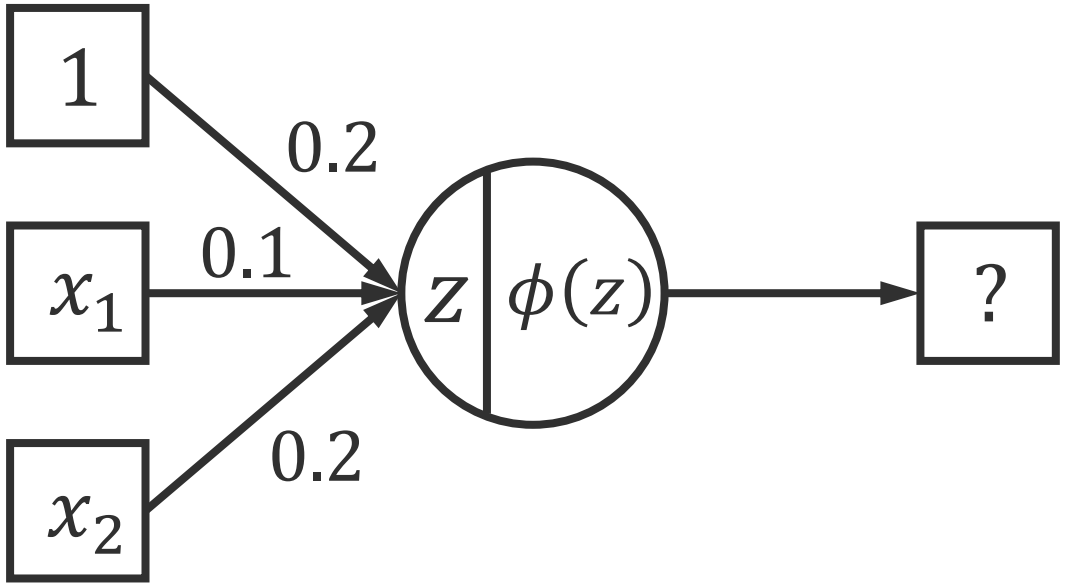
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。



パーセプトロン学習則

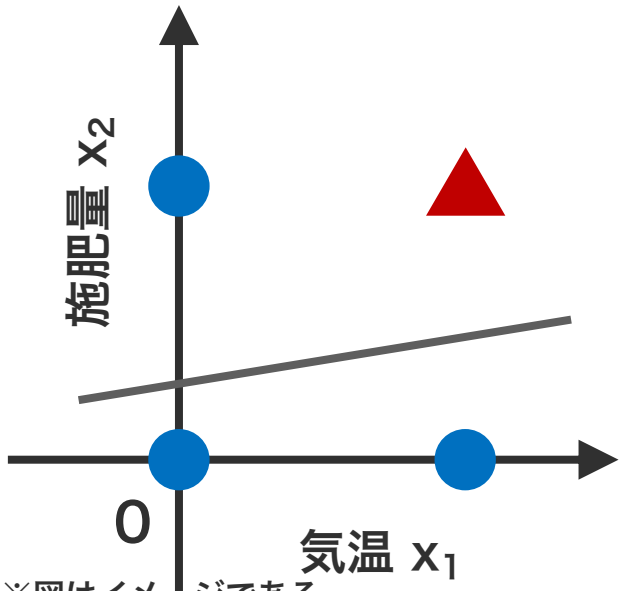
$$w_0^{(new)} = 0.2 + 1(0-1)0.1 = 0.1$$
$$w_1^{(new)} = 0.1 + 0(0-1)0.1 = 0.1$$
$$w_2^{(new)} = 0.2 + 0(0-1)0.1 = 0.2$$

損失 1

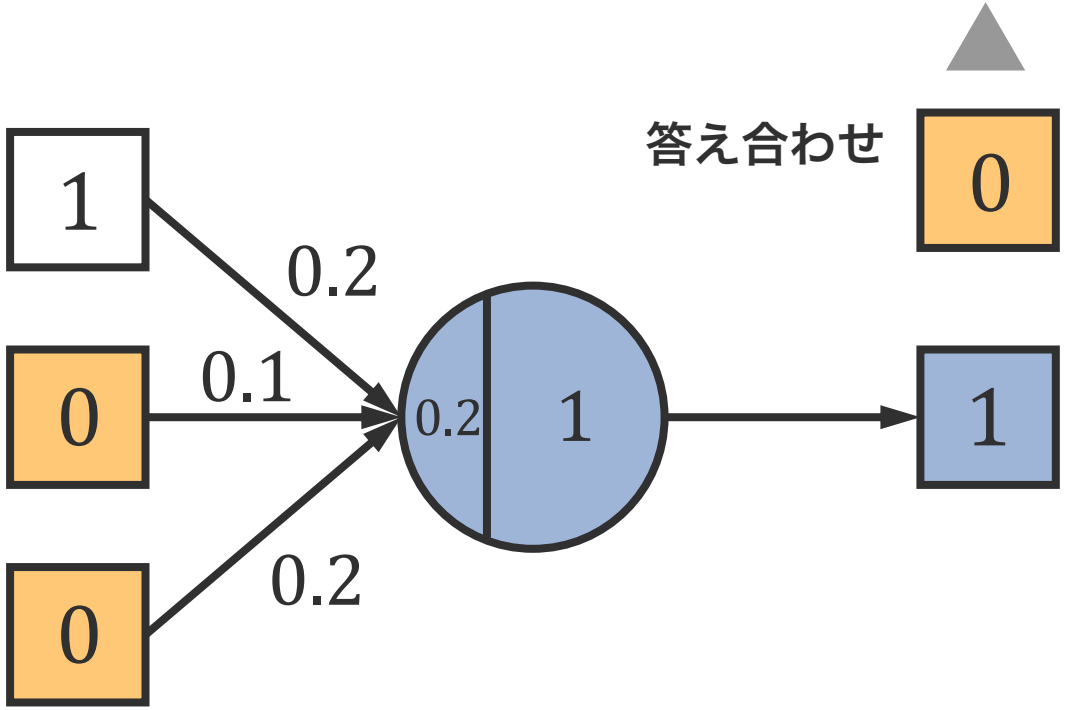
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

