

中国农业大学国家农业绿色发展研究院

微生物专题报告（十四）



报告题目：环境微生物宏基因组学

报告人：鞠峰 研究员

报告时间：2020年11月23日

19:00-21:00

直播平台：腾讯会议（会议ID：100 184 102，密码：202020）

直播链接：<https://meeting.tencent.com/j/vuUsanhpf03u>

鞠峰，西湖大学研究员，中国工程院院刊《Engineering》编委、Frontiers 系列期刊编委与审稿编辑、加拿大自然科学与工程研究委员会(NSERC) 国际评审专家，国际微生物生态学会 (ISME)、国际水协会 (IWA)、中国生态学会会员。2015年获香港大学工学博士学位，2015-2018年在瑞士联邦水科学与技术研究所 (EAWAG) 从事微生物生态方向博士后研究；2018年9月至今在西湖大学担任研究员、助理教授。鞠峰博士凭借其在环境微生物组与抗生素耐药组方向的创新成果，曾获得了中国生态学会“微生物生态青年科技创新奖-特等奖”（2018）、香港科学会“青年科学家奖”（2016）、香港大学“杰出研究型研究生奖”（2014-2015）。目前在国际微生物生态学会会刊The ISME Journal (4 篇)、Environmental Science & Technology (7 篇)、Water Research、Environmental Microbiology等环境微生物与生态学领域期刊发表学术SCI论文 37篇，Google学术引用2380余次 (H-指数: 25)，Web of Science 引用1693 次 (H-指数: 21)。

报告内容：

微生物是地球上最丰富的生命体，在环境、生物经济和人类系统中扮演着至关重要的角色。随着第二代高通量DNA测序技术成本的大幅降低，宏基因组学 (Metagenomics) 正在快速发展成环境微生物学领域的一个主流新兴学科分支，其方法学正在史无前例地变革着传统生物学和生态学的研究方式。宏基因组学是打开通往未知微生物界大门的钥匙。通过直接取得环境中所有遗传物质、DNA测序、生物信息学分析来研究微生物群落结构与功能，避开了绝大部分环境微生物在实验室条件下尚未培养的研究瓶颈，打开了微生物界物种和基因多样性的知识与资源宝库，为发现新物种（如特定污染物降解菌）、探索生命起源与进化、发掘新的生物酶（如CRISPR-Cas系统）和活性物质（如抗生素、抗真菌剂）指明方向。同时，不同生态系统的大规模时空尺度上宏基因组学研究可充分揭示微生物之间及微生物与环境之间的复杂相互作用，进而阐明微生物群落构建机制、完善群体生态学理论。本次报告将分别介绍高通量测序技术与宏基因组学的发展背景、主要应用领域和方向、以及报告人利用宏基因组学研究水处理与资源化工程系统微生物组和抗生素耐药组方面的研究工作。

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11月20日