



## 生物信息数据处理与Perl语言编程 应用专题培训班

尊敬的 \_\_\_\_\_ 先生/女士，您好！

生物信息数据处理与Perl语言编程应用专题培训班将于2017年06月在北京召开。

### 会议内容

Perl语言作为绝大多数生物信息学工作者首选语言之一。北京市计算中心生物计算事业部针对没有任何计算机语言的生物学、医学、农学等人员，且有从事生物信息学工作相关研究工作的需要。欢迎您报名参加！

举办地：北京，北京市海淀区丰贤中路7号北科产业3号楼

培训时间：2017年6月26日-28日（报名中）上午9：30-12：00，下午13：30-17：00

### 【培训特色】

- 1、对口生物信息；
- 2、非严格语法，适合初学；
- 3、功能强大、跨平台；
- 4、有巨大的第三方代码库CPAN

### 会议日程

培训内容及安排：

日期	授课题目	授课内容
第一天	概述	1. 生物信息学数据处理概述； 2. Perl语言简介特点与数据处理的优势与应用范围
	运行调试	3. Perl语言解释器、编辑器安装； 4. Perl运行环境测试与程序编写； 5. UltraEdit软件应用与生物信息学数据文件处理； 6. 基于宏的perl语言快速编程
	操作基础	7. Perl语言基本变量、操作符、判断结构；循环结构； 8. Perl语言常用函数的功能应用； 9. 生物学数据文件的读入与输出。

		<p>9. 生物信息学常见文件的分割、合并、过滤、信息提取等；</p> <p>10. 生物信息学常见文件的分割、合并、过滤、信息提取等；</p> <p>11. 批量自动化数据文件操作</p>
第二天	生物信息实例应用	<p>12. 常用生物信息学数据文件格式简介；</p> <p>13. 用perl从NCBI、ENA等数据库批量下载基因序列；</p> <p>14. 用perl进行生物学数据文件格式转化；</p> <p>15. 用perl编程从Fasta、GBK、Fastq、PDB等提取关键生物学数据信息；</p> <p>16. 用perl批量自动化下载基因序列；</p> <p>17. 用perl进行DNA到protein批量翻译；</p> <p>18. 用perl批量DNA序列反向互补；</p>
	高级数据处理	<p>19. Perl语言的数组、二维数组、hash表用法；</p> <p>20. 用perl自动化从表格数据提取信息；</p> <p>21. 矩阵数据文件的生成与应用</p> <p>22. 二代测序NGS、GWAS等生物信息分析中perl的应用</p>
第三天	模块与子程序	<p>23. perl子程序与模块应用；</p> <p>24. 强大的正则表达式的应用；</p> <p>25. 用perl进行基因ID列表比较、筛选与统计；</p>
	Perl的高级应用	<p>26. Perl第三方代码库CPAN的简介与应用；</p> <p>27. Bioperl模块与应用；</p> <p>28. 常用生物信息学程序实例；</p> <p>29. 用perl进行批量自动化本地blast比对及数据分析；</p> <p>30. 基于perl的circos基因组作图工具介绍；</p>

(此表仅供参考，授课内容以实际授课为准)

## 会议门票

注册费：3000元/人（含听课费、资料费、上机费、午餐，请自带笔记本电脑以备上机实践使用），主办方协助安排入住酒店，住宿费用自理。

### 【报名优惠政策】

- 1、3人以上团体报名每人可减少400元；
- 2、4+1团报，可免费赠送一个名额
- 3、上面优惠政策不能同时享受，只能享受其中一种。

培训以收到学员培训费为成功报名，培训座位按收到费用先后顺序安排。



