

2014年9月12日
イルミナサポートウェビナー

次世代シーケンサー(NGS)の 新たなデータ解析アプローチ :BaseSpace

イルミナ株式会社
バイオインフォマティクス
サポートサイエンティスト
癸生川絵里 (Eri Kibukawa)

© 2013 Illumina, Inc. All rights reserved.
Illumina, IlluminaDx, BaseSpace, BeadArray, BeadXpress, cBot, CSPPro, DASL, DesignStudio, Eco, GAllx, Genetic Energy, Genome Analyzer, GenomeStudio, GoldenGate, HiScan, HiSeq, Infinium, iSelect, MiSeq, Nextera, NuPCR, SeqMonitor, Solexa, TruSeq, TruSight, VeraCode, the pumpkin orange color, and the Genetic Energy streaming bases design are trademarks or registered trademarks of Illumina, Inc. All other brands and names contained herein are the property of their respective owners. Illumina, Inc. and the Genetic Energy streaming bases design are trademarks or Illumina, Inc. and/or its affiliate(s) in the U.S. and/or other countries. All other names, logos, and other trademarks are the property of their respective owners.

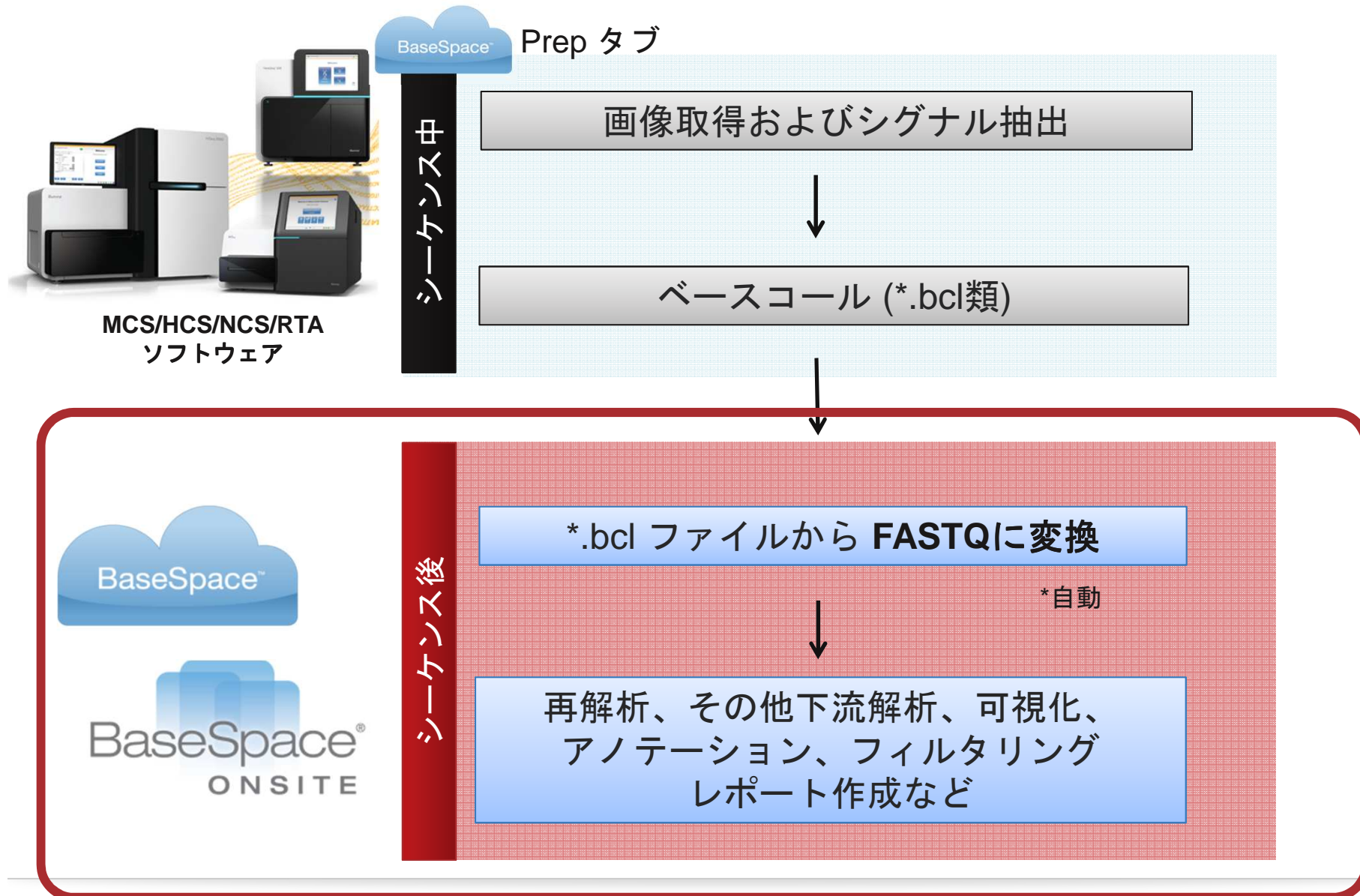
illumina®

本日の内容

- ▶ BaseSpaceでつながる「サンプルから答えまで」
 - BaseSpace Cloud および Onsite
 - 公開デモデータ
 - データ共有
 - FASTQ, VCF, Manifest アップロード
- ▶ BaseSpace アプリ
 - イルミナアプリと商用アプリ
 - 例 ; RNA-Seq (TopHat/Cufflinks/STAR)
 - 例 ; エクソーム解析
 - VariantStudio (BaseSpace版リリース！)
- ▶ トレーニングコース開催のお知らせ

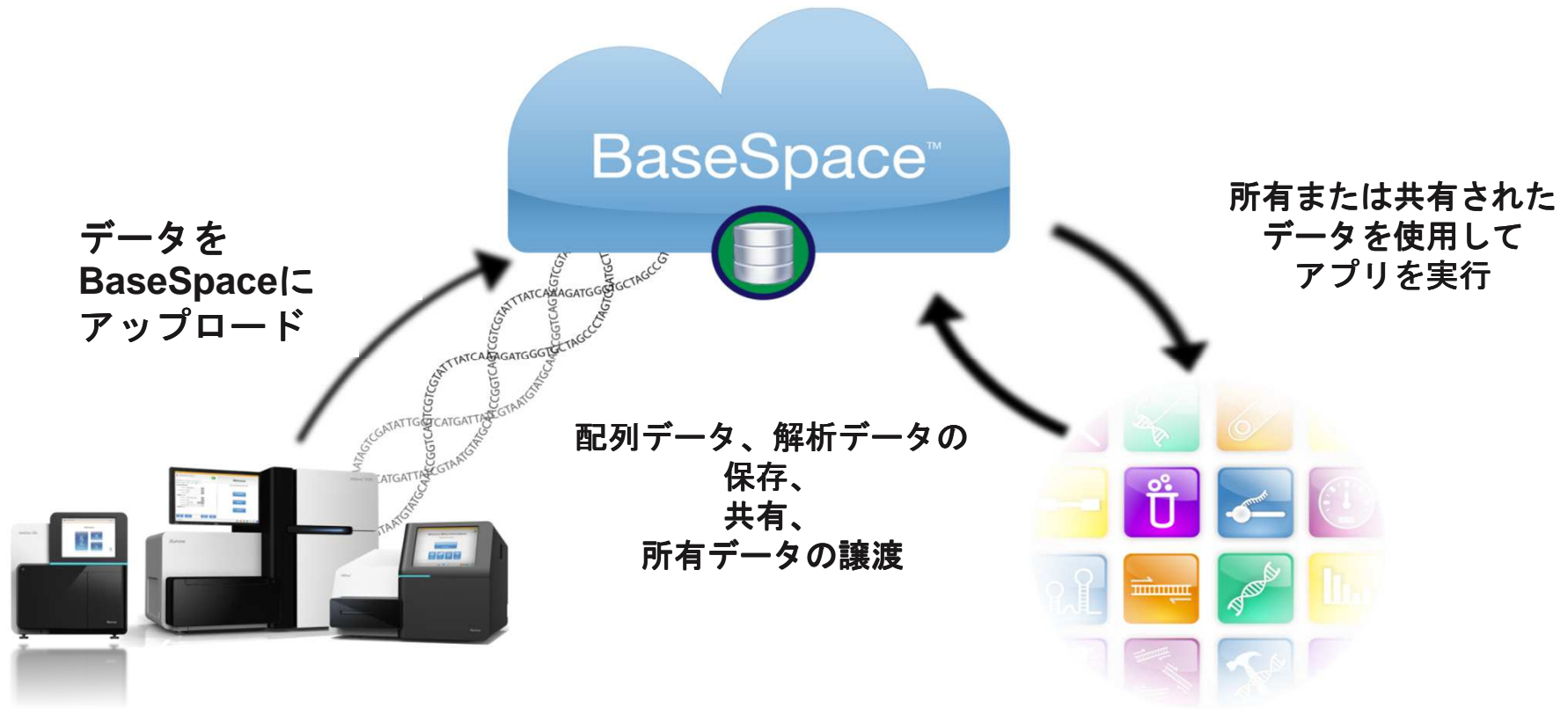


イリミナNGS：一次解析、二次解析フロー



BaseSpace 概念図

配列データ、解析データの保存・共有・譲渡



なぜ BaseSpace?



