



2017 (第三届) 广州生物信息学高通量测序数据分析培训班

尊敬的 _____ 先生/女士，您好！

2017 (第三届) 广州生物信息学高通量测序数据分析培训班将于2017年11月在广州召开。

会议内容

随着新一代高通量测序技术的快速发展，在准确度大大提高的前提下，进一步降低测序成本。由此不断产生出巨量的分子生物学数据，这些数据有着数量巨大、关系复杂的特点，以至于不利用计算机根本无法实现数据的存储和分析。随着生物信息学作为新兴学科迅速蓬勃发展，正在改变人们研究生物医学的传统方式，高通量测序技术以及数据分析技术已成为探索生物学底层机制和研究人类复杂疾病诊断、治疗及预后的重要工具，广泛应用于生命科学各个领域，是21世纪生命科学与生物技术的重要战略前沿和主要突破口。为进一步推动我国生物信息学特别是基因组学的发展，提高从业人员的技术水平，由北京中科云畅应用技术研究院与中科院北京基因组研究所基因组科学与信息重点实验室联合举办“高通量测序应用最新技术与数据分析”高级培训班，并由北京中科润开生物科技有限公司具体承办，具体事宜通知如下：

一、培训目标及特点：

本培训以第三代测序、第四代测序技术的应用与数据分析、基因组、转录组为主题，精心设计了具有前沿性、实用性和针对性强的理论课程和上机课程。培训邀请的主讲人均是有理论和实际研究经验的人员。学员通过与专家直接交流，能够分享到这些顶尖学术机构的研究经验和实验设计思路。学员通过集中专题学习后能够扩展思路，在研究技术方面领悟更多。

二、培训对象：

大中专院校生物信息、生物计算、生命科学、医学、化学、农学、计算机科学、数学类专业的课程负责人、一线教师、教研室骨干人员、教学管理人员；科研单位从事生物、生命科学、微生物研究的相关人员；生物、医药、化学及相关企业的领导与技术骨干。

三、时间地点：2017年11月3日——11月7日 广州

(时间安排：第1天报到，授课4天)

四、培训内容

章节	内容
生物信息学介绍	生物信息学介绍与前沿技术动态
序列的比对	1、全局比对 Clustalw, Muscle, Hmmer 2、局部比对 Blast, Sim4, Genewise

	<p>2、序列比对 Blast, SIM4, GENESIE</p> <p>3、序列比对算法分析</p>
基因组/基因注释分析	<p>1、新一代测序技术原理和数据处理介绍</p> <p>2、基因组拼接与组装</p> <p>基因组de novo组装方法</p> <p>重复序列分析技术</p> <p>3、RNA分析</p> <p>tRNA,rRNA,microRNA,snoRNA</p> <p>RNA干扰, SiRNA预测技术</p> <p>4、基因预测</p> <p>原核: Glimmer, 真核: Genescan, Augustus</p> <p>5、基因功能注释及常用的数据库介绍</p>
基因组学研究概述	<p>1、 structural genomics: 结构基因组学</p> <p>2、 functional genomics: 功能基因组学</p> <p>3、 Drug discovery: 药物研发</p> <p>4、 Personalized medicine : 个性化、精细医疗</p>
DNA测序技术-转录组分析的进化	<p>1、第一代测序技术: Sanger测序原理</p> <p>2、第二代测序技术: Illumina, 454, Ion Torrent原理</p> <p>3、第三代测序技术: PacBio, Hellicos原理</p> <p>4、第四代测序技术: Oxford NanoPore原理</p> <p>5、其他技术Hybridization based methods (NabSys)</p>
Experimental procedure for transcriptomic analysis	<p>Introduction</p> <p>Number of duplications</p> <p>Sequencing coverage</p> <p>Transcriptomic analysis using NGS (RNA-Seq)</p> <p>Transcriptomic analysis using PacBio (Iso-Seq)</p> <p>IsoSeq Experimental design</p>
Data analysis (part 1) : data pre-processing	<p>evaluation of data quality 数据分析</p> <p>Data format , fasta , fastq , quality value , gff3 Data cleanup</p> <p>Quality filter, trimmer, clipper</p>
	<p>Gene discovery</p> <p>Trinity de novo transcriptome assembly</p> <p>Analysis of Differential Expressed Gene (DEGs)</p>

Data analysis (part 2) : reference free analyses (无参转录组分析)	Abundance estimation using RSEM Differential expression analysis using EdgeR Explore the results (cummeRbund) MA plot, Volcano plot, False Discovery Rate (FDR) hierarchical two-way clustering, pairwise sample-distance, gene expression profiles.
使用R语言进行生物信息学相关的分析	使用R语言相关的包对转录组等组学的高通量测序数据进行差异表达、富集分析等。 生物信息学专业图KEGG、GO等的绘制方法与运用R语言进行实现
基因组可视化软件circos的使用	使用circos绘制基因组圈图
生物信息学专业常用工具及绘图方法	应用生物信息常用的工具进行专业绘图及格式转换； 学BioEdit、WeGO等常用生物学专业软件的图表及格式转换

五、主讲专家：

主讲专家来自中科院等科研机构的高级专家，拥有丰富的科研及工程技术经验，长期从事生物信息领域项目研究，具有资深的技术底蕴和专业背景。

会议日程

会议嘉宾

会议门票

每人 ¥ 4300元 (含报名费、培训费、资料费、考试费、证书费) ，食宿可统一安排，费用自理。请各有关部门统一组织本地区行政、企事业单位报名参加培训，各单位也可直接报名参加。

