广州基迪奥生物科技有限公司技术讲座

**蛋白质谱新技术DIA以及其他组学的贯穿**

随着人类基因组计划完成，生命科学研究已经进入后基因组时代，蛋白质组学是其中一项重要内容。质谱技术是研究生物样本蛋白质组的主要手段，那么基于质谱的蛋白质组研究技术包括哪些？最前沿的技术又有哪些？如何进行蛋白质组实验设计与课题研究？

本次报告，基迪奥就蛋白质组研究技术，以及蛋白质组学研究方案进行介绍与分享。

讲座内容：

1. 基于质谱的蛋白质组学技术介绍，及最前沿的新技术如DIA、PRM介绍；

2. 完整的蛋白质组学研究策略介绍；

3. 蛋白质组与其他组学关联分析方法介绍；

4.代谢组学技术介绍及关联分析。

主讲人：陆才瑞    技术总监   重大项目主管

讲座时间：4月26日  （星期四） 下午2:30  
讲座地点：北校  理科楼  B111  
联系人： 李冰冰  18028691993

**基因定位思路解析以及与其他组学的贯穿**

高通量测序已经成为基因定位研究的重要工具。在海量基因型数据可以快速、低成本地获得的情况下，实验设计与后期的数据解析变得尤为重要。本次报告，我们不仅解析各类重测序样本设计和数据挖掘方法的特点和组合策略，还探讨DNA组学的数据如何与其他组学（例如，转录组、DNA甲基化）进行关联，从而让您所讲的故事更加生动精彩。

讲座内容：

（1）基因定位实验设计的因素

介绍采样策略、测序策略以及数据分析方法的选择。

（2）QTL定位设计思路

介绍基于表型-基因型相关性分析的多种QTL定位思路及细节。

（3）选择压力分析设计思路

介绍选择压力分析这一方法的总体应用思路。

（4）多方法、多组学的整合

探讨三类DNA水平基因定位策略的组合方法，以及如何加入其它组学的数据，让我们提高基因挖掘效率的同时，对故事的讲述会更加精彩。

主讲人：陆才瑞    技术总监   重大项目主管  
讲座时间：4月27日  （星期五） 上午9:00  
讲座地点：南校  农学院  442会议室 联系人： 李冰冰  18028691993

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **陆才瑞** | | | | |  |
|  | | | | |
| **研究方向：棉花基因组测序及功能基因组研究** | | | | |
| 移动电话： | 139-4954-8017 | 电子邮件： | lucr99@126.com | |
| 性 别： | 男 | 民 族： | 汉族 | |
| 出生年月： | 1980.12.23 | 政治面貌： | 群众 | |
| 出 生 地： | 河南省固始县 | 工作时间： | 2006年参加工作 | |
|  | | | | |
| **教育经历** | | | |  |

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **美国农业部** | 南方平原研究中心 | 棉花基因组测序项目 | 交流访问 | 2009.04-2010.04 |

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **华中农业大学** | 植物科技学院 | 作物遗传育种 | 博 士 | 2013.09-2016.06 |

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **华中农业大学** | 植物科技学院 | 作物遗传育种 | 硕 士 | 2003.09-2006.06 |
| **华中农业大学** | 园艺与林学学院 | 林 学 | 学 士 | 1999.09-2003.06 |

|  |
| --- |
|  |

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| |  |  |  | | --- | --- | --- | | **工作经历** |  |  |  |  |  |  |  |  | | --- | --- | --- | --- | --- | | **中国农业科学院棉花研究所** | 生物技术研究室 | 基因组测序课题组 | 研究实习员 | 2006.07-2009.07 |  |  |  |  |  |  | | --- | --- | --- | --- | --- | | **中国农业科学院棉花研究所** | 生物技术研究室 | 基因组测序课题组 | 助理研究员 | 2009.07-2016.01 | | **中国农业科学院棉花研究所** | 生物技术研究室 | 基因组测序课题组 | 副研究员 | 2016.01-2017.02 |   **广州基迪奥生物科技有限公司** 产品部 大项目负责人 2017.02-2018.03  **广州基迪奥生物科技有限公司** 农学技术支撑部 技术总监/副经理 2018.02-至今  **科研项目** |

|  |  |
| --- | --- |
| **1. 国家自然科学基金--青年基金：**棉花隐性无腺体基因*gl1*的克隆与功能分析（**主持**） |  |

|  |  |
| --- | --- |
|  | 项目编号：31401425 执行年限：2015.01-2017.12 |

|  |  |
| --- | --- |
| **2. “十二五”国家863计划子课题：**棉花粽絮基因的精细定位研究及克隆**（主持）**  项目编号：2013AA102601-01-09 执行年限：2013.01-2017.12 |  |
| **3. 中央级公益性科研院所基本科研业务费项目：**棉花腺体关键基因功能研究（**主持**）  项目编号：1610162014023 执行年限：2014.01-2014.12 |  |
| **4. 中央级公益性科研院所基本科研业务费项目：**棉酚*Gl2e*基因的精细定位及候选基因挖掘（**主持**）  项目编号：SJB1102 执行年限：2011.01-2011.12 |  |
| **5. 中央级公益性科研院所基本科研业务费项目：**棉花纤维素生物合成的功能基因组学研究（**主持**）  项目编号：SJA0813 执行年限：2008.01-2008.12 |  |
| **6. 国家自然科学基金：**棉花显性无腺体基因*Gl2e*的图位克隆及功能分析（主要负责人）  项目编号：31271768 执行年限：2013.01-2016.12 |  |

