# 微生物组/菌群分析专题研讨会

微生物组是当今世界科研最热门的研究领域之一，而微生物组学数据的分析和解读一直困扰着广大研究同行。为加强本领域的技术交流与传播，推动中国微生物组领域的发展，现中国肠道大会与“宏基因组”公众号联合举办《微生物组分析专题研讨会》

**【课程目标】**

**给我6个小时，实现以下目标。**

[](https://mp.weixin.qq.com/s?__biz=MzUzMjA4Njc1MA==&mid=2247499673&idx=1&sn=e383e8cca521d9b042e6dc076bd30722&chksm=faba1528cdcd9c3edc007d7f7150f152ae833c11224fa3aaa355b972115e691ddeec605892b7&scene=38&key=4d6fcca897059e7aa9270a20eae3d3710332f0d31106f98de593b3404c0e0b7733b449db86fdb5c46614acd15997e53d25ac013b9ec0d0d20138ceca21e71442b381df71d7f9ca22e851b39848acf5eb0a2e5f49b4e874bbd1f5912110d69104d7ed73d12a0bcb766d1e8cc8fbd5fdac70ba89d3b1895a78cfe367179519ffb1&ascene=0&uin=NTAzMjExODgw&devicetype=Windows+10+x64&version=6302019a&lang=zh_CN&exportkey=AZxflAAclhqbum%2BqMOumji0%3D&pass_ticket=FZpTvYcEQD8Y1JZowhg%2F2EIg6O2qdcpmmWT3NQMgoBL6sywl9Hjm%2BEc%2BeI1NFHCK&wx_header=0&fontgear=2)

1. 文章看不懂？怎么看？

带你理解文章思路，读懂CNS文中结果的常用图表（1小时）

1. 数据从哪下手，比较好？

教你把握分析细节：扩增子和宏基因组分析流程 （2小时）

1. QIIME 2分析扩增子数据分析流程
2. 宏基因组数据读长和/或组装分析流程
3. 文章想发高分？怎么弄？

冲击高分文章：数据分析和可视化（3小时）

* 1. 多样性、物种组成和差异比较等的分析和可视化
  2. 时间序列、来源追溯和马尔科夫链等高级分析
  3. 高分文章套路、投稿经验、方法和摘要的可视化

本次研讨会目标是帮助同行快速入门，少走弯路，更高效挖掘和解读微生物组，助力中国微生物组领域的发展。

课程大纲：

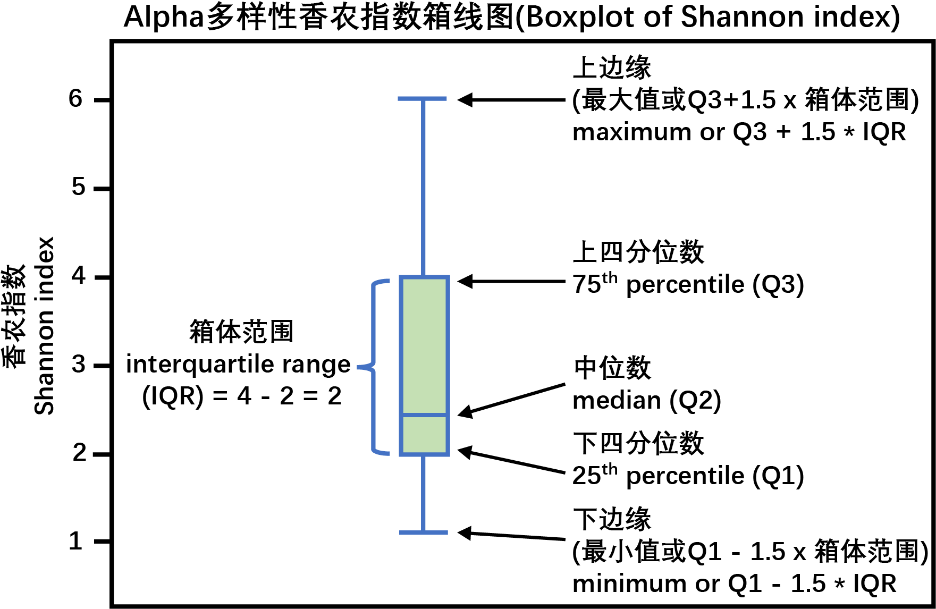
|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 课时 |  | 主题 | 简介 |
| 1 | 读懂文章 | 看懂文章图表、理解文章思路 | 以高水平文章结果为例，解读微生物组10余种常用结果图表，把握背后的数据，读懂文章结果，提高结果解读和撰写能力 |
| 2 | 开展数据分析 | 扩增子分析流程 | 学习数据分析的基本思想—“降维”；从原始测序数据到特征表；QIIME 2分析流程；OTU和ASV方法的优缺点和适用范围等 |
| 3 | 宏基因组分析流程 | 宏基因组有参、无参分析流程；有参HUMAnN2的特点、使用和适用范围；从头组装、基因预测、非冗余基因集构建、eggNOG或KEGG功能注释、基因定量等；分箱和细菌基因组分析 |
| 4 | 冲击高分文章 | 多样性分析和可视化 | Alpha、Beta多样性常用指数、物种组成和差异比较等的统计分析和可视化方案，包括本地和在线的可实现方案 |
| 5 | 时序、来源等高级分析 | 时间序列分析、网络分析、来源追溯和马尔科夫链等高级分析及复杂实验设计 |
| 6 | 高分文章套路总 | 投稿经验、高分文章的套路总结、实验设计和模式图的可视化、数据共享、可重复分析等 |

