

[Home](#) [経歴](#) [研究分野](#) [講演](#) [出版物](#) [講義](#) [リンク](#)

[リンク](#) >

2017年度科研費シンポジウム

「生命・自然科学における複雑現象解明のための統計的アプローチ」

基盤研究(A)15H01678「大規模複雑データの理論と方法論の総合的研究」(研究代表者:青嶋誠)

お陰様で盛況のうちに終了しました。
講演者ならびに参加者の皆様、ありがとうございました。

開催責任者: 松井秀俊 (滋賀大学データサイエンス学部)

日時: 2018年2月16日(金)~2月17日(土)

場所: 滋賀大学彦根キャンパス 総合研究棟<土魂商才館>3階 ([こちらのページ](#)の彦根キャンパスマップ9番の建物になります)

懇親会: [グランドデュークホテル](#) (2/16 18:30~)

内容・目的:

近年の情報通信機器の発達に伴い、大量かつ複雑な形式を持つデータが多く取得されるようになってきました。これに伴い、様々な分野で、取得されたデータを分析するための高度な方法論に対する需要が高まっています。本シンポジウムでは、統計学、機械学習、バイオインフォマティクスなどに基づく手法による、生命科学をはじめとした多様な分野におけるデータ分析の応用事例に関する講演を広く募集します。講演内容としては、新たな分析手法の提案のみならず、応用分野の側面から見た分析上の問題提起なども歓迎します。参加者の交流を通じて、知識の共有だけでなく、新たな研究の発展や問題解決に繋げる場にするを目的としています。

プログラム:

2月16日(金)

13:30-13:40 Opening

13:40-14:05 松井佑介(名古屋大学大学院医学系研究科)

「がんの複雑性と進化を読み解くデータ科学駆動型アプローチ」

14:05-14:30 Heewon Park(山口大学国際総合科学部)、井元清哉(東京大学医科学研究所)、宮野悟(東京大学医科学研究所)

「Cancer characteristic-specific analysis via L1-type regularized regression modeling」

14:30-14:55 新村秀一(成蹊大学)

「Cancer Gene Analysis using Small Matryoshka (SM) Found by Matryoshka Feature Selection Method」

15:10-15:35 江田智尊(九州大学大学院数理学府)、恩田義彦(理化学研究所セルロース生産研究チーム)、松井秀俊(滋賀大学データサイエンス学部)、西井龍映(九州大学マス・フォア・インダストリ研究所)、持田恵一(理化学研究所セルロース生産研究チーム)

「統計的遺伝子データ解析と低炭素社会への貢献」

15:35-16:00 田中凌慧(東京大学大学院農学生命科学研究科)

「ベイズ的最適化に基づく遺伝資源の効率的探索」

16:00-16:25 島谷健一郎(統計数理研究所)、荒木希和子(立命館大生命科学部)

「多年生草本の地上部-地下部データを用いる動態モデル」

16:40-17:05 Rizky Reza Fauzi(九州大学大学院数理学府)、前園宜彦(九州大学大学院数理学府)
「Boundary free estimators of distribution function with transformation」

17:05-17:30 中山優吾(筑波大学大学院数理物質科学研究科)、矢田和善(筑波大学数理物質系)、青嶋誠(筑波大学数理物質系)
「Asymptotic properties of SVM with Gaussian kernel for high-dimensional data」

18:30- 懇親会

2/17(土)

10:00-10:25 草野元紀(東北大学大学院理学研究科数学専攻)
「分布に対する位相的データ解析」

10:25-10:50 今泉允聡(統計数理研究所)
「関数データ回帰の信頼バンド構成法」

10:50-11:15 永井勇(中京大学国際教養学部)
「高次元データにおける精度行列の罰則付推定とその最適化」

11:30-11:55 菅澤翔之助(統計数理研究所)、野間久史(統計数理研究所)
「個別化医療への機械学習的アプローチ」

11:55-12:20 山西芳裕(九州大学生体防御医学研究所)
「AI創薬: 機械学習による様々な疾患に対するデータ駆動型の新薬開発」

12:20-12:45 白井剛(長浜バイオ大学バイオサイエンス学部)
「バイオインフォマティクスによる古代遺伝子の再現と機能解析」

14:15-15:05 特別講演: 井元清哉(東京大学医科学研究所)
「統計学とスパコンでがんゲノムにチャレンジ」

15:20-15:45 岩山幸治(滋賀大学データサイエンス教育研究センター)
「トピックモデルによるShallow RNA-Seqデータの補完」

15:45-16:10 茅野光範(帯広畜産大学)、檜垣小百合(国立長寿医療研究センター)、新飯田俊平(国立長寿医療研究センター)
「認知症の超早期発見のための血中マイクロRNAの共発現解析」

16:10-16:35 植木優夫(理化学研究所革新知能統合研究センター)、川崎能典(統計数理研究所 モデリング研究系)、田宮 元(東北大学東北メディカル・メガバンク機構/理化学研究所 革新知能統合研究センター)
「双方向グラフ上の最短経路を利用した遺伝関連解析」

16:50-17:15 大谷隆浩(統計数理研究所)
「精密医療・予防に向けた分子バイオマーカーの探索: 階層混合モデルを用いた最適発見手法の応用」

17:15-17:40 野間久史(統計数理研究所)
「多変量メタアナリシスにおける高次漸近理論を用いた推測手法」

17:40-17:50 Closing

講演申込期限: 締め切りました。お申込みの皆様ありがとうございました。2018年1月12日(金) 氏名・所属・講演題目を電子メールでお知らせ下さい。

予稿期限: 締め切りました。2018年2月2日(金) A4 サイズ 10 頁以内で作成し、PDF ファイルを送信して下さい。

報告書原稿: 報告書を作成しますので、予稿とは別に報告書原稿(A4 サイズ 2 枚)も PDF ファイルで送信して下さい。

旅費の配分: 講演者を中心に配分します。旅費希望の方は講演申込の際にお伝え下さい。

宿舎の斡旋: 斡旋しません。

問い合わせ先・講演申込先・予稿送付先・報告書原稿送付先:

松井秀俊

〒522-8522 滋賀県彦根市馬場1丁目1-1 滋賀大学データサイエンス学部

E-mail: hmatsui [at] biwako.shiga-u.ac.jp

シンポジウム会場周辺MAP



懇親会会場周辺MAP

