会場	時間	姓	名	所属	演題	カテゴリ	ポスター発表番号
B	16:30:00	沼倉	健介	P5株式会社	dbsnp-pg: Local copy of dbSNP on PostgreSQL	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-25
B	16:31:45	小堀	峻吾	沖縄科学技術大学院大学	NGSによるRNAスイッチの開発と網羅的解析	7. NGS関連手法・応用技術開発	7-24
B	16:33:30	若江	亨祥	金沢大学大学院医薬保健学総合研究科　分子遺伝学	APOBEC3は子宮頸部異形成細胞のミトコンドリアDNAにhypermutationを導入する	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-24
B	16:35:15	井上	晃一	タカラバイオ(株)営業企画部	"SMARTer NGS"のご紹介。弊社展示ブースで豪華賞品を当てよう(一等賞はNGS関連製品)！！	0. 企業	ランチョンセミナーA2, A1-1, 展示2小間
B	16:37:00	飯郷	雅之	宇都宮大学農学部応用生命化学科生物有機化学研究室	アユ*Plecoglossu altivelis altivelis*のEco Evo Devo解明を目指した NGS解析	4. 農林水産・産業活用	4-3
B	16:38:45	岩山	幸治	龍谷大学食と農の総合研究所	機械学習によるリード数の少ないRNA-Seqからの遺伝子発現推定	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-38
B	16:40:30	岡野	邦宏	秋田県立大学生物資源科学部生態工学研究室	MiSeq Nano Kitで追いかける湖沼のマイクロビオームダイナミックス	5. 微生物・メタゲノム	5-25
B	16:42:15	高野	幸太	株式会社アイソブラ	システム開発会社として"CancerMoonshot"を考える	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-2
B	16:44:00	細谷	将	東京大学大学院農学生命科学研究科附属水産実験所	SNPチップが高額すぎるのでアンプリコンシーケンスでジェノタイピングしました	4. 農林水産・産業活用	4-23
B	16:45:45	水野	聖士	東北大学東北メディカル・メガバンク機構医療情報ICT部門バイオクリニカル分野	妊娠高血圧症候群の早期診断支援のための機械学習とゲノム情報の利活用	1. ヒト疾患・医療	1-9
B	16:47:30	大崎	研	トミーデジタルバイオロジー株式会社　パシフィックバイオサイエンス事業部	つなげてみよう！　あなたのコンティグ　－ Taking Genome Assembly to Chromosome Scale	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-45
B	16:49:15	山本	剛	埼玉県立がんセンター	NGSを用いたマイクロサテライト不安定性検査とリンチ症候群の診断	1. ヒト疾患・医療	1-2
B	16:51:00	吹田	直政	小野薬品工業株式会社	GWASを活用した創薬標的と適応疾患候補を関連付けるデータベースの構築	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-38
B	16:52:45	青木	裕一	東北大学 東北メディカル・メガバンク機構	NGSデータを用いた遺伝子転写制御機構の進化解析	3. 基礎研究・オミックス、エピゲノム	3-15
B	16:54:30	Li	Xinrui	ノヴォジェン㈱	Leading Edge Genomic Services & Solutions	0. 企業	展示1小間
B	16:56:15	小舘	俊	東北大学 大学院情報科学研究科 応用情報科学専攻 生命情報システム科学分野	Bioinfo Comics: NGS関連知識の普及を目指した解析工程の漫画化	8. その他	8-1
B	17:00:00	斎藤	賢治	株式会社キアゲン アプライドドバンストゲノミクス	CLC Microbial Genomics Module を用いたメタゲノム解析	7. NGS関連手法・応用技術開発	7-5
B	17:01:45	宮本	真理	㈱オックスフォード・ナノポアテクノロジーズ	小さくても頼もしい。いつでもどこでもMinION	0. 企業	モーニング教育セッションC2、展示1小間
B	17:03:30	福村	龍太郎	国立研究開発法人理化学研究所 BRC新規変異マウス研究開発チーム	WGSを用いた近交系マウスC57BL/6JJclに生じる自然突然変異/SNV検出と公開	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-9
