



iMeta 大会2025

打造高水平国际期刊

会议手册

会议主办: *iMeta* 编辑部

湖北中医药大学(湖北时珍实验室)

宁波热心肠科技传播研究中心(筹)

会议协办: 黑龙江全乐制药

承葛医药集团

华中农业大学

北京热心肠生物技术研究院

2025年8月23-25日

湖北中医药大学

(中国 武汉)



iMeta公众号



湖北中医药大学



华中农业大学



宏基因组



热心肠研究院



iMetaMed(宏医学)期刊是一个专注于医学、健康和生物技术领域的国际性科学期刊，旨在为全球研究人员、医生和医疗专业人士提供一个高质量的学术交流平台。期刊涵盖广泛的主题，包括但不限于个性化医疗、人工智能在医疗中的应用、数据挖掘和健康信息学、基因组学，以及生物医学工程等前沿领域。依托母刊iMeta平台，iMetaMed的目标是成为影响因子大于15的医学综合类期刊，对标Med, Cell Reports Medicine, eBioMedicine, eClinicalMedicine等生物医学和临床医学顶刊，力求在国际医学界占据一席之地。为实现这一目标，iMetaMed将积极吸纳和发布具有创新性和临床价值的研究成果，致力于引领医学科学的前沿发展。

◆ 主编团队



朱依淳 教授
澳门科技大学



郭洪波 教授
南方医科大学
珠江医院

◆ 执行主编



罗鹏
南方医科大学
珠江医院



冯素银
东海县人民医院



王子恒
澳门科技大学





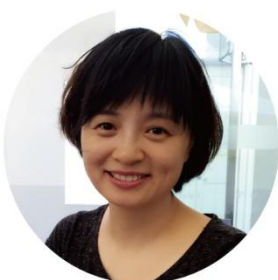
iMeta(宏)期刊是由宏科学、千名华人科学家和威立共同出版，对标Cell的生物/医学类综合期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，重点关注生物技术、大数据和组学等前沿交叉学科。已被SCIE、PubMed等收录，最新IF 33.2，位列全球SCI期刊第65位(前千分之三)，中国第5位，微生物学研究类全球第一，中科院生物学双1区Top。外审平均21天，投稿至发表中位数87天。

子刊iMetaOmics (宏组学)、iMetaMed (宏医学)定位IF>10和15的生物、医学综合期刊，欢迎投稿！

◆ 主编团队



刘双江 研究员
中国科学院微生物研究所、山东大学



傅静远 教授
荷兰格罗宁根大学

◆ 执行主编



刘永鑫 研究员
中国农业科学院深圳基因组所



李丹宜 首席科学家
热心肠生物技术研究院



陈同 副研究员
中国中医科学院

iMeta

邮箱: office@imeta.science

投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://onlinelibrary.wiley.com/journal/2770596x>



iMeta公众号



iMeta主页



湖北中医药大学

HUBEI UNIVERSITY OF CHINESE MEDICINE

学校创建于 1958 年，是湖北省人民政府、国家中医药管理局共建高校，是我国较早开办中医本科教育和最早开办中医研究生教育的高等院校之一，湖北省“国内一流学科建设高校”。现有教职工 1650 人，全日制在校学生 19000 余人。

学校拥有医理工管文教经等 7 个学科门类和 35 个本科专业，博士学位授权点 4 个，硕士学位授权点 17 个，一级学科博士后流动站 2 个，直属附属医院 1 所（湖北省中医院）。拥有国家中医药管理局重点学科 15 个，省高等学校优势特色学科（群）、中医药重点学科 21 个，建有国家卫生健康委、国家中医药管理局和省重点专科 54 个，肝病科、肾病科进入国家区域诊疗中心行列。中医学入选湖北省“国内一流学科”培育建设学科，临床医学学科、药理学与毒理学科进入 ESI 全球排名前 1%。

学校现有 6 个国家级一流本科专业和 3 个教育部特色专业，22 个省级一流、品牌专业，65 门国家级、省级一流本科课程、精品课程。共有国医大师 3 人，全国名中医 4 人，发达国家科学院院士、长江学者、万人计划科技领军人才等国家和湖北省高层次人才 215 人。建有教育部重点实验室和工程研究中心等 40 个省级以上平台，牵头组建、运营管理全国中医药领域首个省级实验室——湖北时珍实验室（第十个湖北省实验室）。近年来，主持和参与国家重点研发计划 17 项，获国家、教育部和湖北省科技进步奖 40 项。与地方政府、高校、科研院所以及知名企业等 90 余家单位开展交流合作，与 30 多个国家和地区建立合作关系，积极推进中医药高质量融入“一带一路”。

湖北时珍实验室

湖北时珍实验室 2023 年 8 月 27 日正式挂牌，是全国中医药领域首个省实验室。实验室依托武汉市政府建设，由湖北中医药大学牵头组建、运营管理，有 37 家共建单位，实行理事会领导下的主任负责制。王琦、王广基、董家鸿、邬堂春、肖伟、陈士林 6 位中国工程院院士为实验室首席科学家。组建由 27 名知名专家组成的学术委员会，王琦院士担任学术委员会主任委员。

实验室坚持面向健康、面向中医药、面向湖北，积极应对人口老龄化国家战略，聚焦老年健康，立足湖北省中医药资源和李时珍中医药文化优势，布局李时珍老年病学术思想和养生文化、老年人群体质与未病健康管理、老年慢病发病规律与干预机制、老年大健康产品开发、老年健康特色道地药材产业发展等五大攻关方向。

实验室成立以来，聚焦老年健康，开展以“糖脂代谢紊乱性疾病中医药主动干预”为研究主线的科技项目攻关。开展科技攻关项目 104 项，科研经费总额 15165 万元。发表 351 篇 SCI 论文，其中，中科院一区论文 106 篇，影响因子超过 10 的高水平科研论文 42 篇；老年心血管疾病研究成果在影响因子 37.6 的全球医学顶级期刊欧洲心脏病杂志《European Heart Journal》上发表。编制的《湖北省中医（中西医结合）医院老年病科建设方案（试行）》已由省卫健委发布。编译《本草纲目》图鉴（中英文版）、编写《中国老龄人口和老年主动健康研究报告》。发布国内首个《中国老年主动健康宣言（武汉宣言）》。制定国家、地方和团体标准 6 项。举办 2024 李时珍中医药大会等高水平学术会议 20 余场次。聚焦我省“十大楚药”道地药材和“五大特色药材”，全球首发蕲艾、黄连基因组图谱，建成全国最大艾种质资源圃，发布华中地区首个千万级本草多组学成分库。培育推广“蕲青 1 号”、“蕲黄 1 号”等 13 个中药材新品种。创制出天麻人工菌棒代料替材生态种植技术模式，实现菌棒替代传统木材培育菌床；建立了福白菊“一种二改三调”生态种植技术模式，指导基地通过了国家药监局 GAP 认证和获得了中国中药协会生态中药材品牌；蕲艾“五改两促”生态种植技术，作为中华中医药学会团体标准（T/CACM 1375.73—2024）发布；荣获省级科学技术进步二等奖等 7 项科技奖项。

实验室以服务国家和湖北省重大需求为导向，以服务“中医药强省”为目标，以科技创新为突破口，创新体制机制，打造中医药科技创新高地、产业发展高地、人才聚集高地、文化传承基地，建成“创新、团队、资本、产业”四位一体的协同创新平台，引领我省中医药事业、产业高质量发展。



黑龙江全乐制药有限公司简介



黑龙江全乐制药有限公司成立于2020年6月，是一家集中药材野生抚育、研发、生产、销售为一体的高新技术企业，厂区建立在黑龙江虎林市854工业区，占地总面积5.6万余平方米，被当地政府认定为重点招商引资企业。

公司成立以来，承接了多项国家级、省级科研项目，先后获批国家级高新技术企业、黑龙江省工程技术研究中心、省科技型中小企业、省“专精特新”企业等。2024年获批黑龙江省内唯一一个中药领域院士工作站：“刺五加创新研究与新药开发院士工作站”。2024年凭借“刺五加胶囊标准提升”项目，获得省医药行业科技创新三等奖，斥资引入国内领先的智能化制药装备，完成刺五加胶囊生产线全面升级，产品品质与产能实现双突破。公司目前持有复方刺五加颗粒（独家品种）、刺五加胶囊（医保乙类）、利肝隆片（医保乙类）等刺五加制剂产品及其他优质中药、化药品种。在虎林市委市政府的大力支持下，全乐制药和七虎林林场合作建立5万亩刺五加药材野生抚育基地，并通过GAP认证，为后续打造专属北药基地，供应道地药材提供有力支撑和保障。

董事长简介



李忠立，黑龙江省第十四届人大代表，上海市普陀区政协第十五届常委，上海市普陀区2022年度杰出人才，上海中医药大学校董，黑龙江全乐制药有限公司、全乐药业（上海）有限公司董事长，世界华人中医医师协会会员，潜商联合会上海分会会长。

黑龙江首家中药领域院士工作站：



刺五加创新研究与新药开发院士工作站是黑龙江省首家中药领域院士工作站，于2024年11月通过省科技厅审核并落户虎林市全乐制药有限公司，填补了省内中药高端研发平台的空白。该工作站是在国家大力发展中医药事业、推动中医药现代化与产业化的战略背景下，依托黑龙江全

乐制药有限公司雄厚的科研实力与资源优势，联合中国科学院陈凯先院士及其顶尖团队共同建立的高水平科研创新平台。作为黑龙江省生物医药产业的标志性平台，工作站聚焦刺五加这一道地药材的深度开发，旨在推动刺五加全产业链创新，助力鸡西市打造“全国刺五加名城”和百亿级生物医药制造基地。



讯飞医疗

用人工智能守护生命健康

Protect life and health with AI

讯飞医疗科技股份有限公司成立于2016年，致力于成为“每位医生的AI诊疗助理和每个人的AI健康助手”。公司依托人工智能及大模型等全栈自主可控技术，构建了覆盖基层医疗机构、等级医院、患者及居民的全链条人工智能医疗产品与服务体系，打通健康风险预警、疾病早筛、临床辅助诊断、诊后康复追踪的闭环服务链。

2024年12月30日，讯飞医疗在香港联交所成功上市（股票代码：02506.HK），成为“医疗大模型第一股”。



传承葛洪之精华 守正医学之创新

微生物医疗产学研医领军企业

承葛医药集团始创于2016年，是一家提供精准菌群移植整体解决方案的国家高新技术企业。企业集研发、智造、销售、服务于一体，专注于人体微生态移植，业务领域横跨微生态健康、微生态诊断、微生态治疗、微生态药物、微生态医疗大数据挖掘。经过几年的发展，公司已经成为行业的领军企业。集团总部位于上海，下辖四个事业部：承葛生物事业部、承葛健康事业部、承葛医疗事业部、承葛智药事业部。2022年公司开始实行集团化管理，在上海、厦门、新加坡设有研发基地，在北京、广州、深圳、厦门、宜春、苏州、石家庄、宁德、沈阳、青岛、合肥设有子公司。

产业布局 INDUSTRIAL LAYOUT

承葛医疗

公立医院体系

菌群检测服务

龙苗、海月、昌阳、
含光、金芝、海镜、
海辰

菌群移植服务

金芝、昌阳、龙苗、
海月、含光、回云、
怀风、元绪

非公医院体系



高端定制



总肉防治中心



糖尿病逆转中心



自闭症-领军计划

承葛生物技术

精准菌群移植治疗平台

中华菌库联盟

健康菌株资源库

肠道菌群数据中心

承葛健康

高端健康管理机构



金融保险



再生医学



星链项目



康养项目



承葛医学检验

医学检验服务

- 菌群宏基因组检测
- 菌群三代基因测序
- 益生菌检测

产品研发

- 息肉筛查试剂盒
- 肠道菌群基因检测试剂盒
- 肠道菌群基因检测报告系统

科研服务

- 微生物高通量测序
- 病毒组高通量测序
- 代谢组检测
- 个性化数据分析

承葛智药

生物制品

- 艰难梭菌感染
- 多重耐药菌感染

活菌药物

- 溃疡性结肠炎
- 结直肠癌
- 高尿酸血症
- 2型糖尿病
- 自闭症
- 抑郁症

基因工程菌药物

- 高尿酸血症
- 苯丙酮尿症
- 一型糖尿病

合成生物学

- 耐药菌噬菌体
- 高附加值医药中间体与原材料

承葛微生态医院

微生态诊断中心

肿瘤康复中心

菌群移植中心

自闭症康复中心

糖尿病逆转中心

亚健康调理中心

精神康复中心

中医体质调理中心

承葛智造

自动化肠菌提取设备

自动化肠菌灌装设备

自动化肠菌复温设备

人体仿生肠道系统



创“芯”不止 全物种全转录组探索无限可能

时空组学STOmics产品矩阵

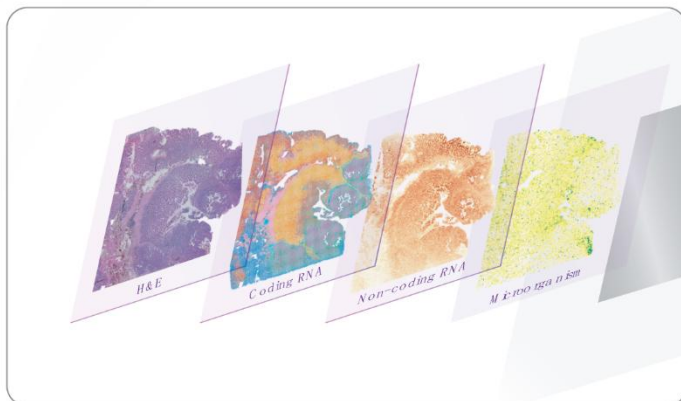
聚焦多组学、多样本、技术性能提升三个方面，致力于帮助广大科研人员进行更广、更深层次的组学探索。

► 时空转录组FF

► 时空转录组FFPE

► 时空转录组大尺寸芯片

► 时空蛋白转录组Stereo-CITE



时空转录组FFPE产品亮点

- ✓ 实现同张切片H&E染色
- ✓ 编码及非编码RNA共捕获
- ✓ 宿主和微生物共检测
- ✓ 细胞级分辨率
- ✓ 无物种限制

2020年，华大发布时空组学技术Stereo-seq。秉承华大集团“基因科技造福人类”的使命，华大时空组学致力于创建强大、稳定且易于使用的端到端时空组学产品解决方案，助力研究人员以超高分辨率对组织样本的全转录组数据进行空间分析。



深圳华大三箭齐发科技有限责任公司

<https://www.stomics.tech>

services@stomics.tech





邓子新

武汉大学/上海交通大学
院士



谢明勇

南昌大学
院士



李培武

中国农业科学院油料作物
研究所, 院士



印遇龙

中国科学院亚热带农业
生态研究所, 院士



金梅林

华中农业大学
院士



陈刚

湖北中医药大学
教授, 校长



朱依淳

澳门科技大学副校长, 欧
洲科学与艺术学院院士,
iMetaMed名誉主编



刘双江

中国科学院微生物研究所
山东大学教授, iMeta主编



傅静远

荷兰格罗宁根医学研究中心
系统医学教授, KNAW和
KHMW两院院士, iMeta主编



赵方庆

中国科学院北京生命
科学研究院研究员
iMetaOmics主编



于君

香港中文大学教授
iMetaOmics主编



郭洪波

南方医科大学珠江医院院长
iMetaMed主编



刘永鑫

中国农科院深圳基因组所
研究员, iMeta执行主编



陈同

中国中医科学院
副研究员, iMeta执行主编



罗鹏

南方医科大学珠江医院
iMetaMed执行主编



冯素银

南京医科大学康达学院副
教授/东海县人民医院
iMetaMed执行主编



王子恒

澳门大学健康科学学院
iMetaMed执行主编



徐安龙

北京中医药大学
教授、校长



陈家旭

北京中医药大学中医学院
教授



商洪才

北京中医药大学东方医院
研究员、院长



王拥军

上海中医药大学副校长,
上海市中医药研究院副院长



曹鹏

南京中医药大学副校长、
药学院院长



高月

军事医学科学院
研究员



高昊

暨南大学科技处处长、暨
南大学中药及天然药物研
究所所长



金双侠

华中农业大学教授
植物科学技术学院院长



陶亮

西湖大学医学院和生命科
学院研究员



唐鸿志

上海交通大学生命科学技
术学院教授、副院长



肖仕

中山大学院长、教授



王琳琳

中国科学院微生物研究所
副所长、研究员



陈义华

中国科学院微生物研究所
研究员



宋伟彬

中国农业大学
国家玉米改良中心教授



吴俊

南京农业大学
园艺学院, 教授



何正国

武汉大学弘毅特聘教授



刘翠华

中国科学院微生物研究所
研究员



张大伟

中国科学院天津工业生
物技术研究所, 研究员



陈福和

香港大学李嘉诚医学院
助理院长, 教授



沈锡辉

西北农林科技大学
生命科学学院, 教授



徐明

北京大学第三医院
教授



童红宁

中国农业科学院作物科学
研究所, 研究员



管清美

西北农林科技大学
教授



林浩

中国农业科学院生物技术
研究所, 研究员



刘宏涛

深圳大学生命与海洋科学
学院, 教授



刘志勇

中国科学院遗传与发育生物学研究所, 研究员



闫丽盈

北京大学第三医院
研究员



王晓杰

西北农林科技大学
教授



李春

北京中医药大学
研究员



王进

东南大学青年首席教授



张翔

香港中文大学
副研究员



张飞

华中农业大学
教授



汪晖

武汉大学基础医学院
教授



袁媛

中国中医科学院
首席研究员



徐骏宇

中国科学院
上海药物研究所 副研究员



李玲

四川大学华西医院



李福勇

浙江大学
百人计划研究员



刘尽尧

上海交通大学医学院
教授



史凯斌

北京天坛医院神经病学中
心主治医师, 首都医学科
学创新中心研究员



李淑瑾

河北医科大学法医学院
教授、副院长



陶永富

中国农科院
深圳农业基因组所研究员



张艳聪

中国农业科学院
农业基因组所研究员



王定杰

武汉大学
准聘副教授、研究员



何肖龙

南方医科大学珠江医院
教授



刘灿昭

南方医科大学珠江医院
教授



刘姗姗

中南大学湘雅二医院
教授



徐峰

山东第一医科大学医学信
息与人工智能学院副院长,
山东省立医院研究员



游华

重庆医科大学 教授



钟继新

福建医科大学 教授



梁文华

广州医科大学附属第一医
院教授、横琴医院副院长



张金阳

中国科学院动物研究所
副研究员



袁硕峰

香港大学医学院
副教授



陈卫华

华中科技大学 教授



姜昆

山东大学 教授



代绍兴

昆明理工大学 教授



刘畅

山东大学
教授



陈谋通

广东省科学院微生物研究
所, 研究员



李文婷

河南农业大学
教授



周哲敏

苏州大学 教授



白立景

中国农科院
深圳基因组所副研究员



张滕

内蒙古大学
教授



张东

兰州大学/西藏大学
教授



靳红磊

广州中医药大学
教授



栾鑫

上海中医药大学中药系统
药理学研究中心主任



林秋鹏

华南农业大学
特聘教授



李锋

天津大学 副教授



苏奇

香港中文大学
助理教授

目 录

会议信息	1
会议组委会	4
会议日程总表	6
8 月 23 日 (周六) 会议日程	6
上午 8:45-12:15 医学-基础/肿瘤 (会场一)	6
上午 8:45-12:15 医学-菌群 (会场二)	7
上午 8:45-12:15 生物-微生物/生信 (会场三)	7
下午 13:30-17:20 人才成长论坛 (会场一)	8
下午 13:30-17:40 医学论坛 (会场二)	9
下午 14:30-17:15 中医药高峰论坛 (会场三)	9
8 月 24 日 (周天) 会议日程	10
上午 9:00-12:00 开幕式/特邀报告 (会场一)	10
中午 12:00-13:30 午餐编委会 (会场二)	10
下午 13:30-17:00 人才进阶 (会场一)	10
下午 13:30-17:40 微生物论坛 (会场二)	11
下午 13:30-17:20 植物前沿论坛 (会场三)	12
8 月 25 日 (周一) 会议日程	13
上午 9:00-12:00 技术培训 (会场一)	13
上午 9:00-12:15 生物医药 (会场二)	13
上午 9:00-12:00 博后论坛 (会场三)	14
下午 13:30-14:50 科研培训 (会场一)	14
下午 15:10-16:20 研究生论坛 (会场一)	15
下午 13:30-15:40 研究生论坛 (会场二)	15
报告内容简介	17
医学-基础/肿瘤	17
会场 1:行政楼报告厅 8 月 23 日 (周六) 上午 8:45-12:15	17
医学-菌群	25
会场 2: 药学院 Y102 8 月 23 日 (周六) 上午 8:45-12:15	25
生物-微生物/生信	33
会场 3: 科技中心 S101 8 月 23 日 (周六) 上午 8:45-12:15	33
人才成长论坛	41

会场 1:行政楼报告厅 8 月 23 日 (周六) 下午 13:30-17:20	41
中医药高峰论坛.....	45
会场 2: 药学楼 Y102 8 月 23 日 (周六) 下午 13:30-17:20	45
医学论坛	49
会场 3: 科技中心 S101 8 月 23 日 (周六) 下午 13:30-17:40	49
开幕式/特邀报告	55
会场 1:行政楼报告厅 8 月 24 日 (周日)上午 9:00-12:00.....	56
午餐编委会	60
会场 1:行政楼报告厅 8 月 24 日(周天) 中午 12:00-13:30	60
人才进阶	61
会场 1:行政楼报告厅 8 月 24 日 (周日) 下午 13:30-17:30	61
微生物论坛	65
会场 2: 药学楼 Y102 8 月 24 日 (周日) 下午 13:30-17:40	65
植物前沿论坛.....	72
会场 3: 科技中心 S101 8 月 24 日 (周日) 下午 13:30-17:20.....	72
生物技术专场.....	79
会场 1: 行政楼报告厅 8 月 25 日 (周一) 上午 9:00-12:00	79
生物医药	82
会场 2: 药学楼 Y102 8 月 25 日 (周一) 上午 9:00-12:15	82
博后论坛	90
会场 3: 科技中心 S101 8 月 25 日 (周一) 上午 9:00-12:00.....	90
科研培训	95
会场 1: 行政楼报告厅 8 月 25 日 (周一) 下午 13:30-15:10.....	95
研究生论坛 (一)	97
会场 1: 行政楼报告厅 8 月 25 日 (周一) 下午 15:10-16:20.....	97
研究生论坛 (二)	100
会场 2: 药学楼 Y102 8 月 25 日 (周一) 下午 13:30-15:40.....	100
会议论文集	108

会议信息

会议名称：*iMeta* 大会 2025—打造高水平国际期刊

时间：2025 年 8 月 23 日-25 日

地点：湖北中医药大学（黄家湖校区）

主办单位：*iMeta* 编辑部、湖北中医药大学（湖北时珍实验室）、宁波热心肠科技传播研究中心（筹）

协办单位：全乐制药、承葛医疗集团、华中农业大学、北京热心肠生物技术研究院、湖北江夏实验室

规模：>500 人

会议通知下载：<http://www.imeta.science/meeting/2025/Announcement.pdf>

会议网站：<http://www.imeta.science/meeting/2025> 扫码访问会议官网查看更多信息



会议食宿：会议期间食宿、交通费用自理。所有参会人员请提前自行预定酒店：可参考会议通知和网站中推荐的协议酒店和价格。

交通：导航定位“湖北中医药大学(黄家湖校区)”。

会务组联系人

书老师(会务/赞助): 15945032790 shuhuhaize editor@imeta.science

荀老师(日程/摘要): 15231572937 meeting@imeta.science

朱老师(专家接待): 15827191771 office@imeta.science

湖北中医药大学黄家湖校区平面布置

	北门
腾讯地图	湖北中医药大学(黄家湖校区)-西北门
百度地图	湖北中医药大学-西门
高德地图	湖北中医药大学黄家湖校区(西北门)

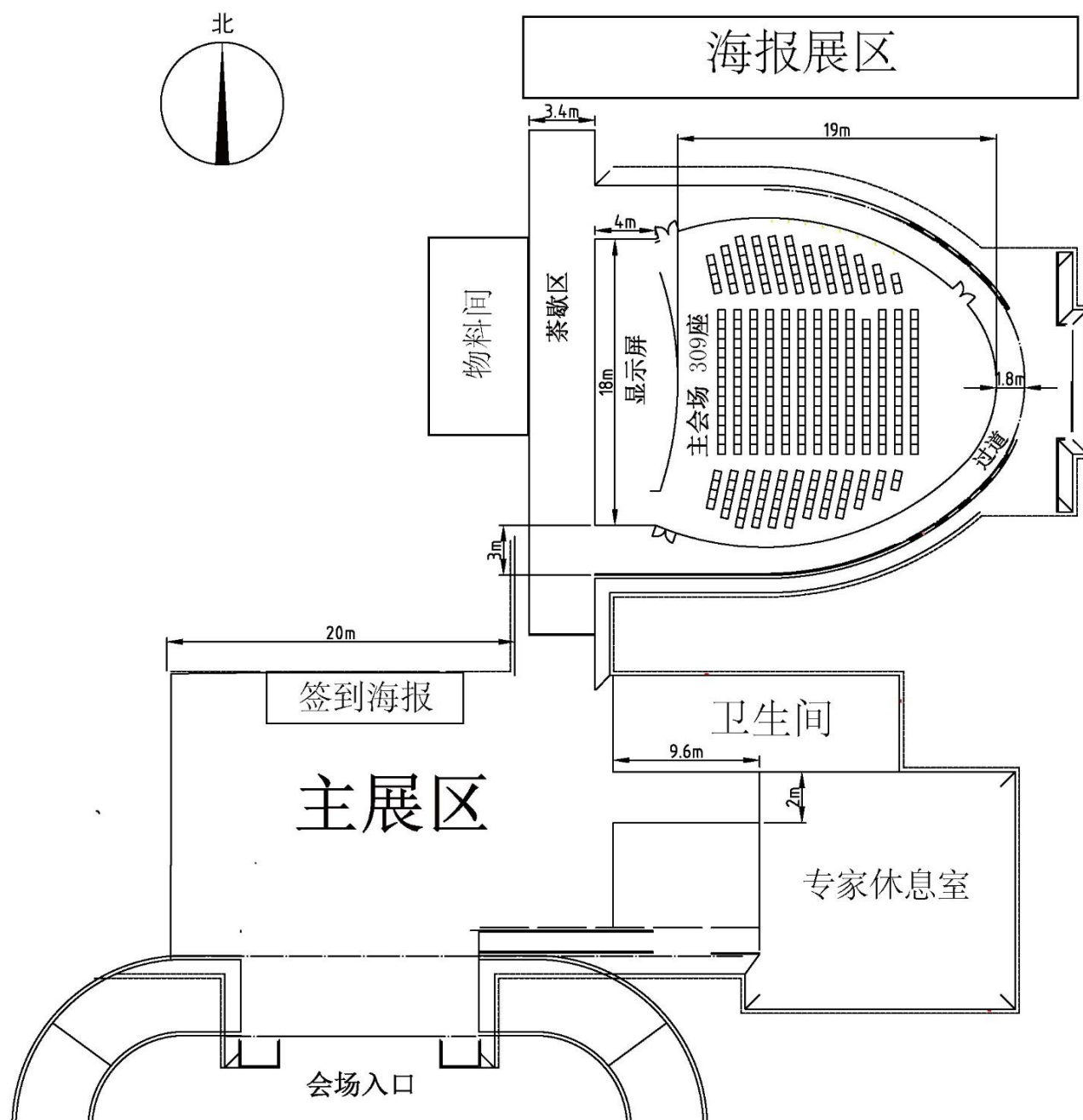
中医药大学地铁站A1口步行至西北门

	石门
腾讯地图	湖北中医药大学(黄家湖校区)-西1门
百度地图	湖北中医药大学-西1门
高德地图	湖北中医药大学黄家湖校区(西1门)

打车：湖北中医药大学黄家湖校区明德楼（报到处）



主会场平面图



会议组委会

主持人：陈刚、刘双江、傅静远、赵方庆、于君、朱依淳、郭洪波、蓝灿辉

顾问：赵国屏(院士)、朱永官(院士)、印遇龙(院士)、杨瑞馥、贺纪正、Tiedje, James(院士)、Figeys, Daniel、Grossart, Hans-Peter

委员：Cernava, Tomislav、陈伟、成艳芬、褚海燕、邓晔、胡行伟、Jeon, Che Ok、贾伟、姜长涛、林昊、刘宏伟、刘洋戡、Vatanen, Tommi 、Vital, Marius 、王二涛、王军、韦中、金双侠、Adams, Jonathan、Ahmed, Iftikhar、Anantharaman, Karthik、Avignone-Rossa, Claudio、Ayodele, Abiodun Emmanuel、Raffaella Balestrini、Bengtsson-Palme, Johan 、Bhadury, Punyasloke、蔡磊、曹慧苹、Cardinale, Massimiliano、Carrion, Victor、常立甲、陈峰、陈林兴、陈明、陈青林、陈卫华、陈银、程路、Chikhi, Rayan、朱轩、崔杰、戴俊彪、丁平涛、Druzhinina, Irina S.、杜娟、Eden, John-Sebastian、范勇、房中则、冯强、甘人友、高峰、葛体达、顾祖光、郭冰、郭建华、Harmsen, Hermie、何雪松、贺静、何永基、黄金艳、黄适、黄巍、磯部一夫、贾保磊、贾仲君、江晓芳、姜小涛、金灵、Keswani, Chetan P Keswani、Kolton, Max 、Krause, Sascha、Kundu, Parag、黎阮國慶、李猛、李明锟、李文均、李小方、梁承志、梁玉婷、刘星吟、刘彦卿、López-Pérez, Mario、马曦、Manavalan, Balachandran、Marvdashti, Leila Monjazebe、Osama A. A Mohamad、倪艳、宁康、Olivares, Fábio Lopes、潘安、Papadimitriou、Park, Heekuk、Deene Manik Prabhu、蓝灿辉、Saleem, Muhammad、施莽、施文元、孙蔚旻、Tas, Neslihan、Tsuda, Kenichi、万源、王华、王少林、王顺聪、王延鹏、王则能、魏泓、Wong, Adam CN、邬荣领、许玫英、徐振江、燕茹、杨军、尹华兵、印遇龙、余光创、于鹏、袁梦婷、张宝红、张晨虹、张和平、张家超、张丽梅、张琳、张瑞福、赵方庆、赵立平、赵屹、周欣、周志刚、Zhulin, Igor B.、邹权、杨亮、张小川、Kenji Hashimoto、袁硕峰、Jasper Chan

执行主席：刘永鑫、陈同、姚小卫、张麟、张帮周、李忠立、金双侠、罗鹏、王子恒、冯素银、陶亮、唐鸿志、王欣

执行委员：丁霞、万锈琳、严青、于婷、于永耀、于海至、付锦霞、代悦、代绍兴、任佳媛、何京炜、何正国、何肖龙、何航元、余仁强、余霖、余鸿燊、侯辉宇、倪艳、倪雅文、傅敏、傅静远、党延启、农凯霞、冯华奇、冯晓晓、冯素银、刘义、刘云欢、刘亚勇、刘伯杨、刘军锋、刘博、刘双江、刘嘉森、刘天洋、刘妍、刘姗姗、刘宏涛、刘富荣、刘尽尧、刘帅、刘建均、刘建忠、刘建晓、刘志勇、刘志鹏、刘思佳、刘思奇、刘怡玲、刘文娟、刘旭珈、刘晓、刘松林、刘梨会、刘永鑫、刘洋、刘洪涛、刘源、刘灿昭、刘畅、刘端瑞、刘笑、刘纯兵、刘翠华、卜琮凡、卢昕、印遇龙、史凯斌、史晓歌、司钰、吴习、吴佳佳、吴俊、吴俊嶺、吴俊蕾、吴季秋、吴悠、吴正犇、周丹、周丽沙、周哲敏、周怡倩、周恒星、周意、周扬、周文、周海艳、周维、周蕴璐、周远平、唐华、唐德琴、唐鸿志、唐鼎、商洪才、姚小卫、姚小芳、姚桂翔、姚雪、姚鲁田、姜昆、孙启慧、孙天拥、孙强、孙玉萍、孙资金、孙青竹、孟佳林、孟元发、宋丹、宋伟彬、宋佳伟、宗少晖、容蓉、尚润、尹乃毅、屈婧怡、屠艳桦、岳超雄、崔梦迪、崔海鹏、崔耀东、巫萍、帅燊、

师博涵、康晋伟、廖小平、张东、张亨国、张伟豪、张嘉怡、张大伟、张天缘、张媛、张家豪、张强、张恒、张振宇、张晓娜、张晓雨、张杰、张梦媛、张武文、张泽楷、张洪瑜、张玉丽、张玉军、张玮、张瑜、张田欣、张硕萍、张翔、张翔宇、张良、张艳、张艳聪、张金萍、张金阳、张雪蕾、张飞、张驰、张麟、弭军、彭凯、彭政、彭烨、徐安龙、徐峰、徐文、徐明、徐炜、徐锦波、徐骏宇、惠昊宸、成圣涵、戴云飞、戴晓峰、文涛、方耀辉、方臻成、曹国栋、曹棋棋、曹璐、曹鹏、曾秋婵、曾筱雅、曾美尹、朱世权、朱依淳、朱志豪、朱林娇、朱超、李佳瑞、李军令、李前波、李培武、李妍妍、李娟、李婉婷、李思思、李敏、李文婷、李明英、李春、李晓庆、李晶、李曼、李永华、李润泽、李淑瑾、李渔欢、李玲、李盛楠、李福勇、李美慧、李芯蕊、李茉莉、李苑、李金鑫、李鑫、李锋、李雪莹、李雪萌、李鹏、杜鸿志、杨兴珍、杨海飞、杨立雯、杨芳、林利霞、林浩、林秋鹏、查安东、柯佳鸿、柯枳威、柳琳、栾鑫、梁文华、梁荣相、梁银龙、梁齐齐、武士娟、毕明霞、毛宁锋、江佳俊、江迪、汤步富、汪云浩、汪晖、汪瑶、汪童童、沈娟、沈锡辉、沈鹤霄、洪睦铿、渠晖、游华、游敏、滕腾、潘利斌、潘宏召、火彤辉、熊仕茂、熊磊、熊雪、牛东泽、牛婷婷、王伟杰、王修评、王兴昶、王国财、王子恒、王子杰、王定杰、王家乐、王彦春、王成、王拥军、王明帮、王春莉、王晓杰、王杉、王梦玉、王淳、王炎、王琳淇、王瑞峰、王瑶、王诗翔、王进、王迪丰、王道源、王金朋、王钢、王雪雨、王静、王韞哲、田志喜、田忠帅、田飞、白德凤、白晴、白皓、白立景、瞿领航、祝何建、秦国强、秦晓燕、程全、程安然、童红宁、简旋、管权权、管清美、缪林轩、罗宵、罗寒燕、罗翔宇、罗豪、罗鹏、翟蕾蕾、肖仕、肖坚、肖杨、肖添源、肖维华、肖翔、胡欣、胡海明、胡海波、胡继春、胡鹏月、舒友、苏奇、苗润宇、荀佳妮、董宣、董滨华、董灵、蒋德伟、蒋荷、蔡斌、蔡晓英、袁媛、袁硕峰、许军、许姗姗、许尧、许茜、谢明勇、谢逸飞、谭甜甜、豆书杰、贝远远、贺建华、贾丁佳成、贾函月、赖锬阳、赵一、赵凯、赵圣国、赵婧瑄、赵岩岩、赵明娟、赵玉知、赵纪伟、赵芳、邓子新、邓磊、邓运、邢佰颖、邱月萍、邱田恬、邹登朗、邹秋璇、郑军平、郝梓凯、郭志光、郭志晨、郭祥、郭蕴源、鄢盛鹏、金双侠、金梅林、金颖、钟岭、钟玉杰、钟祥健、钟继新、钱紫星、闫丽盈、闫军、闫学妮、陈丽华、陈义华、陈会敏、陈佳雯、陈冠霖、陈刚、陈卫华、陈同、陈婷婷、陈家旭、陈怡、陈福和、陈筱燕、陈虎、陈谋通、陶亮、陶晓东、陶永富、霍子荷、靳红磊、韩文婕、韩维、韩诗祺、顾天天、马冠车、马杰、马闯、高一帆、高云云、高思、高昊、高月、高远、魏勇军、魏蜜、鲍强国、黄亮、黄晓、黄梓驰、黄雪婷、龚亦辉、龚兰奇等，约 500 余名参会的(青年)编委和科研同行。

会议日程总表

iMeta 大会 2025：打造高水平国际期刊			
2025 年 8 月 23-25 日 湖北武汉-湖北中医药大学(黄家湖校区)			
会场 1: 行政楼报告厅 / 会场 2: 药学楼 Y102 / 会场 3: 科技中心 S101			
日期	上午(9:00-12:00)	下午(13:30-17:30)	晚上(19:00-21:00)
8 月 22 日 (周五)		注册报到	注册报到
8 月 23 日 (周六)	1 医学-基础/肿瘤; 2 医学-菌群; 3 生物-微生物/生信	1 人才成长论坛; 2 中医药高峰论坛; 3 医学论坛	海报交流
8 月 24 日 (周日)	1 开幕式/特邀报告	1 人才进阶论坛; 2 微生物论坛; 3 植物前沿论坛	----
8 月 25 日 (周一)	1 生物技术专场; 2 生物医药论坛; 3 博士后论坛	1 科研培训; 2 研究生论坛	离会

iMeta 大会 2025 详细日程				
2025 年 8 月 23-25 日 湖北武汉-湖北中医药大学(黄家湖校区)				
会场 1: 行政楼报告厅 / 会场 2: 药学楼 Y102 / 会场 3: 科技中心 S101				
8 月 22 日 (周五) 下午 13:30-21:00 注册/签到				
8 月 23 日 (周六)				
8 月 23 日 (周六) 上午 8:45-12:15 医学-基础/肿瘤 (会场一)				
时间	姓名	单位	报告题目	主持人
8:45-9:00	徐骏宇	中国科学院上海药物研究所	基于蛋白质组学的微生物蛋白质翻译后修饰研究	曹国栋 安徽医科大学
9:00-9:15	李鑫	重庆大学附属三峡医院	通过单细胞 RNA 测序解析肿瘤微环境异质性及用药机制研究	
9:15-9:30	龚兰奇	香港大学	肿瘤免疫大数据模型揭示分泌蛋白在免疫治疗中的新作用	
9:30-9:45	姚鲁田	中国医科大学	高分辨率空间转录组图谱描绘年轻与老年小鼠股骨骨膜的细胞结构特征	程全 中南大学
9:45-10:00	张亨国	安徽医科大学	间充质干细胞表观调控与骨再生修复	
10:00-10:15	孙强	浙江大学	利用纳米孔测序和 CRISPR/Cas13 系统揭示结直肠癌中关键剪接事件的功能机制	
10:15-10:45	茶歇			
10:45-11:00	刘富荣	华中科技大学	极光激酶 B-胆固醇代谢轴：增敏胆管癌化学免疫治疗的新策略	张亨国 安徽医科大学

11:00-11:15	曹国栋	安徽医科大学	纳米塑料与微米塑料在结肠毒性中的分子机制差异：纳米塑料诱导铁死亡介导的免疫原性细胞死亡，而微米塑料引起细胞代谢重编程	
11:15-11:30	王成	陆军军医大学	昼间限时进食通过调节肠道菌群缓解电离辐射所致肠道毒性的作用与机制研究	
11:30-11:45	刘伯杨	南方医科大学	胶质母细胞瘤乳酸化修饰调控机制致 TMZ 耐药及化疗增敏策略	徐骏宇 中国科学院上海药物研究所
11:45-12:00	程全	中南大学	胶质瘤动物模型及应用研究进展	
12:00-12:15	戴晓峰	西安交通大学	低温常压等离子体（CAP）抗癌多组学数据融合与数据库搭建	
午餐（自助餐，新校区综合食堂一楼；11：30-13：00）				

8月23日(周六)上午 8:45-12:15 医学-菌群(会场二)				
时间	姓名	单位	报告题目	主持人
8:45-9:00	郝梓凯	北京理工大学	微生物-肠-脑轴器官芯片的构建及其应用研究	钟继新 福建医科大学
9:00-9:15	贾丁佳成	浙江大学	肠道微生态与肿瘤免疫治疗	
9:15-9:30	董滨华	福建医科大学	阴道微环境紊乱影响宫颈 HPV 感染致癌进程的机制研究	
9:30-9:45	钟继新	福建医科大学	炎症性肠病中的菌群-免疫平衡	洪睦铨 南方医科大学
9:45-10:00	滕腾	重庆医科大学	抑郁症 MGB 轴研究进展	
10:00-10:15	许军	香港浸会大学	天然多糖调节肠道菌群的构效关系研究	
10:15-10:45	茶歇			
10:45-11:00	王子杰	南京医科大学	洗涤粪菌移植减缓肾移植术后抗体介导排斥反应的作用及机制研究	李福勇 浙江大学
11:00-11:15	尹乃毅	中国科学院大学	生命早期微量元素与婴儿肠道菌群	
11:15-11:30	张金萍	上海交通大学	母乳源性益生菌对于重症新生儿黄疸改善作用的研究	
11:30-11:45	洪睦铨	南方医科大学	类风湿关节炎“肠-关节轴”机制及中医药防治	郝梓凯 北京理工大学
11:45-12:00	李福勇	浙江大学	通过非工业化饮食重塑消化道微生物菌群并改善心血管代谢健康	
12:00-12:15	查安东	中南大学	假小链双歧杆菌通过促进次级胆汁酸生物合成改善脂肪沉积	
午餐（自助餐，新校区综合食堂一楼；11：30-13：00）				

8月23日(周六) 上午 8:45-12:15 生物-微生物/生信(会场三)				
时间	姓名	单位	报告题目	主持人
8:45-9:00	赵圣国	中国农业科学院北京畜牧兽医研究所	利用磁性纳米颗粒分离功能微生物的新方法	郭祥 河南大学
9:00-9:15	苏奇	香港中文大学	Gemmiger formicilis 缓解失眠的机制及应用研究	
9:15-9:30	王诗翔	中南大学	mire: 基于宿主序列的微生物组重建与估计	
9:30-9:45	廖小平	中国科学院天津工业生物技术研究所	非天然途径设计及 AI 驱动的酶挖掘与改造	王金朋 华北理工大学
9:45-10:00	邓磊	中国农业科学院上海兽医研究所	CLA 通过激活 PPAR γ 重塑小肠 IELs, 诱导 IL-22 依赖性保护性免疫应答抵御沙门菌感染	
10:00-10:15	刘帅	中国农业大学	奶牛“母子”模型中胃肠道微生物与抗性组的时空特征及其在奶业生产系统中的环境传播	
10:15-10:45	茶歇			
10:45-11:00	罗宵	湖南大学	基于三代测序的菌株水平宏基因组重构方法	赵圣国 中国农业科学院
11:00-11:15	董宣	中国水产科学研究院黄海水产研究所	甲壳动物病毒组及反向病原学研究	
11:15-11:30	郭祥	河南大学	基于群体遗传和系统发生解码蚊媒病毒流行传播与进化规律	
11:30-11:45	王金朋	华北理工大学	豆科植物基因组学研究及资源共享平台构建	邓磊 中国农业科学院
11:45-12:00	江爱民	海军军医大学长海医院	基于免疫原性细胞死亡策略的透明细胞肾癌诊疗探索	
12:00-12:15	张强	华中农业大学	肠道菌群抗流感因子的定向筛选与作用机制研究	
午餐（自助餐，新校区综合食堂一楼；11：30-13：00）				

8月23日(周六)下午 13:30-17:20 人才成长论坛(会场一)				
时间	姓名	单位	报告题目	主持人
13:30-13:50	刘畅	山东大学	优青申请经验分享	刘永鑫 深圳基因组所
13:50-14:10	张金阳	中国科学院动物研究所	环形 RNA 精准解析与功能挖掘	
14:10-14:30	李文婷	河南农业大学	积累、传承、成长—从科学研究到分子育种	
14:30-14:50	张东	兰州大学	浅谈国自然青年科学基金项目申请	
14:50-15:10	陈谋通	广东省科学院微生物研究所	我国食源性单增李斯特菌风险识别研究	
15:10-15:30	李玲	四川大学华西医院	中医药复杂干预的系统循证	
15:30-16:00	茶歇			

16:00-16:20	李春	北京中医药大学	中医证候基础研究成长经历分享	陈同 中国中医科学院
16:20-16:40	栾鑫	上海中医药大学	中药功效成分靶标机制研究和创新应用	
16:40-17:00	靳红磊	广州中医药大学	现代生命科学与中药资源学交叉融合探索	
17:00-17:20	徐峰	山东第一医科大学	人工智能在生物医学研究中的应用	

8月23日(周六)下午13:30-17:40 医学论坛(会场二)				
时间	姓名	单位	报告题目	主持人
13:30-13:50	傅静远	荷兰格罗宁根大学	(线上)待定	罗鹏 珠江医院
13:50-14:10	梁文华	广州医科大学	(线上)肺癌早期防控新路径	
14:10-14:30	刘灿昭	南方医科大学	PDZ蛋白与血管重塑	
14:30-14:50	袁硕峰	香港大学	广谱抗病毒靶点	
14:50-15:10	刘尽尧	上海交通大学	活菌药物的精准递送	
15:10-15:40	茶歇			
15:40-16:00	徐明	北京大学	学科交叉助力医学创新研究	王子恒 澳门大学
16:00-16:20	何肖龙	南方医科大学	肠道微生物组关键功能酶挖掘与临床转化研究	
16:20-16:40	史凯斌	首都医科大学	多发性硬化症和卒中的神经退行性变	
16:40-17:00	刘姗姗	中南大学	肺纤维化治疗靶点及干预策略初探	冯素银 东海县人民医院
17:00-17:20	汪晖	武汉大学	母源菌群代谢物大豆苷元可有效防治胎源性骨质疏松症发生	
17:20-17:40	张翔	香港中文大学	代谢相关脂肪性肝病研究进展	

8月23日(周六)下午14:30-17:15 中医药高峰论坛(会场三)				
时间	姓名	单位	报告题目	主持人
14:30-14:55	陈家旭	北京中医药大学	基于逍遥散方证科学内涵探讨中医病-证-方研究范式	陈刚 湖北中医药大学
14:55-15:20	商洪才	北京中医药大学东方医院	数智赋能中医药循证研究	
15:20-15:45	曹鹏	南京中医药大学	重走“神农尝百草”之路-中药鲜药独特活性物质的发现与应用	
15:45-16:15	茶歇			
16:15-16:45	王拥军	上海中医药大学	“肾精”理论指导“骨—髓—脑系统慢性病”防治规律研究	张麟 湖北中医药大学
16:45-17:15	高月	军事医学科学院	新技术推动中药毒理学科创新发展	