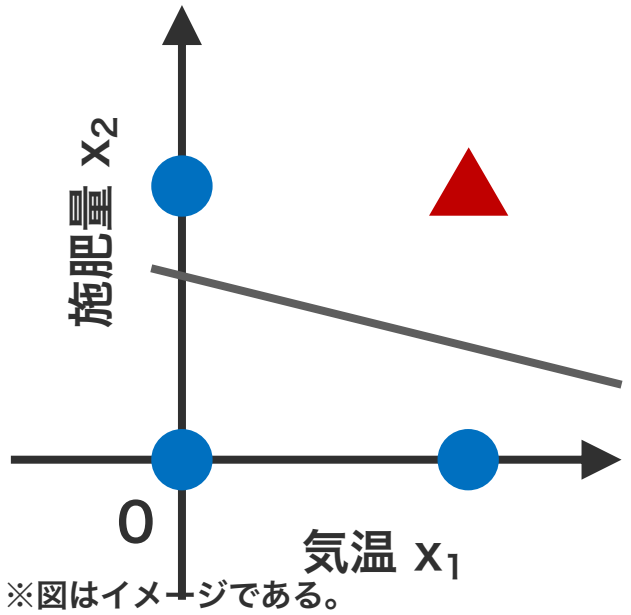


パーセプトロン学習則

学習データ

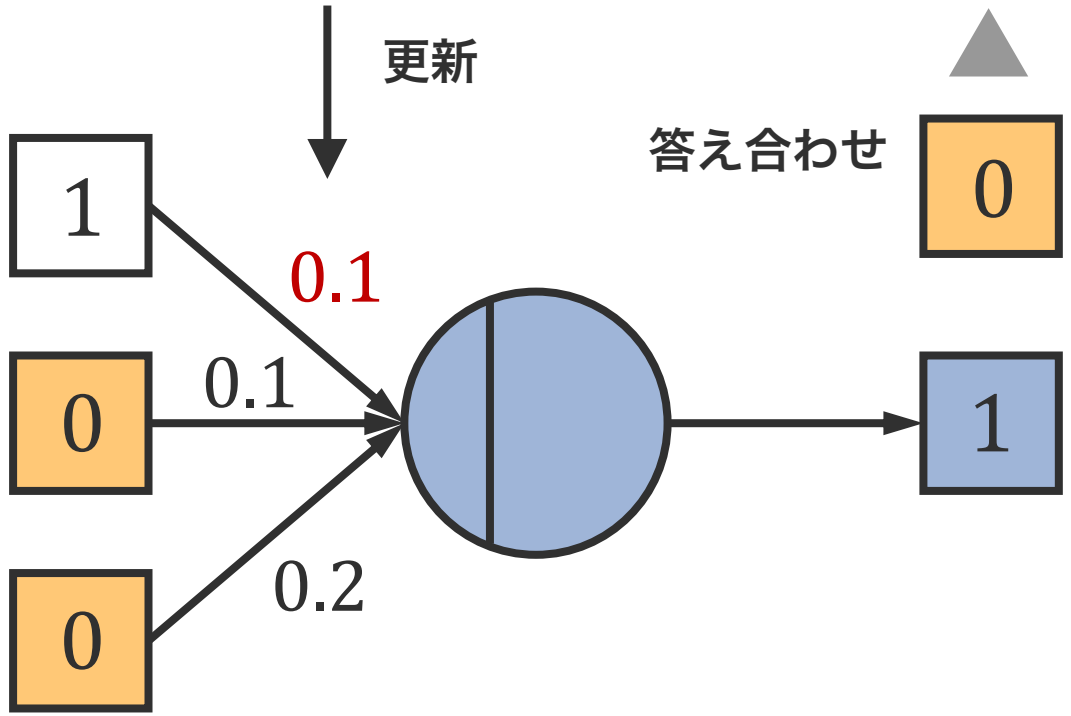
気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

$$w_0^{(new)} = 0.2 + 1(0-1)0.1 = 0.1$$
$$w_1^{(new)} = 0.1 + 0(0-1)0.1 = 0.1$$
$$w_2^{(new)} = 0.2 + 0(0-1)0.1 = 0.2$$

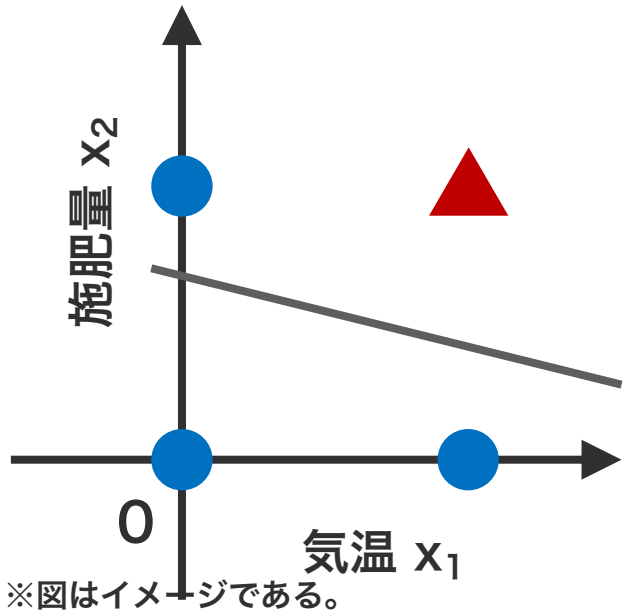


パーセプトロン学習則

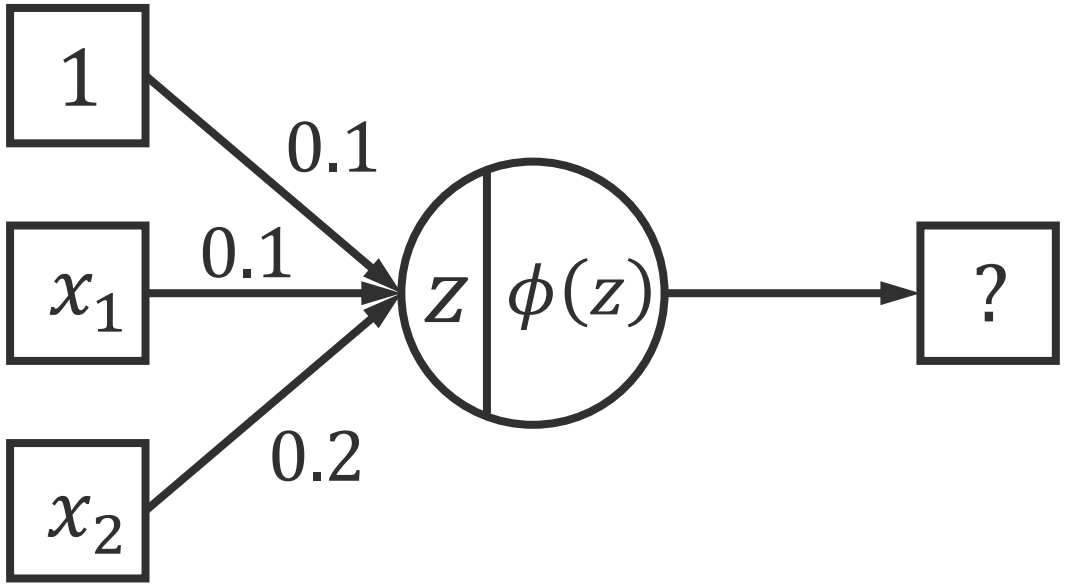
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。