- ▶ マウスクリックでデータ管理・NGS解析ができる！
- ▶ 研究者がわかりやすいインターフェースで解析を行える
 - ウェブブラウザによるナビゲーション → **コマンドの打込みがありません！**
 - データのストレージ → **1TBまで無料です！**
 - データのやり取り → **インターネットで共有するのでハードディスク郵送等の必要がありません！**
 - メールによるお知らせ機能 → **実行ボタンを押したら待つだけ！**

でもセキュリティが不安？



ご安心ください！



- ▶ ニーズに合わせた2つのソリューションを提供



cf. <http://aws.amazon.com/security>

- ▶ BaseSpace **Cloud**: クラウドを利用
 - メールアドレスを持っていれば、誰でも解析や情報共有をクラウド上で行える
 - Amazon Web Services を土台のクラウド環境として使用
 - ユーザーインターフェイスはGoogle ChromeやFirefoxなどウェブブラウザ
 - 1アカウントあたり、1TB無料でデータ保管可能（イルミナNGSデータが対象）
 - 無料の公開デモデータセットも提供、今すぐ解析を実行開始できます！
- ▶ BaseSpace **Onsite**: クラウドを利用できない研究者のためのソリューション
 - サーバに BaseSpace の基本機能を搭載
 - 所内のイントラネットで接続し、データを保管、解析、共有

BaseSpace Onsite

外部インターネットに接続しないローカル解析環境



- ▶ データは所内のみに接続された**Onsiteサーバー**内で保管、外部インターネット接続が不要
- ▶ NextSeq システムと一緒に据付けし使用可能
 - 装置からFASTQ生成、解析実行まで
 - イルミナによるトータルな一元サポート
- ▶ 研究者がサンプル、ラン、解析を管理
 - IT人材、バイオインフォ人材、外注先など
 - バラバラな作業への依頼・依存コストを軽減

BaseSpace 使用開始パターン



お手持ちの
イルミナFASTQ,
VCF

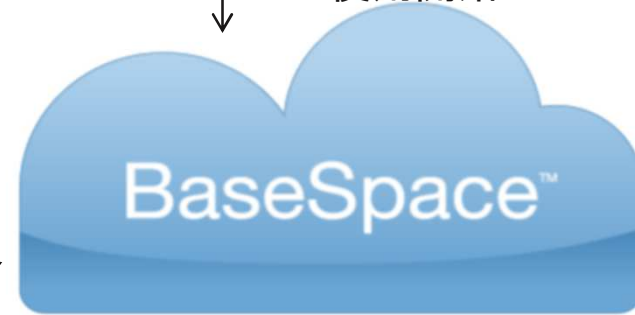
☆ **新登場!**
FASTQやVCFを
アップロードし使用開始!

※フォーマット等条件あり。
詳細はBaseSpace UserGuideをご参考下さい。

インターネット(所外のwww経由)



☆公開デモデータの取込みを
して使用開始!



クラウド



☆ラン中のデータをアップロードして自動開始!

BaseSpace®
ONSITE



<イントラネット(所内で閉じたネットワーク)>

ウェブブラウザで使いやすい画面 : <http://www.basespace.com>ログイン後

The screenshot displays the BaseSpace web interface. At the top, there is a navigation bar with the BaseSpace logo, several icons (bar chart, person, folder, folder, microscope, building, question mark), a search icon, a user profile icon, and the Illumina logo. Below the navigation bar, the main content area is divided into several sections:

- NOTIFICATIONS:** A list of notifications, including "BaseSpace Updates: NextSeq 500 and More" (6 hours ago), "Tiffany Malek invited you to the Project Lasso_test" (Jan 10, 2014, Accepted), and "Wishing you Happy Holidays with a Festive Competition!" (Dec 21, 2013).
- BaseSpace iCredits:** A section showing 0 iCredits and an "Add More" button.
- TIP OF THE DAY:** A tip stating "Did you know that you can build native apps on this environment" with a "Learn more" link.
- RUNS:** A list of completed runs: "PhixRun2", "PhiX_Run1", and "RNA test run", each with a green progress bar labeled "Complete".
- PROJECTS:** A list of projects: "Tattooine", "BaseSpace_Demo_Project", "Our Run", and "Lasso_test".
- ANALYSES:** A list of analyses: "BWA Whole Geno...", "BWA Enrichment...", "Illumina's Uploader", and "Illumina's Uploader".

At the bottom of the page, there is a footer with links for "Help", "FAQ", "Developers", "Terms", and "Blog". A vertical "contact us" button is located on the right side of the interface.

BaseSpace ナビゲーションアイコン

The image shows the BaseSpace navigation bar with six icons: Dashboard, Prep, Runs, Projects, Apps, and Public Data. Each icon is accompanied by a callout box with a description in Japanese. The callout boxes are color-coded: Dashboard (blue), Prep (teal), Runs (green), Projects (light green), Apps (medium green), and Public Data (light green). The background shows a blurred view of the BaseSpace interface with a search bar and the Illumina logo.

BaseSpace Dashboard Prep Runs Projects Apps Public Data ? illumina

- Dashboard**: イルミナからのお知らせ、Runs、Projects、Analysisの実施・更新情報を時系列ごとに表示
- Prep**: NextSeqのシーケンス用に、サンプル情報の登録やラン条件を指定
- Runs**: ランの進捗や結果 (一次解析まで) を表示、SAVと同じ内容の閲覧可能
* 二次解析 (FASTQファイル以降)の結果はProjectsから、スタンドアローン SAV用のデータ取得可能
- Projects**: オーナー権限ないし閲覧許可をシェアされた解析用Projectsを表示
* 二次解析 (FASTQファイル以降)の結果の閲覧・取得
- Apps**: 利用可能なBaseSpaceのコアアプリ、および第三者アプリを表示
- Public Data**: イルミナから提供している公開デモデータ

contact us

Help FAQ Developers Terms Blog

公開デモデータ (BaseSpace Cloudにて対応)

BaseSpace® Dashboard Prep Runs Projects Apps **Public Data** Help ? Eri Kibukawa illumina®

> [HiSeq 2500: TruSeq Stranded mRNA LT \(SEQC: UHR & Brain\)](#)
RNA-Seq

> [HiSeq 2000: TruSeq Stranded Total RNA \(MAQC\)](#)
RNA-Seq Differential Expression

▼ [NextSeq 500: RNA-Seq \(8plex\)](#)
NextSeq 500 data generated for reference human brain RNA and universal human reference RNA (UHRR). Libraries were prepared using TruSeq stranded mRNA or TruSeq Total RNA with Ribo-Zero Gold reagent kits.

Run	NextSeq 500: RNA-Seq (8plex) (49.41 GB)	Import
Project	NextSeq 500: RNA-Seq (8plex) 0	Import

Research Areas

- Cancer Research
- Genetic Disease
- Complex Disease
- Microbial Research

Categories

- Exome
- Resequencing
- Small RNA
- Targeted Sequencing
- RNA-Seq**
- De Novo Assembly
- Chr-Seq
- Gene Fusion Detection
- Methyl-Seq
- Metagenomics
- Tumor Normal
- Variant Analysis
- Differential Expression
- Quality

↑

例えば NextSeqのRNAデモデータ,
自由に閲覧、解析にお使いいただけます！

BaseSpaceで行うデータ共有

1) メールアドレスによる共有

The screenshot shows the 'SHARING SETTINGS' dialog for a project named '2X151 Rhodobacter Resequencing'. Under the 'INVITE A COLLABORATOR' section, there is a text input field for 'Email address' and a larger text area for 'Add a personal message (optional)'. A green 'Invite' button is located below these fields. In the 'COLLABORATORS (1)' section, the email 'esmith@illumina.com' is listed with a 'Read Only' permission level. A yellow box highlights a dropdown arrow and a close 'x' icon next to the permission level. At the bottom, there are 'Cancel' and 'Save Settings' buttons.

- メールアドレスを入力
- カスタムメッセージも送付可能
- **Invite** クリック
- ▲▼で、**Read Only, Write**など権限を選択可能

2) 一意のリンクアドレスによる共有

The screenshot shows the 'Sharing by link' dialog for the same project. It prompts the user to 'Copy the below URL and send it to anyone you want to share with.' A blue highlighted text box contains the URL 'https://basespace.illumina.com/s/lhVA72PqVhPL'. A red 'Deactivate' button is located at the bottom right of the dialog.

- **Get Link** クリック
- 一意のリンクを設定 (ブルーの背景のURL)

FASTQ のアップロード



規約： ☆ イルミナリードのみに対応しており、**ファイル名**が以下のようなイルミナ標準である

SampleName_SampleNumber_Lane_Read_FlowCellIndex.fastq.gz

- ☆ **gzip**されている
- ☆ クオリティスコアの数**が塩基数と一致している**
- ☆ **各リードのヘッダ**が以下のようなイルミナ標準を満たしている

@Instrument:RunID:FlowCellID:Lane:Tile:X:Y ReadNum:FilterFlag:0:SampleNumber

ペアードエンドリードの場合さらに；

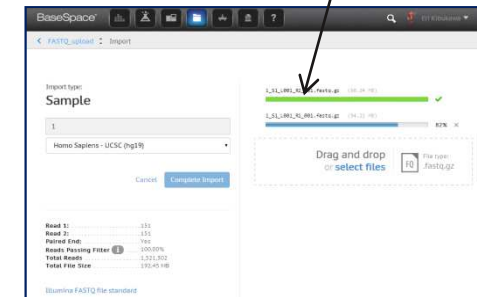
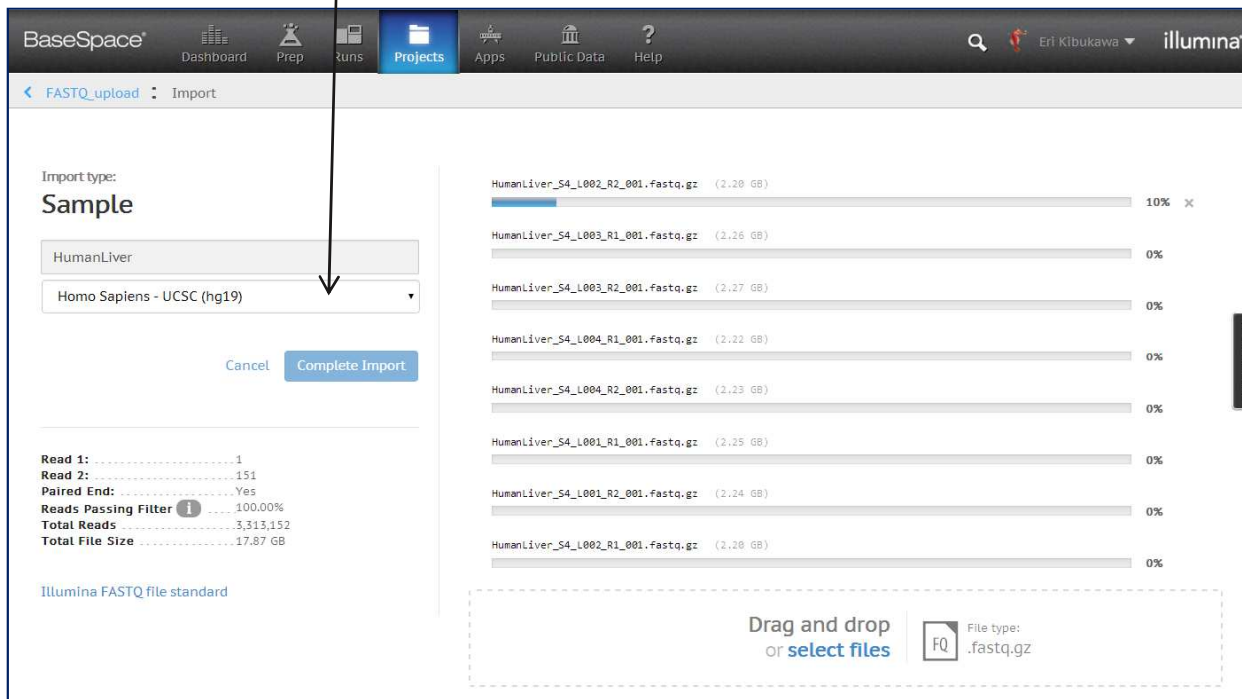
- ☆ R1とR2でヘッダがペアとして揃ったリード（ReadNumが1と2）が**等数**ある
- ☆ R1, R2ともにPF (Pass Filter)したリード（FilterFlagがN）のみ
- ☆ インポート可能な最大サイズは**25GByte**まで
- ☆ **最大16ファイル/サンプル**
- ☆ **1サンプル単位**で逐次インポート（* Complete!になってから次の処理を開始下さい）

http://support.illumina.com/content/dam/illumina-support/documents/documentation/software_documentation/basespace/basespace-user-guide-15044182-e.pdf p.54

