**宏基因组云讲堂演讲人信息表**

**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：刘永鑫** | |
| **嘉宾简介：**  **（目前所在单位，教育工作经历等，可选）**  2016-2020， 中国科学院，遗传与发育生物学研究所，工程师，微生物组  2014-2015， 中国科学院，遗传与发育生物学研究所，博士后，遗传学  2007-2011， 中国科学院，遗传与发育生物学研究所，博士，生物信息学  2008-2011， 东北农业大学，农学院， 硕士，作物遗传育种  2004-2008， 东北农业大学，资源环境学院， 学士，微生物学  **（个人简介和代表性成果总结，150~350字）**  **刘永鑫**，博士。2008年毕业于东北农业大学微生物学专业，2014年于中科院遗传发育所获生物信息学博士学位，2016年博士后出站留所任宏基因组学实验室工程师。目前主要研究方向有微生物组数据挖掘、分析方法开发和科学传播。目前以第一作者(含共同)或微生物组数据分析负责人在[***Science***](https://mp.weixin.qq.com/s/KmMDEmptBKz8Fv7VSdz2Jg)*、*[***Nature Biotechnology***](https://mp.weixin.qq.com/s/s7Q1_MeodqJ0hjwDumeiXQ)*、*[***Cell Host & Microbe***](https://mp.weixin.qq.com/s/DgVe1VAZVqOMqCMuU3kEeQ) 等杂志发表论文20余篇，引用1100余次。参与[微生物组分析平台**QIIME 2**开发](https://mp.weixin.qq.com/s/-_FHxF1XUBNF4qMV1HLPkg)。受邀以第一作者和/或通讯作者(含共同)在[***Protein & Cell***](https://doi.org/10.1007/s13238-020-00724-8)*、*[***Current Opinion in Microbiology***](https://mp.weixin.qq.com/s/-gXoRIy6ZuEmHH6txH8txA)*、*[***遗传***](https://mp.weixin.qq.com/s/3XFmRe4l2uZrHZexx0Ou-g)等杂志发表微生物组研究方法综述。2017年7月创办“宏基因组”公众号，目前分享本领域相关原创文章1900余篇，代表作品有[《微生物组图表解读、分析流程和统计绘图》](https://mp.weixin.qq.com/s/u7PQn2ilsgmA6Ayu-oP1tw)、[《QIIME2中文教程》](https://mp.weixin.qq.com/s/-_FHxF1XUBNF4qMV1HLPkg)等系列，关注人数9万+，累计阅读1400万+，2020年6月发起[宏基因组中文百科全书计划](https://mp.weixin.qq.com/s/zaHjZLZCRcRgOXDgGT-mXg)，欢迎广大同行参与。 | |
|
| **照片：**  image | |
| **演讲题目：微生物组数据分析与可视化** | |
| **关键词：扩增子，宏基因组，分析流程，统计分析与可视化** | |
| **中文摘要**  **（尽量浅显易懂，字数不限，推荐配图）** | 近年来高通量测序技术的发展，开发一系列适合微生物组研究的技术，快速推动了微生物组领域的发展并积累了海量数据。而微生物组数据分析过程复杂、软件和方法的种类多样让初涉本领域的同行非常茫然。本次演讲系统概述了微生物组常用测序技术-扩增子、宏基因组等方法的优缺点，方便同行根据科学问题快速选择合适的研究手段。同时在众种的分析软件中，挑选主流软件整合的分析流程推荐给同行，方便快速实现较优的扩增子和宏基因组分析流程，对并常用软件和数据库进入介绍，方便同行选择和优化特征表。最后介绍基于特征表的微生物组下游通用统计分析和可视化方法，包括多样性、物种种组、网络分析、进化分析、机器学习、来源追溯等方法和常用可视化图表类型，帮助同行看懂图表并选择合适的方析方法和可视化方案。本文拟通过对当前微生物组主流分析方法的整理和总结，为同领域研究者更方便、灵活的开展数据分析，快速选择研究分析工具，高效挖掘数据背后的生物学意义提供参考，进一步推动微生物组研究在生物学领域的发展。 |
| **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. **Yong-Xin Liu#\***, Yuan Qin#, Tong Chen#, Meiping Lu, Xubo Qian, Xiaoxuan Guo & Yang Bai\*. (2020). A practical guide to amplicon and metagenomic analysis of microbiome data. **Protein & Cell** 11, doi: <https://doi.org/10.1007/s13238-020-00724-8> (**IF = 10.164**) 2. Wei Wang#, Jing Yang#, Jian Zhang, **Yong-Xin Liu**, Caiping Tian, Baoyuan Qu, Chulei Gao, Peiyong Xin, Shujing Cheng, Wenjing Zhang, Pei Miao, Lei Li, Xiaojuan Zhang, Jinfang Chu, Jianru Zuo, Jiayang Li, Yang Bai, Xiaoguang Lei\* & Jian-Min Zhou\*. (2020). An Arabidopsis secondary metabolite directly targets expression of the bacterial type III secretion system to inhibit bacterial virulence. **Cell Host & Microbe** 27, 601-613.e607, doi: [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.chom.2020.03.004](https://doi.org/https:/doi.org/10.1016/j.chom.2020.03.004) (**IF = 15.923**) 3. **Yong-Xin Liu**, Yuan Qin & Yang Bai\*. (2019). Reductionist synthetic community approaches in root microbiome research. **Current Opinion in Microbiology** 49, 97-102, doi: <https://doi.org/10.1016/j.mib.2019.10.010> (**IF = 8.134**) 4. 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\*. (2019). NRT1.1B is associated with root microbiota composition and nitrogen use in field-grown rice. **Nature Biotechnology** 37, 676-684, doi: <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0104-4> (**IF = 36.558**，封面文章) 5. Ancheng C. Huang#, Ting Jiang#, **Yong-Xin Liu**, Yue-Chen Bai, James Reed, Baoyuan Qu, Alain Goossens, Hans-Wilhelm Nützmann, Yang Bai\* & Anne Osbourn\*. (2019). A specialized metabolic network selectively modulates Arabidopsis root microbiota. **Science** 364, eaau6389, doi: <https://doi.org/10.1126/science.aau6389> (**IF = 41.845**) |
| **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：XXX**  **身份证号：XXXXX**  **银行卡号：XXXXX**  **开户行：中国工商银行XXXX支行**  **手机号：XXX** |

**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！

****