パーセプトロン学習則

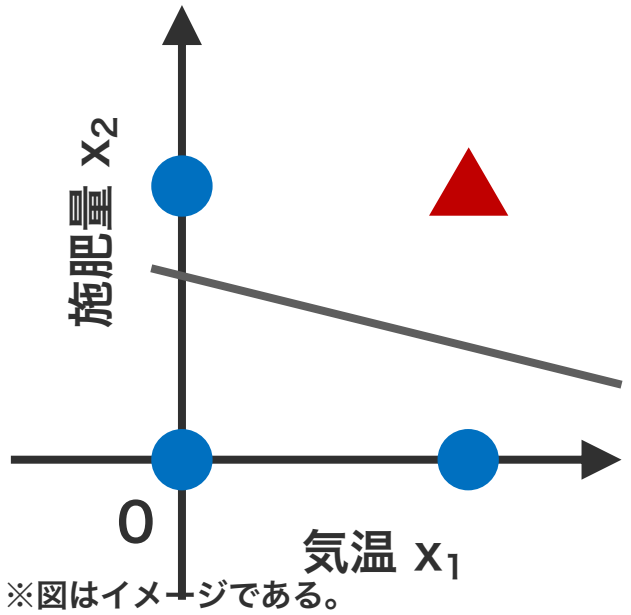
$$w_0^{(new)} = 0.1 + 1(0-1)0.1 = 0.0$$
$$w_1^{(new)} = 0.1 + 1(0-1)0.1 = 0.0$$
$$w_2^{(new)} = 0.2 + 0(0-1)0.1 = 0.2$$

損失 1

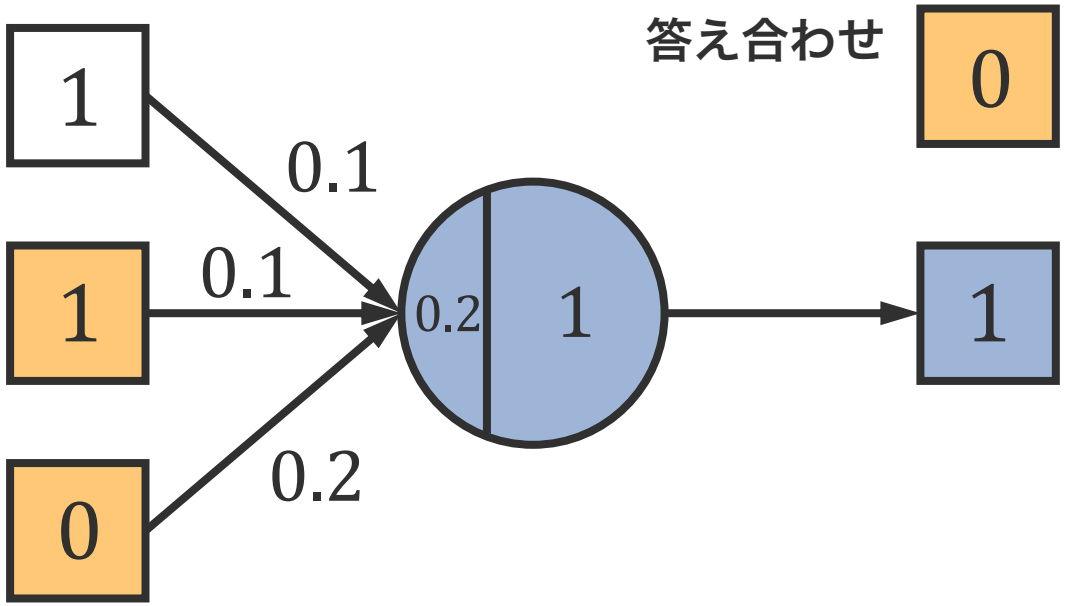
学習データ

気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

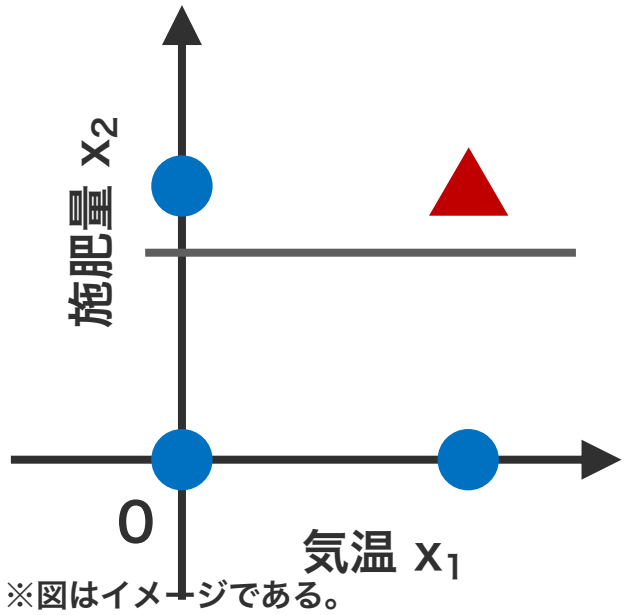


パーセプトロン学習則

学習データ

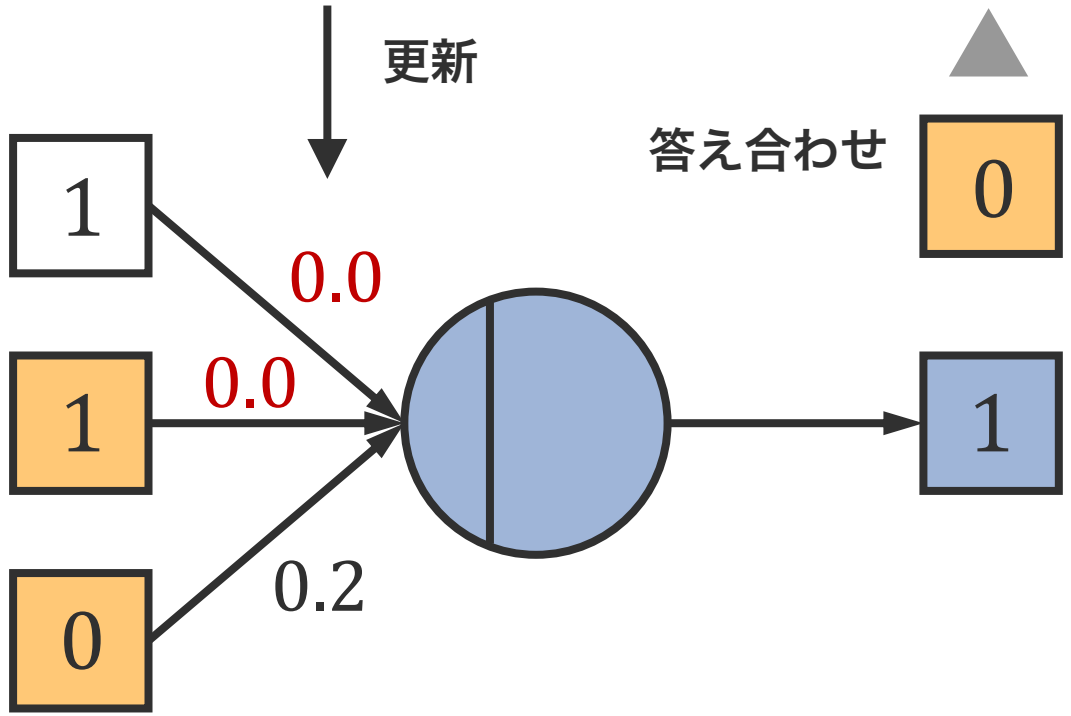
気温・施肥量を使って開花予測を行うために、フィールド調査を行い次のようなデータを得た。

