

天津医科大学理论课教案首页

(共 4 页、第 1 页)

课程名称：系统生物学 课程内容/章节：转录组学 (RNA-Seq 数据分析) / 第 3 章

教师姓名：伊现富 职称：讲师 教学日期：2017 年 3 月 8 日 8:00-10:00

授课对象：生物医学工程与技术学院 2014 级生信班 (本) 听课人数：30

授课方式：理论讲授 学时数：2 教材版本：系统生物学，第 1 版

教学目的与要求 (分掌握、熟悉、了解、自学四个层次)：

- 掌握 Tuxedo 套装的组成工具及各自的作用与使用方法。
- 熟悉 RNA-Seq 数据分析的常用工具。
- 了解 RNA-Seq 的在科学研究中的实际应用。
- 自学 RNA-Seq 数据分析工具的使用方法。

授课内容及学时分配：

- (5') 引言与导入：回顾 RNA-Seq 的基本流程。
- (30') RNA-Seq 数据分析：根据 RNA-Seq 的数据分析流程，简单介绍每个步骤的常用工具。
- (40') Tuxedo 套装：介绍 RNA-Seq 数据分析的 Tuxedo 套装，介绍组成套装的工具，讲解各自的作用与使用方法。
- (20') RNA-Seq 应用实例：根据文献报道，介绍 RNA-Seq 在差异表达分析、融合基因检测等方面的实际应用。
- (5') 总结与答疑：总结授课内容中的知识点与技能，解答学生疑问。

教学重点、难点及解决策略：

- 重点：RNA-Seq 数据分析的常用工具，Tuxedo 套装的使用。
- 难点：Tuxedo 套装的使用。
- 解决策略：通过实例讲解和比较类比帮助学生理解、记忆。

专业外语词汇或术语：

质量控制 (quality control)

基因集 (gene set)

多重检验 (multiple test)

辅助教学情况：

- 多媒体：RNA-Seq 数据分析的常用工具，RNA-Seq 的应用实例。
- 板书：RNA-Seq 数据分析流程，Tuxedo 套装。

复习思考题：

- 总结 RNA-Seq 数据分析的基本流程。
- 解释 RNA-Seq 数据分析中的 Tuxedo 套装。
- 列举 RNA-Seq 数据分析的常用工具。
- 总结 Tuxedo 套装的使用方法。

参考资料：

- 维基百科等网络资源。

主任签字：

年 月 日

教务处制

一、引言与导入 (5 分钟)

- RNA-Seq 实验流程: RNA \Rightarrow Fragment \Rightarrow cDNA \Rightarrow PCR \Rightarrow Sequencing
- RNA-Seq 分析流程: QC \Rightarrow Preprocessing \Rightarrow Mapping \Rightarrow Assembly \Rightarrow DE

二、【重点】RNA-Seq 数据分析 (30 分钟)

结合 RNA-Seq 的分析流程介绍工具及其作用

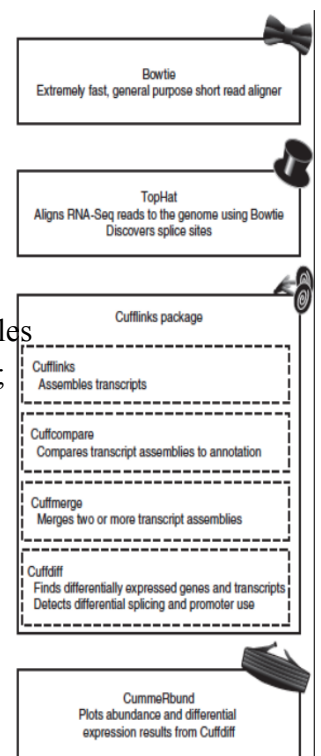
1. Quality control: FastQC, NGSQC, RNA-SeQC, RSeQC
2. Trimming and adapters removal: FASTX Toolkit, PRINSEQ, cutadapt
3. Alignment: TopHat
4. Transcriptome assemble: Cufflinks, Scripture
5. Expression: Cufflinks, DESeq, EdgeR, DEGseq, baySeq
6. Workbench: easyRNASeq, Galaxy, GenePattern, Taverna
7. Visualization: ngs.plot, GBrowse, IGB, IGV, SeqMonk, Tablet
8. Databases: ENCODE, RNA-Seq Atlas, SRA

