



# 中国土壤学会“第二届微生物生态生物信息技术研讨会”

## 第一轮通知

第二届微生物生态生物信息技术研讨会

第一轮通知

(南京, 2015年2月2日-4日)

主办单位: 中国土壤学会土壤生物与生物化学专业委员会

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

### 一.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,主流测序已由454转变为Illumina HiSeq和MiSeq。然而,庞大数据量的产生为微生物生态学发展带来新机遇的同时,也带来了挑战。海量数据、纷繁复杂的土壤气候环境变量,使我们在选择合适的数理统计工具时更加困惑。

基于此,中国土壤学会已于2013年2月25-28日成功举办了“第一届微生物生态研讨会暨生物信息分析培训班”。这次会议使大家对高通量数据分析手段有了更深入的认识,也使大家得到了广泛的交流。然而,目前纷繁复杂的统计分析工具以及方法选择还是我们在微生物生态研究的重要阻碍。因此,中国土壤学会将于2015年2月2日-4日举办“第二届微生物生态生物信息技术研讨会”。

会议邀请国内知名微生物生态学家,及美国阿贡国家实验室 Jack Anthony Gilbert 教授和密歇根州立大学 Ashley Lauren Shade 教授及其团队作微生物生态领域专题报告,随后 Gilbert 和 Shade 教授及其团队成员对高通量测序(Illumina HiSeq 和 MiSeq)后续的生物信

息分析进行系统讲解。

## 二. Jack Anthony Gilbert 和 Ashley Lauren Shade 简介

环境微生物学家 Jack Gilbert, <http://pondside.uchicago.edu/ecol-evol/people/gilbert.html>, 目前是美国阿贡国家实验室教授, 芝加哥大学兼职教授。任国际知名刊物 ISME Journal 高级编委, PLoS ONE, Environmental Microbiology, Microbial Informatics and Experimentation, SIGS 等期刊的编委。Gilbert 教授是美国地球微生物计划 Earth Microbiome Project (EMP) <http://www.earthmicrobiome.org/>项目的主要负责人,也是国际基因组标准委员会 Genomic STANDARDS consortium (GSC) ([http://gensc.org/gc\\_wiki/index.php/GSC\\_Board](http://gensc.org/gc_wiki/index.php/GSC_Board)) 的主要成员。Gilbert 教授同时引领四种宏基因组学 DNA 分析工具技术的发展 (IHAT, Phylotree, PRMT, MAP), 他领导的 EMP 计划通过宏基因组、宏转录组以及序列扩增技术对全球 20 万份样品进行分析, 并建立一套系统分析地球微生物的方法, 包括建立地球微生物模型, 神经网络预测微生物群落等等。

Ashley Shade 教授于 2014 年在美国密歇根州立大学的微生物学和分子遗传学学部工作。2010-2014 年间 Shade 教授在耶鲁大学攻读分子、细胞、生物学方向的博士后, 师从 Jo Handelsman 教授。曾于 2010 年获得生命科学研究基金-Gordon & Betty Moore 基金, 2011 年获得美国微生物学会早期职业发展奖。她主要致力于微生物的生态和进化动态方面的研究, 包括微生物物种如何进化成为种群间相互共存并与环境相适应的新兴群落; 面对环境和生物的持续变化, 微生物是如何保持稳定的。已经开展的研究主要分为以下三部分: 在澳大利亚中部偏远地区, 调查随着地下火灾的蔓延, 微生物对环境的适应性、进化及新物种的产生; 已利用质谱的方法鉴定二次代谢产物并发展了解译微生物间的化学信号的合成生态系统; 探索花朵这种短暂的生态系统对于植物和微生物交互作用的重要意义, 且已发现苹果花中含有复杂的微生物种群。

## 三. 会议及培训时间:

2 月 3 日微生物生态生物信息技术研讨会

专题报告: 具体内容安排请关注第二轮通知。

2 月 4 日微生物生态生物信息技术研讨会

专题报告: 具体内容安排请关注第二轮通知。

## 四. 会议探讨主题

1. Illumina Miseq 测序的生物信息分析: 包括如何使用 QIIME 进行数据处理以及在分析中应注意的问题, 如何使用 R 和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 以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。

#### 四. 主要参考资料

Longitudinal analysis of microbial interaction between humans and the indoor environment. *Science*, 2014, 354: 1048-52.

Conditionally rare taxa disproportionately contribute to temporal changes in microbial diversity. *mBio*, 2014, 5: e01371-14

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

A meta-analysis of changes in bacterial and archaeal communities with time. *The ISME Journal*. 2013, 7:1493-1506.

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.

Ultra-high-throughput microbial community analysis on the Illumina HiSeq and MiSeq platforms. *ISME J*, 2012, 6:1621-1624.

Sequencing data: A genomic network to monitor Earth. *Nature*, 2012, 481: 145.

#### 五. 会议地点及费用:

会议地点：中国科学院南京土壤研究所（详细地点请关注第二轮通知）

培训费用： 1500 元/人，学生 1000 元/人。提供午餐、晚餐券。住宿自理（可统一进行宾馆预订）。注册会员每人发放会议手册一本。

#### 六.会议人数:

会议规模 150 人左右

七. 报名时间:

报名截止日期: 2015 年 1 月 20 日

会议第二轮通知时间: 2015 年 1 月 15 日

八. 报名方式:

1. 联系人: 孙瑞波 手机 18505676523 邮箱 [rbsun@issas.ac.cn](mailto:rbsun@issas.ac.cn)

时 玉 手机 18761856785 邮箱 [yshi@issas.ac.cn](mailto:yshi@issas.ac.cn)

(邮件主题栏内请注明“第二届微生物生态生物信息技术研讨会”)

2. 联系地 址: 南京市北京东路 71 号, 中国科学院南京土壤研究所