気温	施肥量	開花
0	0	0
1	0	0
0	1	0
1	1	1



※図はイメージである。

$$w_0^{(new)} = 0.1 + 1(0-1)0.1 = 0.0$$
$$w_1^{(new)} = 0.1 + 1(0-1)0.1 = 0.0$$
$$w_2^{(new)} = 0.2 + 0(0-1)0.1 = 0.2$$



パーセプトロン学習則

$$w_j^{new} = w_j^{old} + x_j \underbrace{(y - \hat{y})}_{\text{損失}} \underbrace{\eta}_{\text{学習率}}$$

パーセプトロン学習則

教師ラベルが +1 のときに 0 と間違って予測した場合、この項がプラスになる。このとき w^{new} の値が大きくなり、次にデータを入力したときに $w_j x_j$ の値がより大きくなり、閾値を超えやすくなる。

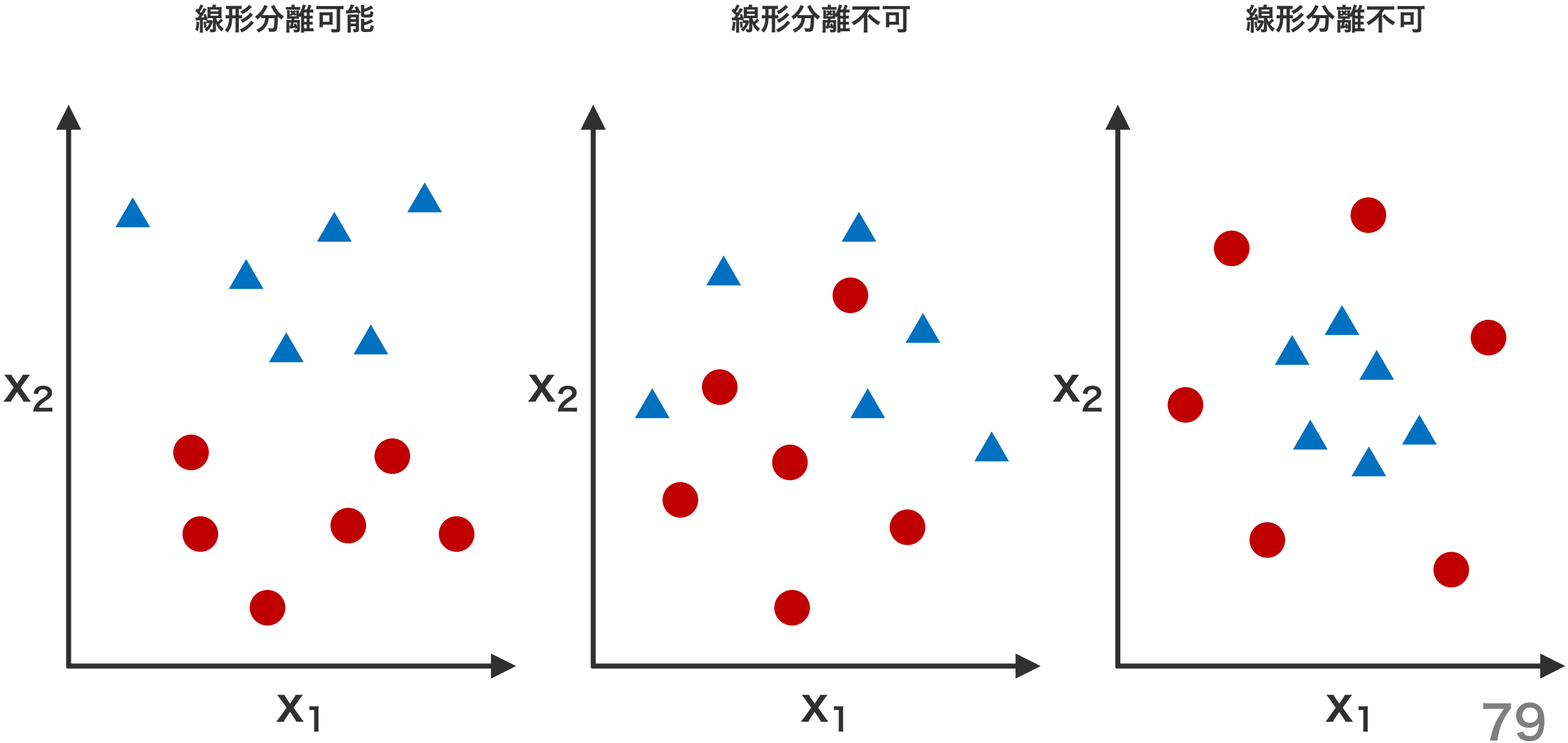
$$w_j^{new} = w_j^{old} + \overbrace{x_j \underbrace{(y - \hat{y})}_{\text{損失}} \underbrace{\eta}_{\text{学習率}}}$$

パーセプトロン学習則

教師ラベルが 0 のときに +1 と間違って予測した場合、この項がマイナスになる。このとき w^{new} の値が小さくなり、次にデータを入力したときに $w_j x_j$ の値がより小さくなり、閾値を超えにくくなる。

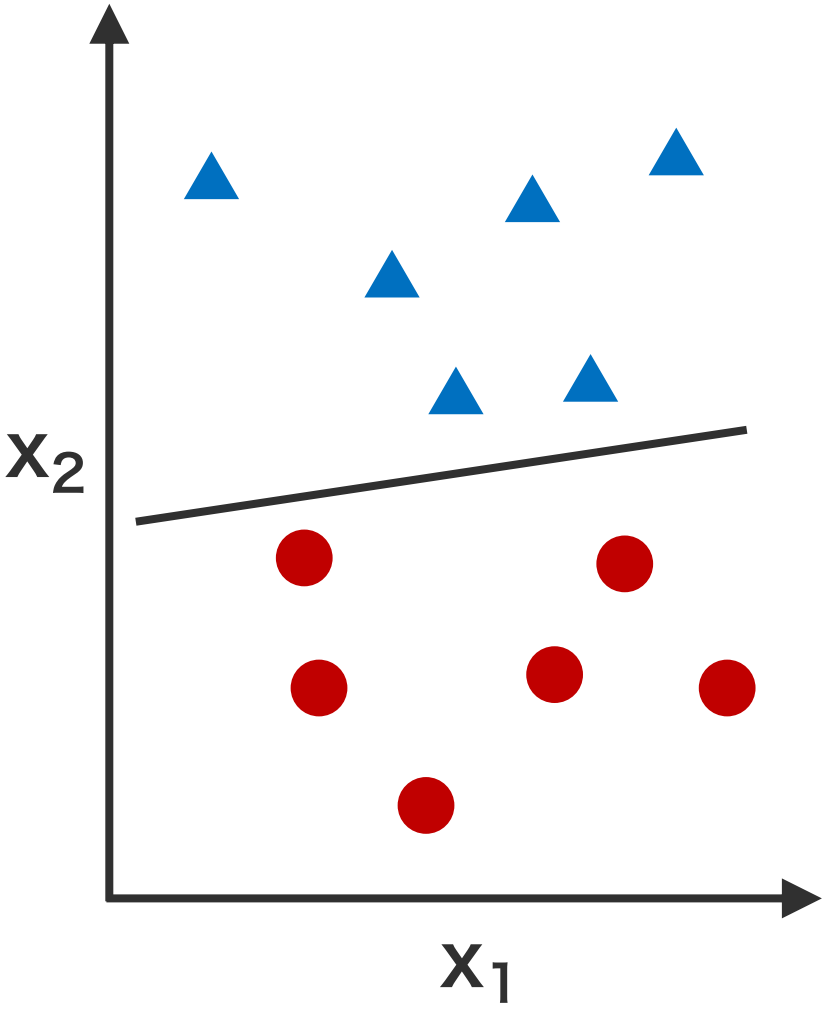
$$w_j^{new} = w_j^{old} + \overbrace{x_j \underbrace{(y - \hat{y})}_{\text{損失}} \underbrace{\eta}_{\text{学習率}}}$$