8月24日(周日)				
iMeta 大会 2025 详细日程				
2025 年 8 月 23-24 日 湖北武汉-湖北中医药大学(黄家湖校区)				
会场 1: 行政楼报告厅 / 会场 2: 药学楼 Y102 / 会场 3: 科技中心 S101				
8月24日(周日) 上午 9:00-12:00 开幕式/特邀报告 (会场一)				
时间	姓名		单位	报告题目
9:00-9:20	开幕式		宣传片、主持人、特邀嘉宾致辞	刘永鑫 深圳基因组所/大鹏湾实验室
	陈刚 校长	湖北中医药大学		
	刘永鑫	中国农科院深圳基因组所		
9:20-9:25	大会合影			
9:25-9:50	邓子新 院士	武汉大学	大健康产业与合成生物学	陈刚 湖北中医药大学
9:50-10:15	谢明勇 院士	南昌大学	植物基乳酸菌发酵食品的健康功效	
10:15-10:40	李培武 院士	中国农科院油料所	大豆油料提质固氮 ARC 生物耦合绿色增产新途径	
10:40-11:10	茶歇			
11:10-11:20	刘双江 主编	山东大学	克里斯藤森菌(科)---物种及其与宿主互作的多样性	陈同 中国中医科学院
11:20-11:40	朱依淳 院士	澳门科技大学	创新药的研发和转录组学的赋能	
11:40-11:50	徐炜 总监	承葛医药集团	微生态医疗产业新生态	
11:50-12:00	陶晓东 联席主任	中国科大-讯飞医疗 数字与健康联合实验室	数据，证据，共识，实践—人工智能时代的临床科研	
午餐（自助餐，新校区综合食堂一楼；11：30-13：00）				

8月24日(周日)午餐编委会——讨论和颁发聘书(会场二)				
时间	姓名	单位	报告题目	时间
12:00-13:30	刘永鑫	深圳基因组所	iMeta 系列期刊进展报告和未来规划	刘双江 山东大学
	主编颁奖		颁发执行副主编、青年编委聘书	
	编委发言讨论			
	主编总结发言			

8月24日(周日) 下午 13:30-17:00 人才进阶 (会场一)				
时间	姓名	单位	报告题目	时间
13:30-13:50	游华	重庆医科大学	儿童白血病精准治疗体系构建	

13:50-14:10	周哲敏	苏州大学	计算病原基因组学	闫丽盈 北医三院
14:10-14:30	代绍兴	昆明理工大学	组学和人工智能驱动的药物发现	
14:30-14:50	苏奇	香港中文大学	益生菌缓解失眠障碍的机制及转化研究	
14:50-15:10	李壮	南方医科大学	炎症疾病的菌源标志物	
15:10-15:40	茶歇			
15:40-16:00	姜昆	山东大学	细菌毒素介导菌群与环境互作	袁媛 中国中医科学院
16:00-16:20	李锋	天津大学	电能微生物细胞工厂的设计构建及应用	
16:20-16:40	陈同	中国中医科学院中药资源中心	中药大数据资源的开发和应用	
16:40-17:00	文涛	南京农业大学	根际化学信号与作物土传病害适应性微生物群体定向调控	

8月24日(周天) 下午 13:30-17:40 微生物论坛 (会场二)				
时间	姓名	单位	报告题目	时间
13:30-13:50	王琳淇	中国科学院微生物研究所	宿主驱动型真菌耐药	陶亮 西湖大学
13:50-14:10	沈锡辉	西北农林科技大学	细菌跨界识别真菌的机制	
14:10-14:30	刘翠华	中国科学院微生物研究所	结核分枝杆菌与宿主免疫系统间的互作机制	
14:30-14:50	何正国	武汉大学	分枝杆菌噬菌体：基础研究与临床潜力	刘永鑫 基因组所
14:50-15:10	唐鸿志	上海交通大学	环境修复遇见合成生物学	
15:10-15:40	茶歇			
15:40-16:00	陈义华	中国科学院微生物研究所	口腔变形链球菌中的生物活性分子研究	唐鸿志 上海交大
16:00-16:20	张大伟	中国科学院天津工业生物技术研究所	(DBTL 与 LDBA) 维生素的生物合成与智造	
16:20-16:40	陈福和	香港大学	长新冠：从动物模型获得的新见解	
16:40-17:00	张艳聪	中国农业科学院农业基因组研究所	微生物组基因“暗物质”功能预测	刘畅 山东大学
17:00-17:20	陈卫华	华中科技大学	系统共培养揭示人肠道细菌的互作图谱	
17:20-17:40	王定杰	武汉大学	三代测序技术助力基因异构体的精准定量	

8月24日(周六)下午 13:30-17:20 植物前沿论坛 (会场三)				
时间	姓名	单位	报告题目	时间
13:30-13:50	刘宏涛	深圳大学	蓝光受体在黑暗和蓝光下的不同功能	金双侠 华中农大
13:50-14:10	王晓杰	西北农林科技大学	基于作物与病原菌互作改良品种抗病性	
14:10-14:30	张飞	华中农业大学	柑橘枝刺模式研究系统	
14:30-14:50	吴俊	南京农业大学	梨基因组与品质性状遗传基础研究	文涛 南京农大
14:50-15:10	刘志勇	中国科学院遗传与发育生物学研究所	小麦抗病基因发掘与品种精准设计	
15:10-15:40	茶歇			
15:40-16:00	管清美	西北农林科技大学	苹果抗逆基因挖掘与利用	陶永富 基因组所
16:00-16:20	童红宁	中国农业科学院作物科学研究所	微管蛋白相变介导的水稻 BR 信号新机制	
16:20-16:40	林浩	中国农业科学院生物技术研究所	苜蓿基因资源挖掘与遗传改良	
16:40-17:00	宋伟彬	中国农业大学	玉米产量性状遗传学基础	林秋鹏
17:00-17:20	肖仕	中山大学	植物低氧感知与信号转导的分子机理	华南农大

8月25日(周一)				
iMeta 大会 2025 详细日程				
2025 年 8 月 23-24 日 湖北武汉-湖北中医药大学(黄家湖校区)				
会场 1: 行政楼报告厅 / 会场 2: 药学楼 Y102 / 会场 3: 科技中心 S101				
8月25日(周一) 上午 9:00-12:00 技术培训 (会场一)				
时间	姓名	单位	报告题目	时间
9:00-9:30	沈娟	华大生命科学研究院	单细胞时空组学解析无菌小鼠微生物-宿主互作的广谱性和异质性	白德凤 基因组所
9:30-10:00	陈虎	武汉贝纳基因	纳米孔测序在基因组与转录调控研究中的应用：进展、方法与挑战	
10:00-10:30	茶歇			
10:30-11:00	梁齐齐	北京百奥华兴	人工智能在基因组育种中的研究与应用	朱志豪 广东医科大学
11:00-11:30	张丽珊	厦门承葛生物科技有限公司	活菌药物循证研究的精准纪元：面向溃疡性结肠炎的功能解码与药物研发	
11:30-12:00	白德凤	中国农业农科院农业基因组研究所	EasyMetagenome: 友好且灵活的宏基因组分析流程	
午餐（自助餐，新校区综合食堂一楼；11：30-13：00）				

8月25日(周一) 上午 9:00-12:15 生物医药 (会场二)				
时间	姓名	单位	报告题目	时间
8:45-9:00	王进	东南大学	母乳益生菌改善食物过敏的研究前沿与进展	胡海明 湖北中医药大学
9:00-9:15	王春莉	湖北中医药大学	普拉梭菌源丁酸介导 GAPDH 乳酸化与丁酰化动态平衡调控主动脉瓣膜钙化的机制研究	
9:15-9:30	党延启	上海中医药大学	DNA 羟甲基化时钟的失灵：TET3-5hmC 轴驱动衰老进展的机制	
9:30-9:45	孟佳林	安徽医科大学	从分子分型到空间免疫屏障：透明细胞肾细胞癌免疫逃逸机制的多组学解析	倪艳 浙江大学
9:45-10:00	孙青竹	西北农林科技大学	肺部微生物：家禽免疫营养的新视角	
10:00-10:15	刘志鹏	上海百趣代谢组学技术研究中心	西藏旅居如何通过影响肠道多界微生态及血清代谢物调控血糖稳态和尿酸稳态	
10:15-10:45	茶歇			
10:45-11:00	倪艳	浙江大学	宏基因组学和代谢组学联合研究揭示调控儿童 MASLD 碳水化合物代谢的核心菌群	刘志鹏 上海百趣代谢组学技术研究中心
11:00-11:15	魏勇军	郑州大学	中草药活性成分的转化、合成与应用	

11:15-11:30	李雪萌	广东医科大学	多组学揭示揭示了色氨酸代谢促进粤西百岁老人健康长寿	王春莉 湖北中医药大学
11:30-11:45	卢昕	中国疾病预防控制中心传染病预防控制所	健康人群携带耐药病原菌及隐匿传播	
11:45-12:00	何航元	武汉大学	母体肠道菌群来源-3-IAA 调控 H 型血管生成介导孕期地塞米松暴露所致的子代长骨发育不良	
12:00-12:15	刘晓	清华大学深圳国际研究生院	皮肤微生物组与皮肤衰老	
午餐（自助餐，新校区综合食堂一楼；11：30-13：00）				

8 月 25 日(周一) 上午 9:00-12:00 博后论坛 (会场三)				
时间	姓名	单位	报告题目	时间
9:00-9:15	刘端瑞	香港大学/山东省立医院	STAT1 乳酸化修饰在幽门螺杆菌感染相关胃癌进展中的机制研究	周远平 广东医科大学
9:15-9:30	李芯蕊	青岛科技大学	乳酸代谢介导的大肠杆菌 Nissle 1917 抗肿瘤作用机制及工程化改造研究	
9:30-9:45	刘妍	湘湖实验室	合成芽孢杆菌菌群中的细菌社会互作促进植物生长	
9:45-10:00	许姗姗	安徽省农业科学院	兼香型白酒发酵中微生物来源与特征代谢物形成机制	
10:00-10:15	高云云	北京林业大学	全球野生动物微生物组数据库构建	
10:15-10:45	茶歇			
10:45-11:00	朱志豪	广东医科大学	百岁老人肠道菌株资源库的构建及抗衰老功能菌株挖掘	周扬 中国农业科学院油料所
11:00-11:15	张玉军	华中农业大学	以斑马鱼为模型探究肠道微生物调节病毒温度敏感性的机制研究	
11:15-11:30	秦国强	天津医科大学	4-羟基菲通过肠道菌群-胆汁酸轴诱导肥胖的机制研究	
11:30-11:45	张天缘	深圳基因组所/贝纳基因	长读长宏基因组的分析工具、资源介绍与最新实测	
11:45-12:00	张恒	山东医药大学	健脾轻身汤治疗儿童单纯性肥胖的临床和机制研究	
午餐（自助餐，新校区综合食堂一楼；11：30-13：00）				

8 月 25 日(周一) 下午 13:30-14:50 科研培训 (会场一)				
时间	姓名	单位	报告题目	时间
13:30-14:00	贝远远	PaperArtist	高水平 SCI 期刊论文插图规范化制作	王瑶 基因组所
14:00-14:30	陈同	中国中医科学院中药资源中心	ImageGP 绘制论文高颜值图表	

14:30-14:50	宋丹	中国科学院大学	Cell Proliferation 期刊-共同构建高水平国际期刊	
14:50-15:10	茶歇			

8月25日(周一) 下午 15:10-16:20 研究生论坛 (会场一)				
时间	姓名	单位	报告题目	时间
15:10-15:20	王韞哲	复旦大学	多组学整合分析揭示胃癌的微生物分型及其中的代谢-免疫互作	曾美尹 中国农业科学院
15:20-15:30	荀佳妮	中国农业科学院深圳基因组所	MicrobiomeStatPlots: 一个用于微生物组宏组学和生物信息学的统计绘图库	
15:30-15:40	李润泽	华中农业大学	噬菌体抗菌物质的寻宝之旅	
15:40-15:50	刘义	宁波大学	微生物群落驱动栽培海藻坛紫菜品种间性状分化	
15:50-16:00	曾筱雅	中山大学	结直肠癌微卫星不稳定状态与基因变异对肿瘤微生物群的联合作用	
16:00-16:20	博后/研究生/海报颁奖、闭幕式			

8月25日(周一) 下午 13:30-15:40 研究生论坛 (会场二)				
时间	姓名	单位	报告题目	时间
13:30-13:40	杨兴珍	广西大学	HLF 和 PPAR α 轴通过源自肠道微生物来源的细胞外囊泡调节代谢相关脂肪性肝病	罗豪 中国农业科学院
13:40-13:50	张玉丽	华中科技大学	一种数字孪生框架实现个体化精度的微生物群落动态预测	
13:50-14:00	熊仕茂	中国科学院大学	产前微量元素暴露对婴儿出生后第一年肠道微生物组、代谢组和抗生素抗性基因的影响	
14:00-14:10	李敏	华中科技大学	Faecalibacterium prausnitzii 通过产生丁酸抑制 JAK STAT 途径抑制自然杀伤 T 细胞淋巴瘤	
14:10-14:20	张振宇	江南大学	滑膜成纤维细胞衍生的细胞外囊泡中的 miRNA15-29148 促进类风湿关节炎的关节软骨细胞凋亡	杨海飞 青岛农业大学
14:20-14:30	肖杨	广西大学	针对 FTO 的蛋白质降解靶向嵌合体 (PROTAC) 可有效缓解肥胖及相关代谢疾病	
14:30-14:40	钟岭	苏州大学	十万年来口腔微生物群的演化景观	
14:40-14:50	王家乐	广西大学	蒙花苷通过抑制 PDE4D 和激活 cAMP/PKA/CREB 通路来缓解高脂饮食引起的肝脏脂肪变性	

14:50-15:00	翟蕾蕾	新疆医科大学	多组学揭示红肉饮食介导铁死亡对肠道菌群代谢及结肠炎进展的机制研究	徐锦波 内蒙古农业大学
15:00-15:10	李军令	湖北中医药大学	基于“肠-肠道微生物-脑”轴探讨电针调控线粒体自噬改善帕金森病的机制研究	
15:10-15:20	黄亮	浙江大学	Romboutsia ilealis 代谢物 2-Oxoindole-3-acetate 通过 PSMD3 介导的 YTHDF2 降解调控肥胖和脂质代谢	
15:20-15:30	倪雅文	北京协和医学院	人类口腔-呼吸道病毒组目录与老年人呼吸健康	
15:30-15:40	返回会场 1，参加博后/研究生/海报颁奖、闭幕式			

报告内容简介

医学-基础/肿瘤

会场 1:行政楼报告厅 8 月 23 日 (周六) 上午 8:45-12:15

主持人: 曹国栋、程全、张亨国、徐骏宇



主持人
曹国栋
安徽医科大学

曹国栋, 博士、主任医师, 硕士生导师, 安徽医科大学第一附属医院胃肠外科副教授。主持国家自然科学基金及省级课题共 5 项, 累计经费约 100 万元。研究方向为纳米材料肿瘤治疗、纳米免疫治疗及微塑料毒理学。以第一或通讯作者发表 SCI 论文 46 篇, 代表作发表于 Journal of Nanobiotechnology、iMeta、Frontiers in Chemistry 等, 论文总引用超 1600 次, H 指数 17。现任 iMeta、Frontiers in Chemistry、IJAWHS 及 Journal of Nanobiotechnology 编委。

8:45-9:00

报告题目: 基于蛋白质组学的微生物蛋白质翻译后修饰研究



徐骏宇 (中国科学院上海药物研究所)

徐骏宇, 中国科学院上海药物研究所研究员, 课题组长, 获得国家自然科学基金优秀青年项目, 中国科协青年托举工程资助。迄今为止, 共在 Cell、Nat Cancer、Sci Transl Med、Cell Metab、Cell Chem Biol 等期刊上发表第一和通讯作者文章合计 30 余篇。近五年代表性工作包括, 阐明了肺腺癌、前列腺癌和急性髓系白血病的蛋白及翻译后修饰分子图谱全景, 为三种恶性肿瘤的精准医疗提供了重要数据资源 (Cell, 2020; Nat Cancer, 2024; Sci Bull, 2024); 揭示了蛋白激酶 DRAK2 介导的线粒体蛋白失调, 是非酒精性肝脂肪病 (Cell Metab, 2021) 和糖尿病 (Sci Transl Med, 2024) 的病理新机制; 解析了多种赖氨酸修饰在多种微生物普适性, 动态性和多样性, 以及赖氨酸修饰特异性调控的生物学效应和干预策略 (iMetaOmics, 2025; ACS omeg, 2025; J Proteomics, 2024; Proteomics, 2024; Cell Chem Biol, 2018)。

报告简介: 以基于多维度组学整合的研究策略, 以微生物-宿主为研究模型, 围绕蛋白质翻译后修饰底物和功能解析开展研究工作, 揭示新修饰的分子调控机制, 探究潜在干预策略, 鉴定及发现潜在生物标志物及药物靶标。建立了针对不同类型原核生物的翻译后修饰解析系统, 揭示了包括丙酰化、丁酰化、琥珀酰化和丙二酰化在内的多种蛋白质翻译后修饰类型在芽孢杆菌, 分枝杆菌, 以及耐氧梭菌等不同微生物种属中底物和生物学功能的保守性, 以及各自独特的生物学效应 (J Proteomics, 2025, 2024; Proteomics, 2024; Mol Cell Proteomics, 2018)。揭示了分枝杆菌分泌型激酶 PknG, 去磷酸酶 PtpB 和 Pstp 在宿主中的底物谱, 调控轴, 以及生物学效应 (iMetaOmics, 2025; Mol Cell Proteomics, 2025, Revision; ACS Infect Dis, 2025, Revision)。

9:00-9:15

报告题目：通过单细胞 RNA 测序解析肿瘤微环境异质性及用药机制研究



李鑫（重庆大学附属三峡医院）

李鑫，副研究员，硕士研究生导师。主要从事以重大疾病为核心的生物信息学研究。先后入选中国博士后创新人才支持计划（国家“博新计划”）等。以第一作者或通讯作者（含共同）发表 SCI 论文 17 篇，其中包括 Nature (IF: 50.5) 1 篇，Nucleic Acids Research (IF: 16.7) 4 篇等。主持国家自然科学基金青年科学基金项目、中国博士后科学基金面上项目等 9 项支持。

报告简介：单细胞测序技术作为解析组织异质性与细胞间互作的关键工具，正在肿瘤研究中发挥日益重要的作用。本研究通过单细胞水平的大规模泛癌分析，首次系统性构建了迄今规模最大的脉管系统全息细胞图谱，全面解析了肿瘤微环境中血管内皮细胞、淋巴管内皮细胞及血管周细胞的共性、特性与功能分群，明确了肿瘤诱导血管生成各阶段的细胞构成及功能特征。进一步研究发现，APLN⁺ TipSI 细胞可作为抗血管生成治疗反应性的潜在标志物 (Nature, 2024)。在皮肤肿瘤演化方向，团队构建了从正常皮肤、良性痣到恶性黑色素瘤的微环境动态演变图谱，揭示了 MDK、IRF1、HLA-E 等关键因子在恶性进展中的调控作用与标记功能 (Clinical Cancer Research, 2025, 封面文章)，并据此开发了基于 bulk RNA-seq 的智能预测系统，实现了肿瘤临床预后的精准评估（国家发明专利申请号：202410734657.4）。此外，我们还阐明了 MDK 在皮肤鳞状细胞癌发生与复发过程中的微环境重塑机制 (Theranostics, 2022, 封面文章)，并确定其为基底细胞癌浸润深度的独立预测因子 (Journal of Investigative Dermatology, 2023)。针对“冷肿瘤”免疫激活困难的问题，本研究首次发现 BET 抑制剂 NHWD-870 联合卡介苗 (BCG) 可通过靶向 BRD4-MT1 轴实现表观遗传重编程与免疫协同激活，有效抑制皮肤黑色素瘤，为“冷肿瘤”微环境重塑提供了新型治疗策略 (Cell Reports Medicine, 2025, 封面文章)。

9:15-9:30

报告题目：肿瘤免疫大数据模型揭示分泌蛋白在免疫治疗中的新作用



龚兰奇（香港大学）

主要研究方向为利用多中心、多组学测序数据与生物信息学、人工智能等分析方法，结合转基因和人源化小鼠模型、肿瘤类器官与异种移植模型，揭示肿瘤微生态系统中免疫和神经细胞的分子特征及其与肿瘤细胞互作的分子机制，并开发免疫治疗的新靶点。

报告简介：分泌蛋白是细胞间通讯的核心介质，并可在多种疾病中作为治疗靶点或生物标志物。然而，约 1903 个编码分泌蛋白的人类基因难以通过常规的基因组学方法进行高通量地研究。为克服这一障碍并加速肿瘤治疗靶点的发现，我们构建了 Cancer Immunology Data Engine (CIDE) 模型，整合了来自 90 项免疫治疗临床试验的组学数据，共计来自 17 种实体瘤的 8575 例肿瘤样本。CIDE 能系统性地鉴定与免疫治疗效果相关的基因。本研究聚焦于 CIDE 筛选出的、尚未报道与肿瘤相关的分泌蛋白，并在小鼠模型中验证了 AOA^H、CR1L、COLQ 与 ADAMTS7 对免疫检查点抑制剂的调控作用。我们进一步对其中 CIDE 排名最高且作用最明显的基因 AOA^H 进行更深入的探究，揭示了 AOA^H 可通过去除抑制 T 细胞功能的花生四烯酰磷脂酰胆碱，增强 T 细胞受体对低质量抗原的敏感性，从而在多种肿瘤模型中显著提升免疫治疗效果，揭示了 AOA^H 此前未知的作用机制。



主持人
程全
中南大学

9:30-9:45

报告题目：高分辨率空间转录组图谱描绘年轻与老年小鼠股骨骨膜的细胞结构特征

.....

姚鲁田（中国医科大学）



姚鲁田，副教授、副主任医师、副研究员，就职于中国医科大学附属第一医院骨科。主要研究方向为骨折修复与骨髓微环境调控、骨膜及骨髓干细胞的功能机制、单细胞空间转录组在骨组织损伤修复中的应用。主持国家自然科学基金、国家重点研发计划等多项课题。以第一或通讯作者在《Science Translational Medicine》《eLife》等期刊发表论文 15 篇，累计发表 SCI 论文 60 余篇。H 指数为 29，总引用次数超过 2800 次。曾获 ASBMR、ORS 等国际学术奖。

报告简介：本研究基于 10x Genomics Visium HD 高分辨率空间转录组技术，系统描绘了年轻（3 月龄）与老年（20 月龄）小鼠股骨骨膜的细胞组成与空间结构，分辨率达 2μm。通过分析近 100 万个空间点位，识别出 10 种细胞亚群，包括成骨细胞、间充质祖细胞、免疫细胞等。结果显示，骨膜结构具有明显的层次功能分化，衰老显著削弱成骨细胞与祖细胞比例，增强炎症状态与基质降解信号。研究揭示了骨膜随年龄变化的微环境重塑，为探索骨老化机制及靶向骨膜干预提供了空间分辨视角和理论基础。

9:45-10:00

报告题目：间充质干细胞表观调控与骨再生修复

.....



张亨国（安徽医科大学）

张亨国，副教授，主治医师，四川大学口腔疾病防治全国重点实验室访问学者。研究方向：干细胞表观遗传与口腔微生物与全身健康。近三年以第一/末位通讯作者在 iMeta、Bone Research 等中科院一区/Top 期刊发表 6 篇论文，主持国家自然科学基金。获 iMeta 期刊杰出执行副主编、安徽医科大学复元科技新星、中华口腔医学会青年科学家报告会三等奖、南京医科大学优秀博士学位论文。h 指数 14。

报告简介：课题组既往研究发现间充质干细胞（BMSCs）表观标志分子 NEAT1 调控线粒体功能和多潜能稳态调控 BMSCs 谱系命运，进一步发现成纤维细胞生长因子家族成员 FGF2 结合 NEAT1 调控 BMSCs 增殖与细胞周期。本研究发现 FGF2 在细胞中的定位与通过液-液相分离（LLPS）机制对核糖体 DNA 的表观调控显著相关。此外，我们使用 Hi-C 和 HiCuT（Hi-C 联合 Cuttag）分析了来自年轻和年老健康供体的 BMSCs 样本。特定的 A/B 区域、拓扑关联域和染色质环被识别出来，以定义 FGF2 参与 rDNA 转录的基因组相互作用区域。在相同样本中，针对 CTCF、H3K27ac、Med1、Dnase 的 CUT&Tag 也揭示了其靶基因中广泛的、重复的 FGF2 特定启动子-增强子环。最后，我们验证了 FGF2 及其相关序列在促进 13 号、14 号、15 号、21 号和 23 号染色体相互作用方面的作用，这些相互作用区域位于这些染色体的近端着丝粒处。总体而言，这项研究为与年龄相关的骨再生研究提供了资源，并突显了 FGF2 及其劫持的顺式元件在骨髓间充质干细胞谱系分化中的作用。

医学-基础/肿瘤

会场 1:行政楼报告厅 8 月 23 日 (周六) 上午 8:45-12:15

10:00-10:15

报告题目：利用纳米孔测序和 CRISPR/Cas13 系统揭示结直肠癌中关键剪接事件的功能机制



孙强（浙江大学）

孙强，博士毕业于浙江大学，现任浙江大学“一带一路”国际医学院副研究员，主要从事肿瘤泛基因组学及肿瘤中复杂可变剪接事件的研究。围绕肿瘤发生发展的关键分子机制开展了系统研究，取得了多项成果，包括利用纳米孔测序技术系统解析结直肠癌中的可变剪接变化，阐明 KLF9、MAPK4 等基因在胃癌远处转移过程中的功能及其分子机制。以第一作者或通讯作者在 Cell Systems, Genome Medicine, Analytical Chemistry, Clinical and Translational Medicine, Journal of Molecular Cell Biology, Experimental & Molecular Medicine 等期刊发表论文 20 余篇，总引用超 900 次，H-index 为 15。

报告简介：选择性剪接是真核生物转录后调控的重要机制。为系统解析结直肠癌中的剪接变异及其功能，我们结合纳米孔长读长与短读长测序技术，对癌组织与正常组织进行转录组分析，识别出 9 万余个转录本，其中超过 60% 为未注释的新转录本，具有样本特异性强、外显子数量多、表达水平低等特征。共发现 1472 个与患者预后相关的差异性剪接事件，筛选出显著下调且具抑瘤作用的新剪接变体 TIMP1 $\Delta 4-5$ ，其表达受剪接因子 SRSF1 调控。我们构建了可诱导该变体表达的剪接调控系统，有效抑制肿瘤生长。同时，基于 RfxCas13d 平台开发了靶向外显子跳跃事件的转录本特异性沉默系统，鉴定出多个对肿瘤促进具有关键作用的功能性剪接变体。本研究揭示了结直肠癌中选择性剪接的调控网络及其治疗潜力。

10:15-10:45

茶歇

医学-基础/肿瘤

会场 1:行政楼报告厅 8 月 23 日 (周六) 上午 8:45-12:15



主持人

张亨国

安徽医科大学

张亨国，口腔医学博士，副教授，主治医师，硕士研究生导师，四川大学口腔疾病防治全国重点实验室访问学者。研究方向：1) 干细胞表观遗传；2) 口腔微生物与全身健康。近三年以第一/末位通讯作者在 iMeta、Bone Research、Cell Death & Differentiation、International Journal of Oral Science 等中科院一区/Top 期刊发表 6 篇论文，主持国家自然科学基金。获 iMeta 期刊杰出执行副主编、安徽医科大学复元科技新星、中华口腔医学会青年科学家报告会三等奖、南京医科大学优秀博士学位论文。h 指数 14。

10:45-11:00

报告题目：极光激酶 B-胆固醇代谢轴：增敏胆管癌化学免疫治疗的新策略



刘富荣（华中科技大学）

刘富荣，武汉同济医院肝脏外科主治医师，研究方向是肝胆恶性肿瘤的发生进展机制，开发潜在的靶向和免疫治疗新策略，主持国家自然科学基金一项，以主要参与者参与科技部重大专项、国自然面上项目 4 项，以第一作者或者通讯作者（含共同）在 Gut、Nature Communications、Hepatology、Oncogene、Clinical Gastroenterology and Hepatology、Advanced science、Clinical and Molecular Hepatology、Small 等期刊发表论文 21 篇，被引用 1500 余次，H 指数 15，iMeta、Med research 青年编委，为 Advanced science、Clinical and Translational Medicine、iMeta 等期刊审稿 20 余次，曾获得热心肠学院奖学金临床医学奖。

报告简介：Cholangiocarcinoma (CCA) is a highly lethal malignant tumor with very limited targeted therapy options. Here, we identified Aurora kinase B (AURKB) as a highly expressed and targetable kinase in CCA through sgRNA library screening. Knockout of AURKB significantly inhibits CCA progression, reduces CD8⁺ T cell exhaustion, and enhances T cell antitumor response. Mechanistically, AURKB promotes the generation of histone H3 lysine 9 tri-methylation/serine 10 phosphorylation (H3K9me3S10ph), a “methyl/phos” switch that facilitates the dissociation of heterochromatin protein 1 (HP1) complexes from histone H3 lysine 9 tri-methylation (H3K9me3), leading to a decrease in the enrichment of H3K9me3 at the neutral cholesterol ester hydrolase 1 (NCEH1) promoter region, thereby increasing NCEH1 expression and cholesterol levels in tumors. High expression of AURKB in clinical samples predict poorer outcomes for CCA patients undergoing neoadjuvant chemo-immunotherapy, and are associated with cholesterol accumulation within tumors. Consistently, AURKB inhibitor or simvastatin, clinically used for cholesterol-lowering treatment, can suppress CCA progression and significantly enhance sensitivity to chemo-immunotherapy. Together, our results identify the critical mechanism by which AURKB regulates cholesterol levels and immune microenvironment in tumors, highlighting that targeting AURKB or adopting cholesterol-reducing strategy holds promise for CCA treatment, especially in conjunction with first-line chemo-immunotherapy.

医学-基础/肿瘤

会场 1:行政楼报告厅 8 月 23 日 (周六) 上午 8:45-12:15

11:00-11:15

报告题目：纳米塑料与微米塑料在结肠毒性中的分子机制差异：纳米塑料诱导铁死亡介导的免疫原性细胞死亡，而微米塑料引起细胞代谢重编程



曹国栋（安徽医科大学）

曹国栋，博士、主任医师，硕士生导师，安徽医科大学第一附属医院胃肠外科副教授。主持国家自然科学基金及省级课题共 5 项，累计经费约 100 万元。研究方向为纳米材料肿瘤治疗、纳米免疫治疗及微塑料毒理学。以第一或通讯作者发表 SCI 论文 46 篇，代表作发表于 Journal of Nanobiotechnology、iMeta、Frontiers in Chemistry 等，论文总引用超 1600 次，H 指数 17。现任 iMeta、Frontiers in Chemistry、IJAWHS 及 Journal of Nanobiotechnology 编委。

报告简介：本研究成果已发表在《Journal of Nanobiotechnology》。研究探讨了聚苯乙烯微塑料（PS-MPs）在肠上皮损伤中的粒径依赖性机制。结果显示，100 nm 纳米塑料通过内吞进入细胞，引发氧化应激和铁死亡，并通过 Fosl1 上调 p53、抑制 Slc7a11 介导该过程；而 10 μ m 微塑料主要通过机械干扰激活 YAP 通路，导致细胞骨架重塑和糖酵解增强，引发代谢重编程和炎症。Ferrostatin-1 处理或 Fosl1 敲低可缓解铁死亡。研究揭示微塑料尺寸决定其毒性机制，为干预肠道损伤提供新靶点。

11:15-11:30

报告题目：昼间限时进食通过调节肠道菌群缓解电离辐射所致肠道毒性的作用与机制研究



王成（陆军军医大学）

王成，从事放射性肠损伤发病机制与防治技术研究，主持国家自然科学基金（青年/面上）、全国重点实验室优秀青年基金等项目，以第一作者和通讯作者（含共同）在 Gastroenterology、Gut Microbes、ACS Nano 等期刊发表 SCI 论文 23 篇（ESI 高被引论文 2 篇，封面文章 2 篇），H 指数 19，研究成果被世界学术组织“Faculty Opinions (F1000)”收录。获授权国家发明专利 4 项。入选中国人民解放军陆军科技英才、重庆英才·青年拔尖人才。担任中华医学会放射医学与防护学会青年学组副组长。

报告简介：随着核技术应用增加，放射性肠损伤（>10 Gy）成为致命但无有效治疗的临床难题。本研究探讨限时进食（TRF）的防护作用，发现昼间 TRF（DTRF）可显著提高辐照小鼠存活率，而夜间 TRF 无效。机制上，DTRF 重塑肠道菌群，富集假长双歧杆菌并提升代谢物肌酸水平。肌酸通过激活 AMPK 通路，抑制肠上皮细胞铁死亡，从而减轻辐射损伤。粪菌移植证实菌群改变是关键，而阻断肌酸转运则削弱 DTRF 保护效果。结论：DTRF 通过菌群-肌酸-AMPK 轴抑制铁死亡，为放射性肠损伤提供了非药物干预新策略。

医学-基础/肿瘤

会场 1:行政楼报告厅 8 月 23 日 (周六) 上午 8:45-12:15



主持人
徐骏宇

中国科学院上海药物研究所

徐骏宇，中国科学院上海药物研究所研究员，课题组长，获得国家自然科学基金优秀青年项目，中国科协青年托举工程资助。迄今为止，共在 Cell、Nat Cancer、Sci Transl Med 等期刊上发表第一和通讯作者文章合计 30 余篇。

11:30-11:45

报告题目：胶质母细胞瘤乳酸化修饰调控机制致 TMZ 耐药及化疗增敏策略



刘伯杨（南方医科大学）

刘伯杨，副研究员，医学博士，博士后，中国神经科学学会神经肿瘤分会委员、中国医师协会脑胶质瘤专业委员会基础研究与转化学组组长、广东省精准医学应用学会神经肿瘤分会委员、广东省医学会神经肿瘤青年委员会委员 从事神经肿瘤与阿尔茨海默症（AD）等重大脑疾病的基础与临床转化应用研究，重点关注胶质母细胞瘤化疗耐药、侵袭与复发等分子机制及新型纳米药物靶向递送策略等方面研究；聚焦阿尔茨海默症早期病症，筛选早期预警生物标志物并构建 AD 早诊、干预及晚期智能化照护体系。主持国家自然科学基金青年项目 1 项，参与国家自然科学基金面上、省自然科学基金重大、科技计划重点项目共 7 项，近三年以第一作者/通讯作者在 Drug Resistance Updates、Aggregate、Advanced Science、Chemical Engineering Journal、Small、Molecular Therapy - Nucleic Acids、Cell Death Disease 等国际学术期刊发表 SCI 论文 10 余篇；获 2021 年度广东省医学科技奖二等奖 1 项；获 2019 年中国医师协会脑胶质瘤委员会优秀论文三等奖。

报告简介：ALKBH5 通过激活有氧糖酵解途径，增加细胞内乳酸水平，并增强 TDP1 K53 的乳酸化修饰。乳酸化的 TDP1 与 ALKBH5 形成核斑点，提高了 TDP1 在细胞核内的滞留时间和 DNA 修复能力。此外，去泛素化酶 USP36 通过去除泛素化修饰稳定 ALKBH5 核斑点结构，保护其免受蛋白酶体降解。这种机制最终导致 GBM 细胞对 TMZ 产生化疗耐药性。然而，这种耐药性可以通过 ALKBH5 抑制剂或糖酵解抑制剂 2DG 逆转，从而增强 TMZ 的敏感性。本研究揭示了 ALKBH5 在 GBM TMZ 耐药中的关键作用机制，为开发新的治疗策略提供了潜在靶点。

会场 1:行政楼报告厅 8 月 23 日 (周六) 上午 8:45-12:15

11:45-12:00

报告题目：胶质瘤动物模型及应用研究进展



程全（中南大学）

程全，中南大学副教授，博士，博士生导师，已主持国家自然科学基金、省杰青，省优青，省重点研发和其它课题多项；获得湖南省青年科技人才（荷尖）；目前以第一作者和通讯作者在 Molecular Cancer、Journal of Hematology & Oncology、Signal Transduction and Targeted Therapy、Theranostics、Eclinicalmedicine、Neurology 和 Science Advances 等杂志发表论文，总被引 7600 余次，H 指数 45，12 篇为 ESI 高被引论文，2 篇为 ESI 热点论文。入选全球 2024 年前 2% 顶尖科学家。目前担任 Med Research 执行主编、iMeta 副主编、European Journal of Medical Research 和 Clinical Medicine Insights: Oncology 副主编、Genomics 编委和 Immunobiology 编委等。

报告简介：胶质瘤是中枢神经系统中最常见的恶性肿瘤，其具有高侵袭性、高复发率和高致死率的特点，且发病机制复杂。本课题组近年来已成功建立多种胶质瘤动物模型，其中大动物模型尤为关键。通过对不同胶质瘤动物模型的构建方法、模式动物的特点、应用范围以及最新研究成果进行系统总结和分析，其中，大动物胶质瘤模型能够更加精准地模拟人类胶质瘤的特征，为胶质瘤的基础研究、转化研究和临床应用提供了更有力的支持。

12:00-12:15

报告题目：低温常压等离子体（CAP）抗癌多组学数据融合与数据库搭建



戴晓峰（西安交通大学）

戴晓峰，西安交通大学，正高、博导。获计算系统生物学、计量经济学双博士，生物信息学、分子生物学双硕士学位。面向癌症等重大疾病开展低温常压等离子体（CAP）精准与转化医学研究。以第一/通讯作者在 Sig Transduct Target Ther, iMETA, Redox Biol, Prog Polym Sci, Biotechnol Adv, Adv Sci, Trends Biotechnol, Trends Genet 等杂志上发表 SCI 论文 116 篇，累积 IF=824.4，其中 IF>10 的文章 17 篇、单篇最高 IF=52.7、入选 2024 年爱思唯尔中国高被引学者，ESI 高被引 4 篇，均入选学术领域最优秀的 1%之列，80 篇中科院分区一、二区文章，24 篇 TOP 期刊，H=28。

报告简介：本研究整合 CAP 处理前后乳腺癌细胞的全转录组、蛋白质组、磷酸化组、乙酰化组和乳酰化组学数据，构建了国内外首个针对 CAP 抗癌的集数据整合与分析于一体的数据库——CAPmed-BC。CAPmed-BC 可用于系统分析低温常压等离子体（CAP）处理后乳腺癌细胞在多维度的动态响应变化，搭建 CAP 处理与癌细胞多组学特征之间的偶联，为全面解析 CAP 特异性杀伤肿瘤细胞而不伤害正常细胞的分子机制、开发基于 CAP 的创新抗癌疗法并推进其临床转化提供了重要研究工具与数据支撑。

12:15-13:00

午餐（自助餐，新校区综合食堂一楼）



主持人

钟继新

福建医科大学

钟继新，教授、主任医师、博士生导师。福建医科大学附属协和医院风湿科主任，福建省临床免疫研究所所长。从事炎症性疾病免疫调控研究，主持中国和美国国家级科研项目十余项。在 *Lancet Rheumatology*、*Circ Res*、*Annals of the Rheumatic Diseases*、*Diabetes Care*、*Advanced Science* 等杂志发表一作或通讯作者文章 70 余篇，H 指数 46。

8:45-9:00

报告题目：微生物-肠-脑轴器官芯片的构建及其应用研究



郝梓凯（北京理工大学）

郝梓凯，现任北京理工大学生命学院分子诊疗研究所所长，研究员、博士生导师。近年来主要从事基于肠-脑轴微流控器官芯片、多组学、人工智能技术和活体生物药实现疾病的个性化诊断和干预研究。作为负责人主持了科技部国家重点研发计划子课题、国家自然科学基金面上项目和青年项目、北京市自然科学基金面上项目等；在 *Science Bulletin*、*Microbiome* 等高水平期刊发表 SCI 论文近 20 篇，申请国家发明专利/软件著作权 10 余项。成果入选北京市科协首都前沿成果奖。在世界上时间最长、闭合度最高的“月宫 365”实验中担任志愿者生理与心理健康方向的具体负责人；荣获了“全国创新创业优秀博士后”、中国青年五四奖章集体等国家级荣誉。

报告简介：构建微生物-肠脑轴（MGB）轴器官芯片将为研究精神疾病与 MGB 轴之间的相互作用以及开发基于 MGB 轴的抑郁症防治药物提供理想的体外模型。本研究设计了一个模块化的双通道、双腔器官芯片模型，在此基础上构建了肠道单元、血脑屏障单元以及脑单元。此外，微流体技术被用于运输营养物质并创造不同的氧气环境，以实现人类肠道上皮细胞和肠道微生物群的共培养，以模拟体内微生物群肠脑轴的代谢、免疫和激素信号传导过程。将具有代表性的抑郁症肠道微生物群引入上述构建的芯片中，建立抑郁症肠道的体外模型，并利用该模型研究抑郁症与肠道微生物群之间的相关性/因果关系，以及地衣芽孢杆菌调节抑郁症的机制。本研究为基于 MGB 轴的抑郁症防治药物的开发提供了重要平台。

9:00-9:15

报告题目：肠道微生态与肿瘤免疫治疗



贾丁佳成（浙江大学）

贾丁佳成，博士，浙江大学医学院附属第二医院消化内科，美国 CMU 梅隆研究所访问学者。研究方向为肠道微生态与消化系统疾病，以第一作者在 *Cell*、*Gut Microbes* 发表研究论文，以共同通讯作者为 *Cell Host & Microbe*、*Cell Chemical Biology* 撰写述评。担任 *iMeta* 青年编委，*Cell Chemical Biology*、*Cell Reports*、*Seminars in Cancer Biology*、*Microbiome* 等 SCI 审稿人，“浙江大学博士研究生学术新星培养计划”入选者。

报告简介：肠道菌群在调控肿瘤免疫治疗疗效中扮演重要角色，我们最近在 *Cell* 报道约氏乳杆菌与生孢梭菌协同产生的吡啶丙酸能够通过调控 Tcf7 超级增强子区的组蛋白乙酰化水平，激活 T 细胞的干性程序，从而增强多种实体瘤对免疫治疗的敏感性。本报告将系统梳理肠道菌群-宿主免疫互作领域的前沿进展，重点探讨菌源性代谢物对肿瘤微环境 T 细胞免疫的精准调控机制，并展望基于肠道微生态的个体化治疗策略，为临床免疫治疗优化提供新思路。

9:15-9:30

报告题目：阴道微环境紊乱影响宫颈 HPV 感染致癌进程的机制研究



董滨华（福建医科大学）

董滨华，福建省妇幼保健院副主任技师，硕士生导师。国家妇产疾病临床医学研究中心福建分中心办公室主任；中国医促会妇产微生态医学分会委员；IPVS 会员 全国卫生产业企业管理协会妇幼健康分会委员；福建省免疫学会免疫与分子诊断专委会委员 福建省优生优育与妇幼保健协会阴道镜和宫颈病理学专委会常委。在 Lancet、Lancet Regional Health-WP 等期刊发表论文 55 篇，主持或参与国家级课题 4 项、省部级课题 8 项。获福建省科技进步奖二等奖（排名第 3），全国妇幼健康科技奖二等奖（排名第 2），福建省医学科技奖二等奖（排名第 4）等科技奖励 5 项。主要研究方向为女性下生殖道病变与局部微生物互作在疾病进展、转归中的机制和临床转化研究。

报告简介：女性下生殖道微生态失衡是宫颈 HPV 感染及病变进展的重要影响因素。阴道菌群中的乳酸杆菌（特别是卷曲乳酸杆菌、詹氏乳酸杆菌等）在维持阴道酸性环境、抑制病原体定植及调节局部免疫中发挥关键作用。然而，当加德纳菌（*Gardnerella vaginalis*）和普雷沃氏菌（*Prevotella* spp.）过度增殖时，会破坏微生态平衡，降低乳酸杆菌丰度，并导致上皮细胞代谢紊乱。研究发现菌群失衡可通过干扰氨基酸代谢途径（如色氨酸、精氨酸代谢）影响宫颈上皮微环境。加德纳菌可上调吡啶胺 2,3-双加氧酶（IDO）活性，导致色氨酸耗竭，抑制 T 细胞抗病毒功能，从而促进 HPV 病毒逃避免疫清除。普雷沃氏菌可能通过代谢产物（如短链脂肪酸）改变上皮细胞增殖与凋亡平衡，增加 HPV 整合风险，加速宫颈上皮内瘤变（CIN）进展。 本研究的核心在于揭示菌群-代谢-免疫的交互网络，探讨微生态失衡如何通过代谢重编程影响 HPV 持续感染及宫颈病变的分子机制，为未来开发基于微生态调节的 HPV 防治策略提供理论依据。

医学-菌群

主持人：钟继新、洪睦
铿、李福勇、郝梓凯

会场 2: 药学楼 Y102 8 月 23 日 (周六) 上午 8:45-12:15



主持人
洪睦铿
南方医科大学

洪睦铿，南方医科大学南方医院副教授硕士生导师，从事肠道菌群与类风湿关节炎发病机制研究及中医药防治，相关研究以第一作者及末位通讯作者发表于 Cell Host & Microbe, Cell Metabolism 等杂志，入选 2023 中国肠道菌群十大研究成果以及 2024 中国风湿免疫领域十大亮点研究。

9:30-9:45

报告题目：炎症性肠病中的菌群-免疫平衡



钟继新（福建医科大学）

钟继新，教授、主任医师、博士生导师。福建医科大学附属协和医院风湿科主任，福建省临床免疫研究所所长。从事炎症性疾病免疫调控研究，主持中国和美国国家级科研项目十余项。在 Lanet Rheumatology、Circ Res、Annals of the Rheumatic Diseases、Diabetes Care、Advanced Science 等杂志发表一作或通讯作者文章 70 余篇，H 指数 46。

报告简介：肠道菌群和菌群免疫平衡在炎症性肠病中发挥重要调控作用。本研究主要探讨了二肽基肽酶是在调控肠道菌群和免疫平衡中的作用。

9:45-10:00

报告题目：抑郁症 MGB 轴研究进展



滕腾（重庆医科大学）

滕腾，重庆医科大学附属第一医院精神科副研究员，长期聚焦儿童青少年抑郁症“微生物-肠-脑”轴研究。博士后国资计划 B 类获得者、重庆市“博新计划”获得者、重庆市医学青年拔尖人才。主持国家自然科学基金青年项目、中国博士后特别资助（站前）等国家或省部级科研项目 9 项，总计科研经费 300 万元。以第一或通讯作者（含共同）在 Lancet Psychiatry、JAMA Network Open、Microbiome、Molecular Psychiatry 等国际期刊上发表 SCI 论文 19 篇，IF 大于 10 分 4 篇，总计 IF=140 分，ESI 高被引论文 1 篇，被国际权威期刊他引 1000 余次。申请或授权国家专利及软件著作权 7 项，参编国家规划教材 4 部。任重庆市青年科技联合会应用心理专业委员会秘书长、重庆市医学会精神医学分会青年委员会委员、重庆市医学会精神医学分会儿童青少年心理健康学组组长，获得重庆市科技进步二等奖（排名第三）等。

报告简介：系统回顾在抑郁症领域微生物-肠-脑轴从基础到临床的研究进展。

10:00-10:15

报告题目：天然多糖调节肠道菌群的构效关系研究



许军（香港浸会大学）

许军，教授，香港浸会大学中医药学院助理教授/课题组长/博士生导师，香港浸会大学深圳研究院副研究员，江苏省中医药研究院客座研究员，贵州中医药大学外方研究生导师。许军博士的研究方向集中在天然多糖调控肠道菌群的构效关系及其分子机制。主持国家自然科学基金、香港研究资助局优配基金、香港创新科技基金等 10 余项课题（总经费达一千万港币）。以第一或通讯作者在 Carbohydrate Polymers, Journal of Advanced Research 和 Medicinal Research Reviews 等期刊发表 SCI 论文 40 余篇，拥有 5 项中国及美国发明专利。任 Phytochemical Analysis 编委，iMeta, Journal of Pharmaceutical Analysis 和 Chinese Medicine 青年编委，Medicinal Research Reviews, Carbohydrate Polymers, Food Chemistry 等十余种 SCI 期刊审稿人。H-index 为 29。

报告简介： Natural polysaccharides have complex structural properties and a wide range of health-promoting effects. Accumulating evidence suggests that the effects are significantly mediated through fermentation by gut microbiota. In recent years, the relationship between the structures of natural polysaccharides and their properties in regulating gut microbiota has garnered significant research attention as researchers attempt to precisely understand the role of gut microbiota in the bioactivities of natural polysaccharides. Progress in this niche, however, remains limited. Here we first provide an overview of current research investigating this structure-property relationship. We then present a detailed correlation analysis between the structural characteristics of 159 purified natural polysaccharides and their effects on gut microbiota reported over the past two decades. The analysis revealed that diverse gut bacteria show specific correlations with the molecular weight, glycosidic linkages, and monosaccharide composition of natural polysaccharides. Multifaceted molecular mechanisms, including carbohydrate binding, enzymatic degradation, and cross-feeding, were proposed to be collectively involved in these correlations.

