

**师资队伍****海洋生物系****海洋生物工程系****教授****副教授****讲师****环境生态系****海洋生命科学实验教学示范
中心****海洋生物工程系**

当前位置：首页 师资队伍 海洋生物工程系

李语丽

发布者：杨光 发布时间：2020-05-18 浏览次数：1281

**李语丽 博士 副教授/硕士生导师**

Email: liyuli@ouc.edu.cn

地址：山东省青岛市市南区鱼山路5号 中国海洋大学 海洋生命学院

学习工作经历：

- 2019.01-至今 中国海洋大学海洋生命学院，“青年英才”工程第三层次，副教授
2015.09-2018.09 中国海洋大学海洋生命学院，贝类基因组学，博士后
2012.09-2015.06 中国科学院北京基因组研究所，生物信息学专业，博士
2009.09-2012.06 中国科学院北京基因组研究所，基因组学专业，硕士

2005.09-2009.06 山东农业大学生命科学学院，生物工程专业，学士

研究方向：

主要从事贝类基因组学研究，聚焦在三个方面：1) 贝类进化与适应的分子基础解析；2) 贝类综合数据库的构建；3) 组学技术的研发与利用。

发布

主持项目：

1.中国海洋大学“青年英才工程”科研启动经费，2019.06–2021.06，30万，项目负责人

2.国家自然科学基金青年基金：扇贝闭壳肌“分子杂合”特征的遗传调控基础解析(31702330)，2018.01–2020.12，25万，项目负责人

发表文章（#共同一作，*通讯作者）：

Li YL[#], Sun XQ[#], Hu XL[#], Jiao WQ[#], Xun XG[#], Zhang JB[#], Guo XM[#], Zhang LL, Liu WZ, Wang J, Li J, Sun Y, Miao Y, Cheng TR, Xu GL, Fu XT, Wang YF, Yu XR, Huang XT, Lu W, Lv J, Mu C, Wang DW, Li X, Xia Y, Li YJ, Yang ZH, Wang FL, Zhang L, Xing Q, Dou HQ, Ning XH, Dou JZ, Li YP, Kong DX, Liu YR, Jiang Z, Li RQ, Wang S^{*} & Bao ZM^{*a}, Scallop genome reveals molecular adaptations to semi-sessile life and neurotoxins, *Nature Communications*, 2017, 8(1):1721.

Li YL[#], Wang RJ[#], Xun XG[#], Wang J[#], Bao LS[#], Thimmappa R[#], Ding J[#], Jiang JW[#], Zhang LH, Li TQ, Lv J, Mu C, Hu XL, Zhang LL, Liu J, Li YQ, Yao LJ, Jiao WQ, Wang YF, Lian SS, Zhao ZL, Zhan YY, Huang XT, Liao H, Wang J, Sun HZ, Mi X, Xia Y, Xing Q, Lu W, Osbourn A, Zhou ZC*, Chang YQ*, Bao ZM* & Wang S*. Sea cucumber genome provides insights into saponin biosynthesis and aestivation regulation, *Cell Discovery*, 2018, 4: 29.

Li YL[#], Wang XL[#], Chen TT[#], Yao FW, Li CP, Tang QL, Sun M, Sun GY, Hu S, Yu J, Song SH^{*}, RNA-Seq Based *De Novo* Transcriptome Assembly and Gene Discovery of *Cistanche deserticola* Fleshy Stem, *Plos One*, 2015, 10(5): e0125722.

Li YL[#], Song SH^{#,*}, Wang XL, Li CP, Hu SN, Yu J, Transcriptome-wide N(6)-methyladenosine profiling of rice callus and leaf reveals the presence of tissue-specific competitors involved in selective mRNA modification, *RNA Biology*, 2014, 11(9): 1180-1188.

Li YL, Song SH^{*}, Li CP, Yu J, MeRIP-PF: an easy-to-use pipeline for high-resolution peak-finding in MeRIP-Seq data, *Genomics Proteomics Bioinformatics*, 2013, 11(1):72-75.

Wang S[#], Zhang JB[#], Jiao WQ[#], Li J[#], Xun XG[#], Sun Y[#], Guo XM[#], Huan P[#], Dong B, Zhang LL, Hu XL, Sun XQ, Wang J, Zhao CT, Wang YF, Wang DW, Huang XT, Wang RJ, Lv J, **Li YL**, Zhang ZF, Liu BZ, Lu W, Hui YY, Liang J, Zhou ZC, Hou R, Li X, Liu YC, Li HD, Ning XH, Lin Y, Zhao L, Xing Q, Dou JZ, Li YP, Mao JX, Guo HB, Dou HQ, Li TQ, Mu C, Jiang WK, Fu Q, Fu XT, Miao Y, Liu J, Yu Q, Li RJ, Liao H, Li X, Kong YF, Jiang Z, Chourrout D*, Li RQ* & Bao ZM*, Scallop genome provides insights into evolution of bilaterian karyotype and development, *Nature Ecology & Evolution*, 2017, 1(5):120.

Dou JZ[#], Dou HQ[#], Mu C, Zhang LL, Li YP, Wang J, Li TQ, **Li Y**, Hu XL, Wang S^{*}, Bao ZM^{*}, Whole-genome restriction mapping by “subhaploid”-based RAD sequencing: an efficient and flexible approach for physical mapping and genome scaffolding, *Genetics*, 2017, 206: 1237~1250.

Wang XL[#], Song SH^{#,*}, Wu YS[#], Li YL, Chen TT, Huang ZY, Liu S, Dunwell T, Pfeifer G, Dunwell J, Wamaedeesa R, Ullah I, Wang Y, Hu SN(*), Genome-wide mapping of 5-hydroxymethylcytosine in three rice cultivars reveals its preferential localization in transcriptionally silent transposable element genes, *Journal of Experimental Botany*, 2015, 66(21): 6651-6663.

授权专利:

1. 包振民, **李语丽**, 王师, 刘雅然, 陆维. LAS1基因在皂苷高产型海参选育中的应用. 批准号: 201810542803.8
2. 宋述慧, 陈婷婷, **李语丽**, 王西亮, 姚富文. 指示肉苁蓉生药材总苷含量范围的快速检测方法及试剂盒. 批准号: 201510648363.0