線形分離

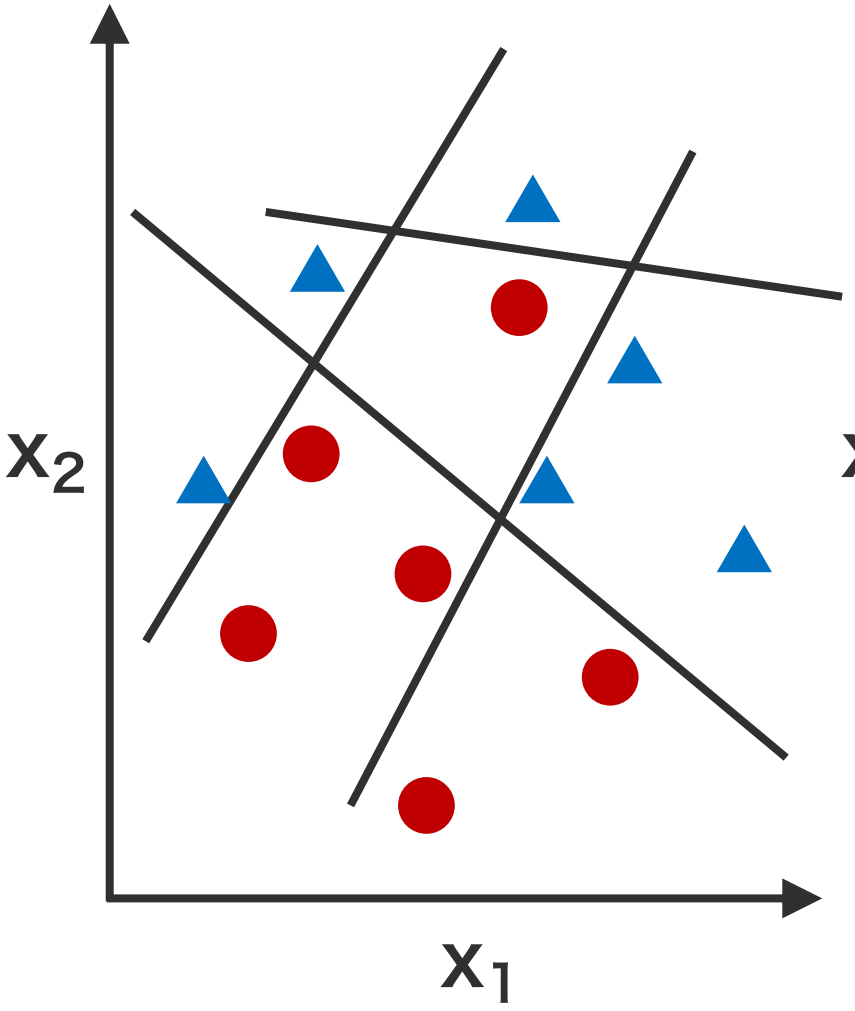


線形分離

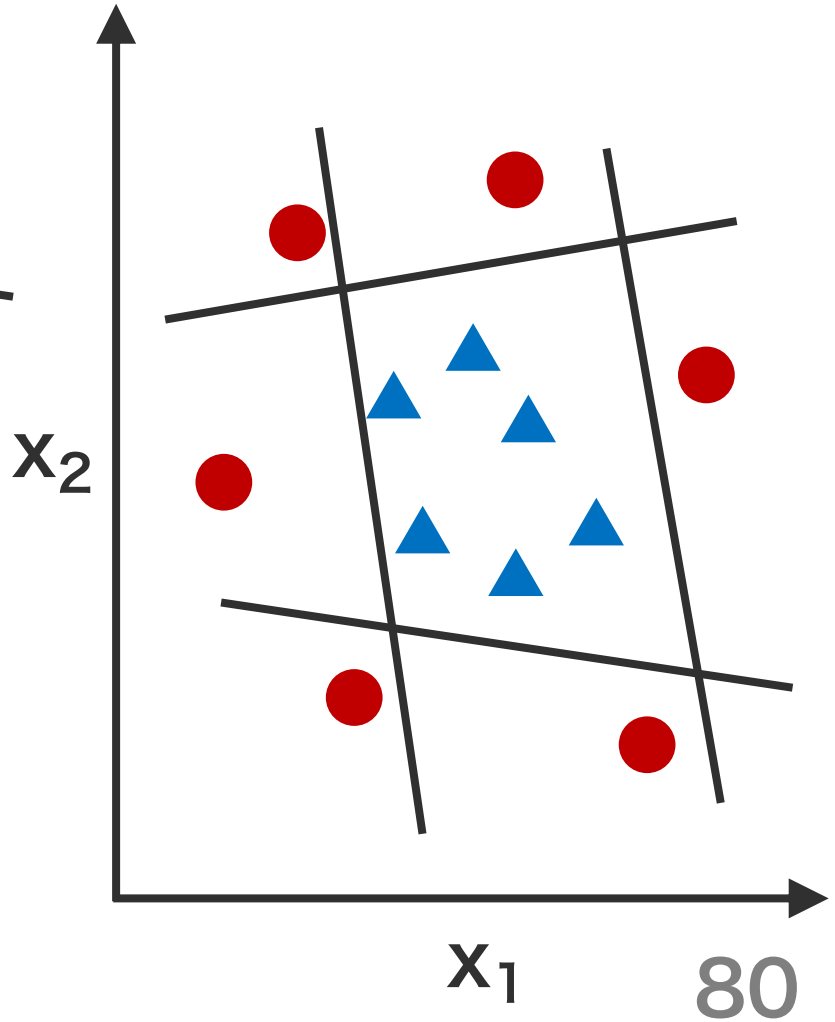
線形分離可能



線形分離不可

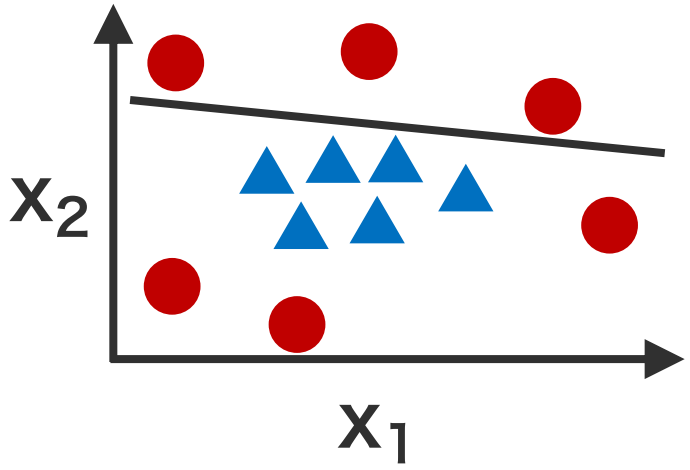


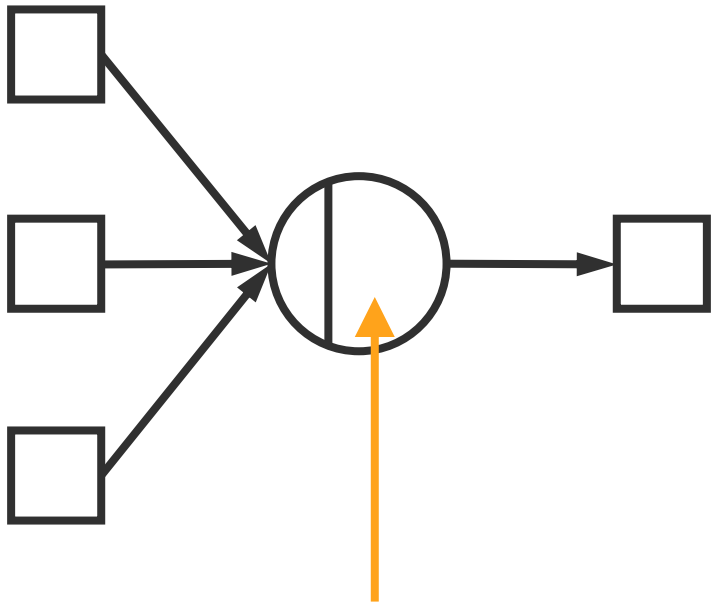
線形分離不可



