

# UDAC研究活動の紹介



TOHOKU  
UNIVERSITY

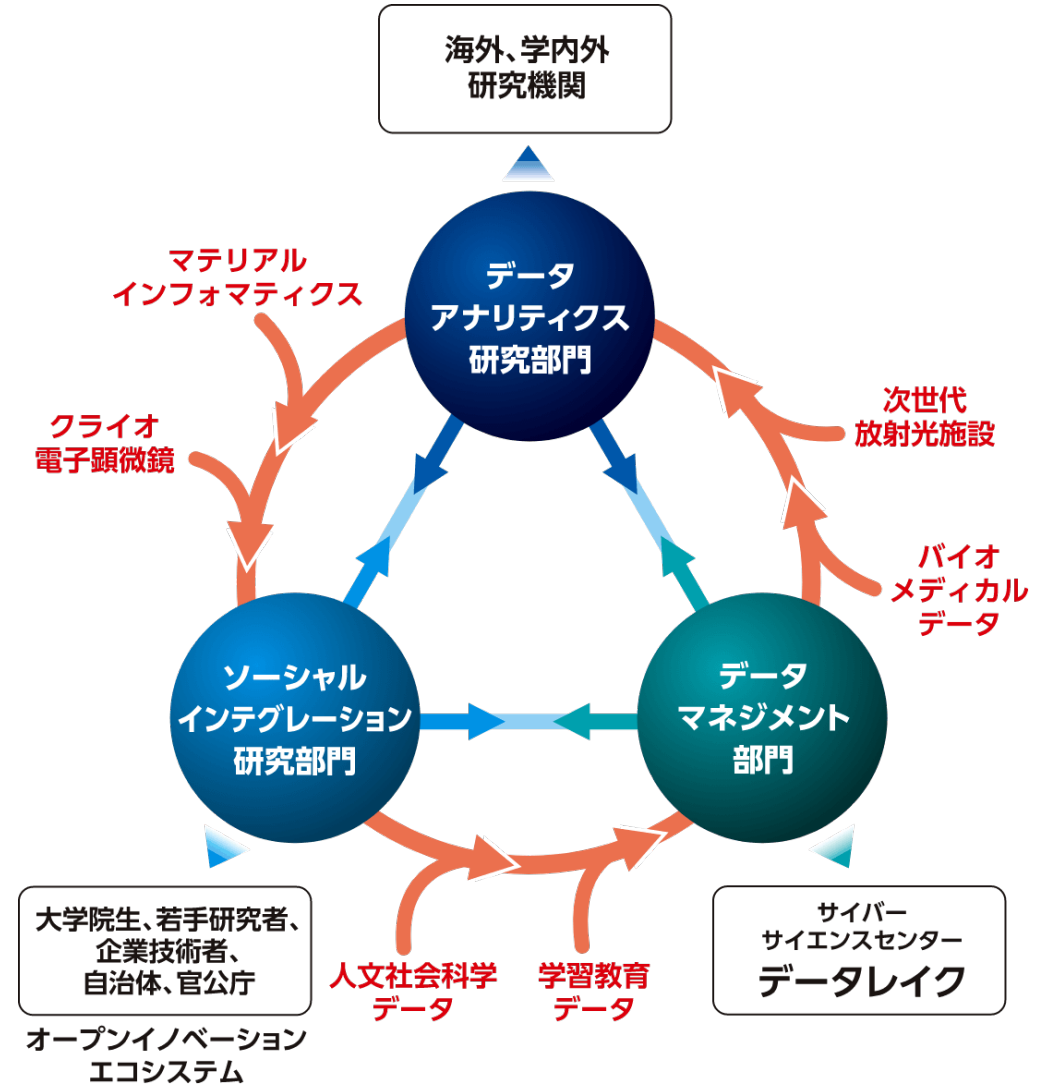
データアナリティクス研究部門  
教授 志賀元紀

## 1. 最先端のデータ解析法の開発

- 大規模なサイズ
- 多様な形式
- 応用に適した解析・理論

## 2. 学内外・応用分野との連携 物質材料科学、分子生物学など (ゲノム科学、医療創薬)

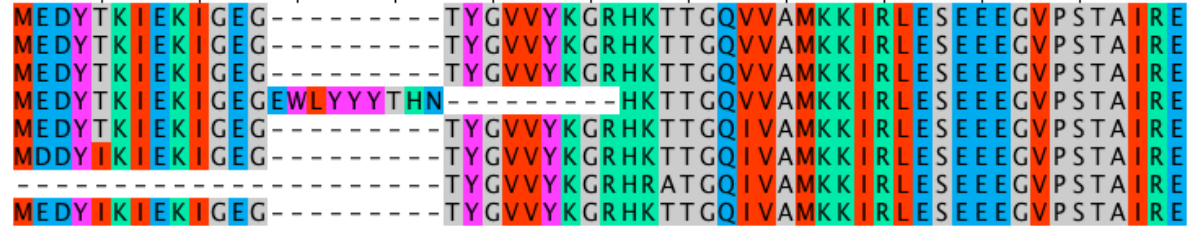
## 3. 社会実装に向けて



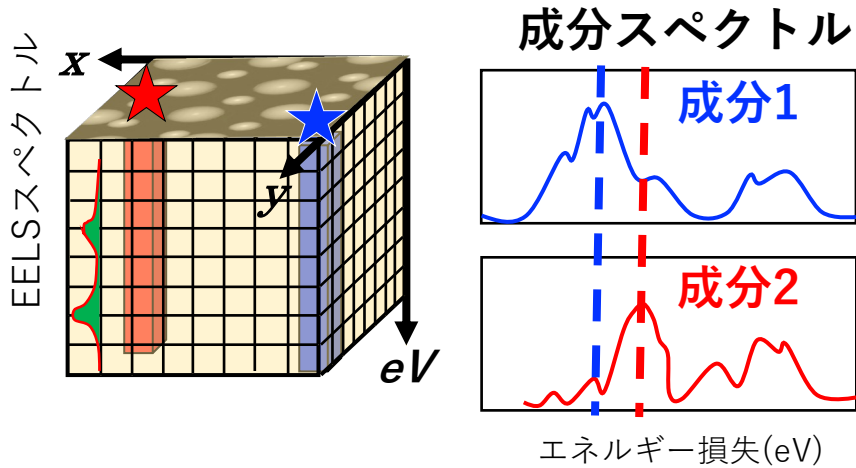
# 多様な形式のデータ

- 表形式などの構造化データ
- 高次元配列（テンソル）データ
- グラフ構造

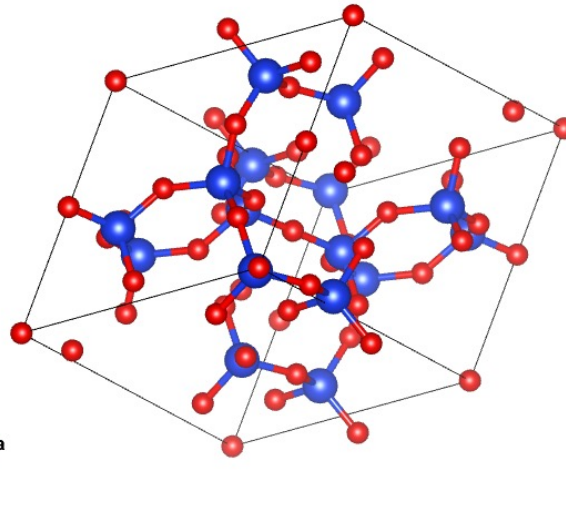
## 文字列（ゲノム配列）



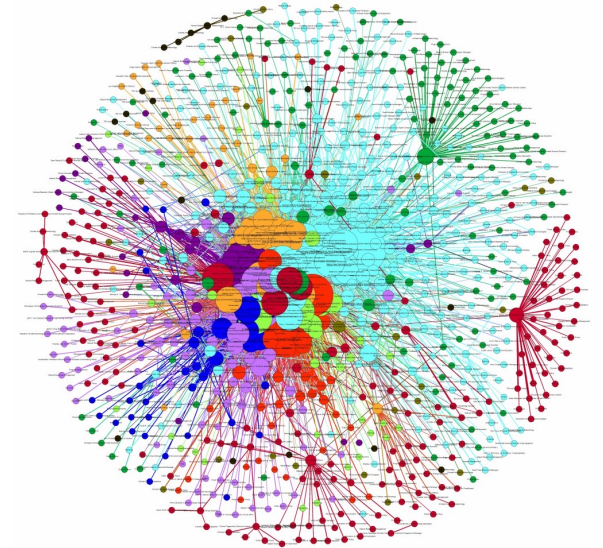
## 多次元配列（顕微計測）



## グラフ構造（化合物）



## (SNS)

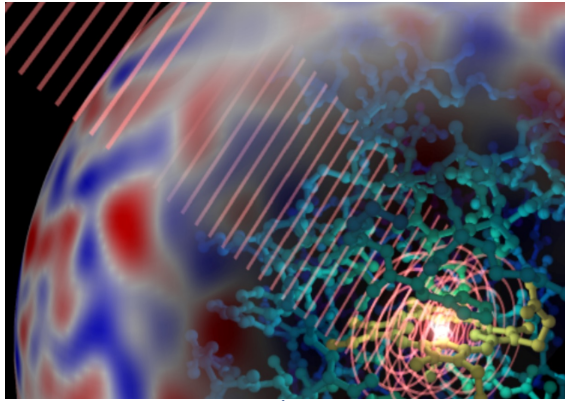


- データ形式に合わせた解析理論
- ドメイン知識を取り入れた応用解析

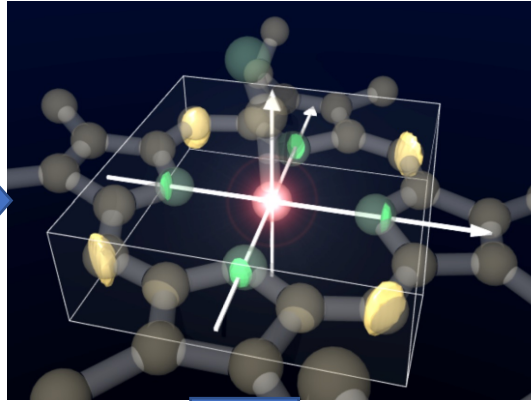
の両立が必要不可欠！



## 計測による構造の同定



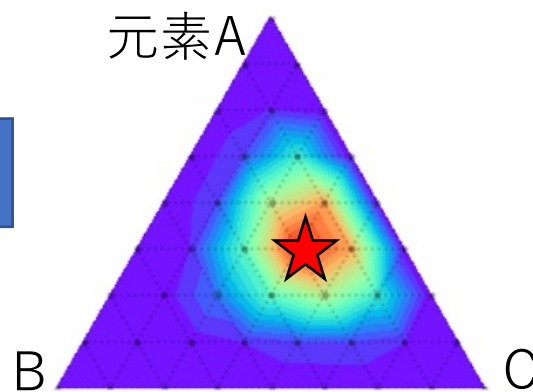
## 構造記述子の計算



## 新規材料合成・探索



## 物性予測と自動設計

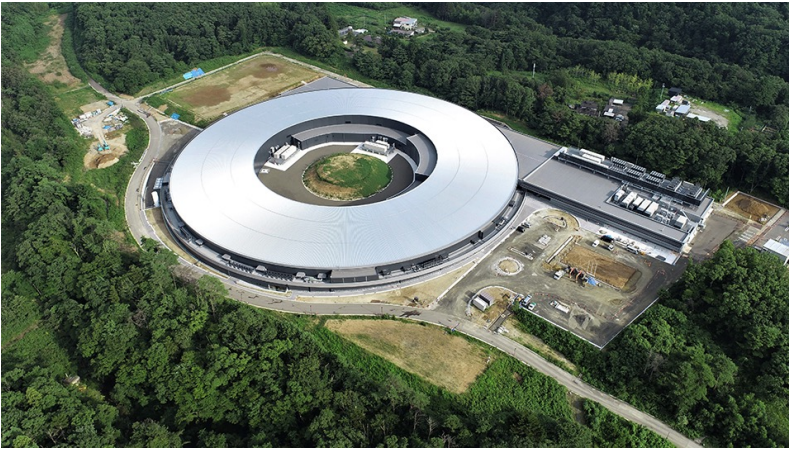


## データ科学の役割：

- **計測データ**から  
精密かつ効率的な構造同定
- **構造データ**から  
構造秩序・物性に関する  
記述子の設計・計算
- **構造記述子**から  
正確な物性予測、さらに、  
効率的な実験計画の提示

