

# 多组学数据分析专业技能培训

## 培训通知

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培训》，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

培训形式：线上直播 或 面授（可选）

培训时间：

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

培训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：培训安排

### 【培训对象】

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。

### 【培训安排】

基因组专题课程安排			
时间		课程	
开课前 远程集中学习	常用核酸序列数据库	高通量测序原理 1、高通量测序技术原理与特点	
		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	
	Linux系统操作基础理论	3、数据库批量下载以及常用工具应用 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
	14:00-17:30		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 1、Linux 系统常用目录与文件操作命令
	9:00-18:00	基因组denovo 组装方法、常用软件与 实践操作	2、Vi 编辑器的使用 3、项目实操与答疑 1、测序数据质控分析
	9:00-18:00		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
	9:00-18:00		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
	9:00-18:00		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		1、Linux系统简介 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		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 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
	14:00-18:00		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
第四天 (8月10日)	9:00-12:00 14:00-18:00	lncRNA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	SCI论文投稿与发表	1、SCI论文辅体写作工具（文章图标设计与插图使用） 2、SCI论文投稿与发表

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
			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 2、质谱实验室参观学习
第二天 (8月16日)	9:00-12:00	蛋白质组学鉴定	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 3、蛋白质鉴定结果的可视化
	14:00-18:00		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 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
第三天 (8月17日)	9:00-12:00	蛋白功能注释	1、下游分析之蛋白质功能注释数据库介绍 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)
	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	1、蛋白基因组关联整合分析设计思路及案例解析 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 (3) 关联分析可视化展示-关联分析进阶 (4) 项目实操与答疑
	16:30-18:30		
	9:00-12:00	代谢组学	1、代谢组简介 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
第四天 (8月18日)	14:00-18:00		1、代谢生物标志物分析理论 2、代谢生物标志物项目实操
	9:00-12:00		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 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培训信息（包括主题、培训安排和其他细节等）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，培训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，最终解释权归深圳市华大教育中心所有。

### 【其他常见问题】

- 如何支付培训费？

可通过[在线支付\对公汇款\银行转账](#)等方式支付培训费。

- 本期培训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：**深圳市华大教育中心**

账号：**4000 0255 0920 0144 415**

汇款时请务必标明 “**多组学培训-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](mailto: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

