**北京大学出版社选题申请表**

| **序号** | **部门** | **书名**  **作者简介** | **选题类别** | **责编** | **字数+预计出书时间+预计印数+读者对象+内容简介（不少于200个汉字）** | **备注** |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | 第七事业部 | ■书名：微生物组数据分析与可视化实战  ■作者及著作方式：  刘永鑫 著  ■作者简介：刘永鑫，中国科学院大学博士，现任中科院遗传发育所工程师。研究方向有微生物组数据分析和方法开发。在Science、Nature Biotechnology等杂志发表论文20余篇，引用千余次。宏基因组公众号创始人，近3年来分享原创文章1900余篇，9万多同行关注，阅读量1400多万。 | 计算机 | 魏雪萍 | ■字数或页码： 300千字 (200页）  ■交稿时间： 2020年12月  ■预计定价： 109元  ■预计印数： 10000册  ■读者对象：生命科学领域学生、科研人员  ■稿酬标准：  ■内容简介：高通量测序的发展极大地推动了微生物组/宏基因组领域的发展。微生物组的数据分析和解读需要微生物学、生物信息学、统计学、Shell和R语言、宏基因组学等多学科的知识，无论是中国还是世界范围内仍缺少系统的学习资源和专著。本文章作者联合海内60余位同行，致力于解决数十万同行缺少系统学习资源这一困难，联合编写此书，内容包括：第1章 什么是微生物组? 第2章 分析需要的基础知识；第3章 常用分析流程，主要包括扩增子和宏基因组；第4章 特征表分析入门，包括Alpha和Beta多样性、物种组成和差异比较；第5章 特征表分析进阶，包括网络分析、机器学习、进化和物种树、相关分析等；第6章 文章常用套路总结，带个读懂写好文章,走向国际科研最前沿；附录：扩展阅读、研究热点、展望等。 |  |

备注：标黄色的为必填项。