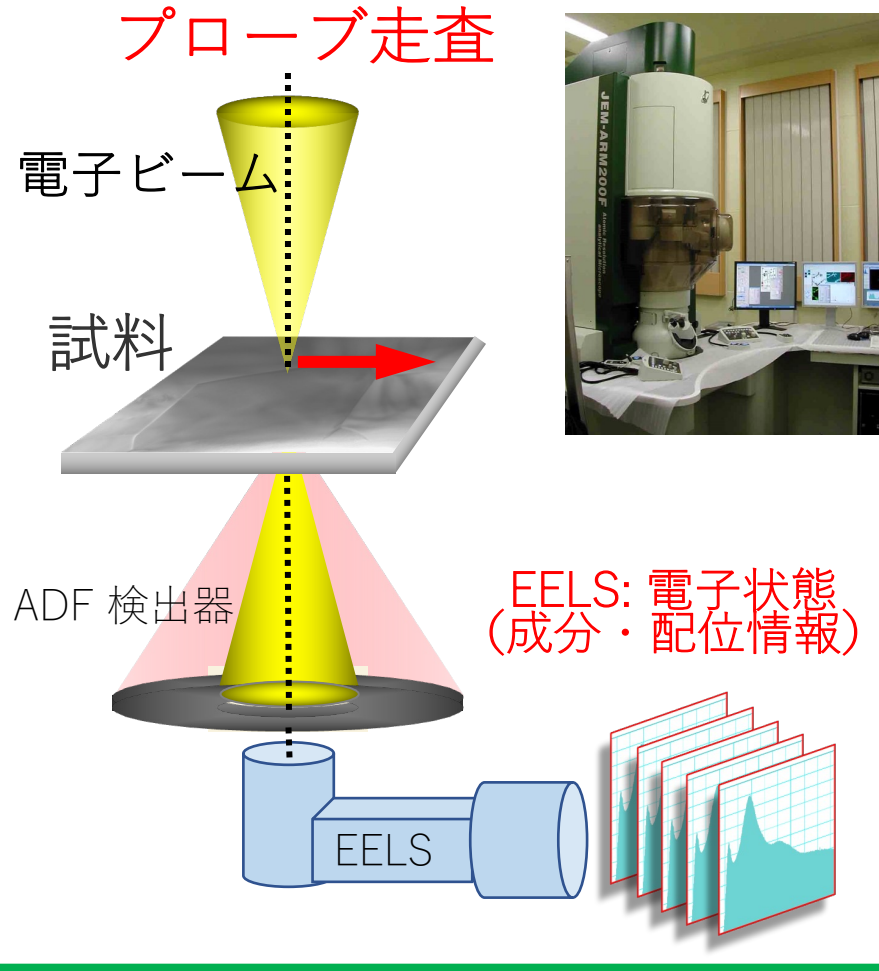


- **放射光（軟X線 or 硬X線）、中性子線、電子線の相補的な利用**  
それぞれメリット・デメリット、得意な材料が異なる



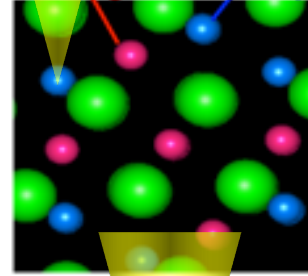
- **様々な計測データ形状**  
実空間像、特性スペクトル、回折像（波形、2次元図形）
- **様々なノイズレベル**  
S/Nの良いものがあれば、非常に悪いものもある

## STEM-EELS計測技術

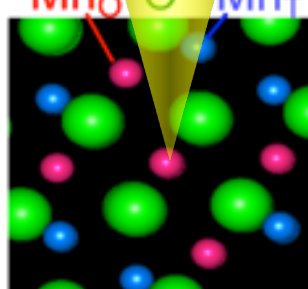


理論的な構造

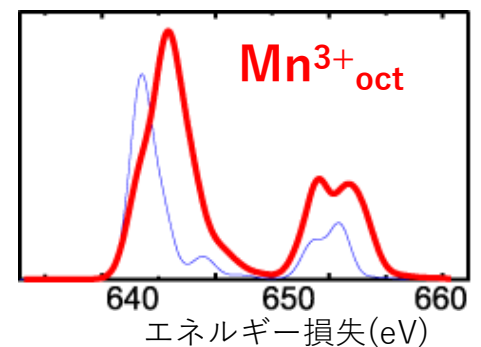
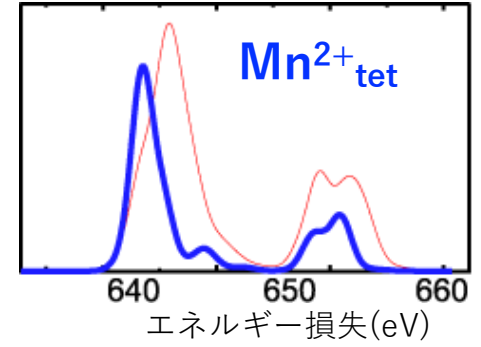
Mn<sub>O</sub> O Mn<sub>T</sub>



Mn<sub>O</sub> O Mn<sub>T</sub>



ELNESスペクトル



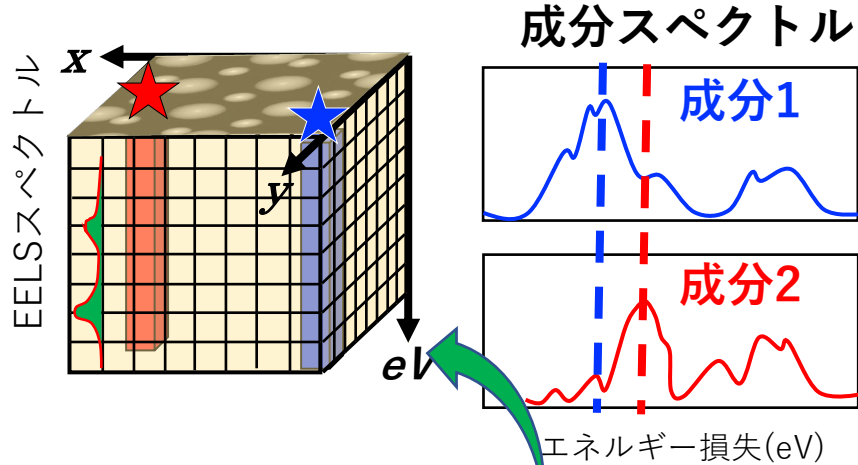
局所構造 (原子・分子・配位数)

