

2018. 8. 29. (水) 16:00~17:00

参加費無料

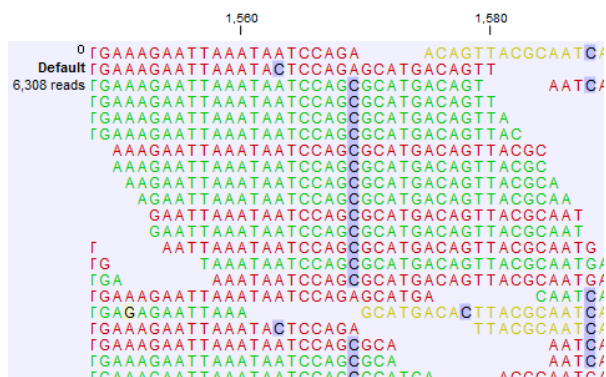
## フィルジェン WEBセミナー

# NGSデータ解析入門Webセミナー： 変異解析編

### 【セミナー内容】

次世代シーケンサーを利用し、SNPなどのゲノム配列上の変異の検出を行うには、複数のデータ解析ステップを経て実行する必要があります。

本WEBセミナーでは、弊社より販売を行っているCLC bio（キアゲン社）とGolden Helix社の次世代シーケンサーデータ解析ソフトウェアを使用し、シーケンサー出力の配列データを用いた変異の検出と視覚化、さらに生物学的な解釈の情報の取得までの手順を、デモンストレーションも交えてご紹介いたします。ぜひ皆様のご参加をお待ちしております。



Category Counts (50,691 Records)

Category	Count	Percent
Other	31992	63.11%
Missense	18051	35.61%
LoF	648	1.28%
Total	50691	100.0%

Categories of Effect (Combined)

Missense	The variant will cause at least one amino acid to change or cause a premature start codon in the UTRS. The ontologies included in this category are: disruptive_inframe_deletion, disruptive_inframe_insertion, inframe_deletion, inframe_insertion, 5_prime_UTR_premature_start_codon_gain_variant, missense_variant.
Other	The variant is likely to have a low or unknown effect on the transcript's functional product. These changes do not change the amino acid sequence of the protein. The ontologies included in this category are: synonymous_variant, stop_retained_variant, splice_region_variant, 3_prime_UTR_variant, 5_prime_UTR_variant, intron_variant, non_coding_exon_variant, intergenic_variant, unknown.
LoF	Loss of Function. The variant is likely to cause the transcript's product to lose function. The ontologies included in this category are: transcript_ablation, exon_loss_variant, stop_lost, stop_gained, initiator_codon_variant, frameshift_variant, splice_acceptor_variant, splice_donor_variant.

【演 題】 NGSデータ解析入門セミナー：変異解析編

【日 時】 2018年 8月 29日 (水) 16:00 ~ 17:00

【プログラム】 16:00~16:50: セミナー

16:50~17:00: 質疑応答

【演 者】 フィルジェン株式会社 バイオサイエンス部 小澤拓也

【定 員】 20名 (事前登録制: 先着順)

【お申し込み】 下記メールアドレスに、件名を「8月29日Webセミナー参加希望」と明記し、ご所属、お名前をご記入の上お申込み下さい。

e-mail: [biosupport@filgen.jp](mailto:biosupport@filgen.jp)

【備 考】 ご参加の際にはヘッドホン・マイクとインターネットに接続されたPCが必要となります。マイクがなくても、チャット形式で質問することが可能です。当日ご参加いただけない場合、録画視聴サイトをご案内いたします。録画視聴をご希望の方も、[biosupport@filgen.jp](mailto:biosupport@filgen.jp)へお申し込みください。