**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：王金锋** | |
| **嘉宾简介：**  **（目前所在单位，教育工作经历等，可选）**  2016-至今， 中国科学院，北京生命科学研究院，副研究员，微生物组与生物信息  2011-2015， 中国科学院，北京生命科学研究院，助理研究员，微生物组  2007-2010， 中国科学院，海洋研究所，博士，海洋生物学  2004-2007， 南京师范大学，生命科学学院， 硕士，水产养殖  2000-2004， 沈阳师范大学，化学与生命科学学院， 学士，生物技术  **（个人简介和代表性成果总结，150~350字）**  王金锋，博士。2011年入职中国科学院北京生命科学研究院工作至今。现任副研究员，中国科学院大学硕士生导师，中国生物工程学会微生物组学与技术专业委员会委员，“热心肠”智库专家。主要从事微生物互作与菌群塑造、菌群与宿主健康等微生物组学和生物信息学方向的研究。作为项目负责人主持国家自然科学基金3项，并承担了国家重点研发计划和中国科学院重点部署项目子课题、技术创新项目等。于Cell（2020）、Gut（2018、2020）、The ISME Journal（2019）、Nature Communications（2016）和Genome Biology（2015）等杂志发表第一、共一和通讯作者论文近20篇，五年来被引用超千次，多篇入选ESI高被引论文。担任《Critical Reviews in Microbiology》、《mSystems》和《Applied and Environmental Microbiology》等杂志审稿专家。 | |
|
| **照片：** | |
| **演讲题目：用时序微生物组数据重现生物膜装配的动态过程** | |
| **关键词：微生物组，时间梯度，纵向研究，菌群动态，口腔生物膜** | |
| **中文摘要**  **（尽量浅显易懂，字数不限，推荐配图）** | 主要问题：网络分析：三个阶段显著变化的菌。做相关，颜色如何确定？使用三个网络，以一个为模板，另两个在AI中手动添加。  来源追溯样本，OTU过滤，样本重复？必须过滤  文章投稿背后的经验。  缺失数据处理  横断数据也可以挖掘时间动态的变化；  特点的时间分组，如年龄按分组，年代。80，90，00后菌群特征也会是很有意义的课题      随着微生物组学技术的普及和推广，越来越多的研究者从仅关注单一时间点的剖面分析，逐渐开始涉及连续时间点的纵向研究。从样本量相对更大、层次更为纷繁复杂的时序数据中理清头绪寻找规律，并充分利用动态信息及选择恰当的方法，开展多元化和深层次的数据挖掘，成为微生物组学领域同行们当前的普遍需求。本次交流将以口腔生物膜菌群数据为例，通过追踪洗牙前后牙菌斑堆积来解析群落的重建过程，分享典型时序微生物组研究的分析思路及内容。向同行们介绍菌群的多样性、相似性、聚簇、共存网络等常规分析手段在时序微生物组计算中的应用。重点讲述如何依靠分组以及对同一批数据进行不同的分组比较和距离计算，来衡量菌群相似程度随时间梯度的变化，寻找群落结构高变或剧烈波动的时期。在连续时间点的纵向研究中引入贝叶斯、马尔科夫链和机器学习算法，并向用户推荐这些分析涉及到的计算工具及其使用方法。希望通过本次交流向同行们分享多时间点微生物组数据挖掘的经验，丰富分析内容和结果，帮助大家获得更多有价值的生物学或医学发现。 |
| **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. Jia N#, **Wang JF**#, Shi WQ#, Du LF#, Sun Y#, Zhan W, ..., Zhao FQ\* & Cao WC\*. (2020). Large-scale comparative analyses of tick genomes elucidate their genetic diversity and vector capacity. Cell 182, 1-13, doi: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.07.023> (**IF = 38.637**，封面文章) 2. **Wang JF**#, Jia Z#, Zhang B#, Peng L & Zhao FQ\*. (2020). Tracing the accumulation of in vivo human oral microbiota elucidates microbial community dynamics at the gateway to the GI tract. **Gut** 69(7), 1355-1356, doi: <http://dx.doi.org/10.1136/gutjnl-2019-318977> (**IF = 19.819**) 3. **Wang JF**#, Zheng JY#, Shi WY#, Du N, Xu XM, Zhang YM, Ji PF, Zhang FY, Jia Z, Wang YP, Zheng Z, Zhang HP & Zhao FQ\*. (2018). Dysbiosis of maternal and neonatal microbiota associated with gestational diabetes mellitus. **Gut** 67, 1614-1625, doi: <http://dx.doi.org/10.1136/gutjnl-2018-315988> (**IF = 19.819**) 4. Gao Y#, **Wang JF**#, Zheng Y#, Zhang JY, Chen S & Zhao FQ\*. (2016). Comprehensive identification of internal structure and alternative splicing events in circular RNAs. **Nature Communications** 7, 12060, <https://doi.org/10.1038/ncomms12060> (**IF = 12.121**) 5. Zhou HY#, Zhao H#, Zheng JY, Gao Y, Zhang YM, Zhao FQ, **Wang JF**\*. (2015). CRISPRs provide broad and robust protection to oral microbial flora of gingival health against bacteriophage challenge. **Protein & Cell** 6(7), 541-545, doi: <https://doi.org/10.1007/s13238-015-0182-0> (**IF = 10.164**) |
| **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：王金锋**  **身份证号：210422198109192719**  **银行卡号：6222020200079251076**  **开户行：中国工商银行中关村东升路支行**  **手机号：15201682378** |

**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！

****