# 【课程简述】

## 教你如何读懂CNS的图表！

看CNS文章最大的难点是图表，但这里面包含了大量信息。1个小时时间，你将会获得6大类图形(箱线图、柱状图、散点图、热图、树状图、网络图)的基础知识和解读能力，90%以上的结果均为这些图型的变形或组合，你将收获轻松读懂他们甚至专业评判的能力。

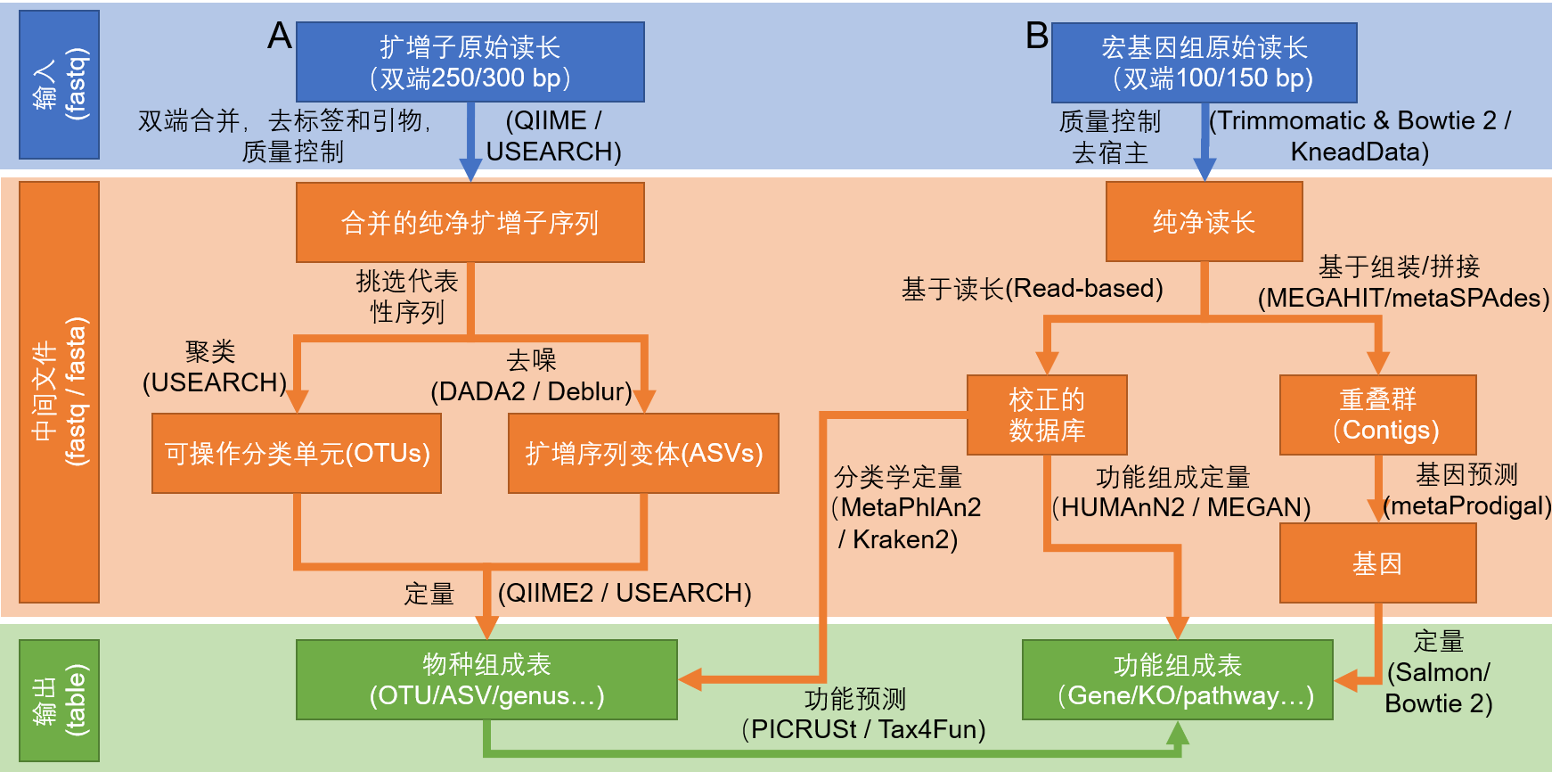
以箱线图为例，我们学习图形中的基本元素中英文的描述和意义，快速读懂数据表达的结果，最终实现独立图注的结果的撰写。



