



基因组遗传变异与数据分析实用技术培训班

尊敬的_____先生/女士，您好！

基因组遗传变异与数据分析实用技术培训班将于2017年12月在北京召开。

会议内容

随着深度测序技术的发展与成熟，产生了海量的基因组的数据，通过全基因组重测序的序列比对，研究者可以找到大量的单核苷酸多态性位点（SNP）、拷贝数变异（CNV）、插入缺失（InDel）、结构变异（SV）等变异位点。并通过对已知全基因组序列的物种进行测序，来研究个体或群体间的相关变异信息，从而找出与疾病、性状、以及功能有关的基因，进行个体或群体分子水平的差异分析。随着测序成本的大幅度降低以及测序效率的数量级提升，再加上已知基因组序列的物种增多，全基因组重测序已成为动植物物种遗传差异研究、功能基因挖掘等最可靠的方法。北京市计算中心举办《基因组遗传变异与数据分析实用技术培训班》，目的就是为统计遗传学领域的专家学者、计算系统生物学家、从事复杂疾病遗传易感性研究的专业人员、生物信息科学工作者、研究生提供一个互相交流的平台，并为今后的项目交流和相互合作创造条件。

主办单位：中国生物工程学会计算生物学与生物信息学专委会

承办单位：北京市计算中心

协办单位：云计算关键技术与应用北京市重点实验室

中国医药生物技术学会生物医学信息技术分会

北京市基因测序与功能分析工程技术研究中心

中国生物工程杂志

北京唐唐天下生物医学信息科技有限公司

北京微生太科技有限公司

培训地点：北京海淀区丰贤中路7号3号楼，北京市计算中心三层会议室

本次课程时间：2017.12.26-28 上午：9：30 - 12：00 下午：1：30 - 5：00

会议日程

日期	时间	授课题目	授课内容
第一天	上午	生物信息学概述及NGS原理与应用	1. 生物信息学知识背景概述； 2. 二代测序（NGS）的基本概况和技术发展简介； 3. NGS建库原理与技术；
	下午	Linux上机操作及生物信息学软件安装及使用（上机操作）	1. linux基础与基本操作； 2. 生物信息学软件应用及常用软件介绍； 3. 重测序相关分析软件介绍及安装；
			1. 基因组重测序的理论与研究方法及其意义；

第二天	上午	基因组重测序技术应用理论与策略	<ol style="list-style-type: none"> 2. 全基因组数据分析策略； 3. 全外显子数据分析方法与应用； 4. 目标区域测序的策略应用与技术前沿应用；
	下午	基因组变异分析（上机操作）	<ol style="list-style-type: none"> 1. 重测序的分析流程； 2. 原始测序数据的质控及过滤； 3. 学习BWA, samtools等工具的使用, 进行calling SNP, INDEL； 4. sam/bam文件处理、VCF文件与基因组变异位点分析
第三天	上午	基因组变异分析（上机操作）	<ol style="list-style-type: none"> 1. 利用重测序数据检测拷贝数变异（CNV）； 2. 利用重测序数据检测易位、转置等结构变异（SV）
	下午	基因组变异注释与功能分析（上机操作）	<ol style="list-style-type: none"> 1. 基因组注释工具Annotvar的应用； 2. 功能分析工具David的使用； 3. 基因组变异数据库Genecard、HGMD等以及功能分析的应用； 4. 药物基因组学与靶向药突变位点查询； 5. 基因组变异位点筛选与过滤分析

(课程内容以实际授课为准)

会议门票

【报名费用】

培训费：3800元，含听课费、材料费、上机费。请自带笔记本电脑用以上机实习。材料：《高通量测序与高性能计算理论和实践》北京科学技术出版社。食宿自理，酒店自行预定。

【报名优惠政策】

- 1、11月30日前报名缴费可优惠200元。
- 2、3人以上团体报名每人可减少300元；
- 3、4+1团报，可免费赠送一个名额；

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。

