**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：刘永鑫**  **单位：中科院遗传与发育生物学研究所**  **职称：高级工程师**  **研究方向：微生物组数据分析 报告题目：扩增子和宏基因组数据分析与可视化流程**  **电话：13810163414**  **邮箱 ：**[**yxliu@genetics.ac.cn**](mailto:yxliu@genetics.ac.cn)  **特殊时间安排：无** | |
| **报告人照片：**  image  **（个人简介和代表性成果总结，<400字）**  **刘永鑫**，中科院遗传发育所高级工程师，中科院青促会会员，宏基因组公众号创始人。目前发表论文30余篇，被引3000余次，主持国自然和中科院项目，在编专著《[微生物组数据分析》](https://mp.weixin.qq.com/s/zaHjZLZCRcRgOXDgGT-mXg)、《微生物组实验手册》两部，申请专利3项，获得软件著作权1项。东北农业大学微生物学学士，中国科学院大学生物信息学博士，研究方向为微生物组数据挖掘、分析方法开发和科学传播。负责的微生物组数据分析项目在[***Science***](https://mp.weixin.qq.com/s/KmMDEmptBKz8Fv7VSdz2Jg)*、*[***Nature Biotechnology***](https://mp.weixin.qq.com/s/s7Q1_MeodqJ0hjwDumeiXQ)*、*[***Cell Host & Microbe***](https://mp.weixin.qq.com/s/DgVe1VAZVqOMqCMuU3kEeQ) 等杂志发表论文30余篇。参与[微生物组分析平台**QIIME 2**开发](https://mp.weixin.qq.com/s/-_FHxF1XUBNF4qMV1HLPkg)。受邀以第一作者和/或通讯作者在[***Protein & Cell***](https://doi.org/10.1007/s13238-020-00724-8)*、*[***Current Opinion in Microbiology***](https://mp.weixin.qq.com/s/-gXoRIy6ZuEmHH6txH8txA)*、*[***遗传***](https://mp.weixin.qq.com/s/3XFmRe4l2uZrHZexx0Ou-g)等杂志发表微生物组研究方法综述。兼职为*J****ournal of Genetics and Genomics、Bioinformatics、BMC Genomics***等10余个杂志审稿人。2017年7月创办“宏基因组”公众号，目前分享本领域相关原创文章2600余篇，关注人数11万+，累计阅读2100万+，欢迎广大同行投稿。 | |
|
| **摘要**  **（<400字）** | 近年来高通量测序技术的发展，开发一系列适合微生物组研究的技术，快速推动了微生物组领域的发展并积累了海量数据。而微生物组数据分析过程复杂、软件和方法的种类多样让初涉本领域的同行非常茫然。本次报告系统概述了微生物组常用宏基因组测序技术方法的优缺点，方便同行根据科学问题快速选择合适的研究手段。同时在众种的分析软件中，挑选主流软件整合的分析流程推荐给同行，方便快速实现较优的宏基因组分析流程，并对常用软件和数据库进入介绍，方便同行选择和优化结果。同时对近几年宏基因组分析方法的最新进展进行总结，帮助大家掌握最前沿的方法，同时把握好未来的发展趋势，在宏基因组的黄金时代贡献自己的一份力量。本次报告通过对当前宏基因组数据分析的主流方法进行整理和总结，为同领域研究者更方便、灵活的开展数据分析，快速选择研究分析工具，高效挖掘数据背后的生物学意义提供参考，进一步推动微生物组研究领域的发展。 |
| **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：XXX**  **身份证号： XXX**  **银行卡号： XXXXX**  **开户行：中国XX银行北京XXX支行** |