10:15-10:45

茶歇



主持人
李福勇
浙江大学

浙江大学百人计划研究员，国家高层次青年引进人才，主持国家自然科学基金海外优青项目、面上项目及江西省重点研发项目。长期致力于消化道功能微生物组这一前沿领域研究，阐释了消化道微生物与宿主在营养和遗传层面的交互作用。以第一或通讯作者在 Cell、Microbiome、iMeta 等杂志发表论文 13 篇，包括高被引论文 1 篇、杂志亮点文章 1 篇。现担任 Microbiome 杂志 Associate Editor。

10:45-11:00

报告题目：洗涤粪菌移植减缓肾移植术后抗体介导排斥反应的作用及机制研究



王子杰（南京医科大学）

王子杰，南医大二附院泌尿疾病中心副主任 泌尿外科博士，副主任医师，副教授 本科及博士均毕业于南京医科大学，美国匹兹堡大学医学中心、华盛顿大学医学中心访问学者 江苏省“333 高层次人才”培养工程“第三层次”入选 江苏省青年科技人才托举工程 入选首批江苏青年科技人才“U35 培育”对象 现主持国家自然科学基金项目 1 项，省厅级课题 5 项 以第一作者或通讯作者发表 SCI 论文二十余篇，累计影响因子大于 110 分 获中华医学科技奖二等奖、江苏省医学科技奖二等奖、江苏省医学新技术引进奖一等奖 以第一申请人获批国家发明专利三项、新型实用专利一项 H 指数：20

报告简介：粪便移植小鼠肾移植后抗体介导的排斥反应和肠道菌群失调 摘要目的：观察正常小鼠粪便悬浮液灌胃后 ABMR 小鼠 ABMR 表型和肠道菌群结构的变化。方法：收集 6-8 周龄雄性 C57BL/6 小鼠的肠道粪便，制备小鼠粪便悬浮液。通过将粪便悬浮液或生理盐水灌胃给同基因（SYN）或 ABMR 小鼠，构建了四组 SYN+NACL、SYN+FMT、ABMR+NACL 和 ABMR+FMT。从这些小鼠组中收集肠道粪便进行 16s rRNA 基因测序。收集受体小鼠的移植肾脏进行病理染色和 Banff 评分诊断。检测移植肾组织中补体片段 C3d 沉积、外周血 IgG 类供体特异性抗体（DSA）、血清肌酐（Cr）和血清尿素氮（BUN）水平的变化。在四组结肠组织中进行了紧密连接蛋白（ZO-1、Occludin、Claudin-1）的免疫组织化学染色。结果：与 ABMR+NACL 相比，ABMR+FMT 的肾小管周围毛细血管出血和移植肾扩张减轻，肾小球可见的单核细胞浸润减少，典型的肾小管损伤和肾小管刷状缘脱离减轻。Banff 评分显著降低，C3d 表达阳性区域显著减少，DSA 外周血 IgG 类平均荧光强度显著减弱，外周血血清 Cr 和 BUN 水平显著降低。结肠组织中紧密连接蛋白的表达显著增加。16s rRNA 基因测序结果表明，幽门螺杆菌、类副杆菌、粘杆菌属是 ABMR+NACL 的特征微生物，阿克曼菌和乳杆菌属是 SYN+NACL 的典型微生物。ABMR+FMT 显示类副杆菌和粘孢子菌属的丰度显著降低，阴性杆菌和 Lachnospiraceae_UCG_010 属的丰度明显增加。Akkermansia 和乳杆菌属等益生菌属大量恢复。结论：当通过灌胃给 ABMR 小鼠施用来自正常小鼠来源的粪便细菌悬浮液时，ABMR 表型发生了显著改善，肠道菌群结构发生了显著变化，益生菌属的丰度得到了恢复。

11:00-11:15

报告题目：生命早期微量元素与婴儿肠道菌群



尹乃毅（中国科学院大学）

尹乃毅，申请人长期从事环境污染与人体健康研究，在污染物的人体健康风险评估、污染物与肠道微生物相互作用等方面取得创新性成果。入选中国科学院“青年创新促进会”（2023）、“博士后创新人才支持计划”（2018）。主持国家自然科学基金（面上、青基）等项目课题。累计发表 SCI 论文 50 余篇，其中第一/通讯作者在 NC、ES&T 等杂志发表 23 篇（一区&TOP 期刊 20 篇）。H 指数 22，总引用 1158 次。代表作：Prenatal exposure to trace elements impacts mother-infant gut microbiome, metabolome and resistome during the first year of life. Nature Communications, 2025, 16, 5186.

报告简介：生命早期是肠道微生物组定殖的关键时期。出生队列研究发现产前高浓度铜暴露显著降低 3 月龄婴儿肠道菌群多样性，随着婴儿生长逐渐恢复。铁、硒、汞等元素参与婴儿肠道中葡萄糖酸、柠檬酸和棕榈酸等代谢产物的调控。铜、砷、锌等元素与 6 月龄婴儿肠道中 ARGs 呈现正相关。研究首次利用母发指示产前微量元素的暴露水平及其对婴儿肠道菌群、代谢产物和抗生素抗性基因的动态影响，为了解生命早期肠道微生物组发育的复杂性提供新视角。

11:15-11:30

报告题目：母乳源性益生菌对于重症新生儿黄疸改善作用的研究



张金萍（上海交通大学）

张金萍，医学博士、主任医师、上海交通大学硕士生导师，主要研究方向：黄疸患儿，自闭症患儿肠道菌群的研究。《临床与病理杂志》《广州医科大学学报》《浙江大学医学版》《中华生物医学杂志》《iMeta》青年审稿专家。承担国家自然科学基金、中国教育部教育基金、中国加拿大新生儿协作组课题，申康三年行动计划，上海科委，浦东科委等 10 项课题研究。以第一作者或通讯作者发表论文 60 篇，其中 SCI 收录 20 篇。获得上海医树奖，上海好医生提名奖，上海先进医务工作者等奖励。

报告简介：我们研究发现，不同程度的黄疸新生儿，母乳中的益生菌菌株含量不同。根据前期研究，我们将有差异的菌株做体外小鼠验证，发现给与不同的益生菌，对于新生儿黄疸的改善作用不同，特别是一些动物双歧杆菌，短双歧杆菌，或者发酵乳杆菌，添加给黄疸小鼠后，小鼠的胆红素下降有差异，特别是给与重症高胆红素小鼠后，发现部分益生菌对于通过脑肠轴改善神经系统症状明显，特别是运动功能的改善。为今后发现益生菌潜在改善新生儿黄疸后的脑损伤机制奠定基础，并可扩大临床研究，探讨益生菌对于神经系统损伤或者发育的影响。



主持人

郝梓凯 (北京理工大学)

郝梓凯，现任北京理工大学生命学院分子诊疗研究所所长，研究员、博士生导师。近年来主要从事基于肠-脑轴微流控器官芯片、多组学、人工智能技术和活体生物药实现疾病的个性化诊断和干预研究。作为负责人主持了科技部国家重点研发计划子课题、国家自然科学基金面上项目和青年项目、北京市自然科学基金面上项目等；在 Science Bulletin、Microbiome 等高水平期刊发表 SCI 论文近 20 篇，申请国家发明专利/软件著作权 10 余项。

11:30-11:45

报告题目：类风湿关节炎“肠-关节轴”机制及中医药防治



洪睦铿 (南方医科大学)

洪睦铿，南方医科大学南方医院副教授硕士生导师，从事肠道菌群与类风湿关节炎发病机制研究及中医药防治，相关研究以第一作者及末位通讯作者发表于 Cell host & microbe, Cell metabolism 等杂志，入选 2023 中国肠道菌群十大研究成果以及 2024 中国风湿免疫领域十大亮点研究。

报告简介：“肠-关节轴”是近年来肠道菌群研究热点领域之一，也是中医诊疗以 RA 为代表风湿痹病整体观的表现。汇报人从菌群外膜囊泡、饮食-肠道菌群-免疫节律等角度，阐明肠道菌群在类风湿关节炎发病机制作用，并为中医药靶向肠道菌群干预 RA 提供新的诊疗策略。

11:45-12:00

报告题目：通过非工业化饮食重塑消化道微生物菌群并改善心血管代谢健康



李福勇 (浙江大学)

李福勇，浙江大学百人计划研究员，国家高层次青年引进人才，主持国家自然科学基金海外优青项目、面上项目及江西省重点研发项目。长期致力于消化道功能微生物组这一前沿领域研究，阐释了消化道微生物与宿主在营养和遗传层面的交互作用。以第一或通讯作者在 Cell、Microbiome、iMeta 等杂志发表论文 13 篇，包括高被引论文 1 篇、杂志亮点文章 1 篇。现担任 Microbiome 杂志 Associate Editor。

报告简介：本研究在健康成年人中开展随机对照干预试验，评估了一种消化道菌群恢复策略。该策略由两部分组成：一是一种模拟非工业化饮食模式核心特征的恢复性饮食，二是一种在工业化人群消化道中丰度较低的细菌--罗伊氏乳杆菌。本研究发现非工业化饮食可降低消化道菌群多样性、促进罗伊氏乳杆菌的短期定植、逆转受工业化负面影响的菌群特征，从而实现人体消化道微生态的重塑并降低与慢病相关的多项心血管代谢标志物。成果发表于 Cell。

12:00-12:15

报告题目：假小链双歧杆菌通过促进次级胆汁酸生物合成改善脂肪沉积



查安东（中南大学）

查安东，男，中南大学基础医学院青年教师，研究方向为肠道菌群与代谢重编程、大动物模型的应用。目前以第一作者在 iMeta、Animal nutrition 和 Ecotoxicology and Environmental Safety 等杂志发表 SCI 论文 10 篇，其中 JCR1 区论文 9 篇，单篇最高影响因子 33.20，累计影响因子 83.98。参与国家自然科学基金 3 项，国家重点研发计划项目 2 项，以及多项地区基金项目。

报告简介：本研究系统揭示了瘦肉型杜长大猪与脂肪型宁乡猪肠道微生物组成与功能差异，发现假小链双歧杆菌通过促进次级胆汁酸（如 LCA）合成显著降低脂肪沉积。通过菌群移植、小鼠灌胃及猪饲喂试验，证实假小链双歧杆菌可调节胆汁酸代谢，减少脂肪积累。本研究为利用微生态干预调控脂代谢、提升育肥猪瘦肉率提供了理论支持与实践路径。

12:15-13:00

午餐（自助餐，新校区综合食堂一楼）



主持人
郭祥
河南大学

郭祥，河南大学基础医学副教授，南方医科大学病原生物学专业博士。主要研究蚊媒病毒流行与进化、伊蚊野外生态行为和病毒蚊虫感染机制。提出了可追踪的全球登革病毒统一基因分型框架，发现登革病毒地理限制性特征，构建 GISDD 分型平台网站。于 IDoP 等热带医学期刊发表 11 篇论文，申请/授权发明专利 4 项，实用新型专利 3 项。参与起草国家标准 1 项，以主要起草人撰写团体标准 2 项。创办公众号“虫媒病原流行与进化”。iMeta、iMed 等杂志青年编委。

8:45-9:00

报告题目：利用磁性纳米颗粒分离功能微生物的新方法



赵圣国（中国农业科学院北京畜牧兽医研究所）

赵圣国，研究员，博士生导师，研究方向为反刍动物营养与瘤胃微生物。主持国家级项目 3 项，获得神农奖等省部级奖励 3 项、颐和青年创新奖等社会奖励 2 项，被评为农业农村部杰出青年农业科学家，入选 2022 年度全球前 2% 顶尖科学家（奶业与动物科学领域）。在 iMeta、Microbiome (3)、Animal Nutrition 等 SCI 期刊发表论文 50 篇，获批国家新饲料添加剂 1 项。担任 Animal、生物技术通报等期刊编辑，担任中国农学会理事、中国饲料工业协会生物饲料技术委员会委员。

报告简介：功能微生物在微生物群中具有重要的生态学意义，但目前的功能微生物分离方面缺少有效的新方法。本研究提供了一种基于功能化的磁性纳米颗粒分离功能微生物的新方法，并成功应用于纤维分解菌的分离。通过共沉淀技术合成磁性纳米颗粒并进行纤维素功能化表面修饰，颗粒直径 20.00 nm。对磁性纳米材料的捕获效率和分离的特异性评价，结果表明细菌结合效率达到 99%，特异性分离纤维降解菌的效率为 99.95%。利用该方法富集分离瘤胃纤维分解菌，鉴定到一株来自 Lachnospiraceae 的新纤维分解菌属。本方法为分离微生物群中功能微生物提供了有效技术方案。

9:00-9:15

报告题目： *Gemmiger formicilis* 缓解失眠的机制及应用研究



苏奇（香港中文大学）

苏奇，香港中文大学助理教授，2024 年香港生命科学领域青年科学家奖唯一得主。研究聚焦于粪菌移植的机制与应用。主持国家自然科学基金（青年/面上/地区）、UGC-GRF、HMRF、InnoHK 及 SPARC 等项目，累计经费逾千万。在 Cell、Nature Medicine、Nature Microbiology、Cell Host & Microbe、The Lancet Infectious Diseases 等发表论文 60 余篇，被引逾 2000 次，H 指数 22。获美国食品药品监督管理局“突破性设备”认定、日内瓦发明展特别金奖及硅谷发明展金奖等。其研究成果获《纽约时报》、《卫报》等国际主流媒体深度报道。

报告简介：肠道菌群与失眠密切相关。新冠感染导致肠道菌群紊乱持续超一年，其中 *Gemmiger formicilis* 耗竭患者失眠风险较对照组高十倍以上，且 *G. formicilis* 可用于精确预测失眠症状。临床干预证实，益生菌配方 SIM01 通过促进 *G. formicilis* 增殖，有效缓解新冠后失眠；粪菌移植使 38% 长期失眠患者临床治愈（对照组 10%），疗效与供体 *G. formicilis* 丰度正相关。机制上，*G. formicilis* 通过赖氨酸合成提升脑内五羟色胺水平：赖氨酸可抑制单胺氧化酶、阻断血清素转运体，维持突触五羟色胺浓度，从而改善失眠。

9:15-9:30

报告题目： mire: 基于宿主序列的微生物组重建与估计



王诗翔（中南大学）

王诗翔，湖南衡阳人，中南大学生物医学信息系特聘副教授，硕士研究生导师。研究方向包括肿瘤组学大数据资源整合与数据挖掘，前沿创新的生物信息学算法与工具研究与应用。目前发表 SCI 论文 20 余篇，包括第一和通讯（含共同）作者 16 篇（其中 14 篇 JCR 1 区，2 篇 ESI 高被引），谷歌学术引用>1500 余次，申请发明专利 5 项。目前主持国自然青年科学基金、湖南省优秀青年基金。

报告简介：微生物群落在宿主健康和疾病中发挥关键作用，准确解析微生物信号对理解宿主-微生物互作至关重要。我们开发了 mire (Microbiome Integrated Reconstruction and Estimation) R 语言包，旨在通过整合分类学分类和 k-mer 定量方法，从测序数据中重建微生物信号。该工具专门设计用于批量和单细胞测序数据的微生物群落分析，致力于解决传统微生物组分析中信号噪音高、假阳性率高、计算效率低等关键挑战。

生物-微生物/生信

主持人：郭祥、王金朋、
赵圣国、邓磊

会场 3: 科技中心 S101 8 月 23 日 (周六) 上午 8:45-12:15



主持人
王金朋
华北理工大学

王金朋，华北理工大学生命科学学院副院长，河北省“三三三人才”。从事植物基因组学、生物信息学研究。主持国家自然科学基金 3 项。累计发表 SCI 论文 60 余篇；他引>6000 次，H-index>26。Agriculture Communications、Horticultural Plant Journal 等杂志青年编委。

9:30-9:45

报告题目：非天然途径设计及 AI 驱动的酶挖掘与改造



廖小平（中国科学院天津工业生物技术研究所）

廖小平，中国科学院天津工业生物技术研究所研究员，博导。长期致力于元件与细胞智能设计的前沿技术攻关，发展 BT+IT 融合的技术体系，助力元件、途径、菌种的优化设计。现主持国家自然科学基金“数学与智能+”交叉重点专项、中国科学院关键核心技术攻坚先导项目课题、天津市合成生物技术创新能力提升行动项目等多项国家级、省部级项目。

报告简介：通过设计非天然生物合成途径突破天然代谢限制，并结合 AI 技术高效挖掘与定向改造非天然功能酶，是解决传统途径、酶工程中开发周期长、成功率低的瓶颈问题的核心难点。针对这个需求，我们开发了非天然途径设计工具 NeoPathTP、酶挖掘与评估工具 REME、多任务酶动力学参数预测算法 MTLKP、同工酶虚拟筛选算法 IsoScreen 等全链条方法，并进一步结合预训练模型开发候选酶改造设计方法，成功实现多种候选酶的挖掘与活力提升。

9:45-10:00

报告题目：CLA 通过激活 PPAR γ 重塑小肠 IELs 诱导 IL-22 依赖性保护性免疫应答抵御沙门菌感染



邓磊（中国农业科学院上海兽医研究所）

长期致力于肠道微生态与病原生物学研究，探索基于微生态调控的感染防控策略，服务公共卫生需求。发表 SCI 论文 50 余篇，总 IF 超 300，他引超 1500 次，h 指数 25。代表性成果发表于 The Lancet Microbe、Advanced Science、Gut Microbes 等期刊，阐明芽囊原虫“致病-益生”双重机制，提出“微生物-代谢-免疫”互作模型。

报告简介：沙门菌（*Salmonella enterica* serovar Typhimurium）是引起全球性食源性疾病的主要病原菌，具有破坏肠道屏障、引发强烈炎症和系统性感染的能力。本研究发现，共轭亚油酸（CLA）作为一种天然功能脂肪酸，能有效增强宿主对肠道沙门菌感染的防御能力，作用依赖肠道菌群、核受体 PPAR γ 及 IL-22 介导的黏膜免疫通路。CLA 灌胃处理可显著重塑肠道微生态，提升 *Lactobacillus* 等益生菌的丰度，并改变代谢组谱，增强胆汁酸、短链脂肪酸及色氨酸代谢途径。多组学整合分析显示，CLA 维持肠道稳态、抑制促肠道炎症信号通路，同时促进 *Cdhr1*、*Muc4* 等屏障基因表达。通过对小肠 IELs CD45⁺ 进行单细胞转录组测序，我们发现 CLA 促进 CD8 α^+ 等先天样保护性细胞亚群扩增，并显著上调 IL-22、IFN- γ 等关键细胞因子。体内阻断 PPAR γ 活性（GW9662 注射）可抑制上述免疫重塑过程，并消除 CLA 赋予的保护作用。此外，CLA 处理小鼠的粪菌移植（FMT）可将抗感染表型传递至无处理小鼠，证实其通过“微生态-受体-免疫”轴协同发挥作用。

生物-微生物/生信

主持人：郭祥、王金朋、
赵圣国、邓磊

会场 3: 科技中心 S101 8 月 23 日 (周六) 上午 8:45-12:15

10:00-10:15

报告题目：奶牛“母子”模型中胃肠道微生物与抗性组的时空特征及其在奶业生产系统中的环境传播



刘帅（中国农业大学）

刘帅，中国农业大学副教授。主要从事奶牛胃肠道营养与健康研究，入选博士后创新人才支持计划，主持教育部产学研合作协同育人项目、十四五重点研发计划子课题、宁夏重点研发计划重大项目子课题、国家乳业技术创新中心开放性课题等。累计发表 SCI 文章 32 篇，其中以通讯/第一作者在 Cell Metabolism、iMeta、Microbiome 等权威期刊发表文章 12 篇（4 篇 IF > 10，1 篇 ESI 高被引论文，1 篇杂志年度最佳文章），单篇最高影响因子 33.2，总引用 861 次，H 指数 16。获国家级竞赛总冠军优秀指导教师、北京高等学校优质本科教案奖励、北京市优秀毕业生等荣誉。

报告简介：奶业发展关乎国民健康。本报告将聚焦奶业系统中微生物与抗生素的传播展开汇报，相关内容已经发表于 iMeta、Microbime 等杂志。研究通过多组学技术首次揭示了我国奶业生产系统中抗性组的动态传播规律，发现奶牛胃肠道抗性组存在显著部位和地域差异；并建立了奶牛“母子”研究模型，揭示了奶业生产链中抗性组的跨代传递机制，阐明环境-母体-子代的三维传播网络；进一步在 DNA/RNA 层面明确多重耐药基因占主导地位，部分低丰度 ARGs 通过高转录活性产生显著生物学效应。该研究为制定基于微生物组调控的耐药性防控策略提供了理论依据。

10:15-10:45

茶歇



主持人
赵圣国
中国农业科学院

赵圣国，研究员，博士生导师，研究方向为反刍动物营养与瘤胃微生物。主持国家级项目 3 项，获得神农奖等省部级奖励 3 项、颐和青年创新奖等社会奖励 2 项，被评为农业农村部杰出青年农业科学家，入选 2022 年度全球前 2% 顶尖科学家（奶业与动物科学领域）。在 iMeta、Microbiome (3)、Animal Nutrition 等 SCI 期刊发表论文 50 篇，获批国家新饲料添加剂 1 项。担任 Animal、生物技术通报等期刊编辑，担任中国农学会理事、中国饲料工业协会生物饲料技术委员会委员。

10:45-11:00

报告题目：基于三代测序的菌株水平宏基因组重构方法



罗宵（湖南大学）

罗宵，生物信息学博士，现任湖南大学生物学院教授、博导，iMeta 期刊青年编委，研究方向为计算基因组学与生物信息学。主持多项国家级和省部级科研项目，近年来围绕“基因型如何决定表型”核心问题，开发了一系列全基因组解析与预测的计算方法及软件，涉及三代测序数据纠错、（宏）基因组组装、基于人工智能的生物表型预测及关键基因挖掘等。研究成果以（共同）一作或通讯作者发表于 Nature Machine Intelligence、Nature Communications (x2)、Genome Biology (x3)、Nucleic Acids Research 等主流期刊。

报告简介：微生物群落的菌株水平解析是揭示其功能多样性与宿主互作的核心挑战。当前两类宏基因组重构方法存在局限：参考分类受线性序列制约，难以捕获菌株复杂关联；从头组装面临三代测序高成本、高错误率及二代短读长解析不足问题。本团队开发互补的 PanTax 与 HyLight 方法，前者为泛基因组图驱动分类工具，后者是三代与二代混合组装方法，二者系统提升菌株水平分析效能，为群落菌株分辨率精准解析提供支撑，推动三代测序在宏基因组研究中的应用。

11:00-11:15

报告题目：甲壳动物病毒组及反向病原学研究



董宣（中国水产科学研究院黄海水产研究所）

董宣，中国水科院海水鱼虾流行病学与病害防控创新团队专业带头人，国家重点研发计划青年科学家项目首席。兼任世界动物卫生组织水生动物紧急疫情应对特别工作组专家、ICTV 杆套病毒科分类工作组成员、农业农村部水产养殖病害防治专家委员会委员。入选全国农业科研杰出人才、泰山学者和“水科英才”拔尖人才，获中国农学会青年科技奖。在 Emerging Microbes & Infections、Sci China Life Sci、PLoS Pathogens、mSystems 等期刊发表论文 93 篇，h 指数 23。授权国家发明专利 7 项，制定标准 8 项。

报告简介：创建了不依赖细胞培养的病毒高通量筛查新体系，鉴定 128 种新病毒，揭示了甲壳动物病毒进化新机制；首次绘制了全球卤虫病毒组图谱，阐明了这一重要生物饵料的病毒多样性与宿主/地理分布特征；创新了基于组学的甲壳动物新病原鉴定方法，证实传染性早熟病毒是铁虾综合征的新病原并阐明其发生流行机制。

11:15-11:30

报告题目：基于群体遗传和系统发生解码蚊媒病毒流行传播与进化规律

.....



郭祥（河南大学）

河南大学基础医学副教授，南方医科大学病原生物学专业博士。主要研究蚊媒病毒流行与进化、伊蚊野外生态行为和病毒蚊虫感染机制。提出了可追踪的全球登革病毒统一基因分型框架，发现登革病毒地理限制性特征，构建 GISDD 分型平台网站。于 IDoP 等热带医学期刊发表 11 篇论文，申请/授权发明专利 4 项，实用新型专利 3 项。参与起草国家标准 1 项，以主要起草人撰写团体标准 2 项。创办公众号“虫媒病原流行与进化”。担任 iMeta、iMed 等杂志青年编委。

报告简介：登革病毒(DENV)、寨卡病毒(ZIKV)等引起的蚊媒传染病，对全球公众健康威胁巨大，危害程度亦趋严重。基于系统发育、群体结构和地理信息等多维度参数体系构建了统一的 DENV 等多个病毒的全球基因分型框架，发现虫媒病毒在洲际、区域和国家层面展现了显著的地理限制性特征。GISDD 分型平台提供了一整套标准化的分析流程，提出了 SIR 的整合分析思路，这将有助于在国家、地区和全球层面建立精确的分子流行病学监测系统，为控制虫媒病毒在全球的传播提供重要理论基础。



主持人

邓磊 (中国农业科学院)

邓磊，长期致力于肠道微生态与病原生物学研究，探索基于微生态调控的感染防控策略，服务公共卫生需求。发表 SCI 论文 50 余篇，总 IF 超 300，他引超 1500 次，h 指数 25。代表性成果发表于 The Lancet Microbe、Advanced Science、Gut Microbes 等期刊，阐明芽囊原虫“致病-益生”双重机制，提出“微生物-代谢-免疫”互作模型。

11:30-11:45

报告题目：豆科植物基因组学研究及资源共享平台构建



王金朋，华北理工大学生命科学学院副院长，河北省“三三三人才”。中国生物工程学会专业委员会委员、中华预防医学学会生物信息学分会常委、河北省生理与分子生物学会理事。从事植物基因组学、生物信息学研究。主持国家自然科学基金 3 项，河北省自然科学基金 2 项。累计发表 SCI 论文 60 余篇；他引>6000 次，H-index>26。Agriculture Communications、Horticultural Plant Journal 等杂志青年编委。

王金朋 (华北理工大学)

报告简介：推进豆科植物基因组学研究，对于阐明其遗传创新机制、提高作物抗逆性和生产力，以及应对全球气候变化及粮食安全至关重要。我们致力于豆科基因组学研究并构建了其资源共享平台 LGRPv2，整合了豆科最大规模的多组学数据；构建了跨豆科物种的基因组共线性、祖先基因组、重要农艺性状基因等特色数据资源；开发了友好易用的资源获取、可视化分析交互界面、以及生物信息学分析工具，为豆科植物基因组学研究提供了较为全面的解决方案。

11:45-12:00

报告题目：基于免疫原性细胞死亡策略的透明细胞肾癌诊疗探索



医学博士，海军军医大学第一附属医院泌尿外科；研究方向为泌尿系统肿瘤微环境研究，主持校级项目 1 项，获中国科协青托工程博士专项计划资助，以第一/通讯作者(含共同)在 iMeta, eClinicalMedicine, Science Advances, MedComm, Molecular Cancer, Advanced Science, JNCC 等期刊发表 80 余篇 SCI 论文，H 指数 18，担任 Med Research 期刊编委。

江爱民 (海军军医大学长海医院)

报告简介：肾细胞癌 (RCC) 免疫治疗面临应答率低的挑战。本团队聚焦于细胞程序性死亡新机制——铜死亡，探索其在 RCC 免疫治疗中的潜力。前期研究显示铜死亡通路激活与 RCC 患者预后呈正相关，且能有效评估免疫治疗应答。发现铜死亡可促进树突状细胞(DC)浸润，并提高 CD8⁺T 细胞的抗肿瘤活性。其中 RCC 细胞铜死亡后释放的外泌体(cExo)富含 lncRNA OIP5-AS1，能被 DC 特异性摄取并促进其成熟。机制研究表明 OIP5-AS1 通过 ceRNA 和蛋白互作，激活 DC 细胞 STING/TBK1 通路，增强抗原递呈及抗肿瘤免疫效应。

生物-微生物/生信

主持人：郭祥、王金朋、
赵圣国、邓磊

会场 3: 科技中心 S101 8 月 23 日 (周六) 上午 8:45-12:15

12:00-12:15

报告题目：肠道菌群抗流感因子的定向筛选与作用机制研究

////////////////////////////////////



张强（华中农业大学）

聚焦动物流感等重要人兽共患病，结合肠道微生物、纳米生物等多个前沿学科领域，开展感染与抗感染机制研究以及新型防控技术开发。以第一或通讯作者在 *Advanced Science*、*Genome Biology*、*ACS Nano*、*Advanced Functional Materials*、*Gut Microbes* 等期刊共发表 SCI 论文 20 余篇，他引总计 915 次，单篇最高引用 213 次。其中，中科院 SCI 分区 1 区 11 篇，影响因子 10.0 以上 7 篇，入选 ESI 高被引论文 2 篇。

报告简介：肠道微生物组的抗流感作用已经得到了广泛认可，但其作用机制尚不清楚。本研究基于病原微生物感染的异质性，结合宏基因组学、代谢组学等技术，建立了一种从肠道微生物组中精准挖掘抗流感功能细菌或代谢分子的定向筛选策略，成功鉴定到肠道中的抗流感功能菌株 *Bifidobacterium animalis* 和代谢小分子 GlcNAc，并分别揭示了其抗流感活性的作用机理，不仅丰富了人们对机体抗流感作用的认知，同时也为新型广谱抗流感药物或生物制剂的研制提供理论基础。

12:15-13:00

午餐（自助餐，新校区综合食堂一楼）

////////////////////////////////////



主持人
刘永鑫
深圳基因组所

刘永鑫，中国农科院深圳基因组所研究员，iMeta 执行主编。聚焦微生物组方法开发、功能挖掘和科学传播，在 Nature Biotechnology、Nature Microbiology 等发表论文 80 篇，被引 27000+次，入选全球前 2%科学家榜单、国家级青年人才项目。兼任中国微生物组、计算合成生物学专委会委员，创办 18 万+同行关注的宏基因组公众号，主编《微生物组实验手册》专著，发起 iMeta 期刊(IF 33.2)，位列全球前千分之三。兼职为 Cell 子刊、NC、NAR、Microbiome 等期刊审稿 340 余次。

13:30-13:50

报告题目：优青申请经验分享



刘畅（山东大学）

刘畅，山东大学微生物改造技术全国重点实验室教授，博士生导师，国家优青、山东省优青，主要从事肠道微生物培养组学与肠源新功能菌挖掘与机制研究。相关工作以一作/通讯（含共同）在 Nature Microbiology, Nature Metabolism, Nature Communications 等杂志, h-index 23。

报告简介：从成果总结与逻辑梳理、材料编写等方面跟大家分享我的一些经验与感悟。

13:50-14:10

报告题目：环形 RNA 精准解析与功能挖掘



张金阳（中国科学院动物研究所）

主要研究方向为非编码 RNA 相关计算方法学开发，利用生物组学大数据探索非编码 RNA 的组成结构及调控功能。以第一/通讯（含共同）作者在 Nature Biotechnology (2021), Nature Genetics (2025)等学术期刊发表论文 12 篇，多个工作入选 ESI 高被引论文。作为项目负责人，主持国家自然科学基金优秀青年科学、博士后创新人才支持计划、博士后第 72 批面上资助项目及中国科学院特别研究助理资助项目，并作为研究骨干参与科技部重点研发计划项目及重点研发青年科学家计划。获评中国科学院院长特别奖、北京市优秀毕业生、中国科学院优秀博士学位论文。

报告简介：真核生物的转录组由海量蛋白编码 mRNA、非编码 RNA 以及环形 RNA 等分子组成，具有高度的复杂性和多样性。因此，如何实现复杂转录组中目标非编码 RNA 的高效检测，是目前非编码 RNA 研究中的重要难题。针对该问题，我们建立了一系列生物信息学工具和检测技术。提出环形 RNA 单分子全场识别新技术、单细胞与剪接体水平定量新算法、组学大数据整合算法与功能筛选新技术，为我们理解环形 RNA 多样性、形成机制及功能研究奠定了方法学基础。

14:10-14:30

报告题目：积累、传承、成长——从科学研究到分子育种



李文婷（河南农业大学）

长期从事地方鸡种质资源优异性状发掘创新与利用，构建了国际首个家禽泛基因组、鉴定了首个鸡生长性状主效基因 IGF2BP1 的原因突变、创制了首款地方鸡专用液相芯片“神农 1 号”，她先后主持国家自然科学基金 4 项，其他省部级项目 8 项，入选中原科技创新青年拔尖人才。第一或通讯作者发表 SCI 文章 16 篇，授权发明专利 6 件。以第一完成人荣获全国博士后创新创业大赛金奖、吴常信动物遗传育种科技成果奖，以主要完成人荣获河南省科技进步一等奖。

报告简介：1. 家禽泛基因组平台构建的初心 2. 家禽生长性状解析的执念 3. 家禽分子育种体系的构建。

14:30-14:50

报告题目：浅谈国自然青年科学基金项目申请



张东（兰州大学）

张东，博士，兰州大学/西藏大学教授，国际期刊《iMeta》副主编，《BMC Genomics》编委成员，《Genomics Communications》《水生生物学报》青年编委，目前主持国家自然科学基金青年科学基金 B 类（原优秀青年科学基金）、青年科学基金项目和地区科学基金项目各一项。主要从事鱼类寄生虫的分子系统发育、寄生虫与宿主的协同进化等方面的研究工作，并开发了相关的分析工具，在 Nature Communications、Molecular Ecology、Molecular Phylogenetics and Evolution、Molecular Ecology Resources 等国际知名期刊上发表 SCI 论文 50 余篇，2 篇入选 ESI 热点论文和高被引论文，累计被引 4000 余次，h 指数 20。

报告简介：基于个人申请经历，简要分享国自然青年基金 B 类项目的申请要点。围绕选题、申请书撰写和会评答辩三个环节，交流在实践中的经验与反思。

14:50-15:10

报告题目：我国食源性单增李斯特菌风险识别研究



陈谋通（广东省科学院微生物研究所）

陈谋通，研究员，博士生导师，获国家自然科学基金优秀青年科学基金等项目资助。目前就职于广东省科学院微生物研究所，研究领域为食品微生物安全与健康。主持国家重点研发计划项目、国家自然科学基金等项目 13 项；荣获广东省科学技术进步奖特等奖等奖励 5 项。迄今已在 Trends in analytical chemistry、Biosensors and Bioelectronics 等杂志发表第一/通讯作者学术论文 30 余篇，h 指数 34，申请发明专利 69 件（授权 17 件），软件著作权 1 件；参与制订国家出入境检验检疫行业标准 1 项。

报告简介：食源性致病微生物是食品安全的首要威胁，聚焦我国食源性单增李斯特菌污染水平和分布规律不清等问题，完成了全国 43 个代表性城市食源性单增李斯特菌风险识别研究，揭示了 CC87 型单增李斯特菌是持续污染金针菇生产链的高毒力持留基因型菌株，基于比较基因组学挖掘了种属、血清型和高毒力持留基因型菌株的特异性分子靶标，创建了基于新靶标的单增李斯特菌高通量精准快速检测新技术，初步为我国单增李斯特菌风险识别与污染防控奠定了基础。



主持人

陈同

中国中医科学院

陈同，2009 年本科毕业于东北林业大学，2015 年硕博毕业于中国科学院遗传与发育生物学研究所，数据驱动的中药道地性形成和高品质生产研究开展：(1) 中药大数据资源底座的持续建设；(2) 中药大数据资源的智算整合挖掘。以及基于数据库联合开展①中药道地性形成分子机制研究；②高品质中药生产和鉴定；③中药合成生物学研究和中药新资源挖掘等，在 Cell Stem Cell (封面文章), Nucleic Acids Research, Nature communications, Protein & Cell, iMeta 等高水平杂志以第一或通讯作者发表文章十二篇，累积引用 4000+ 次。联合创办 iMeta 期刊(影响因子：33.2)，现为执行主编，致力于打造微生物和生物信息领域的国产高水平综合性杂志。

15:10-15:30

报告题目：中医药复杂干预的系统循证



李玲，博士，四川大学华西医院中国循证医学中心研究员、博士生导师，加拿大 McMaster 大学访问学者，入选国家级青年人才计划。主要研究方向为中医药循证医学、临床试验与证据合成方法学研究及应用。主持国家自然科学基金（青年、面上）、国家重点研发计划课题（十三五、十四五）、中国博士后科学基金等 8 项纵向课题。以第一/通讯作者在 BMJ、eClinicalMedicine、BMC Medicine、Journal of Clinical Epidemiology、Phytomedicine 等杂志发表论文 40 余篇。

李玲（四川大学华西医院）

报告简介：针对中医药复杂干预疗效优势难评价和临床应用难落地的难题，创新了符合中医药个体化干预特点的试验方法，实现了临床试验方法与中医药个体化干预特色的融合；创建中医药快速证据整合与决策转化关键技术，实现了符合个体化临床实践特点的中医药快速临床应用。以膝关节关节炎为例，开展大样本多中心实效性随机对照试验，确证了针刺降低疼痛的效果，制定了国际临床实践指南，实现了中医药疗效优势的准确评价和快速转化。

15:30-16:00

茶歇

16:00-16:20

报告题目：中医证候基础研究成长经历分享



李春，研究员，博士生/博后合作导师，北京中医药大学，证候与方剂教育部暨北京市重点实验室青年负责人。从事心衰血瘀证的生物学基础与中医药防治研究。获国家自然科学基金优秀青年，中华中医药学会青年托举人才；获中国中西医结合学会科技进步一等奖、教育部科技进步一等奖等；主持国家自然科学基金 4 项、科技创新 2030 重大项目课题 1 项，以第一作者或通讯作者共发表论文 75 篇，影响因子>10 分的 12 篇，H 指数 29；申请发明专利 8 项，授权 1 项。

李春（北京中医药大学）

报告简介：围绕中医证候难以实证、动物模型构建难等问题，如何在从学科交叉中用现代科学语言解读中医药原理？在中医药理论指导下深化病生理机制、寻找药物靶标、开发小分子药物进一步与临床互动，提升临床疗效，总结中医证候研究实证路径，助力中医实证人才成长。

16:20-16:40

报告题目：中药功效成分靶标机制研究和创新应用



栾鑫（上海中医药大学）

栾鑫，上海中医药大学中药系统药理学研究中心主任，中药功效成分发掘与利用全国重点实验室 PI。入选国家自然科学基金项目 B 类，上海市曙光学者等。承担重点研发计划子课题，国家自然科学基金等项目。聚焦中药来源抗肿瘤活性成分靶点发现及作用机制研究，以第一/通讯作者身份发表 SCI 论文 60 余篇。部分代表性工作发表在 Trends Cancer, JACS, Adv Sci, Cell Rep Med 等期刊。获批 I 类新药临床试验批件 1 项。

报告简介：中药功效成分研究已取得积极进展，但靶标机制解析仍相对滞后，限制了其科学评价体系构建与现代化发展，亟需深入推进。报告人长期聚焦中药来源抗肿瘤活性成分靶点发现及作用机制研究，建立临床有效中药功效成分靶标机制的多学科交叉研究平台。依托中药化学生物学与系统药理学等前沿技术，系统阐明了鸦胆子苦素 D、隐丹参酮、川楝素、蜂毒肽、蜚素等小分子及多肽类成分的抗肿瘤直接靶标及机制，并推动其创新转化应用。

16:40-17:00

报告题目：现代生命科学与中药资源学交叉融合探索



靳红磊（广州中医药大学）

靳红磊，广州中医药大学中药学院副院长、药用植物生理生态研究所所长、教授、博士生导师，国家优秀青年科学基金获得者。主要从事中药资源及生物技术相关工作，在国际学术期刊 Nature Communications、PNAS、Cell Reports、Molecular Plant、Plant Cell 等发表论文多篇。相关研究论文被 F1000 推荐阅读，多次被杂志作为封面论文、亮点论文、热点话题推荐阅读，被国家自然科学基金委以“基金要闻”、“基金成果快讯”等进行报道。

报告简介：根据个人经历，分享从生命科学领域向中药学领域跨越过程中的体会。

17:00-17:20

报告题目：人工智能在生物医学研究中的应用



徐峰（山东第一医科大学）

徐峰，山东第一医科大学医学信息与人工智能学院副院长、山东省立医院中心实验室研究员。获国家级人才项目资助。《European Respiratory Journal》（影像因子 33.8），《Lancet Respiratory Medicine》（影响因子：102.6），《Nature Communication》（影像因子：17.7）等国际权威期刊发表 SCI 论文 51 篇。

报告简介：本次分享聚焦人工智能技术在研究生教育中的创新应用。首先，探讨 AI 如何赋能文献检索、解读与写作，提升信息获取和内容生成效率。其次，展示研究生运用 AI 工具代表性成果实例。最后，展望未来 AI 融入教育的关键趋势与挑战。旨在为同行提供实践经验，共同迎接智能教育新范式。



主持人
陈刚
湖北中医药大学

陈刚，现任湖北中医药大学党委副书记、校长，教授，博士生导师，博士后指导老师。为教育部新世纪优秀人才获得者、国家高水平中医药重点学科中医老年病学科带头人、湖北省新世纪高层次人才工程第一层次人选、湖北省新冠肺炎中医药防治专家组组长、湖北省重点产业创新团队带头人等。历任国家自然科学基金委终审专家、国家科技部中药现代化重大专项终审专家、全国保健服务标准化技术委员会专家等。主持国家科技重大专项、国家自然科学基金、教育部新世纪优秀人才支持计划等项目 30 余项。主持制定教育部全国高职院校中医养生专业教学标准 1 项，2019 年 7 月已由教育部正式颁布实施。

13:30-13:55

报告题目：待定



徐安龙（北京中医药大学）

报告简介：待定。

徐安龙，现任中山大学生命科学学院教授、博士生导师、国家重点基础研究发展计划（973 计划）首席科学家，兼任国家“十一五”863 计划海洋技术领域专家、国家药典委员会委员等职务。主要致力于免疫学的基础研究和生物制药的应用研究，已在国际学术刊物发表论文 100 多篇，获中国和美国发明专利多项。曾获“国家杰出青年基金”，首届“广东省青年科技奖”，国务院颁发的政府特殊津贴，第六届中国青年科技创新杰出奖，入选为新世纪百千万人才工程国家级人选，教育部提名国家科学技术发明奖一等奖和广东省科学技术奖一等奖。

13:55-14:20

报告题目：待定



陈家旭（北京中医药大学）

陈家旭，现任北京中医药大学国家级重点学科“中医诊断学”学科带头人，兼任《北京中医药大学学报》副主编、中国生理学会中医药与脑稳态调控专业委员会主任委员、世中联中医诊断学专业委员会副会长。为国务院政府特殊津贴专家。曾主持国家自然科学基金重点项目、科技部等科研项目多项，以第一作者或通讯作者发表学术论文 400 余篇，主编出版《中医证候研究》等著作 5 部。以第一完成人获省部级科技成果二等奖 6 项，首批国家精品课程《中医诊断学》负责人（2003 年）。曾获高校青年教师奖（2001 年）、全国百篇优秀博士学位论文（2001 年）、第二届“北京市高等学校教学名师奖”（2006 年）、北京市教育教学成果（高等教育）二等奖（2008 年）、霍英东教育基金会高等院校教育教学奖二等奖（2022 年）。主编国家卫生健康委员会“十二五”至“十四五”规划教材《中医诊断学》、《中医诊断学》英文教材及中医四大经典英文书籍。

报告简介：待定。

14:20-14:45

报告题目：数智赋能中医药循证研究



商洪才，北京中医药大学东方医院院长，教育部中医内科学（北京中医药大学）重点实验室主任。国家杰出青年科学基金获得者，岐黄学者，国家万人科技创新领军人才，数智中医慢病防治北京市重点实验室执行主任，任中国中医药信息学会临床研究分会会长、中华中医药学会中医药防治重大疾病基础研究平台主任委员、中国生物医学工程学会医学人工智能分会智能中医学组组长等。

商洪才（北京中医药大学东方医院）

报告简介：待定。

14:45-15:10

报告题目：“肾精”理论指导“骨—髓—脑系统慢性病”防治规律研究



王拥军，主要从事中医药防治骨衰老和多脏器衰老研究，是国家“973”计划项目首席科学家、国家杰青、长江学者、万人计划领军人才、岐黄学者；发现慢性炎症刺激、免疫力低下、干细胞衰老加速多脏器衰老。共计发表学术论文 638 篇，被正面引用 13600 多次；其中在 BMJ、Nat Commun 等发表 SCI 论文 177 篇，H 指数 34；发出芪麝丸等中药新制剂 12 项并转让。作为第一完成人，荣获国家科技进步奖二等奖 2 项、省市级一等奖 10 项，担任国务院学位委员会第八届中医学组召集人。

王拥军（上海中医药大学）

报告简介：随着人口老龄化进程加剧，老年多系统慢性病已成为影响社会发展的重大问题。本项目率先构建“肾精—骨髓脑轴”整体调控体系，证明“肾精亏虚”是“骨—髓—脑系统慢性病”的共性核心病机，表现为 IFN- γ 、TSH、ACTH、TGF- β 等表达异常。证明“补肾填精方”能够提高老年多系统慢性病临床疗效，缩短总疗程；调节 IFN- γ 等因子，调控 BMP、Jak/Stat、Wnt/ β -catenin 等信号通路，改善干细胞微环境，促进干细胞分化与功能表达，揭示了“骨—髓—脑系统慢性病”共性疗效机制。

15:10-15:40

茶歇



张麟

湖北中医药大学

张麟博士，研究兴趣主要围绕“形态功能-生理对策-适应进化”轴线，开展生理生态学和进化生态学工作，整合多组学、肠道菌群多样性、生态免疫学及生活史，解释药用动物的生态适应性（道地性），为其产业化提供基础依据。完成国家级项目 1 项，主持在研国家重点实验室开放课题一项。以一作发表 SCI 论文 30 余篇，成功被 Nature 引用，兼任 SCI 期刊编委，荣获“优秀青年动物生理生态工作者”称号，入选杭州市高层次人才，受聘菲沙基因高级科学顾问。

