

2019年夏季基迪奥重测序培训班课表

培训时间：2019年7月22-26日

天	课程名称	内容	类型	课时
第一天	开课说明与基因定位综述	1) 本次课程的目的 2) 介绍各类基因定位方法的特点, 以及所需掌握的知识	理论	1
	重测序基础入门	1) 介绍基因分型的几种技术的对比 2) 介绍重测序的核心基础知识	理论	1
	R语言入门	R语言基础语法、脚本解析、软件包安装、数据读入输出、图形绘制等	实操	3
	基于R语言的表型数据分析实操	1) 表型分布直方图的绘制 2) 异常值的查看与排除 3) 性状遗传力分析 4) 常用标准化方法的实现 5) BLUP分析	理论+实操	2
第二天	图谱构建与QTL定位的方法	1) 图谱构建的基本原理 2) QTL定位的基本实验设计要点 3) 区间作图法算法的原理	理论	2
	图谱构建软件Joinmap的使用	1) 连锁群的划分 2) 排图	实操	1
	图谱结果评价与调整	1) 连锁群内标记间重组率的评估 2) 单体型来源评价	实操	1
	QTL定位分析软件ICImapping的使用	1) IM与ICIM方法进行QTL定位 2) 结果解释	实操	1
	基迪奥QTL分析在线报告的使用	1) IM与CIM方法的使用 2) 结果个性化调整	实操	0.5
	BSA实验设计与理论基础介绍	1) BSA实验设计要点解析 2) BSA方法介绍以及延伸 (Mutmap等方法介绍)	理论	1
第三天	GWAS实验设计与理论基础介绍	1) GWAS实验设计的要点 2) GWAS常见算法模型介绍 3) GWAS结果解读的基本策略	理论	2
	群体结构的评估	1) 系谱关系矩阵的构建: kinship的获得方法 2) PCA分 3) structure分析	实操	3
	关联分析软件Tassel的使用	Tassel的操作与结果解读	实操+讲解	1
	使用R筛选GWAS结果	GWAS显著位点的筛选, FDR校正、BF阈值的确定	实操	0.5
第四天	关联分析软件plink介绍与常用功能使用	1) plink软件介绍 2) plink常见几个命令功能的介绍与实操	实操	2
	选择压力 (选择清除) 分析实验设计	1) 群体遗传实验设计要点 2) 群体遗传的算法介绍以及比较 3) 群体遗传数据解读的要点	理论	2
	选择压力 (选择清除) 分析实操	基于popgenome(R包) 软件的选择清除分析	实操	2
	局部单倍型图的绘制与解读	1) haploveview的使用 2) 参数调整与结果解读	实操	1
第五天	全局曼哈顿图的绘制	1) qqman、CMplot绘制 2) 使用自有脚本绘制特殊曼哈顿图 (点、柱形图, 线图 等)	实操	1
	局部曼哈顿图绘制	1) qqman绘制 2) 使用自有脚本绘制特殊曼哈顿图 (点、柱形图, 线图 等)	实操	1
	使用R进行QTL定位结果图示	1) 使用R/qtl进行LOD曲线图绘制 2) 多性状/多方法LOD组合图绘制 3) 在遗传图谱上标注QTL区间	实操	2
	特殊类型关联分析介绍	对expressionQTL(eQTL), metaboliteQTL(mQTL)等特殊类型的GWAS分析法进行介绍和比较	理论	1
	QTL结果位点后期挖掘与多组学应用	1) 理论讲解 2) 案例解析	理论	2