北京中科云畅应用技术研究院

CCATRI-07-18721

**关于举办“精准医学与药物基因组测序应用最新技术与数据分析”系统培训班**

**各有关单位:**

近年来，随着我国精准医疗产业迅速发展，精准医疗技术的研究与应用取得了长足的进步。精准医学研究作为科技部国家重点研发计划重点专项，对构建国家大型健康队列和重大疾病专病队列，建立多层次生物医学大数据共享平台，建立大规模疾病预警、诊断、治疗与疗效评价体系等方面具有重要意义，是显著提升人口健康水平、实施健康中国战略过程中不可或缺的一部分。

精准医学的最终目的是实现对于疾病和特定患者的个体化精准治疗，提高疾病的诊治与预防效益，而精准用药正是实现这一目标的重要环节。在医药分开持续推进的过程中，药师转型的速度明显加快，药师群体也希望提升自身业务水平以适应这次改革浪潮。同时，近几年基因检测飞速发展，测序技术的突破也带动了药物基因组学的发展，这为临床提出了更高要求。为进一步推动我国生物信息学方面的发展，提高从业人员的技术水平，由北京中科云畅应用技术研究院举办“**精准医学与药物基因组数据分析**”高级培训班，并由北京中科润开生物科技有限公司具体承办，具体事宜通知如下：

**一、课程特点：**

1、系统介绍科研项目如何从大思路着眼进行海量数据挖掘；

2、结合各大项目实践经验，详细介绍多种数据分析软件的使用方法；

3、理论课与实践课相结合，讲师与学员研讨的方式进行；

4、精心挑选相应的上机软件，为每位学员提供实际操作的机会；

5、课下主讲老师为您所遇到的瓶颈问题提供个性化解答。

**二、培训对象：**

生命组学科、精准医学和中医药研究机构、临床科研人员，大学、医院等专家学者。大中专院校生物信息、生物计算、生命科学、医学、教研室骨干人员、教学管理人员；科研单位从事医学、生物、生命科学、相关人员；生物、医药、化学及相关企业的领导与技术骨干。

**三、时间地点**： **2018年11月9日——11月12日 北京**

**（时间安排：第1天报到，授课3天）**

**四 、培训内容**

|  |  |
| --- | --- |
| **章节** | **内 容** |
| **基因组学技术在临床中的应用** | **1.外显子捕获测序（WES）技术**  ***2.WES*筛选疾病致病基因策略**  **3.基于NGS的肿瘤个体化数据分析**  **4.临床案例分析**  **5.生存分析基本概念以及常用分析方法** |
| **基因组学技术在致病基因发现** | **1.药物基因组学分析**  **2.临床案例分析**  **3.应用二代测序技术研究发病机理、开发临检标志物** |
| **宏基因组与精准医疗** | **1．16S rDNA AMPLICON SEQUENCING 法**  **1.1. 测序平台、引物设计及区域选择不同测序平台、针对细菌、真菌不同微生物实验设计**  **1.2. 测序量及采样建议**  **1.3. 分析流程图**  **1.4. 结果解析**  **2. DSS （direct shotgun sequencing）法** |
| **R语言绘图（ggplot2）** | **R语言基本介绍**   1. **R语言基本运算、向量函数**   **2、R语言数据读入以及导出**  **3、ggplot2基本绘图 （条形图、散点图、折线图等）**  **4、部分生存分析实例讲** |
| **变异位点分析软件GATK上机操作** | **1.基本信息分析： raw data 数据整理及数据质量评估；**  **2.数据通过GATK, SAMtools 等检测SNP 和InDel 变异信息；**  **3.将SNP 和InDel 与dbSNP 和千人基因组数据进行比对分析；**  **4.变异所在基因的功能注释；** |
| **16S分析软件QIIME上机操作** | **一、Linux系统操作简介**  **1.1 Linux简史**  **1.2 Linux与生物信息学**  **1.3 Linux基本命令**  **1.4 Linux基本操作综合实践**  **二、QIIME上机操作**  **1. 笔记本电脑配置要求建议笔记本内存4G以上，64位操作系统**  **2. 针对16S rDNA amplicon sequencing分析**  **2.1. 虚拟机安装：Virtual Box**  **2.2. 16S分析运行环境搭建：QIIME Virtual Machine**  **2.3. 实例演示及结果展示**  **数据预处理**  **OTU 聚类**  **物种注释**  **OTU table生成**  **α多样性分析**  **序列比对**  **构建进化树**  **β多样性分析**  **3. 针对shotgun sequencing分析（只做流程演示讲解）**  **3.1. 序列质量控制：fastqc**  **3.2. 序列拼接**  **3.3. 基因预测及丰度分析**  **3.4. 物种注释**  **3.5. 功能注释**  **3.6. MetaSPAdes、MEGAN、metAMOS等软件介绍** |