|  |  |
| --- | --- |
| **7. 973计划前期研究专项：**棉酚腺体发育控制基因的克隆及低酚材料创制（主要负责人） |  |
| 项目编号：2011CB111511 执行年限：2011.04-2013.08 |  |
| **8. 973计划：**棉花纤维品质功能基因组研究及优质高产新品种的分子改良（参与）  项目编号：2010CB126000 执行年限：2010.01-2015.12 |  |
| **9. 863计划：**棉花功能基因组学研究与应用（参与）  项目编号：2013AA102601 执行年限：2013.01-2017.12 |  |
| **10. 转基因生物新品种培育重大专项：**转基因优质纤维棉花新品种培育（参与）  项目编号：2011ZX08005-003 执行年限：2011.01-2015.12 |  |
| **11. 国家支撑计划：**内蒙古旱区棉花新品种选育及配套技术研究与示范（参与） |  |

|  |  |
| --- | --- |
|  | 项目编号：2014BAD03B00 执行年限：2014.01-2017.12 |

|  |
| --- |
|  |

|  |
| --- |
| **论 文** |

|  |
| --- |
| 1. Fuguang Li, Guangyi Fan, **Cairui Lu**, Guanghui Xiao, Changsong Zou, Russell J Kohel, Zhiying Ma, Haihong Shang, Xiongfeng Ma, Jianyong Wu, Xinming Liang, et al.Genome sequence of cultivated Upland cotton (*Gossypium hirsutum* TM-1) provides insights into genome evolution, ***Nature Biotechnology***, 2015, 33(5):524-30. **并列第一作者**，SCI，影响因子**43.1.**  2. Fuguang Li, Guangyi Fan, Kunbo Wang, Fengming Sun, Youlu Yuan, Guoli Song, Qin Li, Zhiying Ma, **Cairui Lu**, et al. Genome sequence of the cultivated cotton *Gossypium arboreum*. ***Nature Genetics***, 2014, 46(6):567-72. SCI，影响因子**31.6**  3. Kunbo Wang, Zhiwen Wang, Fuguang Li, Wuwei Ye, Junyi Wang, Guoli Song, Zhen Yue,Lin Cong, Haihong Shang, Shilin Zhu, Changsong Zou, Qin Li, Youlu Yuan, **Cairui Lu**, et al. The draft genome of a diploid cotton *Gossypium raimondii*. ***Nature Genetics***, 2012, 44(10):1098-103. SCI，影响因子**31.6**  4. **Cairui Lu**, Changsong Zou, Youping Zhang, Xiaoping Guo and Guoli Song. Development of chromosome-specific markers with high polymorphism for allotetraploid cotton based on genome-wide characterization of simple sequence repeats in diploid cottons, ***BMC Genomics***, 2015, 6;16:55.**第一作者**，SCI，影响因子**4.0.**  5. **陆才瑞**，邹长松，宋国立. 高通量测序技术结合正向遗传学手段在基因定位研究中的应用. 遗传，2015, 37 (8): 765-776.  6. **陆才瑞**，喻树迅，于霁雯，范术丽，宋美珍，王武，马淑娟. 功能型分子标记ISAP的开发与评价. 遗传，2008, 30(9): 1207-1216.  7. Hailiang Cheng, **Cairui Lu**, John Z. Yu, Changsong Zou, Guoli Song. Fine mapping and candidate gene analysis of the dominant glandless gene *Gl2e* in cotton (*Gossypium* spp.). *Theoretical and Applied Genetics*, 2016.  8. Changsong Zou, **Cairui Lu**, Haihong Shang, Xinrui Jing, Hailiang Cheng, Youping Zhang and Guoli Song Genome-Wide Analysis of the Sus Gene Family in Cotton. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2013, 5(7): 643-53.  9. Changsong Zou, **Cairui Lu**,Youping Zhang, Guoli Song. Distribution and characterization of simple sequence repeats in *Gossypium raimondii* genome. *Bioinformation*, 2012, 8(17):801-6.  10. J Cho, **C Lu**, RJ Kohel, JZ Yu. Development and mapping of gene-tagged SNP markers in gland morphogenesis of cotton. *The Journal of Cotton Science*，2011，15:22–32.  11. J Yu, S Yu , **C Lu**, W Wang, S Fan. High-density linkage map of cultivated allotetraploid cotton based on SSR, TRAP, SRAP and AFLP markers, *Journal of Integrative Plant Biology*, 2007, 49(5):716-724.  12. C Zou，Q Wang，**C Lu**，W Yang，Y Zhang. Transcriptome analysis reveals long noncoding RNAs involved in fiber development in cotton (*Gossypium arboreum*). *Science China Life Science*, 2016, 59(2):164-171.  **专 利** |