⇔ スペクトル形状が対応する。

スペクトル形状 ⇔ 局所構造  
を予測できる。

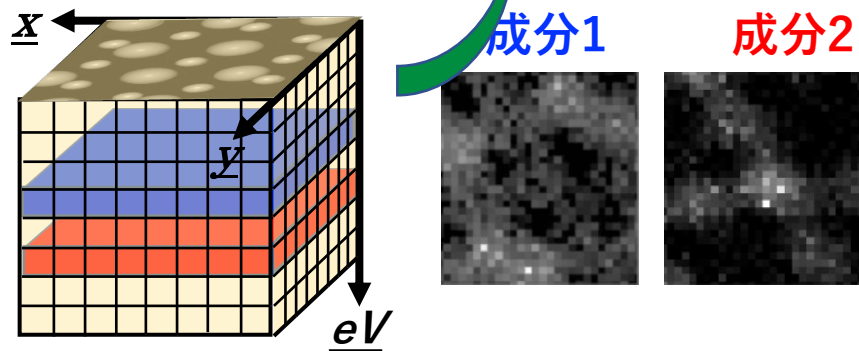
## マニュアル情報抽出の場合：

### ①成分位置の絞込み



異なる成分の領域をピックアップして成分ごとのスペクトルを同定する。

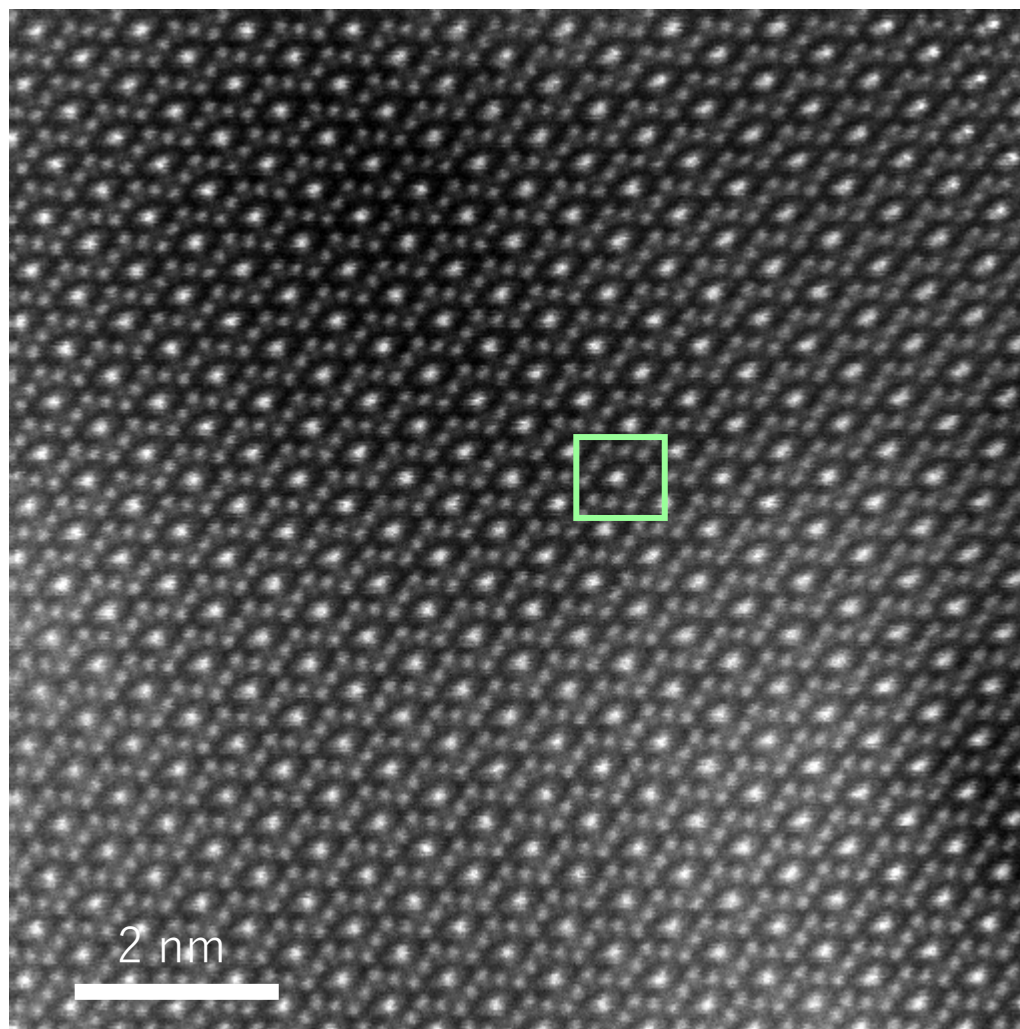
### ②eV帯域の絞込み



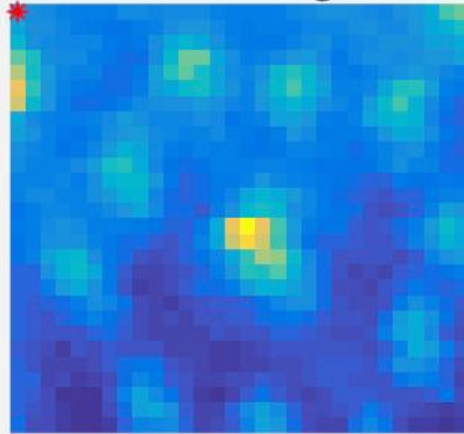
成分ごとの特徴的なピークを見つけピーク強度に基づき空間分布を描く。

**S/Nの悪いデータに対して、機械学習による情報抽出が必要**

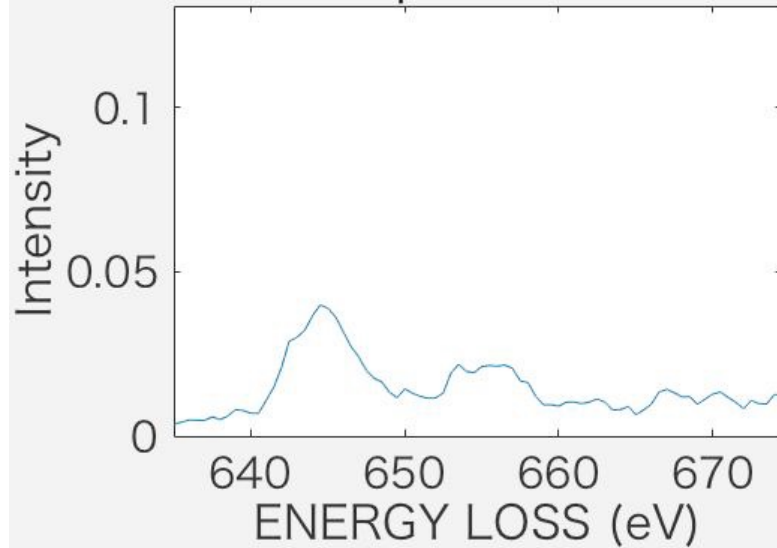




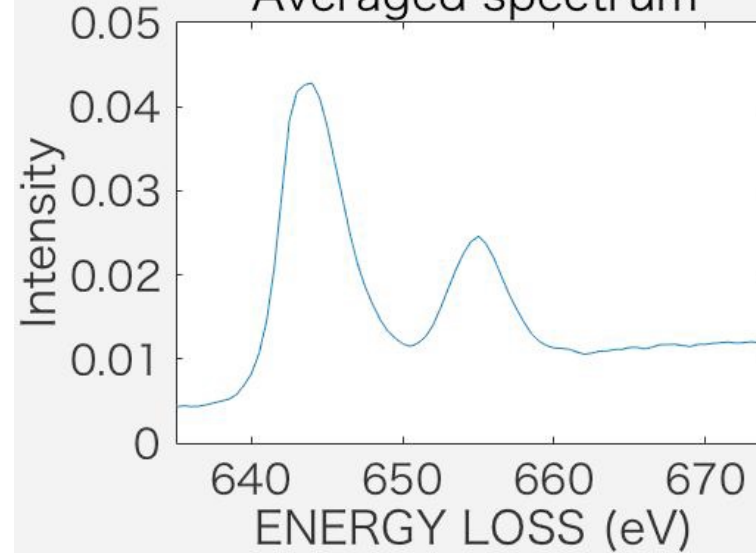
ADF image



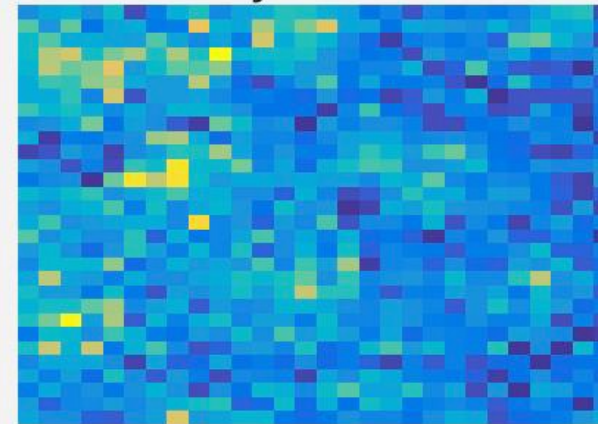
Spectrum

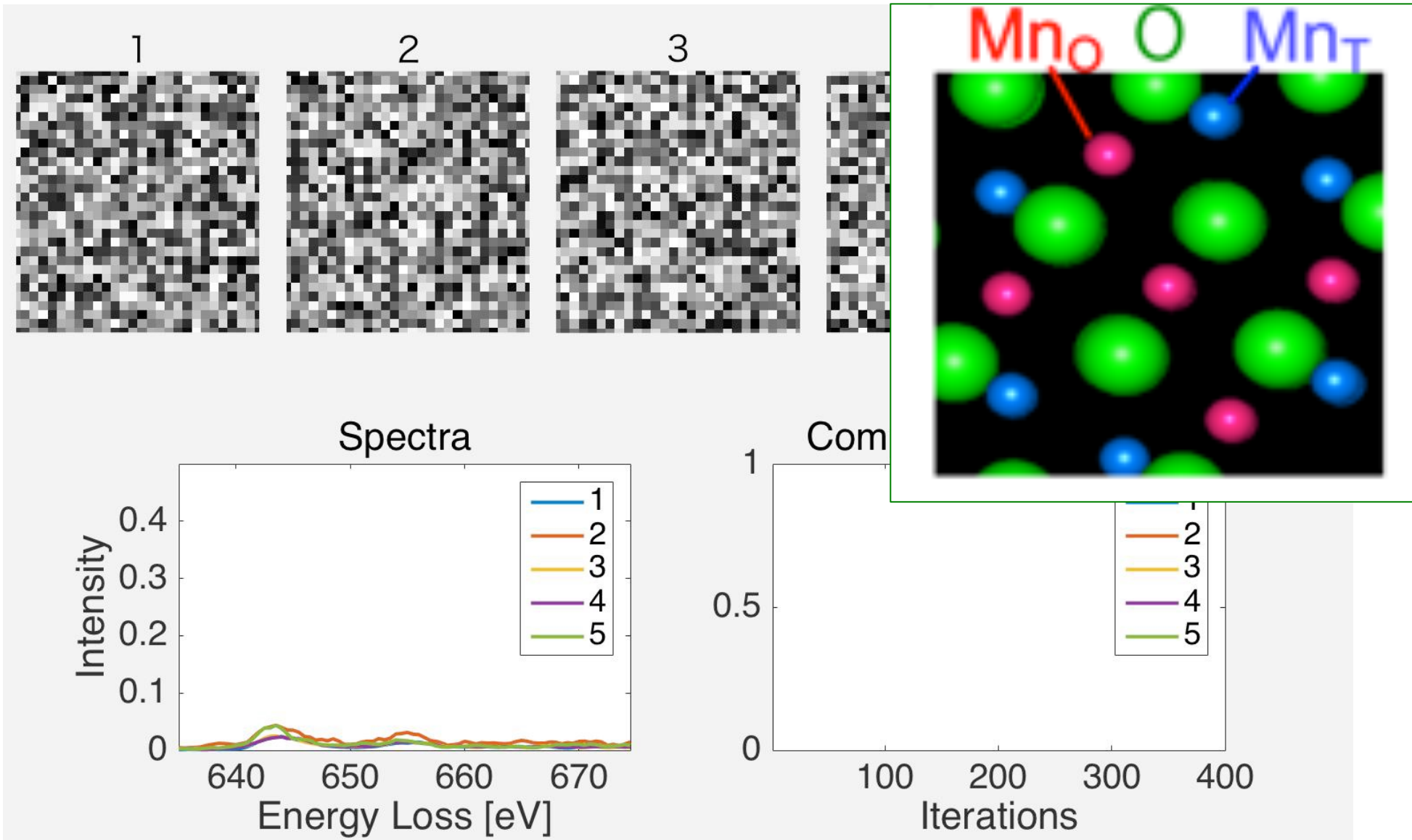


Averaged spectrum



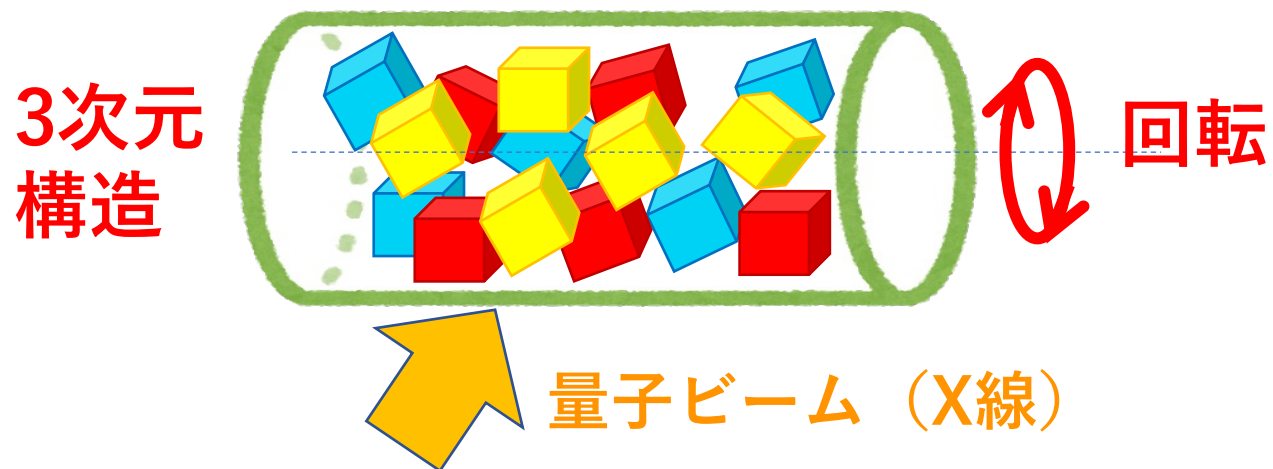
Intensity distribution



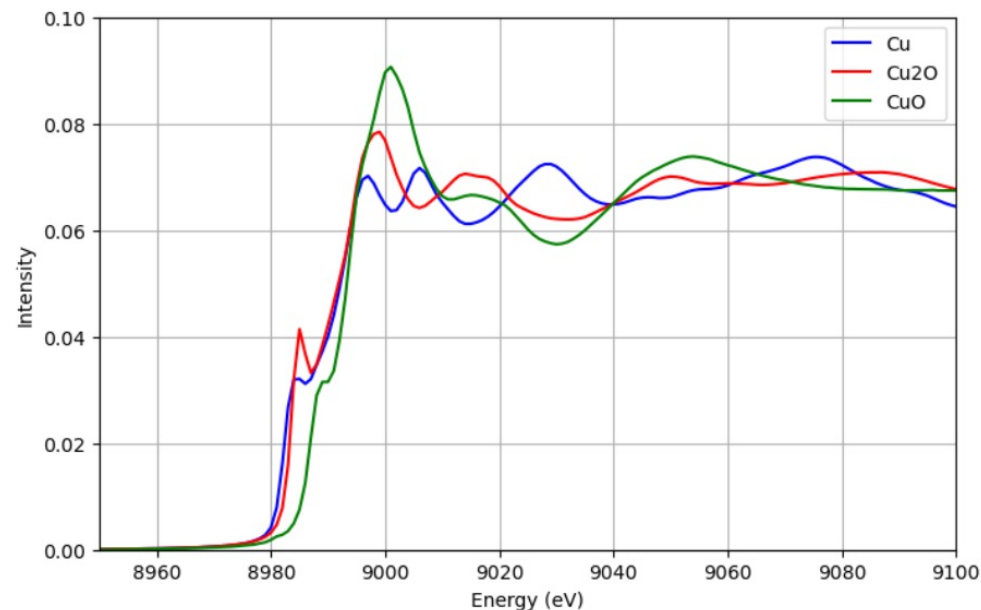




## CT- XAFS計測データ



## XAFSスペクトル

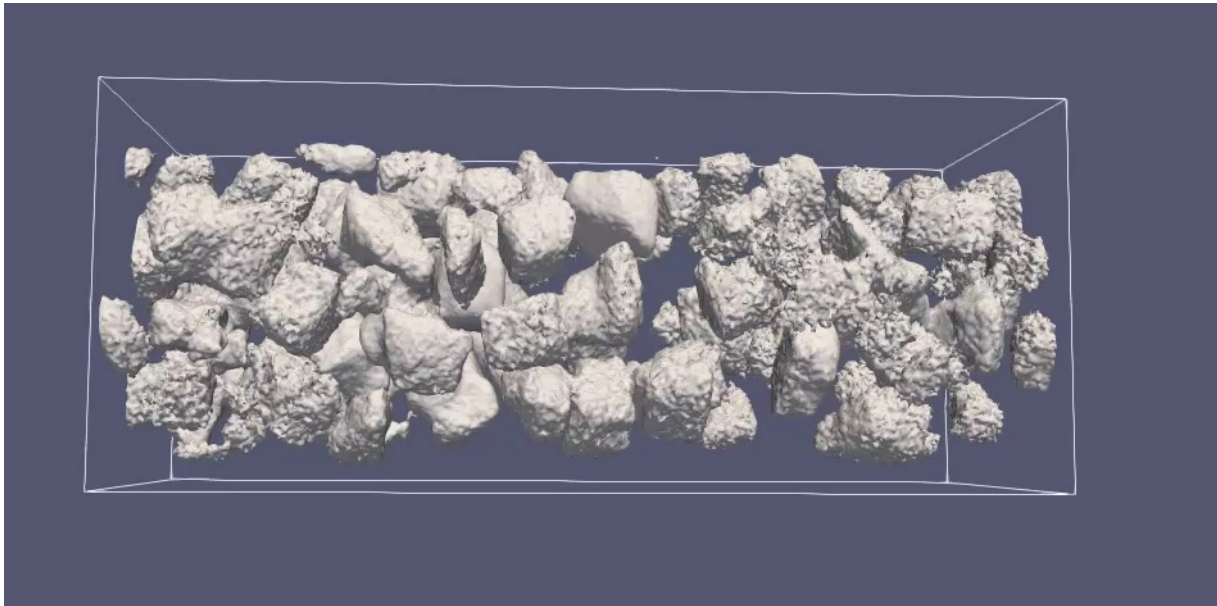


## 試料を回転させながらXAFSイメージング計測するデータ

- **4次元のビッグデータ** (=xy平面 × スペクトル帯域 × 回転軸)  
1計測のデータサイズは**約200GB**
- 計測データから **3次元再構成 + 成分同定が必要**

