



第三届微生物生态生物信息技术研讨会

尊敬的_____先生/女士，您好！

第三届微生物生态生物信息技术研讨会将于2016年07月在南京召开。

会议通知

会议及培训内容简介

由于微生物个体小、数量大、世代周期短，并且在环境中绝大多数尚不可培养，微生物多样性研究受到了巨大限制，从而制约了微生物生态学的发展。近年来，随着高通量测序等现代分子生物学技术的突破，人们可以从基因水平测定不可培养微生物的群落组成和功能多样性，使得自21世纪以来微生物生态学成为目前微生物学、地理学以及生态学领域最为重要的交叉学科之一。当前，高通量测序手段日新月异，微生物生态学分析方法的发展更是突飞猛进。大数据时代为微生物生态学发展带来新机遇，也带来了挑战。海量数据、纷繁复杂的土壤、气候和环境变量，令我们在选择合适的数理统计工具和适用的分析方法时更加困惑。

基于此，中国土壤学会已于2013年2月25-28日和2015年2月2日-4日在南京成功举办了两届“微生物生态与生物信息技术研讨会”。这两次会议使大家对数理统计工具的选择和高通量数据分析有了深入的了解，也使大家得到了广泛的交流。然而，随着统计学分析方法的不断发展；文章对数据分析的要求不断提高，使用适当与合理的分析方法仍是我们在微生物生态学研究的重要阻碍。因此，中国科学院南京土壤研究所将于2016年7月12-15日举办“第三届微生物生态与生物信息技术研讨会”。

会议邀请国内外知名微生物生态学家包括美国加州大学Rob Knight教授，哥伦比亚大学Krista McGuire教授，芝加哥大学Jack Gilbert 教授及其团队作专题报告，随后将进行高通量测序后续的生物信息分析、前沿数据分析方法的讲座。

主办单位：中国科学院南京土壤研究所

承办单位：中国科学院南京土壤研究所 土壤与农业可持续发展国家重点实验室

会议时间：2016年7月12-15日

会议地点：南京

会议日程

会议时间：

7月13-14日 微生物生态研讨会

专题报告：具体内容安排请关注第二轮通知。

7月14-15日 生物信息技术讲座

专题报告：具体内容安排请关注第二轮通知。

主要生物信息讲座内容

1. Illumina Miseq测序的生物信息分析：包括如何使用QIIME、Mothur 进行数据处理以及在分析中应注意的问题，如何使用R, SPSS, Sigmaplot 和 Origin其他分析软件进行分析统计及制图-PCA、RDA、DCA、CCA、NMDS、CLUSTER、MNTD等。
2. Illumina Hiseq的生物信息分析：环境中微生物全基因组的数据分析；MG-RAST、IMG、KEGG代谢分析及云计算在高通量数据分析中的运用。
3. 微生物群落预测模型、代谢模型：Artificial Neural Network (ANN)，Microbial Assemblage

Prediction (MAP) , Predicted Relative Metabolomic Turnover (PRMT) , 种分布预测模型 Species distribution modeling , 等在微生物生态上的运用。

4. 主要参考资料

Longitudinal analysis of microbial interaction between humans and the indoor environment.

Science , 2014, 354 : 1048-52.

Reconstructing the microbial diversity and function of pre-agricultural tallgrass prairie soils in the United States. Science, 2013, 342: 621-624

Unlocking the potential of metagenomics through replicated experimental design. Nature Biotechnology, 2012, 30: 513-520. .

Designing Better Metagenomic Surveys: The role of experimental design and metadata capture in making useful metagenomic datasets for ecology and biotechnology. Nature Biotechnology, 2012, 30, 513-520.

Predicting bacterial community assemblages using an artificial neural network approach. Nature Methods. 2012, 9, 621-625.

QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. Nature Methods, 2010, 7, 335-336.

会议嘉宾

Rob Knight

Rob Knight于2001年于普林斯顿大学的生态与进化生物学院获得博士学位，随后在科罗拉多大学的分子细胞与发育生物学院完成了博士后研究工作，并于2004年入职科罗拉多大学，2014年成为加州大学圣迭戈分校教授。

Rob Knight是科罗拉多大学数据分析与协调中心的项目负责人；人类微生物计划（HMP）的主要参与者；同时也是地球微生物计划（EMP）的负责人之一。他开发了包括UniFrac和QIIME在内许多非常流行的微生物群落分析软件，他目前的研究包括开发新的实验室及计算机技术来研究人类、动物体内及环境中的微生物。主要研究肠道微生物与肥胖、节食、地理、年龄和宿主行为的联系；人类个体微生物群落的独特性；陆地、海洋及其他生态系统中微生物的时空分布。

Knight目前是ISME Journal的高级编委，地球微生物计划的指导委员会成员，也是美国肠道微生物计划的创始人之一，发表了400篇以上的学术论文和书籍，H指数为105，2009年被入选美国霍华德休斯医学研究所（HHMI）科学家资助项目，2015年获得Vilcek奖。

Jack Gilbert

Jack A Gilbert于2002年在英国诺丁汉大学获得博士学位，之后在加拿大女王大学完成博士后工作，2005年回到英国在普利茅斯海洋研究所任职高级研究员，2010年前往美国入职阿贡国家实验室及芝加哥大学副教授，2015年任职芝加哥大学教授。

Gilbert目前的研究工作主要是探索微生物如何在自然和人工环境中进行群落聚集，研究手段包括利用组学技术（宏基因组、宏转录组、宏蛋白组、代谢组）来回答有关微生物生态、微生物生理及生物地球化学等领域的问题。

Gilbert开发了一系列模型来预测微生物在生态系统中发挥的功能，从阐释细菌古菌群落如何介导土壤、煤层中的甲烷排放过程，到从全球尺度上预测微生物的群落结构及功能。他的研究对象涉及广泛，包括河漫滩、森林、草地、建筑物、人体及空气中的微生物，致力于寻找适用于任何生态系统中的微生物生态及动态的根本趋势。

Gilbert目前担任mSystems主编，ISME Journal的高级编委，发表了超过200篇高水平学术论文和书籍，H指数42。Gilbert还担当了很多重大项目的负责人，包括地球微生物计划，家庭微生物计划、医院微生物计划等多项大型科研工程。

会议门票

会议注册费：2000元/人，学生1200元/人。提供午餐、晚餐券。住宿自理（可统一进行宾馆预订）。

