

# 个人简介

张子栋

华中农业大学  
信息学院

2024 年 3 月 27 日

# 目录

- 1 简介
- 2 主修课程与专业技能
- 3 项目经历
  - 微生物物种鉴定与功能预测
  - 线虫 ChIP-Seq 数据分析
  - 枯草芽孢杆菌群比较基因组分析

- 1 简介
- 2 主修课程与专业技能
- 3 项目经历



# 简介

- 华中农业大学 信息学院 生物信息系
- 籍贯：湖北武汉
- 期望岗位：生物信息工程师
- 期望工作地点：武汉

1 简介

2 主修课程与专业技能

3 项目经历



# 主修课程与专业技能

## ● 主修课程

- 生物信息学原理
- 生物信息软件综合实践
- 生物统计与实验设计
- Linux Shell 命令和脚本编程
- R 语言编程
- R 语言在 NGS 分析中的应用
- Python 语言编程
- ...

## ● 专业技能

- R
- Linux Shell
- Java
- MySQL
- Git 版本控制
- L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X 排版引擎
- Markdown 文档编写  
RMarkdown
- CET-4 (590)  
CET-6 (515)

## 1 简介

## 2 主修课程与专业技能

## 3 项目经历

- 微生物物种鉴定与功能预测
- 线虫 ChIP-Seq 数据分析
- 枯草芽孢杆菌群比较基因组分析

# 微生物物种鉴定与功能预测

湿实验（部分参与）

- 流失细胞分选
- 高通量培养
- PCR 扩增与电泳鉴定
- 送测（16S 扩增子测序）



# 微生物物种鉴定与功能预测

干实验（完成所有内容）

- 数据预处理
- 物种鉴定
- 功能预测



# 微生物物种鉴定与功能预测

## 数据预处理

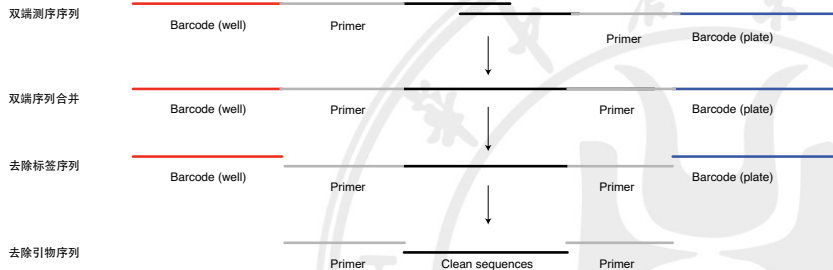
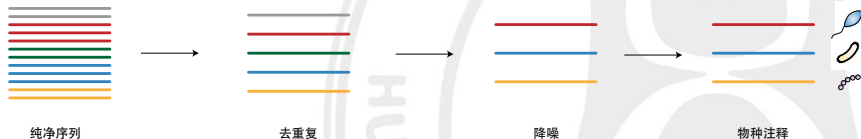


图: 数据预处理流程

# 微生物物种鉴定与功能预测

## 物种鉴定

- ① 去除重复序列，获得序列丰度
- ② 降噪（UNOISE 算法）鉴定 ASV，从头（*de novo*）去除嵌合体
- ③ 构建 ASV 表并基于 RDP 数据库进行物种注释



# 微生物物种鉴定与功能预测

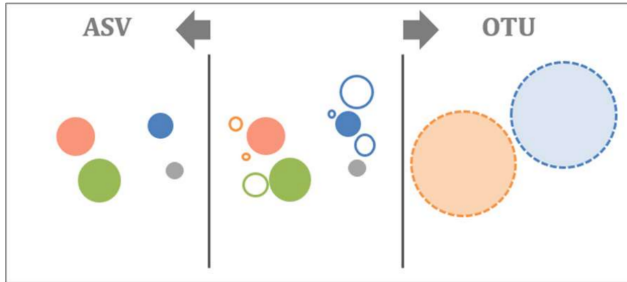
## 挑选代表性序列

- ASV (Amplicon Sequence Variants)

ASV 则在 100% 相似水平进行聚类，精度更高，结合降噪算法去除噪声序列所以在增加样本时，结果具有一致性。

- OTU (Operational Taxonomic Units)

OTU 是一种聚类方式，通常在 97% 的相似水平下聚类生成 OTU，选择每个聚类群中最高丰度序列作为代表性序列。



# 微生物物种鉴定与功能预测

## 物种注释

基于 RDP 数据库进行物种注释，构建 ASV 表。

	A1	B1	C1	D1
ASV_1	73	0	0	0
ASV_2	0	108	0	0
ASV_3	0	0	82	0
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
ASV_n	1	0	0	91

ASV table

	Candidate	Purity	Count	Taxonomy
ASV_1	L1P3A5	98.7	73	Ensifer
ASV_2	L1P2G3	99.99	108	Bacillus
ASV_3	L1P1C9	100	82	Rhizobium
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
ASV_n	L1P7H1	99.99	91	Bacillus

Annotated ASV list

# 微生物物种鉴定与功能预测

## 功能预测

使用 PICRUSt2 进行功能预测 (ASV 序列、丰度文件作为输入), 预测基于多个基因家族数据库 (KEGG 同源基因、KO 直系同源物、EC 酶分类编号)。结果使用 R 包 ggpicrust2 进行可视化。