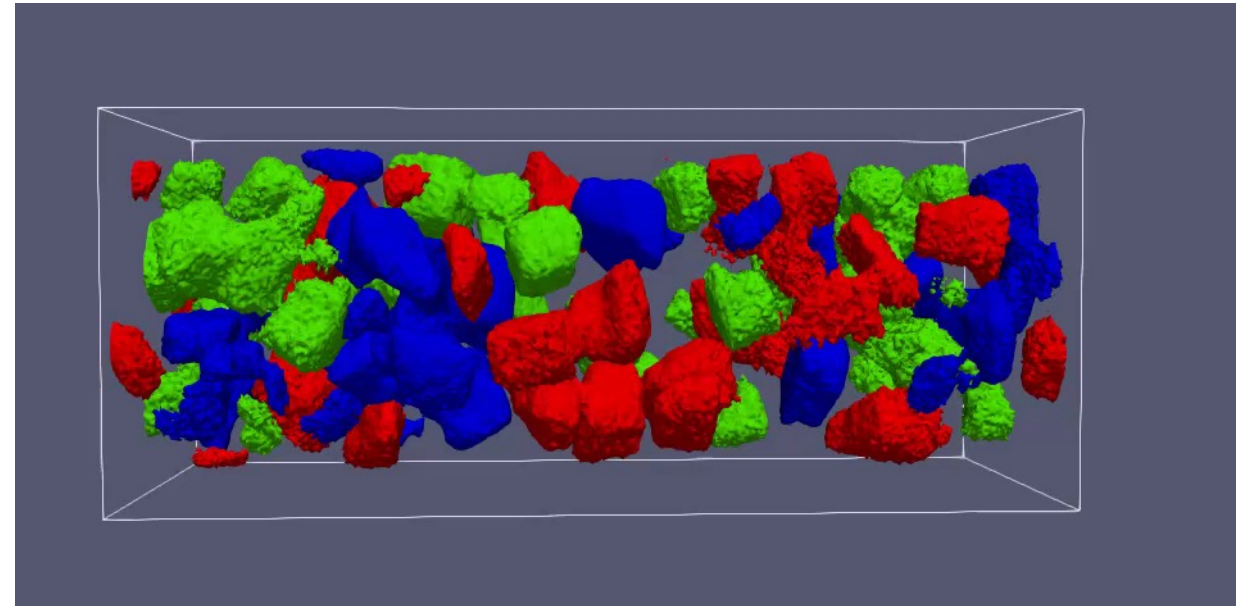
株式会社デンソーとの共同研究 (あいちシンクロトロン光センターで計測)

## 単色CTによる再構成結果 （約1GBのデータ）



3次元構造のみを同定できる。  
（化学成分を判定できない）

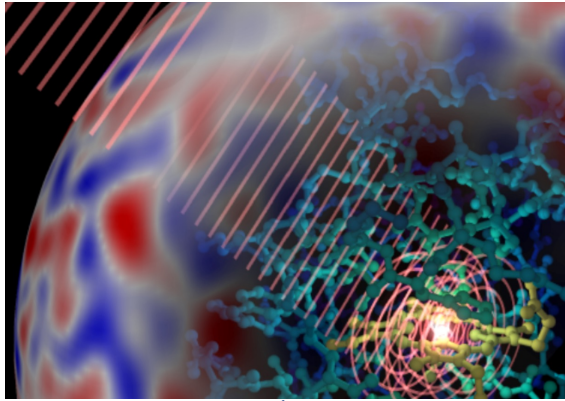
## CT-XAFSによる再構成結果 （約200GBのデータ）



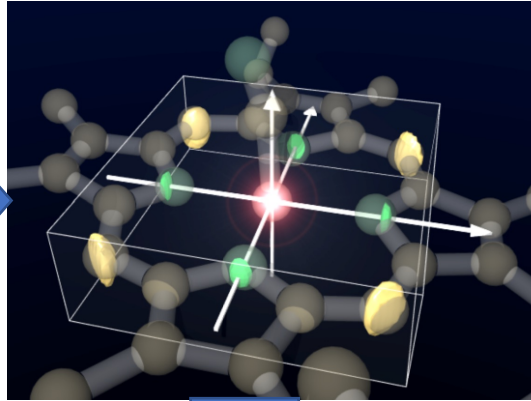
XAFSの特性スペクトルによって、  
化学成分の3次元配置も同定できる

さらに、従来手順より数十倍以上も高速な解析法を実現しつつある。

## 計測による構造の同定



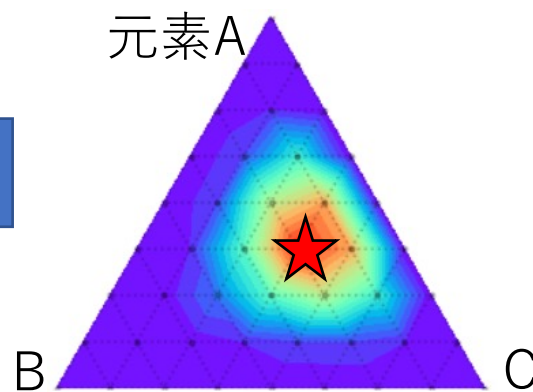
## 構造記述子の計算



## 新規材料合成・探索



## 物性予測と自動設計



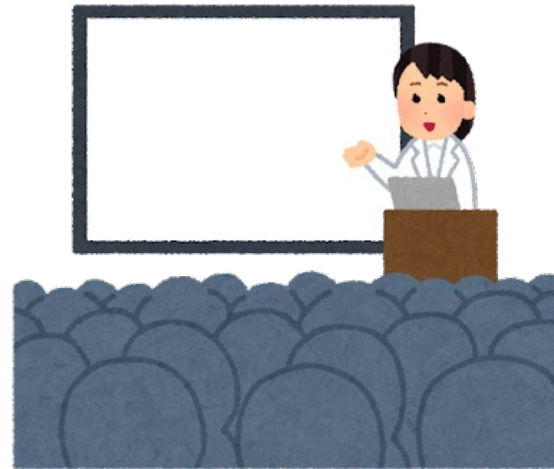
## データ科学の役割：

- **計測データ**から  
精密かつ効率的な構造同定
- **構造データ**から  
構造秩序・物性に関する  
記述子の設計・計算
- **構造記述子**から  
正確な物性予測、さらに、  
効率的な実験計画の提示





材料科学者



データ科学者

**マテリアルズインフォマティクス**  
= 材料科学とデータ科学のどちらにも精通した研究者

ソーシャルインテグレーション研究部門所属。

2022年6月まで東北大学情報科学研究科，  
2022年7月より未踏スケールデータアナリティクスセンターの専任教員。



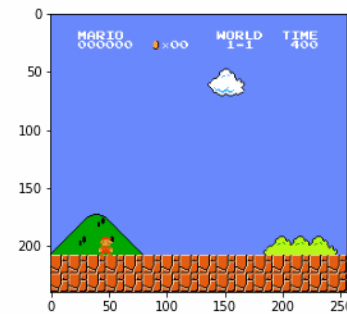
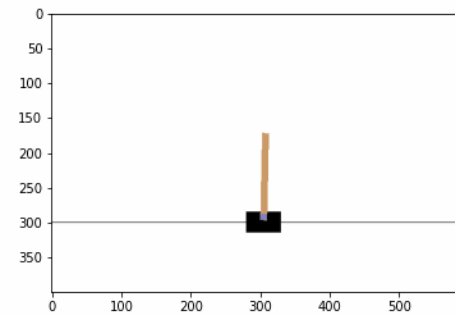
山田研究室 JP

研究紹介 研究業績 メンバー 人材募集 アクセス

東北大学  
山田研究室

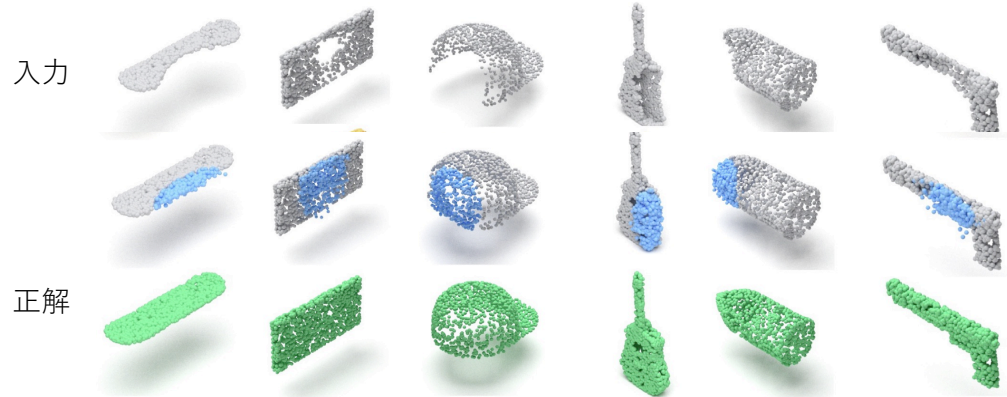
未踏スケールデータアナリティクスセンター  
情報科学研究科

The screenshot shows a website for the Yamada Lab. It features a yellow background with several illustrations of cats in various activities: one jumping, one eating, one sitting on a chair, one playing a game, and one sitting on a bed. The text includes the lab name, navigation links, and affiliation with Tohoku University.

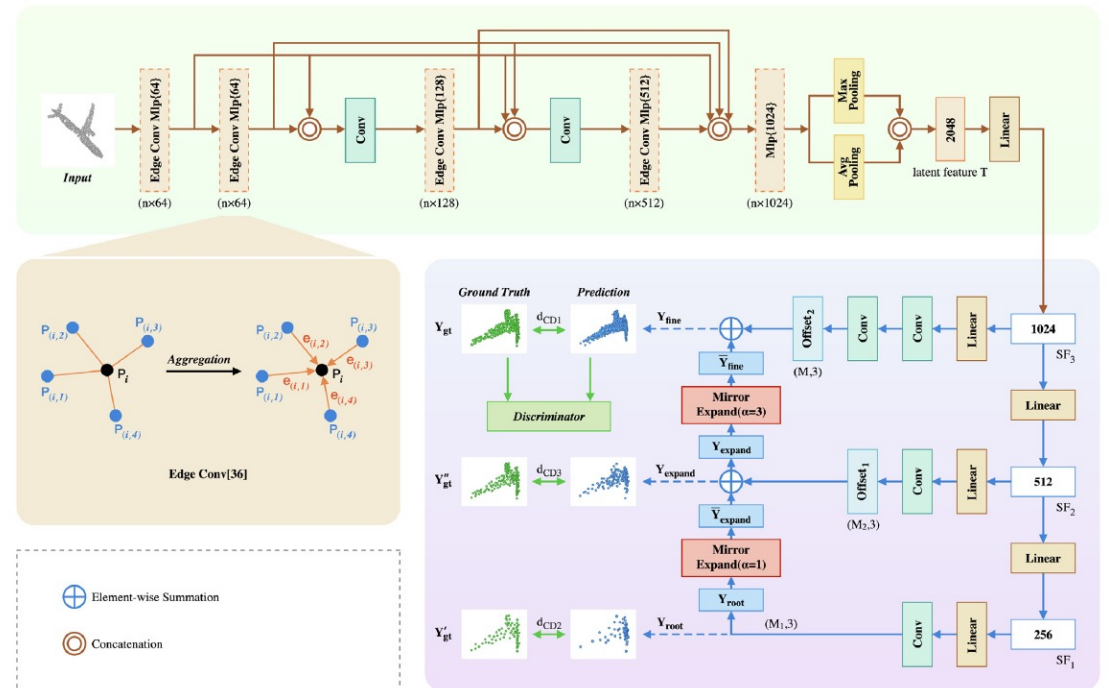


<https://yamada-lab.gr.jp/>

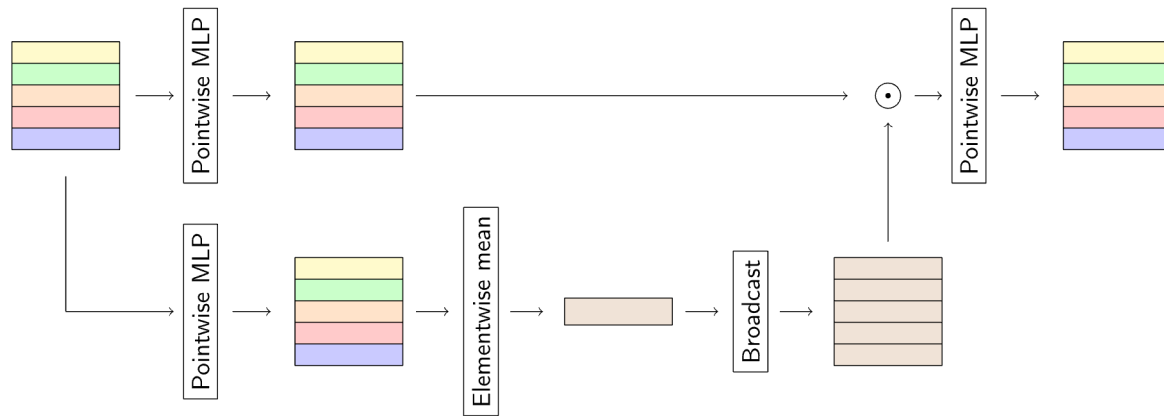
人工知能ブーム以来、画像、自然言語等様々なタイプのデータが機械学習の解析の対象となったが、3次元データも重要な解析対象。高性能な3次元点群の補完の手法を開発した研究。



より正確な3次元点群の取得を補助する方法。



アテンション機構という文字列の文脈を把握する方法が実は all you need ではないのでは？という動きがあって (MLP-Mixer, gMLP), 同じくアテンションを用いずに高速に文脈把握をする方法を開発した研究.

