**宏基因组云讲堂演讲人信息表**

**主持人介绍 ：**

**​易生信-宏基因组积微学术论坛，正式开课，**博彩众家之长，积微成就突破，选自《荀子》的一篇文章代表，劝导大家要做好每件小事做，不断积累，必然后获得更大的成就**。我们的系统学习报告，将会从科研实例思路、分析技术角度陆续分析，同时穿插讲解一些实用的分析技术，为大家提供可查、可回看的本领域资料库，为推动本领域的发展贡献一份力量。**

**袁军，**博士，就职于南京农业大学资环学院沈其荣教授团队。研究方向：根系分泌物介导的植物-土壤反馈，土壤微生物群落调控，连作障碍修复，新型肥料研发。目前以第一作者在The ISME Journal，Microbiome，SBB，Hortic Res，AEM 等国际著名期刊上发表十余篇文章，他引700余次。

袁老师平时比较低调，袁军博士在读博期间发表文章10篇，18年发表的一篇根系分泌物驱动土壤抗性的文章，有46次引用，也有白洋老师参与。这次的ISME文章，我也有幸在投稿前帮助审过稿，从分析角度提过一些建议。文章的思路非常值得学习，利用整合大数据是末来的趋势，。本次直播还有请到了，本文的共同一作文涛，应该很多朋友都比较熟悉，在报告结束后讨论阶段一些技术细节咨询文涛。还有生信宝典的主编陈同博士，在宏基因组公创号的联合创始人，参与了本领域分析流程的优化和综述编写工作。大家分享整合公共数据挖掘高水平研究的设计和分析思路，如何发现好的科学问题，并有效的执行。下面将时间交给袁老师

**请在演讲日期前一周返还此表！以下内容格式供参考，请替换为本人信息。**

|  |  |
| --- | --- |
| **中文姓名：袁军** | |
| **嘉宾简介：**  **（目前所在单位，教育工作经历等，可选）**  2020- ， 南京农业大学，资源与环境科学学院，副教授  2016-2019， 南京农业大学，资源与环境科学学院，师资博士后、讲师  2013-2015， 科罗拉多州立大学，园艺学院，联合培养  2010-2016， 南京农业大学，资源与环境科学学院，硕博连读  **（个人简介和代表性成果总结，150~350字）**  **袁军，**博士，就职于南京农业大学资环学院沈其荣教授团队。研究方向：根系分泌物介导的植物-土壤反馈，土壤微生物群落调控，连作障碍修复，新型肥料研发。目前以第一作者在The ISME Journal，Microbiome，SBB，Hortic Res，AEM 等国际著名期刊上发表十余篇文章，他引700余次。 | |
|
| **照片：** | |
| **演讲题目：扩增子大数据整合与机器学习在预测土传病害方面的研究** | |
| **关键词：扩增子，机器学习，土传病害，镰刀菌枯萎病，整合分析** | |
| **中文摘要**  **（尽量浅显易懂，字数不限，推荐配图）** | 土传植物病害正日益给农业生产造成毁灭性的损失。开发一个更精确的疾病预测模型可以通过使用预防性控制措施或种植季节的土壤休耕来帮助减少作物损失。高通量DNA测序技术的出现为研究病害发病土壤和健康土壤的微生物组成提供了前所未有的视角。然而，一个单独的案例研究很少能预测一个特定土壤中病害的结论。在这里，我们尝试使用机器学习方法来解释各种研究和植物品种之间的差异，这些数据集基于24个独立的细菌数据集（包括758个样本）和22个独立的真菌数据集（包括来自8个不同国家的279个健康或镰刀菌枯萎病土壤样本）。我们发现，来自9个国家或地区的6种作物的土壤样本中，细菌和真菌群落在患病和健康土壤样本之间都有明显的分离。α多样性在健康土壤真菌群落中始终较大。发病土壤微生物群落中黄单胞菌科、杆菌科、赤霉素和尖孢镰刀菌的丰度较高，而健康土壤微生物群中含有较多的奇异链霉菌、缓生根瘤菌科、单孢霉科、被孢霉和镰刀菌属的非致病真菌。此外，随机森林法鉴定出45个细菌otu和40个真菌otu，将土壤健康状况分类，准确率>80%。我们的结论是，通过揭示枯萎病土壤微生物群落的关键生物学指标和共同特征，这些模型可用于预测尖孢霉枯萎病发生的可能性。 |
| **作者代表性论著或参考文献（建议填写5篇，作者和杂志全名且加粗）** | 1. **Jun Yuan**, **Tao Wen**, He Zhang, Mengli Zhao, C. Ryan Penton, Linda S. Thomashow, Qirong Shen\* (2020). Predicting disease occurrence with high accuracy based on soil macroecological patterns of Fusarium wilt. **The ISME Journal**,2020.7.17, doi: <https://doi.org/10.1038/s41396-020-0720-5> **(IF = 9.18)** 2. **Jun Yuan,** Jun Zhao, Tao Wen, Mengli Zhao, Rong Li, Pim Goossens, Qiwei Huang, Yang Bai, Jorge M. Vivanco, George A. Kowalchuk, Roeland L. Berendsen, Qirong Shen\*, Root exudates drive the soil-borne legacy of aboveground pathogen infection, **Microbiome,** 2018.09.12, 6, doi: [https://doi.org/](https://doi.org/10.1126/science.aau6389)10.1186/s40168-018-0537-x**(IF = 11.607)** 3. **Jun Yuan,** Jacqueline Chaparro, Manter Daniel, Ruifu Zhang, Jorge Vivanco\*, Qirong Shen\*. Roots from distinct plant developmental stages are capable of rapidly selecting their own microbiome without the influence of environmental and soil edaphic factors. **Soil Biology and Biochemistry,** 2015, 89: 206-209，doi：[https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2015.07.009](https://doi.org/10.1126/science.aau6389) **(IF = 5.795)** |
| **分享许可(默认同意)** | **是否同意分享演讲稿PPT/PDF：是**  **是否同意分享演讲视频供更多同行学习：是** |
| **专家费发放信息** | **姓名：**  **身份证号：**  **银行卡号：**  **开户行：**  **手机号：** |