15:40-16:05

报告题目：重走“神农尝百草”之路-中药鲜药独特活性物质的发现与应用



曹鹏（南京中医药大学）

报告简介：“神农尝百草，一日而遇七十毒”形象地展现了中药起源于人类对各种新鲜药材（鲜药）的探索。鲜药未经过加工，保留了天然的药效，但对其科学认识仍处于起步阶段。本团队以中药鲜人参为研究实例，国际首次报道了人参囊泡样颗粒这一独特活性物质，阐明了人参囊泡在免疫调节（补元气、促进单核细胞极化与成熟）及淋巴系统靶向（归脾经、单核细胞靶向及归巢）中的生物学作用。研究发现人参囊泡能够增强 PD-1 抗体的抗肿瘤疗效，并可作为肿瘤疫苗的通用性佐剂，在复发性膀胱癌治疗中展现潜力。此外，人参囊泡在化妆品领域的应用也开始受到关注。以上研究为虫类药和中药鲜药的现代化研究提供了理论支持，也为更好地重走“神农尝百草”之路提供经验。

16:05-16:30

报告题目：新技术推动中药毒理学科创新发展



高月（军事医学科学院）

高月，全军特需中药与天然药物研究重点实验室主任。先后主持国家自然科学基金重大专项、国家重点研发计划等各类课题 23 项。以第 1 完成人获得国家科学技术进步奖一等奖、国家科学技术进步奖二等奖、军队科学技术进步奖一等奖等 6 项；以通讯作者在 NC、STTT、CEJ 等杂志发表文章 132 篇；荣获何梁何利基金科学与技术进步奖、首批全国创新争先奖状、全国中医药杰出贡献奖、第十届树兰医学奖、吴阶平医药创新奖等。荣立个人二等功 2 次、三等功 1 次。

报告简介：近年来，毒理组学、计算毒理学、高内涵筛选等技术方法越来越多地应用到药物安全性评价领域，推动了中药毒理学科的创新。我们以系统毒理学为研究策略，通过多组学技术整合分析药物暴露后机体内基因、蛋白质和代谢物等生物标志物变化及其作用网络，采用计算毒理学方法对其化学成分进行大数据挖掘，基于警示结构进行构毒预测；运用发现毒理学的 Cell Painting 分析技术，实现基于多成分、多机制的毒性物质高效筛查。

中医药高峰论坛

主持人：陈刚、张麟

会场 2: 药学楼 Y102 8月23日(周六) 下午 13:30-17:20

16:30-16:55

报告题目：中药药效物质研究的探索与实践

////////////////////////////////////



高昊（暨南大学）

高昊，暨南大学中药及天然药物研究所所长，从事中药药效物质和天然药物化学研究。教育部国联实验室主任，中医药局重点学科负责人。获全国模范教师、全国创新争先奖、中国青年科技奖、广东省科技进步一等奖等奖项。牵头国家重点研发计划，入选国家杰青、万人领军、青年岐黄等人才计划。多本 SCI 和国内核心期刊编委/编辑，科技部中医药现代化重点专项专家组成员。

报告简介：待定。

16:55-17:20

报告题目：待定

////////////////////////////////////



张勇慧（华中科技大学）

二级教授，国务院特殊津贴获得者，药学院院长，国家杰出青年科学基金获得者，科技部“科技创新领军人才”，国家自然科学基金创新群体骨干，湖北省自然科学基金创新群体负责人，教育部“新世纪优秀人才支持计划”、“湖北省杰出青年科学基金”获得者，“湖北省天然药物化学与资源评价重点实验室”主任，“武汉市天然药物工程技术中心”主任。

报告简介：待定。



主持人
罗鹏

南方医科大学珠江医院

罗鹏, 南方医科大学珠江医院肿瘤科, 昆士兰大学 Prince Charles 医院和香港大学李嘉诚医学院访问学者; Wiley 出版社 Med Research 和 iMetaMed 执行主编, iMeta 执行副主编(IF=33.2), Advanced Genetics 副主编, Asian Journal of Urology 副主编 (IF=2.4); Current Molecular Pharmacology (IF=2.9)副主编; Phenomics 责任编辑 (IF=6.2); 主要研究方向为肿瘤多组学和 AI 在肿瘤预测模型的应用; 累计发表 SCI 论文 300+篇, 累计 IF3200+; 其中以第一作者或通讯作者在 JAMA、JAMA Intern Med、JAMA Oncol、Lancet Oncol、Adv Sci、Sci Adv、STTT、iMeta 等期刊发表论文 160 余篇, 累计 IF 1500+, 总被引 6000+, H-index=40。

13:30-13:50

报告题目: (线上)待定



傅静远 (荷兰格罗宁根大学)

傅静远教授现任荷兰格罗宁根医学研究中心系统医学教授, iMeta 共同主编, Advanced Genetics 编委。研究领域包括宿主和肠道菌群在代谢及免疫的相互作用, 以及对人体健康的影响。研究项目涉及大数据群体水平研究、跟踪分析近 17 万个体 30 年, 分析遗传、饮食、环境、肠道菌群及社会经济因素对疾病和性状的影响, 并结合诱导干细胞基础的器官芯片技术开展机制研究, 以达到个体化、精准化医疗。2020 年以来多年获得高引科学家称号, 并获 2019 年荷兰盖伦奖提名, 2022 年获中国肠道年度科学家奖, 2023 年获荷兰 Ammodo 科学奖, 2025 年 2 月入选荷兰皇家科学与人文学院 (KHMW) 院士, 5 月入选荷兰皇家艺术和科学院 (KNAW) 院士。

报告简介: 待定。

13:50-14:10

报告题目: (线上)肺癌早期防控新路径



梁文华 (广州医科大学)

梁文华, 广州医科大学附属第一医院教授、博导、主任医师, 胸部肿瘤综合病区主任、横琴医院副院长, 国家优青基金获得者 (肿瘤学), 主要从事肺癌的综合诊疗及临床转化研究。至今已发表 SCI 论文 280 余篇, 30 分以上 29 篇, 10 分以上 68 篇, 累计总影响因子 2800+, 总被引次数 28000+, H 指数 50, 其中第一/通讯作者 210 余篇, 包括: JAMA, Lancet Oncol 等杂志, 入选斯坦福 Elsevier 全球前 2%顶尖科学家终身榜单。

报告简介: 梁文华团队系统性解决早期肺癌/肺结节精准防治难题: 1、诊断创新: 首创血浆 DNA 甲基化 (100 位点) 诊断模型 (高敏特), 多中心验证及万例应用显著降低误切率 (40%→13%), 获国家 LDT 及欧盟 IVD 认证并纳入 CACA 指南。2、预后精准: 构建 14 基因复发预测模型 (优于 TNM 分期), 首次证实辅助靶向可使高危 I 期复发率从 30%降至 0%, 模型获 NCI 推荐并中美商用。3、降本增效: 研发 “影像+病理+分子” AI 融合方案, 大幅降低检测成本 (减半至 1/30) 且精度高 (0.94)。

14:10-14:30

报告题目：PDZ 蛋白与血管重塑



刘灿昭（南方医科大学）

刘灿昭，南方医科大学珠江医院教授，国家海外高层次人才，广东省杰出青年基金获得者。课题组聚焦于心血管疾病的基础和转化研究。在心肌细胞成熟和心脏兴奋-收缩偶联生理和病理机制以及血管重构的分子机制等领域发表多篇高水平研究论文，一作/通讯包括 *Circulation* (2025, 2020, 2019)、*Nature Communications*、*Genome Biology*、*STTT*、*Circulation: Heart Failure*、*JCI Insight* 等；主持多项国家和省市级科研项目。

报告简介：血管介入术后新生内膜增生导致严重血管并发症，主要源于血管平滑肌细胞（VSMCs）的表型转换。PDZ 结构域在蛋白-蛋白相互作用（PPIs）及细胞功能调节中起重要作用，并与心脏及血管疾病发生密切相关。我们研究揭示新型核-质穿梭 PDZ 蛋白 TAX1BP3 通过其 K116 位点的 SUMO 化修饰调控核定位，并以非经典 PDZ 方式与 YAP 结合，抑制 VSMCs 细胞周期进程和损伤后血管新生内膜形成，TAX1BP3 基因或蛋白递送对此显示出显著的保护作用。

14:30-14:50

报告题目：广谱抗病毒靶点



袁硕峰（香港大学）

袁硕峰，现为香港大学医学院微生物学系副教授（终身）、博士生导师，以冠状病毒、流感病毒等急性呼吸道病毒为主要研究对象，揭示了多个广谱抗病毒药物的新靶点、机制和先导化合物。以第一或通讯作者（含共同）身份在 *Nature* (×3)、*Science*、*Lancet* 等权威杂志发表论文 50 余篇，连续 4 年评为年度“全球高被引科学家”。文章总引用超过 3 万次，h-index 49。

报告简介：靶向大多数病毒普遍利用的宿主蛋白是一种新颖的抗病毒策略。通过药物再利用手段，我们确定了一系列广谱抗病毒靶点，包括宿主类固醇调节元件结合蛋白（SREBP）、AP-2 复合体μ亚基（AP2M1）和甘露糖磷酸异构酶（MPI）等。在机制方面，SREBP 调控的脂质生物合成途径包括下游病毒蛋白棕榈酰化和双膜囊泡的形成，这些对于流感病毒和冠状病毒的复制是不可或缺的。我们还发现不同病毒可利用宿主 AP2M1 蛋白进行细胞内运输，这些病毒蛋白共有的 YxxØ-基序对于病毒蛋白的正确亚细胞定位至关重要。此外，通过抑制 MPI 可影响宿主和病毒表面蛋白的糖基化来从而阻滞病毒入侵细胞的过程。重要的是，在这些研究中建立的概念被利用来设计和开发新的抗病毒策略、方法和先导化合物。

14:50-15:10

报告题目：活菌药物的精准递送



刘尽尧（上海交通大学）

刘尽尧，国家杰青、国家海外高层次人才引进青年项目获得者，上海交通大学特聘教授，分子医学研究院/医学院附属仁济医院研究员，博士生导师。2013 年博士毕业于上海交通大学，2013-2018 于美国杜克大学及麻省理工学院从事博士后研究。担任中科院一区 J Nanobiotechnology (Springer Nature, IF=12.6) 执行主编，Biotechnology Journal (Wiley, IF=3.2) 副主编，J Controlled Release 编委等，中国药学会药剂专业委员会青年委员，中国生物材料学会青年委员会委员，中国生物材料学会智能仿生生物材料分会委员，中国生物材料学会表界面工程分会委员等。以独立通讯作者发表 Nat Biomed Eng、Nat Protoc、Nat Commun、Sci Adv、JACS、Angew、AM 等代表性论文。

报告简介：肠道菌群是人体最庞大且最复杂的微生物群落，也是人体重要的代谢器官，在免疫调节和维持体内稳态中发挥关键作用。菌群紊乱与人体许多重大疾病的发生发展息息相关，通过调控肠道菌群来防治相关疾病已成为一种独特的治疗方式。粪菌移植是一种调控肠道菌群的有效方法，但其在实施过程中需要采用侵入式的给药方式，同时移植的细菌组分不明确，从而降低了患者的依从性并产生潜在的安全风险。通过口服方式将益生菌递送至肠道是一种有效避免上述问题的简易方法，然而胃肠道中存在的胃酸和胆汁酸等成分容易导致益生菌的失活，并且胃肠道的蠕动及其内部存在的流体剪切应力使益生菌难以定植在肠道。基于此，我们通过表面纳米涂层技术，提出一种“单细菌封装递送”策略，在不影响细菌活性的前提下使细菌产生具有抵抗体内复杂环境、延长肠道停留时间、选择性定植不同肠段以及靶向病灶部位和特定细胞的能力。与传统疗法相比，涂层细菌在治疗炎症性肠病、肠屏障损伤、肿瘤等相关疾病方面展示出巨大优势。。

15:10-15:40

茶歇



主持人

王子恒

澳门大学

王子恒, 肿瘤学博士, 澳门大学健康科学学院, 澳门青年科学家协会理事, iMeta 执行副主编, iMetaMed 执行主编, Heliyon 杂志副主编, Biofactors 等杂志客座编辑。发表 SCI 论文 50 篇, h 指数 16, 担任 JCI, Molecular Cancer 等 110 余本杂志外审专家。

15:40-16:00

报告题目: 学科交叉助力医学创新研究



徐明 (北京大学)

徐明, 北京大学第三医院教授, 兼任血管稳态与重构全国重点实验室副主任, 国家卫生健康委员会心血管分子生物学与调节肽重点实验室主任。国家杰出青年基金获得者 (2016), 科技部重点研发计划首席科学家 (2020)。近年在 Circ. Res., Nat. Metabolism, Nat. Commun., Nucleic Acids Res., Sci. Bull. 等重要学术刊物发表论文, 获软件著作权 2 项。

报告简介: 医学既是不确定性的科学, 同时又是一种可能性的艺术。提升解决医学问题的效果, 需要多学科联合攻关。结合既往参与的多学科合作研究的经历, 交流和报告跨学科研究的时代背景与挑战, 路径和策略, 并结合具体疾病的防治治康实例剖析跨学科研究的难点与突破方向。

16:00-16:20

报告题目: 肠道微生物组关键功能酶挖掘与临床转化研究



何肖龙 (南方医科大学)

何肖龙, 南方医科大学珠江医院检验医学部教授、博导、博士后合作导师, 国家高层次人才入选者。主要研究方向为肠道菌群-宿主互作机制, 重点关注菌群来源功能酶、代谢产物调控肠-肝稳态的作用机制和临床转化价值。研究发表于 Nature Medicine、Cell Host & Microbe、Gut 等权威期刊。获 Nature Medicine, Cell Host & Microbe 等配发专评或述评为重大进展。主持国家优青、面上 (2 项) 和青年等项目, 入选广东省特支计划青年拔尖人才项目。现为中华医学会微生物与免疫学分会青年委员, 广东省医学会检验医学分会青年委员。

报告简介: 该汇报的主题为肠道菌群-宿主互作, 重点关注菌群来源功能酶、代谢产物调控肠-肝稳态的作用机制和临床转化价值, 包括如下几个方面: 1. 发现菌群来源苯丙氨酸脱羧酶及代谢物苯乙胺驱动肝性脑病全新机制 (Nature Medicine 2025); 2. 揭示菌群 DL-内肽酶产物激活 NOD2 维持肠稳态关键作用 (Cell Host & Microbe 2022; Nature Communications 2023); 3. 阐明菌群分泌糖基化酶调控宿主肠道蛋白糖基化现象, 并首次证实缺乏该酶是溃疡性结肠炎危险因素 (Gut 2021)。多个研究发现已处于临床转化阶段, 为肠-肝稳态相关重大疾病的诊治提供新策略。

16:20-16:40

报告题目: 多发性硬化症和卒中的神经退行性变



史凯斌 (首都医科大学)

史凯斌, 北京天坛医院神经病学中心主治医师, 首都医学科学创新中心研究员, 博士生导师, 先后在天津医科大学和美国 Barrow 神经病学研究所完成神经病学临床和科研训练。临床和科研工作聚焦于神经系统疾病的免疫机制和转化研究, 发现了骨髓免疫在神经系统疾病中的驱动作用, 并系统研究了急性脑损伤对免疫系统的影响。获中国卒中学会 2021 青年创新奖, 欧洲 Charcot 基金会第 31 届年会青年科学家奖, 第十二届中国免疫学会青年学者奖, 获国家自然科学基金优秀青年项目支持。被引 2860 次, h 指数 23。

报告简介: 神经退行性病变是多种中枢神经系统疾病的共同特征与最终归宿, 亦是人类面临最具挑战性的病理过程之一。除阿尔茨海默病、帕金森病、运动神经元病等经典神经退行性疾病外, 此类病变同样存在于卒中慢性期, 导致迟发性认知功能障碍及情绪障碍。在中枢神经系统自身免疫性疾病多发性硬化症中, 神经退行性病变贯穿疾病全程。随着病程延长与年龄增长所致的老化进程, 神经退行性病变逐渐加速, 引发残疾持续进展与认知功能衰退。区别于经典神经退行性疾病, 卒中与多发性硬化中的神经退行性病变无病理性蛋白聚集, 提示其病理机制存在差异。目前认为, 驱动多发性硬化与卒中神经退行性病变的潜在共同特征在于区室化炎症。本次报告将阐述上述两种疾病背景下神经退行性病变的起源、播散及神经元易损性机制, 并解析其对退行性进程的病理贡献。



主持人
冯素银
东海县人民医院

冯素银, 南京医科大学康达学院副教授/东海县人民医院党委委员/澳门大学珠海研究院-东海联合实验室主任, 研究方向涵盖脑肿瘤精准诊治、心脑血管智能干预、脑血管病微创治疗及其在基层医疗的转化应用, 近年来重点拓展神经肿瘤机制研究与 AI 辅助诊断路径, 围绕胶质瘤等疾病开展多组学分析、靶点挖掘与治疗策略探索。在 iMeta、Int J Surg、Biol Direct、Chemical Engineering Journal、ACS Sens 等杂志发表论文数篇。

16:40-17:00

报告题目: 肺纤维化治疗靶点及干预策略初探



刘姗姗 (中南大学)

刘姗姗, 中南大学湘雅二医院教授、博士生导师。入选国家优青、湖南省优青、湖湘青年英才、中南大学升华学者。主要从事肺纤维化的发病机制与干预策略研究。相关成果以第一/通讯作者 (含共同) 发表在 Immunity (2 篇, 2019, 2021)、STTT (2020)、Acta Pharmaceutica Sinica B (2 篇, 2021, 2023) 等国际权威杂志 40 余篇。累计申请 12 项发明专利, 4 项获授权。主持国家自然科学基金项目 3 项, 省部级重点资助、面上项目等 6 项。担任中华预防医学会呼吸病预防与控制专业委员会青年委员, 亚太医学生物免疫学会基础免疫学协会会员等。

报告简介: 巨噬细胞在肺纤维化发生发展中发挥关键作用。本人致力于阐明巨噬细胞在肺纤维化中的细胞及分子机制, 发现治疗靶点并针对靶点设计干预策略。首次揭示了泛素编辑酶 A20 酶活抑制诱导巨噬细胞活化促进肺纤维化的核心机制, 为肺纤维化防治提供了新干预策略; 率先证实了巨噬细胞源性趋化因子 CCL1 是诱导肺成纤维细胞活化促进肺纤维化的关键分子, 为肺纤维化新药研发提供了新靶点; 发现了肺纤维化患者巨噬细胞源性外泌体通过抑制肺再生促进肺纤维化进展的分子机制, 开发了促进肺再生治疗肺纤维化的原创先导物。系列研究为临床防治肺纤维化提供新理论依据及干预策略。

17:00-17:20

报告题目: 母源菌群代谢物大豆苷元可有效防治胎源性骨质疏松症发生



汪晖 (武汉大学)

汪晖, 武汉大学药理学二级教授、中南医院妇儿医院特聘教授、发育源性疾病省重点实验室主任、发育毒理与发育源性疾病防控专委会首任主委。研究方向为外源物发育毒理、胎源性疾病预防策略。主持国家重点研发计划重点专项、国家自然科学基金重点/重点国合/联合重点项目、教育部科学研究重大项目等。发表 SCI 论文 300 余篇, 授权专利 17 项, 出版《胎源性疾病》等中英文专著 4 部。科研成果获全国妇幼健康自然科学一等奖、湖北省科技进步一等奖等。

报告简介: 已知母体肠道菌群参与子代多系统发育, 且孕期用药可通过改变母体肠道菌群增加子代多疾病易感。合成类糖皮质激素强的松常用于治疗妊娠期母体自身免疫性疾病等, 但孕期强的松暴露 (PPE) 所致子代多器官发育毒性是否与母体肠道菌群改变有关尚未见报道。本研究全面证实了 PPE 所致子代多器官发育毒性及疾病易感, 系统阐明了母体菌群代谢物-表观遗传-多器官发育编程机制, 首次提出了 PPE 子代多器官发育毒性及疾病易感的早期综合防治策略。

17:20-17:40

报告题目: 代谢相关脂肪性肝病研究进展

.....



张翔 (香港中文大学)

张翔, 香港中文大学消化疾病研究全国重点实验室 PI, 国家优青, 博士生导师, 香港中文大学深圳研究院副研究员。主要从事代谢相关脂肪性肝病及其相关肝癌的研究。曾获 2020 国家自然科学基金二等奖、2022 教育部自然科学一等奖、2024 河北省科学技术奖、欧洲消化疾病科学委员会国家学者奖等 20 余项奖励, 在 Cell, Cancer Cell, Cell Metab, Nat Rev Gastroenterol Hepatol, Nat Metabol, Gut, J Hepatol, Gastroenterology 等期刊上发表 SCI 论文 85 篇 (44 篇 IF>10)。H 指数 41, 主持国家自然科学基金优青、面上、青年基金、香港研究资助局优配研究基金、香港食物及卫生局医疗卫生研究基金等 12 项。任 Cell 等期刊审稿人。

报告简介: 代谢相关脂肪性肝病 (MASLD) 是最常见慢性肝病, 缺乏无创诊断和有效治疗措施。我们发现, 肠道微生物 (Nat Rev Gastro Hepatol 2025) 与基因多态性 (Annu Rev Pathol 2025) 在 MASLD 进展中发挥关键作用, 二者存在相互作用以调控疾病进展 (Gut 2025a)。小肠细胞的 Tm6sf2 基因可通过调节微生物及代谢产物抑制肝脏脂肪变与炎症 (Nat Metab 2025)。肝脏 Tm6sf2 调节免疫微环境, 抑制 MASLD 向肝癌进展, 并提升 MASLD 相关肝癌免疫治疗疗效 (Gut 2025b)。此外, 我们成功建立 N3 - MASH 作为 MASH 的非侵入性诊断标志物 (Cell Metab 2025)。

开幕式/特邀报告

主持人：刘永鑫、陈刚、
陈同

会场 1:行政楼报告厅 8 月 24 日 (周日)上午 9:00-12:00

9:00-9:20

开幕式：宣传片、主持人、特邀嘉宾致辞



陈刚

湖北中医药大学

陈刚，现任湖北中医药大学党委副书记、校长，教授，博士生导师，博士后指导老师。为教育部新世纪优秀人才获得者、国家高水平中医药重点学科中医老年病学科带头人、湖北省新世纪高层次人才工程第一层次人选、湖北省新冠肺炎中医药防治专家组组长、湖北省重点产业创新团队带头人等。历任国家自然科学基金委终审专家、国家科技部中药现代化重大专项终审专家、全国保健服务标准化技术委员会专家等。主持国家科技重大专项、国家自然科学基金、教育部新世纪优秀人才支持计划等项目 30 余项。主持制定教育部全国高职院校中医养生专业教学标准 1 项，2019 年 7 月已由教育部正式颁布实施。



刘永鑫

中国农业科学院

刘永鑫，中国农科院深圳基因组所研究员，iMeta 执行主编。聚焦微生物组方法开发、功能挖掘和科学传播，在 Nature Biotechnology、Nature Microbiology 等发表论文 80 篇，被引 27000+次，入选全球前 2%科学家榜单、国家级青年人才项目。兼任中国微生物组、计算合成生物学专委会委员，创办 18 万+同行关注的宏基因组公众号，主编《微生物组实验手册》专著，发起 iMeta 期刊(IF 33.2)，位列全球前千分之三。兼职为 Cell 子刊、NC、NAR、Microbiome 等期刊审稿 340 余次。

9:20-9:25

大会合影

9:25-9:50

报告题目：大健康产业与合成生物学



邓子新 院士（武汉大学）

报告简介：待定

邓子新，中国科学院院士（Member, CAS），发展中国家科学院院士（Fellow, TWAS），美国微生物科学院院士（Fellow, AAM），英国皇家化学学会会士（FRSC）。现担任微生物代谢国家重点实验室主任，中国微生物学会荣誉理事长，中国农业生物技术学会副理事长，全球工业微生物学会（GIM）主席。相继被授予国家级有突出贡献的专家、霍英东基金会青年教师奖、首届“中国青年科学家奖”提名奖、首届国家杰出青年科学基金奖、“中国青年科技奖”、上海市十大科技创新英才、上海市科技领军人物、上海市劳动模范、全国五一劳动奖章、全国先进工作者、何梁何利奖、谈家桢生命科学成就奖等。

开幕式/特邀报告

主持人：刘永鑫、陈刚、
陈同

会场 1:行政楼报告厅 8 月 24 日 (周日)上午 9:00-12:00



主持人
陈刚
湖北中医药大学

陈刚，现任湖北中医药大学党委副书记、校长，教授，博士生导师，博士后指导老师。为教育部新世纪优秀人才获得者、国家高水平中医药重点学科中医老年病学科带头人、湖北省新世纪高层次人才工程第一层次人选、湖北省新冠肺炎中医药防治专家组组长、湖北省重点产业创新团队带头人等。历任国家自然科学基金委终审专家、国家科技部中药现代化重大专项终审专家、全国保健服务标准化技术委员会专家等。主持国家科技重大专项、国家自然科学基金、教育部新世纪优秀人才支持计划等项目 30 余项。主持制定教育部全国高职院校中医养生专业教学标准 1 项，2019 年 7 月已由教育部正式颁布实施。

9:50-10:15

报告题目：植物基乳酸菌发酵食品的健康功效



谢明勇 院士（南昌大学）

谢明勇，中国工程院院士，国际食品科学院院士，中共二十大代表，南昌大学教授。德国波恩大学营养学博士，全国优秀博士学位论文指导教师，国家级教学名师，食品科学国家重点学科带头人，中国食品科学技术学会副理事长。现任南昌大学食品科学与资源挖掘全国重点实验室主任。主要研究领域为食品营养科学与技术。领衔的食品科学与工程教师团队入选“全国高校黄大年式教师团队”，培养的学生入选国家杰青、优青、国家高层次人才特殊支持计划等。

报告简介：以心脑血管病、癌症、糖尿病和高血压等为代表的慢性病正严重威胁着人类健康，肠道菌群结构失调和膳食纤维摄入不足是慢性病高发的重要诱因。乳酸菌与膳食纤维的摄入有助于改善膳食结构、平衡肠道菌群。植物基乳酸菌发酵食品实现了乳酸菌和膳食纤维的有机结合，在预防和缓解慢性病方面展现出较大潜力。本报告简要介绍了国内外植物基乳酸菌发酵食品领域的研究现状，以及本课题组在植物基发酵专用菌种高通量选育、专用菌剂的规模化制备、专用菌种库构建、系列新产品开发及植物基乳酸菌发酵食品的健康功效评价等方面的工作，并简述了植物基乳酸菌发酵食品未来发展趋势。

10:15-10:40

报告题目：大豆油料提质固氮 ARC 生物耦合绿色增产新途径



李培武 院士（中国农科院油料所）

李培武，现任国家农业检测基准实验室（生物毒素）、农业农村部油料产品质量安全风险评估实验室主任，兼任 FAO/WHO JECFA、ISM、GCIRC 等国际组织理事。长期从事农产品质量安全研究，在粮油生物毒素检测控制与提质固氮方面取得重要成果。以第一完成人获国家技术发明和国家科技进步二等奖 3 项，湖北省发明一等奖 1 项，2018 年农业农村部授予中华农业英才奖，带领的团队荣获中华农业科技优秀创新团队奖，2019 年当选中国工程院院士。

报告简介：历经 20 多年研究，发明了 ARC 微生物菌剂，发现黄曲霉毒素土壤源头阻控和诱导结瘤固氮增产耦合效应，创建了花生大豆诱导固氮提质增产 ARC 生物耦合技术，全国 22 省主产区开展了百亩田、千亩方、万亩片和 10 万亩片规模化试验示范应用，具有极为显著的控菌减毒、提质固氮、减肥增产效果，打破了结瘤数量与产量之间的矛盾，突破了豆科固氮传统认知，“一石二鸟”式破解了两大共性难题。开辟了花生大豆诱导固氮提质增产大面积单产提升的新途径。

10:40-11:00

茶歇

开幕式/特邀报告

会场 1:行政楼报告厅 8 月 24 日 (周日)上午 9:00-12:00

主持人: 刘永鑫、陈刚、
陈同



主持人

陈同

中国中医科学院

陈同, 围绕数据驱动的中药道地性形成和高品质生产研究开展: (1) 中药大数据资源底座的持续建设; (2) 中药大数据资源的智算整合挖掘。以及基于数据库联合开展①中药道地性形成分子机制研究; ②高品质中药生产和鉴定; ③中药合成生物学研究和中药新资源挖掘等, 在 Cell Stem Cell (封面文章), Nucleic Acids Research, Nature communications, Protein & Cell, iMeta 等高水平杂志以第一或通讯作者发表文章十二篇, 累积引用 4000 +次; 联合创办 iMeta 期刊 (影响因子: 33.2)并兼任执行主编。

11:00-11:20

报告题目: 克里斯滕森菌(科)---物种及其与宿主互作的多样性



刘双江 主编 (山东大学)

刘双江, 中国科学院微生物研究所研究员、山东大学特聘教授, 中国生物物理学会肠道菌群分会会长、中国微生物学会环境微生物专业委员会副主任、iMeta 主编、《微生物学报》执行主编、《生物工程学报》副主编。曾任中国科学院微生物研究所第九届所长、获得国家自然科学杰出青年基金项目、中国科学院百人计划 (海外优秀人才) 项目支持、获得全国优秀科技工作者称号。

报告简介: 肠道微生物与宿主的互作受微生物组成、宿主自身遗传和代谢、以及宿主环境等影响, 存在着复杂、多样的相互作用关系和作用机制。本报告以克里斯滕森菌 (科) 为例, 介绍肠道菌定向培养和资源收集、4 个不同物种对宿主糖脂代谢的影响、以及克里斯滕森菌与宿主相互作用机制。在此基础上, 介绍克里斯滕森菌作为新一代益生菌开发的最新进展。

11:20-11:40

报告题目: 创新药的研发和转录组学的赋能



朱依淳 院士 (澳门科技大学)

朱依淳, 欧洲科学与艺术院院士, 澳门科技大学药学院首任院长, 讲座教授 (Chair Professor), 澳门注册西医师, 复旦大学兼职讲座教授。上海交通大学医学院 6 年制医学学士、德国海德堡大学医学院博士、曾任复旦大学药学院院长 (全球招聘) 近 10 年、教育部长江学者 特聘教授、国家杰出青年基金获得者、国家重大科学研究计划 (973) 首席科学家、国家重大新药创制大平台负责人。研究领域为分子药理和中药有效成分的开发研究。

报告简介: 待定。

开幕式/特邀报告

主持人：刘永鑫、陈刚、
陈同

会场 1:行政楼报告厅 8 月 24 日 (周日)上午 9:00-12:00

11:40-11:50

报告题目：微生态医疗产业新生态

////////////////////////////////////



徐炜 总监（承葛医药集团）

徐炜，男，厦门大学微生物学博士，副主任研究员，福建省高层次人才 C 类，福州大学硕士生导师，现任承葛生物研发总监，厦门联合呼吸健康研究院微生态医疗技术创新中心专家顾问，长期从事微生物生态学和天然产物领域的研究，曾赴德国莱布尼兹波罗的海研究所和台湾海洋大学访学，主持国家自然科学基金、福建省自然基金等项目 6 项，并作为科研骨干参加国家重点基础研究发展计划(973 计划)、国家重点研发计划、中国大洋专项、国家国际科技合作专项、海洋公益性行业专项等重大科研项目 5 项，累计发表 SCI 论文 58 篇，其中 52 篇收录于 Nature 等顶级期刊，参编英文专著 1 篇，拥有授权发明专利 4 项，授权实用新型专利 19 项。

报告简介：待定。

11:50-12:00

报告题目：数据，证据，共识，实践 -- 人工智能时代的临床科研

////////////////////////////////////



陶晓东 联席主任（中国科大-讯飞医疗 数字与健康联合实验室）

陶晓东，本科毕业于中国科学技术大学，获电子工程与信息科学学士学位，2005 年于美国约翰霍普金斯大学电子与计算机工程系毕业并获得博士学位，研究方向为医学影像。陶晓东博士先后供职于美国通用电气公司（GE）和荷兰皇家飞利浦电子公司，领导医学影像研发团队进行从影像设备、成像方法，临床应用，到影像科解决方案的科研和产品开发。2017 年 1 月，他加入讯飞医疗科技股份有限公司，担任总裁。2021 年中国科学技术大学聘请其为生物医学工程学科博士研究生指导教师。

报告简介：临床医学发展的历史是人类不断从数据中发现证据，形成共识，指导实践的过程。人工智能技术的进步，尤其是近年来大模型技术的快速发展，不仅革新了医疗数据的处理与分析方法，使海量多模态信息的高效整合成为可能，而且在临床科研中也发挥了巨大的作用，极大地加快了从数据到证据，从证据到共识，并广泛应用于临床实践的过程。通过深度学习算法挖掘疾病潜在规律、辅助诊断决策，人工智能技术将推动精准诊疗体系的构建。同时，基于真实世界数据的研究将强化循证医学的迭代更新，为复杂疾病的个体化干预提供科学依据。

12:00-13:00

午餐（自助餐，新校区综合食堂一楼）

////////////////////////////////////

午餐编委会

主持人：刘双江

会场 1:行政楼报告厅 8月24日(周六) 中午 12:00-13:30



主持人
刘双江
山东大学

刘双江，中国科学院微生物研究所研究员、山东大学特聘教授，中国生物物理学会肠道菌群分会会长、中国微生物学会环境微生物专业委员会副主任、iMeta 主编、《微生物学报》执行主编、《生物工程学报》副主编。曾任中国科学院微生物研究所第九届所长、获得国家自然科学杰出青年基金项目、中国科学院百人计划（海外优秀人才）项目支持、获得全国优秀科技工作者称号。

12:00-13:30

编委会日程 1：iMeta 系列期刊进展报告和未来规划



刘永鑫（深圳基因组所）

刘永鑫，中国农科院深圳基因组所研究员，iMeta 执行主编。聚焦微生物组方法开发、功能挖掘和科学传播，在 Nature Biotechnology、Nature Microbiology 等发表论文 80 篇，被引 27000+次，入选全球前 2%科学家榜单、国家级青年人才项目。兼任中国微生物组、计算合成生物学专委会委员，创办 18 万+同行关注的宏基因组公众号，主编《微生物组实验手册》专著，发起 iMeta 期刊(IF 33.2)，位列全球前千分之三。兼职为 Cell 子刊、NC、NAR、Microbiome 等期刊审稿 340 余次。

报告内容：汇报 iMeta、iMetaOmics、iMetaMed 等系列期刊进展报告和未来规划。

编委会日程 2：主编颁发执行副主编、青年编委聘书。

编委会日程 3：编委发言讨论。

编委会日程 4：主编总结发言。



主持人
闫丽盈
北医三院

闫丽盈，北京大学第三医院研究员，辅助生殖教育部重点实验室副主任，国家自然科学基金“优青”，青科联会员，第一届青年科技奖提名人选。研究方向为生殖生物学与辅助生殖。近年来围绕人类生殖细胞发生与胚胎发育的分子机制开展系列研究，并将基础研究成果临床转化，开发新的植入前胚胎遗传诊断方法，为患有或携带遗传疾病的夫妇进行胚胎诊断，阻断致病基因在家族中的传递。作为第一或通讯作者（含共同）在 Nature, Cell, PNAS 等发表论文 21 篇。作为课题负责人主持省部级以上的项目 6 项，作为第一完成人获得妇幼健康科学技术自然科学一等奖一项。

13:30-13:50

报告题目：儿童白血病精准治疗体系构建



游华（重庆医科大学）

游华，主任医师、博士生导师，从事儿童白血病、淋巴瘤及实体瘤临床诊疗工作，建立了儿童白血病大队列，根据治疗历程：1、诊断时围绕危险度分层和亚型，重新定义了婴儿 AML 危险度、最难治的 NUP98-r 人群高危人群鉴定、首先鉴定 RUNX1::RUNX1T1 患者的高危群体；2、诱导化疗阶段围绕化疗耐药研发了诱导化疗失败临床模型和基因表达模型；3、强化治疗阶段研发了移植的临床模型和基因表达模型；4、复发阶段研发了中枢复发的临床及基因突变模型。

报告简介：开发了 HSCT-64，一个基于 64 个基因表达的风险预测模型，包含针对移植患者的 aHSCT-64 和非移植患者的 nHSCT-64 子模型，用于评估儿童 AML 患者在接受或未接受异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）情境下的预后。模型基于 1647 例诊断时骨髓 RNA-seq 数据训练，并在 233 例独立队列中验证（C-index: 0.791），表现优于现有临床和分子模型。通过比较同一患者在两个模型中的风险排序，能识别“移植获益”与“非获益”患者。结果显示，只有“获益组”在移植后显著改善生存（HR=1/5.88, P=0.00657），而“非获益组”无显著差异（P = 0.899, HR = 1/1.06）。该策略避免了单一模型局限，优于传统“高危即移植”的策略，优化了移植决策，推动更精准、个体化的治疗。

13:50-14:10

报告题目：计算病原基因组学



周哲敏（苏州大学）

周哲敏 苏州大学特聘教授，博士生导师，江苏省特聘教授老年病与免疫教育部重点实验室学术带头人，苏州市病原生物科学与抗感染医药重点实验室副主任。长期从事生物信息学及微生物组学研究，主持国家自然科学基金面上项目两项。在 Nature Food、Nature Microbiology、Lancet Microbe、Nature Communications、PNAS、Genome Research、Genome Medicine 等国际学术期刊发表论文 85 篇，共被引用 9141 次，H 因子 45。

报告简介：粪菌移植（FMT）在多种恶性肿瘤中展现治疗前景，但其在非小细胞肺癌（NSCLC）中的价值尚未充分探索。本研究通过 4 年单臂临床试验发现，FMT 显著提升抗 PD-1 疗效，延长晚期 PD-L1 阴性 NSCLC 患者无进展生存期（13 月 vs 5.6 月），对免疫治疗耐药患者具有重要意义。为探究 FMT 疗效差异机制，我们构建高分辨率菌株追踪平台，分析四项 FMT 研究的 2000 余份样本。关键发现：同一细菌物种内不同基因型菌株产生相反治疗效应，解释了微生物组研究的矛盾结果。通过生态建模和纵向追踪，发现菌株定植成功率与核心代谢和免疫逃避通路的固有适应性特征相关。系统发育分析建立了“菌株-功能-疗效”理论模型。109 种有益菌株的成功定植与良好临床结局密切相关（AUC 0.80）。整合定植动力学与功能基因组学，筛选出 11 个优势细菌物种作为精准治疗候选靶点。本研究实现了从物种到菌株水平微生物组工程的重重大转变，为个体化微生物组治疗提供科学依据。

14:10-14:30

报告题目：组学和人工智能驱动的药物发现



代绍兴，昆明理工大学教授，博导，生信平台负责人，云南省技术创新人才。专注于“基于组学的 AI 药物发现”。先后在 Cell、Protein & cell、Nature Communications、Science Advances、eLife 等国际学术期刊上发表了 57 篇 SCI 研究论文；发表文章被引用 1400 次，H 指数 19。获授权发明专利 13 项。主持国家和省部级

代绍兴（昆明理工大学）项目共 7 项。

报告简介：药物靶点预测在药物研发中具有关键意义。本报告将从序列、结构、组学三个维度系统介绍团队在靶点预测中的三个进展。基于蛋白质序列，利用 ChEMBL 数据构建随机森林模型，测试集准确率超 98%；基于 AlphaFold 结构数据，将可药蛋白从 3000 扩至 11000，实现药物重定位与安全性评估；基于扰动转录组构建 PTPCM 模型，测试集 F1 达 0.97。本报告为高效靶点发现、药物重定位及机制解析提供了多维度视角，助力加速药物研发进程。

14:30-14:50

报告题目：益生菌缓解失眠障碍的机制及转化研究



苏奇，香港中文大学助理教授，2024 年香港生命科学领域青年科学家奖唯一得主。研究聚焦于粪菌移植的机制与应用。主持国家自然科学基金（青年/面上/地区）、UGC-GRF、HMRF、InnoHK 及 SPARC 等项目，累计经费逾千万。在 Cell、Nature Medicine、Nature Microbiology、Cell Host & Microbe、The Lancet Infectious Diseases 等发表论文 60 余篇，被引逾 2000 次，H 指数 22。获美国食品药品监督管理局“突破性设备”认定、日内瓦发明展特别金奖及硅谷发明展金奖等。其研究成果获《纽约时报》、《卫报》等国际主流媒体深度报道。

苏奇（香港中文大学）

报告简介：待定。

14:50-15:10

报告题目：炎症疾病的菌源标志物



李壮，研究聚焦于肠外组织原位挖掘关键菌源促炎介质，解析与宿主互作机制并系统评估其在体液中的标志物价值与诊疗转化潜力。以第一/通讯（含共同）作者在 Cell Host & Microbe (2025, 2023)、Cell Metabolism (2024)、Gut (2024) 等国际期刊发表论文十余篇。主持多项国家和国际（荷兰、瑞士等）科研项目，获广东省珠江学者。现任中国健康促进与发展协会检验科技转化委员会委员、广东省精准医学会微生物医学分会秘书。

李壮（南方医科大学）

报告简介：肠道菌群在宿主炎症进展中发挥关键作用但机制不清，系统揭示菌源促炎物质及其作用机制对炎症疾病的诊疗具有重要意义。申请人构建“肠道菌源促炎物质挖掘—肠外器官炎症多维机制解析—体液菌源标志物临床诊疗应用”的全链条机制研究与转化体系，创新性地揭示肠源免疫细胞、菌源代谢物与蛋白的跨器官促炎机制，丰富了炎症相关疾病的病因学说与研究范式，基于此验证体液肠源 PD-1+T 细胞、菌源代谢物三甲胺/硫酸吲哚酚及蛋白 FadA 等在炎症疾病中的分层诊断及早期预警价值，并提出以肠道菌群为靶点的炎症疾病临床干预新路径。

15:10-15:40

茶歇

会场 1:行政楼报告厅 8 月 24 日 (周日) 下午 13:30-17:30



主持人
袁媛
中国中医科学院

袁媛，女，1978 年 7 月出生，博士；中国中医科学院中药资源中心研究员。安徽中医药大学药学硕士生导师。国家中医药管理局中药鉴定重点学科、分子生药学重点培育学科后备学科带头人。主要研究方向为中药鉴定与分子生药学，重点关注中药鉴定理论相关研究以及快速检测方法的开发。

15:40-16:00

报告题目：细菌毒素介导菌群与环境互作



姜昆，山东大学微生物改造技术全国重点实验室教授，山东省泰山学者青年专家，山东大学齐鲁青年学者。主要研究方向为细菌毒素介导的肠道菌群及肠道菌与宿主间的互作机制，并对具有应用潜力的相关蛋白或分子进行研发应用。相关研究在 Nature Microbiology (2024, 2021)，Nature Communications (2024) 等期刊发表一作/通讯（含共同）文章 12 篇，授权发明专利 2 项，主持国家级及省级科研项目 7 项。

姜昆（山东大学）

报告简介：细菌毒素在肠道菌间的互作过程中发挥极其重要的作用。BfUbb 是在肠道细菌中首次发现的真核泛素同源蛋白，我们阐明了 BfUbb 特异性作用于肠道拟杆菌中一个关键蛋白 PPIase 的独特杀菌机制（Nature Microbiology 2024）；并进一步鉴定出了 BfUbb 入侵肠道拟杆菌的特殊通道 ButCD 系统，在全面阐明 BfUbb 的杀菌机制的同时，进一步揭示了不同拟杆菌防御 BfUbb 的多样性策略（Nature Communications 2024）。在机制研究基础上，我们还证明了 BfUbb 可在小鼠肠道内高效杀伤产肠毒素脆弱拟杆菌（ETBF），并授权发明专利。

16:00-16:20

报告题目：电能微生物细胞工厂的设计构建及应用



李锋，天津大学合成生物与生物制造学院副教授，博导。研究方向为电能微生物细胞工厂的设计及应用。目前以一作或通讯作者在 Joule、Nature Communications (2 篇)、Advanced Science (3 篇) 等领域主流期刊上发表论文 38 篇 (IF > 10 的 21 篇，单篇最高影响因子 46.2，ESI 高被引论文 2 篇)，申请专利 18 项。

李锋（天津大学）

报告简介：电能微生物是能够与外界环境进行双向电子和能量交换的微生物，基于电能细胞双向电子传递和能量交换机理构建的微生物电催化系统，为满足“双碳”减排、绿色生物制造等国家能源和环境领域的重大需求，提供了极具发展潜力的解决方案。然而，电子在传递过程中往往存在胞内通量小、跨膜速率慢、胞外定向差等问题，限制了电子流传递速率，影响了微生物电催化系统的催化效率。针对上述关键问题，报告人以电能细胞双向电子传递为研究对象，围绕影响电能细胞电子流的关键要素：胞内流量、跨膜流速、胞外流向，发展了底物谱工程和辅因子工程策略来增容胞内电子池容量，扩大胞内电子流量；提出了蛋白工程和路径工程策略，重构高效跨膜导电通道，提升跨膜电子流速；开发了通过生物膜全生命周期工程和菌体形态工程策略，重构高效电活性生物膜，汇聚胞外电子流向，显著增强了电能细胞工厂在固碳电合成高值化学品、电发酵合成金属纳米粒子等方面的催化效率，为微生物电催化系统在电子垃圾回收、CO₂ 还原等方面的工程化应用奠定了重要理论和技术基础。

16:20-16:40

报告题目：中药大数据资源的开发和应用



陈同（中国中医科学院中药资源中心）

陈同，围绕数据驱动的中药道地性形成和高品质生产研究开展：(1) 中药大数据资源底座的持续建设；(2) 中药大数据资源的智算整合挖掘。以及基于数据库联合开展①中药道地性形成分子机制研究；②高品质中药生产和鉴定；③中药合成生物学研究和中药新资源挖掘等，在 Cell Stem Cell (封面文章), Nucleic Acids Research, Nature communications, Protein & Cell, iMeta 等高水平杂志以第一或通讯作者发表文章十二篇，累积引用 4000 + 次；联合创办 iMeta 期刊(影响因子: 33.2)，现为执行主编。

报告简介：中药资源的复杂性、道地品质特征形成的分子机制不明使得对其进行高品质改良、改造和生物合成缺少有效的靶点，严重制约了中医药的现代化进程。数据的积累和人工智能方法的发展为解决这一问题提供了新的机遇。报告人聚焦“数据驱动的中药道地性及品质形成机制解析和精准调控”，构建全球最大规模的开放中药整合组学数据库、基于大语言模型的智算平台，系统推进中药大数据的规范化收集、智能化挖掘与多维应用，指导了丹参、沉香等中药药效成分调控通路及与微生物的互作机制解析，研究获评“中华中医药学会 2023 年十大学术进展”等。本报告也会探讨如何继续推进中药大数据资源多模态底座建设与计算框架的智能化开发，构建中药道地品质形成调控模型，促进数据驱动的道地药材精准创制与资源可持续开发。

16:40-17:00

报告题目：根际化学信号与作物土传病害适应性微生物群体定向调控



文涛（南京农业大学）

文涛，副研究员，博士，南京农业大学资源与环境科学学院，沈其荣院士土壤有机肥团队。先后主持国家自然科学基金青年基金，中国博士后创新人才支持计划，江苏省青年基金，国家自然科学基金区域创新发展联合基金课题，国家重点研发子课题，农业农村部重大项目子课题等项目。在 Nature Communications, ISME J, Microbiome, Protein&Cell, New Phytologist, iMeta4, Fundamental Research 等期刊上发表了十余篇论文，其中高倍引论 9 篇。开发了 ggClusterNet、EasySigR、EasyMultiOmics 等 R 包，Easyamplicon、Easymetagenome、EasyMetaPro 等组学分析流程。iMeta 期刊青年编委，土壤学会土壤生物和化学专业委员会青年委员。获大北农业科技奖青年科技创新奖，博士后业绩评估 I 档资助等奖励。当前 H 指数为 22，总引用量超过 2700 次。

报告简介：本研究聚焦“根际化学信号—微生物组成—群落功能”因果链，面向土传病害等逆境，构建根系分泌物图谱，解析植物代谢通路的调控机制，揭示群落群体组成功能转折点。基于全球多组学，筛选最小代谢物控制集，建立可预测的定向调控模型，并在多点田间验证抑病与稳产效果。预期形成可复制的“信号配方”策略，为绿色防控与作物适应性提升提供理论与技术支撑。



主持人

陶亮

西湖大学

陶亮，浙江杭州人。西湖大学任特聘研究员、助理教授（准聘）、博士生导师，致力于研究微生物和宿主之间的互作关系和机理，关注从分子微生物、生化、细胞、遗传、组学等多角度研究细菌及其重要组分和产物（毒素、效应蛋白、代谢物等）对宿主功能的影响和作用机制。在基础研究的同时，还从事开发各类细菌衍生物用于科研、医学及商业领域。以第一或通讯作者在 Nature, Science, Cell, Nat Metab, Nat Microbiol, Nat Electron, Nat Commun, Cell Res, Cell Discov 等期刊上发表学术论文四十余篇，申请或授权专利 10 项。

13:30-13:50

报告题目：宿主驱动型真菌耐药



王琳淇（中国科学院微生物研究所）

王琳淇，中国科学院微生物研究所副所长。主持国家杰出青年科学基金、国家重点研发项目等项目。主要从事高感染病死率人类病原真菌的研究。提出"真菌表型耐药"概念，证实其与抗真菌治疗失败密切相关 (Cell Host & Microbe 2024, 亮点研究)；开发出针对表型耐药的新型杀菌策略，在真菌性脑膜炎动物模型中疗效显著优于现有临床方案 (Nat Microbiol 2024a, 新华社报道)；发表首个由我国报道的恶性感染真菌新病原 (Nat Microbiol 2024b, 亮点研究)；发现首例细胞密度驱动的真核（真菌）有性繁殖模式（入选本科规划教材；Nat Microbiol 2018, 头图研究）。

报告简介： Human pathogenic fungi pose a serious threat to human health and safety. Unfortunately, the limited number of antifungal options is exacerbated by the continuous emergence of drug-resistant variants. Recent studies have also highlighted the importance of other modes of fungal survival of antifungal treatment, including fungistatic tolerance and fungicidal phenotypic resistance (fungicide tolerance and persistence), indicating the complexity of the fungal response to antifungal drugs. However, whether fungicide tolerance or persistence can be induced by host-derived factors during fungal diseases remains largely unknown. Through a systematic evaluation of metabolite-drug-fungal interactions in the leading fungal meningitis pathogen, *Cryptococcus neoformans*, we found that brain glucose induces fungal tolerance to amphotericin B (AmB) in mouse brain tissue and patient cerebrospinal fluid via the fungal glucose repression activator Mig1. Mig1-mediated tolerance limits treatment efficacy for cryptococcal meningitis in mice via inhibiting the synthesis of ergosterol, the target of AmB, and promoting the production of inositolphosphorylceramide, which competes with AmB for ergosterol. We also demonstrated that highly AmB-tolerant fungal persister cells can form during cryptococcal lung infections and identified the FDA drug with potent activity against fungal persister cells through a drug repurposing approach.

