

2019年夏季基迪奥转录组培训班课表

培训时间：2019年8月12-16日

日期	时间	课程	大纲	类型
第一天	上午 9: 00-12: 00	转录组研究概述与开课目标	<ul style="list-style-type: none"> • 转录组概述及研究进展 • 数据挖掘的意义 • 图形美化的意义 • 各部分分析点用到的软件、文件 • 数据挖掘方法：基于表达量（第二天的课程）、基于功能（第三天的课程）、基于明星分析（第四天的课程） 	理论介绍
	下午 14: 00-18: 00	R语言入门	<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
第二天	上午 9: 00-12: 00	基于表达量分析的差异分析和趋势分析	差异分析、趋势分析、分析思路	理论介绍
		差异分析与趋势分析	<ul style="list-style-type: none"> • 基于omicsmart进行差异分析实操； • 基于omicsmart进行趋势分析实操； 	实际操作
		基于表达量分析的WGCNA	WGCNA背景介绍，分析思路	理论介绍
	下午 14: 00-18: 00	差异分析结果可视化	<ul style="list-style-type: none"> • R语言图形绘制：小提琴图、盒形图、热图、火山图 • 细节调节 	实际操作
omicshare平台图形绘制：小提琴图、盒形图、热图、火山图	实际操作			
第三天	上午 9: 00-12: 00	基于功能分析的介绍	富集分析背景介绍、常见数据库	理论介绍
		富集分析作图	R语言图形绘制：柱状图、气泡图	实际操作
		数据库使用操作	TF数据库	实际操作
	下午 14: 00-18: 00	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
		如何与明星分子扯关系	介绍如何寻找明星分子	理论介绍
		基于序列的分析	寻找明星分子的本地blast操作	实际操作
		结构域分析	<ul style="list-style-type: none"> • 蛋白三维结构图+序列展示图 • 结构域+进化树（针对蛋白家族） 	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	上午 9: 00-12: 00	多组学研究介绍	<ul style="list-style-type: none"> • 多组学的介绍， • 与miRNA、lncRNA、蛋白/代谢关联分析的方法 	理论介绍
		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
	KEGG富集个性化作图	KEGG在线绘制电路图（蛋白、代谢关联）	实际操作	
下午 14: 00-18: 00	Omicsmart动态报告与数据挖掘	<ul style="list-style-type: none"> • 文章思路 • Omicsmart：引领数据挖掘新潮流的第三代结题报告 • 以Omicsmart为基础，如何进行转录组研究数据挖掘 • 利用Omicsmart，快速绘制SCI文章图形 	实际案例	
第五天	上午 9: 00-12: 00	调控网络图的分析	网络图基本概念（RNA关联）	理论介绍
		调控关系绘制——Cytoscape作图	<ul style="list-style-type: none"> • 实操：Cytoscape软件及使用详解 • 实操：利用Cytoscape完成网络图绘制 	实际操作
		GO富集个性化作图	bingo插件的使用	实际操作
	下午 14: 00-17: 00	数据处理	NCBI转录组原始数据上传方法	实际操作
		基因ID转换	基因ID转换方法	实际操作
图形美化	<ul style="list-style-type: none"> • 基于AI软件进行图形美化 • 流程图绘制 • 细胞结构图绘制 	实际操作		