B	17:05:15	新谷	諒	タカラバイオ株式会社　バイオメディカルセンター	ChromiumTM Systemを用いたハプロタイプフェージング解析	7. NGS関連手法・応用技術開発	7-21
B	17:07:00	中川	草	東海大学医学部 分子生命科学	NGSを活用したゲノムに内在化するウイルス由来機能配列の探索	3. 基礎研究・オミックス、エピゲノム	3-31
B	17:08:45	親本	隼汰	総合研究大学院大学　生命科学研究科　基礎生物学専攻　生物機能解析センター　生物機能情報分析室	プラナリアにおける有性化機構の解明	3. 基礎研究・オミックス、エピゲノム	3-5
B	17:10:30	百田	直人	アズワン㈱	発表タイトル：繋がらないContig、足りないスループット、減らないアダプターダイマー、微量化したいサンプル＆試薬、etc.　お困りの方必見！アズワンNGS関連製品のご紹介！	0. 企業	ランチョンセミナーC2
B	17:12:15	佐藤	光彦	九州大学大学院医学研究院細菌学分野	ライブラリ調製キットNextera XTによるシーケンスバイアスと細菌のGC含量の関係	7. NGS関連手法・応用技術開発	7-25
B	17:14:00	山口	勝司	基礎生物学研究所・生物機能解析センター	簡便・迅速・安価なRAD-Seqの手法開発	7. NGS関連手法・応用技術開発	7-33
B	17:15:45	関野	和広	株式会社キアゲン　クリニカルシークエンスビジネス開発マネージャー	Sample to Insight 完結型クリニカルシークエンサー：GeneReader NGS Systemのご紹介	7. NGS関連手法・応用技術開発	7-1
B	17:17:30	川上	竜司	大阪大学免疫学フロンティア研究センター実験免疫学	メタボローム/トランスクリプトーム解析による制御性T細胞(Treg)特異的な低酸素環境応答の解明	3. 基礎研究・オミックス、エピゲノム	3-21
B	17:19:15	露崎	弘毅	理化学研究所 情報基盤センター バイオインフォマティクス研究開発ユニット	超大規模1細胞RNA-Seqデータ解析のためのオンライン型主成分分析法の開発	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-32
B	17:21:00	佐藤	建太	東京大学大学院農学生命科学研究科生物情報工学研究室	BioJulia: 生物学のための高速・軽量なソフトウェア基盤の開発	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-8
B	17:22:45	三澤	計治	東北大学　東北メディカル・メガバンク機構　ゲノム解析部門　ゲノム情報解析室	複数の研究機関が持つゲノムデータを相互に開示せず分析する解析手法を開発	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-27
B	17:24:30	足助	聡一郎	神戸大学大学院農学研究科植物病理学研究室	次世代シーケンサを用いたbulked segregant analysis法によるシコクビエいもち病菌の普通系コムギに対する非病原力遺伝子のマッピング	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-47
B	17:26:15	栗本	優美	東北大学大学院情報科学研究科応用情報科学専攻木下・大林研究室	ゲノム変異に基づく味覚の人種間差の分析	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-48
B	17:30:00	大田	達郎	ライフサイエンス統合データベースセンター	お花見メタゲノム プロジェクト結果報告	5. 微生物・メタゲノム	5-21
B	17:31:45	土橋	映仁	公益財団法人がん研究会がん研究所分子標的病理プロジェクト	Sequence Read Archiveデータの再解析による新たな遺伝子異常の抽出	1. ヒト疾患・医療	1-23
B	17:33:30	井上	寛菜	宇都宮大学大学院農学研究科生物生産科学専攻応用生命化学講座生物有機化学研究室	mRNA-seqによる爬虫類POMC遺伝子の塩基配列決定～POMCの分子進化解明を目指して～	4. 農林水産・産業活用	4-1
B	17:35:15	玉木	聡志	株式会社MOLCURE	人工知能と実験自動化ロボットを統合した次世代創薬プラットフォームの開発	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-40
B	17:37:00	千葉	健一	東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター	がんホットスポットの体細胞変異を検出する方法	7. NGS関連手法・応用技術開発	7-19
