



精准医学基因组学 实验室 硕、博士研究生招生

联系人：李淼新

电子邮件：limiaoxin@mail.sysu.edu.cn;limx54@163.com



导师简介

李淼新 中山大学“百人计划”引进教授，医学信息学教研室主任。2009年获香港大学博士学位（统计遗传与生物信息学方向），2013年初起在香港大学医学院组建疾病基因组学研究团队。2016年底全职于中山大学中山医学院，以破解人类疾病遗传密码计算方法的创新和软件研发为主线，在统计遗传学和基因组学领域取得了多项被国际同行高度认可的成果，发表于Am J Hum Genet、Genome Biol、NAR等专业权威期刊（最后通讯），单篇论文最高它引400余次，方法学成果被写入国际专业教程，被应用于Nature论文等。2021年获香港最佳青年学者奖。部分成果整合实现在KGGSeq (<http://pmglab.top/kggseq>), KGG (<http://pmglab.top/kgg>)和KGGSEE (<http://pmglab.top/kggsee>)三大软件平台中。以上研究不仅丰富和拓展了现代遗传学定位方法学的理论和概念，而且也为很多疾病基因定位的实例研究节省了大量的资金和时间的投入。欢迎有志于大数据“精准医学基因组学”研究的同学报考本课题组的硕、博士研究生。



研究领域

- 构建统计或智能学习模型整合基因组、转录组等多组学数据，解析DNA序列变异到疾病表型的因果关系图谱，发掘致病突变和基因，评估个体的疾病风险。
- 研发快速处理大规模全基因组DNA/RNA测序数据的通用高效算法和软件。
- 应用多组学数据整合方法对具体疾病（包括肿瘤、脑科疾病等）进行遗传学和生物信息学系统分析。

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。

数据与源代码：

李淼新从事高通量测序数据分析和方法学研究约十余载，积累了数十万行基因组分析的源代码库、数万样本不同疾病的全外显子组和全基因组的DNA测序数据，大量的分析流程与教材体系等。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。

研究生培养方式

- 实验室以“精准医学基因组学”专业交叉学科创新型人才培养为使命，致力于创建最优的资源、平台和自由的研究氛围，培养学生①高超的疾病遗传图谱解析的能力，②驾驭多组学大数据发掘生命规律分析的能力，③独立开展和规划重大创新性科学研究的能力。
- 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。
- 本实验室与香港大学、哈佛大学等知名高校优秀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境外优秀实验室交流学习，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；
- 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。