

北京中科云畅应用技术研究院

zkyc-02-1912

“分子标记的开发和系统发育基因组学实操班” “微生物宏基因组学与 16S”实操班”

各有关单位：

近年来，随着现代分子生物学的发展，特别是人类基因组计划的实施，不断产生出巨量的分子生物学数据，这些数据有着数量巨大、关系复杂，以至于不利用计算机根本无法实现数据的存储和分析。生物信息学大量的使用计算机技术进行分析工作，这就要求技术人员熟悉多种分析软件的使用方法及其在生物各领域的应用技术。为进一步推动我国生物信息学的发展，提高从业人员的技术水平，北京中科云畅应用技术研究院在中国电子学会（国家专业技术人员继续教育基地）的支持下举办此学习，并由北京中科润开生物科技有限公司具体承办，具体事宜通知如下：

指导单位：中国电子学会（国家专业技术人员继续教育基地）

主办单位：北京中科云畅应用技术研究院

一、主讲专家：

主讲专家来自中国医学科学院、中科院等科研机构的高级专家，拥有丰富的科研及工程技术经验，长期从事生物信息领域项目研究，具有资深的技术底蕴和专业背景

三、培训对象：

大中专院校生物信息、生物计算、生命科学、医学、化学、农学、计算机科学、数学类专业的课程负责人、一线教师、教研室骨干人员、教学管理人员；科研单位从事生物、生命科学、微生物研究的相关人员；生物、医药、化学及相关企业的领导与技术骨干。

四、报名须知：

A 类： ¥RMB:2900 元/人，（包含报名费、培训费、资料费、证书费）食宿可统一安排，费用自理学员，经培训考试合格后可以获得：由北京中科云畅应用技术研究院颁发的结业证书

B 类： ¥RMB:3200 元/人，（包含报名费、培训费、资料费、证书费）培训结束经考核合格，可获得由中国电子学会颁发全国电子信息人才能力提升工程专业《数据分析工程师》技术证书，依据人力资源社会保障部《国家级专业技术人员继续教育基地管理办法》（人社厅发〔2013〕53号）的要求，**本次学习情况可计入继续教育学时并作为对专业技术人员考核评价、职称评聘、聘用和执业注册的重要依据。**须提交电子版彩色照片，身份证复印件。

请各有关部门统一组织本地区行政、企事业单位报名参加培训，各单位也可直接报名参加，报名回执表请邮件发送至会务处。

五、时间地点：2019年6月27日—6月30日-分子标记的开发和系统发育基因组学（济南山东大学）
2019年7月19日——7月22日-宏基因组学与16S上机实操班（郑州）
（时间安排：第1天报到，授课3天）

六、课程内容：

生物信息学技术培训-分子标记的开发和系统发育基因组学

<p>一、分子鉴定的应用</p>	<ol style="list-style-type: none"> 1、微生物、动物、植物资源普查 2、检验检疫 3、中药材真伪鉴定 4、食品质量安全 5、疾病诊断和预防 6、分子育种
<p>二、High-throughput-sequencing (HTS) 原理简介</p>	<ol style="list-style-type: none"> 1、第一代测序技术: Sanger 测序原理 2、第二代测序技术: Illumina, 454, Ion Torrent 原理 3、第三代测序技术: PacBio, Hellicos 原理 4、第四代测序技术: Oxford NanoPore 原理 5、Hybridization based methods 6、测序技术的比较及展望
<p>三、Sequence-dependent 分子标记开发及应用</p>	<ol style="list-style-type: none"> 1、常用的 DNA 条形码标记: ITS, ITS1, ITS2, <i>trnH-psbA</i>, <i>rbcl-matK</i>, COI 等 2、常用 DNA 条形码鉴定方法: sequence similarity-based (Blast, Hidden Markov Model), tree-based, cutoff-based 3、筛选最优 DNA 条形码指标 <ol style="list-style-type: none"> (1)PCR amplification success (2)Sequencing efficiency (3)Species distinguishing power (4)DNA barcoding gap 4、DNA barcoding 相关数据库 <ol style="list-style-type: none"> (1)BOLD: Barcode of Life Database (2)BOMMD: Barcode of Medicinal Materials Database
<p>四、Chloroplast-dependent 分子标记开发及应用</p>	<ol style="list-style-type: none"> (1) 测序方案: 实验方法纯化还是生信方法纯化 (2) 组装方法: de novo vs. reference based, ACRE, IOGA, NOVOPlasty, Fast-Plast, k-mer-based。 (3) 注释流程: CPGAVAS2, GeSeq, DOGMA, AGORA (4) 特异性标记筛选流程: ecoprimer
<p>五、其他类型的分子标记开发与应用</p>	<ol style="list-style-type: none"> 1、Ultra-conserved element (UCE) 2、Low-copy nuclear (LCN) loci: sondovac 3、从 HTS data 中发现同源序列: OrthoFinder 4、从 HTS data 中发现 Intron-exon boundaries: MarkerMiner 5、Nuclear+organellar data: Hyb-Seq 6、transcriptome 7、Single Nuclear Polymorphic marker
<p>六、实验部分</p>	<ol style="list-style-type: none"> 1、虚拟机的安装及使用 2、linux 3、various mapping methods: bowtie2, samtools 4、various genome assembly method: SPADES, NOVOPlasty 5、R, ggplot