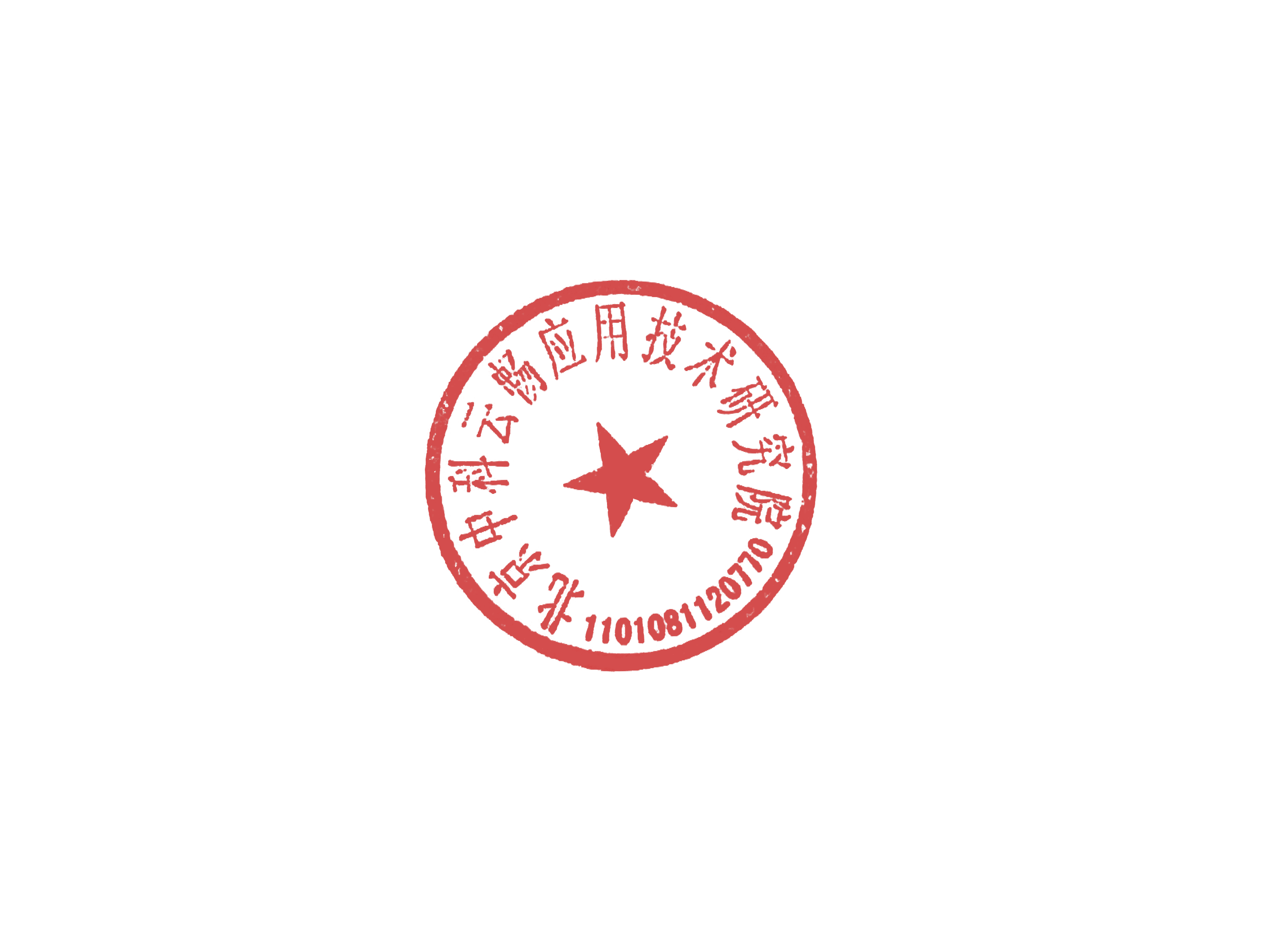
**五、主讲专家：**

**中国科学院北京基因组研究所基因组科学与信息重点实验室 胡主任**，拥有丰富的科研及工程技术经验，长期从事生物信息领域项目研究，具有资深的技术底蕴和专业背景。

**六、关于证书：**学员经培训考试合格后可以获得：

1. 由北京中科云畅应用技术研究院颁发的生物信息培训班结业证书。
2. 注：请学员提供**身份证复印件一张**。
3. **报名办法及费用：**

学费3900元（含报名费、培训费、资料费、上机费等相关费用）食宿统一安排，费用自理。请各有关部门统一组织本地区行政、企事业单位报名参加培训，各单位也可直接报名参加，报名回执表请邮件回复至会务组。



1. **联系方式：**

联系人:**唐喆**

移动电话：**133 3117 6096** 联系电话/传真：010-89368120

报名邮箱：**2900331703@qq.com；1320037633@qq.com**

北京中科云畅应用技术研究院 北京中科润开生物科技有限公司

2018年9月8日 2018年9月8日

|  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **参会学员信息表** | | | | | | | |
| 单位名称 |  | | | | | | |
| 单位地址 |  | | | | | 邮 编 |  |
| 联 系 人 |  | 电话 |  | | | 传 真 |  |
| 学员姓名 | 性别 | 学历 | 身份证号 | | 手 机 | | 邮 箱 |
|  |  |  |  | |  | |  |
|  |  |  |  | |  | |  |
|  |  |  |  | |  | |  |
|  |  |  |  | |  | |  |
|  |  |  |  | |  | |  |
| 费用合计 | 万 仟 佰 拾 元 | | | | 缴费方式 | | □刷卡 □转账 |
| 会场选择 | 北京 | | | | 是否住宿 | | □是 □否 |
| 户 名：北京中科云畅应用技术研究院  开户行：招商银行股份有限公司北京丰台科技园支行  账 号：110929081110801 | | | | | | | |
| 想了解（解决）问题： | | | | | | | |
| 开具发票需要提供以下信息：  单位名称：  纳税人识别号：  地址、电话：  开户行及账号:  发票内容：(培训费、会议费) | | | | 参会联系人：**唐喆**  报名电话：**133 3117 6096** | | | |