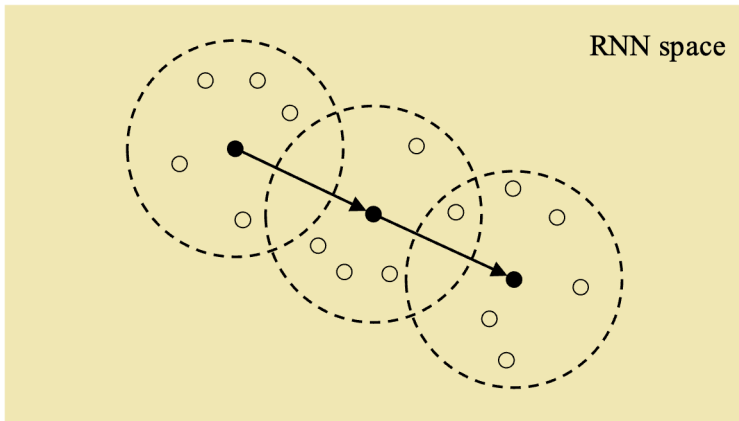


Method	IMDb		Reuters		WikiText-103	
	Total time	Time / epoch	Total time	Time / epoch	Total time	Time / epoch
<i>Parameter size: 64</i>						
Baseline	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a
Attention	316	15.3	952	4.35	44100	1100
	13.8	0.0108	111	0.00920	1600	1.73
Linear	64.1	2.14	233	0.720	<b>1265</b>	65.9
	5.92	0.00656	50.8	0.00213	85.19	3.80
Relation	<b>32.9</b>	<b>1.73</b>	<b>145</b>	<b>0.579</b>	1409	<b>50.3</b>
	0.103	0.00543	10.9	0.00727	34.8	1.24
<i>Parameter size: 128</i>						
Baseline	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a
Attention	347	17.2	563	4.93	44200	1210
	7.69	0.00800	29.0	0.00650	1370	1.68
Linear	107	3.73	172	1.27	<b>2050</b>	108
	3.04	0.0554	13.4	0.00249	67.6	3.56
Relation	<b>54.1</b>	<b>2.85</b>	<b>115</b>	<b>0.971</b>	2080	<b>81.1</b>
	0.352	0.0185	7.07	0.0152	59.0	2.97
<i>Parameter size: 256</i>						
Baseline	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a
Attention	431	22.2	445	5.65	51000	1540
	11.7	0.0539	14.2	0.0360	1110	1.58
Linear	166	6.12	190	2.09	3520	185
	13.1	0.00934	9.36	0.0112	69.6	3.66
Relation	<b>86.1</b>	<b>4.53</b>	<b>134</b>	<b>1.59</b>	<b>3400</b>	<b>137</b>
	0.0957	0.00505	3.89	0.0300	107	2.88

Relation is an option for processing context information, *Frontiers in Artificial Intelligence*, 2022.



文字列を処理するためのニューラルネットワークである再帰型ニューラルネットワークのパラメータサイズを小さくした新型を作った研究.



ランダムな変数の組み合わせから良い再帰型ニューラルネットワークを探した.

**LSTM**

$$v_1 = \sigma(W_{1a}u_t + W_{1b}h_{t-1} + b_1)$$

$$v_2 = \sigma(W_{2a}u_t + W_{2b}h_{t-1} + b_2)$$

$$v_3 = \sigma(W_{3a}u_t + W_{3b}h_{t-1} + b_3)$$

$$v_4 = \tau(W_{4a}u_t + W_{4b}h_{t-1} + b_4)$$

$$s_t = v_1 \odot v_4 + v_2 \odot s_{t-1}$$

$$h_t = v_3 \odot \tau(s_t)$$

**S-LSTM**

$$v_1 = \sigma(W_{1a}u_t + W_{1b}h_{t-1} + b_1)$$

$$v_2 = \tau(W_{2a}u_t + W_{2b}h_{t-1} + b_2)$$

$$s_t = (1 - v_1) \odot v_2 + v_1 \odot s_{t-1}$$

$$h_t = \tau(s_t)$$

**GRU**

$$v_1 = \sigma(W_{1a}u_t + W_{1b}h_{t-1} + b_1)$$

$$v_2 = \sigma(W_{2a}u_t + W_{2b}h_{t-1} + b_2)$$

$$v_3 = \tau(W_{3a}u_t + W_{3b}(v_2 \odot h_{t-1}) + b_3)$$

$$h_t = (1 - v_1) \odot h_{t-1} + v_1 \odot v_3$$

**MGU**

$$v_1 = \sigma(W_{1a}u_t + W_{1b}h_{t-1} + b_1)$$

$$v_2 = \tau(W_{2a}u_t + W_{2b}(v_1 \odot h_{t-1}) + b_2)$$

$$h_t = (1 - v_1) \odot h_{t-1} + v_1 \odot v_2$$

**YamRNN**

$$v_1 = \sigma(W_{1a}u_t + W_{1b}h_{t-1} + b_1)$$

$$v_2 = \tau(W_2u_t + b_2)$$

$$h_t = (1 - v_2)^2 - (h_{t-1} + v_2^2) \odot v_1$$

生命科学分野においてある生物の文字列と別の文字列を揃えることはとても意義深い。MAFFTは元々は2002年に加藤和貴によって作られた3本以上の生物学的文字列をFFTを用いて揃える方法。

## MAFFT version 7

Multiple alignment program for amino acid or nucleotide sequences

### Download version

[Mac OS X](#)  
[Windows](#)  
[Linux](#)  
[Source](#)

### Online version

**Alignment**  
[mafft --add](#)  
[Merge](#)  
[Phylogeny](#)  
[Rough tree](#)

### Merits / limitations

[Algorithms](#)  
[Tips](#)  
[Benchmarks](#)  
[Feedback](#)

[Follow](#)

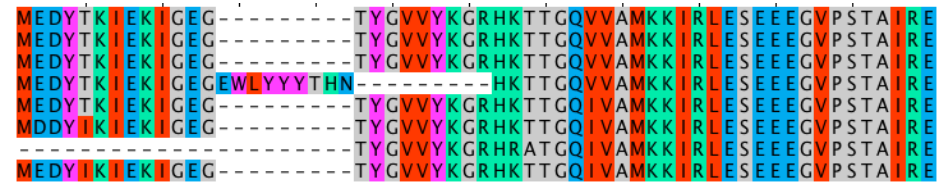
This service was unavailable due to scheduled maintenance, 7:00 - 21:00, Feb. 20, 2022, JST.  
Hardware was upgraded, Jan 16, 2022. There should be no change in user interface. If you notice a problem, please report it.  
**To avoid overload, try [a light-weight option](#), for MSA of large data.**  
For a large number of short sequences, try [an experimental service](#).

[Experimental service for aligning raw reads \(2019/Aug\)](#)

Multiple sequence alignment and NJ / UPGMA phylogeny

**Input:**  
Paste protein or DNA sequences in fasta format. [Example](#)

MAFFT original website (<https://mafft.cbrc.jp/>)



8本の生物学的文字列の整列

全科学分野において歴史上、最も引用された論文トップ10位以内のClustalシリーズより単年度引用数が多い。以下の3本の論文の引用数は4800回。

- MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization, Briefings in *Bioinformatics*, 2019
- Parallelization of MAFFT for large-scale multiple sequence alignments, *Bioinformatics*, 2018
- Application of the MAFFT sequence alignment program to large data - re-examination of the usefulness of chained guide trees, *Bioinformatics*, 2016



TOHOKU  
UNIVERSITY

# ソーシャルインテグ レーション活動の紹介

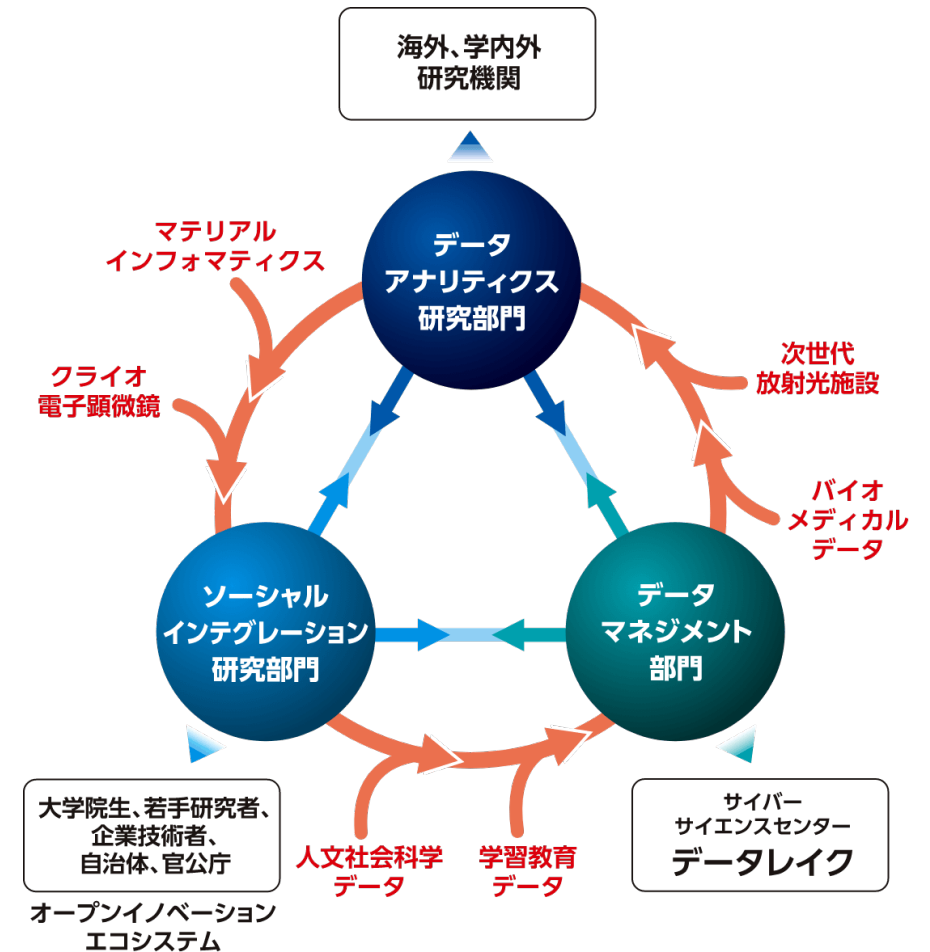
教授 山田和載

- ソーシャルインテグレーション研究部門とは.
- ソーシャルインテグレーション研究部門で取り組む人材育成.
- 学内外アカデミア研究者，ベンチャー企業，伝統的な企業の協働による新たな価値の創生.

