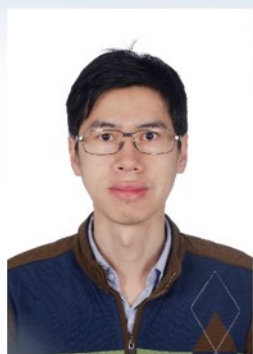




数据驱动工业微生物基因型-表型关联研究



报告人：张翀 副教授

报告时间：2018年11月30日 15:20至16:55

报告地点：工物馆422

内容简介：

尽管在许多化学品绿色合成路线替代方面取得了重要进展，微生物制造仍面临诸多挑战：菌种研发周期长、大多数品种生产效率（转化率、时空产率）仍然很低，无法满足未来制造业“按需定制”、“高效柔性”的发展需求。下一代基因测序和核酸合成等高通量技术，结合合成生物学标准化、模块化的策略为高效快速构建丰富多样的微生物基因型（甚至人工合成基因组）创造了重要机遇，然而表型（功能）才是实现微生物应用核心问题，如何从海量的基因型中高效、快速获取表型及其关联信息仍然面临巨大挑战。本报告将介绍近年来我们在数据驱动的工业微生物基因型-表型高通量关联平台技术与装备方面的进展，包括基于液滴微流控和小分子生物传感的微生物工业表型高通量连续进化技术；全基因组CRISPR干扰库筛选、核酸序列深度突变扫描等微生物基因型功能深度挖掘技术；以及我们在上述技术系统化、设备化方面的尝试。

报告人简介：

张翀博士，清华大学化学工程系、教育部工业生物催化重点实验室、清华大学合成与系统生物研究中心PI，副教授、博士生导师。致力于面向未来微生物智能制造，开发高通量基因型-表型关联平台技术与装备，包括微生物工业表型高通量连续进化技术，微生物基因型功能深度挖掘技术，微生物基因型-表型关联智能化微型装备的开发。在Nature Communications, Nucleic Acid Research, Metabolic Engineering, ACS Synthetic Biology等刊物发表SCI收录论文近100篇，总引用1300余次，h-index 23。担任Carbon resource conversion等期刊编委，中国生物发酵产业协会生物育种分会秘书长，为20余个国内外期刊审稿。所持有的专利中有4项通过授权实施许可实现产业化，创造了良好的经济效益。主持的5项微生物育种共性技术国家标准获批立项。