



微生物组分析方法、应用 与科学传播

中国微生物组研究现状与对策研讨会
中国科学院微生物研究所E201

刘永鑫

中国科学院遗传与发育生物学研究所

中国科学院大学，生物互作卓越创新中心

中国科学院-英国约翰英纳斯中心植物和微生物科学联合研究中心

2019年12月7日



中国科学院遗传与发育生物学研究所

Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences

个人简介

2004-2008 东北农业大学

学士

微生物学

2008-2011 东北农业大学

硕士

作物遗传育种

2011-2014 中科院遗传发育所

博士

生物信息学

2014-2016 中科院遗传发育所

博士后

遗传学

2016-今 中科院遗传发育所

工程师

微生物组分析





发表文章情况

- 本人在***Science***, ***Nature Biotechnology*** 等杂志发表论文18篇, 其中第一作者(共同)论文9篇。应邀在***遗传*** 和***Current Opinion in Microbiology*** 等杂志发表综述文章。

杂志	发表时间	主要贡献	影响因子	引用	作者
<i>Nature Biotechnology</i>	2019.6 封面文章	发现微生物组在粳籼稻间差异和与氮利用效率的关系	35.7	12	共同一作
<i>Science China Life Sciences</i>	2018.6 封面文章	挖掘水稻根系微生物组全生育期动态变化规律	3.5	20	共同一作
<i>遗传</i>	2019.9	微生物组分析方法	0	2	第一作者
<i>Current Opinion in Microbiology</i>	2019.11	综述合成群落在植物根系微生物组中的研究方法与应用	6.9	0	第一作者
<i>Science</i>	2019.5	参与解析三砷调控微生物组的规律	41.0	17	第三作者
<i>Nature Biotechnology</i>	2019.8	参与微生物组分析软件QIIME2的开发与测试、并撰写十万字中文教程	31.8	248	参与作者



报告提纲

- 方法优化和开发
- 合作分析
- 科学传播



报告提纲

- **方法优化和开发**

- 合作分析

- 科学传播



方法学的进展和存在问题

- 目前微生物组分析领域的处于高速发展阶段，方法和软件百花齐放、百家争鸣，很多软件形成三足鼎立，并没有出现一家独大；
- 对于绝大多数科研人员，开展分析中的主要难题不是没有软件可有，而是软件太多，不知如何选择，对软件方法的优缺点理解有限，结果准确性无法把握。

生物信息分析平台的搭建

分析代码

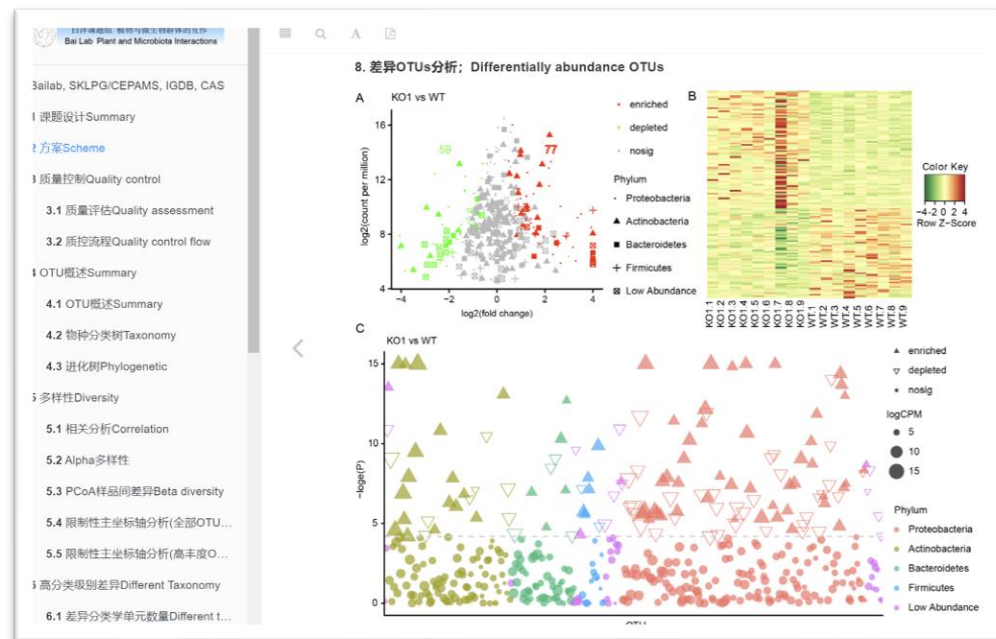
```
#!/usr/bin/perl

# Default parameter
sha=alpha.txt
a=beta
spare_group=compare_group.txt
sign=design.txt
scute=TRUE
otu=otu_table_css.txt
install=FALSE # install package, default FALSE
group=group1.group2 # combine group1.group2 as new group name, not allow TRUE
put=result # default work directory, remove low abundance < 0.1% and p < 0.05
group=TRUE # when pair_group have value turn TRUE
genotype
list=WT,DM1,DM2,D01,D02
batch
list=1,2,3
up_order=FALSE # order group by input list, not allow TRUE with merge_group
ect1=FALSE # filter first group1 info
ect2=FALSE # filter first group2 info
lth=5
ght=3
st_size=7
lue=0.05
ch=FALSE # Batch in shape
mutations=10000
allel=9
发某一列批量CPCoA, 初始为一组, 不画
list=1
*1

function for script description and usage
ge()
{
    <<EOF>>
    ge:
    -----
    .ename: ...diversity.sh
    .icon: ...
}
```

测试300+软件
书写10000+行代码

结果报告



28种统计分析方法
标准分析周期仅需3天

参与主流微生物组分析平台开发



Quantitative Insights Into Microbial Ecology

QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data

[JG Caporaso](#), [J Kuczynski](#), [J Stombaugh](#), [K Bittinger](#)... - Nature ..., 2010 - nature.com

To the Editor: High-throughput sequencing is revolutionizing microbial ecology studies. Efforts like the Human Microbiome Projects 1 and the US National Ecological Observatory Network 2 are helping us to understand the role of microbial diversity in habitats within our ...