1. **箱线图基本元素解读(以Alpha多样性为例)**

## 带你开展大数据分析！

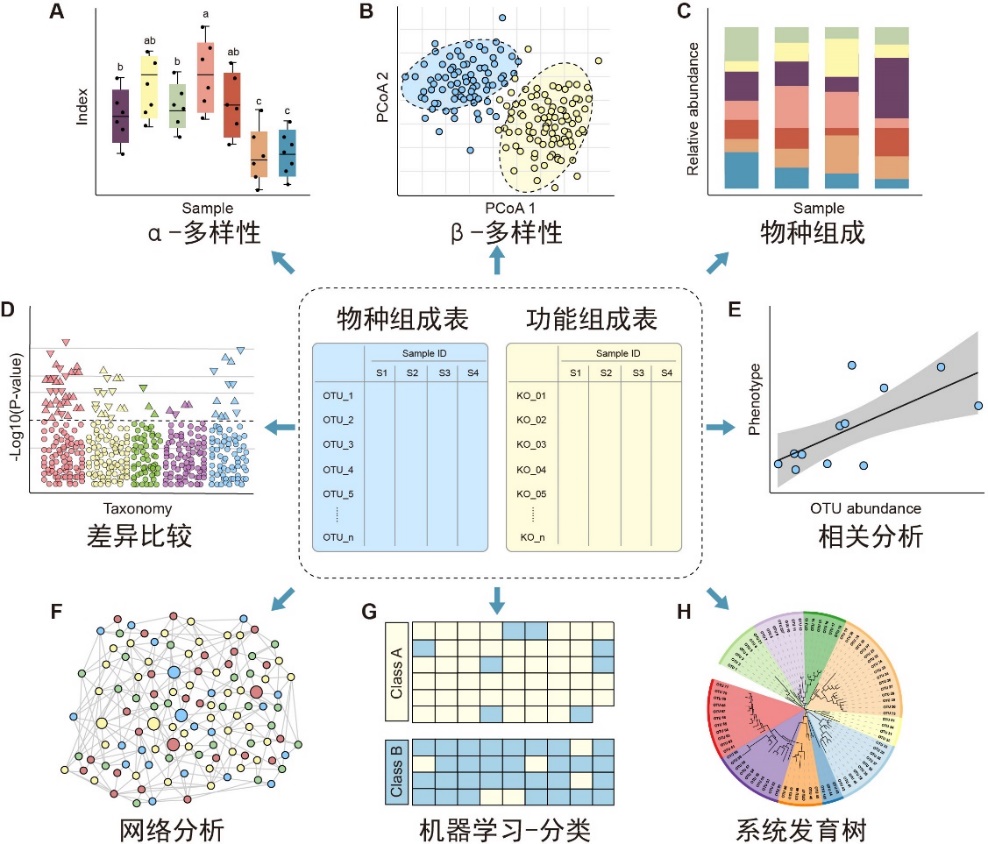
测序数据无从下手是广大同行面临的另一痛点。我们将大2个小时内，带你总结本领域最常用的扩增子和宏基因组分析流程，把握好分析细节，带你轻松玩转大数据，开展大数据分析不再犯难！



