**刘永鑫 中科院遗传发育所 工程师**



**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" \t "_blank)****、****[Nature Biotechnology](https://mp.weixin.qq.com/s/s7Q1_MeodqJ0hjwDumeiXQ" \t "_blank)****、****[Cell Host & Microbe](https://mp.weixin.qq.com/s/DgVe1VAZVqOMqCMuU3kEeQ" \t "_blank)*** 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" \t "_blank)、[《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+。

**Yong-Xin Liu**, Yuan Qin, Tong Chen, Meiping Lu, Xubo Qian, Xiaoxuan Guo & Yang Bai. A practical guide to amplicon and metagenomic analysis of microbiome data. ***Protein Cell*** 41, 1-16, doi:10.1007/s13238-020-00724-8 (**2020**).

**Yong-Xin Liu**, Yuan Qin & Yang Bai. Reductionist synthetic community approaches in root microbiome research. ***Current Opinion Microbiolgy*** 49, 97-102, doi:10.1016/j.mib.2019.10.010 (**2019**).

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*** 37, 676-684, doi:10.1038/s41587-019-0104-4 (**2019**).

Ancheng C. Huang, Ting Jiang, **Yong-Xin Liu**, Yue-Chen Bai, James Reed, Baoyuan Qu, Alain Goossens, Hans-Wilhelm Nützmann, Yang Bai & Anne Osbourn. A specialized metabolic network selectively modulates *Arabidopsis* root microbiota. ***Science*** 364, eaau6389, doi:10.1126/science.aau6389 (**2019**).

**刘永鑫**, 秦媛, 郭晓璇 & 白洋. 微生物组数据分析方法与应用. ***遗传*** 41, 845-826, doi:10.16288/j.yczz.19-222 (**2019**).

**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**