**第三届青年生命科学论坛-微生物组分论坛报告人信息**

**请在21日前返还此表！以下内容格式供参考，请替换为本人信息。**

|  |  |
| --- | --- |
| **中文姓名：王军**  **单位：中科院微生物所**  **职称：研究员**  **研究方向：生物信息和计算生物学 报告题目：数据驱动微生物组研究**  **电话：18354305753**  **邮箱 ：junwang@im.ac.cn**  **特殊时间安排：无** | |
| **报告人照片：**    长期致力于微生物组的数据分析和功能研究，解析其在多种人类疾病中的致病机制，主要研究成果包括：(1) 通过人群和动物微生物组大数据分析，发现影响肠道微生物组组成的重要环境因素；(2) 利用全基因组关联研究，揭示影响微生物组组成和功能的关键宿主基因位点；(3) 解析肠道微生物组调控多种人类疾病发生发展的分子机理。共发表SCI论文45篇，总影响因子641，引用5500余次 (Google Scholar)。其中，以第一作者或通讯作者 (含共同) 身份在Science、Nature Genetics (2篇)、Cell Host Microbe、Nature Communications、Microbiome (2篇)、Protein & Cell (2篇)、Arthritis & Rheumatology等杂志发表SCI论文16篇 (平均IF>12.8)，其中12篇为回国后以中国科学院微生物研究所作为通讯单位发表的科研工作 (累计IF>108)。 | |
|
| **摘要**  **（<400字）** | 肠道微生物组作为复杂的生态系统，受到广泛的宿主生活习惯以及环境因素的影响。鉴定影响肠道微生物组组成和功能的环境因素，推动人们对于正常微生物组的基线和生理功能的深入理解，对于揭示菌群改变与宿主健康和疾病状态的关联具有重要意义。深入解析影响肠道微生物组的环境因素，需要大量的微生物组数据和宿主生活习惯以及环境因素数据，并用系统全面的组学关联分析方法进行研究。利用新的测序方法和大数据，可以围绕微生物组的组成和功能的决定基础，及其影响疾病发生发展的分子机理开展系统性研究工作。通过以微生物组为核心的多组学数据分析，结合分子生物学和免疫学验证，发现对人体健康和疾病有重要影响的微生物组标志物和作用机理。 |
| **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** |
| **专家费发放信息** | **姓名：XXX**  **身份证号： XXX**  **银行卡号： XXXXX**  **开户行：中国XX银行北京XXX支行** |