

「数学・数理科学と諸科学・産業との協働による
イノベーション創出のための研究促進プログラム」

参加費
無料

統計科学の新展開と 産業界・社会への応用

主催: 金沢大学人間社会研究域 経済学経営学系

共催: 文部科学省(統計数理研究所)・統計関連学会連合

2016
9/5日・6日

会場

金沢大学(角間キャンパス)
総合教育講義棟 A1教室



ワークショッププログラム

9月5日(月)

13:00~

数学協働プログラムの活動紹介 伊藤 聡(統計数理研究所)

13:00~15:00

欠測データの解析:基礎理論と実践的な方法論の発展

オーガナイザー:星野崇宏(慶應義塾大学)・野間久史(統計数理研究所)

座長:星野崇宏(慶應義塾大学)・野間久史(統計数理研究所)

- ①諸分野での欠測データ解析の動向と研究テーマの潮流のレビュー 星野 崇宏(慶應義塾大学)
- ②多重代入法におけるロバストな推測方法 野間 久史(統計数理研究所)
- ③重み付き推定方程式と二重ロバスト推定法 逸見 昌之(統計数理研究所)
- ④臨床試験における欠測データの解析, MMRM とその最新の研究 五所 正彦(筑波大学)

15:30~17:30

超高速グラフ列挙法と統計学への応用

オーガナイザー:水田正弘(北海道大学)・湊真一(北海道大学)・栗原考次(岡山大学)

座長:栗原考次(岡山大学)

- ①データ解析における超高速グラフ列挙法および連結成分列挙法の活用について 水田 正弘(北海道大学)
- ②離散構造処理系プロジェクトと超高速グラフ列挙法 湊 真一(北海道大学)
- ③公的統計の地域別集計分析への利用可能性 谷道 正太郎(統計センター)
- ④一票の格差が小さな選挙区割の列挙
川原 純(奈良先端科学技術大学院大学)・堀山 貴史(埼玉大)・
堀田 敬介(文教大)・湊 真一(北海道大学)
- ⑤空間データに対するホットスポット検出手法の性質評価について
石岡 文生(岡山大学)・栗原 考次(岡山大学)・水田 正弘(北海道大学)

9月6日(火)

10:00~12:00

スポーツアナリティクスの広がり

オーガナイザー:酒折文武(中央大学)

座長:酒折文武(中央大学)

- ①野球選手における脊椎・体幹部障害のマネジメント - 競技復帰時期予測の苦労 - 加藤 欽志(福島県立医科大学)
- ②成績・試合情報をもとに先発投手を予想する方法
大川 恭平(データスタジアム株式会社)・宮崎 誠也(東京工業大学)・
金沢 慧(データスタジアム株式会社)・上原 早霧(データスタジアム株式会社)
- ③MLBトラッキングデータを用いた捕手のフレーミング評価法について
永田 大貴(慶應義塾大学)・南 美穂子(慶應義塾大学)
- ④サッカートラッキングデータから守備戦術技能を測る
松岡 弘樹(筑波大学)・猶本 光(筑波大学)・田原 康寛(筑波大学)・
見汐 翔太(筑波大学)・安藤 梢(筑波大学)・西嶋 尚彦(筑波大学)
- ⑤サッカートラッキングデータに関する統計的モデリング 酒折 文武(中央大学)

13:00~15:00

ライフイノベーションを推進するバイオメディカルビッグデータ解析の新潮流

オーガナイザー:島村徹平(名古屋大学)・新井田厚司(東京大学)・白石友一(東京大学)

座長:島村徹平(名古屋大学)・新井田厚司(東京大学)・白石友一(東京大学)

- ①局所距離相関に基づくモジュレーター因子の網羅的探索法
島村 徹平(名古屋大学)・松井 佑介(名古屋大学)・宮野 悟(東京大学)
- ②大規模がんゲノム変異データマイニングのための統計学的手法 白石 友一(東京大学)
- ③がんの進化シミュレーションによる腫瘍内不均一性生成原理の探索 新井田 厚司(東京大学)
- ④多重検定補正法の生命系大規模データへの応用 瀬々 潤(産業技術総合研究所)
- ⑤共発現解析による軽度認知障害の血漿 microRNA マーカーの検出
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)・
佐藤 準一(明治薬科大学)・松本 健治(国立成育医療研究センター)・
滝川 修(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)

15:30~17:30

ヒトゲノムデータの遺伝統計解析

オーガナイザー:鎌谷洋一郎(理化学研究所)

座長:鎌谷洋一郎(理化学研究所)

- ①Chromatin configuration QTL mapping using ATAC-seq
熊坂 夏彦(英国サンガー研究所)・Andrew Knights(英国サンガー研究所)・Daniel Gaffney(英国サンガー研究所)
- ②全ゲノムシークエンスによる肝臓の変異の包括的解析
藤本 明洋(京都大学)・古田 繭子(理化学研究所)・十時 泰(国立がん研究センター)・角田 達彦(理化学研究所)・
加藤 護(国立がん研究センター)・柴田 龍弘(国立がん研究センター)・中川 英刀(理化学研究所)
- ③遺伝統計解析で迫る疾患病態の解明とゲノム創薬 岡田 随象(大阪大学)
- ④ゲノムワイド関連解析による高血圧遺伝子の解明 竹内 史比古(国立国際医療研究センター)
- ⑤統計遺伝学モデルを用いた多因子疾患の発症リスク予測法 八谷 剛史(岩手医科大学)