**如需获取更多关于宏基因组公众号信息，请访问我们的网站：**[**https://mp.weixin.qq.com/s/5jQspEvH5\_4Xmart22gjMA**](https://mp.weixin.qq.com/s/5jQspEvH5_4Xmart22gjMA)

**如果您有任何问题或建议，请联系我们：微信 meta-genomics，邮箱:** [**metagenome@126.com**](mailto:metagenome@126.com)[**或yxliu@genetics.ac.cn**](mailto:或yxliu@genetics.ac.cn)

**演讲注意事项**

* **演讲原则上使用中文，可以夹杂英文专业词汇 （如果受邀嘉宾有特殊背景，如出生在美国，可以用全英文讲解）。PPT建议使用中文，一般英文也可。**
* **直播前1天主持人会与演示者沟通并测试，正式直播时间前安排10-30分钟与活动主持人连线，调试直播软件以及确认幻灯片的正常播放。**
* **宏基因组云讲堂每次直播时间原则为45分钟，主持人介绍3分钟，的演讲时长建议30 分钟，结束讨论12 min，讨论较热烈时，总时长控制不超过1小时。**
* **我们要求对讲座过程进行录像或直播，演讲过后会把录像分享在网上和大家共享。但我们完全尊重演讲人的意愿。如果因为数据未发表等原因不希望公开视频, 请提前告诉我们。**
* **关于时间：目前暂定周三晚8点，直播使用腾讯会议、腾讯课堂。**
* **我们希望您能考虑为我们推荐1-2演讲候选人。**

**再次感谢您的参与！**

**宏基因组云讲堂**

**执行委员会**

**2020年**

### **附：宏基因组公众号简介**

宏基因组/微生物组是当今世界科研最热门的研究领域之一，为加强宏基因组学技术和成果交流传播，推动全球华人微生物组领域发展，中科院青年科研人员创立“宏基因组”公众号，联合海内外同行共同打造本领域纯干货技术及思想交流平台。

公众号每日推送，工作日分享宏基因组领域最新成果、科研思路、实验和分析技术，理论过硬实战强；周末科普和生活专栏，轻松读文看片涨姿势。经过3年多发展，目前分享2000+篇原创文章，94000+小伙伴在这里一起交流学习，累计阅读超1600万+，15个500人同行微信交流群，欢迎投稿，感兴趣的赶快关注吧！

****