B	17:38:45	藤野	健	東京大学大学院 新領域創成科学研究科 メディカル情報生命専攻 笠原研究室	Oxford Nanopore MinIONシークエンサーのエラーパターン解析	7. NGS関連手法・応用技術開発	7-18
B	17:40:30	三浦	尚	理化学研究所 多細胞システム形成研究センター 発生エピジェネティクス研究チーム	単一細胞全ゲノムDNA複製タイミング解析による核内3Dゲノム動態の予測	3. 基礎研究・オミックス、エピゲノム	3-30
B	17:42:15	渡部	涼	㈱ビジコムジャパン	目的のシングルセル/100%純粋な細胞プールのみを回収できる細胞分離装置 "DEPArray(tm) NxT"	0. 企業	展示1小間
B	17:44:00	大槙	仁美	酪農学園大学 獣医学群 獣医学類 獣医放射線生物学ユニット	アミノ酸配列の相同性によるスキャフォールドの遺伝子予測とマッピング法の開発	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-36
B	17:45:45	西川	洋平	早稲田大学先進理工学研究科生命医科学専攻竹山春子研究室	マイクロ流体デバイスによる高精度な超並列1細胞ゲノム増幅技術の開発	5. 微生物・メタゲノム	5-15
B	17:47:30	横山	稔之	東京大学大学院 新領域創成科学研究科 メディカル情報生命専攻 笠原研究室	マージン付き分割プログラミングスケルトン	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-34
B	17:49:15	荒井	渉	国立研究開発法人 海洋研究開発機構 海底資源研究開発センター 環境影響評価研究グループ	微生物・メタゲノムからの生理・代謝機能評価システムMAPLE2.3.0	5. 微生物・メタゲノム	5-30
B	17:51:00	野間口	達洋	早稲田大学大学院 先進理工学研究科 生命医科学専攻 生物物性科学研究室（朝日研究室）	海洋珪藻*Fistulifera solaris*の異質倍数性ゲノムの解析	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-34
B	17:52:45	伊藤	聡史	タカラバイオ株式会社　バイオメディカルセンター	ChromiumTM Systemを用いた新規ゲノム配列構築の検討	7. NGS関連手法・応用技術開発	7-10
B	17:54:30	大井	和之	一般財団法人九州環境管理協会　環境部	環境調査「オンデマンドDNA解析」の展開	5. 微生物・メタゲノム	5-7
B	17:56:15	松本	光代	東北大学大学院医学系研究科 生物化学分野	網羅解析を通して門脈結紮時における肝再生の分子メカニズムにせまる	3. 基礎研究・オミックス、エピゲノム	3-6
C	16:30:00	尾崎	遼	理化学研究所 情報基盤センター バイオインフォマティクス研究開発ユニット	一細胞エンハンサーRNA解析でエンハンサーのゆらぎを捉える	3. 基礎研究・オミックス、エピゲノム	3-22
C	16:31:45	上野	大心	奈良先端科学技術大学院大学　バイオサイエンス研究科　植物代謝制御研究室	転写終結に関わるシス配列の同定	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-22
C	16:33:30	日置	恭史郎	東京大学大学院工学系研究科都市工学専攻環境質リスク管理研究室	亜鉛曝露下のニホンドロソコエビにおけるde novoトランスクリプトーム解析	3. 基礎研究・オミックス、エピゲノム	3-19
C	16:35:15	小田	真由美	慶應義塾大学 医学部 システム医学	心筋細胞特有gene body領域エピジェネティック・ドメイン構築とゲノム構成要素	3. 基礎研究・オミックス、エピゲノム	3-20
C	16:37:00	Hasegawa	Hitomi	ジーンデータ株式会社	Epigenome-wide discovery of DNA methylation biomarkers for liquid biopsy-based ovarian cancer screening	3. 基礎研究・オミックス、エピゲノム	3-1
C	16:38:45	渡辺	理恵	㈱ナベ インターナショナル	Takeru Galaxyとミキサー時のご案内	0. 企業	C1-4、展示1小間
C	16:40:30	卜部	祐司	広島大学　未来医療センター	Familial achalasia: report of a family with autosomal dominant pattern of inherence	1. ヒト疾患・医療	1-15
C	16:42:15	石井	学	国立研究開発法人理化学研究所情報基盤センターバイオインフォマティクス研究開発ユニット	パブリッククラウドを利用した容易で再現性のあるNGSデータ解析環境構築	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-3
