主題：利用NGS平台，在RNA研究的各項應用和發展

時間：103年5月8、9日(W四、五) 09:00~17:00  
地點：實驗大樓1樓L01教室

講者：韓祖晶-醫學研究部副總監/陳超-訊息分析經理(BGI講師)

內容大綱 : 介紹RNA-Seq(Quantification)、Transcriptome、Non-Coding RNA系列, 定序的分析方法、專案分享。

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| 時間 | | 課題 |
| 第一天  5/8 | 9:00-9:30 | 1、RNA研究進展介紹 |
| 1.1 成熟的分析方法 |
| 1.2 近年的熱門研究課題 |
| 1.3 面臨的問題和挑戰 |
| 9:40-10:40 | 2、RNA定量分析（RNA-Seq） |
| 2.1 定量分析的方法 |
| 2.2 篩選差異表達基因 |
| 2.3 功能富集分析 |
| 2.4 應用案例 |
| 10:50-12:00 | 3、RNA-seq結題報告解讀，專案分享，軟體介紹 |
| 14:00-14:40 | 4、轉錄組學分析——沒有參考序列（de novo） |
| 4.1 詳細介紹轉錄組組裝（Trinity） |
| 4.2 unigene功能注釋、GO分類、代謝通路分析等 |
| 4.3 應用案例 |
| 14:50-15:30 | 5、轉錄組學分析——有參考序列（ref） |
| 5.1 定量分析 |
| 5.2 結構變異檢測（AS、SNP、fusion等） |
| 5.3 應用案例 |
| 15:40-17:00 | 6、轉錄組結題報告解讀，專案分享，軟體介紹 |
| 第二天  5/9 | 9:00-10:50 | 7、非編碼RNA研究 |
| 7.1 Small RNA分析 |
| A) 幾種主要的sRNA生源概述 |
| B) miRNA鑒定及表達譜構建（基於mirbase資料） |
| C) miRNA表達模式分析（差異分析和聚類分析） |
| D) 其他種類ncRNA的鑒定 |
| E) novel miRNA預測方法原理 |
| F) miRNA靶基因預測 |
| 7.2 lncRNA 分析 |
| A) lncRNA研究進展 |
| B) lncRNA分析思路 |
| 11:00-12:00 | 8、lncNA結題報告解讀，專案分享，軟體介紹 |
| 14:00-15:50 | 9、miRNA綜合研究思路 |
| 9.1 miRNA靶基因與降解組研究 |
| 9.2 miRNA表達與mRNA表達聯合分析 |
| 9.3 miRNA研究與lncRNA研究 |
| 16:00-17:00 | 10、miRNA結題報告解讀，專案分享，軟體介紹 |

**感謝--『基龍米克斯**生物科技股份有限公司**』**提供研習活動協助。