FASTQ のアップロード

アップロード中は青
アップロード完了は緑

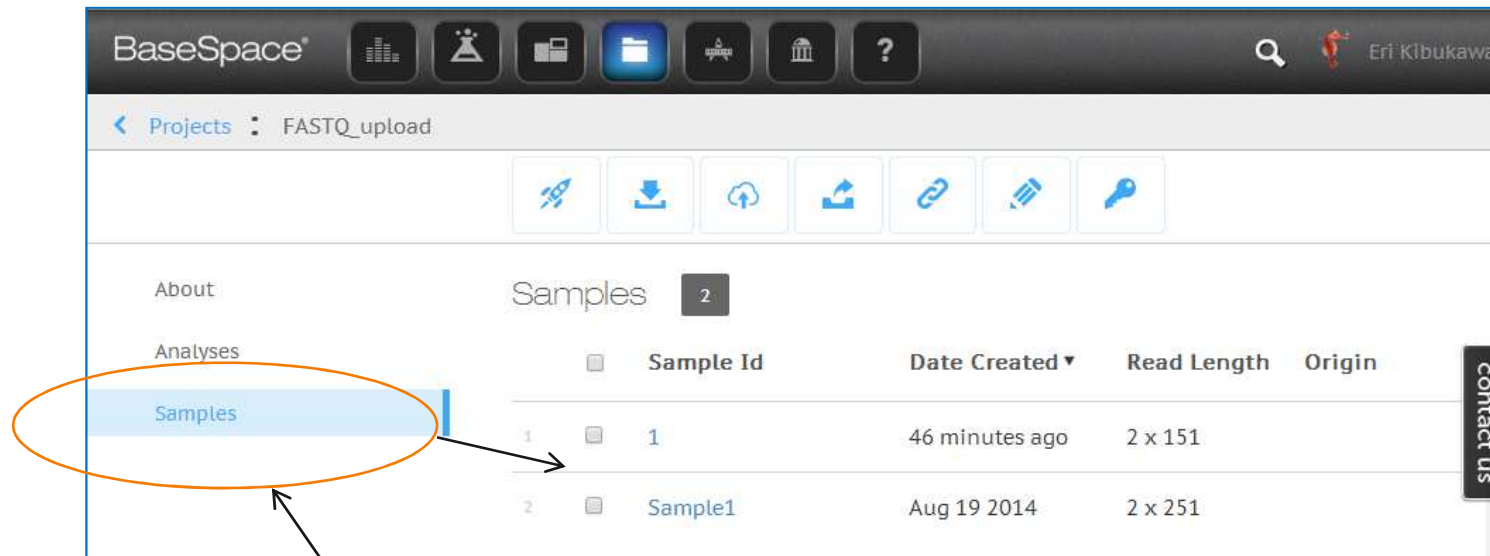
ファイルをドラッグする際に対応リファレンスと紐づけておく事も可能
(デフォルト : none)



1サンプル2ファイル (PE=R1,R2)の例

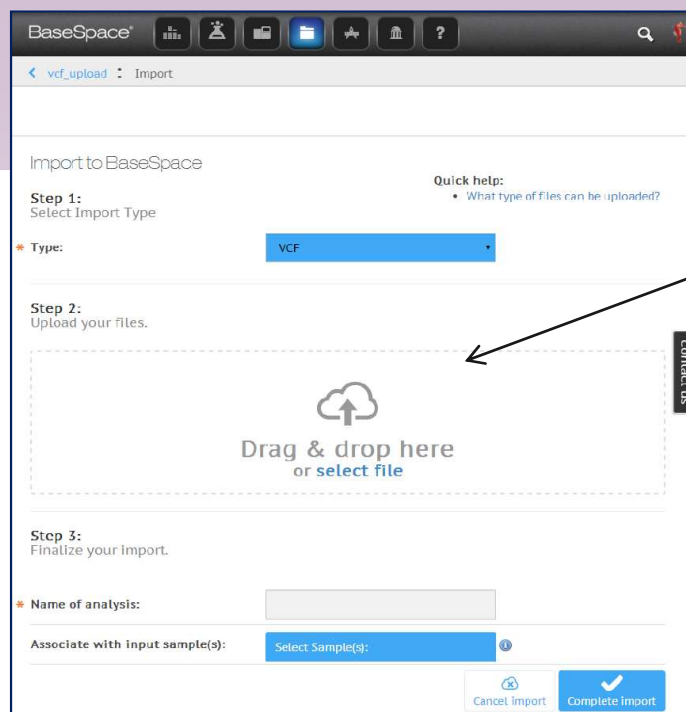
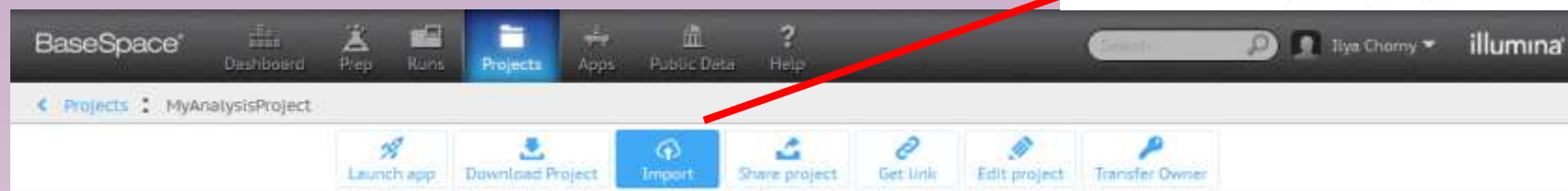
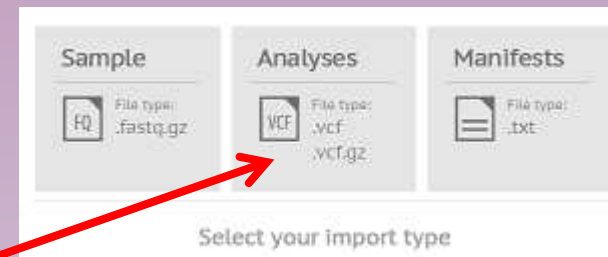
Lane1-4までが
同一サンプルで
PE = 8ファイル
のアップロード例

FASTQ のアップロード

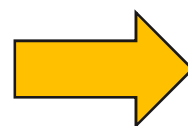


アップロードがCompleteしたら、**Samples**からFASTQを確認

VCF (Variant Call Format)のアップロード



vcfファイルをドラッグか選択



アップロード完了後は
BaseSpace VariantStudio アプリなどで
アノテーション(注釈) 付け、
変異の絞り込みや家系 解析が可能！

*マニフェストのアップロードも同様



本日の内容

- ▶ BaseSpaceでつながる「サンプルから答えまで」
 - BaseSpace Cloud および Onsite
 - 公開デモデータ
 - データ共有
 - FASTQ, VCF, Manifest アップロード
- ▶ BaseSpace アプリ
 - イルミナアプリと商用アプリ
 - エクソーム解析
 - RNA-Seq (TopHat/Cufflinks/STAR)
 - VariantStudio (BaseSpace版リリース)
- ▶ トレーニングコース開催のお知らせ



