**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：苏晓泉**  **单位：青岛大学 计算机科学技术学院**  **职称：教授**  **研究方向：生物信息学 报告题目：Comprehensive and rapid comparison of microbiome functional profiles on a large scale using hierarchical dissimilarity metrics**  **电话：15153257069**  **邮箱 ：suxq@qdu.edu.cn**  **特殊时间安排：无** | |
| **报告人照片：**    **（个人简介和代表性成果总结，<400字）**  **苏晓泉**，博士，教授，青岛大学特聘教授。研究方向为生物信息学与大数据科学，已在该领域内mBio、mSystems、Bioinformatics、BMC Genomics等期刊发表学术论文40余篇，主持国家自然科学基金面上/青年项目、山东省自然基金重大基础项目、中科院重点部署项目子课题等，相关成果获得7项软件著作权。主持开发的“微生物组搜索引擎”(mse.ac.cn)，入选“2016年中国生物医药技术十大进展”，并被新华社、科技日报、AsianScientist等国内外媒体报道评价为“A Google For Microbiome Research”。目前担任Medicine in Microecology杂志“Big-data in medical microecology”特刊的客座编委，欢迎各位专家积极投稿。 | |
|
| **摘要**  **（<400字）** | 微生物组的功能β多样性分析对于解析微生物代谢功能与其元数据（meta-data）之间的联系至关重要。快速、全面地衡量微生物组之间的功能距离是理解其功能β多样性的基础，然而目前的计算方法（例如Bray-Curtis和Jensen-Shannon divergency距离）往往只考虑样本间重叠的功能基因，而忽略了功能之间的联系。同时，由于不同生态系统的微生物组所共有的功能基因比较少，往往会导致距离的计算不够准确。为解决以上问题，我们提出了Hierarchical Meta-Storms（HMS）算法，通过多级代谢层次结构来综合衡量微生物组之间的功能距离，使距离比较更为准确。同时，得益于并行计算，HMS在单个计算节点上分析2万个微生物组样本的β多样性，仅用3.9个小时即可完成，从而可以实现大规模的微生物组之间高分辨率的深度数据挖掘。HMS软件以两种形式发布：一是易于安装且可以直接使用的独立软件包（https://github.com/qdu-bioinfo/hierarchical-meta-storms），二是可以进一步开发和应用的R软件包（https//github.com/qdu-bioinfo/hrms）。  关键字词：微生物组，β多样性，功能距离，代谢途径，并行计算 |
| **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：苏晓泉**  **身份证号： 370783198610166913**  **银行卡号： 6217866000000697141**  **开户行：中国银行青岛市分行** |