微生物宏基因组学与16S 上机实操班课程大纲

<p>一、微生物基因组</p> <ol style="list-style-type: none">1. 微生物基因组和转录组学研究<ol style="list-style-type: none">1.1、微生物基因组研究的意义1.2、微生物基因组研究概况1.3、微生物基因组的特点1.4、微生物转录组学研究2、微生物基因组常用软件介绍<ol style="list-style-type: none">2.1 微生物基因组在线圈图分析2.2 代谢通路分析（KEGG & KAAS）2.3 病原菌耐药基因鉴定（CARD & Resfinder）2.4 细菌基因组岛鉴定（Islandviewer）	<p>二、Linux 系统操作简介</p> <ol style="list-style-type: none">2.1 Linux 简史2.2 Linux 与生物信息学2.3 Linux 基本命令2.4 Linux 基本操作综合实践
<p>三、宏基因组学</p> <ol style="list-style-type: none">1. 16S rDNA AMPLICON SEQUENCING 法<ol style="list-style-type: none">1.1. 测序平台、引物设计及区域选择不同测序平台、针对细菌、真菌不同微生物实验设计1.2. 测序量及采样建议 针对水体、粪便、土壤、物体表面、口腔等不同生境1.3. 分析流程图 数据收集、数据预处理、数据分析1.4. 结果解析<ol style="list-style-type: none">1.4.1 OTU 聚类1.4.2 物种注释1.4.3 物种分布情况1.4.4 样品复杂度分析：α 多样性 Coverage Chao 指数 ACE 指数 Shannon 曲线 Richness rarefaction 曲线1.4.5 多样品比较分析：β 多样性 样品间物种丰度热图 排序分析： PCA 分析 PCoA 分析 NMDS 分析 Unifrac 分析 样品聚类分析2. DSS（direct?shotgun?sequencing）法<ol style="list-style-type: none">2.1. 分析流程2.2. 功能注释分析2.3. 代谢途径解析	<p>四、R 语言绘图</p> <ol style="list-style-type: none">4.1 R 语言基本介绍4.2 R 语言基本运算、向量函数4.3 R 语言数据读入以及导出 ggplot2 基本绘图（条形图、散点图、折线图等） <p>五、宏转录组学</p> <ol style="list-style-type: none">5.1 宏转录组学介绍5.2 宏转录组学定义5.3 宏转录组研究方法5.4 宏转录组研究内容5.5 宏基因组与宏转录组的差别 <p>六、宏基因组学实践应用</p> <ol style="list-style-type: none">6.1. 笔记本电脑配置要求建议笔记本内存 4G 以上，64 位操作系统6.2. 针对 16S rDNA amplicon sequencing 分析<ol style="list-style-type: none">6.2.1. 虚拟机安装：Virtual Box6.2.2. 16S 分析运行环境搭建：QIIME Virtual Machine6.2.3. 实例演示及结果展示 数据预处理 OTU 聚类 物种注释 OTU table 生成 α 多样性分析 序列比对 构建进化树 β 多样性分析6.3. 针对 shotgun sequencing 分析（只做流程演示讲解）<ol style="list-style-type: none">6.3.1. 序列质量控制：fastqc6.3.2. 序列拼接6.3.3. 基因预测及丰度分析6.3.4. 物种注释6.3.4. 功能注释6.3.5. MetaSPAdes、MEGAN、metAMOS 等软件介绍

八、会务组：康乐：186 1160 5232（同微信）

报名邮箱：zky_im@163.com

北京中科云畅应用技术研究院

2019年5月21日



北京中科润开生物科技有限公司

2019年5月21日



参会学员信息					
单位名称					
单位地址				邮 编	
联系人		电 话			传 真
学员姓名	性 别	学 历	身 份 证 号	手 机	邮 箱
费用合计	万 仟 佰 拾 元		缴 费 方 式	<input type="checkbox"/> 转账 <input type="checkbox"/> 刷卡	
证书选择	<input type="checkbox"/> A类 <input type="checkbox"/> B类		是 否 住 宿	<input type="checkbox"/> 是 <input type="checkbox"/> 否	
会场选择	<input type="checkbox"/> 济南 <input type="checkbox"/> 郑州				
报 名 需 知					
参会费用请汇款至以下单位： 户 名：北京中科云畅应用技术研究院 开 户 行：招商银行股份有限公司北京丰台科技园支行 账 号：110929081110801					
主要想解决问题：					
开具发票需要提供以下信息： 单位名称： 纳税人识别号： 地址、电话： 开户行及账号： 开票项目：（培训费、会议费任选其一） 会务组： 康老师：186 1160 5232（同微信）					