

多组学数据分析专业技能会议

会议通知

为帮助学员了解各组学与多组学研究的前沿进展，华大教育中心（原华大学院）秉承最前沿课程、高品质服务、重教学实践的宗旨，深度解析各组学与多组学数据分析经典案例，将华大集团积累的宝贵经验沉淀于《多组学数据分析专业技能研讨会》，当中，诚邀您一起交流学习、探讨实际工作中遇到的问题！

主办单位：深圳市华大教育中心

举办地点：中国 深圳

会议形式：线上直播 或 面授（可选）

会议时间：

基因组专题：2022.8.1 -8.5

转录组专题：2022.8.1 & 8.8-8.12

蛋白组与代谢组专题：2022.8.15-8.18

会议具体事项详见以下附件，特此通知！



联系人：深圳市华大教育中心

联系电话：0755-36352044

E-mail: training@service.genomics.cn

附件 1：会议安排

【会议对象】

从事生命科学、农学、医学等领域科研工作者和高校教师及研究生。

【会议安排】

基因组专题课程安排				
时间		课程		
开课前 远程集中学习		高通量测序原理	1、高通量测序技术原理与特点	
		常用核酸序列数据库	1、常用生物信息公共数据库资源介绍及应用	
			2、常用数据格式介绍	
			3、数据库批量下载以及常用工具应用	
		Linux系统操作基础理论	1、Linux系统简述	
			2、Linux 系统常用目录与文件操作命令	
第一天 (8月1日)	9:00-12:00	科研项目设计与案例解析	1、科研项目设计经典案例解析： 结合项目设计中失败与成功的案例，讲述如何设计规划一个好的项目，规避因项目设计不合理而带来的产出风险	
	2、如何进行项目研究与设计： 实验方案、数据分析方案、项目进度，难点解决，预期成果			
	14:00-17:30	Linux操作实践	1、Linux 系统常用目录与文件操作命令	
			2、Vi 编辑器的使用	
3、项目实操与答疑				
第二天 (8月2日)	9:00-18:00	基因组denovo 组装方法、常用软件与实践操作	1、测序数据质控分析	
			2、高质量序列拼接和组装方法及常用软件介绍	
			3、高质量序列拼接和组装常用软件实操	
			4、项目实操与答疑	
第三天 (8月3日)	9:00-18:00	基因组重测序及数据分析	1、数据过滤及质量评估	
			2、序列比对方法及常用软件介绍	
			3、变异检测方法及常用软件介绍	
			4、变异注释方法及常用软件介绍	
			5、项目实操与答疑	
第四天 (8月4日)	9:00-18:00	基因组注释及基因注释	1、基因结构预测及功能注释	
			2、蛋白结构域注释	
			3、重复序列注释	
			4、非编码RNA基因注释	
			5、其他功能元件注释	
			6、项目实操与答疑	
第五天 (8月5日)	9:00-18:00	群体基因组学研究策略 、分析方法与常用软件	1、群体基因组案例透析：项目设计、分析方案、结果解读	
			2、群体结构分析、关联分析等研究方法	
			3、群体基因组分析：数据分析与成果展示	

转录组专题课程安排							
时间		课程主题	课程内容				
开课前 远程集中学习		高通量测序技术原理	1、二代测序原理（视频课） 2、转录组学测序技术原理（视频课）				
		常用核酸序列数据库	1、常用生物信息公共数据库资源介绍及应用 2、常用数据格式介绍 3、数据库批量下载以及常用工具应用				
			R语言基础知识	1、安装R软件及所需R包（视频课&实践指导）			
第一天 (8月1日) 远程在线学习	9:00-12:00	科研项目设计与案例解析	1、科研项目设计经典案例解析： 结合项目设计中失败与成功的案例，讲述如何设计规划一个好的项目，规避因项目设计不合理而带来的产出风险； 2、如何进行项目研究与设计： 实验方案、数据分析方案、项目进度，难点解决，预期成果；				
	14:00-17:30	Linux操作基础	1、Linux系统简述 2、Linux 系统常用目录与文件操作命令 3、Vi 编辑器的使用 4、项目实操与答疑				
第二天 (8月8日)	9:00-11:30	前沿技术动态与研究方法	1、单细胞转录组学研究热点、技术优势与科研应用 (1) 新技术与新方向： 三代全长转录组（PacBio、ONT） 高通量单细胞RNA-Seq（10X Genomics）				
	14:00-18:00	转录组学与多组学关联整合分析	1、转录组学与多组学数据的获取 2、转录组学与多组学数据的解读与分析				
第三天 (8月9日)	9:00-12:00	转录组科研项目设计与数据分析	1、转录组科研项目设计要点与经典案例解析 案例1：转录组、小RNA组与代谢组关联分析解析丹参酮生物合成机制 案例2：转录组学与翻译组学解析酵母和高等植物翻译调控机制 案例3：拟南芥叶片的单细胞空间转录组学特征				
	14:00-18:00		2、转录组数据分析方法与流程： 用模拟数据为例，重现经典案例中转录组数据分析方法与流程 (1) 测序数据过滤和质控（SOAPnuke的使用） (2) 有参转录组序列比对（HISAT2的使用） (3) 基因表达定量（StringTie的使用） (4) 基因差异表达分析（DEseq2的使用） (5) 差异基因功能富集分析（DAVID、Enrichr的使用） (6) Excel实战分析 (7) 项目实操与答疑				
第四天 (8月10日)			ncRNA项目设计、经典案例解析与数据分析 实践操作	1、lncRNA生物学基础、技术优势、科研项目设计与科研应用案例解 案例1：PALM-seq探究新冠患者血浆游离RNA的分子特征 案例2：转录组与非编码转录组关联分析解析拟南芥抗逆境胁迫机制			
				2、lncRNA数据分析方法与流程实践操作 (1) lncRNA的数据特点与分析实例 (2) 序列比对与转录本拼接（HISAT2、StringTie的使用） (3) 转录本去冗余（cuffcompare的使用） (4) lncRNA的鉴定（CPC2） (5) lncRNA与mRNA的互作分析 (6) lncRNA与miRNA的互作分析（psRobot的使用） (7) 转录组结果可视化（IGV的使用） (8) 项目实操与答疑			
				第五天 (8月11日)	9:00-18:00	SCI核心期刊科研论文写作与数据可视化	1、论文发表热点、趋势、主题选择 2、科研论文写作的基本要求和方法 3、数据统计分析与结果可视化
						第六天 (8月12日)	9:00-18:00