C	16:44:00	内山	郁夫	基礎生物学研究所ゲノム情報研究室	比較ゲノム解析ツールRECOGを用いたNGSデータの比較解析	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-30
C	16:45:45	森田	梨津子	理化学研究所　多細胞システム形成研究センター、細胞外環境研究チーム	毛包幹細胞の起源と誘導メカニズムの解明を目指して	3. 基礎研究・オミックス、エピゲノム	3-2
C	16:47:30	岡田	愛	東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターDNA情報解析分野	インタラクティブながんゲノムのレポートを自動作成するpaplotに関する報告	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-29
C	16:49:15	孫	ギョウ	名古屋市立大学システム自然科学研究科　熊澤研究室	RNA-Seqを用いた竜弓類ミトコンドリアmRNAのpolyA付加サイトの網羅的解析	3. 基礎研究・オミックス、エピゲノム	3-29
C	16:51:00	白石	友一	東京大学医科学研究所　ヒトゲノム解析センター　DNA情報解析分野	大規模がんオミックス解析により明らかになったスプライシング変異の全体像	3. 基礎研究・オミックス、エピゲノム	3-4
C	16:52:45	西村	理	理研CLST・分子配列比較解析ユニット	gVolante: 統一的な基準に基づくゲノム・トランスクリプトームのアセンブリ評価のために	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-26
C	16:54:30	尾納	隆大	大学共同利用機関法人 自然科学研究機構 基礎生物学研究所	ネムリユスリカ *Polypedilum vanderplanki*のゲノムアセンブリ	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-28
C	16:56:15	三嶋	博之	長崎大学人類遺伝学	パターンマイニングを応用した稀少疾患文献検索	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-11
C	17:00:00	岩井	碩慶	慶應義塾大学先端生命科学研究所 荒川・生命情報科学研究グループ	一時的社会寄生種であるトゲアリ(Polyrhachis lamellidens)のゲノム配列決定にむけて	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-43
C	17:01:45	西村	邦裕	株式会社テンクー	ゲノム医療を目指したアノテーションのための知識データベース Chrovis Database	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-16
C	17:03:30	河口	理紗	産業総合技術研究所　人工知能研究センター　機械学習研究チーム	再現性を考慮したハイスループット構造解析によるRNAニ次構造予測のための統計的アプローチ	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-26
C	17:05:15	舘田	亮	エッペンドルフ㈱	NGSの前処理のための便利で簡単な機器のご紹介	0. 企業	展示2小間
C	17:07:00	小林	裕樹	基礎生物学研究所　共生システム研究部門	国内産アーバスキュラー菌根菌 *Rhizophagus clarus* HR1 の新規ゲノム解析	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-39
C	17:08:45	Cosentino	Salvatore	The University of Tokyo	SonicParanoid: 超高速・簡単・正確なオルソログ同定	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-39
C	17:10:30	山寄	敦子	筑波大学 生命環境系 和田研究室	棘皮動物の骨の進化を探る：NGSによる骨形成調節遺伝子の探索	3. 基礎研究・オミックス、エピゲノム	3-27
C	17:12:15	西山	智明	金沢大学学際科学実験センターゲノム機能解析分野	植物からの高分子DNA調整法	7. NGS関連手法・応用技術開発	7-16
C	17:14:00	小出水	規行	農研機構　農村工学研究部門	環境DNAメタバーコーディングによる生息魚類の網羅的推定の試み	4. 農林水産・産業活用	4-5
C	17:15:45	吉川	武文	東京大学大学院理学系研究科	協力行動の進化におけるメタ集団レベルでの選択は塩基変異速度を低下させるか？	8. その他	8-2