13:50-14:10

报告题目: 细菌跨界识别真菌的机制



沈锡辉 (西北农林科技大学)

沈锡辉, 西北农林科技大学生命科学院教授、博士生导师, 获国家杰出青年科学基金支持(2017), 入选“万人计划”(2019)、科技部中青年科技创新领军人才推进计划(2018)和陕西省特支计划(2018), 享受国务院政府特殊津贴(2024)。长期从事农业与环境微生物研究, 在微生物信号交流与互作、微生物-环境-宿主相互作用等方面取得了比较突出的进展, 以通讯作者在 Nature Communications、PNAS、ISME J、Current Biology 等期刊发表 SCI 论文 80 余篇, 文章被引 4000 余次, H 指数 39。

报告简介: 微生物跨界互作是驱动生态竞争与协同的关键环节, 而细菌能否解码真菌信号并启动精准靶向防御机制仍是该领域的重要挑战。我们发现, 细菌在面对真菌竞争者威胁时, 通过双组分系统 (TCS) 的组氨酸激酶 RstB 将几丁质信号作为 PAMP 进行识别, 进一步激活经典的 II 型分泌系统 (T2SS) 及其亚型紧密粘附分泌系统 (TadSS), 促进几丁质酶 TscE 和几丁质结合蛋白 TcbP 的分泌, 其中几丁质结合蛋白 TcbP 可以显著增强 TscE 的几丁质酶活, 帮助 TscE 降解几丁质。通过体内和体外细菌-真菌共培养实验证实 T2SS/TadSS/TscE/TcbP 通路可以有效拮抗真菌, 从而增强细菌的生态占位功能。此外, 我们还发现细菌可以通过双组分系统识别真菌群体感应信号分子激活六型分泌系统的表达。这些发现揭示了细菌危险感知和跨界识别通路, 拓展了我们对细菌与真菌相互作用的理解, 同时为真菌病害的防治提供了新思路。

14:10-14:30

报告题目: 结核分枝杆菌与宿主免疫系统间的互作机制



刘翠华 (中国科学院微生物研究所)

主要从事病原感染与宿主免疫研究, 系统揭示了重要病原菌结核分枝杆菌调控宿主免疫系统等进而建立早期感染、维持滞留生存、促进病原致病播散及共病发生的新机制, 为结核病防治提供了基于病原-宿主互作界面的新策略和新靶点。相关成果发表于 Science、Nat Immunol、Mol Cell、Nat Commun 等国际重要期刊, 影响因子合计 568.868, 总他引约 3000 次, H-index 为 32; 申请国家发明专利 27 项, 14 项已获授权。上述工作获得“2024 年度北京市科学技术奖自然科学一等奖”(第一完成人)。

报告简介: 结核分枝杆菌 (Mtb) 与宿主免疫系统间的互动动态调控结核病 (TB) 的发生、发展与转归, 但其精细的动态互作机制仍有待深入阐明。我们近期揭示了 Mtb 效应蛋白劫持宿主线性泛素化修饰系统进而逃逸 NLRP3 胞质免疫监视及细胞焦亡的新机制, 还解析了 TB 肺部肉芽肿慢性感染微环境的免疫特征及其调控机制, 以及结核抵抗者外周血 lncRNA 介导的抗感染训练免疫新机制, 相关研究为 TB 防治提供了基于病原-宿主互作界面的新策略和新靶点。



主持人

刘永鑫

深圳基因组所

刘永鑫, 中国农科院深圳基因组所研究员, iMeta 执行主编。聚焦微生物组方法开发、功能挖掘和科学传播, 在 Nature Biotechnology、Nature Microbiology 等发表论文 80 篇, 被引 27000+次, 入选全球前 2%科学家榜单、国家级青年人才项目。兼任中国微生物组、计算合成生物学专委会委员, 创办 18 万+同行关注的宏基因组公众号, 主编《微生物组实验手册》专著, 发起 iMeta 期刊(IF 33.2), 位列全球前千分之三。兼职为 Cell 子刊、NC、NAR、Microbiome 等期刊审稿 340 余次。

14:30-14:50

报告题目: 分枝杆菌噬菌体: 基础研究与临床潜力



何正国 (武汉大学)

武汉大学弘毅特聘教授、泰康生命医学中心 PI、高致病病毒与生物安全全国重点实验室 PI。长期致力于分枝杆菌基因调控网络及噬菌体合成生物学研究, 是国家杰出青年科学基金获得者、教育部“长江学者”特聘教授、国家“万人计划”科技创新领军人才, 已在包括 Cell Host & Microbe、Sci Adv、Nat Commun、PNAS 等国际杂志发表论文 80 余篇, H 因子 30, 主持国家重点研发计划项目 2 项和国家自然科学基金重点项目 3 项。

报告简介: 介绍分枝杆菌抗噬菌体防御基因岛的发现、工作机制和噬菌体反防御新策略以及分枝杆菌噬菌体在临床结核病治疗方面的应用潜力。

14:50-15:10

报告题目: 环境修复遇见合成生物学



唐鸿志 (上海交通大学)

上海交大学生命科学技术学院/微生物代谢国家重点实验室长聘教授、博士生导师, 副院长。微生物代谢国家重点实验室副主任。国家重点研发计划-特殊环境微生物底盘细胞的设计与构建-首席科学家。曾获得国家自然科学基金委“优秀青年基金”、上海市“优秀学术带头人”、上海市“曙光学者”、上海市“青年科技启明星”。以第一或通讯作者在 Nature 等重要刊物发表论文 70 余篇, 于 2022 年获得教育部技术发明二等奖。

报告简介: 随着经济的快速发展, 难降解污染物造成的环境问题日益明显; 事实上, 这些都是中国面临的重大紧迫挑战, 必须加以解决。微生物是环境有害物降解的重要驱动力, 微生物降解机制的解析具有重要意义。团队突破了自然进化的局限性, 构建了能够降解包括高环芳烃和二恶英在内的污染物的微生物。此外, 还研究了开发一种反应灵敏、自限、高效的智能人工降解系统, 该系统可用于从无数环境源中鉴定出的遗传资源。

15:10-15:40

茶歇



主持人
唐鸿志
上海交大

上海交通大学生命科学技术学院/微生物代谢国家重点实验室长聘教授、博士生导师，副院长。微生物代谢国家重点实验室副主任。国家重点研发计划-特殊环境微生物底盘细胞的设计与构建-首席科学家。曾获得国家自然科学基金委“优秀青年基金”、上海市“优秀学术带头人”、上海市“曙光学者”、上海市“青年科技启明星”。以第一或通讯作者在 Nature 等重要刊物发表论文 70 余篇，于 2022 年获得教育部技术发明二等奖。

15:40-16:00

报告题目: 口腔变形链球菌中的生物活性分子研究



陈义华研究员，中国科学院微生物研究所，微生物资源与生物技术研究室主任，中国科学院大学岗位教授，杰青。主要从事微生物药物生物合成机制和人体微生物活性代谢产物的研究，在解析与重构新颖代谢通路的基础上，通过定向挖掘和合成生物学手段获取新结构活性分子，促进药物研发。在 Science, Nature Catalysis 等期刊发表研究论文 80 余篇。现任中国微生物学会常务理事、中国遗传学会微生物遗传专业委员会委员。

陈义华（中国科学院微生物研究所）

报告简介: 变形链球菌几乎存在于每个人的口腔中，是龋齿的主要致病菌之一。我们发现变形链球菌次级代谢与龋齿形成关系密切。为了理解相关机制，我们将变形链球菌中的聚酮、非核糖体肽和二者杂合类次级代谢产物基因簇分成了八种类型，并致力于获取相关的次级代谢基因簇的产物，解析其生物合成机制和活性，评价它们的活性，并系统地评估它们在与其它微生物和口腔环境互作中的作用，以及促进龋齿形成的机制。

16:00-16:20

报告题目: (DBTL 与 LDBA) 维生素的生物合成与智造



张大伟，博士，研究员，国家杰青，2012 年回国任职于中国科学院天津工业生物技术研究所，现任副所长，长期从事维生素生物合成技术与蛋白表达与合成领域研究，在 Nature Chem Eng. Nature Comm 等国际著名期刊共发表文章 110 余篇，获授权 50 余件。多项技术成果已在企业应用，取得了显著经济效益和社会效益。获 2020 年天津市科技进步一等奖（排名第一），2020 年中国轻工业联合会科技进步二等奖（排名第一）等奖项。

张大伟（中国科学院天津工业生物技术研究所）

报告简介: 维生素在医药，食品，饲料等领域广泛应用。随着合成生物技术的发展，多个品种的维生素合成技术在不断进步。本报告将以几个维生素品种为例，在合成生物学系统研究方法“设计—构建—测试—学习 (DBTL)”与“学习—设计—构建—应用 (LDBA)”的策略下，推动了化学合成向生物合成的转变，促进了维生素从天然菌种“传统制造”过程走向更具设计性、智能化的人工菌种与人工体系的“人工智造”过程转变，为了医药与食品合成生物技术发展提供了优秀的经典案例。

16:20-16:40

报告题目：长新冠：从动物模型获得的新见解



陈福和 (香港大学)

陈福和，医学博士，现为香港大学李嘉诚医学院助理院长(环球拓展)，微生物学系副系主任及临床教授，香港大学深圳医院感染性疾病医学部教研室主任及顾问医生，及香港玛丽医院微生物科名誉顾问医生。于 2022 年和 2024 年分别当选为美国感染及传染病学会院士和香港青年科学院院士。陈教授的主要研究方向为有全球大流行潜力的新兴病毒感染及与亚洲有特别相关性的新发传染病的诊断、治疗和防控。直至 2025 年 7 月为止，他已在国际同行评审学术刊物上发表 350 余篇论文，包括以第一或通讯作者(含共同)身份在 The Lancet, Science 和 Nature 等期刊上发表数篇论文。他连续多年被科睿唯安列为“全球高被引学者”(“微生物学”和“免疫学”双领域)(2021 年至今)以及“全球被引用最多的 1%学者”(2015 年至今)(Scopus: h-index 87, 被引用次数 >44,500)。陈教授曾担任不同国际组织的专家成员或大使，包括世界卫生组织专注于 2019 冠状病毒病建模的特设专家组和美国微生物学会的青年科学大使。他现为 Clinical Microbiology Reviews, American Journal of Transplantation, Open Forum Infectious Diseases, Virologica Sinica, Journal of Medical Virology 和 Microbes & Immunity 等国际期刊的副主编或编辑顾问委员会成员。陈教授和他的团队在 2020 年 1 月报告了全球首个新冠病毒家族聚集性感染病例，证实了病毒人传人的情况，推动了全球大流行防控政策的重大变化。该论文被 The Lancet 选为创刊 200 年来 34 篇“突破性论文”之一及入选中国医学科学院发布的《中国 2020 年度重要医学进展》。他的团队亦建立了全球首个新冠叙利亚仓鼠模型，该模型现已成为冠状病毒感染研究中最常用的动物模型之一。

报告简介：有别于迅速控制的 SARS 疫情和 MERS-CoV 在中东地区的遏制，SARS-CoV-2 的全球持续传播让我们认识到冠状病毒感染可能导致长期综合征。我国一项大规模调查结果表明，初次感染后长新冠症状的患病率约为 10-20%，多次感染后患病率可能更高。在本报告中，我们将讨论有关长新冠的最新研究结果，特别是其潜在的临床并发症、发病机制和治疗策略。



主持人

刘畅 (山东大学)

刘畅, 山东大学微生物改造技术全国重点实验室教授, 博士生导师, 国家优秀、山东省优秀, 主要从事肠道微生物培养组学与肠源新功能菌挖掘与机制研究。相关工作以一作/通讯 (含共同) 在 Nature Microbiology, Nature Metabolism, Nature Communications 等杂志, h-index 23。

16:40-17:00

报告题目: 微生物组基因“暗物质”功能预测



张艳聪, 中国农业科学院农业基因组研究所, 博士生导师, 国家海外高层次青年人才。2017 年博士毕业于北京师范大学, 2018 年起在哈佛大学从事博士后研究, 2022 年起任职于 Broad Institute of MIT and Harvard 担任 Research Scientist, 2025 年加入基因组所任研究员、博士生导师。长期从事微生物组数据挖掘与功能解析研究, 在 Nature、Nature Medicine 等国际权威期刊发表 SCI 论文 20 余篇, 总影响因子超过 450, 论文总被引 6200 余次。

张艳聪 (中国农业科学院农业基因组研究所)

报告简介: 变形链球菌几乎存在于每个人的口腔中, 是龋齿的主要致病菌之一。我们发现变形链球菌次级代谢与龋齿形成关系密切。为了理解相关机制, 我们将变形链球菌中的聚酮、非核糖体肽和二者杂合类次级代谢产物基因簇分成了八种类型, 并致力于获取相关的次级代谢基因簇的产物, 解析其生物合成机制和活性, 评价它们的活性, 并系统地评估它们在与其它微生物和口腔环境互作中的作用, 以及促进龋齿形成的机制。

17:00-17:20

报告题目: 系统共培养揭示人肠道细菌的互作图谱



教授、博士生导师; 海外引进高层次人才。研究主要方向是肠道菌群精细调控与人体健康。通过队列分析与实验结合, 发现基于肠道微生态的疾病、预后标志和治疗靶点; 利用噬菌体或小分子物质对特定肠道细菌精准调控, 以达到改善微生态、改善和治疗疾病之目的。截止 2025 年 7 月, 以主要作者 (通讯或第一) 身份在 Science、Gut、Cell Host & Microbe、Nature Microbiology 等杂志发表文章 80 多篇。引用 7700 多次, H-因子 37。

陈卫华 (华中科技大学)

报告简介: 解析人类肠道细菌互作网络及其对宿主健康的贡献至关重要, 然而当前针对肠道微生物组内细菌互作的大规模实验研究仍较匮乏。本研究选取 113 株中国健康志愿者来源、高丰度且功能代表性强的肠道细菌菌株, 采用可维持群落结构的 mGAM 琼脂平板培养基, 构建了包含 3233 对可培养肠道细菌组合的“PairInteraX”数据集, 并系统分析其互作模式及关键影响因素。研究发现, 该数据集中细菌负互作关系占主导地位; 结合体内肠道宏基因组数据进一步分析表明, 随着微生物丰度升高, 菌群间共生关系减弱而竞争关系增强; 维持群落多样性需要多种互作类型 (尤其是负互作) 的共同参与, 其中微生物代谢能力与运动性是关键驱动因素。本研究为合成菌群的理性设计及基于此的疾病干预策略提供了重要的理论与实验依据。

17:20-17:40

报告题目：三代测序技术助力基因异构体的精准定量



王定杰 (武汉大学)

王定杰，武汉大学武汉数学与智能研究院研究员、博士生导师，国家海外高层次青年人才项目入选者。2019 年于武汉大学获理学博士学位，随后在美国俄亥俄州立大学和密歇根大学安娜堡分校从事博士后研究近五年（2019-2024）。加入武汉大学前，曾任香港理工大学应用数学系研究员。长期从事数学、机器学习与生物医学的交叉研究，工作涉及生物信息学、计算系统生物学、机器学习与大数据分析等领域。在高通量测序数据的数学建模与算法开发、复杂疾病的海量数据整合、多尺度建模及优化控制等方面开展了系列研究工作。相关成果以第一作者或共同第一作者发表于 Nature Biotechnology, Nature Methods, Nature Communications, SIAM Journal on Applied Mathematics, Chaos, Information Sciences, Applied Mathematical Modelling 等国际知名学术期刊。受邀在宾夕法尼亚大学沃顿商学院、欧洲长读长转录组协会等国际重要学术机构汇报研究成果。现任期刊 iMeta (2025 IF=33.2) 青年编委，并担任 Nature Biotechnology, Genome Biology, Bioinformatics, Artificial Intelligence Review 等多个国际期刊的审稿人。

报告简介： Gene isoforms are widely prevalent and play essential roles, particularly in stem cell biology and developmental biology. Although Next Generation Sequencing (NGS) has significantly advanced transcriptome characterization, the accurate quantification of gene isoforms remains a major challenge. Recent improvements in long-read sequencing technologies have provided richer and more reliable data, offering clearer read alignments and deeper transcriptomic insights. These advancements are critical for addressing the complex and unresolved problems in transcriptome analysis. In this talk, we begin by presenting our recent work with the LRGASP Consortium project (Nature Methods, 21:1349–1363, 2024), which systematically evaluates diverse strategies for transcript identification and quantification. We discuss both the advantages and the limitations of current methodologies in transcriptome research. We then introduce miniQuant, a novel bioinformatics tool (Nature Biotechnology, 10.1038/s41587-025-02633-9, 2025), which integrates short- and long-read data using a machine learning-based model to enhance the accuracy of isoform quantification. Notably, we establish the first mathematical framework to characterize the contribution of long reads to quantitative transcriptome analysis. Together, these efforts offer a robust bioinformatics platform that significantly advances our ability to analyze gene isoforms within complex biological and biomedical systems.



主持人
金双侠
华中农大

华中农业大学二级教授，植物科学技术学院院长，国家杰青、教育部青年长江学者。研究方向：棉花生物技术（遗传转化，合成生物学、基因编辑），棉花与害虫分子互作，高等植物基因组进化。在 *Nature Genetics*, *Nature Communications*, *Genome Biology*, *Advanced Science*, *Trends in Plant Science* 等杂志发表论文 100 多篇，12 篇论文入选高被引、热点论文，论文引用 8900 多次，H 指数 51。担任 *Plant Biotechnology Journal* (IF:10.5) 执行主编，*Genome Biology* (IF:9.4) 编委，*Crop Journal* (IF:5.6) 副主编。

13:30-13:50

报告题目：蓝光受体在黑暗和蓝光下的不同功能



刘宏涛（深圳大学）

刘宏涛，深圳大学生命与海洋科学学院，教授，博导，院长。植物生理与分子生物学学会女科学家分会会长。国家基金委“杰出青年基金”、“优秀青年基金”，国家“万人计划”科技创新领军人才等获得者。主持国家重点研发项目等。围绕“光信号调控植物发育可塑性”这一科学问题开展了系统性研究，取得了一系列研究成果。相关研究成果以通讯作者发表在 *Cell*, *Cell Host & Microbe*, *Developmental Cell*, *Nature Plants*, *Nature Structure & Molecular Biology*, *Nature Communications* 等。

报告简介：光不仅是植物光合作用的能量来源，同时作为最重要的环境信号调控植物发育。蓝光受体隐花素 CRYs 介导蓝光调控植物伸长、开花等发育过程。关于 CRYs 的研究以往都聚焦于 CRYs 的“蓝光激发”原理以及 CRYs “蓝光依赖”的功能活性，那么 CRYs 在“黑暗中”或者“非蓝光激活状态”是否具有调控植物生长发育功能？我们最近的研究发现拟南芥蓝光受体 CRY2 在黑暗中居然调控了细胞分裂，光合作用等多个重要生命过程相关的众多基因表达。首次系统的回答拟南芥蓝光受体 CRY2 在未接收蓝光光子的非光激发态是否具有功能活性的问题，揭示了 CRYs 不仅具有可以被蓝光信号“打开”的“蓝光依赖”的功能活性，还具有可以被蓝光信号“关闭”的“黑暗依赖”的功能活性。

13:50-14:10

报告题目：小麦条锈病灾变机制与绿色防控



王晓杰（西北农林科技大学）

长期致力于小麦条锈病绿色防控的理论和技术研究。发现了全球首个被病菌操纵的小麦感病基因，在国际顶级期刊 *Cell* 发表，原创性重大成果开辟了作物抗病育种新途径，入选“2023 中国农业科学十大进展”；揭示了小麦条锈菌致病机制，阐明了病菌传播路径，创建了小麦条锈病“压延阻”控菌源、延变异、阻传播绿色防控技术，构建了小麦条锈病跨区域全周期绿色防控技术体系，入选农业农村部农业主推技术 2 项。入选全国农业主推技术 2 项、2023 中国农业科学十大重大进展；获教育部自然科学一等奖、陕西高等学校科学技术研究优秀成果特等奖等。获国家杰出青年基金，万人计划领军人才、教育部青年长江学者、国家优秀青年基金等。

报告简介：待定。

14:10-14:30

报告题目: 柑橘枝刺模式研究系统



张飞 (华中农业大学)

国家杰出青年科学基金获得者 (2024)、国家级青年人才项目获得者 (2021), 担任 PNAS、Current Biology、Plant Cell 等期刊审稿人。本科和博士均毕业于上海交通大学, 先后在加州大学河滨分校 (联合培养)、俄克拉荷马州立大学、哈佛大学、耶鲁大学等海外高校学习和工作逾 11 年。2021 年 4 月加入华中农业大学, 建立植物功能基因组学实验室。研究聚焦植物器官形成和发育的分子调控机理, 近年来破解了柑橘油胞和枝刺发育之谜, 研究成果发表在 Science、Current Biology 等国际知名期刊。

报告简介: 柑橘是世界第一大水果, 也是重要的经济作物。柑橘枝刺具有独特的生物学特性: 作为变态枝条, 顶部木质化, 呈现茎分生组织有限发育特征; 同时具有"基部有油胞、顶部无油胞"的特点, 是研究油胞发育的理想材料。本研究以枝刺为模式系统, 通过遗传定位和基因编辑技术, 鉴定了调控茎分生组织发育、器官分化及油胞形成的关键基因, 揭示了相关分子机制。该研究为柑橘性状改良提供了理论依据, 也为木本果树功能基因组学研究开辟了新途径。



主持人
文涛
南京农业大学

文涛, 副研究员, 博士, 南京农业大学资源与环境科学学院, 沈其荣院士土壤有机肥团队。先后主持国家自然科学基金青年基金, 中国博士后创新人才支持计划, 江苏省青年基金, 国家自然科学基金区域创新发展联合基金课题, 国家重点研发子课题, 农业农村部重大项目子课题等项目。在 Nature Communications, ISME J, Microbiome 等期刊上发表了十余篇论文, 其中高倍引论 9 篇。开发了 ggClusterNet、EasySigR、EasyMultiOmics 等 R 包, Easyamplicon、Easymetagenome、EasyMetaPro 等组学分析流程。iMeta 期刊青年编委, 土壤学会土壤生物和化学专业委员会青年委员。获大北农科技奖青年科技创新奖, 博士后业绩评估 I 档资助等奖励。当前 H 指数为 22, 总引用量超过 2700 次。

14:30-14:50

报告题目: 梨基因组与品质性状遗传基础研究



吴俊 (南京农业大学)

长期从事梨基因组和遗传变异、种质资源评价和利用、重要品质性状功能基因挖掘、分子育种技术创新和新品种创制方面工作。以第一或通讯作者 (含共同) 在 Nature Genetics 等主流期刊发表 SCI 论文 90 多篇; 以第一完成人获教育部自然科学一等奖 1 项, 并作为主要完成人获国家科技进步二等奖、教育部技术发明一等奖等国家及省部级科技奖励共 8 项。获国家杰出青年科学基金、国家万人计划、第十七届中国青年女科学家奖、第十三届中国青年科技奖等人才计划和荣誉。

报告简介: With the developmeng of genome sequencing technologies, an increasing number of high-quality pear genome assemblies have been completed, including T2T and haplotype genomes. These platform lay a strong foundation for uncovering the key genes that shape fruit quality of pear. Stone cells and anthocyanins are two key traits that characterize pear fruit quality. They respectively affect the fruit's texture and color, and significantly influence the market value and consumer acceptance of pear. Here, we conducted multi-omics studies such as GWAS and eQTL analysis, identifying key genes related to stone cell formation, including PbrSTONE and PbrNSC. These genes are involved in regulating the synthesis of stone cells, and their regulatory mechanisms were validated through in vitro molecular experiments. Additionally, through QTL mapping and BSA analysis of F1 population in pear, we identified the important transcription factors, MYB114 and BBX24, which regulate the anthocyanin synthesis and promote red coloration of pear skin. In summary, the high quality pear genome were assembled, and fruit quality-related genes were identified through multi-omics studies, which has deepened our understanding of the genetic mechanisms behind the complex fruit related traits. The work has also provided valuable genetic resources and potential targets for fruit quality improving in pear breeding.

14:50-15:10

报告题目: 小麦抗病基因发掘与品种精准设计



刘志勇 (中国科学院遗传与发育生物学研究所)

中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员, 植物免疫团队首席科学家, 中国科学院大学岗位教师, 博士生导师, 国家杰出青年科学基金获得者。研究团队目前从事小麦基因组学和遗传育种研究, 主要利用遗传学和基因组学手段解析小麦抗病性和重要农艺性状形成的遗传学基础, 发掘小麦野生种、地方品种和育成品种中抗病基因和重要农艺性状基因/QTL 及其优异等位变异, 进行面向我国小麦主产区的多抗高产种质创新和新品种培育。图位克隆了多个小麦抗白粉病、条锈病、叶锈病、病毒病基因, 研究成果发表在 Science、Nature Genetics、Nature Communications、Molecular Plant、New Phytologist、Plant Biotechnology Journal 等杂志。

报告简介: 小麦高产持久多抗品种的设计需要持续不断发掘有效的抗病基因和育种模块。过去几年来, 我们图位克隆了小麦抗白粉病基因 Pm5e、Pm24、Pm26、Pm36、Pm41 和 Pm52, 抗条锈病基因 YrTD121, 叶锈病基因 Lr13、杂交坏死基因 Ne1 和 Ne2, 抗大麦条纹花叶病毒基因 BSR1。应用分子标记辅助选择与常规育种有机结合, 在高产遗传背景中聚合多个抗不同病害的抗病基因, 实现了高产、抗病与持久多抗新种质与新品系的精准设计与创制。

15:10-15:40

茶歇



主持人
陶永富
基因组所

陶永富, 研究员, 博士生导师。2009 年本科毕业于吉林大学, 2014 年获得中国农业大学作物遗传育种博士学位。2014 至 2022 在澳大利亚昆士兰大学从高粱遗传育种工作、先后任职博士后和研究员。2023 年入职中国农科院深圳农业基因组研究所, 获得国家级青年人才支持。迄今已在国际学术期刊发表论文 20 余篇, 其中近五年以第一作者或共同第一作者在 Nature Plants、Nature Communications、Molecular Plant、Trends in Plant Science、Plant Biotechnology Journal、Plant Journal 等期刊上发表论文十多篇。

15:40-16:00

报告题目: 苹果抗逆基因挖掘与利用



管清美 (西北农林科技大学)

管清美, 西北农林科技大学园艺学院院长, 二级教授。作物抗逆与高效生产全国重点实验室副主任。入选中组部青年人才计划, 主持国家自然科学基金杰出青年基金、优秀青年基金、科技部重点研发计划等项目, 主要从事苹果抗逆分子机制及分子育种工作, 以第一作者或通讯作者在 Nature Genetics、Developmental Cell、Plant Cell 等学术期刊上发表 SCI 论文 70 余篇。获中国青年女科学家奖。

报告简介: 西北黄土高原产区是我国苹果的最大产区和最佳产区。然而, 由于缺乏抗逆品种, 干旱、冻害等非生物逆境是限制本地区苹果产业发展的重要环境因素。尤其近年来全球气候变化加剧, 灾害天气频发, 致使苹果品质大幅下降、产量严重受损。因此, 培育抗逆性强的优质苹果品种是应对全球气候变化最经济有效和环境友好的措施。然而, 苹果童期长、自交不亲和, 传统杂交育种耗时长, 育种效率偏低。因此, 利用分子育种策略创制苹果抗逆新材料, 是苹果产业发展的迫切需求。本研究利用反向遗传学、正向遗传学, 筛选到苹果抗旱、耐寒相关的基因, 并解析了其作用机制, 开发了相关分子标记, 通过分子育种进行了种质创制, 获得了抗逆矮化砧木新材料。研究结果为苹果抗逆育种提供了基因资源及材料基础。

16:00-16:20

报告题目: 微管蛋白相变介导的水稻 BR 信号新机制



童红宁 (中国农业科学院作物科学研究所)

研究员, 现任“水稻优异种质资源发掘与创新利用”创新团队首席科学家。先后获国家优青、杰青项目资助, 入选中国农科院领军人才、科技部中青年科技创新领军人才、农业农村部神农青年英才。主要从事水稻产量和抗性受植物激素调控的分子遗传机制解析, 并开展高产稳产分子设计, 以通讯或第一作者在 Science 等期刊发表论文 30 余篇, h 指数 30。

报告简介: 植物激素油菜素甾醇 (BRs) 调控诸多重要育种性状, 对作物改良具有很重要潜力。我们发现水稻中 BR 信号核心抑制激酶的 GSK2, 通过磷酸化 GSP9 第 244 位丝氨酸 (S244) 破坏其与微管的结合; 而去磷酸化的 GSP9 会在微管上通过相分离形成凝聚体并捕获 OsMADS1, 阻止其向细胞核转位。这条 BR-GSK2-GSP9-OsMADS1 信号轴调控水稻籽粒形态和品质。此外, 我们在 GSP9 中发现了一个禾本科植物特有的 V 位点, 该位点对其微管结合能力至关重要, 表明 GSP9 可能介导了一条禾本科特有的 BR 信号新途径。

16:20-16:40

报告题目: 苜蓿基因资源挖掘与遗传改良



林浩 (中国农业科学院生物技术研究所)

林浩, 中国农业科学院生物技术研究所研究员, 国家杰出青年科学基金获得者。长期从事苜蓿等饲草作物基因资源挖掘与遗传改良研究, 主持承担国家重点研发计划等国家级课题 10 余项, 发表研究论文 30 余篇, 获授权国家发明专利 15 项, 参与育成国审、省审饲草新品种 2 个。现任中国草学会草业生物技术委员会主任委员、中国农业科学院饲草作物功能基因组创新团队首席科学家, 担任 Grass Research 等期刊副主编。

报告简介: 介绍新时期苜蓿种业发展需求, 分析苜蓿生物学特性与育种瓶颈, 汇报苜蓿基因挖掘与育种技术开发进展。



主持人

林秋鹏

华南农大

林秋鹏, 华南农业大学教授, 博士生导师, 作物信息与基因工程系副主任。主持国家自然科学基金优秀青年科学基金、国家重点研发计划课题等。研究主要围绕高效安全的精准基因编辑体系开发及其农医应用研究开展工作。近年来以第一作者(含共同)身份在 Cell、Nature Biotechnology (四篇)、Nature Protocols、Molecular Cell 等国际权威杂志发表 SCI 论文 10 篇。

16:40-17:00

报告题目: 玉米产量性状遗传学基础



宋伟彬 (中国农业大学)

主要从事玉米优异基因资源挖掘与生物育种等方面的工作, 克隆了玉米单倍体诱导新基因 ZmPLD3, 能够大幅提升单倍体诱导效率; 鉴定出一系列玉米籽粒灌浆调控新基因, 并构建籽粒灌浆遗传调控网络。先后主持国家自然科学基金项目 5 项, 担任十三五、十四五国家重点研发计划的重要农艺性状基因克隆、高产多抗玉米种质资源鉴定课题的任务负责人。近年来, 以第一或通讯作者在 Nature Genetics、Nature Communications、Nature Plants 等国际主流学术期刊发表论文 20 余篇。

报告简介: 玉米作为我国第一大粮食作物, 对保障国家粮食安全至关重要。然而我国玉米单产增益与美国相比存在巨大差距, 约为美国的 60%, 主要原因是玉米种质资源遗传基础狭窄、重大育种价值基因匮乏、育种技术创新与集成水平低等。团队围绕这些问题开展相关研究, 鉴定出多个玉米籽粒灌浆相关基因和玉米穗行数调控新基因。

17:00-17:20

报告题目: 植物低氧感知与信号转导的分子机理



肖仕 (中山大学)

肖仕, 中山大学农业与生物技术学院教授、院长、全国重点实验室副主任, “国家杰出青年科学基金项目”获得者 (2017 年), 入选“国家海外高层次人才计划青年项目” (2012 年) 和国家“万人计划”科技创新领军人才 (2019 年)。主要从事植物低氧感知与信号转导、植物细胞自噬发生等方面研究。研究成果在国际权威期刊上发表 SCI 论文 80 余篇, 其中热点论文和高被引论文 10 篇, 论文总被引 8000 余次; 发表著作章节和评述 10 篇, 获美国和中国授权专利 10 项。

报告简介: 近年来, 报告人课题组发现多个植物脂信号分子通过与 ERF-VII 转录因子互作, 介导该转录因子稳定性和亚细胞定位, 参与植物低氧信号转导的分子机制; 揭示了钙信号通过多个钙依赖激酶的解码与核质穿梭, 从而调控植物低氧感知的功能与分子机理。

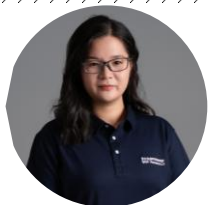


主持人
白德凤
基因组所

本人博士毕业于中国科学院动物研究所，目前研究方向为微生物组方法开发和应用，近 5 年以第一作者（含共同）在 iMeta 和 Landscape Ecology 等期刊发表 SCI 论文 6 篇，累积影响因子超过 110，单篇最高影响因子 33.2。代表作 EasyMetagenome, MicrobiomeStatPlots 等被数千同行广泛使用。H 指数 8，被引超 270 次。

9:00-9:30

报告题目：单细胞时空组学解析无菌小鼠微生物-宿主互作的广谱性和异质性



沈娟（华大生命科学研究院）

沈娟，哥本哈根大学在读博士，盐田区梧桐人才及科研人才。研究方向聚焦于菌群 - 宿主互作及心血管疾病等领域的数据挖掘，尤其专注于个性化分析算法在微生物学、医学、3D 发育学等跨学科领域的应用探索。近 2 年以共同第一作者身份在《Cell》《Circulation》《Signal Transduction and Targeted Therapy》《iMeta》《National Science Review》等国际知名期刊发表论文 5 篇（影响因子均 > 15），并作为核心骨干参与两项国家“十四五”重点研发计划项目。

报告简介：本研究结合空间转录组学、单细胞 RNA 测序及靶向胆汁酸代谢组学，对比无菌（GF）与无特定病原体（SPF）小鼠多器官差异，系统解析肠道菌群缺失的多系统影响。结果显示，菌群缺失导致免疫细胞异常（如骨髓中性粒细胞早凋亡、胸腺 T 细胞分化受损等），改变肠上皮分区及吸收功能，且显著重塑胆汁酸谱（替代合成途径占优）。此外，肝脏免疫细胞空间分区及 ZBTB20-LPL 轴调控的脂代谢分区均受菌群调控，后者为维持血浆脂质稳态的关键机制。

9:30-10:00

报告题目：纳米孔测序在基因组与转录调控研究中的应用：进展、方法与挑战



陈虎（武汉贝纳基因）

2011 年毕业于中国科学院武汉植物园。主导和参与了超长 DNA 测序，Direct RNA 测序，全长 LncRNA 测序，Isoform 定量转录组，Tail Iso-seq，单细胞/空间全长转录组等产品的开发和优化。参与多篇 T2T 基因组，Direct RNA 测序文章的发表。先后在华大基因、诺禾致源和贝纳基因工作。有 10 多年的高通量测序、蛋白质组和代谢组的工作经验。

报告简介：1 纳米孔测序介绍；2 超长和 T2T 基因组，基因组组装需要长序列跨越重复序列，以达到更长连续的 Contig。超长序列（100Kb 以上）可跨越高重复的区域，使染色体达到 T2T 的水平，进一步完成 T2T 基因组组装；3 长读长在 cDNA 研究中的应用，包括全长转录组和 Isoform 定量，Poly(A)尾长度分析，没有 Poly(A)尾的 RNA 全长测序，单细胞和空间全长转录组分析；4 RNA 直接测序和 RNA 修饰。

10:00-10:30

茶歇

生物技术专场

主持人：白德凤、朱志豪

会场 1: 行政楼报告厅 8 月 25 日 (周一) 上午 9:00-12:00



主持人

朱志豪

广东医科大学

硕博毕业于华中农业大学，致力于基因组学解析食源性病原菌的流行传播规律，博士后研究方向为长寿老人肠道功能菌株挖掘。以第一作者(含共同)发表 IJMS、Microbiology Spectrum 等 SCI 论文 5 篇，单篇最高引 55 次，h 指数为 6。

10:30-11:00

报告题目：人工智能在基因组育种中的研究与应用

////////////////////////////////////



梁齐齐（北京百奥华兴）

报告简介：最新的多组学和多模态人工智能模型在基因元件和表型预测中的研究进展，并介绍公司发表的 2 款被广泛应用的智能育种模型和平台。

11:00-11:30

报告题目：活菌药物循证研究的精准纪元：面向溃疡性结肠炎的功能解码与药物研发



张丽珊（厦门承葛生物科技有限公司）

报告简介：活菌药物研发已进入以菌株特异性、分子机制阐明和患者分层为特征的新阶段。本研究以溃疡性结肠炎为模型，系统阐述了从菌株资源库建立、功能机制研究到活菌药物开发的全链条创新体系。构建"菌株-分子机制-生物标志物-临床应用"的完整证据链，本研究证实了基于微生物组的精准干预策略在溃疡性结肠炎治疗中的重要作用。

11:30-12:00

报告题目：EasyMetagenome: 友好且灵活的宏基因组分析流程



白德凤（中国农业农科院农业基因组研究所）

报告简介：在宏基因组学研究领域，鸟枪法测序已成为一项核心技术，使研究人员能够以高分辨率从分类和功能层面深入解析微生物群落。这一方法为揭示微生物的多样性、相互作用及其在健康与疾病中的作用提供了重要见解。然而，数据处理的复杂性和研究结果的可重复性仍是学术界面临的主要挑战。为此，我们开发了易宏基因组(EasyMetagenome)，一个用户友好的分析流程，支持多种分析方法，包括质量控制与宿主序列去除、基于读长、组装和分箱的方法，以及高级基因组分析功能。该流程提供了用户可自定义的设置、丰富的数据可视化功能，以及详细的参数说明，确保其能够灵活应对不同场景数据处理的需求。展望未来，我们将致力于解决宿主污染问题，优化适配三代测序数据的工作流程，并整合深度学习和网络分析等前沿技术，以进一步提升对微生物组研究的洞察力和数据准确性。易宏基因组可在 <https://github.com/YongxinLiu/EasyMetagenome> 免费获取。

生物医药

会场 2: 药学院 Y102 8月25日(周一) 上午 9:00-12:15

主持人: 胡海明、倪艳、
刘志鹏、王春莉



主持人
胡海明
湖北中医药大学

胡海明, 男, 副教授, 硕士生导师。现任湖北省细胞外囊泡学会理事, 湖北省科学技术厅专家库专家, Food & Medicine Homology 杂志青年编委等。从事中药药理、肠道微生物与药物代谢相关研究。主持国家自然科学基金项目和省部级科研项目 4 项, 主持厅局级课题 3 项。参与国家重点研发计划等国家级课题 4 项、省部级课题 5 项。在 Carbohydr Polym、Food Science and Human Wellness、International Journal of Biological Macromolecules 等知名期刊发表 SCI 论文 30 余篇, H-index 为 14。编写学术专著 3 部, 申请国家发明专利 9 项。

8:45-9:00

报告题目: 母乳益生菌改善食物过敏的研究前沿与进展



王进 (东南大学)

王进, 现任东南大学青年首席教授、公共卫生学院副院长、环境医学工程教育部重点实验室副主任、食品安全与精准营养国际联合中心主任, 入选国家海外优秀青年人才项目、全球前 2% 顶尖科学家、2024 年 Wiley 中国高贡献作者、科技部青年首席科学家、食品届青年科学家奖、江苏科技智库青年人才、仲英青年学者等。主要从事食物过敏与免疫治疗、精准营养、医工交叉领域等研究。主持国家自然科学基金优秀青年基金(海外)、国家重点研发计划“青年科学家项目”等项目 10 余项。

报告简介: “健康中国 2030 规划”等国家重大战略中均高度重视食品安全问题。食品过敏属于重大的食品安全问题之一, 严重影响人体健康。联合国粮农组织(FAO)报告指出, 全球有 3%-10% 的人口对食物过敏。随着环境和人们饮食变化, 以及抗生素药物的使用等因素影响, 近年来食物过敏人群数量快速递增, 已成为全球性的公共卫生问题, 迫切需要解决。团队前期从健康的母乳中分离提取了母乳益生菌, 研究发现有效的改善食物过敏的症状, 并通过代谢组学、转录组学、基因组学等多组学的技术, 从细胞-动物-人群多维度揭示母乳益生菌改善食物过敏的机制。

9:00-9:15

报告题目: 普拉梭菌源丁酸介导 GAPDH 乳酸化与丁酰化动态平衡调控主动脉瓣膜钙化的机制研究



王春莉 (湖北中医药大学)

王春莉, 湖北中医药大学副教授, 入选湖北省高层次人才项目。主要从事生物力学、生物力药理学等研究工作, 在心血管病、骨骼肌系统、肿瘤的发病机制与药物治疗等方面取得了丰硕的成果。迄今, 以第一/通讯作者在 *European Heart Journal*, *Imeta*, *Advanced Science* 等杂志发表 SCI 论文 50 余篇, 其中 ESI 高被引论文 6 篇; H 指数 27, 引用 2000 余次; 授权专利 3 项; 主持/参与国家自然科学基金等各类项目 30 余项。

报告简介: The involvement of gut microbiota in calcific aortic valve disease (CAVD) pathogenesis remains underexplored. Here, we provide evidence for a strong association between the gut microbiota and CAVD development. ApoE^{-/-} mice were stratified into easy- and difficult- to calcify groups using neural network and cluster analyses, and subsequent faecal transplantation and dirty cage sharing experiments demonstrated that the microbiota from difficult-to- calcify mice significantly ameliorated CAVD. 16S rRNA sequencing revealed that reduced abundance of *Faecalibacterium prausnitzii* (*F. prausnitzii*) was significantly associated with increased calcification severity. Association analysis identified *F. prausnitzii*-derived butyric acid as a key anti-calcific metabolite. Functional experiments showed that butyric acid effectively hindered osteogenic differentiation in human aortic valve interstitial cells (hVICs) and attenuated CAVD progression in mice. Isotope labeling and ¹³C flux analyses confirmed that butyric acid produced in the intestine can reach heart tissue, where it reshapes glycolysis by specifically modifying GAPDH. Mechanistically, butyric acid-induced butyrylation (Kbu) at lysine 263 of GAPDH competitively inhibited lactylation (Kla) at the same site, thereby counteracting glycolysis-driven calcification. These findings uncover a novel mechanism through which *F. prausnitzii* and its metabolite butyric acid contribute to the preservation of valve function in CAVD.