BaseSpace アプリの区分

イルミナ アプリ

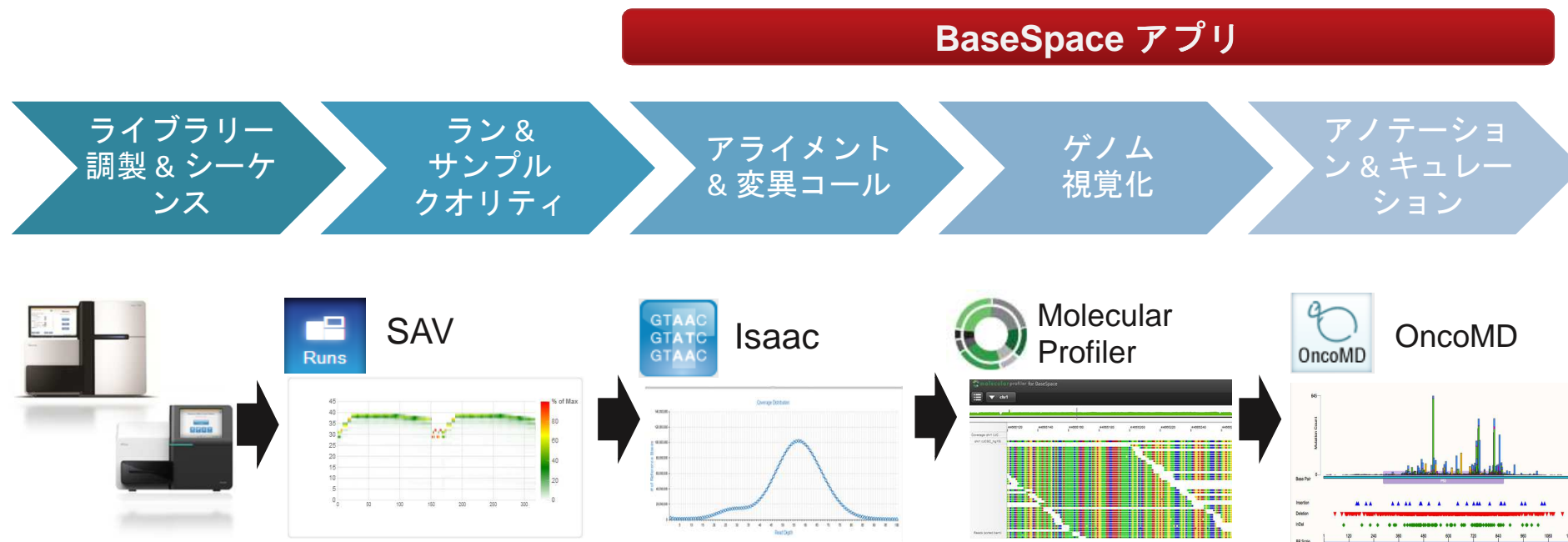
- 現在無料で提供
- RNA Seq, エクソーム、
全ゲノムなど

イルミナ以外の アプリ

- 一部有料（サンプルご
との解析、年間ライセ
ンス不要）
- HLA、癌など









BaseSpace アプリ

データから生物学的な意義を見いだす



サンプルから答えまで、一連の工程をサポート

イルミナ提供の無償 BaseSpace アプリ初期リリースセット

手法	BaseSpace アプリ	アイコン	内容
RNA-Seq	TopHat アライメント		<ul style="list-style-type: none"> 業界標準のTopHat2を使ったRNA-Seqアライメントとカウンティング 融合遺伝子のコール(オプション) ISAAC Variant Callerを使ったcSNPコール 結果はCufflinks Assembly & DE Appでさらに解析可能
	Cufflinks アセンブル & 遺伝子発現解析		<ul style="list-style-type: none"> 詳細遺伝子発現差解析 選択的転写産物のアセンブルと新規転写産物予測
	RNAExpress		<ul style="list-style-type: none"> 迅速な遺伝子発現プロファイルをSTARアライメントとDESeqで実現 遺伝子レベルの遺伝子発現に特化
エクソーム	BWA 濃縮		<ul style="list-style-type: none"> BWA アライメントと GATK Variant Calling をNextera ExomeおよびTruSight濃縮パネルに応用 SNPおよび小さいIndelを検出
	Isaac 濃縮		<ul style="list-style-type: none"> ISAACアライメントと ISAAC Variant Calling をNextera ExomeおよびTruSight濃縮パネルに応用 SNPおよび小さいIndelを検出
全ゲノムシーケンス	BWA 全ゲノム		<ul style="list-style-type: none"> BWA アライメントと GATK Variant Calling SNP, Indel, CNV, SV検出 標準のWGSキットからのデータ
	Isaac 全ゲノム v2		<ul style="list-style-type: none"> ISAACアライメントと ISAAC Variant Calling SNP, Indel, CNV, SV 検出 標準のWGSキットからのデータ
全ゲノム腫瘍 - 正常	腫瘍 - 正常		<ul style="list-style-type: none"> 全ゲノム腫瘍/正常データセット (80x / 40x) の解析 SNP, Indel, CNV, SV検出 標準のWGSキットからのデータ

その後 BaseSpace に追加されたイリミナアプリ (2014年8月現在)

TruSeq Synthetic Long Read用
(10月からキットは発売開始)



VariantStudio

臨床研究者に
人気の変異解
析&アノテー
ションツール

16Sメタゲノム

幅広く使われ
ているメタゲ
ノム解析をサ
ポート

TruSeq Amplicon

カスタムパネ
ルにも対応の
v1.1リリース

TruSeq Long Read Assembly

合成ロングリー
ドによるアセン
ブルを実施

TruSeq Long Read Phasing

合成ロングリー
ドによるヒト全
ゲノムフェー
ジングを実施

その後 BaseSpace に追加されたイルミナアプリ

(2014年9月現在)

新登場! Labs アプリ



FASTQC

NGS解析者に
人気のリード
QC
ツール



Velvet de novo Assembly

バクテリアサンプル x
Nextera メイトペアライブラリー
キットご使用向け
デノボアセンブリツール

Labs アプリ(🧪マークのついているアプリ)は、
プロダクションテスト前に先駆けて皆さまにご提供を開始するコンセプトのアプリです。
お問合せ・ご要望・ご感想は、basespacelabs@illumina.com までお寄せ下さい。

Labs アプリ紹介ブログ : <http://blog.basespace.illumina.com/2014/09/09/>

イルミナ以外のアプリの充実：多様な解析を可能に



SciGenom OncoMD
Cancer Mutation Analysis



Genomatix GePS
RNA-Seq Pathway Analysis



Omixon HLA Typing
HLA Typing



Open-Source PicardSpace
Alignment QC



Broad IGV
Genome Visualization



GeneTalk Variant
Analyzer
GENETALK GMBH



iPathwayGuide
ADVAITA BIO



Elsevier Genomics Data
Publishing



PathSEQ Virome
PATHGEN DX PTE
LTD



DNASTAR SeqMan Ngen
Assembly



DeepChek®-HIV
ABL S.A.



