

# 数字游民从学徒作业开始

Original 生信技能树 生信技能树 2021-02-09 21:16

最近在朋友圈刷到了【一刻talks先见未来大会2020】的演讲视频，其中一个讲者很有意思、就是海尔集团海创汇合伙人，首席生态官——檀林，他的演讲：**数字游民时代来临，你做好准备了吗？** 详细演讲视频介绍见：[檀林：数字游民时代来临，你做好准备了吗？](#)

让我接触到了“数字游民”这个词，其实最先提出“数字游民”构想的是一位名叫Tsugio Makimoto的日本高管。早在1997年，他便出版了一本名叫《Digital Nomad》的书：“未来的人类社会，高速的无线网络和强大的移动设备会打破职业和地理区域之间的界限，成千上万的人会卖掉他们的房子，去拥抱一种在依靠互联网创造收入的同时周游世界的全新生活方式。这些人通过互联网赚取第一世界水平的收入，却选择生活在那些发展中国家物价水平的地方，他们被称作Digital Nomad（数字游民）。这种生活方式让他们彻底脱离了朝九晚五，办公室格挡和令人烦恼的通勤。”

如果你了解了“数字游民”这个概念，也有兴趣，有志于成为这样的数字游民，那么你现在所选择的《生物信息学》就是一个绝佳赛道。当然了，绝大部分小伙伴目前的技术实力谈不上独当一面，成为“数字游民”的路道阻且长，我这里有一个系统性提升自己能力的方案。

## 完成我的100个学徒作业

我先列出来前面的71个题目，目录如下：

1. [生信编程直播课程优秀学员作业展示1](#)
2. [生信编程直播课程优秀学员学习心得及作业展示3](#)
3. [生信编程直播课程优秀学员作业展示2](#)
4. [给学徒的GEO作业](#)
5. [这个WGCNA作业终于有学徒完成了！](#)
6. [上次说的gmt函数\(学徒作业\)](#)
7. [拖后腿学徒居然也完成作业，理解RNA-seq数据分析结果](#)
8. [肿瘤外显子视频课程小作业](#)
9. [ChIPseq视频课程小作业](#)

10. [Agilent芯片表达矩阵处理\(学徒作业\)](#)
11. [学徒作业：TCGA数据库单基因gsea之COAD-READ](#)
12. [学徒作业-在CCLE数据库里面根据指定基因在指定细胞系里面提取表达矩阵](#)
13. [学徒作业-指定基因在指定组织里面的表达量热图](#)
14. [学徒作业-我想看为什么这几个基因的表达量相关性非常高](#)
15. [学徒作业：给你8个甲基化探针，你在tcga数据库进行任意探索](#)
16. [学徒作业-根据我的甲基化视频教程来完成2015-NPC-methy-GSE52068研究](#)
17. [RNA芯片和测序技术的比较（学徒作业）](#)
18. [学徒作业-单基因的tcga数据挖掘分析](#)
19. [ATCC终于出来了organoids资源](#)
20. [拿到7个DDR通路的基因集-学徒作业](#)
21. [绘图本身很简单但是获取数据很难](#)
22. [都说lncRNA只有部分具有polyA尾结构，请证明](#)
23. [学徒作业-hisat2+stringtie+ballgown流程](#)
24. [学徒任务-探索DNA甲基化的组织特异性](#)
25. [用WES和RNA-Seq数据提取到的somatic SNVs不一致](#)
26. [《GEO数据挖掘课程》配套练习题](#)
27. [一个甲基化芯片数据被挖掘好几次（学徒作业）](#)
28. [二十年前做科研你只需要检测一些基因在一些癌症细胞系表达量情况即可](#)
29. [仅提供bam文件的RNA-seq项目重新分析](#)
30. [乳腺癌和结直肠癌的基因分型居然可以应用于前列腺癌](#)
31. [我教程的第一个外国读者](#)
32. [10个细胞系仅1个表达你的基因](#)
33. [根据CNV信号对细胞系分组后看表达量差异（这就是多组学的一种方式）](#)
34. [狗也有乳腺癌（也有人研究）](#)
35. [怎么样成功看到影响病人生存的隐藏因素呢](#)
36. [把基因数量搞小的数据挖掘想法是好的但可能不现实](#)
37. [《GEO数据挖掘课程》配套练习题粗浅的答案](#)
38. [RNA-seq的3的差异分析R包你选择哪个](#)
39. [不同样本的WES数据分析时多比对区域是否有差异](#)
40. [能重复出来图表，却不知自己正确与否？](#)

