

次世代シーケンスデータ解析 東京技術セミナー

1人一台ずつパソコンを使用し、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。

Linux
ブータブルUSB
プレゼント

定員
各 **15** 名
先着順

コマンドが用意されているので
わかりやすい！

Linux が初めてでも安心！

具体的なデータ解析の
内容が理解できる！



セミナー参加特典として**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「SeqNova™ Portable」**をプレゼントします！
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！

※ 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の使用に伴うパソコンの不具合、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。

I：Linux 基礎

- 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) -

6/19 火

13:00 ~ 17:00
(受付 12:45 ~)

Linux 概要～ターミナルでの基本的なコマンド入力

ターミナル上でのデータの加工・編集

解析準備 (アダプタートリミング・QVフィルタリング)

II：ゲノム解析

- (1) リシーケンスによる変異解析 (2) ゲノム配列決定 -

6/20 水

9:50 ~ 17:00
(受付 9:30 ~)

(1)-1 BWAを用いたゲノムシーケンスデータのマッピング

(1)-2 データ補正 (重複リード除去・再アラインメント)

(1)-3 SAMtools/GATKを用いた変異候補抽出

(1)-4 SnpEffを用いた変異候補のアノテーション

(2)-1 velvetを用いたゲノムシーケンスデータのDe Novo Assembly

(2)-2 Assembly結果に対するアノテーション付与 (ORF予測)

III：mRNA 解析

- (1) mRNAの発現比較解析 (2) トランスクリプトーム配列決定 -

6/21 木

9:50 ~ 17:00
(受付 9:30 ~)

(1)-1 TopHatを用いたmRNAシーケンスデータのマッピング

(1)-2 Cufflinksを用いた遺伝子発現定量・比較解析

(2)-1 Trinityを用いたmRNAシーケンスデータのDe Novo Assembly

(2)-2 Assembly結果に対する戻しマッピングと発現定量

(2)-3 edgeRを用いた発現変動遺伝子/転写物の検出

(2)-4 BLAST検索によるアノテーション付与

※ 時間・内容について、一部変更になる場合がございます。

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



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

※ お申込時に会員登録が可能です。年会費、登録費用はかかりません。 ※ セミナー参加費用に昼食は含まれません。

お申込方法

弊社HPの専用申込フォームからお申込ください。
受付後に詳細をメールにてご連絡いたします。

HSS セミナー

申込締切日

2018年
6/3 日

※ 競合他社/同業者の方からの申込は、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。

※ お申込後キャンセルされる場合は必ず前日までにメールかお電話にてご連絡ください。

【キャンセル料金】

○お申込日～6月4日(月) 午前まで：無料

○6月4日(月) 13時以降～セミナー当日：参加費の100%

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 TEL: 0120-613-190 または 011-768-5901