**第三届青年生命科学论坛-微生物组分论坛报告人信息**

|  |  |
| --- | --- |
| **中文姓名：张莉**  **单位：中科院北京基因组研究所（国家生物信息中心）**  **职称：助理研究员**  **研究方向：人体微生物组 报告题目：宏基因组技术在呼吸道微生物组研究中的优化**  **电话：17610400385**  **邮箱 ：**[**zhangl@big.ac.cn**](mailto:zhangl@big.ac.cn)  **特殊时间安排：无** | |
| **报告人照片：**    **张莉**，中科院北京基因组研究所（国家生物信息中心）助理研究员，中科院青促会会员。丹麦科技大学博士，美国罗格斯大学博士后，在[*Cell Host & Microbe*](https://mp.weixin.qq.com/s/DgVe1VAZVqOMqCMuU3kEeQ)*、The ISME Journal* 等杂志发表论文10余篇，被引500余次。研究方向包括：   1. 人体微生物组（呼吸道、肠道）多样性及其与健康关联研究 2. 基于高通量测序数据分析的病原微生物诊断方法开发 3. 膳食麸质（gluten）摄入影响耐受人群肠道微生物组及健康的机制研究 | |
|
| **摘要**  **（<400字）** | 呼吸道样本（口/鼻咽拭子、痰液、肺泡灌洗液等）中微生物载量较低且宿主核酸量高，导致宏基因组数据中有效微生物序列占比低，同时也极易受到环境微生物核酸的污染，严重影响了对呼吸道微生物组成及功能的深入理解。本次报告分享了针对呼吸道样本的宏基因组技术的优化，包括微生物核酸富集技术（宿主核酸去除）、微量DNA建库、环境污染微生物鉴定及去除等。另外，这些技术具有较高推广到宏基因组研究其他领域的价值，如微生物核酸富集技术可使肿瘤样本中微生物的序列占比提高3-4个数量级，为其它复杂样本的微生物组研究奠定了基础。 |
| **分享许可(默认同意)** | **是否同意分享演讲稿PPT/PDF：否**  **是否同意分享演讲视频供更多同行学习：否**  **（演讲内容尚未发表）** |
| **专家费发放信息** | **姓名：张莉**  **身份证号：372929198808200026**  **银行卡号：6216690100002125671**  **开户行：中国银行北京北四环中路支行** |