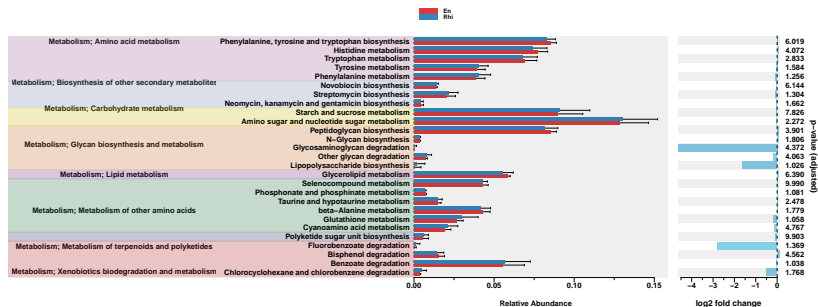
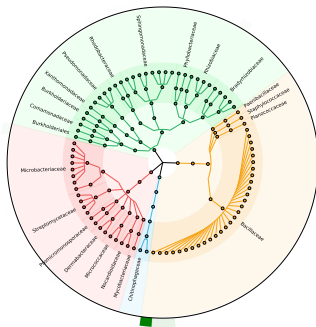


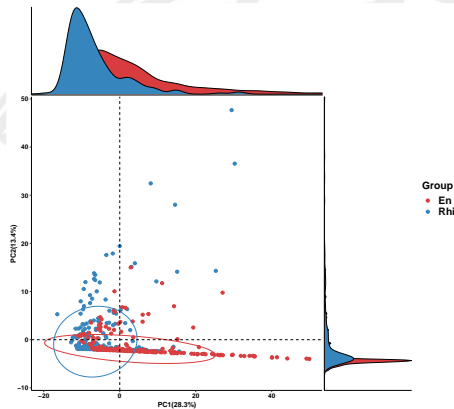
图: 基因功能预测部分结果

# 微生物物种鉴定与功能预测

## 部分可视化结果



(a) 根内菌种



(b) 根内、根际微生物功能差异

# 线虫 ChIP-Seq 数据分析

## 流程

- ① FastQC 质控
- ② Trimmomatic 去除 adapter 序列
- ③ BWA/Bowtie 建立参考基因组索引并比对
- ④ Samtools 统计比对结果
- ⑤ Peak Calling
- ⑥ Motif 分析
- ⑦ Peak 注释
- ⑧ Geno Ontology



# 线虫 ChIP-Seq 数据分析

## 涉及软件

- FastQC
- Trimmomatic
- BWA
- Bowtie
- Samtools

- Bedtools
- MACS
- MEME
- ChIPseeker
- PANTHER

# 线虫 ChIP-Seq 数据分析

## 部分结果

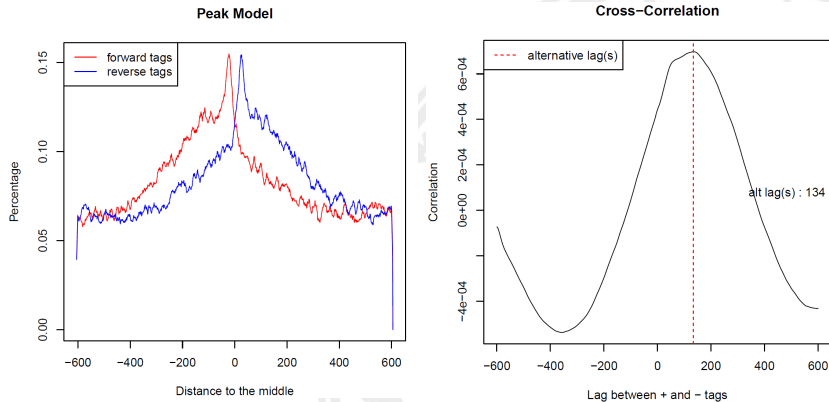
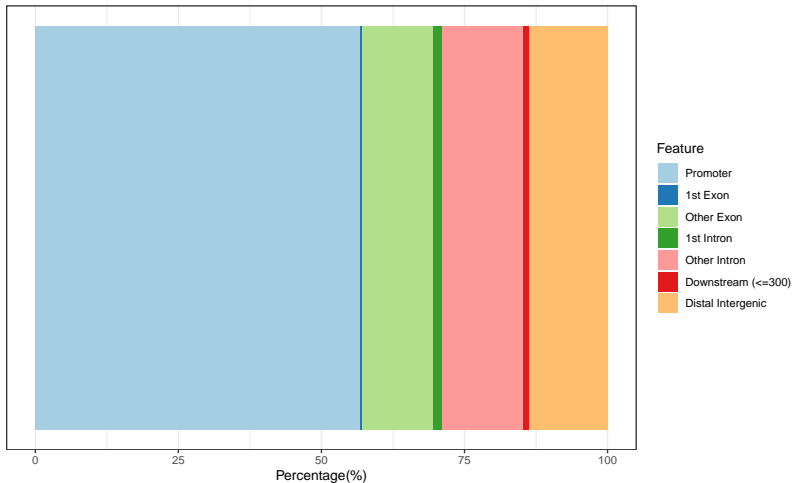


图: Peak calling 结果

# 线虫 ChIP-Seq 数据分析

## 部分结果

Feature Distribution



# 枯草芽孢杆菌群比较基因组分析

## 分析流程

- ① 基因组组分析
  - Glimmer & Prodigal
- ② 基因功能分析
  - GO Annotation
  - COG Annotation
  - KEGG Annotation
  - CAZy Annotation
- ③ 泛基因组分析
  - Core Gene
- ④ 比较基因组分析
  - 系统发育树

谢谢!

