

全基因组预测国际培训班

时间：2016年12月26-30日，地点：黑龙江省哈尔滨市东北农业大学

培训目的：

农业、生物和医学研究的主要目的之一是实现个体性能与疾病风险的预测，从而加速遗传改进和促进健康管理。在彻底完善控制基因挖掘之前，科学家们发现了不单单依靠这些基因的捷径，即通过全基因组标记进行预测，亦被动植物育种界称为全基因组选择。该培训班从标记辅助选择开始，着重介绍全基因组预测的基本原理和两大方法类别：贝叶斯和最佳无偏预测（BLUP）。该培训班将理论与操作相结合，不仅演示当今流行软件，而且介绍主讲人最新发明方法和软件，最大限度提高计算速度和预测准确性。

培训对象：

学员限额 50 名，一半归属东北农业大学研究生和青年教师，其余学员由张志武教授在全国科研院校研究生和青年教师中根据资历和区域平衡选取。东北农业大学研究生和青年教师请直接联系赵骞老师(zhaoqian@neau.edu.cn)注册，额满为止。其他人务必在 12 月 5-7 日（北京时间）之间用电子信件向张志武教授

(Zhiwu.Zhang@WSU.edu) 递交申请, 电子信件题目必须准确标明：“GS Workshop Harbin 2016”，申请材料必须以 Zip 格式压缩（不接受 RAR 压缩格式）并用申请人姓名标注文件，申请材料包括大学与研究生成绩单、简历、书面申请（限一页）和导师（或业务领导）推荐信，录取人员将在 12 月 12 日前得到录取通知。注意事项：1) 自备电脑；2) 培训免费；3) 食宿及差旅费自理。

主讲人简介：



张志武博士现任教华盛顿州立大学，主讲统计基因组学，所领导的 Zhang Lab 致力于发展基因组学相关统计方法和计算软件，继而推动人类疾病的攻克和加速动植物的遗传改良。张志武博士在 2014 年被华盛顿谷物协会授予杰出教授，享受特殊津贴。过去十年里，张志武博士发明了多个颇具影响力的统计方法，其中包括：1) 2007 年将遗传标记关系矩阵引入 MTDFREML 遗传评估系统，推动了全基因组选择实用算法：Genomic Best Linear Unbiased Prediction (gBLUP)；2) 2010 年发明压缩式混合线性模型全基因组关联分析算法；3) 2014 年发明 SUPER 全基因组关联分析算法。这些选法已经被用于基因组学研究的各个领域，包括发现与人类癌症相关的基因，以及动植物病虫害抵抗基因等。这些方法不仅大幅提高了科学家们寻找这些基因的成功机率，同时大幅缩短了科研周期，将过去数周的计算量缩短为几小时。张志武博士担任两大通用计算机软件 TASSEL 和 GAPIT 的作者和设计者，研究成果发表于《Nature Genetics》、《PLoS Genetics》、《Science》和《Plant Cell》等著名学术期刊，详细资料访问 <http://ZZLab.net>。