C	17:17:30	尾崎	克久	JT生命誌研究館	アゲハチョウの食草認識に関わる化学感覚受容体遺伝子のスプライシング多型	8. その他	8-3
C	17:19:15	谷口	誠	谷口歯科医院	メタゲノム解析の歯科臨床への応用　その2	5. 微生物・メタゲノム	5-4
C	17:21:00	伊原	頌二	MOLCURE Inc	塩基配列特性に起因する翻訳効率がファージディスプレイ法を用いたスクリーニングに与える影響	1. ヒト疾患・医療	1-11
C	17:22:45	小野寺	純	ベックマン・コールター株式会社 ライフサイエンス事業部 マーケティング本部	SPRIselectによるライブラリ調製に適したDNAサイズセレクション条件の検討	7. NGS関連手法・応用技術開発	7-9
C	17:24:30	蒔田	由布子	国立研究開発法人理化学研究所　理研資源科学研究センター バイオマス工学研究部門 合成ゲノミクス研究ブループ	パラゴムノキのゲノム・トランスクリプトーム解析とデータベースの構築	4. 農林水産・産業活用	4-7
C	17:26:15	平尾	章	筑波大学・山岳科学センター・菅平高原実験所	NGSを用いた新種酵母の探索：全国公開実習のプログラム開発の取り組みとして	5. 微生物・メタゲノム	5-14
C	17:30:00	楠	和隆	岐阜大学連合農学研究科植物細胞工学研究室	RNA-Seq解析による植物のアルミニウム耐性に関連する根部遺伝子発現多型情報の網羅的解析	3. 基礎研究・オミックス、エピゲノム	3-26
C	17:31:45	野口	修平	理化学研究所ライフサイエンス技術基盤研究センター	マッピング法の違いによる発現量への影響	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-5
C	17:33:30	元木	香織	東京大学　理学系研究科　生物科学専攻	現場RNA固定装置を用いた深海動物の外部共生菌のメタトランスクリプトーム解析	5. 微生物・メタゲノム	5-3
C	17:35:15	飯塚	みなみ	宇都宮大学大学院農学研究科生物生産科学専攻応用生命化学講座生物有機化学研究室	mRNA-seqによる深海魚(ヒレタカフジクジラおよびギンメダイ)の光受容体関連遺伝子群の同定	4. 農林水産・産業活用	4-21
C	17:37:00	鈴木	留美子	大分大学医学部環境・予防医学講座	どこまで使えるリファレンスマッピング？ピロリ菌の場合	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-23
C	17:38:45	小出	智士	株式会社 豊田中央研究所 データアナリティクス領域	ロングリードデータを用いたSNVsの誤検出抑制	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-7
C	17:40:30	後藤	直久	大阪大学微生物病研究所附属遺伝情報実験センター	オープンソースのバイオインフォマティクスライブラリBioRubyの開発とNGS解析への応用	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-28
C	17:42:15	西尾	信哉	信州大学医学部耳鼻咽喉科	The Clinical Next-Generation Sequencing Database: 遺伝情報と臨床情報の統合管理ソフトウエア	1. ヒト疾患・医療	1-24
C	17:44:00	和田	悠作	株式会社ファスマック　バイオ研究支援事業部	ゲノム編集F0個体のジェノタイピング解析	7. NGS関連手法・応用技術開発	7-28
C	17:45:45	前田	太郎	基礎生物学研究所　共生システム研究部門	植物共生真菌アーバスキュラー菌根菌でのrDNAのゲノム内多型と大幅な遺伝子重複	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-46
C	17:47:30	兼崎	友	東京農業大学生物資源ゲノム解析センター	長期高温培養によるシアノバクテリア新規高温適応株の取得	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-4
C	17:49:15	登内	未緒	Pacific Biosciences	Cas9および増幅フリーの手法を用いた新しいターゲットSMRTシークエンス	1. ヒト疾患・医療	1-4
C	17:51:00	岸川	敏博	大阪大学大学院医学系研究科遺伝統計学教室	超深度全ゲノムシークエンス解析における変異同定精度の検証	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-1
C	17:52:45	川島	武士	国立遺伝学研究所 生命情報研究センター 生命ネットワーク研究室	遺伝子発現データと質量分析データの相互比較による化合物アノテーションの試み	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-33