Strand Elastic Genome Browser
Advanced Genome Visualization



Biomatters Molecular Profiler
Polyomic Analysis



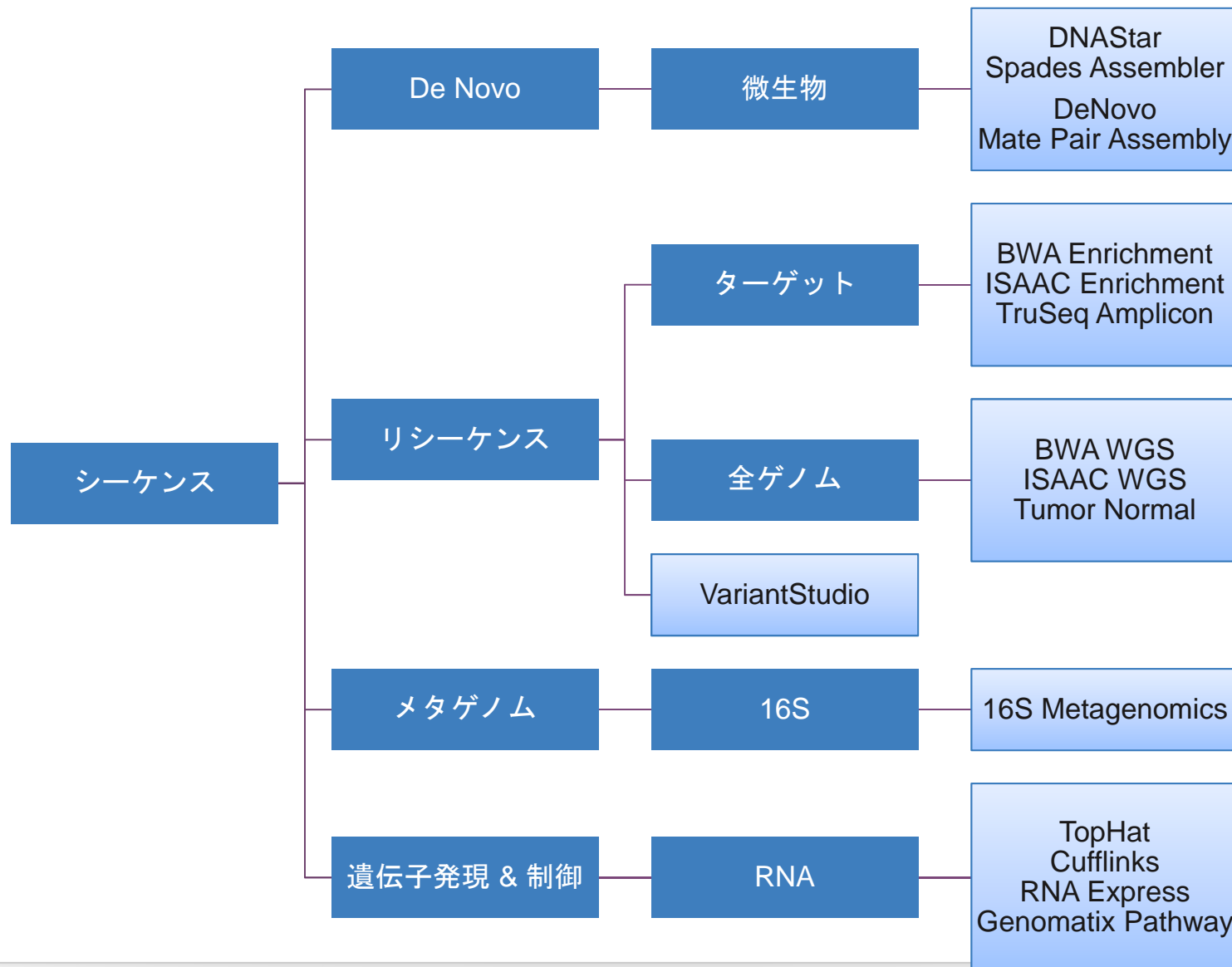
SPAdes Genome
Assembler 3.0
ALGORITHMIC



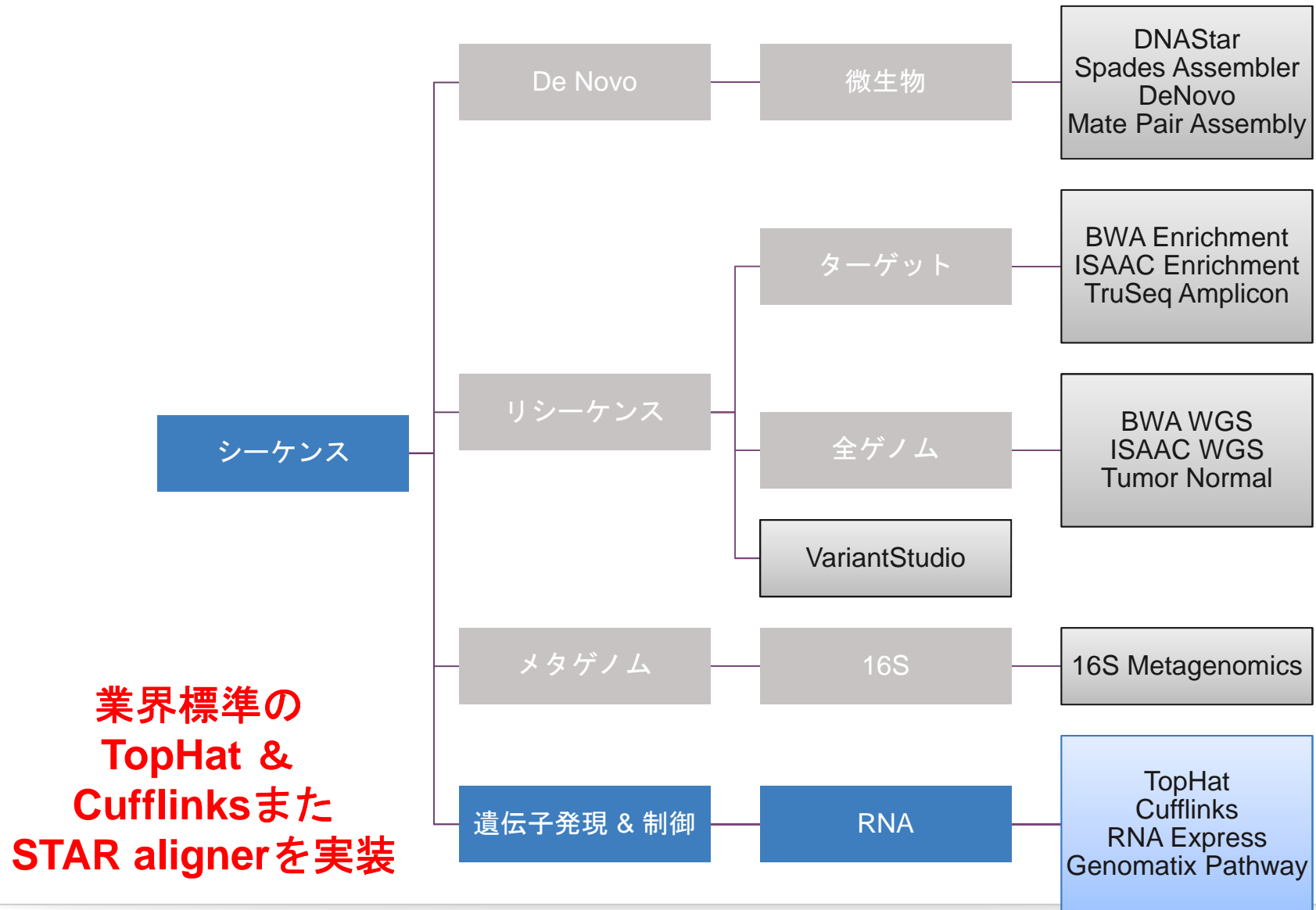
Melanoma Profiler
BIOMATTERS LTD

BaseSpace アプリで現在可能な解析

2014/8



BaseSpaceアプリで RNA-Seq



TopHat アライメントアプリ



TopHat Alignment



TOPHAT ALIGNMENT BETA

Illumina

App Session Name: TopHat Alignment Beta 01/15/2014 11:41:09

Save Results To: ①いち、

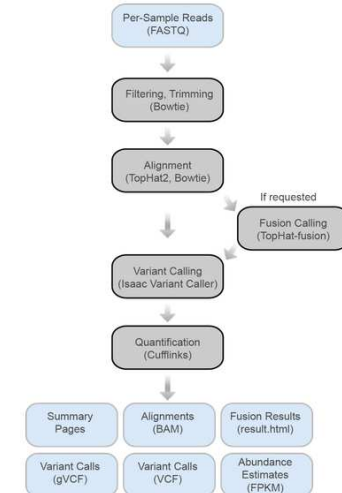
Samples: ②にの、

Reference Genome: Homo sapiens/hg19 (RefSeq)

Options

Call Fusions:

Trim TruSeq Adapters:



裏で流れる
ワークフロー

- 業界標準のTopHat2を使ったリファレンスへのアライメント
- Cufflinks2によるリファレンス上の遺伝子と転写産物のFPKM
- 融合遺伝子のコール (オプション, TopHat-Fusion 使用)
- イルミナの変異コーラ (ISAAC) を使ったSNVコール
- 現在使用できるリファレンス ;
 - Homo sapiens UCSC hg19 (RefSeq & Gencode gene annotations)
 - Mus musculus UCSC mm10 (RefSeq gene annotations)
 - Rattus norvegicus UCSC rn5 (RefSeq gene annotations)

TopHat 本家マニュアル :
<http://tophat.cbcb.umd.edu/manual.shtml>

TopHat Fusion による融合遺伝子候補のレポート

6. chr11-chr11 rr

B3GAT3	chr11	62387968	GANAB	chr11	62394824	6	149	3	537.38
--------	-------	----------	-------	-------	----------	-------------------	---------------------	---	--------

7. chr9-chr22 rr

ABL1	chr9	133729450	BCR	chr22	23632599	12	4	17	532.63
----------------------	------	-----------	---------------------	-------	----------	--------------------	-------------------	----	--------

RNA-Seq による融合遺伝子の検出

Homozygous reference	18,612,849
Heterozygous	58,535
Homozygous variant	1,519
SNV	58,672
Indel	1,397
T _r /T _v	3.00

RNA-Seqリードの中に cSNP や InDel を検出

Cufflinks Assembly & DE アプリ



Cufflinks Assembly/
Diff. Exp

CUFFLINKS ASSEMBLY & DE BETA
Illumina

App Session Name: Cufflinks Assembly & DE Beta 01

Save Results To: ①いち、

TopHat Alignments Selection Criteria

Reference Genome: Homo sapiens/hg19 (RefSeq)

Stranded:

Options

Novel Transcript Assembly:

Control Group

Group Label: control

TopHat Alignment App Result (s):

Adjust transcript assembly for samples without polyA selection:

Comparison Group

Group Label: comp

TopHat Alignment App Result (s):

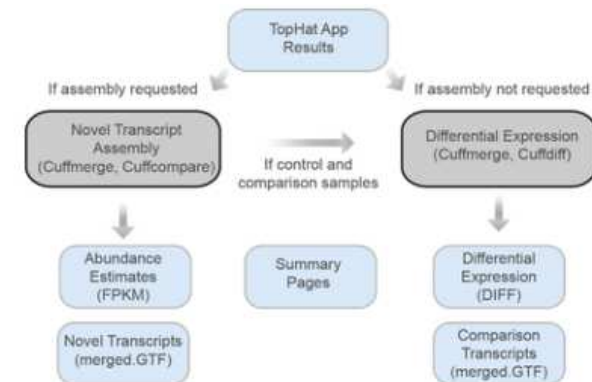
Adjust transcript assembly for samples without polyA selection:

