

高通量组学数据分析技术论坛 (3)

基因组重测序

北京大学生命科学学院 李瑞强 博士

2012年4月17日 (星期二) 下午3:00-4:30

中科院遗传所B-210会议室 (联系人: 赵方庆 010-64869325)

论坛简介

为推动高通量测序技术的应用,中科院植物所、中科院北京生命科学研究院计算生物学联合研究中心和北京大学生物信息中心于2012年3-7月联合举办“高通量组学数据分析技术”系列论坛。特邀请北京大学生命科学学院暨北京大学生物光学动态成像中心李瑞强研究员做第三期报告。李瑞强研究员将介绍基因组重测序相关的技术思路和生物信息软件,并以第一个中国人基因组、国际千人基因组等项目为例,介绍重测序技术在分子育种、种群遗传学、癌症基因组学、遗传疾病基因识别等领域的应用。

报告人简介

李瑞强,北大-清华生命科学联合中心、北大生物动态光学成像中心研究员。北京诺禾致源生物信息科技有限公司创始人,曾任华大基因副总裁、生物信息中心主任,哥本哈根大学生物学博士。近10年来一直从事生物信息学与基因组学研究,开发了一系列新一代DNA 测序数据分析软件,所开发的SOAP软件包在领域内被广泛使用。特别是基于高通量短序列测序组装软件的开发成功,开创了新一代测序技术在动植物基因组图谱绘制方面的应用,将绘制一个新动植物基因组图谱的成本降低了数十倍。先后参与或主持多项基因组计划,包括水稻基因组完成图、家蚕基因组框架图和精细图、第一个中国人基因组、黄瓜基因组、大熊猫基因组、人类肠道菌群元基因组、国际千人基因组、马铃薯基因组等。相关工作发表论文50余篇,其中第一或通讯作者论文19篇, *Science*、*Nature*及其子刊论文20篇,总被引4,000余次。

主要参考文献

- 1.Li RQ, *et al.* (2009) SNP detection for massively parallel whole-genome resequencing, *Genome Res*, **19**:1124-32.
- 2.Li RQ, *et al.* (2010) De novo assembly of human genomes with massively parallel short read sequencing, *Genome Res*, **20**:265-72.
- 3.Li RQ, *et al.* (2010) Building the sequence map of the human pan-genome, *Nat Biotechnol*, **28**:57-63.
- 4.Lai J, *et al.* (2010) Genome-wide patterns of genetic variation among elite maize inbred lines. *Nat Genet.* **42**:1027-30.
- 5.Wang J, Wang W, Li RQ, *et. al.* The diploid genome sequence of an Asian individual. *Nature* 2008, 456(7484): 60-65