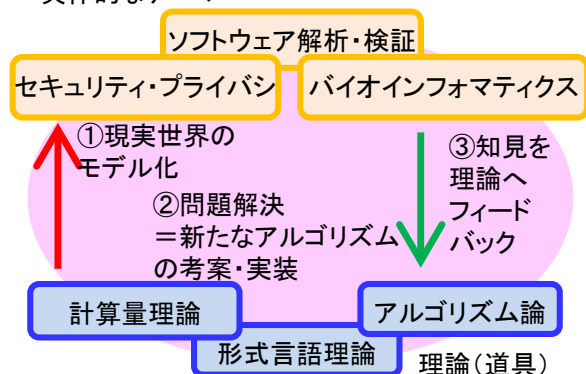


■ 研究室概要

本研究室は2013年4月に創設されました。情報科学ではこれまでに多くの理論的な知見が得られていますが、その成果を現実世界の問題に応用するためには、時代の最先端において何が問題になっているのかを見抜く鋭い洞察力が必要になります。本研究室では、アルゴリズム理論、形式言語理論、計算量理論などをバックグラウンドとし、現実世界における様々な問題の本質的な部分を解決する、斬新な技術の研究・開発に取り組んでいます。

具体的なテーマ



■ 主な研究分野

➤ 言語ベースセキュリティ・プライバシー

言語理論の知見をソフトウェアの信頼性向上、特にセキュリティに応用する研究を行ってきました。例を二つ紹介します。現在、ネットワークからダウンロードしたプログラムを手元の計算機上で実行するというのが日常的に行われていますが、それらの中には悪意あるコードが含まれている可能性があります。JDK 等の実行時環境では、そのようなコードから情報を保護するためのアクセス制御機能が提供されています。しかし、アクセス制御をプログラムのどの部分でどのように行うのかは設計者の直観に委ねられています。そこで私達は、アクセス制御を含むプログラムが本当に安全かを検証する方法や、セキュリティ要求を満たすようにアクセス制御をプログラムに自動挿入する手法を提案し、ツールを実装してその有効性の評価も行ってきました。

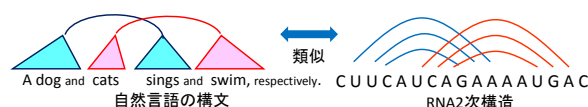
また、共同研究者と協力し、XML 文書変換の情報保存性や、XML データベースへの推論攻撃に対するセキュリティ耐性の研究を行っています。最近、k-匿名性、量的情報流、差分プライバシーなど、セキュリティ強度・プライバシー保全の度合を計る新しい概念が提案されていますが、今後はこれらの概念を考慮に入れた研究を行いたいと考えています。

➤ 形式言語理論とその応用

コンピューターを用いたゲノムワイドなDNAおよびRNA配列情報解析のための高速アルゴリズムの開発などを行ってきました。多重文脈自由文法(MCFG)という文法を提案しその諸性質を解明してきました。MCFGの生成能力は文脈自由文法(CFG)よりも大きく文脈規定文法(CSG)よりも小さいこと、多項式時間構文解析可能性や言語演算に対する閉包性など、CFG のよい性質を受け継いでいることがわかっています。

さて、DNA、RNAといったいわゆる生物配列の機能の解明にはその立体構造を知ることが必須だといわれています。しかし、分子生物学における実験データは膨大で誤差も含まれており、それらから有意な情報を効率よく抽出するには優れたアルゴリズム設計が必要です。今風にいうと典型的なビッグデータ解析の問題です。RNA にはシュードノットとよばれる重要な部分構造が含まれますが、これはCFG では表現できないけれどMCFGを使えば自然に表現できることがわかっています。そこで、MCFGの構文解析法を利用して、RNAの2次構造予測アルゴリズムを開発しツールの実装も行いました。

現在、奈良先端大やフィリピン・マニラアテネオ大と共同で微細藻類の分子生物学的機能の解明とその産業応用のための国際共同研究を立ち上げています。



■ 共同研究・社会活動など

- 科学研究費補助金 研究代表者:基盤(B)×1 (平成23-26年)、研究分担者:基盤(B)×1 (平成23-26年)
- 主な共同研究者
 - 橋本健二(本学坂部・酒井研助教)
 - 小川瑞史(北陸先端科学技術大学院大学教授)
 - 楯勇一(奈良先端科学技術大学院大学准教授)
- 国際集会
 - International Workshop on Tree Automata and Tree Transducers 創設 (2012)
 - 12th Meeting on Mathematics, 共同委員長 (2011)
 - ATVA, プログラム委員 (2007, 2008, 2010, 2013) 他
- 受賞
 - 日本ソフトウェア科学会 第4回解説論文賞受賞
 - 平成24年度電子情報通信学会ソフトウェアサイエンス研究会研究奨励賞受賞(筆頭著者の学生)
 - ICCGI 2011 Best Paper Award
- 最近の研究成果
 - C. Phonharath, K. Hashimoto and H. Seki, Deciding Schema k-Secrecy for XML Databases, IEICE Transactions on Information and Systems, E96-D (6), 1268-1277, 2013.
 - K. Hashimoto, R. Sawada, Y. Ishihara, H. Seki and T. Fujiwara, Determinacy and Subsumption for Single-Valued Bottom-Up Tree Transducers, 7th International Conference on Language and Automata Theory and Applications (LATA 2013), LNCS 7810, 335-346.
 - R. Mejia, Y. Kaji and H. Seki, Low-density Parity Check Codes for High-Density 2D Barcode Symbology, Sixth International Multi-Conference on Computing in the Global Information Technology (ICCGI 2011). (Best Paper Award)
 - N. Mizoguchi, Y. Kato and H. Seki, A Grammar-Based Approach to RNA Pseudoknotted Structure Prediction for Aligned Sequences, 1st IEEE International Conference on Computational Advances in Bio and medical Sciences (ICCABS 2011), 135-140.