精準醫療新契機，化繁為簡大未來

近日「大數據」技術快速革新，觸發各類應用情境，而**精準醫療 (Precision Medicine)** 被認為是全球醫療領域的一場革命。落實精準醫療除了需有系統地收集同一個體的各種相關資訊，建置完整的健康大數據資料庫之外，如何化繁為簡透過快速有效的統計分析方法與工具，整合臨床資料及基因體數據來解析疾病與各項構面的關係，也是當前臨床醫師與科學研究人員所面臨最大的挑戰。

本次研討會將邀請**中央研究院統計科學研究所陳璿宇博士**以**疾病診斷**、**藥物療效**、**存活預測**三大熱門應用主題，教您如何**透過 SAS Enterprise Guide 簡單輕鬆的操作步驟，就可以結合統計方法，以拖拉點選的方式，準確找出與疾病/藥物反應等 outcome 相關的危險因子**，且此模組能彈性重複使用，當您有新增或是異動資料加入時，只需要幾個按鈕，就能快速的重新產出分析的結果，大大節省您寶貴的時間外也協助您建置更符合現實需求的分析能力，累積發展精準醫療或前瞻性醫學研究的能量。

陳璿宇博士現職為中央研究院統計科學研究所副研究員，有豐富的精準醫學研究經驗，其團隊研究成果發表於 New England Journal of Medicine、Cancer Cell、Journal of Clinical Oncology、Lancet、Annals of Surgery 等高影響力期刊。陳博士亦擔任許多期刊審查委員，現為期刊 Scientific Reports 的 Editorial Board 成員，並有多項專利與技轉。在本次研討會中，陳璿宇博士亦將分享精準醫學研究方法與心得、過去投稿和擔任期刊編輯與審查委員的經驗，誠摯邀請您與會聆賞！

適合對象：醫生、精準醫療之相關領域之研究人員
活動時間：2017 年 10 月 28 日 (星期六) 10:00~12:20 (09:30 開始報到)
活動地點：台北喜來登大飯店 B2 喜廳 (台北市忠孝東路一段 12 號)

時間	議程
09:30 – 10:00	**貴賓報到**
10:00 – 10:10	致歡迎詞
10:10 – 10:50	去蕪存菁：數據整理與探索相關
10:50 – 11:20	體質差異：利用不同遺傳模式找尋與疾病或治療相關的SNPs
11:20 – 11:40	**中場休息 (現場SAS EG實機展示，歡迎加入操作)**
11:40 – 12:20	訊息傳達：影響預後的基因表達
12:20 – 12:30	**Q & A**

報名方式

請至報名網站(sasevent.com.tw)
登入代碼 PM1028

活動聯絡人

林倩伃 (02)2787-3276
chienyul@stat.sinica.edu.tw

主辦單位: 台灣基因體暨遺傳學會　　**協辦單位: 賽仕電腦軟體**