Cited by 17672

[Related articles](#)

[All 12 versions](#)

Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using **QIIME 2**

[E Bolyen](#), [JR Rideout](#), [MR Dillon](#), [NA Bokulich](#)... - Nature ..., 2019 - nature.com

To the Editor—Rapid advances in DNA-sequencing and bioinformatics technologies in the past two decades have substantially improved understanding of the microbial world. This growing understanding relates to the vast diversity of microorganisms; how microbiota and ...



Cited by 66

[All 13 versions](#)

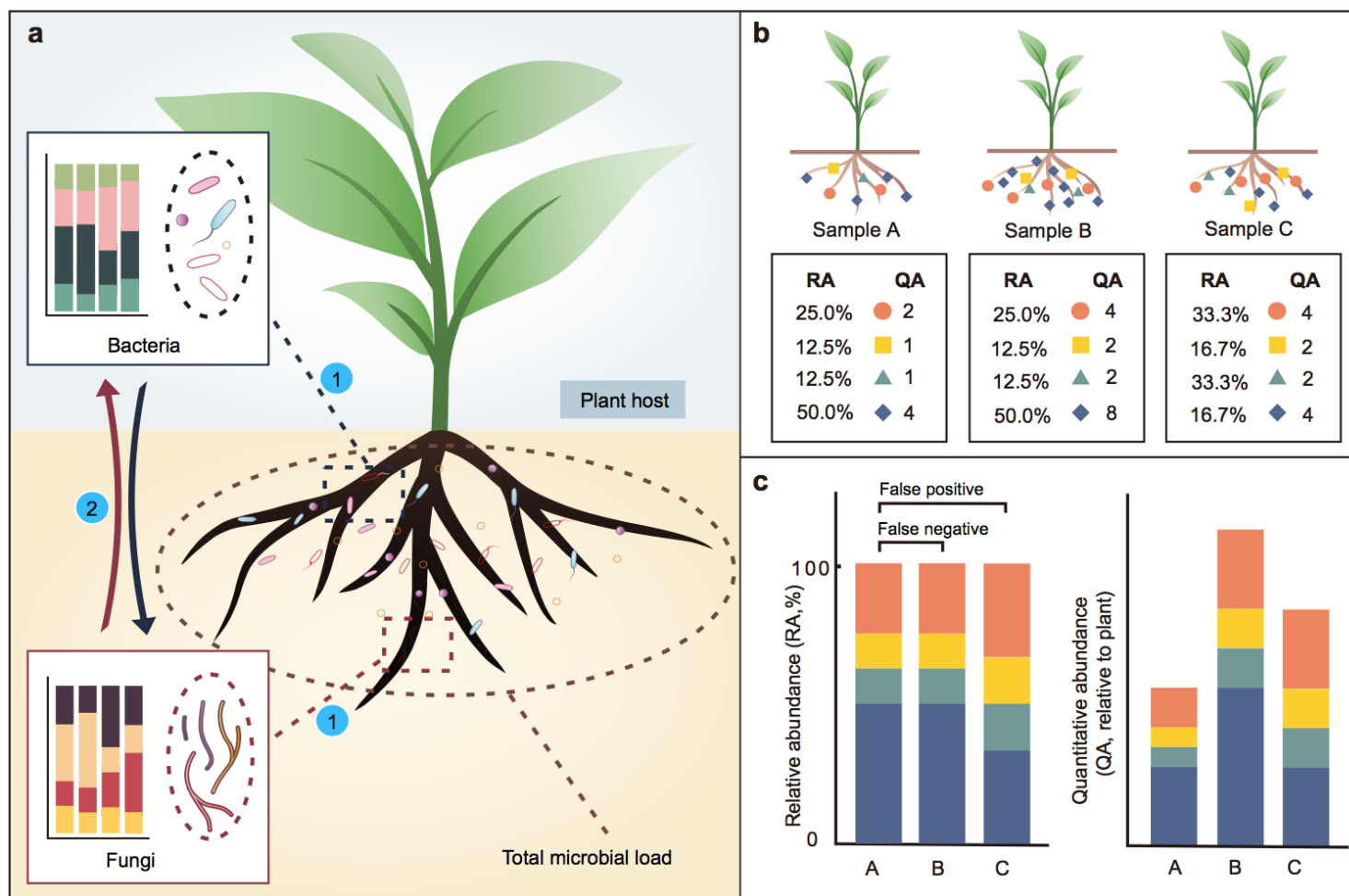
实现了可重复、可交互和可扩展的微生物组分析平台
今年8月发表于***Nature Biotechnology*** 杂志



