

電子情報科学専攻	研究分野	バイオインフォマティクス	Lab. ID EC25
研究室Webサイト	<a href="http://bioinfo.ec.t.kanazawa-u.ac.jp">http://bioinfo.ec.t.kanazawa-u.ac.jp</a>		
研究課題の概要			
<p>本研究室の研究課題は、下記の2系統に大きく分かれていますが、両方に属しているケースもあります。</p> <p>【生命情報の解析に関する研究】生命科学の実験技術が進歩し、生命に関する様々な情報の計測が高速かつ低価格で行えるようになった結果、現代の生命科学ではビッグデータを自由自在に解析できる情報処理技術が必須のスキルになってきました。本研究室では、医薬保健学類の研究者と協力することにより、病原性微生物のゲノム解析や、動物の行動解析、脳波解析など、様々な研究を行っています。</p> <p>【画像情報の解析に関する研究】医学関係から気象関係、交通関係まで、様々な画像情報を解析する研究を行っています。例としては、注射補助のための静脈画像処理や、自動車のナンバープレートの認識、オーロラ画像の認識と解析などがあります。</p>			
博士前期課程/後期課程院生の指導方針、具体的なカリキュラム、研究室での活動等			
<p>【個々の学生に適した指導】学生はそれぞれ能力も好みも全て異なり、時と共に変化していきます。教員の都合を押し付けるのではなく、できるだけ学生に合わせたテーマ選択とペース配分を心がけています。研究を通して得られる技術や経験も学生ごとに異なりますが、なるべく全員に面白さと充実感を味わって欲しいと思います。</p> <p>【就職活動の方が優先】就活時期には無理に研究を進めず、ゼミ等も欠席していいことになっています。ちなみに、進学希望の4年生の場合は大学院入試が優先になります。</p> <p>【日本語ゼミと英語ゼミ】比較的留学生が多い研究室なので、主に日本人を対象として行う日本語ゼミと、主に留学生を対象として行う英語ゼミを、毎週行っています。両方にも出席することも可能です。ゼミでは学生ごとの状況に応じて、研究の進捗報告や英語論文の紹介が行われます。</p> <p>【研究室合同の研究発表会】卒論や修論の中間発表会を、毎年12月に山田洋一先生のゲノム情報工学研究室と合同で行っています。</p> <p>【学会発表や論文投稿】前期課程学生は全員、1回以上の学会発表を行うようにしています。後期課程学生はジャーナル論文投稿を優先していますが、国際会議で発表することもあります。</p> <p>【特許申請】研究テーマによっては、学会発表や論文投稿よりも特許の取得を目指した方が良い場合もあります。研究結果を元に特許申請を行う場合、申請が認められれば教員と共に学生個人の名前が特許書類に記載されます。</p>			
研究室生活の紹介等			
<p>全ての学生に自分の机とデスクトップPCが貸与されます。研究テーマによっては、PC以外にも専用の機器、例えばタブレットやヘッドマウントディスプレイ、深度センサ付きカメラなどが貸与されます。他にも共用の機器として、100コア以上のPCクラスタや大規模なメモリを持つ計算サーバ、ハイエンドのグラフィックボードを組み込んだ機械学習専用マシンなどがあります。</p> <p>研究室の雰囲気については、比較的リラックスした楽しい研究室という評価をされていると思います。それなりに研究が進んでいる人なら、研究室で少々遊んでいても咎められることは無いと思いますし、一生懸命研究している人はもちろん褒められます。</p>			
教員からのメッセージ			
<p>指導方針の所にも表れている通り、各学生にとって適切な課題を与えることで、できるだけ学生の満足度が高くなるという思いがあります(ただ単に楽な研究室という意味ではありません)。そのための個別指導方針ですから、アルバイト等で忙しい人には無理なくとも少しずつ進められる課題を与えますし、ハードワークを伴う高度な研究を目指している人には歯ごたえのある課題をどんどん与えて、研究能力のレベルアップを図るようにしています。研究テーマについては限りがありますので、全て自由とはいきませんが、生命の神秘を解き明かすためのバイオデータ解析をやりたい人から、気象や交通の観測データを解析したい人まで、できるだけ各自の興味に合うテーマを提案しています。</p> <p>また、教員のために学生が働くようなピラミッド型の研究室も多いですが、当研究室ではその逆、すなわち上級生が下級生を助け、教員が学生を助けるようなシステムを理想としています(一例として、研究室で生じる雑用の多くを教授が担当しています)。特にプログラミング能力のレベルアップに関しては上級者の知識や経験を教えてあげることが有効で、誰かが困っていると別の学生や教員がアドバイスしに来る、という光景がよく見られます。</p> <p>レクリエーションについては、4月の新入生歓迎会、夏のバーベキュー、12月の忘年会、2月の卒論修論発表打ち上げが定番です(毎回ゲノム情報工学研究室と合同です)。最近は夏のバーベキューの代わりに、1泊2日で海に行くこともあります。これらを含む様々なイベントについては、研究室のWebページに写真や動画で紹介していますので、ぜひそちらを覗いてみてください。</p>			
最近(過去3年間+必要に応じて)の修士論文題目			
修了年月	タイトル		
2021.3	Spatiotemporal Imageを用いた動物行動分類の精度評価		
2021.3	姿勢認識に基づく複合的行動および繰り返し行動の解析		
2020.3	データ拡張による手話認識精度の向上		
2020.3	ダウンサンプリングとガウス補間による点群マッチング手法の高速化		

