

# 次世代シーケンスデータ解析 東京技術セミナー

本セミナーは、1人一台ずつPCを使用し実際にコマンドを入力しながら受講いただく、体験型セミナーです！  
データ解析が初めての方から、ある程度解析経験をお持ちの方までフォローできる内容となっております。



**NGS データ解析環境をより身近に！！セミナー参加者全員に Seq-Nova Portable※ をプレゼント★**

セミナー環境をそのままお持ち帰りいただけるので、お手元のパソコンにて復習が可能です。

◆ Seq-Nova Portable について ◆

セミナー参加特典の「Seq-Nova Portable」とは普段お使いのパソコンでLinux環境を構築できるLinuxブータブルUSBメモリーです。  
BIOSブート可能なWindows OS搭載パソコンにて動作確認済みですが、全てのパソコンでの動作を保証しているものではありません。  
また、SeqNova Portableの使用に伴うPCの不具合、データ破損・消失等について弊社は一切その責を負いません。予めご了承ください。



開催セミナー	9/12 火	解析技術セミナーⅠ：Linux基礎	13:00～17:00	(受付 12:45～)	：先着 15名
	9/13 水	解析技術セミナーⅡ：ゲノム解析	9:50～17:00	(受付 9:30～)	：先着 15名
	9/14 木	解析技術セミナーⅢ：mRNA解析	9:50～17:00	(受付 9:30～)	：先着 15名

参加費 (税込)

解析技術セミナー2講座セット (Ⅰ・Ⅱ) または (Ⅰ・Ⅲ)	次世代シーケンス会員	50,000円 / 非会員	58,000円
解析技術セミナー3講座セット (Ⅰ・Ⅱ・Ⅲ)	次世代シーケンス会員	70,000円 / 非会員	84,000円
※ 当日現金支払希望の方は受付の際に参加費をお支払ください。 ※ セミナー参加費用に昼食代は含まれません。			
※ お申込後のキャンセルについて、キャンセル料が発生する場合がございます。			
【キャンセル料金】			
お申込日～8月28日(月) 午前まで：無料	8月28日(月) 13時以降～セミナー当日：参加費の100%		

お申し込み時に会員登録することもできます。

開催会場

TKP 神田ビジネスセンター C702  
東京都千代田区神田美土代町3-2 神田アベビル7階



- JR山手線 神田駅北口 徒歩5分
- JR京浜東北線 神田駅北口 徒歩6分
- JR中央線 神田駅北口 徒歩6分
- 東京メトロ丸の内線 淡路町駅 出口 B6 徒歩3分
- 東京メトロ丸の内線 淡路町駅 A4 出口 徒歩5分
- 東京メトロ千代田線 新御茶ノ水駅 出口 B6 徒歩3分
- 都営新宿線 小川町 (東京都) 駅 出口 B6 徒歩3分
- JR京浜東北線 神田駅北口 徒歩6分
- 東京メトロ銀座線 神田駅4番出口 徒歩6分

お申込方法

下記の方法でお申込ください。

申込締切日

2017年  
8/27日

- 弊社HP < <http://www.hssnet.co.jp/7/7.html#seminar> > より
- [1] セミナー参加申込書ダウンロード
  - [2] 必要事項をご記入
  - [3] 添付ファイルとして [kikaku@hssnet.co.jp](mailto:kikaku@hssnet.co.jp) までメールでご連絡ください。

※ 競合他社 / 同業者の方からのお申込は、弊社の判断によりセミナー参加をお断りする場合がございますので、予めご了承ください。  
※ お申込後、キャンセルされる場合は必ずメールかお電話にてご一報ください。

お問い合わせ先

北海道システム・サイエンス株式会社  
技術・戦略企画チーム  
E-mail : [kikaku@hssnet.co.jp](mailto:kikaku@hssnet.co.jp)  
TEL : 0120-613-190 または 011-768-5901

9月8日(金) Web基礎セミナーを行います！

次世代シーケンスの解析原理やデータ解析概要に関するWeb基礎セミナーを開催いたします。技術セミナーへの参加をご検討されている方には、ぜひ事前にWeb基礎セミナーも受講されることをお勧めいたします。詳しくは弊社HPまたは担当営業まで。

<p><b>解析技術セミナーⅠ：Linux基礎 (13:00~17:00)</b> - 解析環境の構築・基礎コマンド・データ解析準備(QVトリミング) -</p> <p>Linux 概要～ターミナルでの基本的なコマンド入力</p> <p>BioLinux 導入法</p> <p>ターミナル上でのデータの加工・編集</p> <p>解析準備 (アダプタートリミング・QVフィルタリング)</p>	<p><b>解析技術セミナーⅡ：ゲノム解析 (9:50~17:00)</b> - リシーケンスによる変異解析・ゲノム配列決定 -</p> <p>①-1 BWAを用いたゲノムシーケンスデータのマッピング</p> <p>①-2 データ補正 (重複リード除去・再アラインメント)</p> <p>昼食 (弊社にて用意いたします)</p> <p>①-3 SAMtools/GATKを用いた変異候補抽出</p> <p>①-4 SnpEffを用いた変異候補のアノテーション</p> <p>①-5 SnpSiftを用いたdbSNP情報の付与</p> <p>②-1 velvetを用いたゲノムシーケンスデータのDe Novo Assembly</p> <p>②-2 Assembly結果に対するアノテーション付与(ORF予測)</p>	<p><b>解析技術セミナーⅢ：mRNA解析 (9:50~17:00)</b> - mRNAの発現比較解析・トランスクリプトーム配列決定 -</p> <p>①-1 TopHatを用いたmRNAシーケンスデータのマッピング</p> <p>①-2 Cufflinksを用いた遺伝子発現定量・比較解析</p> <p>①-3 CummeRbundを用いた発現量グラフ化</p> <p>昼食 (弊社にて用意いたします)</p> <p>②-1 Trinityを用いたmRNAシーケンスデータのDe Novo Assembly</p> <p>②-2 Assembly結果に対する戻しマッピングと発現定量</p> <p>②-3 edgeRを用いた発現変動遺伝子/転写物の検出</p> <p>②-4 BLAST検索によるアノテーション付与</p>
---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------