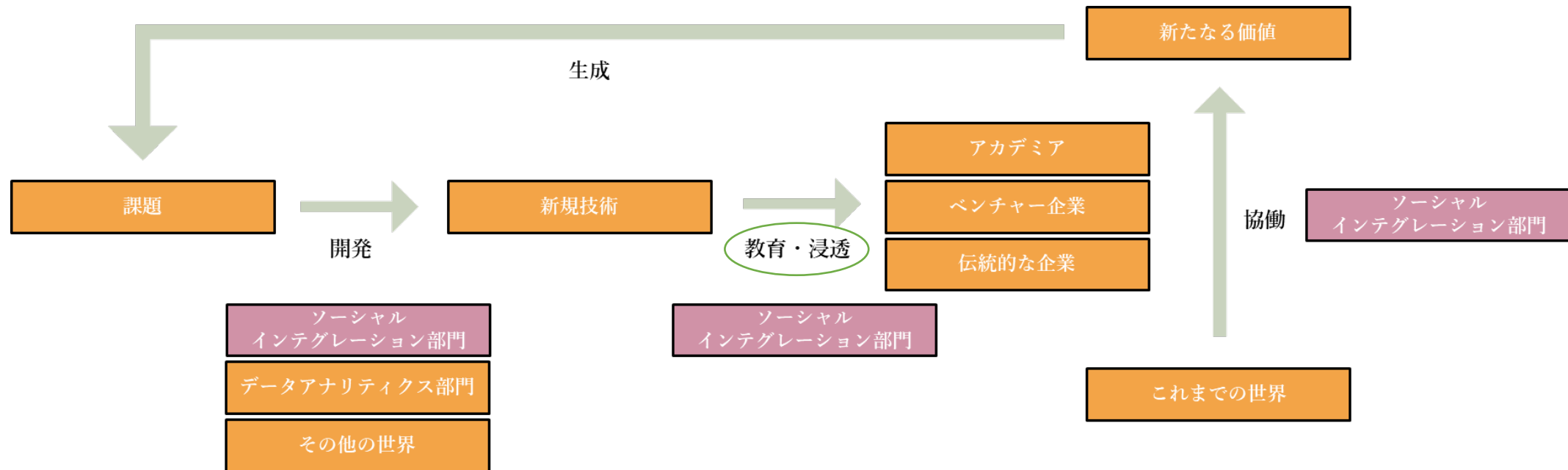


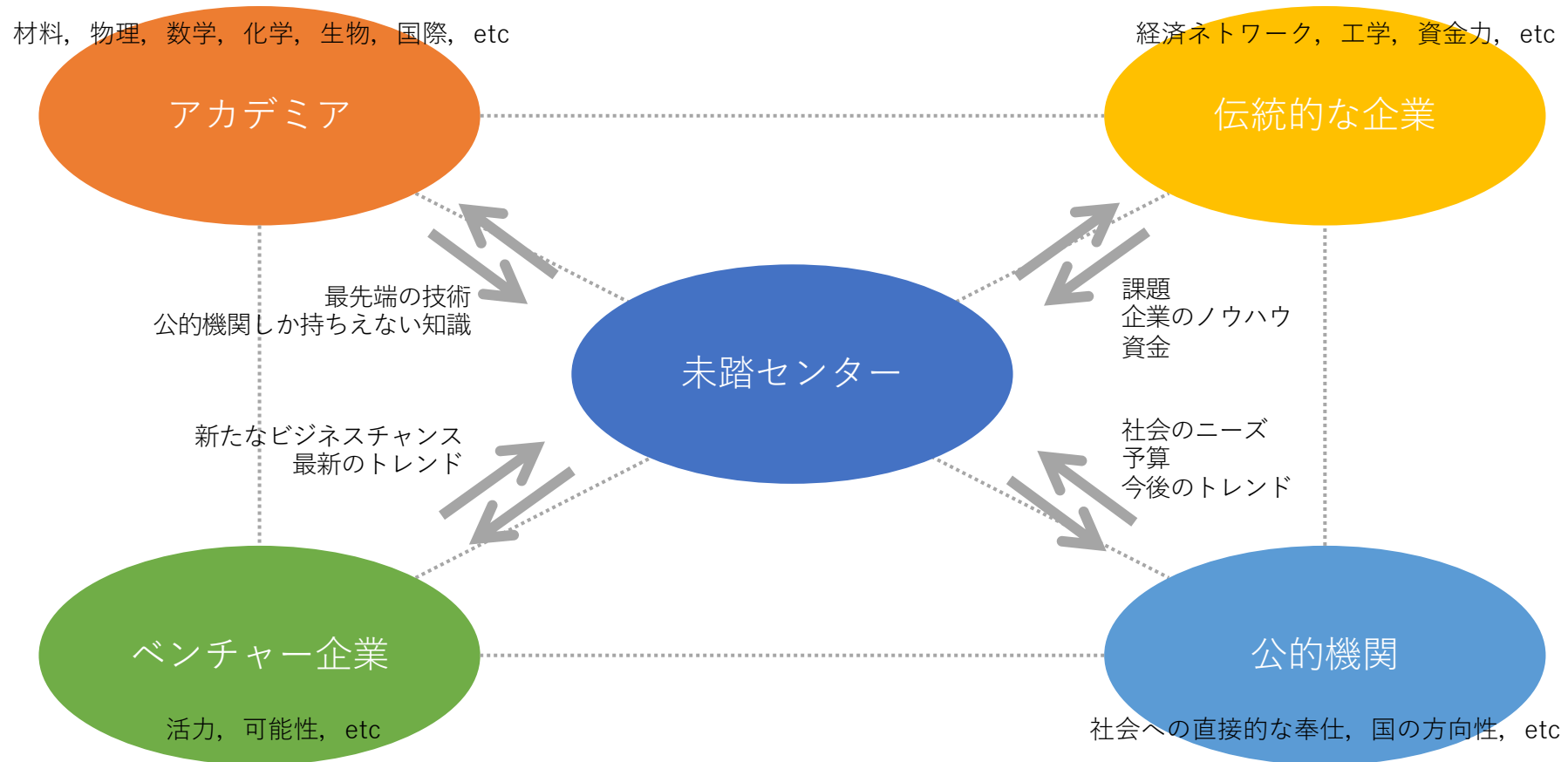
ソーシャルインテグレーション研究部門は、現在までに3つの部門からなる未踏センターの1部門。  
ミッションは以下の3（1）点。

- 未踏スケールデータを解析する新たな技術を開発する（未踏各研究室のミッション）。
- 新たな解析技術を社会に浸透させる。
- 技術を習得させた企業や研究者による協働によってもたらされる新たな価値の創造を支援する。