ニューラルネットワーク

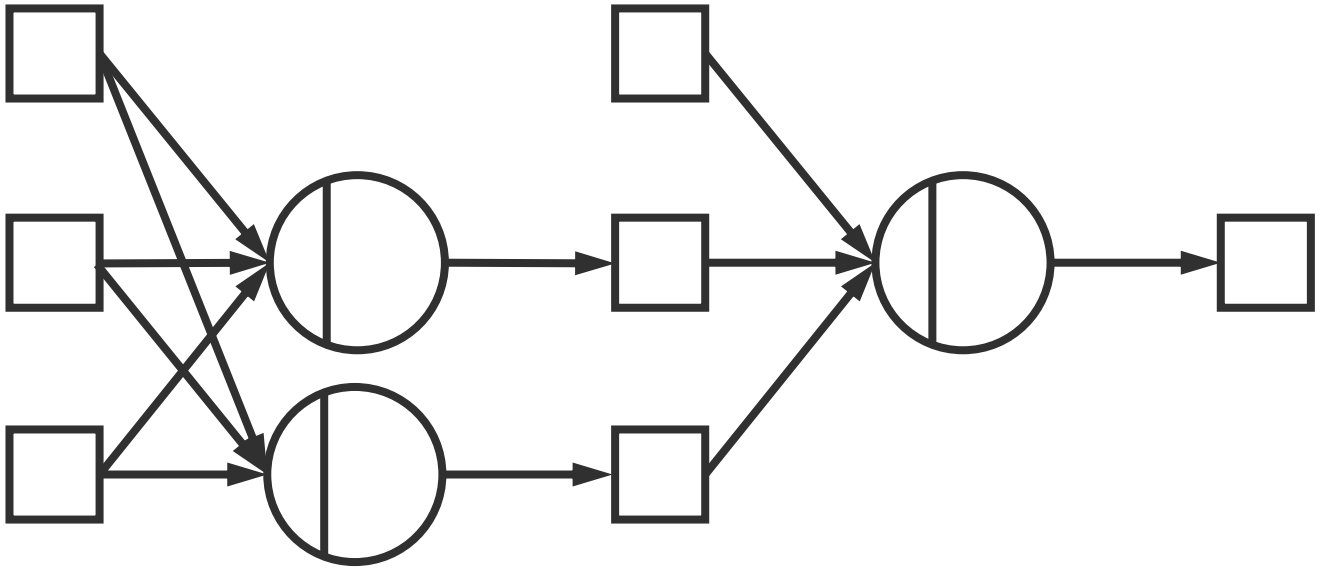
※図はイメージである。



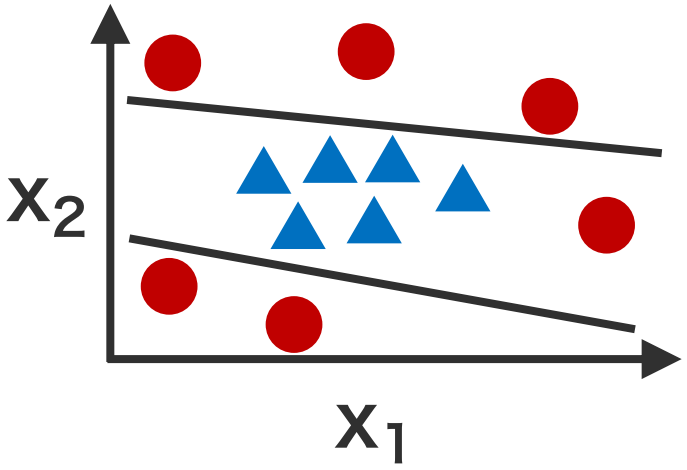


$$\phi(z) = \begin{cases} 0, & z < 0 \\ 1, & z \geq 0 \end{cases}$$ ではなく、$\phi(z) = ReLU(z)$ が使われる。