植物扩增子定量方法开发

解决植物扩增子分析中
只有相对丰度的问题

实现宿主植物、细菌、
真菌三者间的定量，提
供了绝对丰度的角度对
微生物进行观察和比较





下一步工作重点

- 提高方法和软件的易用性
- 微生物组数据库的国内备份、更新站点
- 原创性方法的开发



报告提纲

- 方法优化和开发
- 合作分析
- 科学传播



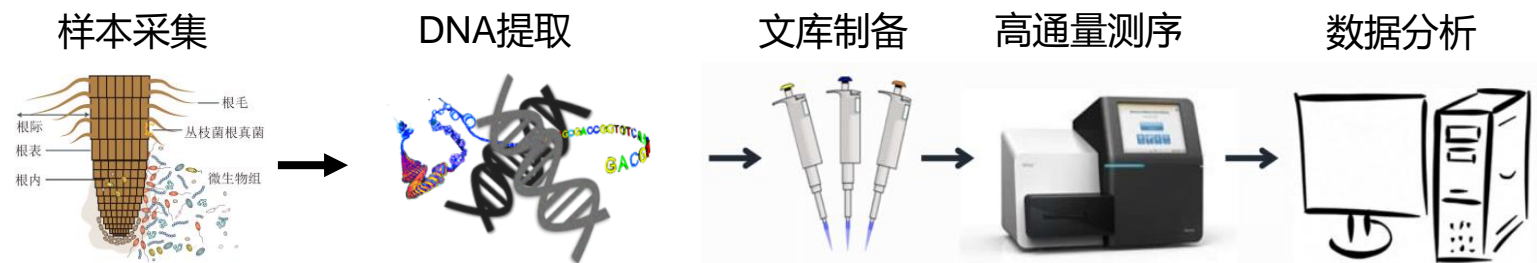
实验+分析=1+1>2

	实验生物学家	计算生物学家	合作
丰富的实验材料	✓		✓
精湛的实验操作	✓		✓
强大的背景知识	✓		✓
数据分析的思路		✓	✓
方法的测试与比较		✓	✓
分析结果描述		✓	✓
生物学意义解读	✓	✓	✓+✓

