

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12月9-13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。

时间	系列	主题	课程内容	类型
第一天	概述简介	转录组研究概述	<ul style="list-style-type: none"> RNA类型介绍、对应测序手段简介 转录组在农学和医学中的应用和研究进展 RNA样本采集方法 转录组数据挖掘常见分析点 文章常见研究思路 课程的安排 	概述简介
		R语言入门介绍	<ul style="list-style-type: none"> R语言概念及基础知识 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
		常见数据处理技巧介绍	<ul style="list-style-type: none"> 常见分析数据类型、基于excel的数据转换、excel数据处理技巧介绍 	实际操作
第二天	专题理论实操	转录组表达量的分析内容简介	<ul style="list-style-type: none"> 转录组表达量的分析内容介绍 	理论介绍
		基于表达量分析的差异分析及绘图操作	<ul style="list-style-type: none"> 差异分析理论介绍 差异分析的关键参数介绍 差异分析的应用 R语言图形绘制：小提琴图、盒形图、火山图、韦恩图 	理论介绍
		基于表达量分析的趋势分析及绘图操作	<ul style="list-style-type: none"> 趋势分析的理论介绍 趋势分析的关键参数介绍 趋势分析的应用 stem软件进行趋势分析、R语言韦恩图 	理论介绍
		基于表达量分析的WGCNA及绘图操作	<ul style="list-style-type: none"> WGCNA的介绍 WGCNA的原理 WGCNA的数据挖掘方法 基于分组模块的热图绘制 	理论介绍
		基因ID转换	<ul style="list-style-type: none"> 基因ID转换方法 	实际操作
第三天	专题理论实操	转录组功能研究的分析内容简介	<ul style="list-style-type: none"> 转录组功能研究的分析内容介绍 	理论介绍
		基于富集分析的功能分析介绍及绘图操作	<ul style="list-style-type: none"> 常见做富集分析的数据库（GO/KEGG/DO/Reactome）、富集分析背景介绍 R语言图形绘制：柱状图、气泡图 	理论介绍
		GSEA富集分析方法原理和实操	<ul style="list-style-type: none"> GSEA富集分析原理介绍 GSEA 3.0软件作图 基于R制图 	实际操作
		基于数据库的功能分析介绍	<ul style="list-style-type: none"> 常见数据库的介绍（NR、Swissport、KOC/COG） 其他数据库的介绍（Pfam、SMART、TF、TMHMM等） 	理论介绍
		数据库介绍——TF转录因子数据库	<ul style="list-style-type: none"> 植物TF数据库的介绍及使用 动物TF数据库的介绍及使用 	实际操作
		基因互作网络图——String数据库	<ul style="list-style-type: none"> string数据库的介绍 实操：基因与基因的互作关系图绘制 	实际操作

第四天	多组学进阶提升	基于转录组的多组学研究简介	<ul style="list-style-type: none"> 转录调控的介绍 基于转录组的多组学研究方法（表观+转录组、非编码+转录组、转录组+蛋白/代谢） 	理论介绍
		新型表观技术+转录组的理论介绍	<ul style="list-style-type: none"> 新型表观技术+转录组的类型 新型表观技术+转录组的关联方法 新型表观技术+转录组的思路介绍 	理论介绍
		非编码RNA+转录组关联的理论介绍及作图	<ul style="list-style-type: none"> 两组学的关联方法及应用 ceRNA的关联方法及应用 基于R语言的桑基图绘制 	理论介绍
		转录组+翻译组/蛋白组/代谢组理论介绍及作图	<ul style="list-style-type: none"> 转录组+翻译组/蛋白组/代谢组的关联方法 转录组+翻译组/蛋白组/代谢组的应用 R语言图形绘制：四象限图/九象限图（转录组+翻译组/蛋白组关联） 	理论介绍
		网络图介绍及基于cytoscape的网络调控关系绘制	<ul style="list-style-type: none"> 调控网络图的概念及应用 实操：Cytoscape软件及使用详解 实操：利用Cytoscape完成网络图绘制 	
第五天	实用技能拓展	转录组研究思路与动态数据挖掘	<ul style="list-style-type: none"> 基于omicSMART进行原始数据的挖掘 基于omicSMART进行表格数据的挖掘（差异分析/趋势分析/富集分析） 基于omicSMART进行数据可视化分析（30+种图形可视化） 基于omicSMART进行目标基因集的分析 	实际案例
		转录组数据上传及技巧	<ul style="list-style-type: none"> 测序数据上传NCBI基本流程 数据上传常见报错和注意事项 转录组测序数据上传实操 	实际操作
		转录组文章图形处理技巧	<ul style="list-style-type: none"> SCI文章图形基础要求 AI软件基础操作 基于AI的图形编辑美化、组合图排版 	实际操作
		答疑及证书颁发		

培训班官方网站：www.omicshare.com/train

培训时间：2019年12月9-13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12月6日

报名费用：5000元/人(交通费住宿费自理)，报名费请转账

客服：020-39341079

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”

