# JEPA-DNA：ゲノム基盤モデルの革新 ——「粒度の罠」を越える次世代AI

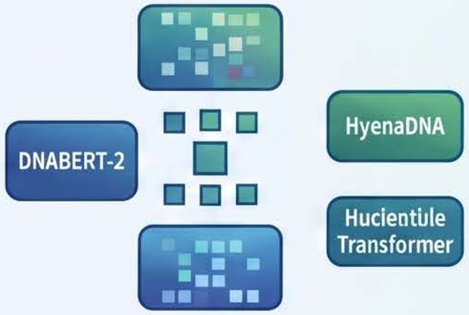
## 従来の限界を突破する新パラダイム

### 「粒度の罠 (Granularity Trap)」の克服

局所的なスペルチェックではななく、ゲノム全体の機能的意味論を学習します。

### 潜在空間
### 潜在空間でのセマンティック整列

潜在空間上でマスク領域を予測し、ノイズに強く高度なゲノム表現を構築。

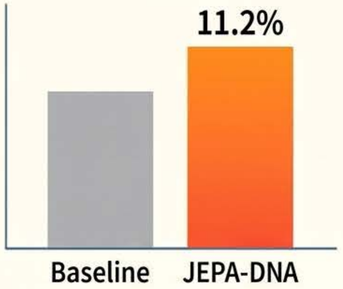



### モデル非依存型の継続学習

DNABERT-2やHyenaDNAなど、既存モデルの能力を後付けで拡張可能です。

## 圧倒的なパフォーマンスと革新的構造

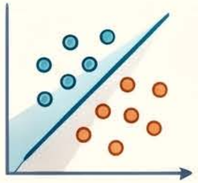
### 特定タスクで最大11.2%の性能向上




17の評価タスクにおいて、平均AUROCが約3.28%向上しました。

### 非対称デュアルエンコーダ構造

EMA同期とVICReg正則化により、表現の崩壊を防ぎつつ安定して学習。



### 高い線形分離可能性の実現

最小限の追加学習で、プロモーターや変異影響を極めて正確に予測します。

| | NV-JEPA-DNA-DNABERT2 | NV-JEPA-DNA-HyenaDNA | NV-JEPA-DNA-NTv3 |
|---|---|---|---|
| バックボーン | DNABERT-2 | HyenaDNA | Nucleotide Transformer |
| 主な適用領域 | 変異影響の高度な予測、発現調節因子の注釈 | 長距離のゲノム相互作用、配列摂動スコアリング | 進化保存領域の特定、機能制御部位の機能予測 |