9:15-9:30

报告题目: DNA 羟甲基化时钟的失灵: TET3-5hmC 轴驱动衰老进展的机制



党延启 (上海中医药大学)

理学博士, 中西医结合博士后, 上海中医药大学附属龙华医院, 副研究员, 硕士生导师, 加拿大渥太华大学访问学者, 主要研究方向是表观遗传学在代谢性疾病及肿瘤发生中的作用及中医药防治。近五年, 以第一作者或通讯作者在 *Journal of Experimental & Clinical Cancer Research* (2022), *Clinical and Translational Medicine* (2020, 2023), *Medcomm* (2023, 2024, 2025) 等期刊发表 SCI 论文 26 篇, 其中 IF>10 有 8 篇; “疾病证候分类新方法及其应用” 获 2019 年教育部科技进步一等奖, 排名 15/15; “精准证候医学关键技术建立及应用” 获 2020 年上海市科技进步一等奖, 排名 11/15; “病证结合防治结直肠癌关键技术建立及应用” 获 2024 年上海中西医结合科学技术奖一等奖, 排名 7/10; “瘦型非酒精性脂肪肝病证结合诊疗技术创新及推广应用” 获 2024 年中华中医药科学技术奖二等奖, 排名 9/10。担任 *Chinese Medicine* 杂志青年编委。

报告简介: 待定。



主持人

倪艳

浙江大学

倪艳, 浙江大学医学院附属儿童医院, 国家儿童健康与疾病临床研究中心, 特聘研究员, 内分泌代谢病研究中心执行主任, 浙江大学公共卫生学院流行病学和生物统计学, 博士生导师。主要研究方向是: (1) 基于质谱的代谢组学分析方法开发与临床应用; (2) 研究肥胖相关代谢性疾病和消化道疾病的肠道菌群-宿主-代谢网络的调控机制; (3) 应用生物信息学, 开发新颖、高效的计算方法和智能软件来分析和处理高通量健康大数据。

9:30-9:45

报告题目: 从分子分型到空间免疫屏障: 透明细胞肾细胞癌免疫逃逸机制的多组学解析



孟佳林, 安徽医科大学第一附属医院团委副书记, 第一附属医院/生命科学学院双聘副教授, 安徽省高校优青, 合肥市 D 类高层次人才。研究方向: 泌尿系统肿瘤。主持国家自然科学基金 1 项、安徽省自然科学基金 1 项、安徽省高等学校科学研究项目 2 项。以第一/共一作者在 iMeta、Journal of Infection 等杂志发表论文 40 余篇。谷歌学术 H 指数 25。

孟佳林 (安徽医科大学)

报告简介: 透明细胞肾细胞癌 ccRCC 具有高度异质性, 影响其对靶向药物与免疫治疗的响应。我们构建了 ccRCC 的三类分子亚型, 具有特异的免疫特征及治疗敏感性。免疫抵抗性亚型中富集的 APOE⁺巨噬细胞通过 TGF- β 信号促使 T 细胞耗竭, 是免疫治疗反应不佳的关键机制。整合空间转录组与单细胞数据, 发现 APOE⁺巨噬细胞与 POSTN⁺癌相关成纤维细胞协同构建免疫排斥屏障 (TIB), 限制免疫细胞浸润, 削弱抗肿瘤免疫应答。

9:45-10:00

报告题目: 肺部微生物: 家禽免疫营养的新视角



孙青竹, 西北农林科技大学动物科技学院三级教授, 博士生导师。致力于家禽免疫营养的机制研究, 从表观遗传调控角度解析免疫与代谢互作网络、菌群与宿主交互作用过程中的分子机制, 为机体免疫功能的提升策略制定、具有免疫调控作用的营养素筛选提供理论依据和技术支撑。以第一/通讯发表论文 30 余篇。

孙青竹 (西北农林科技大学)

报告简介: 肺部微生物在农业动物中的作用尚不明确。团队研究采用多组学方法, 解析了肉鸡肺部微生物的发育过程和对环境的响应。在此基础上, 多组学分析了高低生产性能肉鸡的差异: 明确了高体重肉鸡和低体重肉鸡之间不同的血浆蛋白质组学特征, 后者表现出全身炎症反应。肠道菌群差异很小, 粪便菌群移植不会改变肉鸡体重。然而, 肺部微生物群分析显示, 高体重肉鸡中乳酸杆菌的相对丰度较高, 这与血浆色氨酸代谢的改变有关。雾化罗伊氏乳杆菌 C501、鼠李糖乳杆菌 UA260 促进肉鸡生长并减轻了 lps 诱导的炎症。机制研究表明, IAA 和 I3C 激活 AHR 通路, 促进巨噬细胞中 SOCS3 的表达, 抑制 JAK2/STAT3 信号通路, 减轻 lps 诱导的炎症。研究为家禽生产和肺部微生物群之间的相互作用提供了见解, 明确了乳杆菌雾化可作为一种有效策略来对抗全身炎症、改善家禽的健康和生产性能。

10:00-10:15

报告题目：西藏旅居如何通过影响肠道多界微生态及血清代谢物调控血糖稳态和尿酸稳态



刘志鹏（上海百趣代谢组学技术研究中心）

刘志鹏，高级研究员，兼任国际学术杂志 The Innovation、iMeta 编委会成员及多个杂志审稿人。主要从事临床疾病的多组学研究及质谱 LDT 和 IVD 转化试剂盒研究。参与完成多项国家自然科学基金、国家科技部 973、载人航天工程等重大项目，与多家单位合作共同获批多项重大基金支持。在 Nature Medicine、Nature Communications、Gut、Redox Biology 等期刊发表论文共 16 篇，累计 IF：196，被引：2970 次。参编完成《神经系统单基因病诊断学》、《植物适应非生物胁迫的代谢组学研究》等。已获授权国际专利 4 项、中国专利 2 项，获 2 项国际基因工程机械大赛金奖。

报告简介：糖尿病和高尿酸血症是具有重大公共卫生负担的代谢性疾病。已发现高原环境与糖尿病风险降低相关，但会增加高尿酸血症风险，但具体机制不明。我们通过对广东省第八批援藏人员和林芝市居住五年以上的健康志愿者进行宏基因组和代谢组研究，发现中等海拔暴露会影响人体肠道微生态及血清代谢物发挥降血糖作用，而人体血清尿酸会呈现先增加后降低的动态变化，此外β-丙氨酸能改善高尿酸血症，且血清代谢物能够辅助识别无症状高尿酸血症。

10:15-10:45

茶歇



主持人
刘志鹏

上海百趣代谢组学技术研究

刘志鹏, 高级研究员, 兼任国际学术杂志 The Innovation、iMeta 编委会成员及多个杂志审稿人。主要从事临床疾病的多组学研究及质谱 LDT 和 IVD 转化试剂盒研究。参与完成多项国家自然科学基金、国家科技部 973、载人航天工程等重大项目, 与多家单位合作共同获批多项重大基金支持。在 Nature Medicine、Nature Communications、Gut、Redox Biology 等期刊发表论文共 16 篇, 累计 IF: 196, 被引: 2970 次。参编完成《神经系统单基因病诊断学》、《植物适应非生物胁迫

10:45-11:00

报告题目: 宏基因组学和代谢组学联合研究揭示调控儿童 MASLD 碳水化合物代谢的核心菌群



倪艳 (浙江大学)

倪艳, 浙江大学医学院附属儿童医院, 国家儿童健康与疾病临床研究中心, 特聘研究员, 内分泌代谢病研究中心执行主任, 浙江大学公共卫生学院流行病学和生物统计学, 博士生导师。主要研究方向是: (1) 基于质谱的代谢组学分析方法开发与临床应用; (2) 研究肥胖相关代谢性疾病和消化道疾病的肠道菌群-宿主-代谢网络的调控机制; (3) 应用生物信息学, 开发新颖、高效的计算方法和智能软件来分析和处理高通量健康大数据。

报告简介: 代谢功能障碍相关脂肪性肝病 (MASLD) 已成为肥胖儿童中患病率高的慢性肝病。肠道微生物与代谢之间的相互作用对 MASLD 至关重要。最新研究进展强调了核心细菌在调控宿主代谢中的重要作用。我们纳入 286 名儿童的临床队列进行粪便宏基因组学研究, 分析 MASLD 相关的核心菌种, 采用微生物功能富集分析探索相关代谢紊乱, 并使用靶向代谢组学检测分析进行验证。研究结果表明, 核心细菌普通海杆菌 (*P. vulgatus*) 和单形拟杆菌 (*B. uniformis*) 可能是儿童 MASLD 中碳水化合物代谢的关键调节因子, 为基于微生物组的干预措施提供了潜在的靶点。

11:00-11:15

报告题目: 中草药活性成分的转化、合成与应用



魏勇军 (郑州大学)

魏勇军, 男, 副教授, 博士生导师, 河南省优青。获得河南青年科技奖等。研究方向: 中草药活性分子的微生物转化和合成。主持国家自然科学基金面上、国际交流等项目。已发表论文 100 余篇, 他引 2900 余次, H 因子为 29。以第一主编出版英文专著 3 本, 主编/参编其他著作 5 本。担任 20 多本英文期刊编委、青年编委等。担任 60 余本英文期刊审稿人; 担任欧洲研究理事会协同类基金项目评审人等。已获批 11 项国际专利在内的 24 项专利。

报告简介: Chinese medicinal herbs contain valuable bioactive molecules with significant therapeutic potential, but their low natural abundance, complex structures, and difficult extraction present major challenges for pharmaceutical applications. To address these limitations, we aim to produce of bioactive molecule production using microbiological strategies. Firstly, we isolate and characterize novel probiotic strains (including *Lactobacillus* and yeast species) from traditional fermented vegetables. These microbial workhorses are employed to ferment medicinal herbs (*Astragalus membranaceus*, *Glycyrrhiza glabra*, etc.), demonstrating remarkable capabilities to significantly enhance native bioactive molecule yields, generate novel structural derivatives, and reduce extraction complexity through enzymatic breakdown of herb lignocellulose. Secondly, we engineer *Saccharomyces cerevisiae* as microbial cell factories for de novo synthesis of high-value, structurally complex herbal compounds (medicarpin, cycloastragenol, and glabridin) that are particularly challenging to obtain through conventional methods. The approach establishes a powerful pipeline that synergizes traditional fermentation wisdom with cutting-edge synthetic biology, offering sustainable solutions to overcome current limitations in herbal medicine production. Our work provides sustainable production of rare phytochemicals for food or pharmaceutical applications.

11:15-11:30

报告题目: 多组学揭示揭示了色氨酸代谢促进粤西百岁老人健康长寿



李雪萌 (广东医科大学)

副教授, 博/硕士生导师; 广东省青年珠江学者, 广东医科大学高层次人才; 广东湛江海洋医药研究院特聘教授, 主要致力于人体微生物的多组学挖掘及益生菌的应用转化。已主持国家自然科学基金等多个项目。以第一/通讯在 *Advanced Materials* (IF: 30.8)、*iMeta* (IF: 23.8)、*Analytical Chemistry* (IF 6.785) 等发表论文 11 篇, 授权发明专利 2 项。

报告简介: 通过在“国际长寿养生基地”广东省湛江市遂溪县组建长寿老人队列, 利用多组学对比百岁老人、其直系亲属、非亲缘老年人和年轻人的血清代谢物、肠道和口腔微生物群的差异。①发现健康百岁老人与虚弱百岁老人相比有独特的代谢物和微生物群模式。②揭示了色氨酸代谢是百岁老人血清代谢物和肠道微生物群的富集通路, 可能有助于健康长寿。③色氨酸代谢物 5-甲氧基吲哚乙酸 (5-MIAA) 与 *Christensenellaceae* R-7 group 相关, 发挥着延缓衰老、延长寿命和缓解炎症的作用。



主持人
王春莉
湖北中医药大学

王春莉, 湖北中医药大学副教授, 入选湖北省高层次人才项目。主要从事生物力学、生物力药理学等研究工作, 在心血管病、骨骼肌系统、肿瘤的发病机制与药物治疗等方面取得了丰硕的成果。迄今, 以第一/通讯作者在 European Heart Journal, Imeta, Advanced Science 等杂志发表 SCI 论文 50 余篇, 其中 ESI 高被引论文 6 篇; H 指数 27, 引用 2000 余次; 授权专利 3 项; 主持/参与国家自然科学基金等各类项目 30 余项。现为 Imeta 杂志青年编委, 中国生物医学工程学会生物力学专业委员会青年委员; 中国微循环学会血液流变学专业委员会委员。

11:30-11:45

报告题目: 健康人群携带耐药病原菌及隐匿传播



卢昕 (中国疾病预防控制中心传染病预防控制所)

主要负责利用全基因组数据开展病原体的分子分型及进化传播研究、质粒携带耐药基因分析和利用宏基因组数据开展病原体快速检测和监测技术研究。荣获中国工程院中国工程前沿杰出青年学者。目前主持过国家自然科学基金青年基金、传染病预防控制国家重点实验室面上项目、“十三五”国家科技重大专项课题级、以及重点研发项目课题级等多项国家级项目。以第一作者和通讯作者在 Nature Food、Nature Communications、Nucleic Acids Research、Microbiome、EBioMedicine、Emerging Microbes & infections、Emerging Infectious Diseases、Antimicrobial Agents and Chemotherapy、Applied and Environmental Microbiology 等国际期刊上发表研究论文 50 余篇。H-index 指数 21。

报告简介: 中国疾控中心传染病预防控制所与广西玉林市疾控中心等单位对 2013 至 2020 年间 260315 人次健康成人的沙门菌携带及其耐药性开展了流行病学、病原学和基因组学分析。结果分析表明食品从业人员的沙门菌携带率高于非食品从业人员, 并具有更多样的血清型、更高的抗生素耐药率和更复杂的多耐药谱。健康人群携带沙门菌的季节性与腹泻病人相似, 但血清型顺位明显不同。随着社会发展, 非食品从业人员的沙门菌携带率降低, 但对食品从业人员影响不大。健康人群携带沙门菌多重耐药率高, 耐药基因数量逐年增加、且多位于质粒上、显示高扩散风险, 且食品从业人员可作为养殖业中抗生素控制使用成效的指示群体。基因组分析发现该地区健康人所携带沙门菌呈现长期持续或短时激增等播散模式, 揭示沙门菌尤其多耐药沙门菌在健康人群中的隐匿传播。研究显示食品从业人员是病原菌和耐药基因从动物/食品向人群传播的高风险环节, 强调需加强对健康人携带病原菌和耐药基因组的监测, 并对食品从业人员开展有针对性的精准干预措施, 以保障食品安全。

11:45-12:00

报告题目: 母体肠道菌群来源-3-IAA 调控 H 型血管生成介导孕期地塞米松暴露所致的子代长骨发育不良



医学博士, 武汉大学中南医院主治医师。主要研究方向为骨与关节疾病的发育起源, 参与国家重点研发计划、国家自然科学基金及湖北省自然科学基金多项。以第一作者发表 SCI 论文 8 篇, 代表性论文发表在 iMeta、Faseb Journal、Life Sciences 等期刊。多次获研究生国家奖学金及武汉大学研究生一等学业奖学金, 参编专著 3 部。

何航元 (武汉大学)

报告简介: 基于临床回顾性病例-对照研究发现, 临床剂量及疗程下的孕期地塞米松应用 (PDE) 可以导致女性胎儿长骨发育抑制。通过动物实验证实, PDE 可以导致雌性胎鼠长骨发育不良, 并可延续至出生后引起子代大鼠峰值骨量降低。动物实验证实, 母体肠道菌群组成改变介导了 PDE 所致雌性子代长骨发育不良及峰值骨量降低。PDE 可以导致母体肠道菌群来源的代谢物 3-IAA 合成减少。孕期母体补充 3-IAA 可有效防治 PDE 所引起的雌性子代长骨发育不良及峰值骨量降低。

12:00-12:15

报告题目: 皮肤微生物组与皮肤衰老



副教授/博士生导师。从事分子生物学、基因组学研究多年, 工作期间领导和参与多项基因组重大项目, 如 1K Genome、国际肿瘤基因组合作联盟 (ICGC) 等。在 Nature、Nature Genetics, Science 等期刊发表 SCI 科研论文 100 余篇, 其中第一和通讯作者论文 40 多篇, 总引用超过 40000 次, H 指数 50。授权专利 20 余项。主持和参与科技部和地方科研基金 8 项。主要研究方向是人类系统免疫学和功能免疫组学。

刘晓 (清华大学深圳国际研究生院)

报告简介: The skin microbiome critically functioned in maintaining skin health and eubiosis. In this study, we conducted a comprehensive multi-omics analysis integrating phenomics, metabolomics, and metagenomics on a large cohort of Chinese women, exhibiting significantly divergent skin aging conditions. Based on AI-predicted age and skin elasticity, participants were classified into "younger" and "older" groups. The older group displayed more pronounced aging phenotypes, such as increased wrinkles and reduced sebum production and elasticity. Interestingly, we confirmed that the younger group demonstrated a higher microbial diversity and a richer profile of potential probiotics. Moreover, in the older group, microbiota adapt by enhancing protein synthesis to cope with nutrient scarcity and by accumulating antibiotic resistance genes to counteract host immune defenses, thereby increasing the susceptibility and vulnerability in the skin aging. With metabolomics, our analysis also revealed novel anti-aging potentials for compounds like N-Linoleoyl Leucine and 2-Hydroxy-5-(trifluoromethoxy)benzoic Acid, and identified Deoxynivalenol as a new anti-aging target. *S. maltophilia* demonstrated beneficial effects in our study under commensal conditions. Using genome-scale metabolic (GEM) models, we identified its role in promoting GSH synthesis, a finding validated through fibroblast treatment with *S. maltophilia* supernatant, which upregulated antioxidant genes like GCLM and SOD2, enhancing fibroblast antioxidant defenses. *Cutibacterium acnes* (*C. acnes*) and other microbes participate in the metabolism of porphyrins and the synthesis of vitamin B12, highlighting new strategies for anti-aging interventions that enhance the conversion of porphyrins to vitamin B12 in the skin. Our findings illustrate the dynamic regulation between skin microbiota and the host in skin aging, independent of chronological age. This study offers new insights for designing targeted anti-aging interventions.



主持人

周远平

广东医科大学

周远平，广东医科大学与中国农科院深圳基因组所联合培养博士后。较为熟悉宏基因组数据挖掘，博士后期间负责挖掘百岁老人肠道菌群促进人体健康长寿的微生物生态学机制，目前在 iMeta、iMetaOmics 和 Agronomy 等国内外期刊发表论文 10 余篇。擅长利用数量生态学理论和方法挖掘微生物的宿主表型调控机制。

9:00-9:15

报告题目：STAT1 乳酸化修饰在幽门螺杆菌感染相关胃癌进展中的机制研究



香港大学博士后、山东省立医院临床医学检验部副研究员、2023 年度香江学者。长期聚焦幽门螺杆菌感染诱导胃癌的表观遗传机制及多组学生物信息学研究，主持国家自然科学基金青年基金、中国博士后“香江学者计划”项目及山东省自然科学基金项目。作为第一或通讯作者在 JAMA、Gastroenterology、BMC Medicine 等国际顶级期刊发表 SCI 论文 13 篇。

刘端瑞（香港大学/山东省立医院）

报告简介：乳酸化修饰在调控基因转录、糖酵解及 Warburg 效应中发挥关键作用，但其在细菌诱导肿瘤发生中的非组蛋白功能尚不明确。本研究发现，幽门螺杆菌（*H. pylori*）感染激活糖酵解，促进乳酸产生并增强细胞内蛋白乳酸化水平，显著上调 STAT1 第 193 位赖氨酸乳酸化修饰（STAT1-K193la）。我们构建了特异性抗体验证其表达升高。STAT1-K193la 促进胃癌细胞的增殖和迁移，且其水平受乙酰转移酶 p300 调控，并通过调控 ISG15 表达进一步增强糖酵解，形成正反馈环促进肿瘤进展。单细胞测序结果显示，STAT1-K193la 诱导免疫抑制性微环境，削弱效应免疫细胞功能，促进肿瘤免疫逃逸。本研究揭示了 STAT1-K193la 在 *H. pylori* 诱导胃癌中的关键作用，提示其可能成为潜在治疗靶点。

9:15-9:30

报告题目：乳酸代谢介导的大肠杆菌 Nissle 1917 抗肿瘤作用机制及工程化改造研究



本人于 2025 年 6 月毕业于中国海洋大学取得医学博士学位，现于青岛科技大学入站博士后继续进行相关研究。研究方向涉及肿瘤免疫代谢与合成生物学，专注于工程菌靶向递送系统及肿瘤微环境重编程研究。目前正在 International Journal of Biological Macromolecules 杂志发表研究领域相关文章。

李芯蕊（青岛科技大学）

报告简介：本研究首次阐明大肠杆菌 Nissle 1917 (EcN) 的抗肿瘤机制与其乳酸代谢能力直接相关：通过 CRISPR-Cas9 构建 *lldPRD/lidA* 双敲除菌株证实，乳酸利用途径的缺失使 EcN 的定植能力与抑瘤效果显著下降。基于此，我们开发了提高乳酸利用能力的工程菌株 BELAC，实现 *LidP/LidD* 的基因组稳定表达，显著提高了 EcN 在不同肿瘤模型中的抗肿瘤活性，并且显著促进 CD8⁺ T 细胞的浸润以及免疫抑制微环境的激活。BELAC 菌株兼具肿瘤靶向性与临床级遗传稳定性，为靶向肿瘤代谢的活体药物提供新一代技术平台。

9:30-9:45

报告题目：合成芽孢杆菌菌群中的细菌社会互作促进植物生长



刘妍（湘湖实验室）

湘湖实验室土壤健康与菌肥智造团队助理研究员。从事根际微生物与生物肥料领域研究，包括植物益生微生物资源挖掘与应用、合成微生物群落构建及微生物-植物互作机制解析等。主持国家自然科学基金青年项目、中国博士后科学基金面上项目、浙江省自然科学基金杭州市联合基金青年项目共 3 项，以第一/通讯作者身份在 *iMeta*、*Plant Biotechnology Journal*、*mSystems* 等高水平国内外期刊上发表论文 7 篇；以主要发明人身份授权中国发明专利 8 件；参与制定微生物肥料相关团体标准 1 项。

报告简介：植物根际促生细菌（PGPR）代表了一种可持续提高作物生产力的手段。合成微生物群落已成为工程化根际微生物组的有力工具。然而，由于对细菌社会互作的理解不足，功能稳定菌群的设计仍然充满挑战。在本研究中，我们探讨了 *B. velezensis* SQR9（一种具有重要商业价值的 PGPR）对根际细菌群落，特别是芽孢杆菌属内部社会互作的影响。SQR9 的接种显著促进了黄瓜的生长，并改变了根际芽孢杆菌及其相关细菌群落的结构。群落边界和碳源利用试验结果表明，系统发育关系更近的芽孢杆菌表现出更强的社会合作，并且在代谢生态位上有更大的重叠。在这些社会互作的基础上，设计了高亲缘度（Highly related, HR）和 MR 两种类型的 30 个菌群组合，涵盖四种丰富度水平（包含 1、2、3 和 4 株菌）。结果显示，相较于 HR 菌群，MR 菌群在促进植物生长、根部定殖、产 IAA 和产铁载体方面表现优异。进一步扩展设计出 HR 和 MR 两种类型的 300 个菌群组合，涵盖四种丰富度水平（1、2、4 和 8 株菌），验证了随着菌群丰富度的增加，MR 菌群的促生效果显著增强。本研究显示了细菌互作和系统发育关系在塑造根际群落以及合成菌群（Synthetic microbial consortia）设计中的重要性，为协同增效型芽孢杆菌菌群的构建提供了理论框架，有助于提升其在农业应用中的稳定性和有效性。

9:45-10:00

报告题目：兼香型白酒发酵中微生物来源与特征代谢物形成机制



许姗姗，安徽省农科院农产品加工所助理研究员，主要从事白酒酿造微生物及风味化学领域的研究，包括利用微生物组学技术解析白酒群体微生物的结构与功能，探究其风味代谢机理，挖掘与利用传统酿造体系的优质微生物与酶系资源。近 5 年来发表学术论文 10 余篇，以第一作者在 JAFC、Food Chem、Food Research International 等主流刊物上发表 SCI 论文 7 篇。

许姗姗（安徽省农业科学院）

报告简介：本次分享聚焦“一步法”酿造工艺下的兼香型白酒为研究对象，从环境微生态-多曲并用-核心菌群结构-兼香风味因子几者之间的因果关系出发，系统研究了兼香型白酒发酵过程中的微生物来源、代谢规律及风味物质的形成机制，并通过生产出来的基酒差异最终确定了兼香型白酒的特征香气活性化合物。研究为兼香型白酒的智能化生产与精准调控提供了理论依据，对传统白酒产业的现代化转型和可持续发展具有重要意义。。

10:00-10:15

报告题目：全球野生动物微生物组数据库构建



高云云，农学博士，北京林业大学讲师，主攻野生动物保护宏基因组学。近 5 年，以第一作者/共一/共通讯于 iMeta (IF 33.2)、Science Bulletin (IF 21.1)、Protein & Cell (IF 12.8) 发表 SCI/ESCI 论文 11 篇，并先后获本、硕、博国家奖学金、中国农业科学院“优秀博士后”等荣誉，主持获批中国博士后科学基金第 75 批面上资助二等资助，参与获批国家自然科学基金区域联合基金重点项目。担任 iMeta 期刊青年编委等学术任职，H 指数 11。

高云云（北京林业大学）

报告简介：本报告介绍了全球野生动物微生物组数据库的构建过程与研究意义。我们研究的初衷有两个：其一是揭示宿主与微生物在长期进化过程中的协同演化关系；其二是探索不同食性对微生物组构成的选择性压力。通过采集多类野生动物的微生物组数据和收集公共数据，并结合系统发育与生态信息，我们构建了一个覆盖范围广、分类信息详尽的数据库，为深入理解动物微生物组多样性及其演化机制提供了重要资源和理论支持。

10:15-10:45

茶歇



主持人

周扬

中国农业科学院油料所

周扬，中国农科院油料作物研究所助理研究员。研究方向为食品安全，聚焦微生物组学方法挖掘生防菌株，开发生物菌剂，以第一或通讯作者(含共同)在 Pest Management Science、Plant Disease、Molecular Plant-Microbe Interactions 等发表研究论文 20 余篇，申请发明专利 3 件。主持国家自然科学基金（青年 C 类）、国家重点研发子课题、中国农科院青年创新专项等国家级项目。

10:45-11:00

报告题目：百岁老人肠道菌株资源库的构建及抗衰老功能菌株挖掘



硕博毕业于华中农业大学，致力于基因组学解析食源性病原菌的流行传播规律，博士后研究方向为长寿老人肠道功能菌株挖掘。以第一作者(含共同)发表 IJMS、Microbiology Spectrum 等 SCI 论文 5 篇，单篇最高引 55 次，h 指数为 6。

朱志豪（广东医科大学）

报告简介：通过构建首个百岁老人肠道菌株资源库（Centenarians Gut Bacteria Biobank, CGBB），系统性解析其物种组成与功能特征，成功筛选出 *A. ihumii* 分离株具有延长线虫寿命的功能，并通过基因组差异分析定位到类黄酮降解通路中的鼠李糖代谢酶基因 *ramA*，可能作为 *A. ihumii* 发挥抗衰老相关功能的关键靶点。

11:00-11:15

报告题目：以斑马鱼为模型探究肠道微生物调节病毒温度敏感性的机制研究



张玉军，华中农业大学兽医学流动站博士后，合作导师为曹胜波教授和于永耀研究员，主要从事黏膜微生物与病毒互作方面研究。相关研究成果以第一作者发表在 Microbiome、Fish and Shellfish immunology 等期刊，申/获中国发明专利 2 项，主持湖北省自然科学基金青年项目 C 类、中国博士后科学基金第 77 批面上资助等，参与国家自然科学基金面上项目、国家重点研发计划等。

张玉军（华中农业大学）

报告简介：病毒的感染性和致病性受到温度的显著影响，研究病毒温度敏感性时，由于哺乳动物恒温动物，改变体温较难，所以鱼类是研究病毒温度敏感性的合适模型。本研究以斑马鱼为模型，探究肠道微生物调节鲤春病毒血症病毒（SVCV）的温度敏感性，揭示了鱼类肠道微生物调节 SVCV 不同温度下的感染性和致病性，发掘高温富集的狄氏副拟杆菌可以产生次级胆汁酸抑制 SVCV 增殖的作用机制，为病毒温度敏感性的研究提供借鉴。

11:15-11:30

报告题目：4-羟基菲通过肠道菌群-胆汁酸轴诱导肥胖的机制研究



秦国强 (天津医科大学)

天津医科大学公共卫生学院讲师, 研究方向: 代谢毒理学

报告简介: 4-羟基菲暴露水平的升高与肥胖发病风险呈正相关, 然而具体的致病机制尚不清楚。本研究发现了 4-羟基菲暴露可通过阻碍活性氧的清除, 进而降低了 *B. uniformis* 的丰度。随后 *B. uniformis* 丰度的减少会引起 HDCA 水平下降, 激活肠 FXR-神经酰胺信号通路, 最终导致白色脂肪产热能力下降, 并引发肥胖。

11:30-11:45

报告题目：长读长宏基因组的分析工具、资源介绍与最新实测



张天缘 (深圳基因组所/贝纳基因)

中国农业科学院深圳农业基因组所刘永鑫组博士后, 任武汉贝纳科技有限公司 (贝纳基因) 大项目应用科学家。研究方向为三代测序评测与方法开发。2014 年-至今从事生物信息学研究工作。在基因测序领域有丰富的经验, 擅长转录组与微生物组研究, 目前聚焦于最新的测序技术的快速广泛应用, 主持培训及讲座数次。参与发表 *iMeta* 等文章 25 篇, 包含一作及通讯 (含共同) 7 篇。兼职为 *Biology Methods & Protocols*、*Frontiers in Plant Science*、*Plant Cell, Tissue & Organ Culture (PCO)*、*gene* 等期刊审稿数次。h-index 为 13。

报告简介: 长读长测序 (Long-read sequencing) 已在宏基因组学中广泛应用, 可用于微生物群落的个体基因组重构、基因功能预测及生物多样性评估。本报告聚焦 (1) 长读长宏基因组的数据分析, 重点介绍当前工具版图与方法学路线 (<https://github.com/zhangtianyuan666/LongMetagenome>), 并给出不同样本复杂度下的策略选择; (2) 介绍面向纳米孔的开源工作流 EasyNanoMeta, 展示从原始数据到 MAG 与功能注释的端到端流程, 现场发起“三代宏基因组数据分析交流社群”, 共同推进方法流程更新; (3) 分享贝纳基因最新纳米孔 R10.4.1 SUP 在单菌及宏基因组实测数据, 比较 Q20 宏基因组数据在真实样本中 assembler/binning 情况; (4) 介绍纳米孔测序在微生物组研究中的最新应用, 助力不同场景下的快速“样本到洞见”。

会场 1: 行政楼报告厅 8 月 25 日 (周一) 下午 13:30-15:10



主持人
王瑶
基因组所

王瑶，农学博士，毕业于德国哥廷根大学，主要研究方向为植物病理、微生物组、植物-微生物互作。近 5 年，以第一/共通讯在 iMeta、PLoS Pathogens 等期刊发表十余篇文章。获德国植物病理协会青年科学家奖、广东省海外人才支持项目等。

13:30-14:00

报告题目：高水平 SCI 期刊论文插图规范化制作



贝远远 (PaperArtist)

资深论文图像处理和统计分析专家，拥有近 10 年论文图像处理和统计分析经验，精通 Adobe Photoshop、Adobe Illustrator、Cinema4d 等多种图像处理和统计分析软件，是清华大学图书馆长期培训讲师，为清华大学、北京大学、中科院各研究所、国家蛋白质科学中心等众多高校和研究所提供论文图像处理和统计分析服务及培训。

报告简介：主要讲解高水平 SCI 期刊论文插图规范化制作的理论和软件操作，目标是使参加培训的学员能够做到：了解科研图像处理的学术伦理，对不规范的图像处理操作能够识别以及避免；了解高水平 SCI 期刊论文插图的制作流程，能够独立制作出可供投稿至包括 CNS 在内的任何期刊的论文插图。

14:00-14:30

报告题目：ImageGP 绘制论文高颜值图表



陈同 (中国中医科学院中药资源中心)

陈同，围绕数据驱动的中药道地性形成和高品质生产研究开展：(1) 中药大数据资源底座的持续建设；(2) 中药大数据资源的智算整合挖掘。以及基于数据库联合开展①中药道地性形成分子机制研究；②高品质中药生产和鉴定；③中药合成生物学研究和中药新资源挖掘等，在 Cell Stem Cell (封面文章), Nucleic Acids Research, Nature communications, Protein & Cell, iMeta 等高水平杂志以第一或通讯作者发表文章十二篇，累积引用 4000 + 次。联合创办 iMeta 期刊(影响力因子：33.2)，现为执行主编，致力于打造微生物和生物信息领域的国产高水平综合性杂志。

报告简介：介绍在线绘制高颜值图表 ImageGP 的使用。

会场 1: 行政楼报告厅 8 月 25 日 (周一) 下午 13:30-15:10

14:30-14:50

报告题目：Cell Proliferation 期刊-共同构建高水平国际期刊



宋丹（中国科学院大学）

宋丹，2021 年于中国科学院北京基因组研究所获博士学位，师从杨运桂研究员；2022-2024 年在中国科学院北京干细胞与再生医学创新研究院开展博士后阶段研究，深耕 DNA 损伤修复、RNA 修饰及干细胞增殖与分化机制，成果见刊于 Nature Communications、Oncogene、GPB 等专业期刊。2024 年起全职担任 Cell Proliferation 科学编辑，以深厚科研底蕴与严谨专业视角，持续提升期刊学术品质与国际影响力。

报告简介：Cell Proliferation（《细胞增殖》）是 Wiley 出版的国际开放获取月刊，专注正常与异常细胞增殖及分化，涵盖分子遗传调控、干细胞、再生医学、细胞周期、衰老与死亡机制，并报道化学/物理修饰、数学建模与新技术。周琪院士 2017 年起任主编，2019 年成为中国细胞生物学会干细胞分会旗舰刊，2021 年与北京干细胞与再生医学研究院战略合作。中科院生物学 1 区 TOP，五年影响因子稳定于 7-8。

15:10-15:40

茶歇

研究生论坛（一）

主持人：曾美尹

会场 1: 行政楼报告厅 8 月 25 日 (周一) 下午 15:10-16:20



主持人

曾美尹

中国农业科学院

曾美尹，中国农业科学院深圳基因组所生物与医药专业研究生在读，曾以第一作者身份在 iMetaOmics 发表文章《Unveiling microbial communities with EasyAmplicon: A user-centric guide to perform amplicon sequencing data analysis》，本科毕业于华北理工大学生物信息学专业，2022 年北京冬奥会与冬残奥会志愿者，河北省冀青之星，华北理工大学优秀毕业生，校国旗护卫队副队长。

15:10-15:20

报告题目：多组学整合分析揭示胃癌的微生物分型及其中的代谢-免疫互作



王韞哲，复旦大学基础医学院一年级博士生，研究方向为肿瘤相关微生物组，以第一作者或共同一作发表 SCI 一区文章 3 篇，代表作 - Cell Discovery 上发表的 Characterization of the landscape of the intratumoral microbiota reveals that Streptococcus anginosus increases the risk of gastric cancer initiation and progression. 总引用 36, h 指数 3.

王韞哲（复旦大学）

报告简介：我们通过多组学整合分析揭示了胃癌肿瘤内微生物组的功能意义，结合 16S rRNA 测序、转录组学和代谢组学，将胃癌分为六个基于微生物组成的亚型，发现富含链球菌或假单胞菌的肿瘤亚型预后较差，并从病人样本中成功培养咽峡链球菌，发现其在预后不良的肿瘤中高度富集，并与 CD8⁺ T 细胞浸润减少、免疫抑制性肿瘤微环境相关。机制研究显示，SA 能够将精氨酸转化为鸟氨酸，导致微生物驱动代谢重编程。基于该研究，我们进一步拓展了不同类型癌症的微生物组研究，并开发了新的生物信息学方法 bacNeo，辅助发现肿瘤免疫微环境中潜在的微生物来源肿瘤新抗原，为理解和利用微生物辅助肿瘤治疗带来一站式的计算框架。

15:20-15:30

报告题目：MicrobiomeStatPlots：一个用于微生物组宏组学和生物信息学的统计绘图库



荀佳妮（中国农业科学院深圳基因组所）

中国农业科学院深圳基因组所在读硕士研究生，主要研究方向为宏基因组大数据挖掘及流程开发，相关研究已发表于 iMeta 等期刊，申请软件著作权 3 项。

报告简介：微生物组研究的快速发展产生了前所未有的多组学数据，对数据分析和可视化提出了挑战。为了解决这些问题，我们推出了微生物组数据分析与可视化平台（MicrobiomeStatPlots），这是一个综合平台，提供简化、可重复的微生物组数据分析和可视化工具。

研究生论坛（一）

会场 1: 行政楼报告厅 8 月 25 日 (周一) 下午 15:10-16:20

15:30-15:40

报告题目：噬菌体抗菌物质的寻宝之旅



李润泽（华中农业大学）

李润泽，男，华中农业大学在读博士生，研究方向为噬菌体生物信息学，代表作有：开发了噬菌体裂解酶挖掘工具 DeepLysin，噬菌体裂解酶切割类型可解释深度学习框架 MLPC，噬菌肽综合型数据库 ESKtides，面向微生物组病毒组桌面套件 MicroWorldOmics，h-index 为 4。所获荣誉：入选首届中国科协青年人才托举工程博士生专项计划，获第二届全国农林生物信息学研究生汇报二等奖。

报告简介：当前，抗生素耐药性问题日趋严重，新型抗生素的发现速度无法适应抗生素耐药性的严重化，因此亟需寻找新的抗生素替代物来应对这一问题。噬菌体是地球上最丰富和最多样化的生物实体，同时噬菌体也是一种专一性较强的细菌“猎人”，其本身有着丰富的抗菌物质编码基因，例如裂解酶编码基因。过去的几十年，噬菌体抗菌资源的发现存在滞后，繁琐和数据资源稀少等问题，其本质是方法学的不成熟。因此针对于噬菌体抗菌资源的挖掘方法缺乏这一问题，本研究开发了 DeepLysin，实现的对噬菌体裂解酶的统一注释，极大的加快了噬菌体裂解酶的发现效率，同时也丰富了不同裂解酶结构域的组合模式，加快了病毒资源创新药发现的步伐。进一步针对于裂解酶酶活位点类型预测问题，本研究提出了深度神经网络 MLPC 框架，发现结构特征是影响酶活位点类型的最主要特征。利用 Grad-CAM 算法标记重要的二级结构元素，并提出酶活位点类型的二级结构 Motif 这一概念，充实了可解释深度学习的理论体系。为方便用户的使用需求，本研究还开发了针对于微生物组病毒组的一站式免编程的桌面化应用软件 MicroWorldOmics。用户不仅可以使使用到 DeepLysin 和 MLPC 这两大工具，还可以使用到微生物组和病毒组常见的下游分析工具，简化了数据分析的过程，同时也对国产生物信息软件的发展添砖加瓦。

研究生论坛（一）

主持人：曾美尹

会场 1: 行政楼报告厅 8 月 25 日 (周一) 下午 15:10-16:20

15:40-15:50

报告题目：微生物群落驱动栽培海藻坛紫菜品种间性状分化



刘义（宁波大学）

刘义，宁波大学海洋学院 23 级水产博士，主要研究海洋藻类中藻菌关系及藻菌互作，借助组学技术，探究微生物对大型藻类坛紫菜生长和发育的贡献研究。目前已发表[1] Metabolome analysis reveals the involvement of oxylipins in regulating the maturation of conchosporangia in *Pyropia haitanensis*. [2] Sorus developmental biology of hybrid cultivar in *Saccharina japonica*: Environmental and endogenous regulation.

报告简介：Microbial communities are increasingly recognized as key drivers of plant trait formation, yet their role in seaweed varietal differentiation remains unclear. Using *Pyropia haitanensis*, a commercially important seaweed with distinct varieties (ZD-2, MF-2, SF-2), we investigated how host-associated microbiomes contribute to trait divergence. Under identical conditions, their epiphytic microbiomes and seawater microbiota were analyzed via metagenomics. Each variety harbored distinct microbial communities compared to seawater, indicating host selection. Despite 81.67% shared taxa, functional profiles varied: ZD-2 enriched in nutrient cycling, pollutant degradation, and antibiotic production; SF-2 in host-microbe interactions, biofilm stability, and sulfur metabolism; MF-2 showed intermediate features with aromatic hydrocarbon degradation and antibiotic biosynthesis. Notably, ZD-2, a locally adapted variety, showed greater functional similarity to native seawater microbiota. These results highlight a strong link between microbial recruitment and varietal traits, offering a microbiome-based framework for seaweed breeding and ecological management.

15:50-16:00

报告题目：结直肠癌微卫星不稳定状态与基因变异对肿瘤微生物群的联合作用



曾筱雅（中山大学）

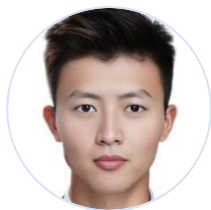
曾筱雅，就读于中山大学公共卫生学院（深圳），研究方向包括肿瘤微生物分析、探究疾病与单核苷酸多态性关联、孟德尔随机化等。

报告简介：本研究纳入结直肠癌（CRC）患者发现队列 245 例，验证队列 209 例和 296 例。通过微生物多样性分析、LefSe、dbRDA 等方法，调整混杂因素发现微卫星状态不稳定（MSI）显著差异细菌，将其进行全基因组关联分析（GWAS）。结果发现 *Fusobacterium* 和 *Lachnoanaerobaculum* 与 MSI 显著相关。GWAS 发现 10 号染色体 rs74124611 和 5 号染色体 rs1432749 为显著位点。交互分析显示 rs1432749 与 MSI 有显著交互作用。基因变异和 MSI 联合影响肿瘤内微生物，所鉴定的位点对细菌丰度有显著影响，揭示了宿主基因与肿瘤微环境的复杂相互作用。

研究生论坛（二）

会场 2: 药学楼 Y102 8 月 25 日 (周一) 下午 13:30-15:40

主持人: 罗豪、杨海飞、
徐锦波



主持人
罗豪

中国农业科学院农业基因组研究所在读博士研究生，研究方向为微生物组。

13:30-13:40

报告题目: HLF 和 PPAR α 轴通过源自肠道微生物来源的细胞外囊泡调节代谢相关脂肪性肝病



广西大学动物科学技术学院博士生，研究方向为代谢疾病的调控，曾获得广西大学第三届学术文化节特等奖。共发表论文 3 篇，其中第一作者发表在 iMeta 期刊一篇。

杨兴珍（广西大学）

报告简介: 本研究利用食蟹猴单细胞转录组，发现肝白血病因子（HLF）是一个新的肠道脂质吸收调控基因。通过构建肠道特异性敲除 HLF 小鼠，利用转录组、肠道微生物组及脂质组分析，研究 HLF 在肠肝循环中的作用机制，揭示其在代谢相关脂肪性肝病（MAFLD）中的功能。结果显示 HLF/PPAR α 轴影响肠道微生物来源的细胞外囊泡（fEVs），并通过它抑制肝细胞铁死亡、缓解肝脏脂肪变性，为 MAFLD 的防治提供了新的靶点和手段。

13:40-13:50

报告题目: 一种数字孪生框架实现个体化精度的微生物群落动态预测



研究聚焦于微生物群落的时序动态建模与数字孪生系统开发，致力于提升复杂生态系统的可预测性与可控性。代表性工作包括提出 MicroProphet，一种基于 Transformer 的微生物时序预测模型，实现了在稀疏采样下对群落演化趋势的精准外推；同时主导撰写了发酵食品领域首篇系统梳理数字孪生方法的综述论文。

张玉丽（华中科技大学）

报告简介: 如何从稀疏的纵向微生物数据中精准预测微生物群落的动态行为，仍是微生物组精准医学和生态监测中的关键挑战。现有大多数模型依赖于数据插补，并假设种群层面的整体动态，这限制了其在真实场景下捕捉个体化微生物变化的能力。我们提出了 MicroProphet，一个个性化的数字孪生框架，可在无需插补的情况下，从不完整的纵向观测中精准预测微生物丰度轨迹。该模型基于时间感知的 Transformer 架构，仅使用前 30%的时间点即可重建个体特异性的微生物轨迹，并通过注意力机制捕捉关键转变状态。我们在合成群落、人类肠道微生物组、婴儿肠道发育和尸体分解等多类生态系统中验证了其强大的跨环境泛化能力。该框架在预测精度和生物学可解释性方面均表现优异。在临床场景中，它可用于早期识别疾病相关的微生物变化，并辅助微生物组干预时机的优化；在法医学中，可根据早期微生物信号准确推断分解时间线。通过将不完整、含噪的微生物数据转化为可操作的个体化预测结果，MicroProphet 为微生物生态与精准健康领域的新一代数字孪生系统奠定了基础。

13:50-14:00

报告题目: 产前微量元素暴露对婴儿出生后第一年肠道微生物组、代谢组和抗生素抗性基因的影响



熊仕茂 (中国科学院大学)

熊仕茂, 中国科学院大学在读博士, 研究方向为环境污染物暴露与人体健康风险, 具有丰富的队列研究经验, 较高的科研和写作水平, 以第一作者在 Nature Communications 等高质量期刊上发表研究性论文。

报告简介: 研究在产后 6 周复查的人群中招募了 146 名志愿者, 当场采集了母亲头发样品用于指示婴儿产前微量元素暴露水平, 并在产后 3 月、6 月和 12 月的定期随访中采集了母婴粪便样品进行 16S rRNA 扩增子测序、宏基因组测序和代谢产物测定, 探究生命早期微量元素暴露对婴儿出生后一年内肠道微生物组、代谢组和抗生素抗性基因的影响。

14:00-14:10

报告题目: Faecalibacterium prausnitzii 通过产生丁酸抑制 JAK STAT 途径抑制自然杀伤 T 细胞淋巴瘤



李敏 (华中科技大学)

李敏, 华中科技大学陈卫华教授的博士二年级学生, 研究方向为肠道微生物作为疾病标志物和诊断模型的跨队列可复现性, 肠道微生物在多疾病之间相似性及配方设计与干预研究, 目前 h 指数 10, 其中以第一作者或共同第一作者在 iMeta、Gut、Gut Microbes 期刊发表论文四篇, 包括 Li M*, Liu J*, et al. Performance of Gut Microbiome as an Independent Diagnostic Tool for 20 Diseases: Cross-Cohort Validation of Machine-Learning Classifiers. Gut Microbes (2023). Shi Z*, Li M*, et al. Butyrate-producing Faecalibacterium prausnitzii suppresses natural killer/T-cell lymphoma by dampening the JAK-STAT pathway. Gut (2024). Geng M*, Li M*, et al. A universal oral microbiome-based signature for periodontitis. iMeta (2024). Li P*, Li M*, et al. Best practices for developing microbiome-based disease diagnostic classifiers through machine learning. Gut Microbes (2025).