2020.3	Semantic Segmentationにおける合成背景を用いた学習
2019.3	配列分類への単語埋め込みの応用
2019.3	Dynamic Imageを用いた動物行動の分類
2019.3	深層学習を用いた様々な動物の姿勢認識
2019.3	深層学習を用いた脳波の分類
2018.3	核内移行タンパク質の局在部位予測
2018.3	状態空間モデルと整数計画法を基盤とした細胞画像領域検出および細胞追跡の同時最適化
2018.3	深度センサ付きカメラを用いた動体検出と背景除去
2018.3	臨床脳波検査のための自動アノテーションシステムの構築
2017.3	線虫の神経細胞配置データを利用した神経細胞名特定のための人工知能技術の開発
2017.3	ホウキタケ属のゲノム配列解析
2017.3	深度センサ付きカメラを用いた動物体表面のトラッキング
2017.3	二次元降雪粒子データの凹凸形状解析
2016.3	DNA Sequence Classification by a Deep Learning Algorithm for Text Classification (テキスト分類のための深層学習アルゴリズムによるDNA配列分類)
2016.3	細胞移動経路の最適化に基づく4D画像データ中の細胞領域自動追跡手法の開発
2016.3	テキストマイニングを用いた薬剤と病気の関係抽出
2015.3	遺伝子発現データ視覚化のための次元削減手法統合ソフトウェアの開発
2014.3	3軸回転を伴う全天魚眼カメラを用いた林冠画像の多時期重ね合わせ
2014.3	ライブセル4Dイメージ内の多数の細胞領域を対象としたマルコフ確率場に基づく追跡手法の開発
2014.3	テキストマイニングを用いた抗がん剤関連の知識抽出
2013.3	全天魚眼画像のカメラ回転パラメータ校正
2013.3	メタゲノムアセンブラMetaVelvetの有効性の検証
2013.3	状態空間モデルを用いた超高次元逐次データに対するクラスタリング手法の開発
2013.3	高速カメラを用いた降雪粒子の画像計測
2013.3	多地点ライダーを用いた降雪時下層大気の短時間変動解析
最近(過去3年間+必要に応じて)の博士論文題目	
修了年月	タイトル
2021.9	Classification of Biomedical Data with Class Imbalance (クラスインバランスがある生物医学データの分類)
2021.3	シルエット画像のためのオプティカルフロー推定の改善
2020.3	Automatic Annotation of Hyperventilation and Sleep Stages in Electroencephalogram Examination (脳波検査における過呼吸および睡眠段階の自動アノテーション)
2019.3	A Study on the Application of Deep Learning Models to Mouse Behavior Recognition (マウスの行動認識への深層学習の応用に関する研究)
2018.9	A Study on the Application of Cross-Entropy Based Sparse Logistic Regression to Phenotype Classification in Methicillin-Resistant Staphylococcus aureus (クロスエントロピーに基づくスパースロジスティック回帰を応用したメチシリン耐性黄色ブドウ球菌の表現型分類に関する研究)
2018.9	Effect of Features Generated from Adjacent and Overlapped Segments in Protein Sequence Classification (隣接し重なり合う部分配列から生成された特徴がアミノ酸配列分類にもたらす効果)
2017.9	A Study on the Effect of Feature Selection against Categorical and Numerical Features in Fixed-length DNA Sequence Classification
2017.9	A Study on the Protein Phosphorylation Site Prediction by a Set of New Features and Feature Selection with Grid Search (新しい特徴集合とグリッドサーチを伴う特徴選択を用いたタンパク質リン酸化部位予測に関する研究)
2016.3	Distributed Representation of Biomedical Words for Drug Repositioning (ドラッグリポジショニングのための生物医学用語の分散表現)
2015.9	Data preprocessing for improving cluster analysis and its application to short text data (データの前処理によるクラスター分析の改善とショートテキストデータへの応用)
2015.3	Statistical and Fractal Analysis of Particle Data from Two-Dimensional Video Disdrometer (二次元ビデオディストロメータから得られる粒子データの統計解析およびフラクタル解析)
2013.9	Mining Protein-Protein Interactions at Domain and Residue Levels by Machine Learning Methods (機械学習手法を用いたドメインレベルおよび残基レベルにおけるタンパク質間相互作用予測)

2013.9	Resampling Methods to Handle the Class-Imbalance Problems in Predicting Protein-Protein Interaction Site and Beta-Turn (タンパク質間相互作用予測およびβターン予測におけるクラス不均衡問題を扱うためのリサンプリング手法)
2013.9	Epitope and T-cell Reactivity Prediction Using Machine Learning Approaches (機械学習アプローチを用いたエピトープ予測およびT細胞反応性予測)
2013.3	Novel Over-Sampling Methods and Their Application to Biomedical Classification Problems (新しいオーバーサンプリング手法の開発および生命医科学分野の分類問題への応用)
研究室連絡先メールアドレス	佐藤賢二 <ken *at* t.kanazawa-u.ac.jp>