

# 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、すべ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、Seq-Nova 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。あらかじめご了承ください。



開催セミナー	12/19 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
	12/20 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
	12/21 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 ~ 12 月 4 日 (月) 午前まで: 無料		12 月 4 日 (月) 13 時以降 ~ セミナー当日: 参加費の 100%	

お申込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
- 東京メトロ銀座線 神田駅 4 番出口 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

お申込方法

下記の方法でお申込ください。 [HSS セミナー](#)

**申込締切日**  
**2017 年**  
**12/3 日**

弊社 HP < <http://www.hssnet.co.jp/7/7.html#seminar> > より  
申込フォームに必要事項をご記入のうえお申込ください。  
※ 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、あらかじめ  
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

12月15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>
--	---	---