

# 周家健

研究助理

香港中文大学 化学病理系

手机: +86 13760602149

+852 3763 6015 9217

电子邮件: zhoujiajian@cuhk.edu.hk



## 工作, 教育经历:

2012. 8-现在: 研究助理, 香港中文大学, 化学病理系

2010. 4-2012. 8: 生物信息分析工程师, 深圳华大基因研究

2011. 9-2013. 7: 基因组及生物信息学硕士, 香港中文大学-华大基因研究院跨组学创新研究院

2008. 6-2010. 1: 实习实验员, 华南农业大学, 植物生理研究室

2006-2010: 理学学士, 华南农业大学, 生命科学学院, 生物技术专业

## 正在参与/曾经参与的研究组:

2012-现在 香港中文大学, 化学病理系

主要研究重点是长非编码RNA基因的调控机理。用二代高通量测序技术(DNA-seq, RNA-seq, Chip-seq, CLIP-seq等)研究骨骼肌(C2C12)和干细胞(mouse embryonic stem cell)的分化过程中, 长非编码RNA的调控作用机理。利用长期积累的高通量测序数据, 为细胞系构建转录调控网络, 用系统生物学的研究方法对调控网络进行分析, 预测长非编码RNA的生物功能, 指导后续实验验证。

2011-2012 深圳华大基因科技, 微生物研究小组

利用新一代高通量测序技术, 为医学/农业病原菌研究提供信息分析方案; 为各种病原菌项目设计数据分析方案及流程, 同时根据客户要求, 用信息学手段对生物学问题进行分析。根据各种病原菌生物背景, 我们可以对致病/非致病样品进行测序, 然后通过比较基因组学的分析方法, 就能找到潜在致病基因及揭示其致病机理。

2010-2011 深圳华大基因研究院, 昆虫社会进化小组

参与切叶蚁(*Acromyrmex echinator*)和白蚁(*Termite*)基因组项目。我通过写程序以及利用已经发表的分析工具对基因组进行注释, 包括基因元件预测以及基因功能预测。随后, 用比较基因组学分析方法, 对昆虫性别决定、氨基酸代谢和嗅觉等生物学特点进行解释。在基因组水平上的差异会对昆虫的社会性产生影响。之后, 我参与了棉花基因组项目, 主要是集中在LTR元件进化分析及其对表型的影响。这些工作都让我对整个基因组学及其应用有了深入理解, 对日后参与组学研究打下了基础。

2008-2009 华南农业大学, 生命科学学院, 植物生理学研究室

参与开发抑制新鲜荔枝皮快速变褐的保鲜技术。我用柱层析法和SDS-PAGE凝胶电泳法提取影响荔枝皮快速变褐的关键酶(花色素苷降解酶)。为了得到此酶的序列信息, 我们对经提纯的样品做了蛋白质谱分析, 得到了一些蛋白序列片段。根据此酶片段, 我设计PCR引物, 并从荔枝枝皮文库里扩增出花色素苷降解酶cDNA序列, 并用ABI3730对cDNA克隆进行测序。随后, 对褐变不同阶段的荔枝皮cDNA文库做Northern杂交, 发现这个酶基因在荔枝皮褐变的初期高表达。

## 技能:

运用perl/python处理二代高通量DNA测序数据;

运用生物信息软件处理二代高通量DNA测序数据;

运用MPI和CUDA架构并行化处理高通量(密度)数据;

善于沟通交流, 有很强的团队合作精神。

**兴趣、爱好:**

我喜欢运动，烹调，还有看科幻小说； 偶尔会玩电脑游戏(极品飞车等)；

**发表文章:**

Sanne Nygarrrd, Guojie Zhang, ..., Cai Li, Haofu Hu, Jiajian Zhou, Lu Ji, Feng Qiu, Hailin Pan, Jun Wang, et al. [The genome of the leaf-cutting ant \*Acromyrmex echinator\* suggests key adaptations to advanced social life and fungus farming.](#) *Genome Research*. Epub 2011 June 30