This app is free. ③さん! 実行ボタン

②にの、

コントロールサンプル群の選択

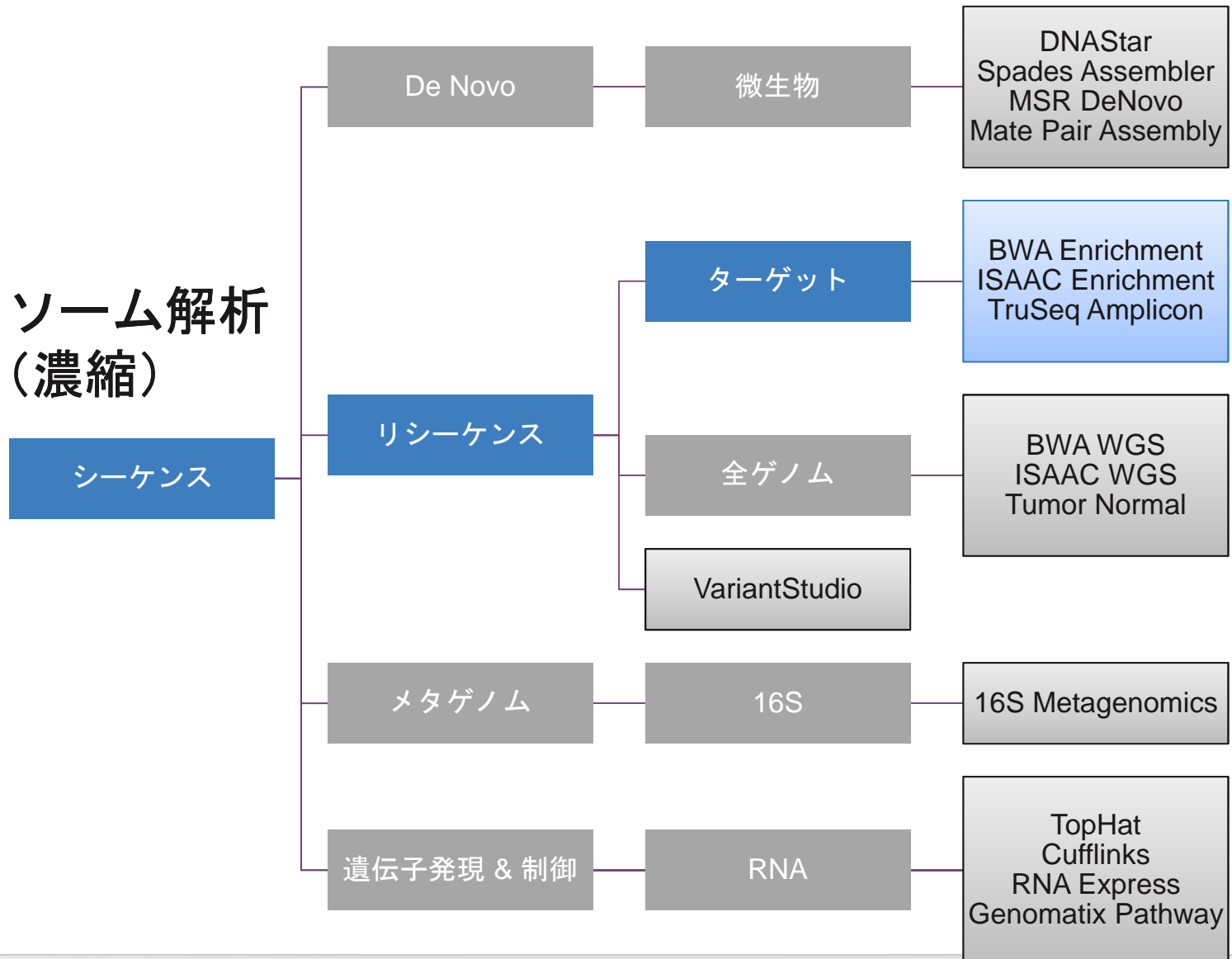
使用サンプル群の選択



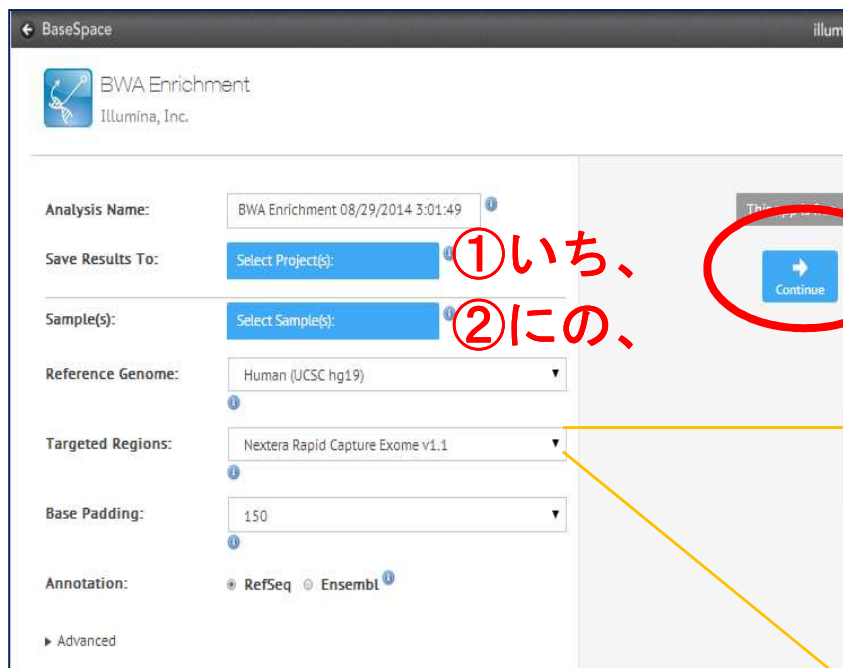
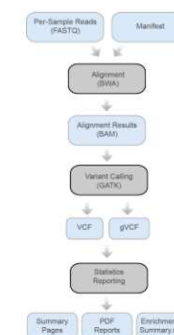
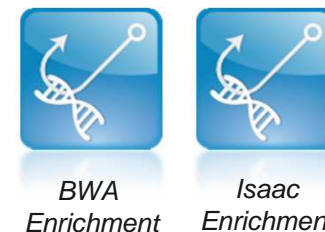
Cufflinks 本家マニュアル : <http://cufflinks.cbcb.umd.edu/manual.html>

BaseSpaceアプリでエクソーム解析

エクソーム解析 (濃縮)



エクソーム製品（ターゲット領域）を選択してアライメント



③さん！
実行ボタン

①いち、
②にの、

- Targeted Regions:
- Nextera Rapid Capture Exome v1.1
 - Nextera Rapid Capture Exome v1.1**
 - Nextera Rapid Capture Exome v1.2
 - Nextera Rapid Capture Expanded Exome v1.0
 - TruSight Autism v1.0
 - TruSight Cancer v1.0
 - TruSight Cardiomyopathy v1.0
 - TruSight Exome v1.0
 - TruSight Inherited Disease v1.0
 - TruSight One v1.0

このパイプラインでは、
イルミナのエクソームおよび
TruSight濃縮シリーズに
対応しています(※hg19)

わかりやすく包括的なレポート内容

- ▶ 変異ファイル、統計に迅速にアクセス
 - オフターゲット率
 - SNV, Indelの同定

- ▶ サンプルごとのレポートも作成
 - 総合サマリーテーブル
 - 特定サンプルにフォーカスしたレポート

RESULTS FOR SAMPLE CEX_NA12878_01

 PDF Summary Report

SAMPLE INFORMATION ⁱ

Total PF Reads	Percent Q30	Percent Duplicate Paired Reads	Fragment Length Median	Fragment Length Standard Deviation
65,262,238	82.3%	6.5%	227 bp	80 bp

ENRICHMENT SUMMARY ⁱ

Total Length of Targeted Reference	Padding Size
44,296,481 bp	150 bp

Read Level Enrichment ⁱ

Total Aligned Reads	Percent Aligned Reads	Target Aligned Reads	Read Enrichment	Padded Target Aligned Reads	Padded Read Enrichment
62,912,089	96.4%	39,472,997	62.7%	42,236,377	67.1%

Base Level Enrichment ⁱ

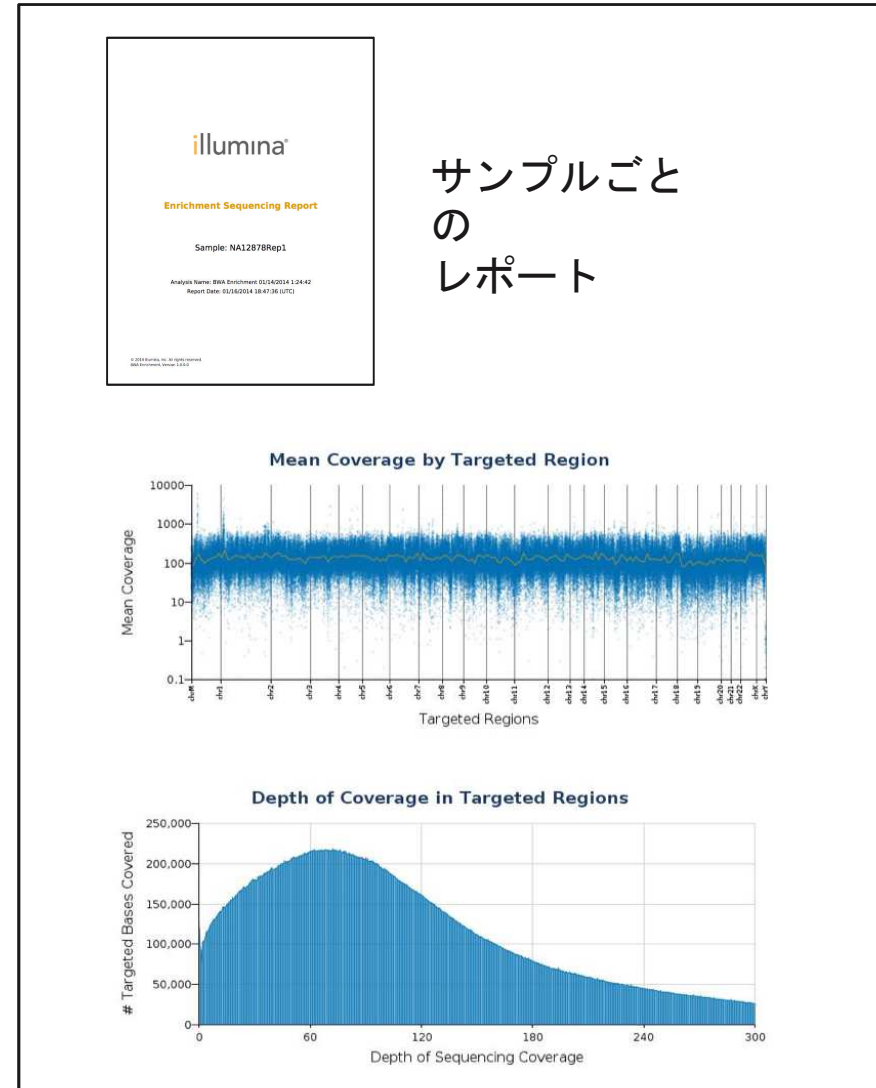
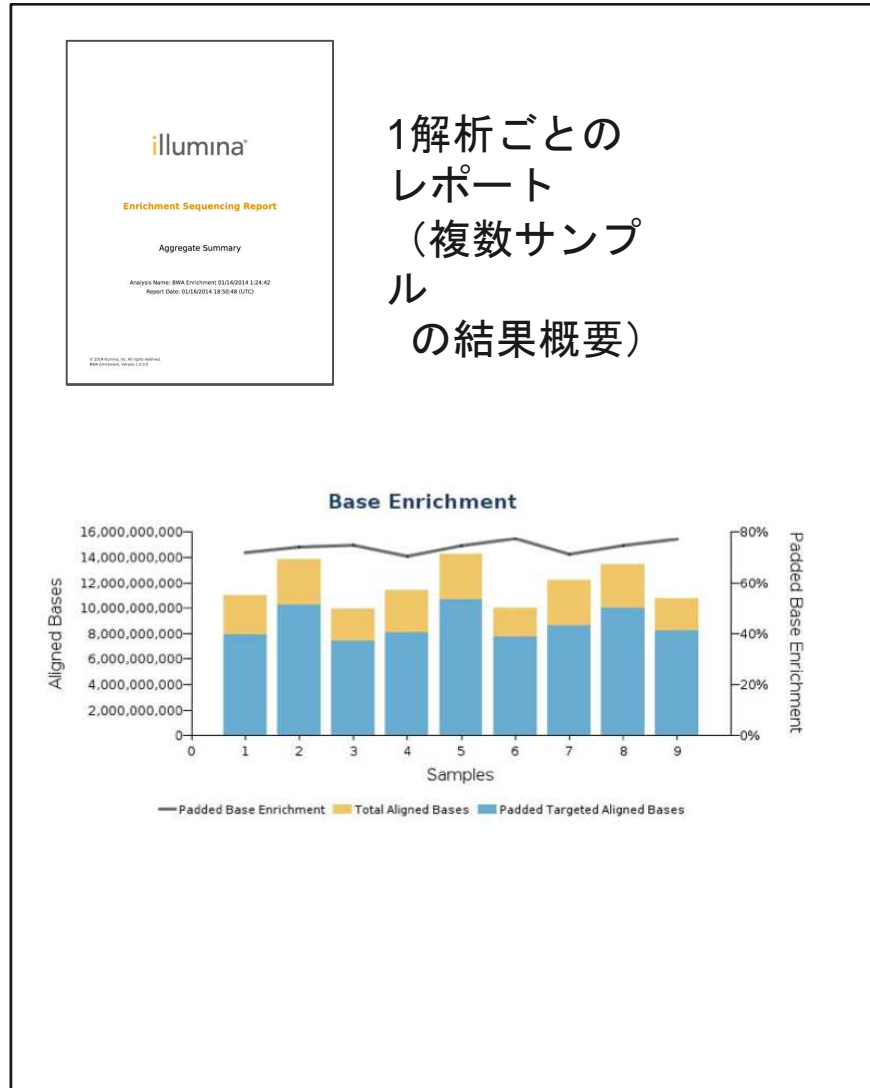
Total Aligned Bases	Target Aligned Bases	Bases Enrichment	Padded Target Aligned Bases	Padded Base Enrichment
8,778,180,848	4,378,065,923	49.9%	5,837,362,539	66.5%

SMALL VARIANTS SUMMARY ⁱ

	SNVs	Insertions	Deletions
Total Passing	31,080	989	1,185
Percent Found in dbSNP	99.0%	88.0%	78.3%

contact us

エクソーム例) BWA + GATK 解析結果



視覚化、アノテーション（意味付け）や 絞込みは どうする？

そうだ VariantStudioを
使ってみよう！



VariantStudio

BaseSpace版およびWindows版でご提供しています

変異はコールされた
ようだが、...