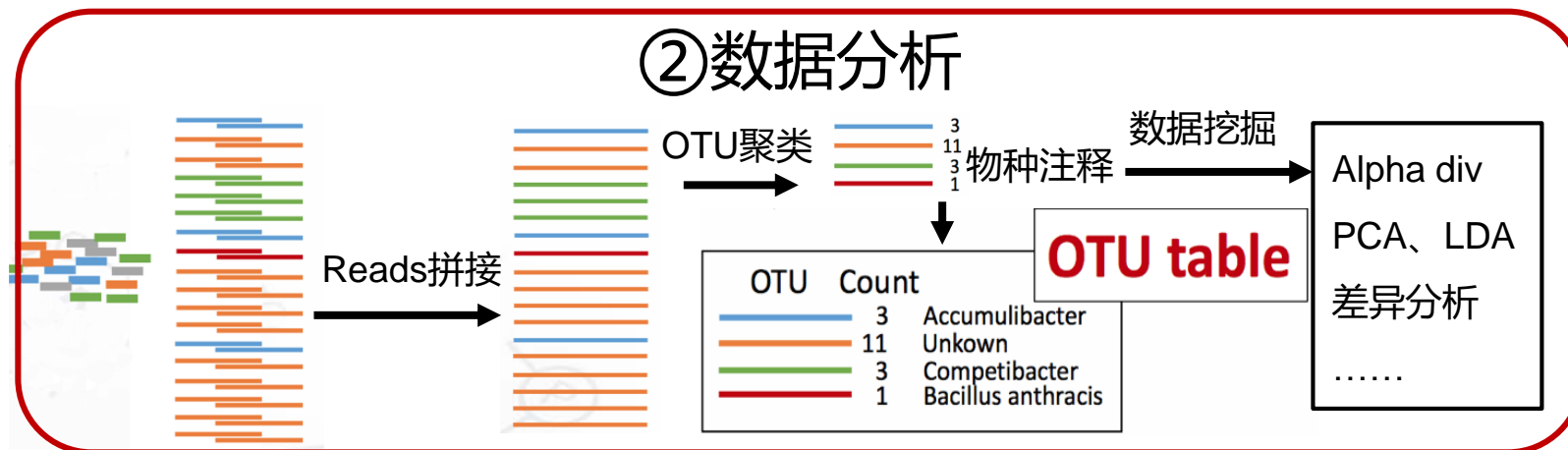
实验生物学家与计算生物学家知识体系优势互补

研究手段

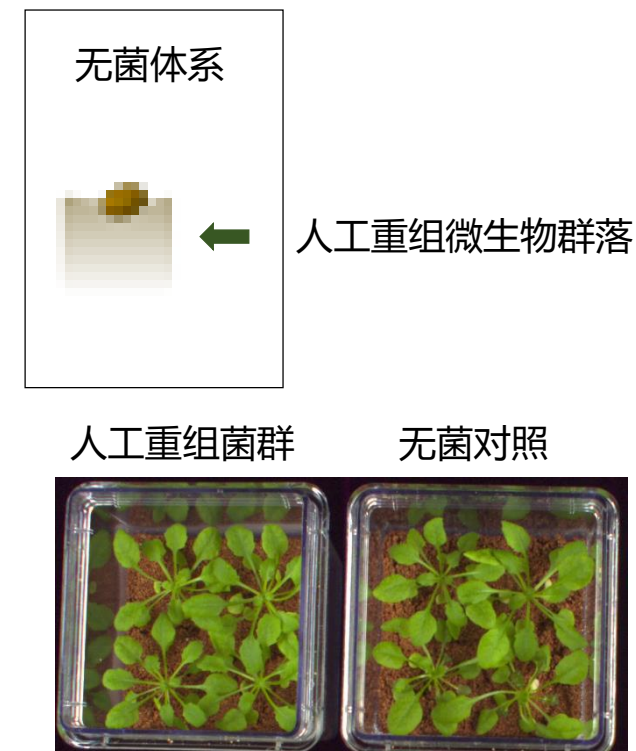
①实验数据



②数据分析



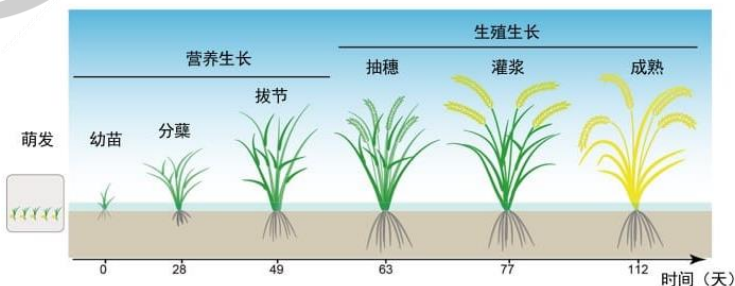
③功能验证



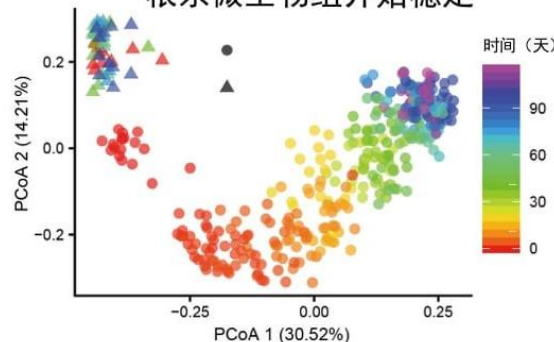
实验数据 → 数据分析 → 功能验证

探索水稻全生育期微生物组

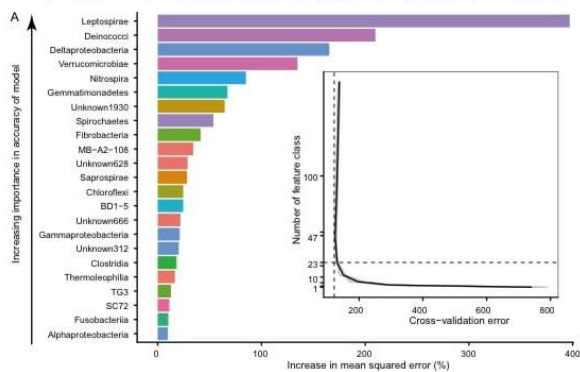
水稻田间全生育期示意图



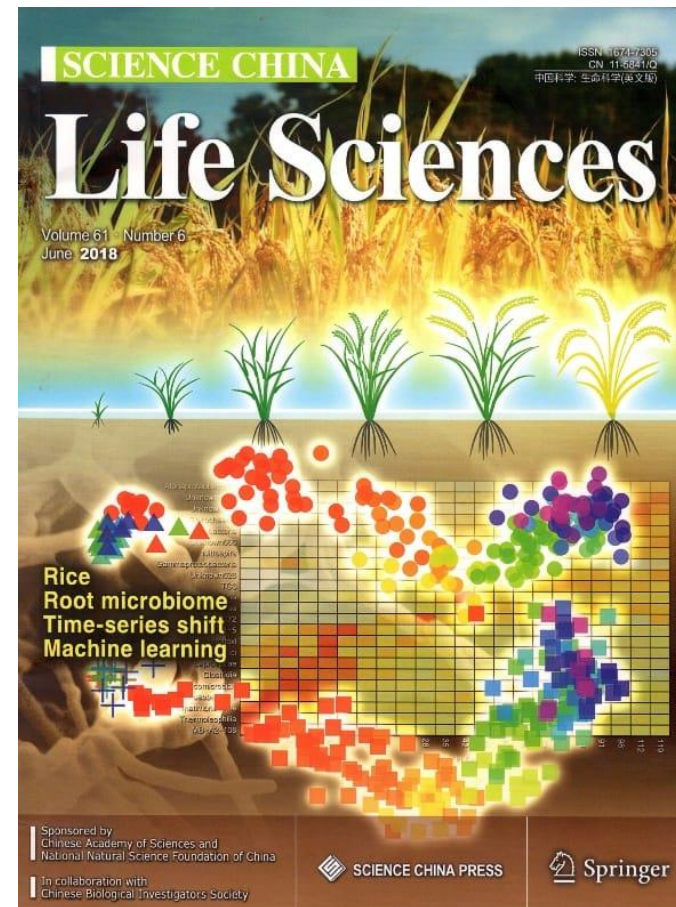
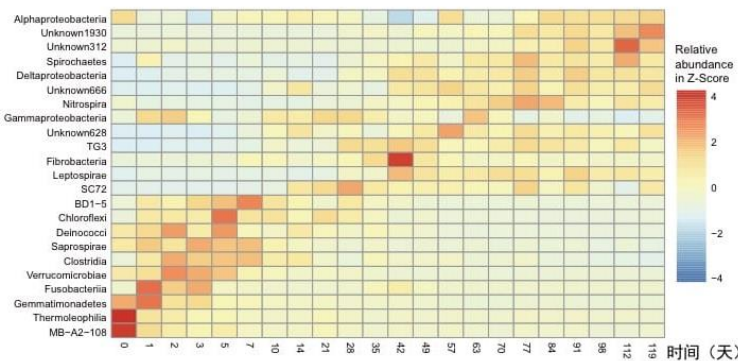
水稻进入生殖生长期后
根系微生物组开始稳定



