

高通量组学数据分析技术论坛（4）

RNA-Seq测序的方法与应用

清华大学自动化系 张学工教授

2012年5月9日（星期三）下午3:30-4:30

中科院植物所图书资料馆报告厅

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。特邀请清华大学自动化系张学工教授做第四期报告，就转录组测序（RNA-Seq）的方法和应用做专题报告，并就大家感兴趣的问题和技术细节，进行深入讨论。

报告人简介

张学工教授1989年毕业于清华大学自动化系，1994年获清华大学模式识别博士学位后留校工作，2001、2006年任哈佛大学高级访问学者。现任清华大学信息科学与技术国家实验室生物信息学部主任，2006年获国家杰出青年基金，973项目“基于新一代测序的生物信息学理论与方法”首席科学家。主要研究方向为模式识别与机器学习、高通量生物数据分析、基因表达和调控、选择性剪接与RNA调控等。

主要参考文献

1. 王曦等，新一代高通量RNA测序数据的处理与分析，《生物化学与生物物理进展》，2010, 37: 834-846.
2. Wu Z, *et al.* Using non-uniform read distribution models to improve isoform expression inference in RNA-Seq. *Bioinformatics*. 2011, 27:502-8.
3. Wang X, *et al.* Isoform abundance inference provides a more accurate estimation of gene expression levels in RNA-seq. *JBCB*, 2010, 8:177-92.
4. Wang L, *et al.* DEGseq: an R package for identifying differentially expressed genes from RNA-seq data. *Bioinformatics*. 2010, 26:136-8.