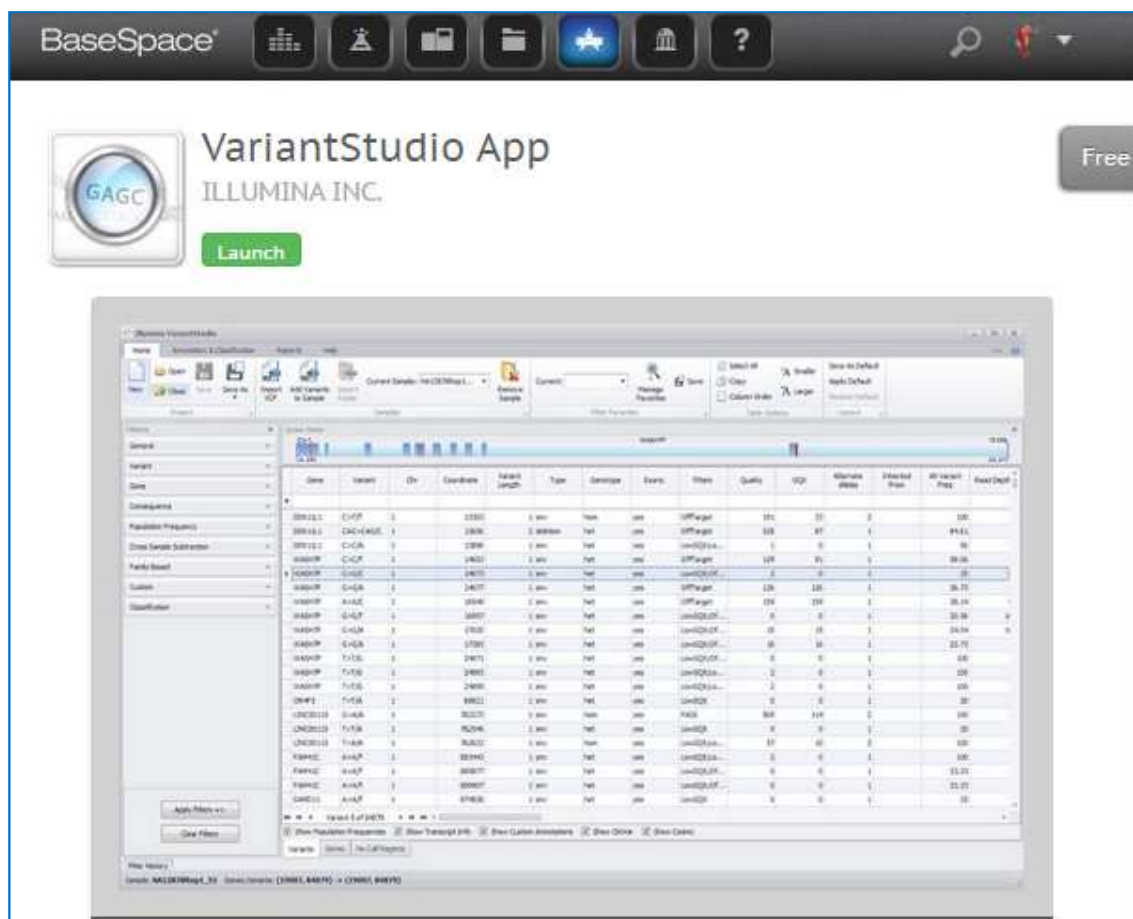


※ ご好評のため、Windows 版だけでなく、
BaseSpace アプリとしてもリリースされました！

VariantStudio

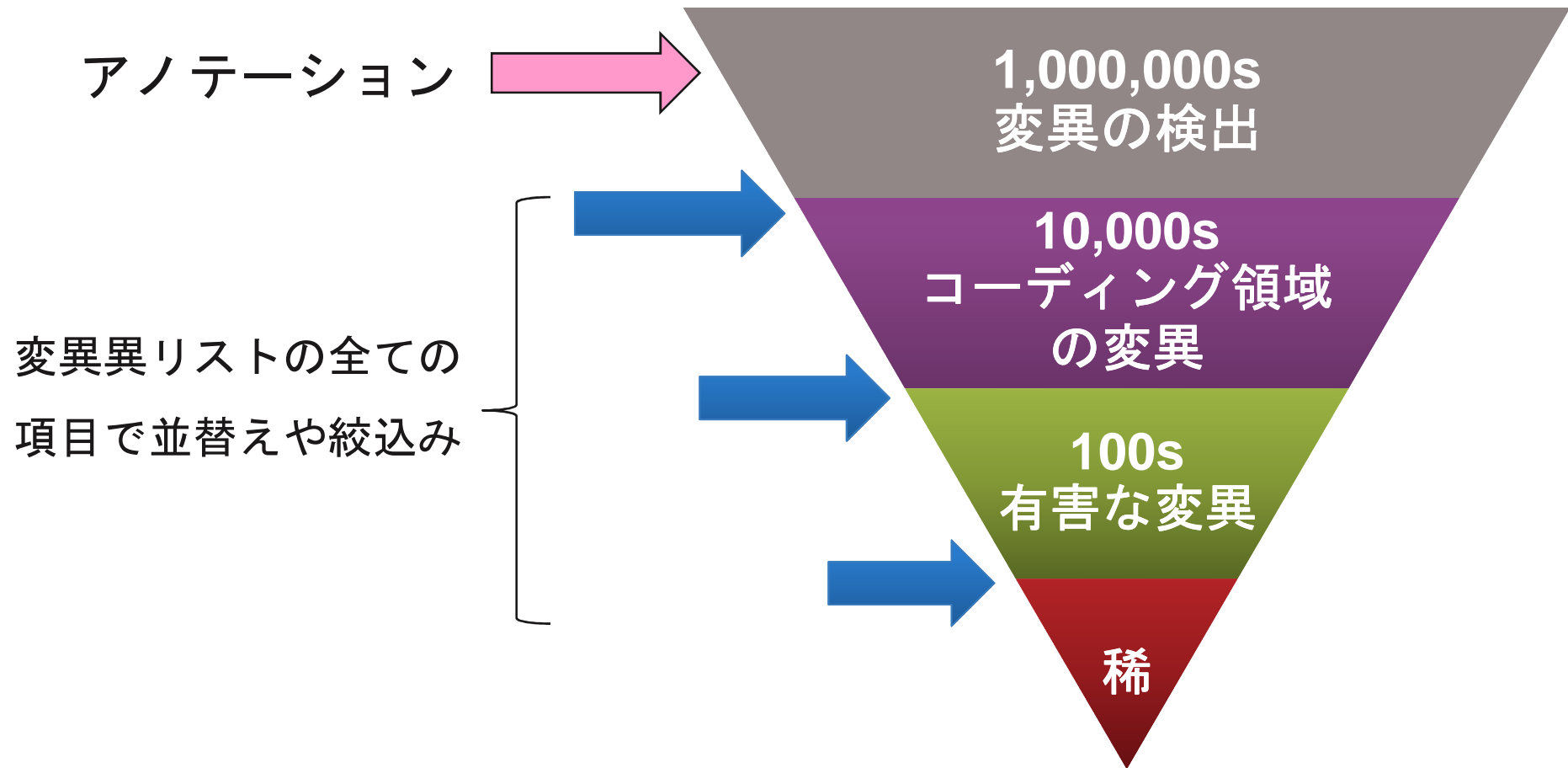
Windows 版 TruSight 製品をお買い上げのお客様に 1 年間無償ライセンスをご提供

BaseSpace App 版 登場！



VariantStudio 柔軟な絞込み条件

疾患関連変異に焦点を絞る

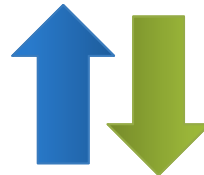


VariantStudio の動作

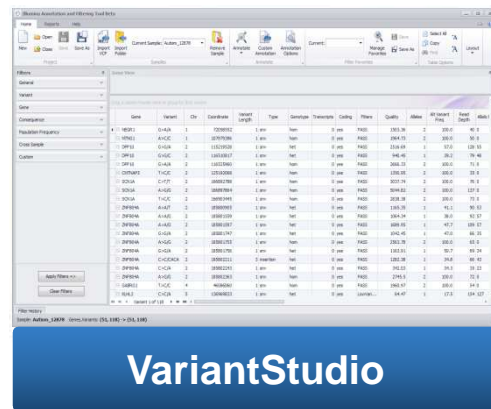


アノテーション追加には
インターネットと
BaseSpaceアカウントが
必要

VariantStudio
アノテーションデータベース

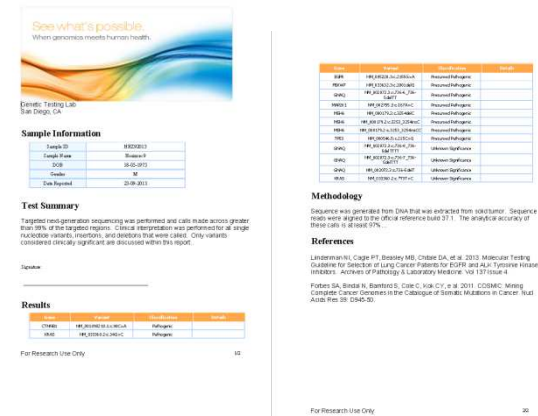


イルミナ出力のVCFを入力



VariantStudio

カスタム化可能なpdfレポート



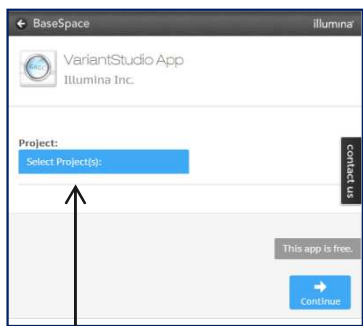
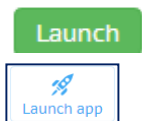
解釈した変異をレポートとして出力