|  |
| --- |
|  |

|  |
| --- |
| 1. 专利名称：获得植物内含子序列扩增多态性的方法及其专用引物  授权号：ZL 2006 1 0089664.5  发明人：喻树迅，**陆才瑞**，范术丽，宋美珍，马淑娟.  授权日期：2009年8月12日  2. 专利名称：与棉花显性无腺体基因*Gl2e*紧密连锁的SSR标记及其应用  授权号：ZL 2013 1 0473105.4  发明人：宋国立，**陆才瑞**，程海亮，黄娟，邹长松，张友平，王巧连  授权日期：2015年8月26日  **研究工作经历及业绩介绍** |

|  |
| --- |
| 本人长期从事棉花基因组测序和棉花重要农艺性状关键控制基因的图位克隆与功能研究等工作，先后主持或承担国家自然科学基金、国家重点基础研究发展计划（973）、国家高技术研究发展计划（863）、转基因重大专项、中央级公益性科研院所基本科研业务费等项目，发表文章16篇，获得授权专利2项。  在棉花基因组测序工作中，先后组装完成了雷蒙德氏棉、亚洲棉两个二倍体棉花的基因组和四倍体棉花陆地棉的基因组，并对其序列进行深入研究分析。2012年8月完成了二倍体雷蒙德氏棉（D基因组）全基因组图谱的绘制，获得了其87.7%的序列，发现棉属分化时间为33.7百万年前，并经历了古六倍化事件和一次棉属特异的全基因组复制。研究成果发表于*Nature Genetics*上，该棉花基因组学研究结果取得了国际领先的地位。2014年4月完成了二倍体亚洲棉（A基因组）全基因组测序工作，绘制出的亚洲棉基因组为1694 Mb，90.4%的亚洲棉序列被定位到13条染色体上，发现A基因组与D基因组保持了极高的同线性，亚洲棉发生了更大规模的反转座子扩张，且棉属的全基因组复制发生在棉花亚种分化之前。研究成果发表于*Nature Genetics*上。两个供体种测序的完成为四倍体棉花基因组的测序组装及进化功能分析奠定了重要基础。2015年4月，在这两个二倍体棉花基因组图谱的基础上，完成了四倍体棉花（AD基因组）基因组的测序组装，绘制出的陆地棉基因组为2173Mb，其中88.5%的序列被定位到26条染色体上，发现二倍体基因组融合为四倍体后发生了大量的基因丢失，且四倍体的进化速率比二倍体慢，D亚组比A亚组进化快。研究成果发表于*Nature Biotechnology*上。这些棉花基因组图谱的绘制完成，对于提升我国棉花科研水平，促进高产、优质、抗逆等重要性状形成的分子机制解析和棉花新品种的分子育种选育具有重要意义，同时也为阐明棉花的起源、进化、揭示四倍体棉种及其他多倍体物种形成过程奠定了坚实的基础。  在棉花功能基因组研究方面，本人主要针对棉酚腺体开展精细定位和图位克隆研究。棉籽是人类重要的植物蛋白和油料来源，但由于其含有对人和单胃动物有毒的棉酚腺体，大大妨碍了棉籽饼和棉籽油的放心食用。另一方面，棉酚在棉花中起着抗病虫的作用。消除棉籽中的有毒棉酚、同时提高棉花植株的抗病虫性对于棉花品种改良具有重要意义。我们利用图位克隆技术对显性无腺体基因*Gl2e*和控制茎秆无腺体的*gl1*基因进行分离克隆和功能验证。我们构建了含有5000单株的F2分离群体，将*Gl2e*基因精细定位在15kb的区间中。结合基因组序列注释在该区间筛选到候选基因1个，为MYC转录因子，它在无腺体材料中不表达。该基因序列在无腺体材料中发生单碱基突变，转录激活实验证实该突变位点可以造成转录因子失活。转基因实验证实，干涉该基因会产生无腺体表型。因而，该基因具有控制腺体发育的功能。该研究的部分结果已发表于*Theoretical and Applied Genetics*上，并获专利授权。另外，*gl1*基因可以使茎秆、叶柄和铃壳无腺体，而其他组织有腺体，我们还对其进行了精细定位。鉴于该基因的染色体归属信息未知，而四倍体棉花中的分子标记存在大量冗余的现象，我们开发了一套染色体特异的分子标记，并将*gl1*基因定位到第24号染色体上的230kb的区间内。该区间含有7个候选基因。该研究的部分结果已发表于*BMC Genomics*上。  本人在研究方面非常关注生物技术的改良和突破，尤其是在基因的功能验证技术方面。本人目前熟练掌握病毒诱导的基因沉默（VIGS）技术，利用该技术能在2周左右快速鉴定植物的基因功能。同时熟练掌握农杆菌介导的转基因技术，早期我们主要对下胚轴进行侵染，但由于诱导愈伤获得再生植株的时间较长，最近我们研究改良了茎尖侵染法，该技术能快速获得转基因嵌合体，可以在3-5周内快速鉴定基因功能。相对于VIGS而言，茎尖农杆菌侵染法能获得可遗传的后代种子，以用于后续的深入研究。 |