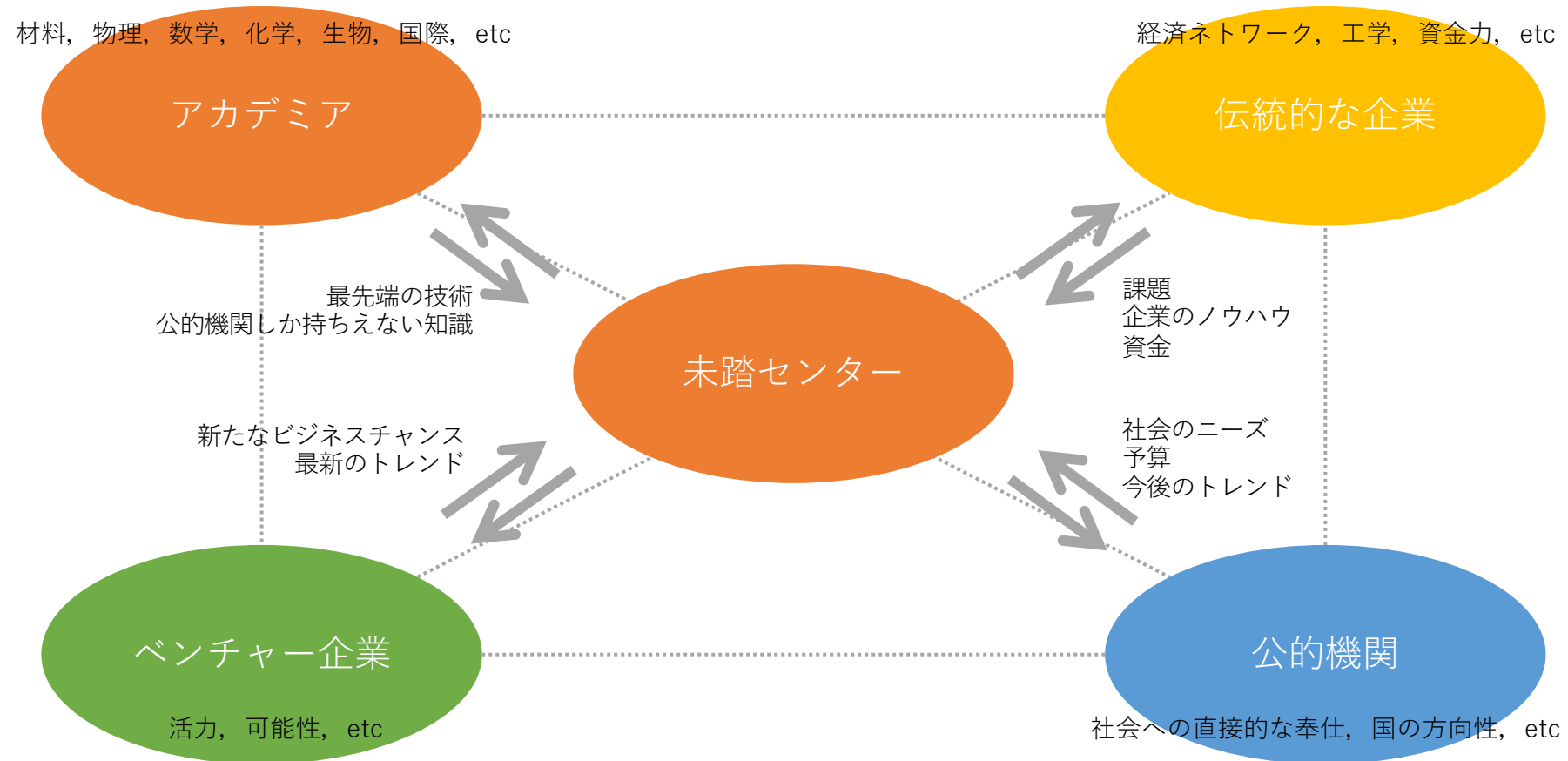


ソーシャルインテグレーション研究部門のミッションのひとつは開発した解析手法や、日々開発され続ける新たな解析手法を社会に浸透させること。

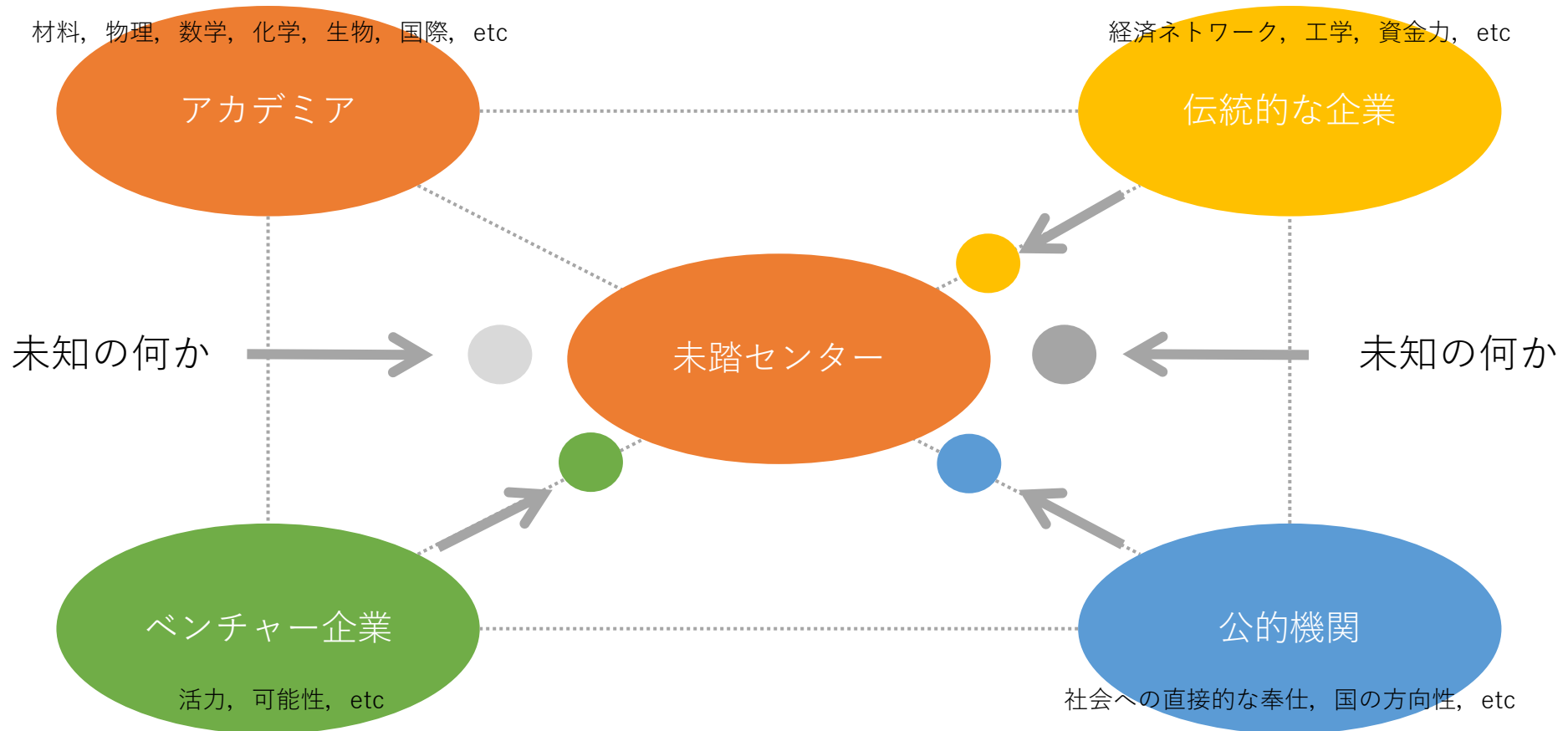




未踏センターを中心に（中心でなくてもいい）産官学を連携させ新たな価値（金と知）を創造する。

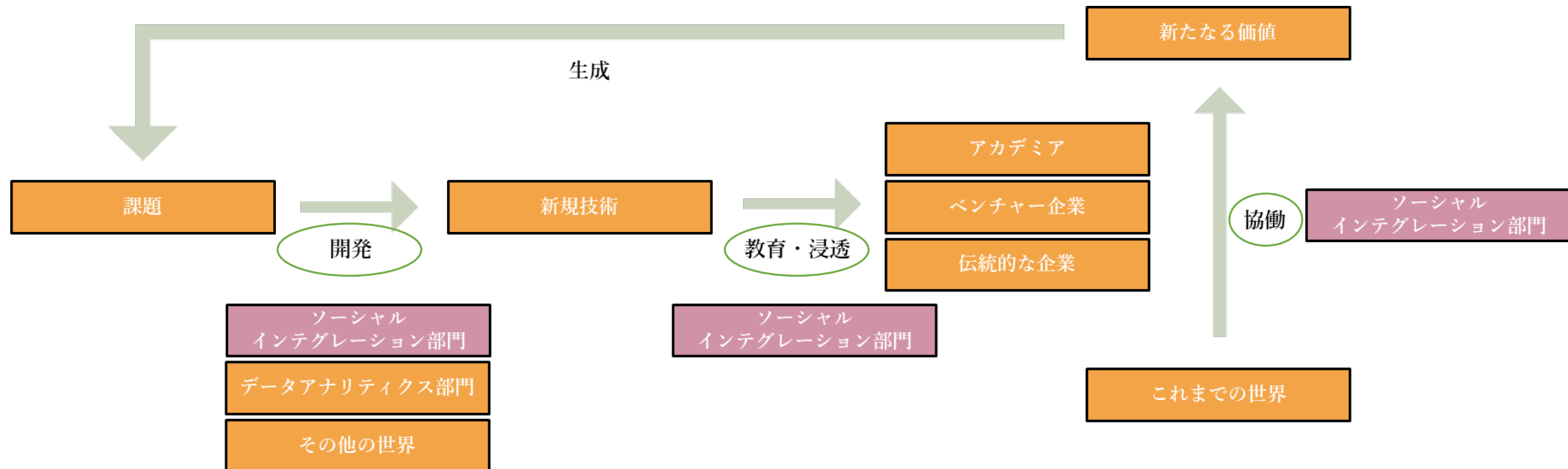






様々なフィールドから人・モノ・金を集めて役割を果たしたい。

そのために今（アカデミアの）我々がすべきこと（できること）はビジネス界限，公的機関の動向，社会のニーズに他の学内組織よりも大きなアンテナを張りながら以下の部分。



## Senior Domain Specialist with AIMD

### データ科学国際共同大学院プログラム

- 情報科学研究科が6研究科と連携して提供する、留学生と日本人学生のための双方向・分野横断的な学習環境
- 実世界のビッグデータを用いて取組むプロジェクト遂行型学習 (PBL)
- 6カ月あるいはそれ以上海外の研究機関に滞在して行う国際共同研究

情報科学研究科および連携する大学院群

## Leading Researcher with Advanced AIMD

- サイズ、分解能、モダリティの点で「未踏スケールのデータ」に基づくデータ科学を学び、研究を行う機会を提供
- アナリスト、ビジネスエキスパートとユニットを形成し、協力し合って課題解決を行なうことで、データ科学の現状とその利活用の仕方を理解する

未踏スケールデータアナリティクスセンター

スーパー研究者の養成

## AIMD for All

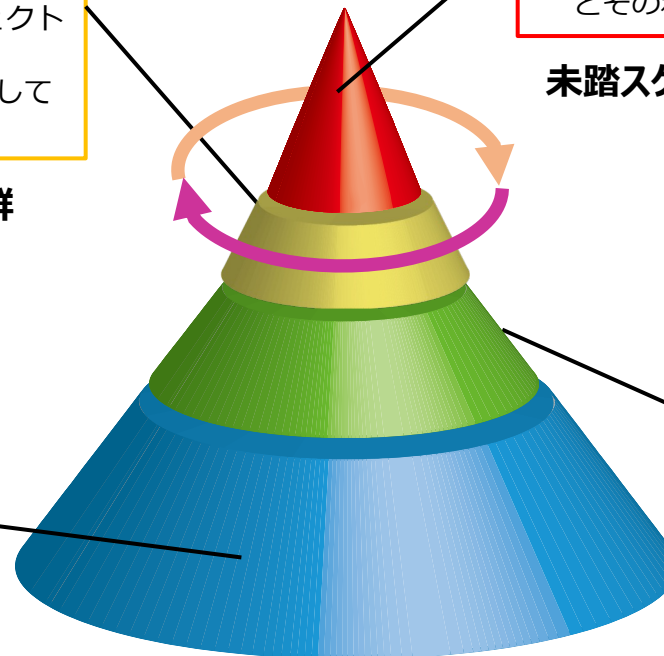
- 全ての新生に向けてAIMDリテラシ教育を実施 (2,500名).
- AIMDの先端的なテーマを学び、現在進行中の研究とその最前線を知る機会を提供することで、学生のモチベーションを高める独自のコース

全学教育

## Domain Specialists with AIMD

- 理工学系、人文系など、学生の専門性に応じたAIMD関連の講義を実施
- 学部生には、専門知識とAIMDスキルのダブルメジャー取得を強く推奨

各学部、学科



- 未踏センターと関りが深い情報科学研究科のデータ科学国際共同大学院にて研究者の卵へのデータ科学研究は担っており、また、兄弟センターであるデータ駆動・AI教育センターでは全学教育を担っており、それらと協調効果を高めるため、未踏センターで特に教育を施したいのは各研究ドメインで活躍している現役の研究者。
- 各ドメインで活躍する研究者にデータ科学を浸透させ、スーパー研究者を育成したい。



なぜ研究者にデータ科学教育を？

A: 今後データ科学はリテラシー化するから（データ科学はデータサイエンティストなるものだけの学問ではない）。

生命科学研究者がデータ科学を学ぶ必要ある？データサイエンティストと協力すれば良いのでは？

A. 明確にNO

「理論〇〇学者」以外に「理論学者」とか存在する？（理論物理，実験物理，計算物理学者はいる）  
データ科学は科学のひとつ。各ドメインに各科学的アプローチをする研究者がいるべき（いないと深い研究は無理）。

社会人学び直しは学生時代に勉強してこなかった人がやるんでしょう？

A. 明確にNO

データ科学は（かつてから様々な解析手法は別個に存在していたもののあるものの）近年体系的にまとめられつつある学問（多分まだまとまっていない）。

大学において今データ科学教育を行うことは有意義。

様々な研究分野で活躍する研究者（大学院学生，アカデミア研究者，企業研究者）でデータ科学をこれまでに利用していない人を対象にしたデータ科学の講習会。12月から2か月をかけて22人に。  
（数理・データサイエンス・AI 教育強化拠点コンソーシアムとメガバンク木下賢吾先生と共催）

- ①データ科学と機械学習
- ②Pythonの基本的な使用方法
- ③Pythonの発展的な使用方法
- ④教師あり学習法
- ⑤教師なし学習法
- ⑥TensorFlowの基本的な利用方法
- ⑦多層パーセプトロン
- ⑧再帰型ニューラルネットワーク
- ⑨アテンションネットワーク
- ⑩Hugging Faceの利用方法
- ⑪敵対的生成ネットワーク
- ⑫強化学習法



Search this book...

データ科学を学ぶにあたって

1. 機械学習とその周辺事項

プログラミングの基礎

2. Pythonの基本的な使用方法

3. Pythonの発展的な使用方法

SCIKIT-LEARN を利用した機械学習

4. 教師あり学習法

5. 教師なし学習法

深層学習

6. TensorFlowの基本的な利用方法

7. 多層パーセプトロン

8. 再帰型ニューラルネットワーク

9. アテンションネットワーク

10. Hugging Faceの利用方法

11. 敵対的生成ネットワーク

12. 強化学習法

←

はじめに

Made with Python Made with NumPy Made with Matplotlib Made with scikit-learn Made with TensorFlow Open in Colab

この教材について

この教材は未踏スケールデータアナリティクスセンターと創薬等先端技術支援基盤プラットフォーム（Basis for Supporting innovative Drug Discovery and Life Science Research（BINDS））に関連する方向向けに、Pythonの使い方、基本的な機械学習法の実装の仕方、深層学習法の実装の仕方を紹介する教材です。

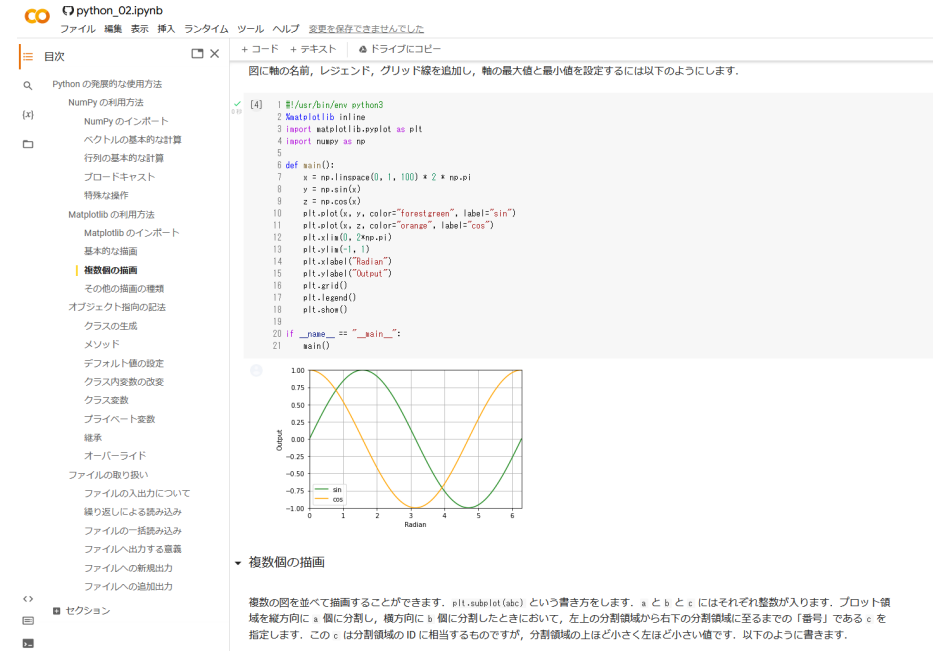
<p><b>対象者</b></p> <p>これからデータ科学を用いた解析技術を身につけたい人。プログラミングの経験、機械学習に関する知識はないことを前提にしています。</p>	<p><b>Python</b></p> <p>プログラミング言語 Python の利用方法を紹介します。Python は機械学習法を実装するための便利なライブラリを有する、データ科学を利用した研究開発に便利な言語です。</p> <pre>#!/usr/bin/env python3 def main():     print("Hello world") if __name__ == "__main__":     main()</pre>
<p>scikit-learn</p>	<p>TensorFlow</p>

<https://udac.tohoku.ac.jp/news/event/136/>

メタバースを利用して話し合いながら実習形式で学ぶ。座学と異なり参加者等とのインタラクションが重要なため、合計24時間の講習にて全学オープンバッジ（紫）を発行。今後さらに発展予定。



学研MetaLife



The image shows a Google Colaboratory notebook interface. The title is 'python\_02.ipynb'. The left sidebar shows a table of contents with sections like 'NumPyの利用方法', 'Matplotlibの利用方法', and '複数個の描画'. The main area shows Python code for plotting sine and cosine waves. The code includes imports for NumPy and Matplotlib, and a function 'main()' that creates a plot with two lines: a green line for 'sin' and an orange line for 'cos'. The plot shows the sine and cosine waves over a range of 0 to 6 radians. The y-axis is labeled 'Output' and ranges from -1.00 to 1.00. The x-axis is labeled 'Radian' and ranges from 0 to 6. Below the plot, there is a section titled '複数個の描画' (Multiple Plots) with text explaining how to use 'plt.subplot()' to create multiple subplots.