ニューラルネットワーク

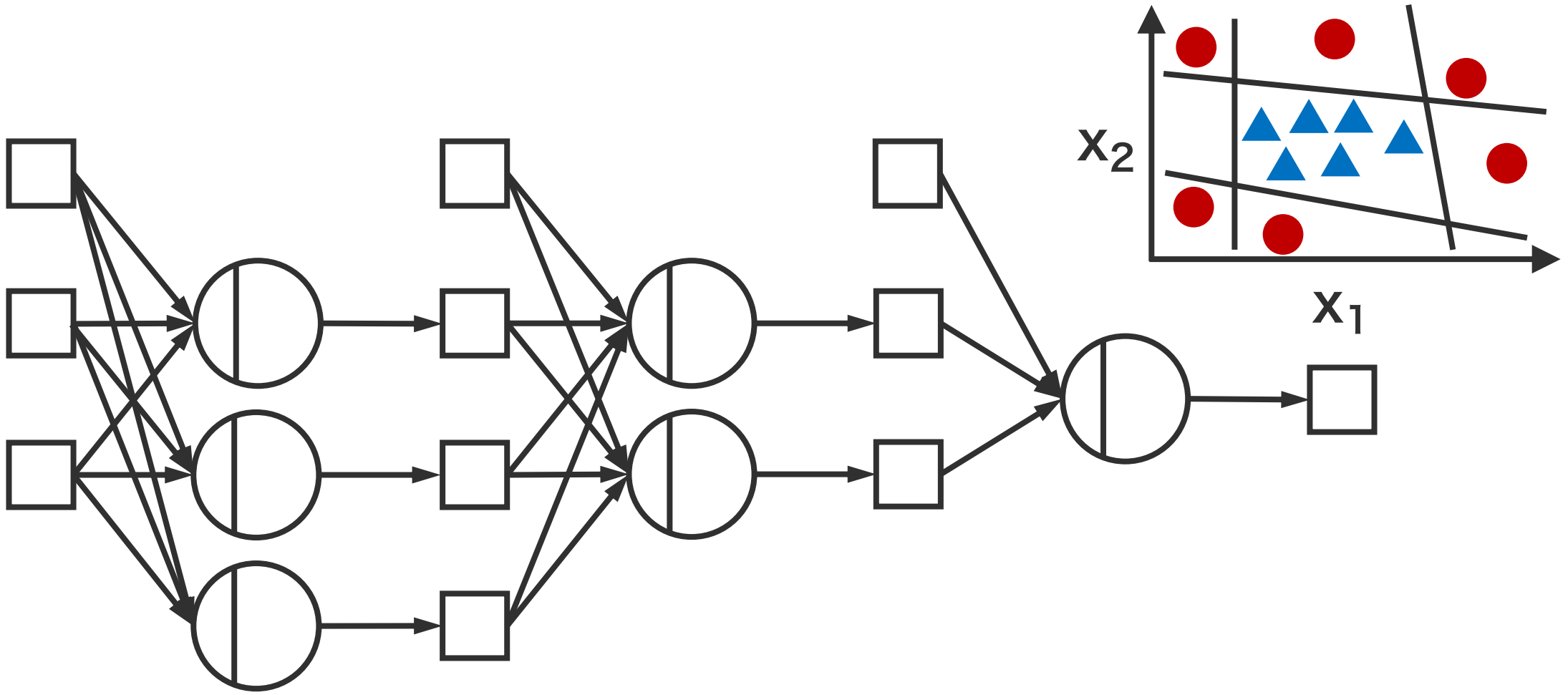


※図はイメージである。

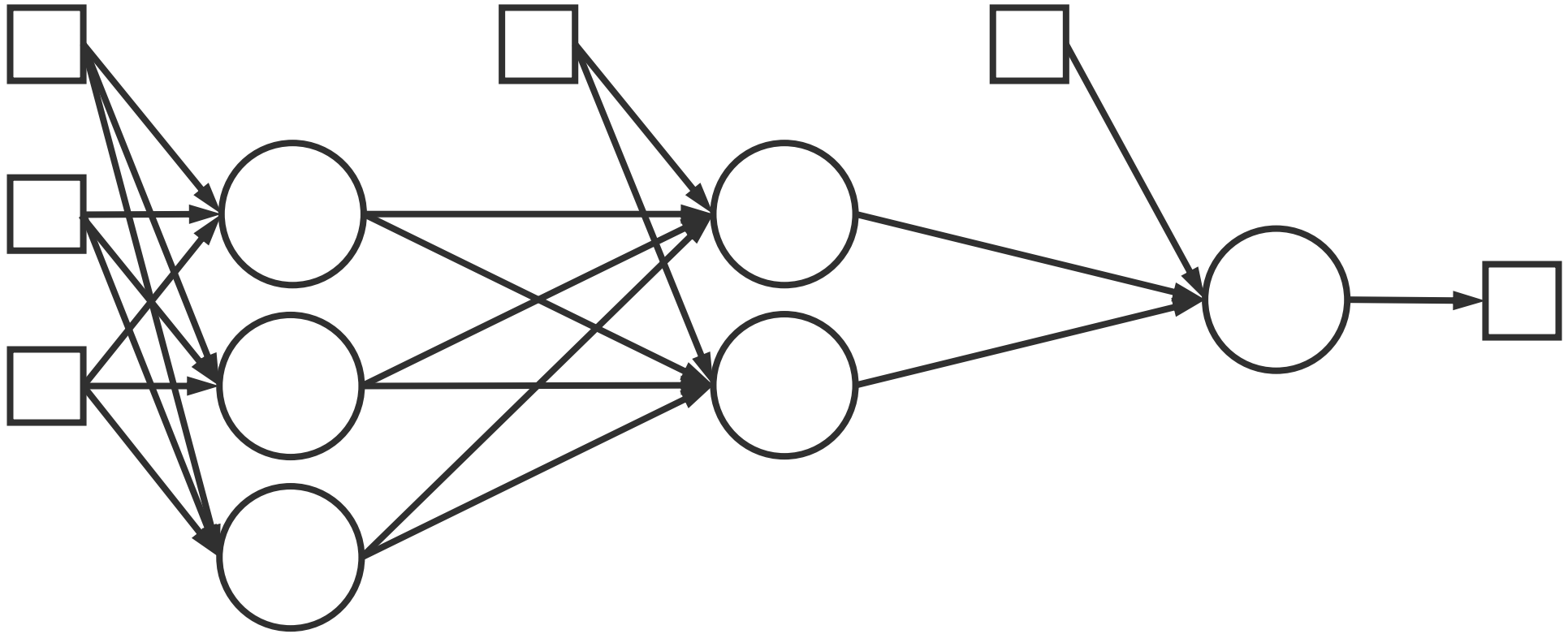


ニューラルネットワーク