报告简介: 自然杀伤/T 细胞淋巴瘤 (NKTCL) 是一种高度侵袭性的恶性肿瘤。首次发现 NKTCL 患者存在肠道微生物群失调, Faecalibacterium prausnitzii 的减少与患者生存期缩短显著相关。随后在 NKTCL 小鼠模型上证实了 F.prausnitzii 的抗肿瘤特性。此外其培养上清液在抑制 NKTCL 细胞生长方面表现出显著疗效, 代谢组学分析显示, 丁酸盐是肿瘤抑制作用的关键代谢产物。从机制上, 丁酸盐通过增强组蛋白乙酰化来抑制 JAK-STAT 通路的激活。总的来说, 揭示了 NKTCL 独特的肠道微生物群特征, 并为利用 F.prausnitzii 干预提供了新的视角。



主持人
杨海飞
青岛农业大学

青岛农业大学与中国农业科学院深圳农业基因组研究所联培硕士在读，主要研究方向为食品微生物组、宏基因组数据分析和功能挖掘，以共同第一作者在 iMeta 和 iMetaOmics 发表论文 3 篇。

14:10-14:20

报告题目: 滑膜成纤维细胞衍生的细胞外囊泡中的 miRNA15-29148 促进类风湿关节炎的关节软骨细胞凋亡



张振宇 (江南大学)

江南大学无锡医学院学术型博士在读。主要研究方向为骨质疏松症或类风湿性关节炎发病机制、骨与软骨损伤修复再生。以第一作者(含共同)发表研究成果于 Bone Research、Cell Death Discovery、Journal of Inflammation Research、scientific reports、SFrontiers in Pharmacology、Journal of Orthopaedic Surgery and Research、Aesthetic Plastic Surgery 等学术期刊。

报告简介: 类风湿性关节炎(RA)是一种系统性自身免疫性疾病,滑膜成纤维细胞(SFs)通过分泌促炎介质维持慢性炎症,导致关节破坏。虽然促炎介质在这一过程中的作用已经确立,但 sf 中非炎症调节因子对关节病理的贡献仍然知之甚少。在这项研究中,我们通过共培养模型研究了 sf 在 RA 中的非炎症作用,发现来自 RA 患者的 sf 促进了人软骨细胞的凋亡。机制研究表明, sf 可以分泌小细胞外囊泡(sev),这些小细胞外囊泡被软骨细胞吸收,并诱导正常软骨细胞和 RA 患者软骨细胞的软骨细胞凋亡。sev 衍生的 miRNA 15-29148 被认为是介导软骨细胞凋亡的关键信号分子。进一步的研究表明, sf 来源的靶向 CIAPIN1 的 miRNA 15-29148 导致软骨细胞凋亡增加。我们进一步证明, sf 来源的 miRNA 15-29148 被转移到软骨细胞,在体内加剧软骨损伤。此外,软骨细胞特异性适配体修饰的聚酰胺胺纳米颗粒不仅可以改善 RA,还可以预防 RA 的发病。本研究表明,在 RA 中, SFs 中特异性 sEV-miRNA 的分泌在促进软骨细胞凋亡中起着至关重要的作用,可能通过非炎症调节, SFs 中 sEV-miRNA 的抑制可能代表了 RA 软骨降解的早期预防性治疗策略。最后本研究已于 2025 年 6 月发表于《bone research》(IF=15;中科院双一区)

14:20-14:30

报告题目: 针对 FTO 的蛋白质降解靶向嵌合体 (PROTAC) 可有效缓解肥胖及相关代谢疾病



广西大学动物科学技术学院博士研究生, 研究方向为代谢疾病的调控, 天然小分子功能研究和动物营养, 现已参与发表 SCI 科研论文 12 篇, 其中一作/共一 5 篇, 影响因子 10 以上 1 篇; 第二作者 3 篇; 第三作者 2 篇。

肖杨 (广西大学)

报告简介: 本研究利用 FTO 抑制剂甲氯芬那酸设计合成了靶向降解 FTO 的 PROTAC 分子 (FTO-PROTAC), 以缓解肥胖及相关代谢疾病。结果表明, FTO-PROTAC 能有效进入肝细胞和脂肪细胞, 诱导 FTO 蛋白降解, 提升 m6A 修饰水平及线粒体数量, 抑制脂质积累。在肥胖小鼠模型中, 该分子可有效降解肝脏和脂肪组织内 FTO 蛋白, 提高基础代谢率, 显著减轻高脂饮食诱导的肥胖及脂肪肝。本研究揭示了一种通过 CRBN 介导的 E3 泛素连接酶通路持续抑制 FTO 表达、治疗代谢疾病的新策略。

14:30-14:40

报告题目: 十万年来口腔微生物群的演化景观



钟岭, 现为苏州大学苏州医学院癌症研究院博士研究生, 2023 年在 Nature Communication 上以第一作者身份发表题为 "Distributed genotyping and clustering of Neisseria strains reveal continual emergence of epidemic meningococcus over a century" 的论文。研究方向涵盖基于古代 DNA 的微生物人类学, 微生物群体遗传学, 宏基因组与转录组。

钟岭 (苏州大学)

报告简介: 理解人类及其共生微生物的共同进化是重建生物和文化历史的基础。这一追求整合了进化生物学、人类学和微生物学, 以揭示宿主-微生物关系如何塑造生理特征。我们展示了迄今为止最全面的口腔微生物组时间和地理调查, 分析了来自 61 个国家 102,400 年的牙结石、牙菌斑、唾液和牙齿的 2004 个宏基因组样本。数据集包括来自智人、尼安德特人和非人类灵长类动物的现代和古代样本, 使我们能够前所未有地了解宿主系统发育和人类文化转型中的微生物进化。

14:40-14:50

报告题目: 蒙花苷通过抑制 PDE4D 和激活 cAMP/PKA/CREB 通路来缓解高脂饮食引起的肝脏脂肪变性



广西大学动物科学技术学院博士研究生, 研究方向为代谢疾病的调控, 天然小分子功能研究和动物营养, 现已参与发表 SCI 科研论文 12 篇, 其中一作/共一 5 篇, 影响因子 10 以上 1 篇; 第二作者 3 篇; 第三作者 2 篇。

王家乐 (广西大学)

报告简介: MAFLD 是肥胖和代谢功能障碍的主要后果, 目前尚缺乏有效的治疗方法。cAMP/PKA 信号通路调节脂质代谢, 抑制其上游靶点 PDE4D 可缓解 MAFLD 进展。蒙花苷是一种具有保肝特性的天然黄酮类糖苷, 其在 MAFLD 发病机制方面的研究仍不足。本研究旨在探讨蒙花苷对高脂饮食诱发的 MAFLD 的治疗作用及其机制。蒙花苷通过靶向 PDE4D 激活 cAMP/PKA/CREB 通路, 改善脂质代谢、线粒体功能和氧化应激, 从而缓解 MAFLD。本研究强调了天然化合物在代谢疾病干预方面的潜力, 为临床转化奠定了基础。



内蒙古农业大学在读博士。

主持人

徐锦波

内蒙古农业大学

14:50-15:00

报告题目: 多组学揭示红肉饮食介导铁死亡对肠道菌群代谢及结肠炎进展的机制研究



翟蓓蓓, 新疆医科大学内科学博士在读, 研究方向为溃疡性结肠炎(UC)的发病机制与精准诊疗, 聚焦溃疡性结肠炎免疫-微环境互作机制, 骨干参与国家自然科学基金一项(2024年, 32万), 新疆“天山英才”医药卫生高层次人才一项(2024年, 75万), 以第一/共一作者发表SCI论文3篇(IF>10, BMC Gastroenterol, J Health Popul Nutr, JPPS, H指数3), 中文核心论文7篇。熟练掌握Meta分析、生信分析、多组学

翟蓓蓓(新疆医科大学) 整合及单细胞数据挖掘等前沿技术, 具备从临床问题到基础研究的科研能力。

报告简介: 长期红肉饮食通过诱导铁死亡(ferroptosis)加剧溃疡性结肠炎肠道炎症, 并显著改变肠道菌群代谢。小鼠粪便16sRNA分析显示, 红肉组肠道菌群中厚壁菌门(如产气荚膜梭菌)和肠杆菌科(如大肠杆菌)等促炎菌丰度增加, 而乳酸杆菌等有益菌减少。代谢组学分析发现, 红肉喂养组次级胆汁酸(如脱氧胆酸)和硫化氢等促炎代谢物增加, 而短链脂肪酸(如丁酸)减少, 进一步加剧肠道微环境失衡。转录组学分析显示, 红肉组结肠组织中铁死亡关键基因(如ACSL4、4-HNE、TFR1)表达上调, 而GPX4表达下调, ELISA结果显示炎症相关通路(NF- κ B、TNF- α /IL-6)被激活。在DSS诱导的结肠炎模型中, 红肉组小鼠表现出更严重的肠道屏障损伤和炎症浸润, 结肠组织中铁负荷(Fe^{2+})、ROS、脂质过氧化物MDA显著升高, 而谷胱甘肽(GSH)和GPX4活性降低, 透射电镜显示线粒体固缩、嵴消失等特征性改变, 而铁死亡抑制剂(Fer-1)可部分缓解以上表型。综上, 长期红肉饮食通过增加游离铁积累、促进脂质过氧化及激活ACSL4, 驱动铁死亡进程, 进而破坏肠道菌群稳态并加剧结肠炎进展。

15:00-15:10

报告题目: 基于“肠-肠道微生物-脑”轴探讨电针调控线粒体自噬改善帕金森病的机制研究



李军令, 硕士研究生, 师从王彦春教授, 中医内科主治医师、康复医学主治医师, 以第一作者发表 SCI 一篇, 获湖北中医药大学优秀硕士毕业论文。

李军令 (湖北中医药大学)

报告简介: 帕金森病 (PD) 是常见的神经系统退行性疾病, 针刺是中医治疗 PD 的常用疗法, 但作用机制尚不明确。本课题基于 PD 动物模型, 证实针刺可以改善 PD 小鼠运动障碍及典型病理改变, 且可以影响 PD 小鼠肠道菌群的丰度, 并提出 *L. reuteri* 是电针治疗 PD 的特征性菌种; 进一步基于“肠-肠道微生物-脑”轴, 通过单菌定植实验、代谢产物回补实验、体外发酵实验及细胞实验, 证明电针通过富集 *L. reuteri* 代谢 NAMO 调控 NAD⁺/NADH, 进而影响线粒体自噬水平以改善 PD。

15:10-15:20

报告题目: Microbial metabolite OAA from *Romboutsia ilealis* controls obesity and lipid metabolism through PSMD3-mediated degradation of YTHDF2



研究方向主要为脂代谢和肠道菌群, 相关学术成果发表于 *International Journal of Biological Sciences*、*iMetaomics* 等期刊。

黄亮 (浙江大学)

报告简介: 肠道菌群失调导致免疫相关疾病、消化不良或腹泻。本研究以中国本地猪品种嘉兴黑猪 (JXB) 为研究对象, 对其进行宏基因组和转录组综合分析, 揭示其肠道微生物群基因和肠道组织基因表达通路的相互作用。在 JXB 猪和杜洛克×长×大 (DLY) 猪之间共发现 452 个差异表达基因 (DEGs) 和 174 个细菌门。进一步分析发现, JXB 和 DLY 在结肠基因表达特征上的差异主要富集在代谢和炎症反应上, 其中乳酸菌和毛螺杆菌科分别在 DLY 和 JXB 中富集。值得注意的是, 在两种猪品种中均发现 *Pacebacteria*、*Streptophyta* 和 *Aerophobetes* 参与了 PI3K-Akt 介导的免疫反应; 此外它们只在 JXB 猪中促进其肠道代谢。相对, 宿主可通过 Ig 样结构域蛋白、ITIH2、PAEP 和 TDRD9 等基因调节微生物代谢和免疫应答。综上所述, 我们的研究结果揭示了两个猪品种中肠道微生物群对宿主基因的共同调控和特定调控。

研究生论坛（二）

主持人：罗豪、杨海飞、
徐锦波

会场 2: 药学楼 Y102 8月25日(周一) 下午 13:30-15:40

15:20-15:30

报告题目：人类口腔-呼吸道病毒组目录与老年人呼吸健康



倪雅文（北京协和医学院）

倪雅文，2023 级北京协和医学院直博生，导师为曹彬教授，目前研究方向为呼吸道与微生物组领域，参与发表 SCI 论文 1 篇。

报告简介：呼吸道及口腔病毒组在人体健康及疾病发生中起着关键作用。然而，由于缺乏针对这两个部位的病毒基因组参考数据库，目前对人体共生病毒组的认知仍存在显著空白。本研究构建了一个综合性的人类口腔-呼吸道病毒组目录，并基于该目录对老年人群的呼吸道病毒组特征进行了关于急性呼吸道感染的纵向解析。

会议论文集

(按提交时间先后顺序排序)

Unlocking the Potential of Chinese Medicinal Herbs: Probiotic Fermentation and Yeast Synthetic Biology for Bioactive Molecule Production

Running title: Microbial production of bioactive plant compounds

Yongjun Wei ^{1,2,3*}

¹ School of Pharmaceutical Sciences, State Key Laboratory of Antiviral Drugs, Pingyuan Laboratory, Zhengzhou University, Zhengzhou 450001, China; ² Center for Lipid Biosynthetic Engineering, Muyuan Laboratory, 110 Shangding Road, Zhengzhou 450016, China; ³ Laboratory of Synthetic Biology, Zhengzhou Research Base, National Key Laboratory of Cotton Bio-Breeding and Integrated Utilization, Zhengzhou University, Zhengzhou 450001, China

*Correspondence: yongjunwei@zzu.edu.cn (Yongjun Wei)

Abstract

Chinese medicinal herbs contain valuable bioactive molecules with significant therapeutic potential, but their low natural abundance, complex structures, and difficult extraction present major challenges for pharmaceutical applications. To address these limitations, we aim to produce of bioactive molecule production using microbiological strategies. Firstly, we isolate and characterize novel probiotic strains (including *Lactobacillus* and yeast species) from traditional fermented vegetables. These microbial workhorses are used to ferment medicinal herbs (*Astragalus membranaceus*, *Glycyrrhiza uralensis*, etc.), demonstrating remarkable capabilities to significantly enhance native bioactive molecule yields, generate novel structural derivatives, and reduce extraction complexity through enzymatic breakdown of herb lignocellulose. Secondly, we engineer yeasts as microbial cell factories for de novo synthesis of high-value, structurally complex herbal compounds (medicarpin, cycloastragenol, and glabridin) that are particularly challenging to obtain through conventional methods. The approach establishes a powerful pipeline that synergizes traditional fermentation wisdom with cutting-edge synthetic biology, offering sustainable solutions to overcome current limitations in herbal medicine production. Our work provides sustainable production of rare phytochemicals for food or pharmaceutical applications.

Keywords: Chinese medicinal herbs; Bioactive compounds; Probiotic fermentation; Yeast cell factories; Synthetic biology

Diet-AI-Gut Microbiota and Host Health: An AI-Driven Four-Dimensional Integration Paradigm

Running title: Diet-AI-Gut Microbiota and Host Health

Tianle He ^{1,2,3*}, Zhenguo Yang ³

¹ College of Animal Science and Technology, Ningxia University, Yinchuan, China; ² State Key Laboratory of Animal Nutrition, College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing, China; ³ Laboratory for Bio-feed and Molecular Nutrition, College of Animal Science and Technology, Southwest University, Chongqing, China

*Correspondence: hetianle2020@163.com (Luqi Huang)

Abstract

In contemporary health research, the interrelationship between diet, gut microbiota, and host health has garnered extensive attention, with the integration of artificial intelligence (AI) heralding a transformative shift. As a primary modulator of gut microbiota, diet comprises a complex and diverse array of components, with subtle and intricate interactions that directly influence the composition and function of microbial communities. Traditional approaches to unraveling the deep connection between diet, microbiota, and host health face numerous challenges, including large data volumes, complex variable interrelationships, and significant individual differences. An AI-driven four-dimensional integration paradigm, which collects multidimensional dietary intake data—including food types, nutritional content, and eating timings—and employs advanced machine learning algorithms, enables precise prediction of individual gut microbiota responses. Building on this, detailed analyses of microbiota metabolites and their correlations with host physiological states—such as immune responses, metabolic biomarkers, and intestinal barrier function—facilitate the construction of comprehensive models elucidating the dynamic interactions among diet, microbiota, and host health. The strength of this paradigm lies in its capacity to integrate heterogeneous, multi-source data, uncovering hidden patterns within complex biological systems. For instance, deep learning algorithms can identify microbial biomarkers associated with specific dietary patterns that are closely linked to health outcomes, thus informing personalized nutritional interventions. Furthermore, data mining tools allow for in-depth analyses of large-scale population datasets, revealing unique subtype-specific associations. Preliminary applications of this integrated approach in areas such as obesity and inflammatory bowel disease suggest that AI-based dietary interventions can effectively rectify dysbiosis and alleviate disease symptoms. Nonetheless, challenges remain, including ensuring data quality, enhancing model interpretability, and establishing standardized validation across diverse populations and studies. With continuous advancements in AI technology and increasing interdisciplinary collaboration, this four-dimensional model holds promise as a fundamental framework for precision

nutrition and individualized medicine, paving new pathways to improve human health, advancing health management into an era of intelligence and personalization, and making a profound positive impact on global health initiatives.

Keywords: diet, artificial intelligence, gut microbiota, host health, four-dimensional integration paradigm, machine learning, precision medicine

Serum metabolomic profiling uncovered metabolic shifts in individuals upon moderate-altitude exposure and identified the potentiality of Beta-Alanine to ameliorate hyperuricemia

Running title: Beta-Alanine could ameliorate hyperuricemia *in vitro* and *in vivo*

Xuanfu Chen ^{1,2,#}, Guoxiang Zou ^{2,#}, Zhibo Yang ^{2,#}, Xin Qi ², Feier Song ², Long Peng ³, Dingchen Wang ^{2,4}, Jingyan Zhou ^{2,5}, Jiahui Ma ⁴, Haiwei He ², Yimei Hong ², Yu-E Wang ⁶, Yanqun Fan ^{7,*}, Zhipeng Liu ^{7,*}, Xin Li ^{2,6,*}

¹ Guangdong Cardiovascular Institute, Guangdong Provincial People's Hospital (Guangdong Academy of Medical Sciences), Guangzhou, China; ² Department of Emergency Medicine, Guangdong Provincial People's Hospital (Guangdong Academy of Medical Sciences), Southern Medical University, Guangzhou, China; ³ Department of Neurosurgery, Guangdong Provincial People's Hospital Ganzhou Hospital, China; ⁴ School of Medicine, South China University of Technology, Guangzhou, China; ⁵ The Second Clinical School of Medicine, Southern Medical University, Guangzhou, China; ⁶ Nyingchi People's Hospital, Tibet, China; ⁷ Biotree Metabolomics Technology Research Center, Shanghai, China

These authors have contributed equally: Xuanfu Chen, Guoxiang Zou, Zhibo Yang

* Correspondence: sylixin@scut.edu.cn (Xin Li), liuzhipeng@biotree.cn (Zhipeng Liu), fanyanqun@biotree.cn (Yanqun Fan)

Abstract

Background High-altitude exposure has been associated with an increased risk of hyperuricemia and gout, though the underlying mechanisms remain poorly understood.

Methods We conducted a comprehensive analysis of the serum metabolome and phenotype in both discovery and validation cohorts of Han Chinese individuals who underwent long-term moderate-altitude exposure (~12 months), as well as in an independent cohort consisting of local Han Chinese and Tibetans residing in Nyingchi (> 5 years). Beta-Alanine intervention was applied in hypoxanthine and potassium oxonate-induced *in vitro* and *in vivo* experiments.

Results Individuals exposed to moderate altitude exhibited elevated serum urate and an increase in overall medium-chain fatty acids, coupled with a decrease in overall amino acids and short-chain fatty acids. Rmcorr correlation analysis revealed a significant negative association between Beta-Alanine and serum urate, whereas nonanoic acid was in versa, potentially driving lower serum urate in long-term exposed residents. Both *in vitro* and *in vivo* experiments demonstrated that Beta-Alanine inhibited xanthine oxidase and reversed the hyperuricemia phenotype in human hepatocytes and mice induced by hypoxanthine and potassium oxonate, with a urate-lowering effect in mice. Hepatic pathology and transcriptome analysis of hyperuricemia mice treated with Beta-Alanine indicated that the mechanisms involved the inhibition of xanthine oxidase, amelioration of the inflammation phenotype in hepatocytes, and promotion of renal urate excretion. Furthermore, the 10-fold cross-validation random forest classification predictive modeling based on selected metabolites and phenotypes achieved an area under receiver operating characteristic curve value of 0.93 (95% confidence interval: 0.85-1.00) and 0.79 (95% confidence interval: 0.59-0.98) for distinguishing individuals with high risk of asymptomatic hyperuricemia in the training dataset and validation dataset, respectively.

Conclusions This study reveals serum urate and metabolome altered in moderate-altitude exposed individuals and Beta-Alanine intervention could ameliorate hyperuricemia. Our findings suggest that targeting the circulating metabolome may pave novel avenues to counter diseases associated with HU.

Keywords: Moderate altitude, Asymptomatic hyperuricemia, Urate, Serum metabolome, Risk prediction

The impact of school heavy metal exposure on children's gut microbiota: the mediating role of environmental microorganisms

Running title: Heavy metal exposure, environmental microorganisms and children's gut microbiota

Yuchen Zou ¹, Menglong Li ¹, Tuerxunayi Abudumijiti ¹, Huiming He ¹, Mengying Guan ¹, Yeerlin Asihaer ¹, Miao Li ¹, Nourhan M. Khattab ¹, Mushui Shu ², Yifei Hu ^{1,3*}

¹ Department of Child, Adolescent Health and Maternal Care, School of Public Health, Capital Medical University, Beijing, 100069, China.; ² Institute of Urban Safety and Environmental Science, Beijing Academy of Science and Technology, Beijing, 100069, China.;

³ Beijing Key Laboratory of Environmental Toxicology, Capital Medical University, Beijing, 100069, China.

*Correspondence: huyifei@yahoo.com (Yifei Hu)

Abstract

Background & Aims: Heavy metals are toxic and harmful pollutants that can affect the school environment and the exposed children's health. We aim to investigate the effects and correlation of heavy metals on environmental microorganisms and the gut microbiota of exposed children.

Methods: Dust samples and children's fecal samples were collected from Beijing Child Growth and Health Cohort study. Classroom environment was tri-grouped according to heavy metal pollution levels, and gene sequencing was performed on the dust and fecal samples. eXtreme Gradient Boosting was used to determine the impact of heavy metals on environmental microorganisms and gut microbiota, and relative length of the quadrant and fourth-corner analysis were used to explore the relationship between the three components.

Results: Heavy metal pollution exists in the classroom environment (all Pollution Load Index > 1). Lead (Pb) and copper (Cu) significantly impacted environmental microorganisms' community structure (all $p < 0.05$). The SHapley Additive exPlanations (SHAP) results showed that cadmium (Cd) affected the Shannon index at the phylum-level, Cu affected the species-level across all sites, and Cd affected the indoor sample's Shannon index. Cd was negatively associated with *Erysipelatoclostridium* ($r = -0.06$), and Pb was negatively associated with *Intestinibacter* ($r = -0.05$) (all $p < 0.05$). We identified 11 co-classification environmental microbial modules which could affect differential gut microbiota using Weighted Gene Co-Expression Network Analysis. Spearman correlations were not significant between heavy metals and gut microbiota, but associations were significantly mediated by environmental microorganism identified in the Fourth-corner analysis. Procrustes analysis confirmed the correlations between heavy metals and gut microbiota ($r = 0.22$, $p < 0.05$).

Conclusions: Heavy metal pollution in schools has altered the structure of the environmental microorganisms. Heavy metal and environmental microorganisms act as co-players disrupting the exposed children's gut microbiota.

Keywords: Heavy metal; Environmental microorganisms; Gut microbiota; Children; Health risk

Integrative multi-omics analysis reveals microbiome-based molecular subtypes and metabolic-immune modulation in upper gastrointestinal cancer

Running title: Multi-omics analysis of microbiome in gastrointestinal cancer

Yunzhe Wang¹, Li Yuan², Libin Pan², Zhao Zhang^{1*}

¹ MOE Key Laboratory of Metabolism and Molecular Medicine, Department of Biochemistry and Molecular Biology, School of Basic Medical Sciences, Fudan University, Shanghai, China; ² Department of Pharmacy, Zhejiang Cancer Hospital, Hangzhou Institute of Medicine (HIM), Chinese Academy of Sciences, Hangzhou, Zhejiang, China

*Correspondence: zhaozhang@fudan.edu.cn (Zhao Zhang)

Abstract

Intra-tumour microbiome, as an emerging component of the tumour microenvironment (TME), has attracted increasing attention due to its potential role in influencing oncogenesis, immune responses, and therapeutic outcomes. We conducted a comprehensive integrative analysis combining microbial 16S rRNA profiling, RNA sequencing, and metabolomics on gastric cancer tissues. Our research classified tumors into six microbiome-based subtypes, with *Streptococcus* and *Pseudomonas*-enriched clusters showing poorer survival outcomes. We successfully isolated *Streptococcus anginosus* (*SA*) from tumor tissues and confirmed its association with immunosuppressive microenvironments characterized by reduced CD8⁺ T-cell infiltration. Our metabolomic analysis revealed that *SA*-enriched tumors exhibited activated arginine metabolism without corresponding host transcriptional changes, indicating microbe-driven metabolic rewiring. We demonstrated that *SA* converts arginine to ornithine, potentially competing with CD8⁺ T cells for this essential amino acid and contributing to T-cell exhaustion. Our work has been extended to other cancer types, including adenocarcinoma of the esophagogastric junction, and discovered bacteria with potential anti-tumour effects. To understand the mechanisms and future generalization of this finding, we developed a computational toolkit *bacNeo* to identify potential bacteria-derived neoantigens, aiding in immune activation strategies for cancer treatment (<https://github.com/WenzyWong/bacNeo>). In conclusion, we explored distinct intra-tumour microbiome in upper gastrointestinal cancers, and developed a bacterial neoantigen discovery tool to aid in future research.

Keywords: Microbiome; Multi-omics; Gastric Cancer

Spatial–Temporal Transcriptome Atlas of Maize Embryogenesis and Organogenesis

Running title: The spatialtemporal transcriptome atlas of maize embryogenesis and organogenesis (< 80 character)

Cong Tan^{1,2#}, Huanjing Li^{2,3#}, Ning Yang⁴, Lei Liu⁴, Huan Liu^{1,2,3*}

¹ BGI Bioverse, Shenzhen, 518083, China; ² BGI Research, Wuhan, 430047, China.; ³ College of Life Sciences, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; ⁴ Huazhong Agricultural University, Wuhan, China

[#]These authors contributed equally: Cong Tan, Huanjing Li

*Correspondence: Huan.Liu (Huan Liu)

Abstract

Plant embryogenesis, the developmental phase that transforms a single zygote into a three-dimensional organism, is orchestrated through precisely timed and spatially restricted cellular programs. Dissecting the identities of key cell types and the genes that govern their fate is essential for trait-oriented breeding strategies. Leveraging Stereo-seq, we generated a high-resolution atlas of maize (*Zea*

mays) embryogenesis spanning seven developmental stages from early embryogenesis through mature stage. The dataset captures the dynamic transcriptional trajectories underlying cell-fate decisions, revealing the molecular circuitry that drives differentiation of the shoot apical meristem and coleoptile. We further delineated the transcriptomic switch that marks the transition from embryonic maturation to seed filling. Integrating spatial gene-expression patterns with functional annotation highlighted stage- and region-specific activation of lipid-biosynthetic genes, gene families and transcription factors implicated in oil accumulation. This atlas provides a foundational resource for understanding monocot embryogenesis and for targeted manipulation of seed traits.

Keywords: data, 3 - 7 keywords

Plant embryogenesis, cell heterogeneity, spatial transcriptome, transcriptional trajectories, cell-fate decisions, molecular circuitry, lipid-biosynthetic genes

A catalog of the human oral–airway virome informs respiratory health in ageing populations

Running title: A catalog of the human oral–airway virome informs respiratory health in ageing populations

Yawen Ni ^{1,2,#}, Xiaohui Zou ^{3,#}, Qing Zhang ^{1,3,#}, Shenghui Li ^{4,#}, Yue Zhang ⁴, Xiaoxuan Yao ^{1,3}, Bin Cao ^{3,*}

¹ Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, Beijing, China; ² Changping Laboratory, Beijing, China;

³ National Center for Respiratory Medicine; State Key Laboratory of Respiratory Health and Multimorbidity; National Clinical Research Center for Respiratory Diseases; Institute of Respiratory Medicine, Chinese Academy of Medical Sciences; Laboratory of Clinical Microbiology and Infectious Diseases, Department of Pulmonary and Critical Care Medicine, Center of Respiratory Medicine, China-Japan Friendship Hospital, Beijing, China; ⁴ Puensum Genetech Institute, Beijing, China

[#]These authors contributed equally: Yawen Ni, Xiaohui Zou, Qing Zhang, Shenghui Li

*Correspondence: caobin_ben@163.com (Bin Cao)

Abstract

Objective: Oral and airway viromes play a critical role in human health and disease, yet remain poorly characterized compared to their extensively studied intestinal counterparts. This knowledge gap is largely attributable to the lack of oral- and airway-specific reference genome databases. The elderly, a population particularly vulnerable to respiratory infections, lack well-defined baselines for airway viromes, as well as insights into host, environmental, and microbial factors that may influence their composition. Moreover, longitudinal analyses tracking virome dynamics during respiratory infections, especially in older adults, remain limited.

Methods: We integrated 12,616 publicly available human oral and airway metagenomic samples with 933 samples from a longitudinal elderly cohort to construct a oral and airway virome genome collection (OAVGC). The elderly cohort recruited 403 relative healthy elderly participants, with 535 throat swabs and 398 sputum samples collected for metagenomic sequencing. A total of 254 clinical variables were recorded, and additional samples were collected during episodes of acute upper respiratory infection (URI) and subsequent recovery.

Results: The constructed OAVGC identified 56,885 viral operational taxonomic units (vOTUs). Notably, approximately 90% of the vOTUs were previously unrepresented in existing databases. Presentation of the prevalence, viral hosts, functional genes of the viruses in different airway habitats revealed their niche-specific adaptations. By leveraging this catalogue for high-resolution annotation of the airway virome and integrating broad variables from our well-established elderly cohort, we identified specific viral signatures significantly associated with respiratory health, including lung function and elderly health scores, and established links between the airway virome and URI as well as URI risk in the future.

Conclusion: By expanding the known oral and airway virome repertoire and elucidating its clinical relevance in the elderly, our comprehensive oral and airway virome genomic collection serves as a valuable source for studying human virome and its impact on human health.

Keywords: oral and airway virome, catalog, the elderly

Multidimensional exploration of drug target prediction: from sequence, structure to omics

Running title: Multidimensional exploration of drug target prediction

Renxin Zhang ^{1,2,#}, Zhiyuan Chen ^{1,2,#}, Shuhan Li ^{1,2}, Haohao Lv ^{1,2}, Jinjun Li ^{1,2}, Naixue Yang ^{1,2,*} and Shaoxing Dai ^{1,2,*}

¹ State Key Laboratory of Primate Biomedical Research, Institute of Primate Translational Medicine, Kunming University of Science and Technology, Kunming, China; ² Yunnan Key Laboratory of Primate Biomedical Research, Kunming, China

[#]These authors contributed equally: Renxin Zhang and Zhiyuan Chen

*Correspondence: yangnx@lpbr.cn (Naixue Yang) and daixs@lpbr.cn (Shaoxing Dai)

Abstract

Drug target prediction is a crucial initial step in modern drug discovery, but traditional experimental methods are time-consuming and resource-intensive. This study explores multi-dimensional computational strategies to overcome this challenge by integrating protein sequence, structure, and omics data. First, using the ChEMBL database, we built a highly accurate target prediction model (Sequence-Based CPI Predictor) based on random forests. By encoding protein sequence features (amino acid composition, dipeptide

composition) and compound molecular descriptors, the model effectively distinguishes active and non-active compound-protein pairs, achieving an AUC of 0.98. Next, we expanded the druggable proteome using human protein structures predicted by AlphaFold2. With Fpocket for pocket detection and Apoc for similarity analysis, we identified 15,043 druggable pockets across 20,255 proteins, increasing the estimated druggable proteome from 3,000 to over 11,000 proteins. Pocket similarity analysis facilitated drug repositioning (e.g., progesterone to ADGRD1 for pemphigus and breast cancer) and safety assessments (e.g., axitinib's off-targets linked to 46 recorded side effects). Finally, by integrating perturbation transcriptomics (CMAP LINCS 2020) with deep learning, we developed PTPCM, a model that links compound-induced gene expression patterns to protein sequences (via ConPLex embeddings) for target prediction. PTPCM achieved F1 = 0.97 and AUPRC = 0.99 on test sets, outperforming prior models like SSGCN. The Top100 accuracy was 0.78 for 210 natural products. Together, these sequence-, structure-, and omics-driven approaches significantly advance target discovery, expedite drug repurposing, and reduce experimental costs, providing transformative tools for drug development.

Keywords: target prediction, protein sequence, protein structure, perturbation transcriptomics, drug repositioning, computational drug discovery

Exploring Changes in the Microbiome and Metabolome Associated with Specific Occupational Environments

Running title: Occupational Signatures in the Microbiome-Metabolome Axis

Shujie Dou ¹, Guangping Fu ¹, Saili Liu ³, Jing Han ¹, Qingxiang Mu ¹, Xinrui Song ¹, Yangnuo Wang ¹, Lihong Fu ¹, Bin Cong ¹, Shaoguang Sun ^{2*}, Guanju Ma ^{1*} and Shujin Li ^{1*}

¹ College of Forensic medicine, Hebei Medical University, Hebei Key Laboratory of Forensic Medicine, Research Unit of Digestive Tract Microecosystem Pharmacology and Toxicology, Chinese Academy of Medical Sciences, Shijiazhuang, 050017, China; ² Department of Biochemistry and Molecular Biology, Key Laboratory of Medical Biotechnology of Hebei Province, Cardiovascular Medical Science Center, Hebei Medical University, Shijiazhuang 050017, China; ³ Department of Gastroenterology, The Second Affiliated Hospital of Xingtai Medical College, Xingtai, China

*Correspondence: sunshaoguang00@163.com(Shaoguang Sun); guanjuma@hebmu.edu.cn(Guanju Ma); shujinli@hebmu.edu.cn(Shujin Li).

Abstract

Occupational environments, as a unique form of long-term exposure, profoundly shape the human microbiome and metabolome. This study systematically compared the oral and gut ecosystems of indoor mental workers (university teachers) versus outdoor physical laborers (construction and transportation workers) using a multi-omics approach, revealing site-specific biological signatures driven by occupational factors. We found significant differences in microbial and metabolic features: laborers exhibited higher salivary microbial diversity, likely reflecting more complex environmental microbial contact, whereas teachers displayed higher gut microbial diversity but a marked reduction in the abundance of antibiotic and metal resistance genes. This profile aligns strongly with their healthier lifestyle habits and lower selective pressure from environmental pollutants. Our correlation and large-scale mediation analyses further dissected the intrinsic “occupation-microbe-metabolite” regulatory network. The microbe-metabolite interaction networks possessed distinct topological structures and association strengths across different occupations and physiological sites (oral vs. gut). Mediation analysis elucidated the underlying regulatory logic: among top-ranking pathways, oral regulation displayed a complex pattern of co-existing positive and negative mediation, wherein the teaching occupation elevated the key metabolic risk marker, uric acid, via downregulation of *Prevotella* sp. In the gut ecosystem, the regulatory pattern was characterized by widespread negative suppression, where occupational factors indirectly inhibited numerous fecal metabolites via specific gut microbes. This pattern, however, was not absolute, as we also identified key positive regulatory pathways, such as the *Anaerotruncus*-mediated enrichment of potentially anti-inflammatory triterpenoids in a specific occupational context. Furthermore, machine learning models using non-invasively collected salivary metabolome data distinguished occupational groups with an accuracy as high as 98.04%. This study establishes that occupation-related microbial-metabolic signatures are a sensitive “biological archive” of an individual’s long-term lifestyle and environmental exposure, offering new strategies for occupational health and forensic science. Monitoring key salivary pathways, such as the *Prevotella*-uric acid axis, provides a quantitative basis for assessing metabolic syndrome risk in sedentary populations and guiding dietary interventions. Concurrently, protective gut pathways mediated by microbes like *Anaerotruncus* present novel targets for developing targeted interventions (e.g., probiotics) to improve the health of specific occupational groups. Together, these highly specific biomarkers open innovative avenues for precision occupational risk assessment and scientific lifestyle inference.

Keywords: Microbiome; Metabolomics; Occupational environment; Microbe-metabolite interaction

The MFN2/CBS Axis Regulates Ferroptosis in Ulcerative Colitis: A Combined Approach of Machine Learning, WGCNA, Immune Infiltration, and In Vitro Studies

Running title: MFN2/CBS-Ferroptosis Axis in UC: Multi-Omics & Experimental Study

Leilei Zhai ¹, Huiyue Pan ¹, Ziyi Guo ¹, Wei Zhou ², Qi Ding ¹, Haikun Wang ¹, Qian Chen ¹ and Ping Yao ^{1,*}

¹ The First Department of Gastroenterology, The First Affiliated Hospital of Xinjiang Medical University, Urumqi, China; ² Department of Nephrology, The Children's Hospital, Zhejiang University School of Medicine, National Clinical Research Center for Child Health, Hangzhou, China

*Correspondence: pingyaozh@xjmu.edu.cn. (Ping Yao)

Abstract

Background: This study aimed to investigate ferroptosis-related biomarkers and their potential molecular basis in UC.

Methods: UC datasets (GSE87466 and GSE47908) from the Gene Expression Omnibus database were merged as the training set, and batch effects were removed. Ferroptosis-related differentially expressed genes (DE-FRGs) were selected to construct a diagnostic risk model in UC. Machine learning (lasso regression and SVM-RFE), Weighted Gene Co-expression Network Analysis (WGCNA) and PPI were then used to obtain candidate hub genes. After identifying common DE-FRGs, functional enrichment analysis, GSEA and GSVA functional enrichment analysis and immune cell infiltration were performed to explore the pathogenesis of UC. Besides, the correlation of hub gene expression and ferroptosis signature markers (GPX4 and ACSL4) was validated in external validation (GSE92415) and in vitro experiments. Finally, we employed the human intestinal epithelial Caco-2 cell to establish an in vitro inflammatory model by treatment with LPS (1 μ g/ml) for 24 hours. This model was used to validate the correlation between the expression levels of ferroptosis-related essential genes (ACSL4 and GPX4) and pro-inflammatory cytokines (TNF- α , IL-6, and IL-1 β). Furthermore, to confirm ferroptosis involvement, Caco-2 cells were co-treated with RSL3 (a ferroptosis inducer) or Ferrostatin-1 (Fer-1, an inhibitor), followed by measurement of GSH, MDA as an indicator of lipid peroxidation, and cellular iron load. Mitochondrial ultrastructure was assessed via transmission electron microscopy (TEM) to detect ferroptosis-associated morphological changes.

Results: MFN2 and CBS were identified as hub genes after further validation. Functional estimation, gene set enrichment analysis, and immune infiltration signature identification showed notable associations of the hub genes with macrophages, mast cells resting, and follicular helper T cell levels. In vitro, we observed that treatment with LPS/RSL3 obviously activated ferroptosis in Caco-2 cells, as indicated by altered expression of key ferroptosis-related genes (down-regulation of GPX4, CBS, and MFN2; up-regulation of ACSL4) and the levels of surrogate ferroptosis markers (elevated MDA and iron levels, along with reduced GSH). In addition, LPS-induced ferroptosis in Caco-2 cells could be reversed by Fer-1.

Conclusions: MFN2 and CBS may represent potential therapeutic targets and could serve as biomarkers for immune regulation in UC, warranting further investigation.

Keywords: ulcerative colitis; machine learning; ferroptosis; WGCNA, immune infiltration.

Improvement of *Escherichia coli* Nissle 1917 for cancer therapy by understanding and harnessing lactate utilization

Running title: EcN Cancer Therapy via Lactate utilization

Xinrui Li ^{1,2}, Yangui Wang ², Huilin Xie ^{1,2}, Changning Sun ¹, Jin Chen ¹, Weishan Wang ^{3,*}, Yuchao Gu ^{1,*}

¹ State Key Laboratory of Advanced Optical Polymer and Manufacturing Technology, College of Biological Engineering, Qingdao University of Science and Technology; Qingdao, 266042, China; ² School of Medicine and Pharmacy, Ocean University of China; Qingdao, 266003, China; ³ State Key Laboratory of Microbial Resources, Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences; Beijing, 100101, China

* Correspondence: guych@126.com and wangws@im.ac.cn

Abstract

Bacterial therapy shows promise in cancer treatment, yet the mechanistic underpinnings are still not well understood. The probiotic *Escherichia coli* Nissle 1917 (EcN) represents a promising microbial chassis for tumor-targeted therapy, leveraging its inherent tumor tropism and well-established clinical safety profile. Here, we employed EcN as a model organism for exploring and identified lactate, a hallmark immunosuppressive metabolite in the tumor microenvironment (TME), as a pivotal determinant governing EcN's therapeutic efficacy. By constructing an *lldPRD* and *ldhA*-knockout mutant that is incapable of catabolizing lactate, we demonstrated that EcN's colonization and anti-tumor effects are contingent upon its capacity to utilize lactate. To amplify this therapeutically relevant function, we engineered a bacteria with enhanced lactate consumption (BELAC), a genomically stable strain featuring chromosomal integration of lactate-utilizing components, including the LldP transporter and LldD dehydrogenase. This reprogramming design not only augmented EcN's lactate scavenging capacity but also significantly enhanced its tumor-suppressing capabilities in various syngeneic models. Mechanically, the BELAC strain achieved TME immune remodeling through increased CD8⁺ T cell infiltration. Importantly, BELAC maintained tumor-specific colonization while demonstrating clinically essential genetic stability. This study presents the first evidence linking EcN's anti-tumor activity to lactate metabolism, which may be prevalent in most microorganisms and developed a next-generation chassis for microbial therapeutics targeting tumor-supporting metabolites with broader anti-tumor efficacy.

Keywords: *Escherichia coli* Nissle 1917, Lactate metabolism, Tumor microenvironment, Synthetic biology, Microbial therapeutics

Secondary Metabolites of *Bacillus amyloliquefaciens* MH71 Modulate Phytohormone Metabolism to Promote Tomato Growth

Running title: *Bacillus amyloliquefaciens* MH71 modulate phytohormone to promote tomato

Yayong Liu ^{1,2}, Jingchi Zhai ³, Juan Zhao ^{1,2}, Taotao Zhang ^{1,2}, Caige Lu ^{1,2}, Yun Wang ³ and Wentao Qin ^{1,2,*}

¹ Institute of Plant Protection, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing, China; ² Key Laboratory of Environment Friendly Management on Fruit Diseases and Pests in North China, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing, China; ³ College of Life Sciences, Yangtze University, Jingzhou, China

*Correspondence: qinwentao@baafs.net.cn (Wentao Qin)

Abstract

Bacillus amyloliquefaciens is a group of important plant-beneficial bacteria that can suppress plant diseases and promote plant growth. Although various growth-promoting mechanisms have been reported, the research on the growth-promoting mechanisms through plant-microbe interactions remains limited. In this study, pot experiments demonstrated that both the cell-free fermentation supernatant and ammonium sulfate-precipitated crude extract of *Bacillus amyloliquefaciens* MH71 significantly promoted tomato growth and increased chlorophyll content. Transcriptome analysis revealed that strain MH71 markedly upregulated the plant hormone signal transduction pathway, particularly the biosynthesis pathways of salicylic acid (SA) and jasmonic acid (JA). Quantitative determination of phytohormones in the tomato rhizosphere further confirmed a significant increase in the contents of SA, JA, and other related hormones. Metabolomic analysis combined with isolation and identification of active substances indicated that MH71 may produce three types of lipopeptides (fengycin, iturin, and surfactin) as well as dipeptides (e.g., Leu-Thr and Tyr-Val), which collectively contribute to its growth-promoting effects. This study explores the metabolites of *Bacillus amyloliquefaciens* and their functions, laying a theoretical foundation for the development of green and efficient biofertilizers to enhance the quality and yield of tomato.

Keywords: *Bacillus amyloliquefaciens*; tomato; secondary metabolites; phytohormone; growth promotion

Maternal gut microbiota metabolite 3-IAA mediates dexamethasone exposure-induced long bone dysplasia in offspring by regulating H-type angiogenesis via the miR369-3p/Itgβ2 pathway

Running title: 3-IAA mediates dexamethasone exposure-induced long bone dysplasia

Hangyuan He ^{1,#}, Liaobin Chen ^{1,*}, Hui Wang ^{2,*}

¹ Department of Joint Surgery and Sports Medicine, Zhongnan Hospital of Wuhan University, Wuhan, China; ² Department of Pharmacology, Basic Medical School of Wuhan University, Wuhan, China

*Correspondence: lbchen@whu.edu.cn (Liaobin Chen); wanghui19@whu.edu.cn (Hui Wang);

Abstract

Prenatal dexamethasone exposure (PDE) can cause intrauterine growth retardation in offspring and increase susceptibility to various fetal-originated diseases. However, the impact of clinically dosed PDE on offspring long bone development remains unclear. This study aims to investigate the effects of PDE on offspring long bone development through retrospective clinical studies and animal experiments, elucidate its intrauterine programming mechanisms using combined animal and cellular models, and identify potential therapeutic targets. Ultrasonography revealed that PDE significantly reduced femur lengths in female fetuses, with no significant effect in males. Animal experiments confirmed that PDE induced femur dysplasia in female fetuses and reduced postnatal bone mass in offspring. Multi-omics analysis showed altered gut microbiota composition in PDE-exposed dams, characterized by significantly reduced *Clostridium* abundance and decreased levels of its metabolite 3-IAA in maternal and fetal sera. Transcriptomics identified *Itgβ2* as a hub gene mediating PDE-induced fetal long bone growth inhibition. In vitro, 3-IAA promoted endothelial angiogenic function by upregulating *Itgβ2*. Bioinformatics and experimental validation confirmed that miR369-3p directly inhibits *Itgβ2*, while 3-IAA suppresses miR369-3p expression. Intervention studies demonstrated that transplanting PDE-dam microbiota into normal pregnant rats induced H-type vessel reduction and long bone dysplasia in offspring, whereas 3-IAA supplementation reversed these defects. Finally, postnatal local administration of a miR369-3p inhibitor or *Itgβ2* overexpression in long bones rescued PDE-induced reductions in H-type vessel density and bone mass. Clinically dosed PDE causes long bone dysplasia in female/female offspring and reduces postnatal bone mass. This effect is mediated by PDE-induced depletion of maternal gut *Clostridium* and consequent reduction of 3-IAA, which impairs local bone endothelial angiogenic function via the miR369-3p/*Itgβ2* pathway, ultimately leading to decreased H-type vessel density, long bone dysplasia, and low bone mass. This study confirms PDE's inhibitory effects on offspring long bone development and provides a theoretical basis for identifying early prevention and treatment targets.

Keywords: Osteoporosis; Peak Bone Mass; H-type Vessels; Prenatal Dexamethasone Exposure; Indole-3-acetic acid

Microbial communities drive intervarietal trait divergence in cultivated seaweed *Pyropia haitanensis*

Running title: Host-Microbiome Synergy in Seaweed Variety Formation

Yi Liu ¹, Jingyi Wang ¹, Qijun Luo ¹, Juanjuan Chen ¹, Rui Yang ¹, Peng Zhang ², Tiegang Wang ², Huifeng Cai ^{3,*}, Haimin Chen ^{1,*}

¹ Collaborative Innovation Center for Zhejiang Marine High-efficiency and Healthy Aquaculture, Ningbo University, Ningbo, Zhejiang, China.; ² Zhejiang Mariculture Research Institute, Wenzhou, China; ³ Fishery Technical Management Service Station of Yinzhou District, Ningbo, Zhejiang, China.

* Correspondence: chenhaimin@nbu.edu.cn (Haimin Chen)

Abstract

Pyropia haitanensis is an alga of great ecological and economic importance, playing a vital role in ecosystem function, industrial applications, and aquaculture. Although many *Pyropia* varieties are widely farmed across different coastal regions, their economic traits vary significantly—differences that may be linked to host-associated microbial communities. While microbial roles in shaping phenotypic and agronomic traits in terrestrial plants are increasingly recognized, their contributions to varietal differentiation in economically important seaweeds remain underexplored. This study investigated how host-associated microbiomes promote trait divergence among cultivars of the economic seaweed *P. haitanensis*. Several economically valuable varieties of *P. haitanensis* were utilized, differing from previous studies on wild populations by ensuring consistent environmental conditions throughout the cultivation process, starting from the diploid filamentous stage through to thallus formation. Their epiphytic microbiomes and seawater microbiota were analyzed via metagenomics. Each variety harbored distinct microbial communities compared to seawater, indicating host selection. Despite over 80% of the microbial taxa were shared among the cultivars, but functional analysis revealed differences in metabolic pathways and ecological functions. Such as ZD-2 enriched in nutrient cycling, pollutant degradation, and antibiotic production; SF-2 in host-microbe interactions, biofilm stability, and sulfur metabolism; MF-2 showed intermediate features with aromatic hydrocarbon degradation and antibiotic biosynthesis. Notably, ZD-2, a locally adapted variety, showed greater functional similarity to native seawater microbiota. These results highlight a strong link between microbial recruitment and varietal traits, offering a microbiome-based framework for seaweed breeding and ecological management.

