



函

## 青岛——基因组、转录组、生物信息学数据分析培训班

尊敬的 \_\_\_\_\_ 先生/女士，您好！

青岛——基因组、转录组、生物信息学数据分析培训班将于2018年01月在青岛召开。

### 会议内容

#### 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实操课程。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 3、序列比对算法分析
基因组/基因注释分析	1、新一代测序技术原理和数据处理介绍 2、基因组拼接与组装 基因组de novo组装方法 重复序列分析技术 3、RNA分析 tRNA, rRNA, microRNA, snoRNA RNA干扰, siRNA预测技术 4、基因预测 原核: Glimmer, 真核: Genescan, Augustus 5、基因功能注释及常用的数据库介绍
基因组学研究概述	1、structural genomics: 结构基因组学 2、functional genomics: 功能基因组学 3、Drug discovery: 药物研发

	<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>
Data analysis ( part 2 ) : reference free analyses ( 无参转录组分析 )	<p>Gene discovery</p> <p>Trinity de novo transcriptome assembly</p> <p>Analysis of Differential Expressed Gene ( DEGs )</p> <p>Abundance estimation using RSEM</p> <p>Differential expression analysis using EdgeR</p> <p>Explore the results (cummerbund)</p> <p>MA plot, Volcano plot, False Discovery Rate (FDR)</p> <p>hierarchical two-way clustering, pairwise sample-distance, gene expression profiles.</p>
使用R语言进行生物信息学相关的分析	<p>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。</p> <p>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</p>
基因组可视化软件circos的使用	<p>使用circos绘制基因组圈图</p>

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
------------------	--

## 会议日程

## 会议嘉宾

## 会议门票

报名费：3900/人，团体报名5人，可赠送1个名额。