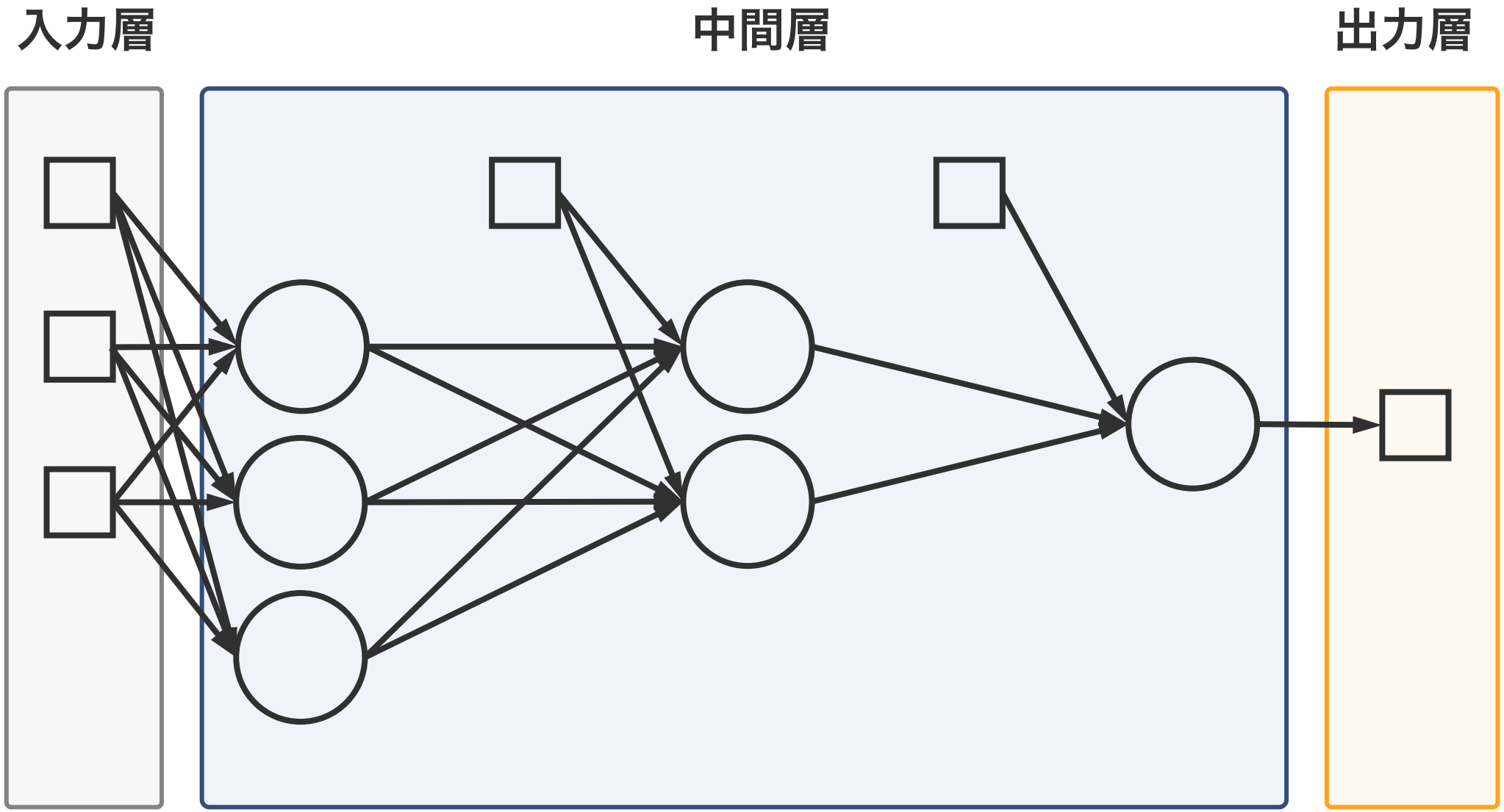
※図はイメージである。



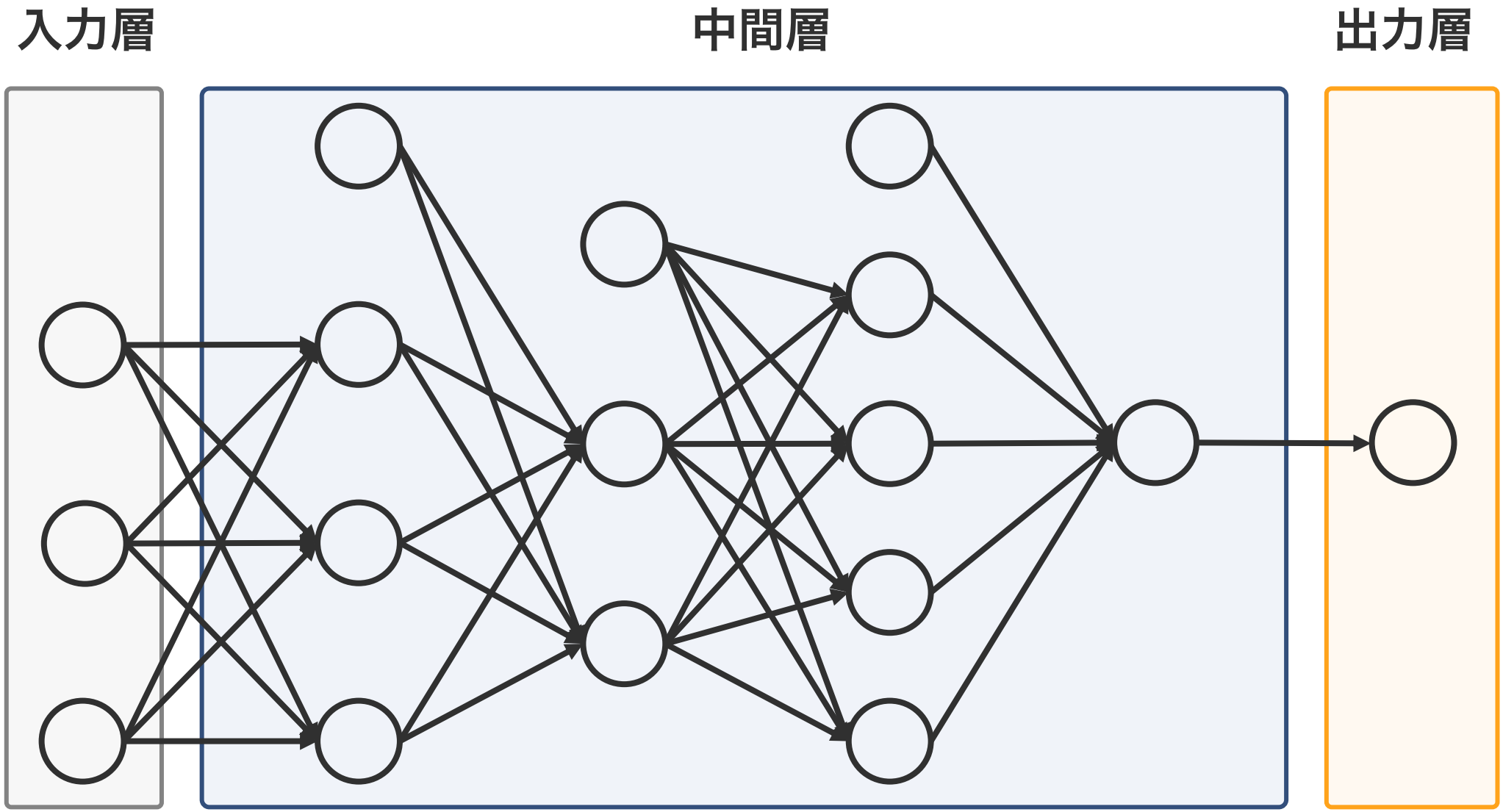
ニューラルネットワーク



ニューラルネットワーク



ニューラルネットワーク



ニューラルネットワーク