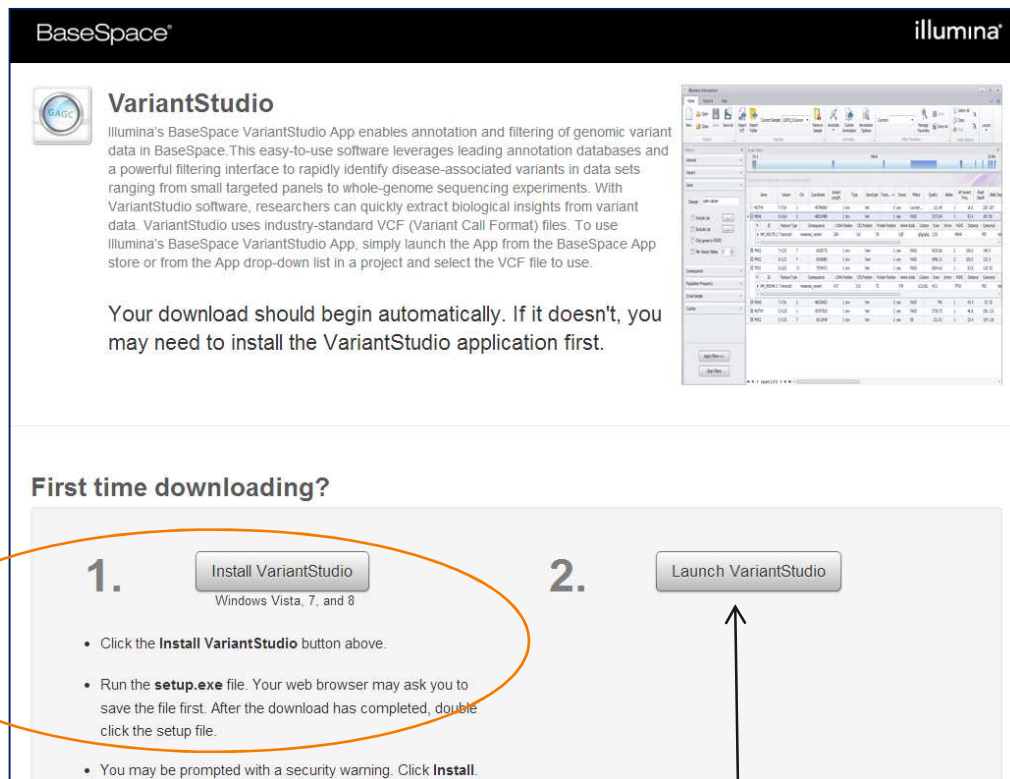
*vcf (変異コール結果ファイル)

VariantStudio App の起動

<https://basespace.illumina.com/apps/639639/VariantStudio-App>

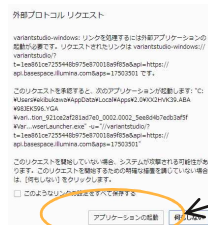


作業フォルダ(Project)を選択



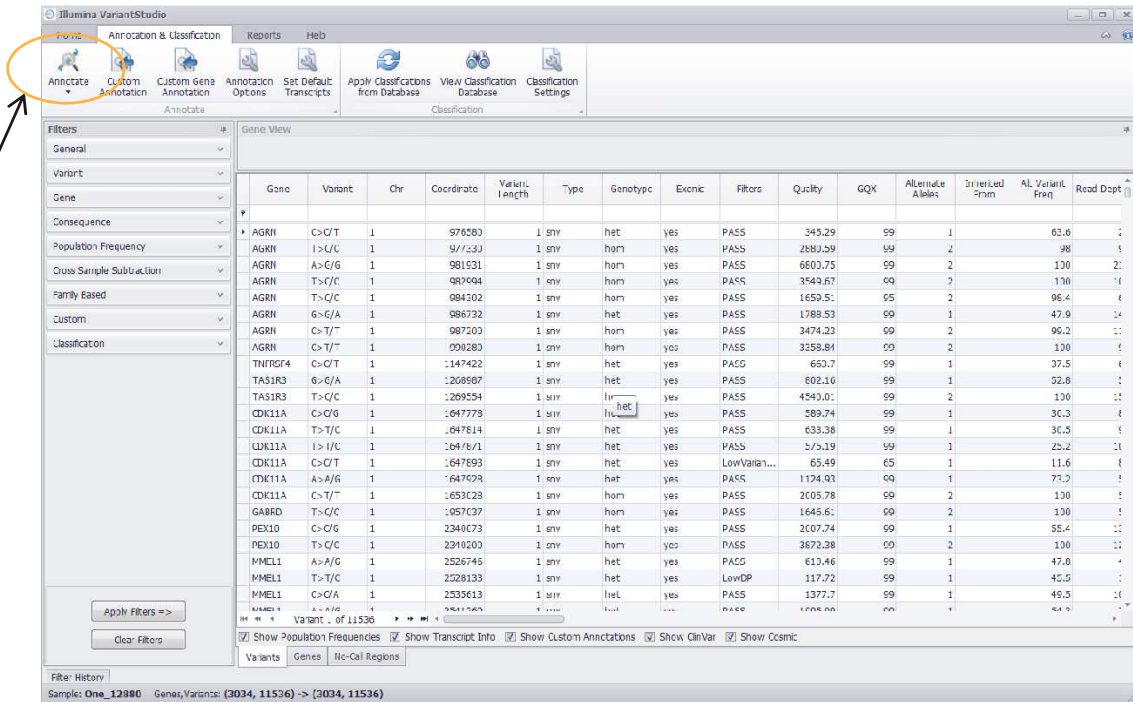
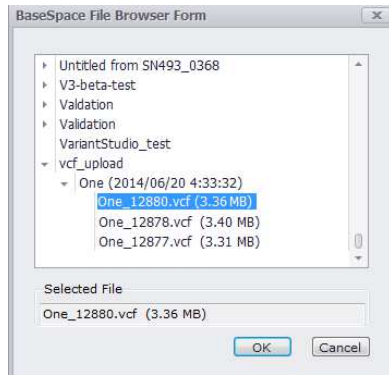
初めての場合同じくこちらから
デスクトップアプリをインストール

2回目からはこちらでLaunch



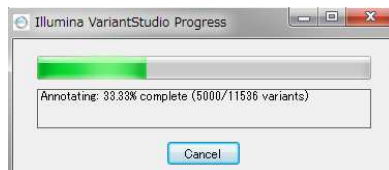
その後、
アプリケーション起動を押下

VariantStudio Appでvcfファイルを表示



VCFファイルを選択、OK

アノテーション開始!



VCFファイルを取込み完了

多様なフィルターで絞り込み(カスタム対応可能)



機能的影響

Consequence

Show only variants that are:

- Missense
- Frameshift
- Stop gained
- Stop lost
- Initiator codon
- In-frame insertion
- In-frame deletion
- Splice

Polyphen "damaging"

SIFT "deleterious"

遺伝子/構造関連

Gene Filter

Disease

Include List

Exclude List

Min Variant Alleles

Show only variants:

- Inside genes
- Inside coding regions
- In conserved regions

変異のタイプ

General Filters

Genotype

- Both
- Heterozygotes
- Homozygotes

Variant Type

- SNVs
- Insertions
- Deletions

Variant Call

Pass Filter

Quality >

Read Depth >

Alt Variant Freq > %

Chromosome

- All Chromosomes
- Autosomal
- Chromosome:

家系解析ベース

Family Based

Use Family Based Filtering

Type:

- X-linked Recessive
- Autosomal Recessive
- De novo mutation
- Autosomal Dominant

Mother:

Father:

Child:

Affected Siblings

人種集団におけるアレル頻度

Variant Frequency

- Global Frequency <
- American Pop Frequency <
- Asian Pop Frequency <
- African Pop Frequency <
- European Pop Frequency <
- EVS Frequency <

Set all to:

イルミナ ラボトレーニング開始！

The screenshot shows the Illumina website interface. At the top, there is a navigation menu with links for 'アプリケーション', 'システム', 'インフォマティクス', '臨床研究', '受託サービス', 'サイエンス', 'サポート', and 'カンパニー'. A search bar is located to the right of the menu. Below the menu, there are social media links for 'Subscribe', 'Follow us: [Twitter]', and 'Follow us: [Facebook]'. The main banner features the text 'イルミナ ラボトレーニング開始' in large orange characters, followed by 'MiSeqをご活用いただくためのハンズオントレーニング' and a '詳細はこちら' button. A central image shows a MiSeq sequencer with a DNA double helix and various icons. Below this, there are four smaller images with captions: 'NGSユーザーミーティング 2014 in 京都', 'デスクトップ型システム 新製品 NextSeq 500', 'イルミナ ラボトレーニング', and 'ウェビナーで最新情報を 研究に活用'. On the right side of the banner, there is a '製品検索' (Product Search) sidebar with a search bar, a dropdown menu, and a 'ログイン' (Login) section with input fields for 'Username/Email' and 'Password', and a 'ログイン' button. Below the login section is a 'Facebook' section with the Illumina logo and the text 'イルミナ株式会社 Facebook スタート'.

サンプルプレップ
+ データ解析 ハンズオン

<http://www.illumina.co.jp/support/training/off-site.ilmn>

サポートウェビナーにご参加いただき
ありがとうございました。

本日のセッション終了後のご質問は、
techsupport@illumina.com
で承ります。

Next is Now

Thank You.



© 2014 Illumina, Inc. All rights reserved.
Illumina, IlluminaDx, BaseSpace, BeadArray, BeadXpress, cBot, CSPro, DASL, DesignStudio, Eco, GAllx, Genetic Energy, Genome Analyzer, GenomeStudio, GoldenGate, HiScan, HiSeq, Infinium, iSelect, MiSeq, Nextera, NuPCR, SeqMonitor, Solexa, TruSeq, TruSight, VeraCode, the pumpkin orange color, and the Genetic Energy streaming bases design are trademarks or registered trademarks of Illumina, Inc. All other brands and names contained herein are the property of their respective owners.

illumina®