蛋白质组与代谢组专题课程安排			
时间		课程	内容
第一天 (8月15日)	9:00-11:30	前沿技术动态与研究进展	1、蛋白质组/代谢组学前沿技术动态与研究方法
	13:30-15:30	科研项目设计与经典案例解析	1、蛋白质组学项目设计与案例解析
			(1) 蛋白质组经典案例-动植物方向
			(2) 蛋白质组经典案例-人复杂疾病方向
	16:30-18:00	蛋白质组实验技术与数据特点	1、质谱技术原理、实验设计与样本处理
			(1) 实验方案设计；样本预处理；质谱数据采集
第二天 (8月16日)	9:00-12:00	蛋白质组学鉴定	2、质谱实验室参观学习
			1、蛋白质组学鉴定原理
			2、蛋白质组学常用鉴定软件及使用方法
	14:00-18:00	蛋白质组学定量	3、蛋白质鉴定结果的可视化
			1、定量蛋白质组学原理及应用
			2、定量蛋白质组学统计方法介绍
第三天 (8月17日)	9:00-12:00	蛋白功能注释	3、差异蛋白质筛选及结果验证
			4、蛋白定量软件MaxQuant的使用及其后续结果分析
			1、下游分析之蛋白质功能注释数据库介绍
	14:00-16:00	蛋白质组学及关联整合分析项目设计及数据分析	2、蛋白质GO/Pathway功能注释(DAVID软件)
			3、蛋白质互作网络分析(String, Cytoscape软件)
			1、蛋白基因组关联整合分析设计思路及案例解析
第四天 (8月18日)	9:00-12:00	代谢组学	2、蛋白质组关联分析常用工具软件介绍及结果的可视化
			(1) 关联分析不同数据库ID转换工具介绍-关联分析的前提
			(2) 关联分析常用软件介绍与工具实战-关联分析的实战
		生物代谢标志物分析	(3) 关联分析可视化展示-关联分析进阶
			(4) 项目实操与答疑
			1、代谢组简介
	14:00-18:00	代谢组学关联整合分析	2、代谢组统计分析原理及metaboanalyst软件使用
			3、代谢组报告解读及调图系统演示
			1、代谢生物标志物分析理论
	9:00-12:00	代谢物通路分析	2、代谢生物标志物项目实操
			1、代谢物通路分析理论
			2、代谢物通路分析项目实操
	14:00-18:00	代谢组学关联整合分析	1、以代谢组为中心的关联整合分析项目设计思路与案例解析
			(1) 案例：多组学关联分析方案设计与经典案例解析
			(2) 实操：关联分析常用数据库、分析方法与工具
	14:00-18:00	代谢组学关联整合分析	2、代谢组学及多组学常用在线分析工具实操（3Omics等）

【注】深圳市华大教育中心保留对以上会议信息（包括主题、会议安排和其他细节等）进行调整的权利，具体课程信息以实际上课为准。

【收费标准】

专题	收费标准	转发价	团购价
基因组专题	6000	5400	5100
转录组专题	6000	5400	5100
蛋白质组与代谢组专题	5000	4500	4250
基因组&转录组联报	12000		10200
转录组&蛋白质组与代谢组联报	11000		9350
三个专题联报	17000		14450

【注】费用仅包含学费、教材费，会议期间可协助安排住宿，住宿费用自理。以上优惠

不能同时使用，最终解释权归华大教育中心所有。

【其他常见问题】

- 如何支付会议费？

可通过[在线支付](#)\[对公汇款](#)\[银行转账](#)等方式支付会议费。

- 本期会议课程是否可以使用我自己的笔记本电脑？需要什么配置？

自备电脑，Windows 或Mac 操作系统，CPU i5以上，内存8G 以上。

【报名方式】

报名二维码：



附件2：汇款信息

*** 汇款信息***

人民币：**X元/人**（按个人实际优惠情况办理汇款）

开户行：中国工商银行深圳保税区支行

开户名称：深圳市**市**华大教育中心

账号：4000 0255 0920 0144 415

汇款时请务必标明“**多组学会议-您的姓名**”

请完成汇款后，将您的汇款凭证发到邮箱：training@service.genomics.cn，正文注明以下信息，锁定席位。

- 1) 学员姓名
- 2) 汇款人姓名(如果学员与汇款人不同时)
- 3) 汇款账号
- 4) 学员单位
- 5) 汇款金额
- 6) 日期