Workflow	Category	Package
Preprocessing of raw data	Raw data QC	FastQC
		HTQC
		FASTX-Toolkit
Read alignment	Read trimming	FLEXBAR
		MAQ
		BWA
	Unspliced aligner	Bowtie
		TopHat
RNA-seq specific quality control	Spliced aligner	MapSplice
		STAR
		GSNAP
	RNA-seq specific quality control	RNA-SeQC
		RSeQC
		Qualimap 2
		Cufflinks
Transcriptome reconstruction	Reference-guided	Scripture
		StringTie
		Trinity
		Oases
		transABySS
	Reference-independent	ALEXA-seq
		Enhanced read analysis of gene expression (ERANGE)
		Normalization by expected uniquely mappable area (NEUMA)
		Cufflinks
		StringTie
Expression quantification	Gene-level quantification	RSEM
		Sailfish
		NOISEq
		edgeR
		DESeq
	Isoform-level quantification	SAMseq
		Cuffdiff
		EBSeq

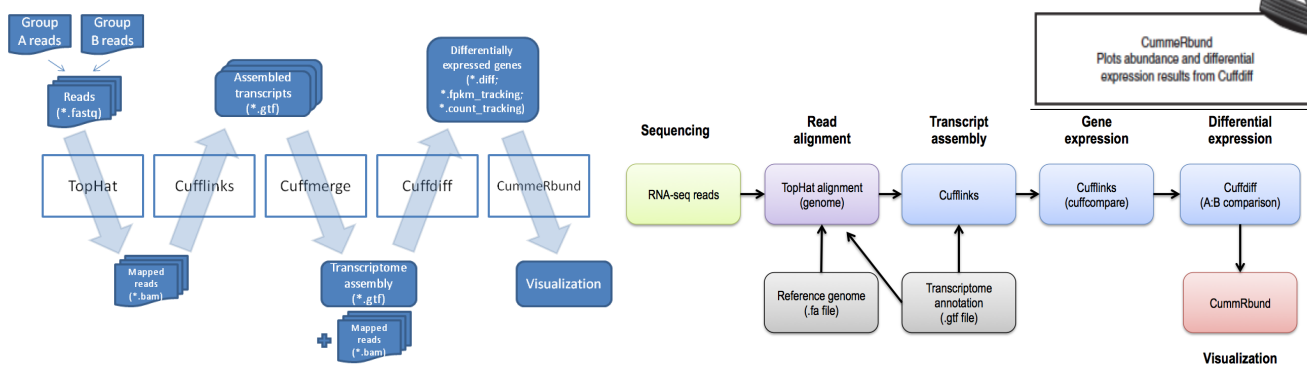
三、【重点，难点】Tuxedo 套装 (40 分钟)

结合 RNA-Seq 的分析流程进行讲解

1. Tuxedo 简介 (讲解每个工具的作用及相互之间的联系)
 - (1) Bowtie: Ultrafast short read alignment
 - (2) TopHat: Aligns RNA-Seq reads to the genome using Bowtie; Discovers splice sites
 - (3) Cufflinks package
 - Cufflinks: Assembles transcripts
 - Cuffcompare: Compare transcript assemblies to annotation
 - Cuffmerge: Merges two or more transcript assemblies
 - Cuffquant: Compute the gene and transcript expression profiles
 - Cuffdiff: Finds differentially expressed genes and transcripts; Detects differential splicing and promoter use
 - Cuffnorm: Normalize the expression levels from a set of samples to be on as similar scales as possible
 - (4) CummeRbund: Plots abundance and differential expression results from Cuffdiff

