



精准医学遗传学与生物信息学实验室 硕、博士研究生招生

联系人：李淼新

电子邮件：limx54@gmail.com; limx54@163.com

电话：13710488540



导师简介

李淼新教授（<http://grass.cgs.hku.hk/limx/homepage>），香港大学医学院毕业，师从世界著名统计遗传学家Pak Chung Sham教授，致力于基于大数据的统计遗传学及生物信息方法学的研究。任香港大学博士生及博士后导师期间，为香港大学培养了多名优秀的博士生和博士后研究员，主持了多项科研课题，带领团队在高通量测序数据下游综合分析和遗传统计信号后继挖掘两个领域系统地研发了多项被国际同行熟知的分析方法和专业分析软件，如KGG（<http://grass.cgs.hku.hk/limx/kgg>）、KGGSeq（<http://grass.cgs.hku.hk/limx/kggseq>）等。以第一作者和通讯作者在国际一流专业期刊（如American Journal of Human Genetics, Nucleic Acids Research, PLOS Genetics, Bioinformatics等）及其他SCI国际期刊发表论文23篇，（详见<http://grass.cgs.hku.hk/limx/homepage/>）。现中山大学中山医学院以“百人计划”引进，欢迎有志于大数据“精准医学”研究的同学报考本课题组的硕、博士研究生。

研究领域

- 构建统计模型整合表观遗传学数据，对全基因组DNA序列变异分析，精准鉴定致病位点。
- 构建统计模型整合基因组织特异表达数据，对全基因组DNA序列变异分析，精准鉴定致病基因。
- 单细胞高通量RNA/DNA-Seq测序数据分析方法学研发。
- 研发快速处理大规模全基因组DNA/RNA序列变异的高效算法和软件。
- 应用现有方法对具体某类疾病（包括肿瘤，精神病等）进行遗传学和生物信息学全面分析。

科研条件

计算设备：

本实验室首期将投入150万购置一套小型服务器集群，用于常规计算和存储，且与中山大学精准医学科学中心的中型高性能计算服务设备连接，可完成较大计算量的任务。同时，本实验室与国家超算天河二号实验中心有紧密的联系，可以直接将大规模计算任务提交到实验中心处理。

生物学数据：

李淼新从事高通量测序数据分析和方法学研究约10载，积累了数千样本不同疾病的全外显子组和全基因组的DNA测序数据。同时，结合整理了大量公共数据库RNA表达芯片（如GEO）和高通量测序（如GTEx）原始数据。该实验室已经收集积累超过10万人组织特异的高质量表达谱样本，及4千多样本的单细胞RNA测序数据。

这些强大的计算资源和丰富的测序数据为同学来本实验室从事大数据“精准医学”研究铺好了坚实的基础。

研究生培养方式

- 本实验室旨在为科研院所和企业培养精准医学研究的交叉学科创新型人才。
- 李淼新教授会将基于其在香港大学培养研究生的成功经验，延续其培养方式，采用因材施教、兴趣驱动和形式自由的模式引导学生“开心地”从事科学研究。
- 注重在统计学，计算机科学和分子遗传学基础知识和前沿理论的掌握与应用。
- 本实验室与香港大学统计遗传学家Pak Chung Sham教授课题组长期保持稳定的合作关系，优秀的学生将有机会派往Sham教授实验室交流学习，感受多元研究环境和氛围。

专业背景等要求

- 具有计算机科学、统计学、生物信息学或者相关专业的本科或以上学位；
- 因学术研讨以英文为主，必须具备较强的英文读写听说的能力；
- 为人诚实，勤奋，善于沟通；
- 对学术研究兴趣浓厚，热爱科研工作；
- 具有较强计算机编程能力和统计建模经验者优先。