

中国农业大学国家农业绿色发展研究院

微生物专题报告（十五）



报告题目：宏基因组数据分析的机遇与挑战

报 告 人：刘永鑫 工程师

报告时间：2020年12月08日

19:00-21:00

直播平台：腾讯会议（会议ID：290 938 070，密码：202020）

直播链接：<https://meeting.tencent.com/j/OuZ3F5CHTHfn>

线下平台：资环楼4-219会议室

报告人简介：

刘永鑫，宏基因组公众号创始人，中科院青促会会员。目前发表论文30余篇，被引2000余次，主持国家自然科学基金项目，在编专著《微生物组数据分析》、《微生物组实验手册》两部，申请专利2项，获得软件著作权1项。东北农业大学微生物学学士，中国科学院大学生物信息学博士，研究方向为微生物组数据挖掘、分析方法开发和科学传播。负责的微生物组数据分析项目在Science、Nature Biotechnology、Cell Host & Microbe 等杂志发表论文30余篇。参与微生物组分析平台QIIME 2开发。受邀以第一作者和/或通讯作者在Protein & Cell、Current Opinion in Microbiology、遗传等杂志发表微生物组研究方法综述。兼职为Journal of Genetics and Genomics、Bioinformatics、BMC Genomics等10余个杂志审稿人。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2200余篇，关注人数10万+，累计阅读1700万+。

报告内容：

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宏基因组测序技术方法的优缺点，方便同行根据科学问题快速选择合适的研究手段。同时在众多的分析软件中，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宏基因组分析流程，并对常用软件和数据库进行介绍，方便同行选择和优化结果。同时对近几年宏基因组分析方法的最新进展进行总结，帮助大家掌握最前沿的方法，同时把握好未来的发展趋势，在宏基因组的黄金时代贡献自己的一份力量。本次报告通过对当前宏基因组数据分析的主流方法进行整理和总结，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领域的发展。

欢迎广大老师，科研人员，研究生参加！

中国农业大学资源与环境学院
国家农业绿色发展研究院

2020年12月05日