



## 第三代测序技术及信息分析研讨班

尊敬的 \_\_\_\_\_ 先生/女士，您好！

第三代测序技术及信息分析研讨班将于2018年03月在北京召开。

### 会议内容

近年来，以PacBio为代表的第三代测序技术不断发展，形成了众多的突破性的成果。由于它融合了新颖的单分子测序技术和高级的分析技术，使人们首次实现了观测单个DNA聚合酶合成过程的梦想。它有着NGS技术无法比拟的高达3000 bp序列读长，成为新的科研利器。在去年发表的新的动植物基因组研究中，约有1/4运用了第三代PacBio测序技术，其中有的荣登了Science封面。基于PacBio测序与生物信息分析，解决了基因组学研究中结构变异、复杂二倍体基因组的单倍体定相等难题。本次研讨班以第三代测序技术及信息分析为主题，以理论+上机实践的方式，与您共同研讨学习三代测序。

**主办单位：**中国生物工程学会计算生物学与生物信息学专委会

**承办单位：**北京市计算中心 & 北京希望组生物科技有限公司

**协办单位：**云计算关键技术与应用北京市重点实验室

中国医药生物技术协会生物医学信息技术分会

北京市基因测序与功能分析工程技术研究中心

中国生物工程杂志

北京唐唐天下生物医学信息科技有限公司

北京微生太科技有限公司

**举办地点：**北京市海淀区丰贤中路7号北科产业3号楼，北京市计算中心三层会议室

**举办时间：**2018年3月10日-12日（报名中）上午9：30-12：00，下午13：30-17：00

### 会议日程

日期	主题	授课内容
第一天上午	PacBio测序技术介绍	高通量测序技术发展、机遇及挑战 PacBio测序技术、平台及原理介绍
	三代测序应用中样本提取和建库流程	PacBio测序（RSII和Sequel）的样本提取、质检及建库流程等
第一天下午	BioNano及HiC相关实验流程	BioNano光学图谱的样本提取、质检及建库流程等 HiC文库的样本提取、质检及建库流程等
	Linux系统基本操作	Linux系统简介 Linux基础操作 常用Linux命令学习与实践

第二天下午	PacBio测序在动植物基因组中研究应用	基于PacBio的动植物基因组文章深度解读
		基于PacBio动植物基因组组装注释流程 常用基因组组装软件(如FACLOM, PBJelly等)原理介绍 常用基因组注释方法介绍 基于PacBio动植物基因组组装的实例演示 (可选200M左右简单基因组进行实操, 分别用FACLOM和PBJelly组装注释)
第三天上午	PacBio测序在全长转录组中研究应用	基于PacBio全长转录组文章深度解读
		基于PacBio全长转录组分析流程 常用软件原理介绍 基于PacBio全长转录组分析实例演示 (可选1个Sequel SMRT Cell数据量进行全长转录本分类、聚类与校正)
第三天下午	PacBio测序在动植物基因组甲基化研究应用	基于PacBio全基因组甲基化分析流程 常用软件原理介绍 基于PacBio全基因组甲基化分析实例演示 (可选基因组中200M左右简单基因组数据进行实操)
	PacBio测序在微生物基因组研究应用	1. 微生物基因组概述 2. 基于PacBio 微生物基因组分析流程 3. 常用软件(如HGAP等)原理介绍 4. 常用数据库介绍 (Go, KEGG, CAzy等) 5. 基于PacBio微生物基因组组装的实例演示

(此表仅供参考, 授课内容以实际授课为准)

## 会议门票

### 【培训特色】

- 1、以实用技术为指导;
- 2、理论+上机相结合;
- 3、一线技术人员实践授课;
- 4、采取小班授课。

**【报名费用】** 培训费3800元/人, 含听课费、材料费、上机费和午餐。请自带笔记本电脑用以上机实习。材料:《高通量测序与高性能计算理论和实践》北京科学技术出版社。

### 【报名优惠政策】

- 1、3人以上团体报名每人可减少300元;
- 2、4+1团报, 可免费赠送一个名额;
- 3、上面优惠政策不能同时享受, 只能享受其中一种。

培训以收到学员培训费为成功报名, 培训座位按收到费用先后顺序安排。



