



## 高通量测序的基因定位技术培训班

尊敬的\_\_\_\_\_先生/女士，您好！

高通量测序的基因定位技术培训班将于2017年10月在西安召开。

### 会议内容

自从2005年高通量（NGS，新一代测序技术）技术诞生以来，短短十余年间，其发展速度日新月异。今天，高通量测序技术已经被广泛应用到生命科学研究的各个方面，可以说，该技术的迅速发展标志着生命科学中组学研究时代的到来。目前，学习、掌握和应用新一代测序技术已经成为广大生命科学工作者的迫切需求。

高通量测序技术在动植物基因组的基因组功能解析中发挥着重要作用，目前大量应用高通量测序技术对人类疾病，植物功能基因定位的高水平文章相继发表，从2012年第一篇全基因组关联分析（GWAS）至今；使用高通量测序技术完成了耳聋，自闭症，水稻株型等众多基因的定位工作，极大的推动了人类疾病和分子育种相关研究。

北京中科资环信息技术研究院特举办“高通量测序的基因定位技术培训班”，让参训学员掌握高通量测序的基本实验设计；全面的解析高通量测序技术在基因定位工作中的主流应用，包括GWAS分析，基于高密度遗传图的QTL，BSA混池技术。现将有关事宜通知如下：

一、主办单位：北京中科资环信息技术研究院

会议指定协办单位：北京中科硕博研计算技术中心

二、培训时间：2017年10月27日—10月29日 西安

时间安排：27日全天报到（早：8:30-晚8:30）

28日上课时间：上午：8:30-12:00-----下午：13:30-17:00 晚上：18:30-20:30

29日上课时间：上午：8:30-12:00-----下午：13:30-17:30

三、培训目标：

本培训将着重以下几个方面的培训：

- （1）掌握高通量测序的基本原理及相关实验设计；
- （2）掌握高通量测序下机数据的评估方法
- （3）学会高通量测序数据的一般处理流程及评估指标
- （4）学会通过高通量测序数据获得变异位点
- （5）学会BSA基因定位方法，了解GWAS及高密度遗传图等定位方法
- （6）了解高通量测序数据的其他分析
- （7）课程提供微信群和服务器资源供学员长期讨论问题使用

四、培训对象：

各高校和科研院所从事生物信息、遗传育种、基因遗传、基因定位、基因挖掘及其它相关领域教学和科研的工作

者，硕士、博士研究生，以及各省市、自治区农业科技推广部门的技术人员。

## 五、主讲专家：

主讲专家来自著名高校及科研机构的高级专家，拥有丰富的科研及工程技术经验，具有资深的技术底蕴和专业背景。

## 培训方式：

1、课程讲座；2、专题小组研讨与案例讲解分析结合；3、实际操作

## 课程大纲

方式	课程	内容
讲课 实操	第1章 高通量测序技术及测序实验设计与评估	<p>通过对测序原理的讲解，理解测序仪的特点以及各种建库操作对于样本的影响进而设计有针对性的高通量测序实验，同时讲解三代测序，光学图谱以及10X Genomics，Hi-C等实验技术原理，了解最新技术对于高通量重测序实验的作用；同时指导学员从下载高通量数据到处理，评估测序数据质量，彻底掌握高通量测序数据的前期处理；</p> <p>测序技术发展史</p> <p>高通量测序基本知识及原理</p> <p>主流测序技术的比较（一代，NGS，三代，光学图谱，10X Genomics，Hi-C）</p> <p>高通量测序文库选择</p> <p>下机数据的基本处理</p> <p>下机数据的衡量指标（附带操作）</p>
讲课	第2章 高通量测序的应用	<p>讲解高通量测序的广泛应用，包括组装，重测序,RNA分析的相关经典文章及案例；解析高通量测序文章的特点，进一步的理解重测序实验的相关参数，更加完整设计重测序实验；</p> <p>测序数据的主流分析</p> <p>RNA数据的分析及案例分析</p> <p>Denovo基因组及案例分析</p> <p>重测序数据一般分析</p>
实操	第3章 相关基础操作	<p>带领学员了解处理高通量数据的计算机环境及基本的语言入门，引导学员完成入门程序的编写及相关应用；</p> <p>Linux概述</p> <p>集群服务器</p> <p>Perl语言</p> <p>如何学习语言</p>

讲课	第4章 重测序数据分析及操作	<p>系统讲解重测序分析的步骤及原理，理解不同步骤的参数设置，实际操作一套群体测序样的变异位点获得及统计信息，同时统计各种高通量测序指标，真正理解高通量测序的实验设计；</p> <p>重测序数据常规分析概述</p> <p>重测序分析：比对</p> <p>重测序数据的衡量指标及基本实验设计</p> <p>重测序分析：变异位点的获得</p> <p>群体遗传基本分析流程及思路</p>
讲课 实操	第5章 基因定位(理论)	<p>通过讲解高分群体遗传文章，深入理解各种遗传学指标；了解如何灵活应用NJ tree, Pi, Fst, Tajima`D等数据说明群体结构，驯化历史等；讲解主流的GWAS，高密度遗传图谱，BSA三大高通量测序的基因定位技术，理解定位技术关键难点，掌握如何设计一套完整的重测序实验；</p> <p>群体遗传基础</p> <p>基于高通量测序的基因定位（GWAS方法高密度遗传图谱的QTL定位）</p> <p>混池定位方法（BSA）</p> <p>群体高通量测序的实验设计</p>
讲课 实操	第6章 重测序数据的分析流程	<p>通过一套实际的BSA测序数据，掌握从数据评估到候选区域分析的完整流程，以及候选位点的筛选；</p> <p>重测序数据如何获得变异位点</p> <p>BSA数据的处理</p>

## 会议日程

培训时间：2017年10月27日—10月29日 西安

时间安排：27日全天报到（早:8:30-晚8:30）

28日上课时间：上午:8:30-12:00-----下午:13:30-17:00 晚上:18:30-20:30

29日上课时间：上午:8:30-12:00-----下午:13:30-17:30

## 会议嘉宾

主讲专家：

主讲专家来自著名高校及科研机构的高级专家，拥有丰富的科研及工程技术经验，具有资深的技术底蕴和专业背景。

## 会议门票

**培训费用：**

3300元（报名费、培训费、资料费、午餐费）住宿可统一安排，费用自理。

发票可开具类型：培训费、会议费、资料费）

**注：凡参会学员赠送8G优盘，内附软件以及相关教材辅助学习资料！**

**报名方式：**

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。

**注：为保证授课质量，本次培训额定40人以内，如有意向参加，请及时报名。**