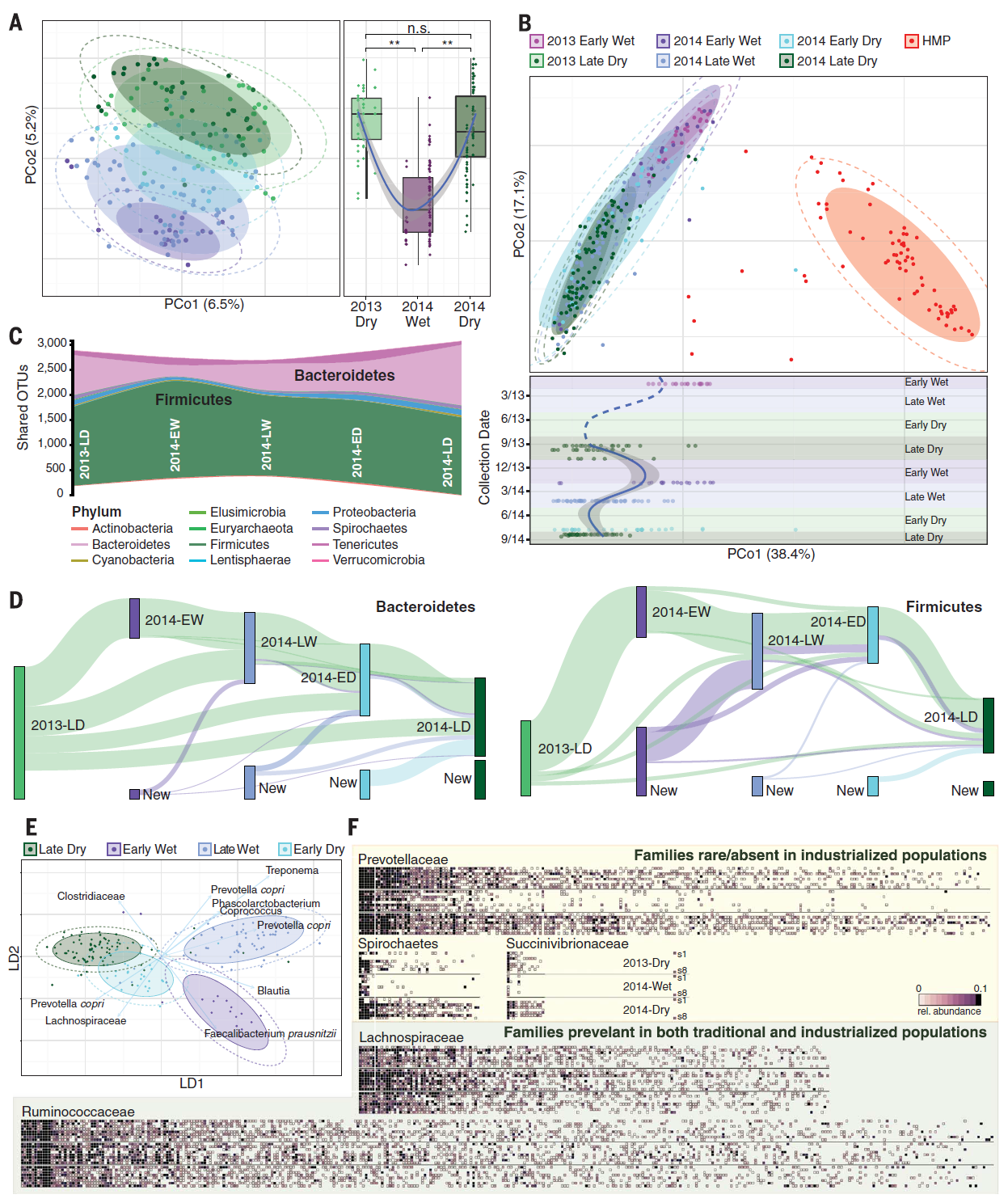
1. **扩增子、宏基因组数据分析流程**

## 高水平文章的套路和实现

为什么你一直发不到高水平杂志？为什么你的文章投稿好杂志从来不送审？自己连错在哪里都不知道。那是因为你的文章没有遵循高水平文章的套路。这一部分我们将花3 小时，带你开展高质量的分析和绘图，满足CNS文章发表的要求，冲击高分文章。同时对高水平文章的投稿经验和套路进行总结和分享，包括数据分享、结果可视化、可重分析、实验方法可视化、图形摘要、数据支撑结论等方面进行展示和解读，让你看清自己的距离，实现高水平的数据分析和可视化，冲击高分文章。



1. **绘制文章中常用图**



1. **投稿经验：CNS文章的套路、你还有哪些差距**

# 【课程信息】

主讲老师：刘永鑫、王金锋(中科院、热心肠智库专家)

