数据分析培训

时间: 2020 年 12 月 9 日 地点: 昆明惠玥温德姆酒店

一、培训目的

针对生物信息学背景较弱的研究生和科研人员,通过培训能快速并准确地掌握细胞器基因组 de novo 组装和注释,提高数据处理和分析能力。

二、培训目标

本次培训讲座和演练相结合,课程将会从软件包安装开始,逐步深入进行数据组装、处理和相关的多样性、物种鉴定和系统发育分析等。

三、培训内容安排

- 1. DNA 测序技术和质体基因组介绍
- 2. 细胞器基因组装软件 GetOrganelle 工作流程介绍
- 3. 叶绿体基因组结构变异和常见问题
- 4. 细胞器基因组注释方法
- 5. DNA 序列比对方法和常用方法

四、培训团队

郁文彬,中国科学院西双版纳热带植物园,副研究员

金建军,美国哥伦比亚大学,博士后

张志荣,中国科学院昆明植物研究所,工程师

李 鑫,中国科学院西双版纳热带植物园,研究实习员

五、注意事项

- 1. 参加人员需自带笔记本电脑, 了解 Linux 或 macOS 常用操作命令;
- 2. 从事过 DNA 序列处理、比对和分析;
- 3. 了解高通量测序数据和 de novo 组装。