通过机器学习的方法鉴定
水稻生长发育相关的根系代表性细菌



根系代表性细菌随水稻生长的变化规律



为农业益生菌的施用时间提供指导和理论基础

Jingying Zhang#, Na Zhang#, **Yong-Xin Liu#**, Xiaoning Zhang, Bin Hu, Yuan Qin, Haoran Xu, Hui Wang, Xiaoxuan Guo, Jingmei Qian, Wei Wang, Pengfan Zhang, Tao Jin, Chengcai Chu* & Yang Bai*. Root microbiota shift in rice correlates with resident time in the field and developmental stage. **Science China Life Sciences**. 2018, 61: 613-621. doi:10.1007/s11427-018-9284-4

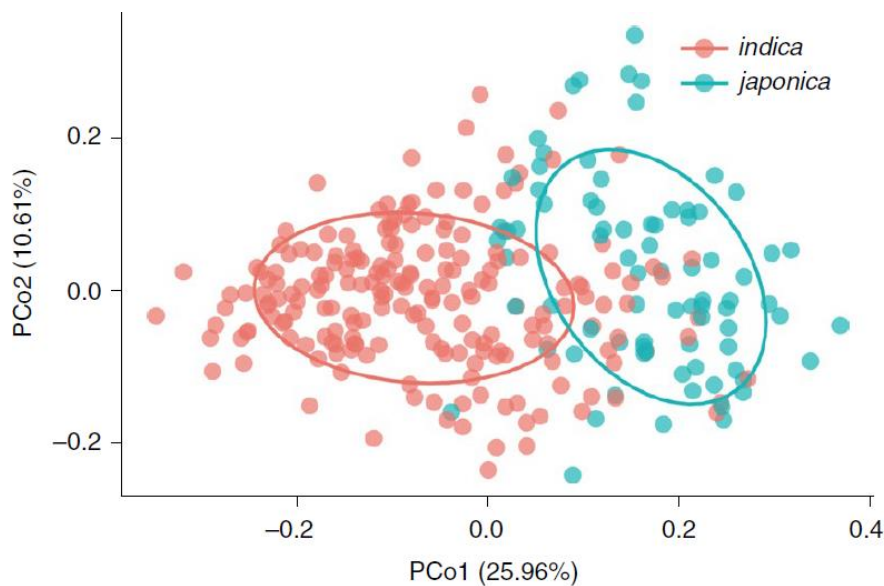




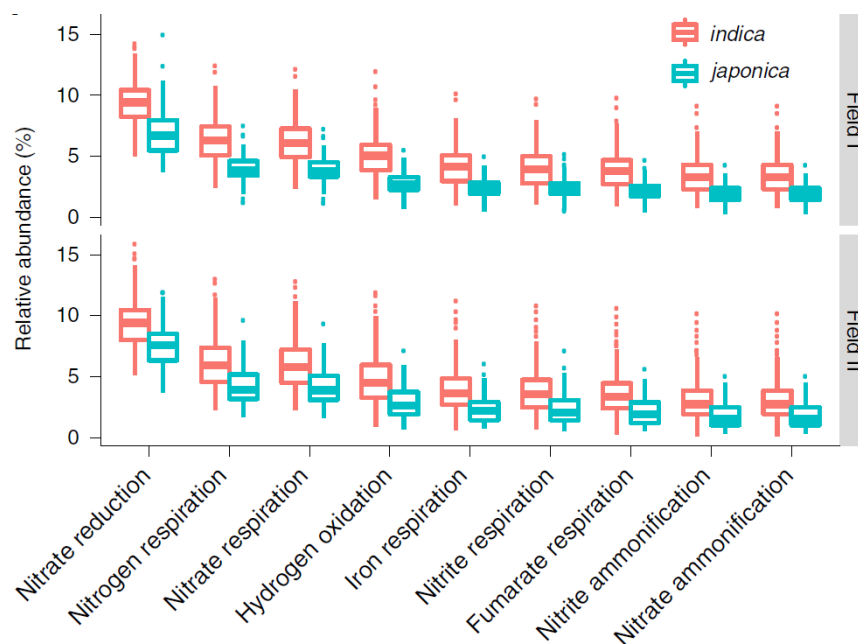
解析根系微生物组在氮利用中的作用



籼粳稻根系形成不同的微生物组



籼稻比粳稻富集更多
氮循环相关细菌

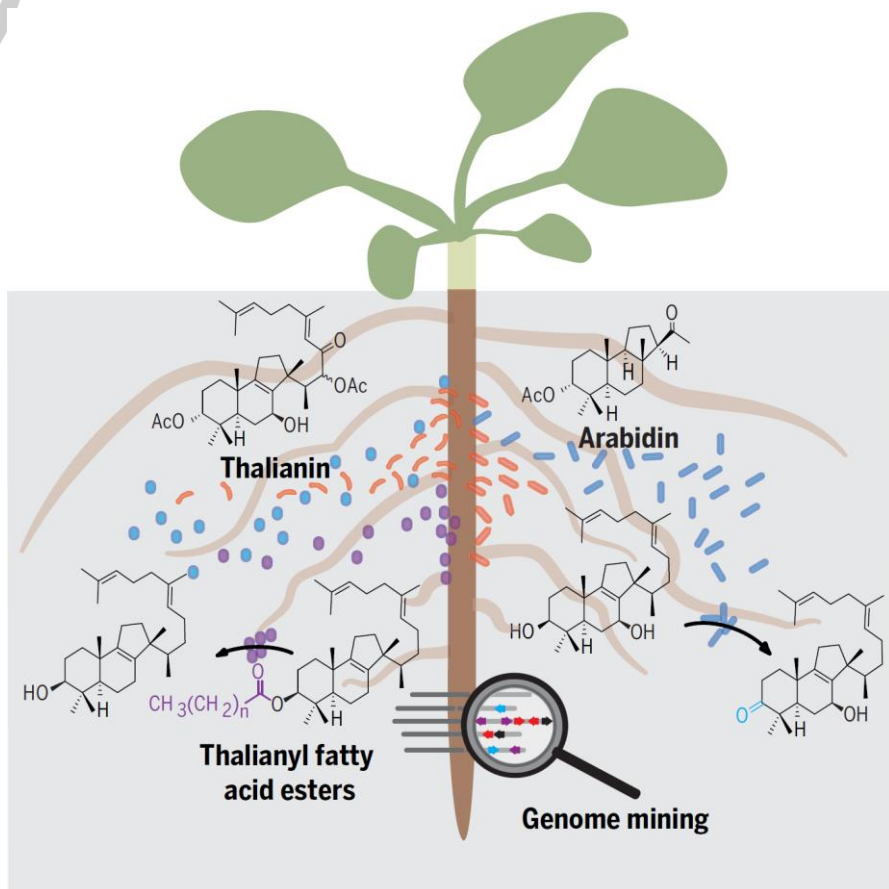


为农业益生菌在氮肥高效利用中的应用提供了理论和材料基础



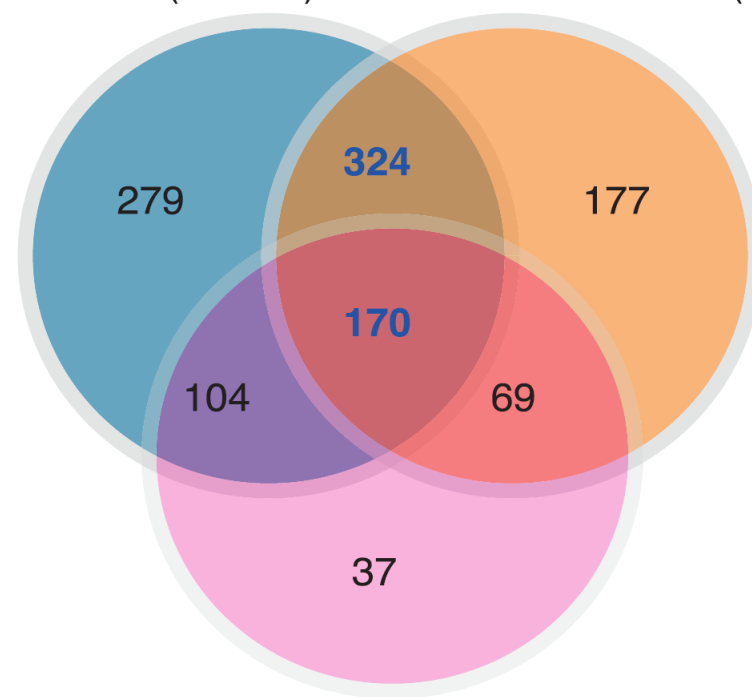
Jingying Zhang#, **Yong-Xin Liu**#, Na Zhang#, Bin Hu#, Tao Jin#, Haoran Xu, Yuan Qin, Pengxu Yan, Xiaoning Zhang, Xiaoxuan Guo, Jing Hui, Shouyun Cao, Xin Wang, Chao Wang, Hui Wang, Baoyuan Qu, Guangyi Fan, Lixing Yuan, Ruben Garrido-Oter, Chengcai Chu* & Yang Bai*. NRT1.1B is associated with root microbiota composition and nitrogen use in field-grown rice. **Nature Biotechnology**. 2019, 37: 676-684. doi:10.1038/s41587-019-0104-4

植物萜类化合物对微生物组的调控



Enriched in Col-0 (vs. rice)

Enriched in Col-0 (vs. wheat)



Depleted in triterpene mutants (vs. Col-0)

二萜和三萜类化合物塑造拟南芥根系特异的微生物组结构

Ancheng C. Huang, Ting Jiang, **Yong-Xin Liu**, et. al. **Science**. 2019, 364: eaau6389.

Qingwen Chen, Ting Jiang, **Yong-Xin Liu**, et. al. **Science China Life Sciences**. 2019, 62: 947-958.