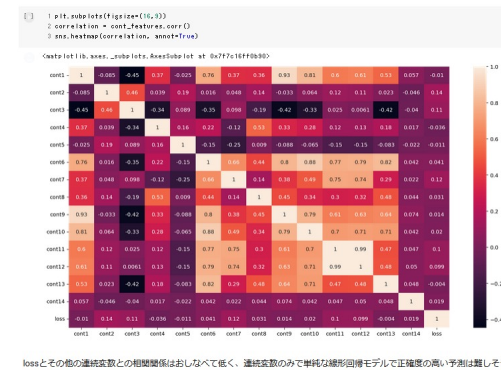
Google Colaboratory

仙台市との共同にてSendai X-Techイノベーションプロジェクトにてリカレント教育講座を開催予定。

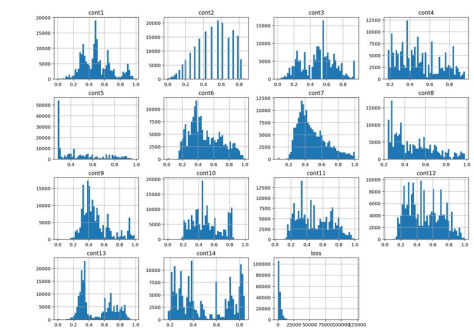
## トレーニング課題

前半と後半でチームを変えながら，前半はベーシックな機械学習，後半は深層学習をやる．Kaggle の問題を利用．

用いたデータ：家屋の値段を予測する構造化されていて固定長の行列形式になっているデータ，ツイッターデータから，そのツイートが災害に関するものかどうかを予測するもの．  
(前回参加者30名)



lossとその他の連続変数との相関関係はおしなべて低く、連続変数のみで単純な線形回帰モデルで正確度の高い予測は難しそう。



lossのヒストグラムだけ拡大。  
事象の最大値を表しているとすると右アンチ分布か？  
- 発生率は、発生したときの最大値とは違うが、...  
- 最大事象が起こる確率 (λ) はそれなりに小さいので、同様になるか？

これまでの経験から、データ科学教育には OJT が効果的であると確信を得ており、長期間にわたる PBL を行いたい。よって、授業ではなくて課外活動として「放課後Kaggleクラブ」を企画中。

kaggle

**かぐるやろうぜ!**  
**出てこいや!**

場所：青葉山末踏センター

日時：いつでも

顧問：**山田 志尊**

Google Colab Pro+ アカウント支給

重い計算したい場合はクラスタマシン貸し出し



学内外からデータ科学を利用した研究を行っている研究者や方法論の開発研究を行っている研究者を招待しセミナーを開催中。今後も月1回のペースで継続予定。

第1回 五十嵐康彦先生（筑波大）

第2回 土方敦司先生（東京薬科大）

第3回 鈴木潤先生（東北大），千葉直也先生（オムロン・早大）

第1回 UDAC セミナー

スパースモデリングによる放射光データ解析への展開

2022 11/8 (TUE) 16:30-18:30  
ハイブリット (対面+オンライン) 開催

会場 東北大学青葉山キャンパス レジリエント社会構築イノベーションセンター 大会議室 (306)

講師 五十嵐康彦 筑波大学システム情報系 准教授

対象者 データ科学に興味のある大学院生・教職員 (GP-DS 及び AIQDS の受講生を含む)

本講演では、計測インフォマティクスの特徴的なアプローチの一つであるスパースモデリングによる放射光データ解析への展開について講演する。スパースモデリングは、大量の高次元データから定量的なしにそのデータの背後にある仮説 (モデル) を系統的に導くデータ解析を可能にし、応用が盛んでいる材料学・機械学習の枠組みである。このスパースモデリングを用いることで、ブラックホールの直接観測などの計測インフォマティクスへの展開が進んでいる。本講演では、この基礎技術を用いることで、広域 X 線吸収線構造 (EXAFS) の解析と三次元走査型光電子顕微鏡 (3Dnano-ESCA) による顕微分光画像の超解像解析について述べる。最後に、今後の計測インフォマティクスによる物質材料開発への展開について紹介できればと思っている。

申し込み 研修コードまたは下記WEBサイトよりお申し込みください。  
<https://forms.gle/McCRmboLEwE0Jx7F>

お問い合わせ 事務局メール データアナリティクスセンター 教務室宛  
mailto:smgs-d4@tohoku.ac.jp

申込受付 11/3 (THU)

東北大学 東北大学附属スケールデータアナリティクスセンター  
UDAC (Department of Data Analytics Center, Tohoku University) <https://udac-tohoku.ac.jp>

第2回 UDAC セミナー

ゲノムバリエントと表現型との関係を分子構造情報でつなぐデータサイエンス

2022 12/9 (FRI) 16:30-18:30  
ハイブリット (対面+オンライン) 開催

会場 東北大学青葉山キャンパス レジリエント社会構築イノベーションセンター 大会議室 (306)

講師 土方敦司 東京薬科大学 准教授

対象者 データ科学に興味のある大学院生・教職員 (GP-DS 及び AIQDS の受講生を含む)

近年のゲノム塩基配列解析技術の飛躍的な向上によって、個人レベルでのゲノム配列情報が急速に蓄積しており、大規模ゲノムデータは、ゲノム医療など個人の健康や効果的な医薬品の開発などに活用が期待されている。しかしながら、ゲノムに書き込まれた情報の全てを理解したとは言えない。例えば、個人ゲノム間の差異がどのような表現型と結びついているのかを説明することは難しい場合が多い。本講演では、我々がこれまでに行ってきた、タンパク質の高次元の分子構造データに基づく遺伝子疾患関連バリエントによる疾患発症の分子メカニズムの理解を目指した研究の紹介をすることで、ゲノムバリエントの情報と個人の表現型とをどのように結びつけていくのかについても議論したい。

申し込み 研修コードまたは下記WEBサイトよりお申し込みください。  
<https://forms.gle/NVeiVK3ZXXF7dW446>

お問い合わせ 事務局メール データアナリティクスセンター 教授 山田和隆  
yamada@tohoku.ac.jp

申込受付 12/8 (THU)

東北大学 東北大学附属スケールデータアナリティクスセンター  
UDAC (Department of Data Analytics Center, Tohoku University) <https://udac-tohoku.ac.jp>

情報科学研究科，生命科学研究科，経済学研究科，工学研究科，医学系研究科，理学研究科の6研究科にて行うデータ科学の教育プログラムであるデータ科学国際共同大学院では様々なデータ科学教育の教材を開発しているがこれと協力，データ科学では他分野への横展開を担当。

## データ科学基礎

## データ科学トレーニングキャンプI



### ニュース

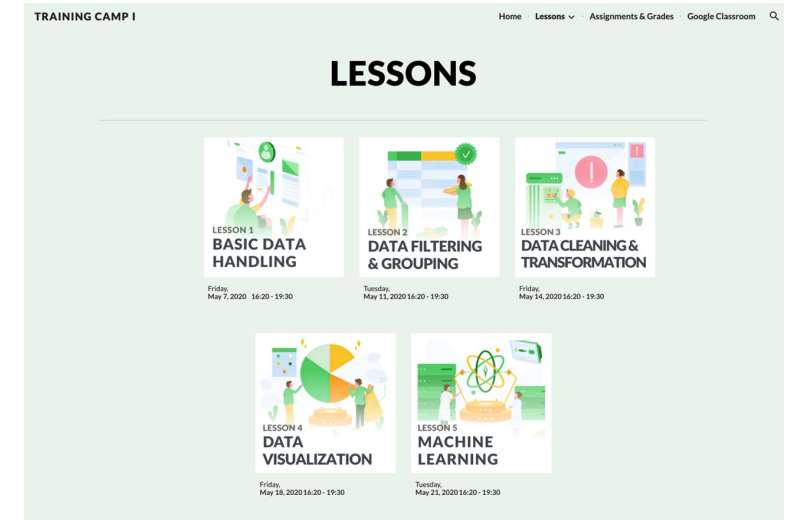
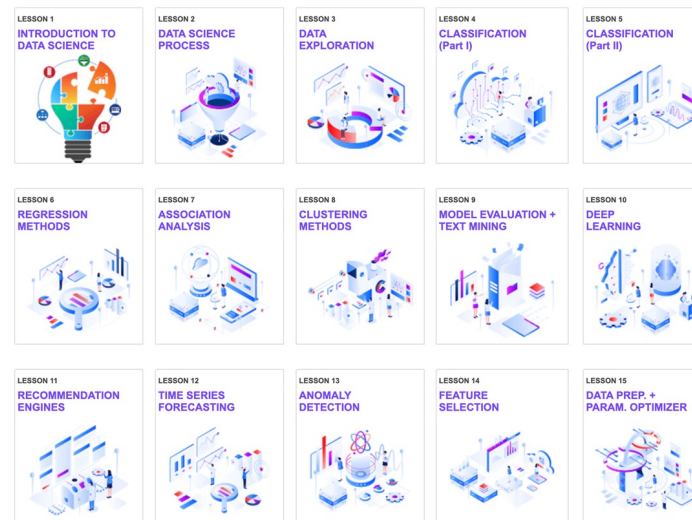
2022.07.01  
令和4年10月期募集要項を公開しました。

2022.03.17  
令和4年4月期募集の合格発表表について。

### イベント

2018.02.22  
データ科学国際共同大学院キックオフシンポジウム開催

2017.11.21  
平成30年4月期募集プログラム説明会開催

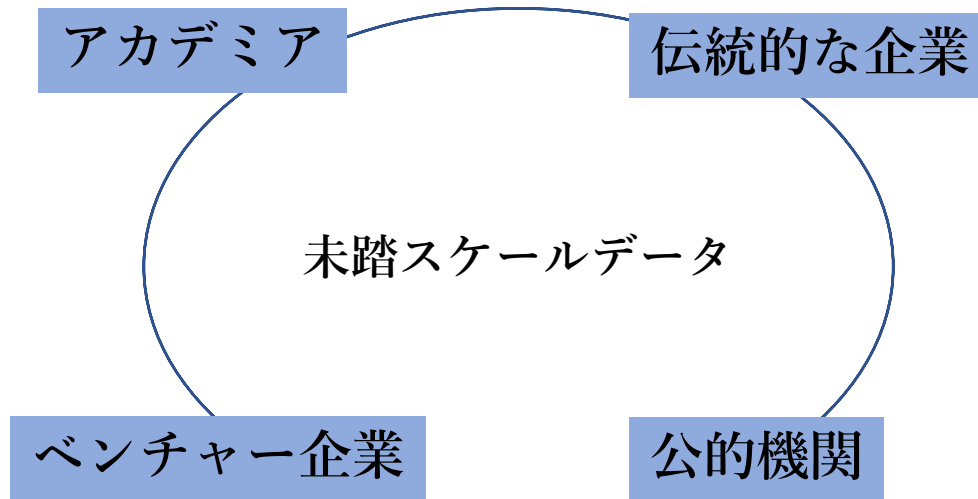


gp-ds.tohoku.ac.jp

ソーシャルインテグレーション研究部門を通じて未踏センターが実現したいことのひとつは、未踏スケールデータの解析を行う研究者らを協働させること。

色々な研究者に参加してほしい  
色々なドメインの研究者を教育したい

アカデミアの人材と共同研究  
してほしい



未踏センターを介して  
大きくなってほしい

課題を出してほしい  
予算を分配してほしい



未踏センターをよろしくお願いします。