

高通量组学数据分析技术论坛（6）
植物基因组microRNA测序和数据分析
美国联川生命科学公司(LC Sciences) 朱奇博士
2012年7月2日（星期一）上午10:00-11:30
北京大学理教306

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。特邀请美国联川生命科学公司朱奇博士做第六期报告。朱奇博士将介绍microRNA基因组测序的基本原理和常用方法，并以他本人直接参与的基因组microRNA测序项目为例，介绍水稻，玉米，黄瓜等植物基因组中microRNA的特点，并就microRNA测序和数据分析的技术细节，回答大家的问题。

报告人简介

朱奇博士2002年获北京大学博士学位，师从梁宋平教授。后在美国德州休斯敦大学从事博士后和研究助理教授工作。2008年受聘于美国联川生命科学公司(LC Sciences)，现任该公司高通量测序部门资深科学家，曾参与多个动植物基因组microRNA测序和数据分析。所参与的项目部分已经由客户研究单位发表在PLoS One, Physiologia Plantarum, Virology, Blood, Nature Communications等期刊上。

主要参考文献

1. Du T, Zamore. PD 2005 microPrimer: the Biogenesis and Function of microRNA. *Development* 132: 4645-4652.
2. Mao W, (2012) A Combined Approach of High-Throughput Sequencing and Degradome Analysis Reveals Tissue Specific Expression of MicroRNAs and Their Targets in Cucumber. *PLoS One* 7(3), e33040.
3. Zhai L *et al.*, (2012) Genome-wide identification and analysis of microRNA responding to long-term waterlogging in crown roots of maize seedlings. *Physiologia Plantarum*. [Epub]