41. [10X的单细胞转录组原始数据也可以在EBI下载](#)
42. [文章的最高境界-让人无法重复出来???](#)
43. [单细胞RT-PCR表达量数据也可以差异分析](#)
44. [10X单细胞转录组的测序数据量这么少是什么原因](#)
45. [什么，ENA和SRA数据库存放的单细胞转录组测序数据并不一致啊?](#)
46. [SNV和INDEL仅仅是比较数量吗?（学徒作业）](#)
47. [哦别做梦了!](#)
48. [BRCA1和BRCA2基因敲除小鼠的单细胞转录组](#)
49. [凭什么定位到UBR5基因](#)
50. [为何要劳民伤财做同样的数据](#)
51. [张泽民团队的单细胞研究把T细胞分的如此清楚](#)
52. [最适合ChIP-seq实战的文献推荐](#)
53. [常规转录差异建议都加上一个转录因子数据](#)
54. [并不一定要单细胞转录组才能看肿瘤免疫微环境个细胞亚群比例](#)
55. [为什么这个研究不使用inferCNV来判定细胞恶性与否呢](#)
56. [什么时候细胞周期的分类作用大于细胞类型呢](#)
57. [小RNA建库测序后的数据分析-实例讲解](#)
58. [新的ngs流程该如何学习（以CUT&Tag 数据处理为例子）](#)
59. [人人都能学会的单细胞聚类分群注释](#)
60. [新的ngs流程该如何学习之m6A学习大纲](#)
61. [看看这45篇文章有啥规律](#)
62. [把tcga大计划的CNS级别文章标题画一个词云](#)
63. [如今的测序和八年前的芯片差异大吗](#)
64. [circRNA芯片也是同样的差异分析](#)
65. [拷贝数全景图聚类分群找差异](#)
66. [人鼠基因转换之首字母大写](#)
67. [带着文件夹结构的拷贝](#)
68. [谁说单细胞工具一定要应用于单细胞数据呢](#)
69. [10x单细胞表达矩阵你也敢用Excel打开](#)
70. [多个gsea数据集整合为什么一定要纠结批次效应](#)
71. [基于小鼠的基因集数据库资源](#)

完成学徒作业，以markdown笔记的形式发到我邮箱，我会抽时间集中检查，挖掘其中足够优秀的小伙伴进行重点培养，给与更高级的学习资料或者个性化的学习指引，并且提供一定量的项目兼职测试一下你成为“**数字游民**”的潜力。

加油哦，我的邮箱是 [jmzeng1314@163.com](mailto:jmzeng1314@163.com)

## 文末友情推荐

- 《[2021生信学习班起航，先送福利](#)》
- 《[96核心384G内存的超级服务器\(共享\)使用权一年](#)》

此推文的封面图来源于文献：《Elevated NSD3 histone methylation activity drives squamous cell lung cancer》

People who liked this content also liked

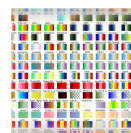
三天写完一个微信小程序!!!

fairy with you



如果你是QGIS用户，真诚的向你推荐它自带的隐藏色带系统；如果使用ArcGIS，那么推荐一个网站给你！

GIS荟



北京科技大学王戈&北京师范大学陈晓 ACS Nano综述：相变材料“相遇”气凝胶 - 基础、进展和未来

高分子科技

