

Použití softwaru Cytogenomics a interpretace dat z aCGH

Připravujeme pro Vás praktický jednodenní workshop ve dvou termínech, kdy jeden je zaměřený na začátečníky, a druhý na pokročilé použití a ovládání softwaru Cytogenomics od firmy Agilent a následné vyhodnocování a interpretaci výsledků analýz aCGH (postnatální a prenatální).

- Obsahem workshopu bude ovládání a nastavení programu Cytogenomics, práce s internetovými databázemi a zdroji sloužícími ke klasifikaci nálezů a diskuze nad problémy při vyhodnocování dat a interpretaci výsledků.
- Kurz proběhne pod vedením odborníků pro danou problematiku, kteří se vyhodnocováním a interpretaci analýz aCGH věnují. Úvodem Vás provede Mgr. Monika Fleischhansová.

Pro koho je workshop určený?

- Workshop je určen pro uživatele metody aCGH a programu Cytogenomics (Agilent Technologies), kteří zvládají základní funkce softwaru (nahrání a analýza souboru, znalost základních funkcí).
- **Počet účastníků je omezen na 10 na jeden termín.**

KDY:

26.4. 2023 (středa) - začátečníci

27.4. 2023 (čtvrtek) - pokročilí

Začátek kurzu: 9:00

Konec kurzu: 16:00



KDE:

Sídlo společnosti HPST, s.r.o.
Na Jetelce 69/2, 190 00, Praha 9

CENA:

2 900,- CZK (Včetně drobného občerstvení a oběda)

Chcete-li se přihlásit, napište nám na:

monika.fleischhansova@hpst.cz

(do předmětu uveďte „Cytogenomics - Workshop“).

Použití softwaru Cytogenomics a interpretace dat z aCGH

Co je náplní workshopu pro začátečníky?

- Základní funkce softwaru Cytogenomics a práce s ním (nahrání souborů vč. zadávání atributů, zhodnocení kvality a QC parametrů, základní analýza a výběr algoritmů, zobrazení výsledků a jejich hodnocení, nahrávání vlastních referenčních dat a databází a práce s nimi).
- Diskuze nad problémy při vyhodnocování dat a interpretaci výsledků.

Co je náplní workshopu pro pokročilé?

- Odborná přednáška na téma genomových databází, detekce aberací programem Cytogenomics a jejich klasifikace a interpretace.
- Používání softwaru Cytogenomics a interpretace dat.
- Vysvětlení vybraných algoritmů používaných v softwaru Cytogenomics.
- Na konkrétních příkladech se každý naučí nejen vyhodnotit, ale i interpretovat výsledky analýz aCGH.
- Seznámení s novými designy microarrayí.
- V druhé části bude prostor na Vaše dotazy a konzultace Vámi poslaných/přinesených případů (je třeba zaslat je předem; při velkém počtu budou probrány jen vybrané případy, ostatní dotazy budou individuálně zodpovězeny).

Co s sebou?

- Nic není potřeba - počítače jsou zajištěné, software předinstalovaný.

Poslání vlastních dat:

Nabízíme možnost konzultace výsledků z Vašich analýz aCGH a pomoc s interpretací dat. V tomto případě nám zašlete podklady ideálně ve formátu extrahovaných dat v souboru .txt konkrétního pole, pokud půjde o konkrétní analýzu/nález (ev. i sample attribute file); pokud bude dotaz ve kvalitě čipu, tak tiff soubor. Doporučujeme použití některého systému pro přenos dat jako je např. uschovna.cz a zaslání odkazů na adresu:

monika.fleischhansova@hpst.cz.

Prosíme o zaslání dat nejpozději do 10.4. 2023.