开展合作的主要问题和对策

- 沟通：实验和分析人员间缺少了解和沟通，需背景和需求清晰，执行前多沟通
- 耐心：真正的合作是几个月到几年有长期磨合，切忌急功近利，无背景基础、公司式标准化分析离生物学规律相差甚远
- 利益：评价体系对共同作者不公平，但有没有更好的办法，设定目标并根据最终贡献谈好利益分配问题
- 舍得：有舍才有得，否则很能开展合作实现优势互补，达到突破自己的天花板，冲击国际领先或开创交叉新领域



报告提纲

- 方法优化和开发
- 合作分析
- **科学传播**


撰写微生物组领域研究方法综述

- 负责撰写《遗传》杂志所庆60周年专刊特邀综述一篇



当前位置: 三年内

☐ 选择:  下载引用

 显示/隐藏图片

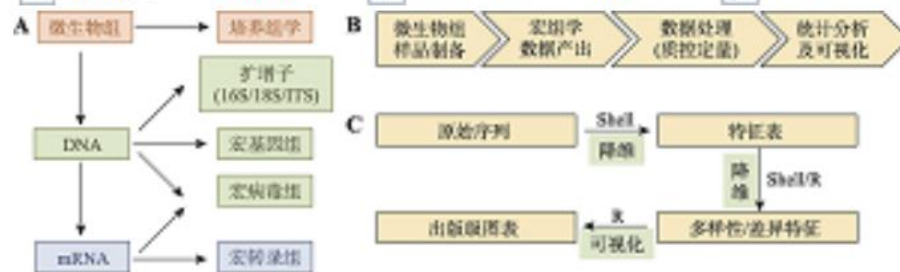
☐ 微生物组数据分析方法与应用 

刘永鑫,秦媛,郭晓璇,白洋

遗传 2019, 41 (9): 845-862. DOI: 10.16288/j.ycz.19-222

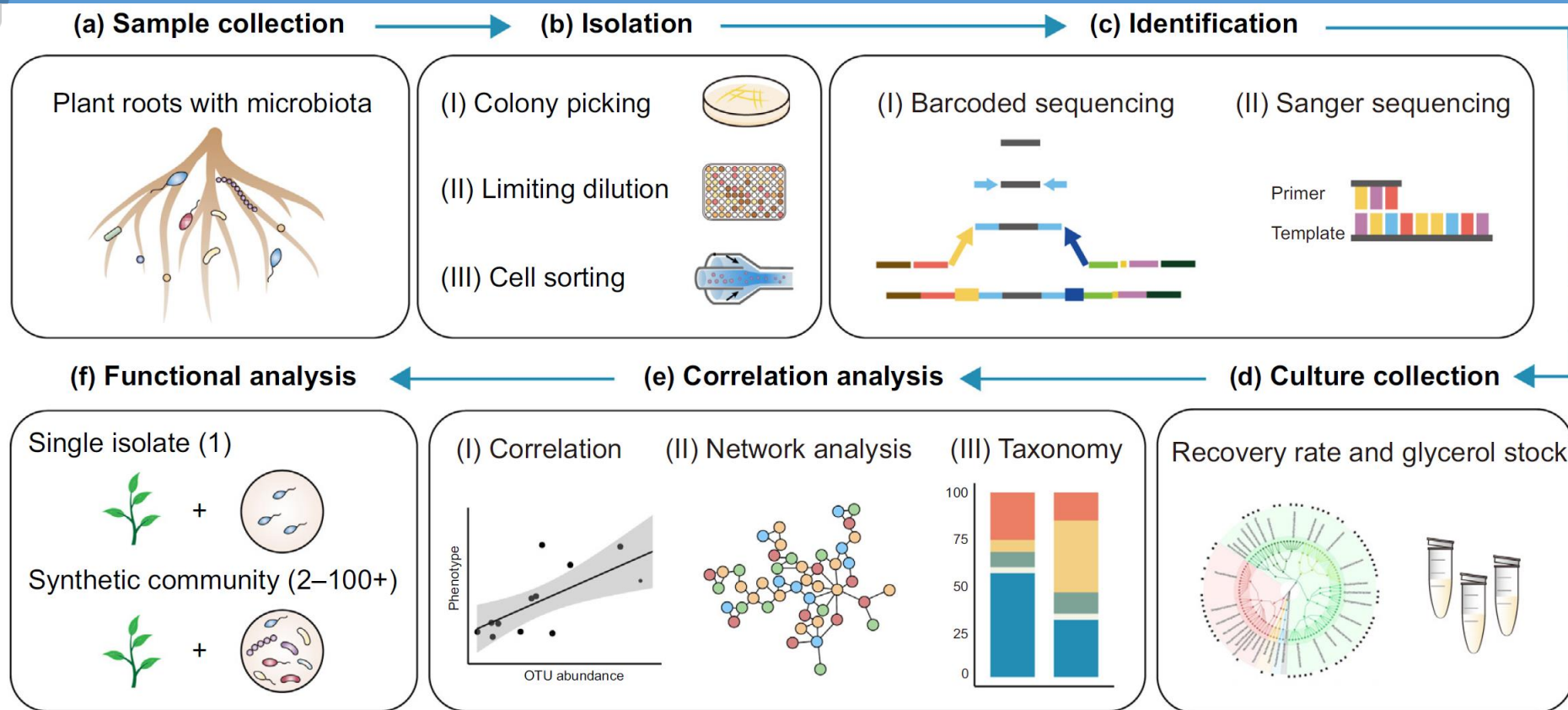
录用日期: 2019-09-02

 摘要 (2160)  HTML (42)  PDF (557KB) (2086)