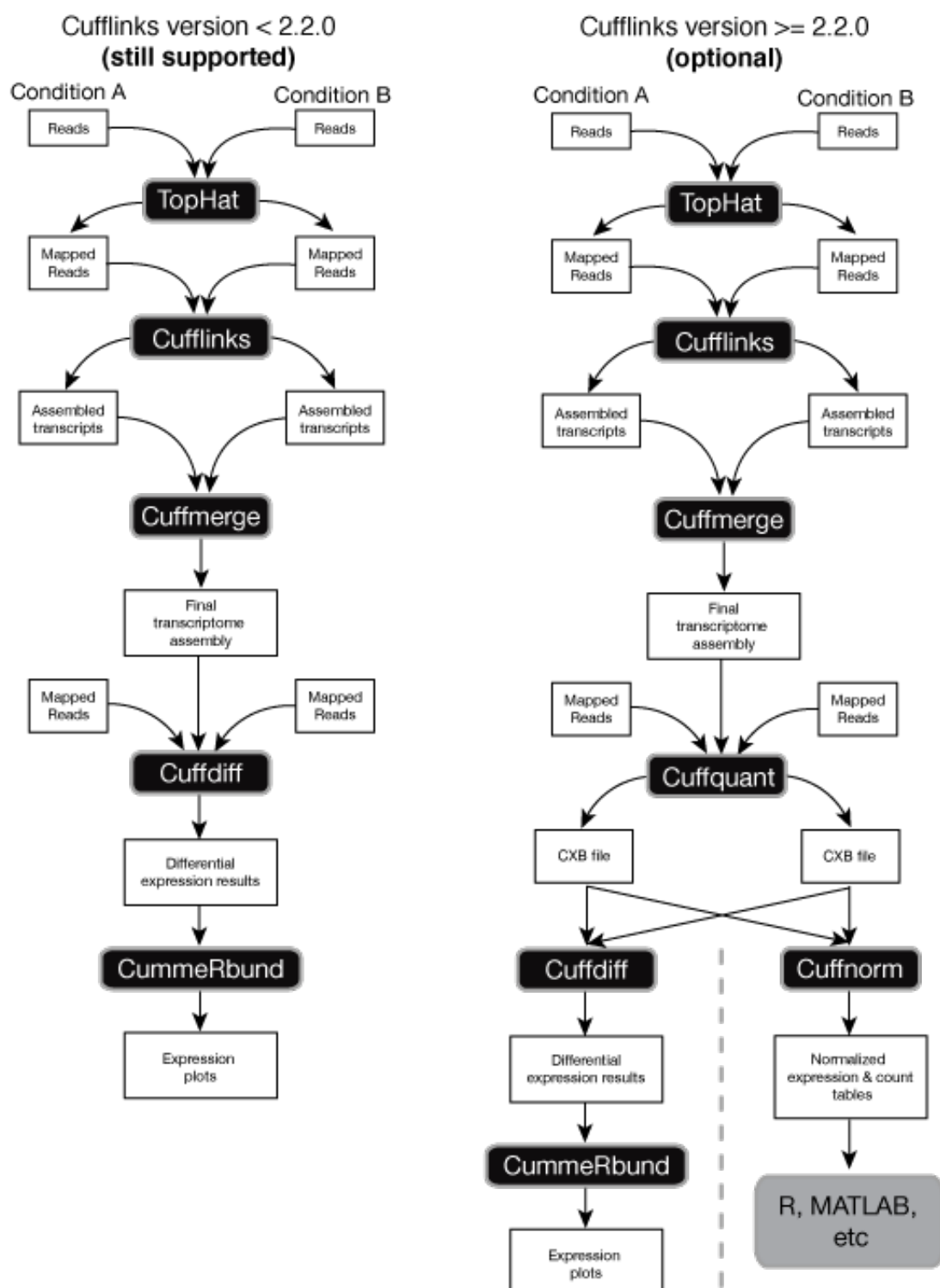


2. Tuxedo 使用 (结合工具之间的关联讲解套装的使用)



3. 补遗

- Multiple test: p-value vs. FDR
- Downstream analysis: DAVID, GSEA, GO, KEGG



四、RNA-Seq 应用实例 (20 分钟)

- DGE
- Fusion gene
- Splice variant
- Novel transcript
- lncRNA
- miRNA
- Alternative promoter use

五、 总结与答疑 (5 分钟)

1. 知识点

- RNA-Seq 数据分析：基本流程，常用工具
- Tuxedo 套装：组件，作用，使用方法
- RNA-Seq 应用实例：DGE, Fusion gene, ...

2. 技能

- 掌握 RNA-Seq 数据分析常用工具的使用方法
- 使用 Tuxedo 套装分析 RNA-Seq 数据