

2019年基迪奥转录组培训班邀请函

尊敬的老师：

您好！非常荣幸邀请您参加基迪奥2019年4月15-19日，在广州举办的转录组主题培训班。本次，基迪奥为广大的转录组研究者带来一次理论与操作紧密结合的培训班。一切从你得到的转录组数据出发，从结题报告→数据挖掘→图形美化→文章发表，“一条龙”的课程给学员提供开阔、清晰的研究思路，让学员快速掌握转录组数据的挖掘方法。

课程设置如下：

日期	分类	课程	大纲	类型	课时
第一天	基础知识铺垫	转录组研究概述与开课目标	1.转录组概述及研究进展 2. 数据挖掘的意义 3. 图形美化的意义 4. 数据挖掘方法: a) 基于表达量; b) 基于基因功能; c) 基于多组学贯穿	概述简介	3
		R语言入门	1.R语言概念及基础知识 2.数据简单操作: R包安装、函数指令、数据读取、R代码绘图、数据输出等	实际操作	4
第二天	基于表达量的数据挖掘	基于表达量分析的介绍	基于基因表达量的方法介绍: 差异分析、趋势分析、WGCNA背景介绍, 以及分析思路。	理论介绍	2
		差异分析与趋势分析	1. 差异分析实操; 2. 趋势分析实操;	实际操作	1
		差异分析作图	R语言图形绘制: 热图、小提琴图、盒形图、火山图 细节调节 omicshare平台图形绘制: 小提琴图、盒形图、热图、火山图	实际操作	3
第三天	基于基因功能与序列的数据挖掘	富集分析介绍	富集分析背景介绍、常见数据库	理论介绍	0.5
		富集分析作图	R语言图形绘制: 柱状图、气泡图	实际操作	1.5
			omicsmart图形绘制: 富集分析、气泡图、柱状图	实际操作	1
		GSEA富集分析方法原理	GSEA富集分析	理论介绍	1
		GSEA富集分析实操	GSEA 3.0软件作图	实际操作	1
		如何扯明星分子的关系	介绍如何寻找明星分子	理论介绍	0.5
		结构域分析	1. 蛋白三维结构图+序列展示图 2. 结构域+进化树 (针对蛋白家族)	实际操作	1
基因互作网络图——String数据库	string数据库的介绍	实际操作	1		
第四天	基于多组学贯穿的数据挖掘	多组学研究介绍	1. 多组学的介绍, 2. 与miRNA、lncRNA、蛋白/代谢关联分析的方法	理论介绍	1
		关联分析图	R语言图形绘制: 四象限图/九象限图 (转录组+蛋白关联)	实际操作	1
		调控网络图的分析	网络图基本概念 (RNA关联)	理论介绍	1
		调控关系绘制——Cytoscape作图	1. 实操: Cytoscape软件及使用详解 2. 实操: 利用Cytoscape完成网络图绘制 (包括共表达网络图 以及多组学贯穿网络图)	实际操作	4
第五天	数据挖掘练习、经验总结以及图形后期美化	Omicsmart动态报告与数据挖掘	1. 转录组经典文章思路解析 2. 以Omicsmart为基础, 行转录组研究数据挖掘 3. 利用Omicsmart, 快速绘制SCI文章图形	实际案例	3
		常见软件的使用	作图数据整理	实际操作	1
		图形美化	1. 基于AI软件进行图形美化 2. 流程图绘制	实际操作	2

培训班官方网站: www.omicshare.com/train

培训时间: 2019年4月15-19日

培训地点: 基迪奥(广州大学城青蓝街创智大厦)

报名方式: 发送姓名、单位、电话到邮箱
contact@genedenovo.com, 主题注明“转录组培训”

报名截止时间: 2019年4月12日

报名费用: 5000元/人(交通费住宿费自理), 报名费可以转账或现场刷公务卡

客服: 020-39341079/ 13126494345 (李先生)

转账信息:

户名: 广州基迪奥生物科技有限公司

账号: 727658227217

开户行: 中国银行番禺大学城北区支行

附言: “付款单位全称+付款人姓名+培训费”