遗传: 微生物组数据分析方法与应用

微生物组功能研究方法综述



应邀为微生物组领域权威杂志 ***Current Opinion in Microbiology*** 撰写综述
推动研究从描述性阶段向功能研究发展

课题组网站和培训



白洋课题组 植物微生物组
Bai Lab Plant Microbiome



首页
研究方向
发表文章
课题组成员
组内新闻
资源共享
人才招聘
English

宏基因组学实验室
(植物与微生物群体的互作)

人才招聘

本实验室常年招聘工作人员、博士后、技术员和客座研究生，欢迎对植物与微生物群体的互作、宏基因组学、生物信息学研究感兴趣，有志综合利用宏基因组学、高通量菌群培养和重组技术，解析微生物群在植物中重要作用的优秀科研青年申请。

友情链接



微生物组 数据分析简介



刘永鑫
中科院遗传发育所白洋组
2018年11月26日



中国科学院遗传与发育生物学研究所
Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences

Microbiome
Bai Lab

课题组中英文主页

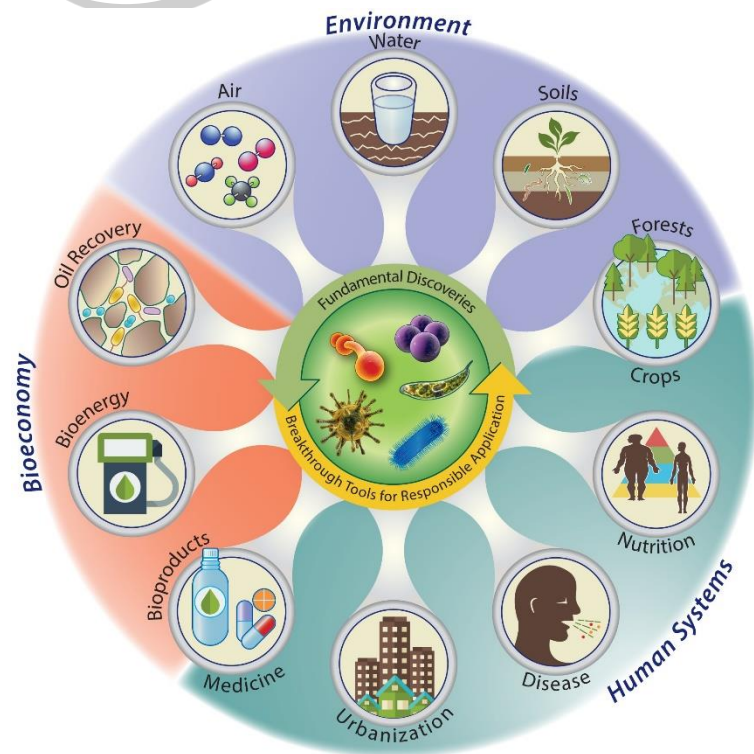
80个国家，近5万个独立IP访问

协助指导4名博士生

随时的答疑，每周的生信交流和培训

科学传播

创立“宏基因组”公众号



宋晓峰 北京大学
葛德燕 常熟理工学院
车有 英国帝国理工学院
中科院遗传发育所
周晗 湖南农业大学
郑伟 山东农业大学
黄鹏 山东农业大学
刘永鑫 南京农业大学
穆大帅 穆大帅生态中心
周欣 周欣
陈峰 陈峰
秦娜 秦娜
易汉博 易汉博
陈同 陈同
焦硕 焦硕
李杰 李杰
王金峰 王金峰
香港大学 香港大学
段守富 段守富



刘永鑫：想学菌群生物信息分析？21分钟带你入门！

一线研究和科普专家无保留分享：菌群生物信息分析的基本思想、工作环境、基本技能以及常用软件和工具。

2019-09-19

阅读量1000万+次，6万+同行订阅
分享经验和文章400余篇，50多位国内外同行参与

受邀参加同行主题演讲

<http://www.mr-gut.cn/talks/s/643abe7f702641f5ba9fd1cb4a6d4a3f>



科学传播的问题和解决方案

- 文章分析描述缺少细节无法重现、文章多如汪洋大海、英文资料太多但缺少系统整理和中文资料、缺少实例和经验分享等问题？
- 解决方案：
- 倡导文章分享可重复代码，提高可信度、国际影响力和信誉；
- 成果新闻、新媒体综合解读宣传，让同行了解；
- 翻译或分享较新的前沿资料，进一步总结综述并同步翻译传播；
- 利用“互联网+”模式，分析实例、经验总结通过博客让同行检索，公众号推送让别人知道，在线直播和演讲的方式让大家有机会方便学习前沿知识、技术和经验。



总结



中国微生物组研究	现状	对策
方法优化和开发	软件多 易生性差 国内原创少	评估+排名+点评 优化适合非专业人士 与数学、计算机联合开发
合作分析	缺少沟通 急功近得 心态定位偏差	掌握必要的对方知识 实验和分析都是长期科研 换位思考、尊重他人贡献
科学传播	中文资料少 成果被埋没 报告讲座少	共享经验和笔记 解读、宣传和后续服务 视频直播+永久访问



谢谢各位老师!