时间：2021年5月27日，下午1：30-8:00

地址：南京市会展中心xxxx，主办方补充

价格：6小时的系统讲解，惊爆价仅需499

如何报名：在线，或二维码报名；

课程服务：学员专业群交流；课程提供课件和视频回放

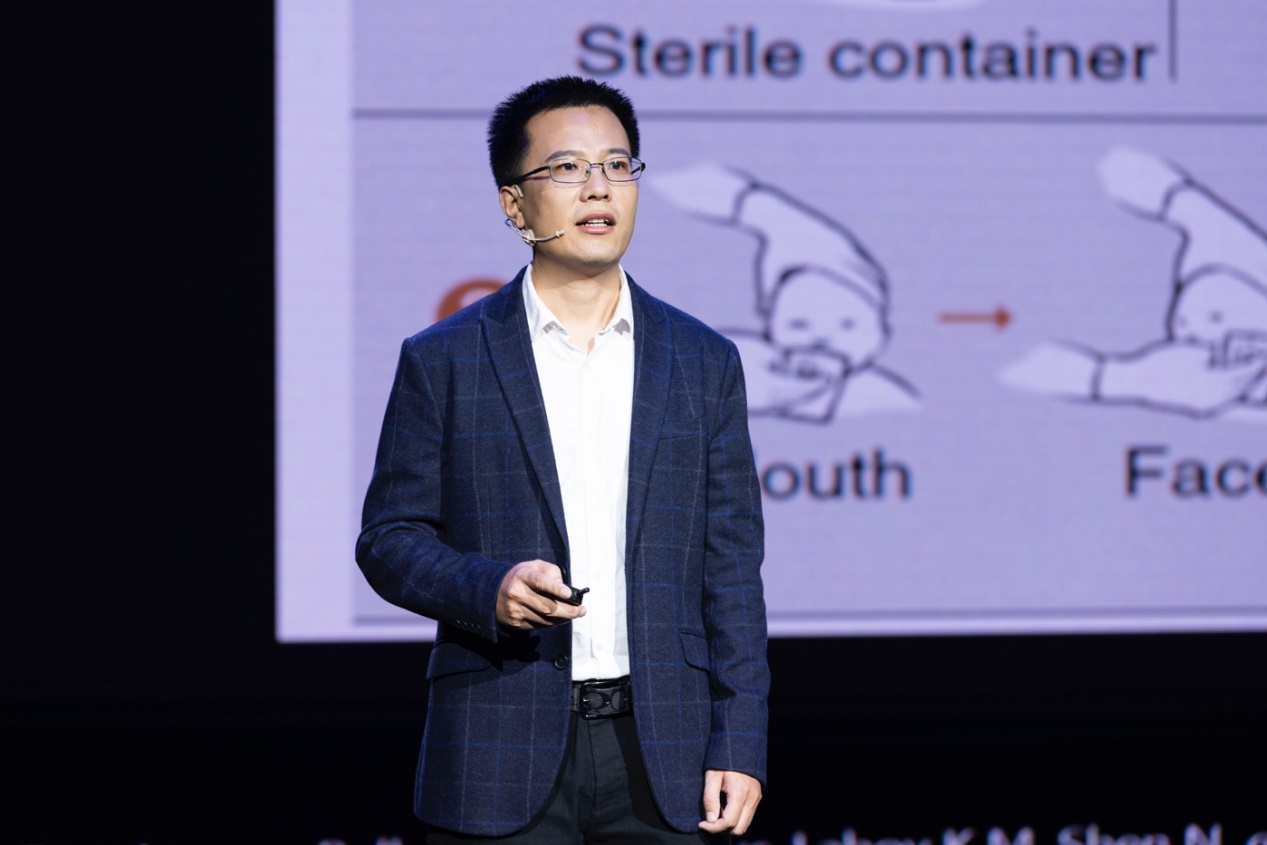
上课需要准备什么：无。

报名同会议，只是多一个选项，请主办方确认。

# 报告人简介



刘永鑫，中国科学院大学生物信息学博士，宏基因组公众号创始人，QIIME 2项目参与人，“热心肠”智库专家。研究方向为宏基因组数据分析和科学传播。在*Science、Nature Biotechnology、Nature Protocols、Cell Host & Microbe、Protein & Cell、Current Opinion in Microbiology*等杂志发表论文30余篇，引用2500余次。2017年创办“宏基因组”公众号，分享宏基因组、扩增子分析原创文章2400+篇，关注人数11万+，累计阅读2100万+。

****

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。