

关于举办“全基因组关联分析国际培训班”的通知

在过去的十年间，全基因组关联分析（GWAS）帮助科研人员发掘了大量与人类复杂疾病和农业动物重要经济性状相关的遗传变异。随着测序技术的发展，海量的基因型数据被用于 GWAS，适用于大数据关联分析的算法和计算机软件也在不断更新。华中农业大学农业动物遗传育种与繁殖教育部重点实验室受外事办公室资助，特邀美国华盛顿州立大学张志武教授（简介见附件）进行 GWAS 专题培训，主要包括：概率与统计基本原理、实用 R 编程、关联分析零分布、假阳性、检出率、一般线性模型（GLM）、混合线性模型（MLM）、最大似然估计、群体结构、关系矩阵、EMMA 算法、压缩式 MLM、SUPER 算法、FarmCPU 算法、以及 GAPIT 和 FarmCPU 软件包。

培训班共收学员 40 名，其中分配给华中农业大学 20 名，余下 20 名由张志武教授在全国科研院校研究生中根据资历和区域平衡选取，所有学员全部免收培训费。

申请人务必将申请材料在 5 月 7-9 日（北京时间）之间用电子信件寄给张志武教授（Zhiwu.Zhang@WSU.EDU），电子信件题目必须准确标明：“GWAS Workshop Wuhan 2016”，申请材料（Zip 压缩格式）包括：大学与研究生成成绩单，简历，书面申请（限一页）和导师推荐信，录取人员将在 5 月 20 日前得到录取通知和参会回执表。

录取人员须将录取通知和填写的参会回执表，通过电子邮件以附件形式在 6 月 1 日前发送至会务组李老师(414023642@qq.com)，电子信件题目请标明：“GWAS Workshop Wuhan 2016”。

培训班时间：2016 年 7 月 4 日至 9 日，7 月 3 日全天报到。

培训班地点：湖北省武汉市华中农业大学，综合楼 B 座一楼大厅报道

注意事项：1. 自备电脑；2. 会议不安排接送站；3. 食宿及差旅费自理。