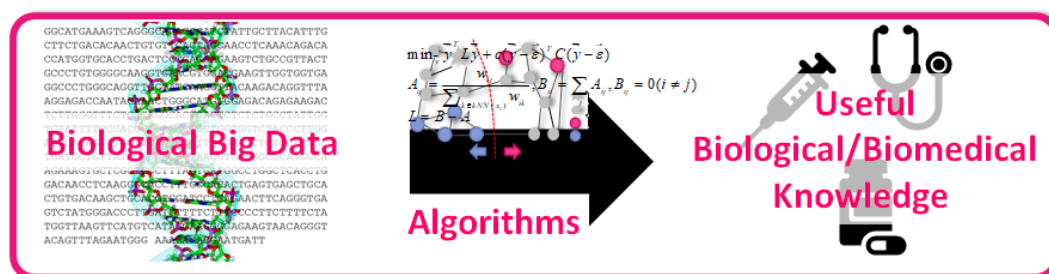


① 研究室名(場所)	清水 佳奈 研究室(63 号館 5-01, 5-21 号室)
	内線: 73-3438 e-mail: shimizu.kana@waseda.jp URL: https://www.cbio.cs.waseda.ac.jp/
	研究室決定後, 速やかに指導教員にコンタクトしてください.

② 研究分野
生命情報科学 (ゲノム等の生命情報を解析して, 生命に関する新しい知見を発見する研究, あるいは, 情報解析に有効な手法を開発する研究.)

③ 研究テーマ
現代の医学, 生物学では, 情報解析が大きな役割を果たします. 当研究室では, 計算機科学のあらゆる手法を駆使して医学, 生物学等の諸問題を解決する技術を研究します. 現在は, ゲノムデータ解析と個人ゲノム情報保護を中心とした研究を推進していますが, 生命情報の解析に役立つ研究(あるいはそこから派生する研究)であればテーマは自由に選択可能です.



【ゲノム×ビッグデータ解析: 現代の医学, 生物学では情報解析が主役】

ゲノムデータが主要なビッグデータの一つであるのはご存知でしょうか? 現在では, たった一回の実験で得られるゲノムデータは数千億塩基対に上ります. こういった膨大なデータを分析して病気の原因や創薬の手がかりを見つけるのは情報科学の仕事です. 応用先は医療だけではなく, 産業に役立つ微生物の設計, 食糧難を解決する品種改良にも情報解析が必要不可欠です. ゲノム情報解析は, 健康や産業に広く深く貢献する研究テーマなのです.

具体的なテーマによりますが, 研究を進める過程で文字列解析アルゴリズムや統計, 機械学習等の知識が身につきます. また画像など比較的独学しやすいデータ分析とは異なり, 専門家との協業でなければ取り組むことの難しいデータ分析について知識を得ることができます. 何より, ゲノム配列自体は我々の「設計図」ですから, 自分自身の設計図を分析できる能力を身につけることができるのが魅力です.

関連キーワード: 個人ゲノム, ガンゲノム解析, 統計, 機械学習, アルゴリズム, 配列解析

【生命情報×セキュリティ: 究極の個人情報をどうやって守るのか】

最近, アメリカで迷宮入りの殺人事件が次々に解決しているのをご存知でしょうか? これは, アメリカの捜査機関が個人ゲノムのデータベースを利用して, 犯人の特定能力を高めていることが要因です. 地域の治安には貢献しますが, プライバシー保護の観点ではどうでしょうか? ゲノム情報は個人の設計図です. この究極の個人情報を安全に利用するにはどのような技術が必要なのかよく考える必要があるのではないのでしょうか.

当研究室では秘密計算技術やハードウェアセキュリティ技術の応用により, ゲノム情報を守りながら利用する技術の研究を推進しています. この研究では, セキュリティ関連の技術を勉強できる他, ゲノム配列をはじめとした生命データの扱い方について知識を深めることができます. プライバシー保護技術の開発では, 対象とするデータとその利用のされ方をよく知っている必要があります. 我々は実際のゲノム情報解析を実施している強みを活かし, 付加価値の高い技術開発を進めることができます.

