

天津医科大学实验课教案首页

(共 2 页、第 1 页)

课程名称：系统生物学	实验名称：实验三 RNA-Seq 测序数据的处理	
教师姓名：伊现富	职称：讲师	教学日期：2017 年 3 月 22 日 13:30-16:30
授课对象：生物医学工程与技术学院 2014 级生信班（本）	实验人数：30	
实验类型（验证型、综合型、设计型、创新型）：验证型	实验分组：一人一机	
学时数：3	教材版本：系统生物学实验讲义（自编教材）	

实验目的与要求：

- 掌握 RNA-Seq 测序数据的分析流程。
- 熟悉 Tuxedo 套装的使用方法。
- 熟悉 Galaxy 的使用方法。
- 了解存储注释信息的 GTF/GFF 格式。

实验内容及学时分配：

- (10') 分析流程：回顾 RNA-Seq 测序数据分析的基本流程。
- (10') Tuxedo 套装：回顾 Tuxedo 套装的组件及各自的作用。
- (10') GTF/GFF 格式：回顾存储注释信息的 GTF/GFF 格式。
- (120') 实验操作：从双端测序的 RNA-Seq 测序数据中寻找差异表达基因。

主要仪器和实验材料：

- 实验材料：以 FASTQ 格式存储的双端 RNA-Seq 测序数据。
- 主要仪器：联网的计算机。
- 分析工具：Galaxy, Tuxedo 套装。

实验重点、难点及解决策略：

- 难点：GTF/GFF 格式；解决策略：通过实例进行讲解。
- 重点：Tuxedo 套装的使用；解决策略：根据资料进行学习，通过练习熟练掌握。

思考题：

- 总结 RNA-Seq 测序数据的分析流程。
- 列举 Tuxedo 套装的组件并解释各自的作用。
- 解释存储注释信息的 GTF/GFF 格式。

参考资料：

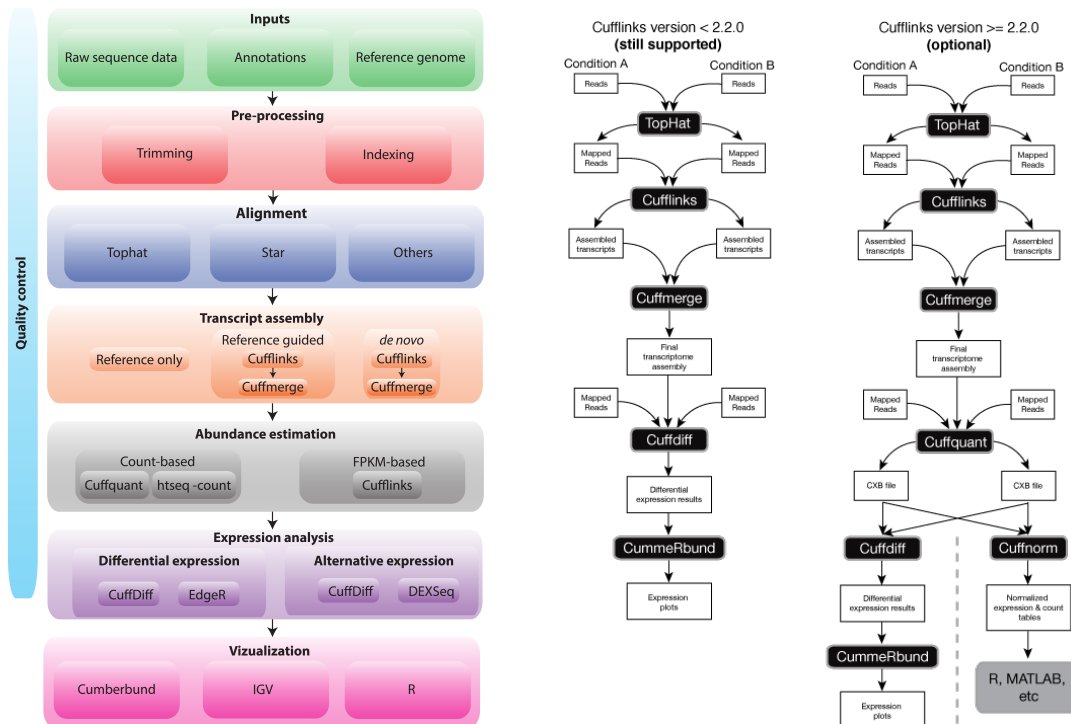
- Tuxedo 套装
- Galaxy

主任签字：

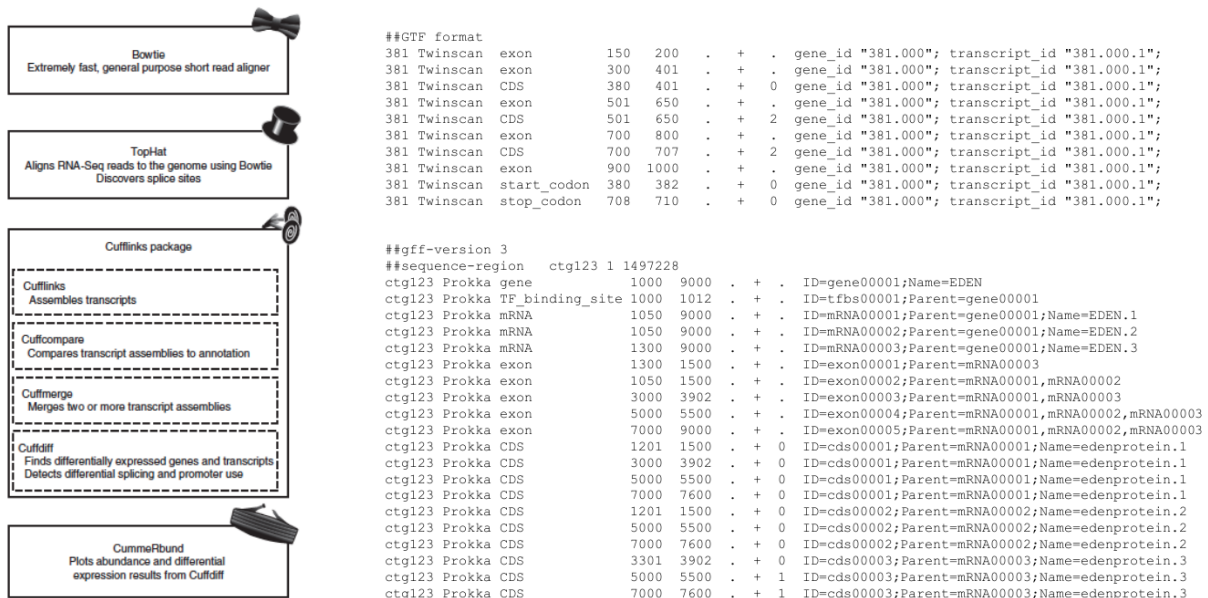
年 月 日

教务处制

一、分析流程 (10 分钟)



二、Tuxedo 套装 (10 分钟)



三、GTF/GFF 格式 (10 分钟)

四、实验操作 (120 分钟)

1. Upload data to Galaxy (比较导入数据的不同方法; 注意参数的设定)
2. Checking read quality with FastQC; Preprocessing (参照实验一)
3. Map with TopHat (尝试不同的参数设置; 理解输出结果的含义)
4. Assemble and analyze transcripts (理解参数和输出的含义)
5. Identify transcripts that are differentially expressed (理解参数和输出的含义)
6. Visualization with CummeRbund (尝试不同类型的可视化)