C	17:54:30	田口	善弘	中央大学理工学部物理学科	テンソル分解を用いた教師なし学習による変数選択のバイオインフォマティクスへの応用	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-1
C	17:56:15	高原 文江, 津田　和俊		山口情報芸術センター	YCAMバイオ・リサーチの取り組みについて	0. 企業	展示1小間
D	16:30:00	松井	求	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻岩崎研究室	Graph Splitting法：スーパーファミリーの初期進化を解く新たな系統解析手法	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-18
D	16:31:45	沖	真弥	九州大学大学院医学研究院発生再生医学分野	公共ChIP-seqデータをフル活用し、遺伝性疾患の解明に挑む	1. ヒト疾患・医療	1-12
D	16:33:30	宮本	青	富士通株式会社	医療ICTの現場からみたNGSとゲノム医療 ～電子カルテベンダの現場でいま、何が起きているのか～	1. ヒト疾患・医療	1-1
D	16:35:15	西	輝之	(株)カネカ　バイオテクノロジー開発研究所	メタノール資化性酵母*P. pastoris*のセントロメアDNA配列探索と高安定性自律複製型ベクター開発	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-29
D	16:37:00	小川	隆	株式会社MOLCURE	進化分子工学的手法における抗体選択過程の次世代シーケンサを用いた網羅的解析	1. ヒト疾患・医療	1-14
D	16:38:45	吉原	正仁	理化学研究所　ライフサイエンス技術基盤研究センター　機能性ゲノム解析部門	iPS細胞樹立段階に発生する点突然変異のホットスポットとその発生機序の解明	1. ヒト疾患・医療	1-3
D	16:40:30	田中	啓介	東京農業大学　生物資源ゲノム解析センター	空気中に飛散する花粉からゲノム情報を読み解く！	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-6
D	16:42:15	三宅	博史	東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻生命ネットワーク解析分野	RNA結合タンパク質によって標的されるRNA構造モチーフの推定	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-33
D	16:44:00	森本	一	北海道システム・サイエンス㈱	HSSの次世代シーケンスサービス	0. 企業	展示1小間
D	16:45:45	小山	喬	東京大学大学院農学生命科学研究科附属水産実験所	ターゲットエンリッチメント法と長鎖シーケンサーによる領域特異的塩基配列決定の試み	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-15
D	17:45:45	村本	伸彦	株式会社豊田中央研究所　ゲノムエンジニアリングプログラム	耐熱性制限酵素を用いた大規模ゲノム再編技術の開発	4. 農林水産・産業活用	4-6
D	17:47:30	秋葉	正毅	富士通㈱	NGSを用いた【研究】から【臨床】へ！医療ICTベンダから見たNGSの課題～臨床活用に向けた富士通の取り組み～	0. 企業	ランチョンセミナーC3、モーニング教育セッションB3
D	17:49:15	湯野川	春信	株式会社メイズ	拡大するNGSの影響は、データ解析支援市場のビジネスを可能とするか？	7. NGS関連手法・応用技術開発	7-31
D	17:51:00	山崎	将太朗	奈良先端科学技術大学院大学・バイオサイエンス研究科	植物での転写開始点の網羅的な同定と遺伝子発現制御における転写開始点の重要性	2. 基礎研究・ゲノム研究	2-25
D	17:52:45	細田	至温	早稲田大学大学院 先進理工学研究科 電気・情報生命専攻 浜田研究室	トピックモデルを用いたヒト腸内細菌メタゲノム解析	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-9
D	17:54:30	人見	愛	宇都宮大学大学院農学研究科生物生産科学専攻応用生命化学講座生物有機化学研究室	マルチプレックス *de novo* ゲノム解析による里山生物のミトコンドリアDNA全長塩基配列決定の試み	4. 農林水産・産業活用	4-12
D	17:56:15	芳村	美佳	理化学研究所 情報基盤センター バイオインフォマティクス研究開発ユニット	コンテナとデータ解析フレームワークを用いた柔軟で再現のある1細胞RNA-Seqデータ解析環境の構築	6. 計算解析手法・ソフトウエア・データベース	6-21