関連キーワード: 個人ゲノム, 個人情報保護, プライバシー保護データマイニング, 暗号プロトコル, 準同型暗号, 秘密分散, ORAM, Trusted execution environment

<p>④ 人員構成（2021年11月現在） 教授 1名, 博士 1名, 修士 3名, 学部 3名</p>
<p>⑤ ゼミ（時限はメンバーの都合を考慮して年度初めに決定します。2018～2021年度は月曜 2, 3限, 2016～2017年度は火曜4, 5限でした。） 前期：週一回 研究発表（修士）, 学術論文もしくは文献の紹介（学部）, 勉強会 後期：週一回 研究発表, 勉強会</p>
<p>⑥ 研究室の行事（COVID-19の影響により、オンラインイベントへの変更、非開催となるものもあります。） 外部講師を招いてのセミナー、及びディスカッション：第一線で活躍する研究者を招いて活発に議論します。 昼食会（毎週1回）：昼食を取りながら科学に関する話題を議論します。 飲み会（随時、ワインやビールのテイasting会など）、合宿（配属人数により実施の是非を決定） （国内/国際）学会での発表（旅費をサポートします）、外部の勉強会への参加</p>
<p>⑦ オープンハウスの日程（3/22(火)～3/24(木)、24日は14:00まで） オンライン/オフライン双方で開催予定。詳細は3月上旬までに研究室webにて掲載。</p>
<p>⑧ その他</p> <p>【競技プログラミングと生命情報科学】 生命情報科学では非常に高度なアルゴリズムを駆使して様々なデータを解析します。例えば、動的計画法はゲノム配列の同源性検索やRNAの二次構造予測で欠かせませんし、次世代シーケンサーのデータ解析ではSuffix arrayをはじめとした簡潔データ構造を多用します。（ちなみにSuffix arrayは生命情報科学者の発明ですし、最先端の文字列解析研究の多くはゲノム配列解析を主要な応用例としています。）清水研でも競プロ経験者がアルゴリズム力を活かして素晴らしい成果を挙げています。競プロで得たアルゴリズムの知識は高度過ぎて応用先を見つけるのが難しいという声を聞くことがあります。しかし生命情報科学の研究では、<u>身に着けた力を存分に発揮し、さらに腕を磨くことができる</u>のです。2021年度は学会の企画でゲノム配列解析を題材としたプログラミングコンテスト(ゲノコン2021)を主催し学生メンバーも運営に参画しました。</p> <p>【他人とは違う強みを身につける】 大規模なゲノムデータ解析は新しい研究分野です。アメリカやヨーロッパのメガファーマでは早くから情報解析専門のスタッフを多数雇用して創薬研究を加速していますが、日本ではそのような人材が不足しています。ゲノムデータ解析の需要が急速に高まる中、生命情報解析の知識を身につけることは、強みとなるでしょう。</p> <p>【研究室で重視する事】 自立して研究を進められる力を養うこと、研究内容を適切にアピールする力を養うことを重視します。また、チャレンジ精神を大切にします。やりたいことを見つけられたら応援しますので、ぜひ積極的に活動してください。狭い世界に留まってしまふことをお勧めしません。</p> <p>【対外発表の推奨、学外研究者との連携】 研究成果は国内外で発表することを推奨しています。研究室メンバーはこれまでに国内外で多くの発表を実施しており受賞も多数あります。学会発表の他、学外のセミナー、ハッカソンなどへの参加も支援しています。他大学や国立研究所との共同研究も実施しており、<u>連携先の一流研究者と密に議論しながら研究を進めることができます</u>。</p> <p>【研究機関との連携】 2016年秋に早稲田大学と産総研(国立研究開発法人 産業技術総合研究所)が共同でプロジェクト研究センター「生体システムビッグデータ解析オープンイノベーションラボラトリ」を設立しましたが、教員の清水は設立メンバーとしてプロジェクトに参画していますので、希望する方はプロジェクトに参加することが可能です。</p> <p>【研究設備/環境】 個人用のPCを全員に支給している他、共用の計算機サーバーがあります。研究室のミーティングルームには大きめのソファとYogibo(高性能ビーズクッション)があります。学生部屋でのデスクワークに飽きてしまったら、ここで論文を読むのも良いでしょう。また、キッチンには全自動エスプレッソマシンがあります。研究室の壁の大部分にはホワイトボード加工がしてありますので、仲間を見つけたらコーヒーを片手にいつでも議論してください。</p> <p>【参考情報】 河合塾・みらいぶプラス掲載記事: https://www.milive-plus.net/gakumon161202/ 学部web(close up): http://www.fse.sci.waseda.ac.jp/june-1-2016/ JSPS記事: https://www.jsps.go.jp/j-grantsinaid/22_letter/data/news_2018_vol1/p12.pdf</p>