Keywords: *Pyropia haitanensis*, Microbiome, Metagenomics, Marine aquaculture

Drinking alkaline mineral water confers diarrhea resistance in maternally separated piglets by maintaining intestinal epithelial regeneration via the brain-microbe-gut axis

Running title: Alkaline mineral water enhances diarrhea resistance in piglets via brain–microbe–gut axis

Ziyan Hu ¹, Jian Chen ¹, JinLong Li ¹, Yi Zhao ^{1,*}

¹ College of Veterinary Medicine, Northeast Agricultural University, Harbin, China

*Correspondence: zhaoyi@neau.edu.cn (Yi Zhao)

Abstract

Post-weaning diarrhea (PWD) is a major disease in pig production, causing severe economic losses and constraining the sustainable development of the swine industry. Weaning stress and its associated gut microbiota dysbiosis, hormonal disturbances, and mucosal injury are considered the primary pathogenic factors. Alkaline mineral complex (AMC) water has demonstrated potential protective effects against gastrointestinal disorders, particularly diarrhea, yet the underlying mechanisms remain unclear. This study aimed to evaluate the effects of AMC water on diarrhea resistance in weaned piglets and elucidate its mechanistic basis. Our findings revealed that AMC water significantly reduced the incidence of PWD, improve the composition and function of intestinal microbiota, and improved growth performance. Mechanistically, AMC water suppressed hyperactivation of the hypothalamic–pituitary–adrenal (HPA) axis, reduced stress-related hormone levels (cortisol and adrenocorticotrophic hormone), restored intestinal microbial homeostasis, and increased the abundance of beneficial bacteria. Furthermore, AMC water activated the Wnt/ β -catenin signaling pathway, which promoted intestinal epithelial cell (IEC) proliferation and intestinal stem cell (ISC) differentiation into goblet and Paneth cells, thereby enhancing the integrity of chemical and immune barriers. These effects collectively reduced lipopolysaccharide (LPS) translocation into the systemic circulation and across the blood–brain barrier, ultimately mitigating HPA axis dysfunction. In conclusion, AMC water maintains intestinal homeostasis by modulating the brain–microbe–gut axis, thereby enhancing diarrhea resistance and improving production performance in weaned piglets. This study provides a novel preventive and therapeutic strategy for young mammals at high risk of intestinal injury and PWD.

Keywords: Post-weaning diarrhea; Alkaline mineral water; Brain-microbe-gut axis; Diarrhea; Gut microbiota; Intestinal epithelial regeneration

Fungi community within colorectal neoplasia and its contribution to colorectal carcinogenesis

Kai Yuan, Weixin Liu, Xiang Zhang, Jun Yu

Institute of Digestive Disease and Department of Medicine and Therapeutics, State Key Laboratory of Digestive Disease, Li Ka Shing Institute of Health Sciences, The Chinese University of Hong Kong, Hong Kong

Objectives: The relationship between intratumoral fungi and the progression of colorectal cancer (CRC) is largely unclear. We aim to determine the structure of the fungal community within a neoplasia (adenoma or CRC) and its association with genetic mutation in adenoma and CRC.

Methods: 261 [tissue biopsies](#) from two different region cohorts of CRC (n = 21) and adenoma (n = 21) patients (2-5 tissue biopsies from adenoma or CRC and 1-2 biopsies from adjacent normal tissues per individual) were collected. Microbial profiling was performed using 18S [ribosomal RNA gene](#) sequencing with subsequent investigation of microbiota diversities and heterogeneity. Correlations between microbiota dysbiosis and host genetic alterations (KRAS mutations and microsatellite instability) were also analyzed in all tumor biopsy samples. In addition, an intra-kingdom network was established to elucidate the relationship of bacteria and fungi.

Results: In two cohorts, alpha and beta diversity analyses showed significant differences between CRC and adenoma. We analyzed the fungi composition in each cohort to generate an overview of individual microbiota profiles at the phylum level. The abundance of *Basidiomycota* was increased in CRC compared with adenoma, while *Ascomycota* was decreased in CRC. We then discovered that fungal communities within neoplasia were heterogeneous, with significant intra-neoplasia variation in abundance (e.g. *Malassezia* and *Aspergillus*). Moreover, we found that the intra-neoplasia variation in the abundance of individual microbes changed along the adenoma-carcinoma sequence. At the fungal genus level, 11 fungus (e.g. *Malassezia*, *Aspergillus*, *Candida*, and *Anopheles*) were enriched in CRCs, and 1 fungi (*Collapsidium*) was depleted in CRC compared to adenoma, which was verified in the second cohort. There was a significant difference in intra-neoplasia microbiota (e.g. *Hanseniaspora*, *Saccharomyces*, and *Debaryomyces*) between biopsies with and without *KRAS* mutation ($P < 0.05$) or microsatellite instability ($P < 0.05$), indicating the association of intratumoral microbial heterogeneity with host genetic alteration. Multi-domain networks showed that the link between fungi and bacteria was progressively stronger according to the adenoma-carcinoma sequence. Cooccurrence interactions between fungi and bacteria, mostly contributed by fungal *Ascomycota* and bacterial *Proteobacteria* in CRC, while *Malasseziaceae* and *Aspergillaceae* acted as crucial hubs.

Conclusions: This study provided an intra-neoplasia fungal profile of CRC carcinogenesis and explored the intra-neoplasia fungal dysbiosis with the host genetic alteration. We also revealed the fungi and bacteria interplay in contributing to CRC progression.

β -hydroxybutyrate from *Lactacisbacillus rhamnosus* M2b Attenuates Uric Acid-Induced M1 Macrophage Polarization via the GPR109a-AMPK Axis

Running title: BHB Attenuates UA-Induced M1 via GPR109a-AMPK

Man-xi Du¹, Yi He¹, Yu-qiu Zhu¹, Wu-jin Chen³, Xiao-yu Chen¹, Dan Yang¹, Qing-qing Yang¹, Jia-ying Sun¹, Bei Zhang¹, Yu-ping Sun^{1,2*}

¹ Microbiology Department of Basic Medical College of Xinjiang Medical University, Xinjiang Medical University, Urumqi 830017, China; ² Key Laboratory of Molecular Biology of Endemic Diseases, Xinjiang Uygur Autonomous Region, Urumqi 830017, China; ³ Morphological Center of Basic Medical College of Xinjiang Medical University, Urumqi 830017, China

*Correspondence: sunyuping@xjmu.edu.cn (Yuping Sun)

Abstract

Hyperuricemia (HUA) is a metabolic disorder marked by increased blood uric acid (UA) levels, closely linked to conditions such as gout. UA-induced macrophage M1 polarization fundamentally exacerbates inflammatory pathophysiology, but current HUA-specific immunoregulatory treatments are inadequate. We investigated β -hydroxybutyrate (BHB), a UA-degrading metabolite generated from *Lactacisbacillus rhamnosus* M2b, for its ability to inhibit UA-induced macrophage M1 polarization through the activation of the GPR109a-AMPK axis, uncovering new targets for the intervention of HUA inflammation. BHB was identified as a significant molecule by untargeted metabolomics in conjunction with CCK8 and ELISA assays. Subsequently, the M1 polarization model was developed by activating RAW264.7 cells with 1mM UA, establishing the Control group, UA group, UA+BHB group, and UA+M2b sterile supernatant group (UA+M2b_CM group). The findings indicated that both BHB and M2b_CM markedly suppressed UA-induced M1 polarization, reduced the expression levels of IL-1 β , IL-6, TNF- α , and iNOS, and stimulated AMPK phosphorylation (enhanced the ratio of p-AMPK/AMPK) ($P < 0.05$). The transcriptome analysis of the GEO database verified that the AMPK pathway was markedly enhanced by BHB intervention. Functional validation experiments revealed that targeted silencing of GPR109a expression via siRNA interference entirely negated the anti-inflammatory effects of BHB. These data offer substantial evidence that GPR109a functions as the principal molecular target facilitating the anti-inflammatory effects of BHB. In summary, *Lactacisbacillus rhamnosus* M2b-derived BHB suppressed UA-induced macrophage M1 polarization via the activation of the GPR109a-AMPK signaling pathway, presenting a novel approach for utilizing intestinal microbiota metabolites to address HUA-related inflammation.

Keywords: Hyperuricemia; BHB; macrophage; GPR109a; AMPK signaling pathway

HLF and PPAR α axis regulates metabolic-associated fatty liver disease through extracellular vesicles derived from the intestinal microbiota

Running title: Hepatic leukemia factor regulates metabolic-associated fatty liver disease

Xingzhen Yang¹, Jiale Wang¹, Yang Xiao¹, Yixing Li^{1*}, Lei Zhou^{2*}

¹ Guangxi Key Laboratory of Animal Breeding, Disease Control and Prevention, College of Animal Science and Technology, Guangxi University, Nanning, 530004, China.; ² Institute of Digestive Disease, Guangxi Academy of Medical Sciences, the People's Hospital of Guangxi Zhuang Autonomous Region, Nanning, 530021, China.

*Correspondence: liyixing39@gxu.edu.cn (Yixing Li), lzhou@gxams.org.cn (Lei Zhou).

Abstract

Metabolic-associated fatty liver disease (MAFLD) has become increasingly widespread. The intestine is the primary site of lipid absorption and is important for the homeostasis of lipid metabolism. However, the mechanism underlying the participation of the intestinal tract in the development of MAFLD requires additional investigation. In this study, analysis of the single-cell transcriptome of intestinal tissue from cynomolgus monkeys found that hepatic leukemia factor (HLF) participated in the genetic regulation of intestinal lipid absorption. Results obtained from normal and intestine-specific HLF-knockout mice confirmed that HLF alleviated intestinal barrier disorders by inhibiting peroxisome proliferator-activated receptor alpha (PPAR α) expression. The HLF/PPAR α axis alleviated MAFLD by mediating gut microbiota-derived extracellular vesicles (fEVs), thereby inhibiting hepatocyte ferroptosis. Lipidomics and functional experiments verified that taurochenodeoxycholic acid (TCDCA), a conjugated bile acid contained in the fEVs, had a key role in the process. In conclusion, intestinal HLF activity was mediated by fEVs and identified as a novel therapeutic target for MAFLD.

Keywords: HLF, MAFLD, Extracellular vesicles, Gut microbiome, Ferroptosis, Bile acids

Metagenomic Analysis of Oral Microbiome Community Structure and Functional Metabolic Pathways in Tibetan Patients with Dental Caries

Bohan Shi ¹, Zhiyan Li ², Minhaoxue Zou ¹, Yujie Tao ³, Derui Zhu ^{1*}

¹ Research Centre of Basic Medical Sciences, Medical College, Qinghai University, Xining, Qinghai, China; ² Qinghai University Affiliated Hospital, Xining, Qinghai, China; ³ Qinghai Key Laboratory of Vegetable Genetics and Physiology, Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Qinghai University, Xining, Qinghai, China

*Correspondence: zhuderui2005@126.com (Derui Zhu)

Abstract

To investigate the gender-based differences in the composition and functional metabolic pathways of the oral microbiome in Tibetan patients with dental caries, based on the metagenomic Illumina sequencing platform. Saliva samples were collected from Tibetan individuals with dental caries (5 males and 4 females). Metagenomic high-throughput sequencing was employed to compare and analyze the oral microbial community structure and gene functions between the different gender groups. A total of 45 phyla and 384 genera were annotated in the oral microbiome of Tibetan males with caries, while 44 phyla and 398 genera were annotated in their female counterparts. The dominant phyla in the oral microbiome of the Tibetan caries population were *Firmicutes* (44.8%), *Bacteroidetes* (27.7%), and *Actinobacteria* (24.6%). In Tibetan males with caries, the relative abundances of *Veillonella* ($P = 0.037$), *Actinomyces* ($P = 0.020$), *Streptococcus salivarius* ($P = 0.037$), *Actinomyces graevenitzi* ($P = 0.020$), and *Prevotella histicola* ($P = 0.020$) were significantly higher than in females. Conversely, in Tibetan females with caries, the relative abundances of *Neisseria* ($P = 0.037$), *Streptococcus mitis* ($P = 0.037$), *Streptococcus pneumoniae* ($P = 0.037$), *Streptococcus oralis* ($P = 0.037$), and *Neisseria flava* ($P = 0.037$) were significantly higher than in males. KEGG pathway analysis revealed significant differences ($P < 0.05$) between the gender groups. Tibetan males showed significantly enriched pathways related to purine metabolism, nucleotide metabolism, and selenium compound metabolism. In contrast, Tibetan females exhibited significantly enriched gene abundances in pathways related to carbon metabolism, pyruvate metabolism, beta-lactam resistance, riboflavin metabolism, glutathione metabolism, liponic acid metabolism, and glycine, serine, and threonine metabolism. Significant gender-based differences exist in the abundance of oral microbial genera and core metabolic pathways in Tibetan patients with dental caries. This study provides a theoretical basis for the future prevention, control, and treatment of dental caries in the Tibetan region.

Keywords: Tibetan population; Dental caries; Oral microbiome; Metagenomic sequencing

Linarin alleviates high-fat diet-induced hepatic steatosis by inhibiting PDE4D and activating the cAMP/PKA/CREB pathway

Running title: Linarin alleviates hepatic steatosis induced by a high-fat diet

Jiale Wang ¹, Yang Xiao ¹, Xingzhen Yang ¹, Lei Zhou ^{2*}, Yixing Li ^{1*}

¹ Guangxi Key Laboratory of Animal Breeding, Disease Control and Prevention, College of Animal Science and Technology, Guangxi University, Nanning, 530004, China.; ² Institute of Digestive Disease, Guangxi Academy of Medical Sciences, The People's Hospital of Guangxi Zhuang Autonomous Region, Nanning, 530021, China.

*Correspondence: lzhou@gxams.org.cn (Lei Zhou), liyixing39@gxu.edu.cn (Yixing Li)

Abstract

Metabolic-associated fatty liver disease (MAFLD), a major consequence of obesity and metabolic dysfunction, lacks effective

treatments. The cAMP/PKA signaling pathway regulates lipid metabolism, and inhibition of its upstream target PDE4D alleviates MAFLD progression. Linarin, a natural flavonoid glycoside with hepatoprotective properties, remains underexplored for MAFLD mechanisms. To investigate linarin's therapeutic effects on high-fat diet (HFD)-induced MAFLD and elucidate its mechanisms, focusing on PDE4D inhibition and cAMP/PKA/CREB pathway activation. C57BL/6J mice were fed a normal diet (CON), high fat diet (HFD), HFD + 50 mg/kg linarin, and HFD + 100 mg/kg linarin. Oleic/palmitic acid-stimulated HepG2, Mouse primary cells and AML12 cells were used. In vitro, 25 μ M linarin reduced intracellular triglycerides (TG), elevated ATP production, decreased ROS and MDA, and upregulated GSH and CAT. In vivo, 50 and 100 mg/kg linarin suppressed weight gain, reduced hepatic fat deposition, and improved insulin sensitivity and liver function. Mechanistically, linarin inhibits PDE4D activity, activates the cAMP/PKA/CREB pathway, and upregulates GPX4 expression. Linarin alleviates MAFLD by targeting PDE4D to activate the cAMP/PKA/CREB pathway, improving lipid metabolism, mitochondrial function, and oxidative stress. This study highlights the potential of natural compounds for metabolic disease intervention, providing a foundation for clinical translation.

Keywords: Linarin, Phosphodiesterase 4D (PDE4D), Obesity, Fatty liver, Lipid metabolism

Spatial Omics Technologies: Advancing the Study of Complex Systems in Chinese Herbal Medicine Research

Running title: Spatial Omics in Chinese Herbal Medicine Research

Wenjuan Liu ^{1#}, Xiangjian Zhong ^{1#}, Yan Wu ¹, Bin Hu ¹, Hao Huang ¹, Noumedem Anangmo Christelle Nadia ^{2,3}, Yamssi Cédric ^{2,4}, Mahdi Yaghoobi ⁵, Ajmal Khan ⁵, Walter Luyten ⁵, Haibo Hu ^{1,2,5*}

¹ National Engineering Research Center for Modernization of Traditional Chinese Medicine-Hakka Medical Resources Branch, School of Pharmacy, Gannan Medical University, Ganzhou 341000, China; ² Laboratory of Tropical and Emerging Infectious Diseases, Cameroon; ³ Department of Microbiology, Haematology and Immunology Faculty of Medicine and Pharmaceutical Sciences, University of Dschang, P.O. Box 96, Dschang, Cameroon; ⁴ Department of Biomedical Sciences, Faculty of Health Sciences, University of Bamenda, P.O. Box 39, Bambili, Cameroon; ⁵ Animal Physiology and Neurobiology Section, Department of Biology, KU Leuven, 3000, Leuven, Belgium

These authors contributed equally: Wenjuan Liu, Xiangjian Zhong

*Correspondence: hbb2017@gmu.edu.cn (Haibo Hu)

Abstract

As a unique and vital healthcare resource, Chinese herbal medicine (CHM) plays a significant role in disease prevention and treatment. Characterized by complex multi-component interactions, CHM exerts therapeutic effects through systemic, multi-target, and multi-pathway regulatory mechanisms. Spatial omics, emerging suite of high-resolution biological analytical approaches, integrate multi-dimensional molecular information to spatially delineate tissue architecture, cellular distribution, and intercellular interactions within biological systems, such as medicinal plants. Critically, the methodology of spatial omics—focusing on the holistic dynamic processes of tissues and cells in situ—aligns profoundly with CHM's core therapeutic principles of systemic modulation and pathway coordination. Over the past decade, spatial omics, particularly spatial metabolomics, has achieved remarkable progress in CHM research. Leveraging its strengths in precise localization and visualization, spatial metabolomics unveils the spatial distribution and dynamic changes of herbal metabolites in vivo, opening transformative avenues for exploring CHM's pharmacodynamic material basis, mechanisms of action, and quality control. This comprehensive review synthesizes recent applications and future prospects of key spatial omics technologies (spatial metabolomics, transcriptomics, proteomics, lipidomics, glycomics, and multi-omics integration) in CHM research, highlights established and emerging technical platforms and data analytics tools, and provides a strategic reference for advancing spatial omics in modernizing CHM studies.

Keywords: Spatial omics, Chinese herbal medicine, Spatial metabolomics, Spatial transcriptomics, Spatial proteomics, Mass spectrometry imaging (MSI), Multi-omics integration.

Transcriptomic Landscape of Fruiting Body Development in the Cold-Adapted Mushroom *Volvariella brumalis*

Xiong xue ¹, Peng Li^{1*}

¹ Guizhou Provincial Institute of Biology

*Correspondence: LiPeng19870716@163.com(Peng Li)

Abstract

The low-temperature straw mushroom (*Volvariella brumalis*) is a cold-adapted edible fungus capable of fruiting body formation at 4–17°C. This unique thermotolerance enables complementary cultivation with thermophilic *Volvariella volvacea*, highlighting its agricultural potential. Despite its economic promise, the molecular basis of its development remains poorly characterized. To investigate fruiting body development in *V. brumalis*, we performed comparative transcriptomics across distinct developmental stages and tissues: pileus and stipe at egg (EP, ES), elongation (ELP, ELS), maturation (MP, MS), and autolysis (AP, AS) stages. Differential gene expression (DEG) analysis revealed stage-specific patterns: Early morphogenesis (EP vs ELP/ES vs ELS): 2,805 (pileus) and 3,603 (stipe) DEGs, with enrichment in amino acid/nucleotide/carbohydrate metabolism (pileus) and translation pathways (stipe).

Maturation transition (ELP vs MP/ELS vs MS): 577 (pileus) and 584 (stipe) DEGs, showing metabolic shifts to energy production/secondary metabolites (pileus) and specialized amino acid pathways (stipe). Autolysis initiation (MP vs AP/MS vs AS): 1,577 (pileus) and 3,232 (stipe) DEGs, involving translation/secondary metabolites (pileus) and cell death/DNA repair pathways (stipe). Key regulatory genes (MCM1, MAPK, PHO85, etc.) exhibited exclusive upregulation during egg-to-elongation transition, while part of amino acid metabolism genes showed dynamic expression patterns - upregulated initially then downregulated during late development. Our results demonstrate that *V. brumalis* fruiting body development and senescence require coordinated metabolic reprogramming, with amino acid metabolism playing dual-phase regulatory roles. This study provides the first comprehensive transcriptomic resource for *V. brumalis*, establishing a foundation for future genetic studies in this economically valuable cold-adapted mushroom.

Keywords: *Volvariella brumalis*, differentially expressed genes, transcription factors, fruiting body development

Strain Degeneration in *Lentinula edodes* 'Qianxiangxun 1': Physiological and Transcriptomic Insights

Peng Li ^{1*}, Xiong xue ¹

¹ Guizhou Provincial Institute of Biology, Guiyang, China

*Correspondence: LiPeng19870716@163.com(Peng Li)

Abstract

Strain degeneration is a widespread challenge in the cultivation of edible fungi. While regular mycelial subculture serves as a standard preservation method for *Lentinula edodes*, prolonged subculturing can lead to progressive strain degeneration. *L. edodes* 'Qianxiangxun 1' is a distinctive mushroom variety native to Guizhou, China, renowned for its unique aroma profile and nutritional properties. Its fruiting bodies contain 11 characteristic volatile compounds, including cedrol, along with a high proportion of umami amino acids (54.49%) and essential amino acids (34.68%). Notably, its flavor nucleotides (GMP, IMP, and XMP) significantly surpass those found in mainstream edible mushrooms. To investigate the mechanisms underlying strain degeneration, we utilized the wild isolate F0 of *L. edodes* 'Qianxiangxun 1' and generated successive subcultures (F1–F30) through continuous plate transfers. Selected generations (F1, F10, F20, and F30) were subjected to physiological characterization and ligninolytic enzyme analysis. Our findings revealed a gradual decline in both mycelial growth rate and biomass with increasing subculture passages. Laccase activity showed an initial increase followed by a decline across successive subculture generations upon full plate colonization. Transcriptomic analysis of F1, F10, F20, and F30 demonstrated that F10 harbored the highest number of differentially expressed genes (DEGs) relative to other groups, whereas only 10 DEGs were detected between F20 and F30. Notably, DEGs associated with laccase regulation were uniformly upregulated in the F1 vs. F10 comparison. In contrast, only one downregulated DEG was observed in F10 vs. F20, with the remaining genes showing no significant differential expression. These results provide valuable insights into the molecular and physiological changes accompanying strain degeneration in *L. edodes*, laying the groundwork for future studies on mitigating degeneration in this and other fungal species.

Keywords: *L. edodes* 'Qianxiangxun 1', physiological characterization, Laccase activity, differentially expressed genes, transcription factors

Syndrome-Driven Microbial Ecology: Integrated Analysis of Mucosal and Fecal Microbiota Reveals TCM Pattern-Specific Biomarkers across the Spectrum of Colorectal Polyp Malignancy

Running title: TCM Syndromes Shape Gut Microbiota in Colorectal Polyps

Tingting Chen ^{1,2#}, Wenting Li ^{1,2#}, Xiaoman Wei ^{1,2#}, Mingxin Ni ^{2#}, Mianhua Wu ^{1,2*}, Jun Xiao ^{1,2*}

¹ The First Clinical School, Nanjing University of Chinese Medicine, Nanjing, China; ² Nanjing University of Chinese Medicine Affiliated Hospital, Nanjing, China

#These authors contributed equally; *Correspondence: WM2024@njucm.edu.cn

Abstract

Background: The progression of colorectal polyps from hyperplasia to adenoma and carcinoma is closely linked to gut microbiota dysregulation. Traditional Chinese Medicine (TCM) syndromes (e.g., spleen deficiency, damp-heat) may reflect distinct host-microbiota interactions, but their roles in mucosal and luminal microbiota during polyp malignancy remain unclear.

Methods: We collected paired mucosal irrigation and fecal samples from 135 patients with colorectal polyps, stratified into three pathological phenotypes (hyperplasia, adenoma, carcinoma) and four TCM syndromes (spleen deficiency, damp-heat, etc.). 16S rRNA sequencing was performed, followed by alpha/beta diversity, LEfSe, random forest, and functional analyses (PICRUSt2, FAPROTAX, BugBase).

Results: Microbiota Composition: Mucosal microbiota in hyperplasia (CH) showed unique enrichment of 82 genera (LEfSe, LDA>2, *p<0.05), while adenoma (CA) and carcinoma (CC) groups exhibited overlapping profiles. Beta diversity revealed significant separation by pathology (PCoA, *p=0.011) but not TCM syndromes. Function: CH had reduced xylanolysis and pathogen-related functions (FAPROTAX, *p<0.05) but higher anaerobic taxa (BugBase, *p=0.02). Diagnostic Potential: Random forest achieved limited classification accuracy (error rate=64.5%), suggesting high intergroup overlap.

Conclusions: TCM syndromes and polyp malignancy stages are associated with distinct mucosal microbiota signatures, particularly in hyperplasia. The decline in fiber-degrading functions and anaerobic taxa during carcinogenesis implies metabolic shifts. Despite microbial heterogeneity, integrative analysis of mucosal and fecal microbiota offers insights into TCM-specific biomarkers for early polyp stratification.

Keywords: Gut microbiota, Colorectal polyps, TCM syndromes, Adenoma-carcinoma sequence, Microbial biomarkers, 16S rRNA sequencing

Acknowledgment: This study was funded by Hangzhou Guhe Information Technology Co., Ltd(20190230), these samples are from the National Key Research and Development Program (2017YFC1700602).

Construction and Application of the Global Wild Animal Microbiome Metagenomic Database

Running title: Global wild animal microbiome metagenomic database

Kaiyi Wang ¹, Ruijing Yang ¹, Lidihan Zhao ¹, Yufei Li ¹, Haiyan Wang ^{1*}, Dong Zhang ^{2*}, Yunyun Gao ^{2*}

¹ School of Information Science and Technology, Beijing Forestry University, Qinghua East Road 35, Beijing 100083, China; ² School of Ecology and Nature Conservation, Beijing Forestry University, Qinghua East Road 35, Beijing 100083, China.

*Correspondence: wanghaiyan2008@bjfu.edu.cn (Haiyan Wang), ernest8445@163.com (Dong Zhang), en130434@bjfu.edu.cn (Yunyun Gao)

Abstract

Wild animal metagenomes play a critical role in elucidating host-microbe coevolution, understanding ecosystem functions, and informing disease prevention strategies. However, substantial variation exists among wild animal metagenomes across different species, geographic regions, and dietary types, and there is a lack of unified, systematic platforms targeting specific taxa. In this study, we collected and integrated metagenomic samples from a wide range of wild animals worldwide, primarily focusing on Cetartiodactyla, using high-throughput sequencing data and publicly available resources. Host taxonomic, phylogenetic, and ecological information was incorporated for standardized processing and multi-level annotation. We developed the Global Wild Animal Microbiome Metagenomic Database platform (WHMAGs), which integrates analytical modules for species annotation, structural annotation, and functional annotation, and supports interactive visualization, online analysis, and bulk data download. This platform enables systematic exploration of differences in microbiome diversity and functional composition across animals with distinct diets, while providing efficient and user-friendly analytical tools and data resources for related research. WHMAGs offers a comprehensive data foundation and analytical framework for the systematic study of wild animal metagenomes, serving as a valuable resource and theoretical basis for advancing understanding of microbiome diversity and evolutionary mechanisms in animals.

Keywords: Wild animals, Metagenome, Database, Microbiome diversity, Functional annotation

Gut Microbiota-Derived Metabolites Improve Aged Oocyte Quality via NAD⁺ Restoration

Running title: Linking Gut Microbiota to Oocyte Aging

Kong Li ¹, Meng-Jiao Yuan ¹, Yong-Bin Liu ^{1,2}, Yang Zhou ^{1*}, Teng Zhang ^{1*}

¹ State Key Laboratory of Reproductive Regulation & Breeding of Grassland Livestock, College of Life Sciences, Inner Mongolia University, Hohhot, China; ² Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot, 010070, China.

*Correspondence: zhangteng428@imu.edu.cn (Teng Zhang)

Abstract

Gut microbiota-derived metabolites modulate aging and influence female reproductive health, while their role in aged oocyte quality remains poorly defined. In this study, through fecal microbiota transplantation (FMT) to transplant intestinal microbiota from aged into young mice, we identified that composition of gut microbiota in FMT-treated presents a “older-like phenotype”, accompanied by reduced fertility and accelerated oocyte senescence. Notably, through metagenomic profiling of cecal contents from aged and FMT-treated mice, we identified a strong association between the depletion of short-chain fatty acids (SCFAs) and altered abundance of *Akkermansia muciniphila* and *Lachnospiraceae bacterium MD308*. Furthermore, serum metabolomics identified significant dysregulation in the “nicotinate and nicotinamide metabolism” pathway in aged mice. Oral administration of SCFAs ameliorated oocytes quality in aged and aged-FMT treated models by rescuing nicotinamide adenine dinucleotide (NAD⁺) levels. In addition, supplementation with nicotinamide riboside (NR) restored oocyte quality and mitigated functional impairments linked to NAD⁺ deficiency. Mechanistically, age-related NAD⁺ decline disrupts maternal mRNA degradation via dysregulation of HNRNPU, a key driver of oocyte quality deterioration. Collectively, our findings demonstrate that SCFAs derived from gut commensal bacteria benefit gut microbiota homeostasis, provides new insights into supporting NAD⁺ synthesis in the gut, and offers a promising strategy for improving the quality of aged oocytes.

Keywords: Aged mice; Gut microbiota; Short-chain fatty acids; NAD⁺; Oocyte quality

L-citrulline protects testicular sertoli cell function by mitigating DNA damage via the gut-testis axis of sheep fed a high-concentrate diet

Running title: L-citrulline protects testicular function by mitigating DNA damage via the gut-testis axis

Xinru Guo ¹, Heyang Zhou ¹, Xiangyue Meng ¹, Ke Liu ¹, Lining Shi ¹, Futeng Hu ¹, Yongbin Liu ², Teng Zhang ^{1,*}, Yang Zhou ^{1,*}
¹ State Key Laboratory of Reproductive Regulation and Breeding of Grassland Livestock (R2BGL), College of Life Sciences, Inner Mongolia University, Hohhot 010020, China; ² Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot, 010020, China.

*Corresponding authors: Prof. Teng Zhang, Email: zhangteng428@163.com, *Prof. Yang Zhou, Email: zhoyang106@126.com.

Abstract

Mounting evidence underscores that high-concentrate diets (HCD) significantly impair male reproductive health, leading to infertility, and are closely associated with dysregulation of the gut microbiome and metabolome. However, effective therapeutic strategies targeting these alterations remain elusive. Notably, compelling evidence implicates the gut-testis axis as a critical mediator in the etiology of poor semen quality. Gut-derived metabolites, as key players in the gut-testis axis, warrant in-depth investigation as potential therapeutic targets for addressing male infertility caused by environmental factors, particularly dietary stressors. In this study, we demonstrate that HCD induces DNA damage in Sertoli cells and disrupts the integrity of the blood-testis barrier (BTB), resulting in a significant decline in spermatozoa quality. 10× Genomics single-cell mRNA sequencing was used to analyze the gene regulatory networks in sheep testes, while 16S ribosomal DNA sequencing and metabolomics profiling assays were employed to detect the gut microbiota homeostasis and metabolic profiles in the small intestinal contents of sheep. Moreover, HCD impairs gut microbiota homeostasis and arginine biosynthesis, particularly leading to a remarkable decrease in L-citrulline levels. Additionally, fecal microbiota transplantation (FMT) experiments confirm that gut microbiota dysbiosis contributes to Sertoli cell DNA damage and BTB dysfunction. Interestingly, the effect of HCD-induced aberrant Sertoli cells function can be rescued by supplementation with L-citrulline. Collectively, these findings highlight the therapeutic potential of L-citrulline in protecting male reproductive health under dietary stress conditions, particularly through its action on the gut-testis axis.

Keywords: High-concentrate diet; DNA damage; Sertoli cell; L-citrulline; Gut microbiota; Spermatozoa quality

PGAP2: A Comprehensive Toolkit for Prokaryotic Pan-Genome Analysis Based on Fine-grained Feature Networks

Running title: PGAP2: A Comprehensive Toolkit for Prokaryotic Pan-Genome Analysis Based on Fine-grained Feature Networks

Congfan Bu ^{1,2,#}, Hao Zhang ^{1,2,4,#}, Fengnian Zhang ^{3,4,#}, Wenhao Liang ^{3,4}, Hao Gao ^{1,2,4}, Jing Zhao ^{1,2,4}, Fangming Lv ^{1,2,4}, Ruikun Xue ^{1,2,4}, Qian Liu ³, Zhewen Zhang ^{1,2}, Zhong Jin ^{3,*} and Jingfa Xiao ^{1,2,4,*}

¹ National Genomics Data Center, China National Center for Bioinformation, Beijing, China, Beijing, 100101, China; ² Beijing Institute of Genomics, Chinese Academy of Sciences, Beijing, 100101, China ; ³ Computer Network Information Center, Chinese Academy of Sciences, Beijing, 100083, China; ⁴ University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

#The authors wish it to be known that, in their opinion, the first three authors should be regarded as Joint First Authors

* Corresponding authors: zjin@sccas.cn (J. Z) and xiaojingfa@big.ac.cn (X. J.)

Abstract

Pan-genome analysis is a crucial method for studying genomic dynamics. By creating pan-genome maps for prokaryotic organisms, we can gain valuable insights into their genetic diversity and ecological adaptability. However, current analytical methods often struggle to balance accuracy and computational efficiency, and they tend to provide primarily qualitative results. This study introduces PGAP2, an integrated software package that simplifies various processes, including data quality control, pan-genome analysis, and result visualization. PGAP2 facilitates the rapid and accurate identification of orthologous and paralogous genes by employing fine-grained feature analysis within constrained regions. Our systematic evaluation with simulated and gold-standard datasets demonstrates that PGAP2 is more precise, robust, and scalable than state-of-the-art tools for large-scale pan-genome data. Furthermore, PGAP2 introduces four quantitative parameters derived from the distances between or within clusters, allowing for detailed homology cluster characterization. Finally, we validate our quantitative findings by applying PGAP2 to construct a pan-genomic profile of 2,794 zoonotic *Streptococcus suis* strains. This analysis provides new insights into the gene pool diversity of *S. suis*, thereby enhancing our understanding of its genomic structure. PGAP2 is freely available at <https://github.com/bucongfan/PGAP2>.

Keywords: Genomic dynamics, Prokaryote, Pan-genome, Algorithm, Clustering

Protein degradation targeting chimeras of FTO can effectively alleviate obesity and related metabolic diseases

Running title: Targeting FTO by PROTACs Alleviates Obesity and Comorbidities

Yang Xiao ¹, Xingzhen Yang ², Jiale Wang ^{1,*}, Yang Wang, Shuang Zhang, Yixing Li ^{*}, Lei Zhou ^{*}

¹ Guangxi Key Laboratory of Animal Breeding, Disease Control and Prevention, College of Animal Science and Technology, Guangxi University, Nanning, 530004, China; ² Institute of Digestive Disease, Guangxi Academy of Medical Sciences, the People's Hospital of Guangxi Zhuang Autonomous Region, Nanning, 530021, China.

*Correspondence: lzhou@gxams.org.cn (Luqi Huang), liyixing39@gxu.edu.cn (Yixing Li)

Abstract

Background: Fat mass and obesity-associated protein (FTO) demethylase activity are closely related to the development of obesity and related metabolic diseases. Protein degradation targeting chimeras (PROTACs) have become a hot technology in biomedical applications due to their advantages of high specificity and low toxicity. Therefore, we aimed to regulate the expression of FTO by protein degradation targeting chimeras in order to alleviate obesity and related metabolic diseases.

Methods: Here, we modified Meclofenac, a specific inhibitor of FTO, into PROTAC to target the degradation of FTO. Its targeting effect was verified by CCK-8 and western blot, and its effects on hepatocytes (HepG2) and adipocytes (3T3-L1) were verified in vitro by detecting m6A level, triglyceride content, mitochondrial number, ATP content, etc. Subsequently, high-fat diet-induced obese mice were used to evaluate the in vivo therapeutic effect of FTO-PROTAC and further determine the effect of FTO-PROTAC on fat deposition in the body.

Results: We found that FTO-PROTAC could effectively enter cells and induce the degradation of FTO protein in HepG2 and 3T3-L1 cells, increase the content of m6A and the number of mitochondria, and further inhibit intracellular lipid accumulation. In vivo studies have shown that FTO-PROTAC effectively degrades FTO protein in liver and fat in obese mice induced by high fat diet, and increases the basal metabolic rate of mice, thereby alleviating the occurrence of obesity induced by high fat diet and metabolically related fatty liver.

Conclusion: This study reveals a unique therapeutic strategy that targets FTO through the E3 ubiquitin ligase (CRBN) pathway to sustainably inhibit FTO expression to alleviate obesity and related metabolic diseases.

Keywords: PROTAC, FTO, Obesity, fatty liver

Rhamnosidase from *Parabacteroides distasonis* exhibit the catabolism of epimedin C in the human gut microbiota

Running title: Transformation of epimedin C by *Parabacteroides distasonis*

Jiaojiao Ding ^{1,2,3,#}, Tiexiang Gao ^{3,4,#}, Songlin Liu ^{4,5}, Zhezhe Li ³, Baifei Hu ^{2,4,5}, Junping Zhen ^{2,4,5}, Xiaowei Yao ^{2,4,5}, Hongtao Liu ^{2,4,5,*}, Haiming Hu ^{1,4,5,*}

¹ School of Laboratory Medicine, Hubei University of Chinese Medicine, Wuhan, Hubei 430065, China; ² College of Basic Medical Sciences, Hubei University of Chinese Medicine, Wuhan, Hubei 430065, China; ³ School of Pharmacy, Hubei University of Chinese Medicine, Wuhan, Hubei 430065, China; ⁴ Key Laboratory of Chinese Medicinal Resource and Chinese Herbal Compound of the Ministry of Education, Hubei University of Chinese Medicine, Wuhan, 430065, China; ⁵ Hubei Shizhen Laboratory, Wuhan 430061, China.

#These authors contributed equally: Jiaojiao Ding, Tiexiang Gao

*Correspondence: hongtaoliu@hbucm.edu.cn (Hongtao Liu); huhm1012@hbucm.edu.cn (Haiming Hu)

Abstract

Epimedin C, an anti-cardiovascular disease natural compound derived from *Herba Epimedii*, exhibits low oral bioavailability, with its metabolism closely related to the gut microbiota. In this study, we investigated the roles of intestinal bacteria in the catabolism of epimedin C. We discovered that a strain of *Parabacteroides distasonis* QZH 1201 (*P. distasonis*) from human fecal samples can convert epimedin C to 2"-O-rhamnosylcariside II and baohuoside I. More importantly, we identified an α -L-rhamnosidase enzyme from *P. distasonis* (PdRha), which plays a crucial role in this process by efficiently transforming epimedin C into icariside I. PdRha showed optimal activity at pH 6 and a temperature of 50 °C. Under the condition that the final concentration of epimedin C was 0.5 mM, its conversion efficiency reached 78.72%. Additionally, we investigated the substrate profile of PdRha and discovered that it can hydrolyze rutin, naringin, and icariin, releasing isoquercitrin, prunin, and icariside I. Molecular docking was performed to gain insights into the enzymatic mechanism. This study elucidates the metabolic pathway of epimedin C within the human gut microbiota and identifies an intestinal bacterium that effectively transforms this compound. Furthermore, we successfully cloned the rhamnosidase enzyme, designated as PdRha, from *P. distasonis*, which exhibits the ability to hydrolyze epimedin C. This study provides valuable insights into how a common intestinal symbiotic bacterium processes an important natural flavonoid.

Keywords: Rhamnosidase; Drug metabolism; *Parabacteroides distasonis*; Human intestinal bacteria; Flavonoid

细菌表观遗传调控新机制：Bacmethy 平台揭示 DNA 甲基化组介导的毒力进化与宿主互作

刘洋,南方科技大学医院

Liuy7@sustech.edu.cn

摘要：细菌的表观遗传调控机制在环境适应和致病过程中扮演着关键角色，然而 DNA 甲基化等修饰如何精确调控细菌生理功能及其与宿主的相互作用仍待深入解析。本团队前期成功开发了细菌 DNA 甲基化特征解析与功能预测平台 Bacmethy (iMeta 2024; <https://bacmethy.med.sustech.edu.cn>)。基于该平台并结合单分子实时测序 (SMRT-seq) 技术，我们对多种细菌的表观遗传调控网络进行了系统性研究。结合湿实验研究发现，一种新型甲基转移酶通过特异性介导 *nosR* 基因的 m6A 甲基化修饰，调控一氧化氮 (NO) 代谢稳态，从而显著增强铜绿假单胞菌 (*Pa*) 的巨噬细胞逃逸能力 (mSystems 2022)。此外，我们在另一 *Pa* 临床菌株中鉴定出两种甲基转移酶，它们能够特异性调控Ⅲ型分泌系统 (T3SS) 效应蛋白的表达及铁载体合成，这一发现进一步证实了表观遗传调控在细菌毒力进化中的普遍性作用。本研究为细菌表观基因组学研究提供了高效的生物信息学分析工具，也揭示了 DNA 甲基化修饰调控病原菌致病性的新机制。这些发现为发展基于表观遗传调控的病原菌精准诊疗策略提供了重要的理论依据和潜在靶点。

关键词：细菌 DNA 甲基化、表观遗传调控、Bacmethy、巨噬细胞逃逸、毒力调控

国家超算互联网

算力多元 | 资源领先 | 生态丰富 | 开箱即用

为科学计算、工业仿真、智能计算提供创新引擎

超算互联网连接产业生态中的算力供给、应用开发、运营服务、用户等各方能力和资源，并以互联网的思维运营超算中心，构建一体化的超算算力网络和服务平台。



关注超算互联网官方微信



关注超算互联网服务号

医学(动物)产品

MEDICAL PRODUCTS

17 单细胞时空多组学	DNBelab C-3' 单细胞转录组 单细胞代谢组 10x Visium HD空间转录组 非靶向空间质谱成像(50μm) 空间转录组+空间代谢组	10x Genomics 3'端单细胞转录组 Stereo-seq空间转录组 非靶向空间质谱成像(5μm) 非靶向空间质谱成像(100μm)	单细胞(微量样本)转录组 10x Visium 空间转录组 非靶向空间质谱成像(10μm) 神经递质空间质谱成像	单细胞蛋白组 10x Visium CytAssist 空间转录组 非靶向空间质谱成像(20μm) VistaProX™空间可视化蛋白组
24 蛋白质组	Ultra-Fast定量蛋白组 4D-microDIA定量蛋白组 4D-pepLFQ多肽组学 乙酰化蛋白组 O-GlcNAc糖基化蛋白组 Olink蛋白组(Target 96)	Ultra-Deep定量蛋白组 4D-label free定量蛋白组 蛋白鉴定 乳酸化蛋白组 完整N-糖肽蛋白组 Olink蛋白组(Explore 384)	Ultra-Fast血液蛋白组 TMT定量蛋白组 磷酸化蛋白组 琥珀酰化蛋白组 PRM目标蛋白 Olink蛋白组(Explore 3072)	Ultra-Deep血液蛋白组 宏蛋白组 泛素化蛋白组 N-糖基化蛋白组 Olink蛋白组(Target 48) Olink蛋白组(Explore HT)
13 高通量代谢组	医学(动物)非靶向代谢组 医学(动物)全谱代谢组 医学(动物)非靶向脂质组 GC-MS挥发性代谢组	医学(动物)非靶向代谢组Pro 医学(动物)全谱代谢组PLUS 医学(动物)LC+GC全能代谢组	医学(动物)广泛靶向 ² 代谢组 医学(动物)广泛靶向 ² 脂质组 中药入血成分分析	医学(动物)TM广靶代谢组 医学(动物)定量脂质组 GC-MS衍生化代谢组
25 靶向代谢组	SHT4500 胆汁酸检测 氨基酸代谢谱检测 氧化三甲胺检测 55种RNA甲基化检测 一碳代谢检测 有机酸检测	T500 短链脂肪酸检测 短链脂肪酸Pro检测 神经递质检测 6种RNA甲基化检测 类胡萝卜素检测	T700 色氨酸代谢通路检测 类固醇激素检测 酰基辅酶A检测 1种RNA甲基化检测 皂化类胡萝卜素检测	能量代谢定量检测 游离脂肪酸检测 氧化脂质检测 DNA甲基化检测 靶向检测 糖类检测
16 高通量测序	真核转录组 全长转录组 微生物扩增子18S 微生物全长扩增子ITS-ONT	LncRNA测序 动植物重测序 微生物扩增子ITS 微生物全长扩增子ITS-PB	smallRNA测序 人重测序 微生物全长扩增子16S-ONT 肿瘤微生物 5R 16S	全转录组 微生物扩增子16S 微生物全长扩增子16S-PB 微生物宏基因组
10 多组学产品	转录组+代谢组 全转录组+代谢组 微生物宏基因组+宏蛋白组	转录组+蛋白质组 转录组+蛋白质组+代谢组 医学/动物mGWAS	蛋白质组+代谢组 微生物16S+代谢组	LncRNA+代谢组 微生物宏基因组+代谢组

027-
62433042

武汉迈维代谢生物科技股份有限公司

www.metware.cn

微信客服: metware888

武汉·香港·波士顿



微信客服



微信公众号

BT + AI

企业简介 | >

INTRODUCTION TO THE COMPANY

百奥华兴以大数据AI模型和基因编辑技术开发为核心，专注“生物智能化”凭借强大的基础科研能力、自有智算平台和生物大数据资源，致力于开发突破性育种核心技术。核心人员由多名国家级人才和博士组成。团队成员先后在NG、NC、PNAS和MP等期刊发表算法和软件文章数十篇，申请软著和专利几十项。

核心业务 | >

CORE BUSINESS

智能育种平台

- 智能育种模型
- 全基因组选择育种
- 品种鉴定
- 种质资源评价
- 分子身份证
- 功能位点芯片开发

基因编辑平台

- 菌种构建
- 遗传转化
- 高通量突变检测
- 单倍体创制

科技服务产品

- 二代三代建库测序
- T2T基因组组装
- 泛基因组测序分析
- 重测序GWAS
- 群体进化
- ATAC-seq
- CUT & Tag
- 单细胞/空间
- 多组学联合分析
- 多组学数据库开发

基础设施平台

- ATGChox加速一体机-生信分析加速
- Deepseek专家知识库-智能体

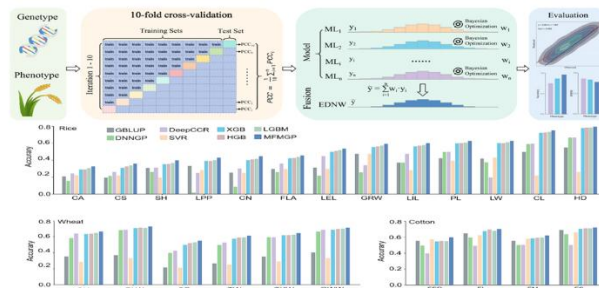
发表文章 | >

PUBLICATION LIST

- 1.Genome assembly of two allotetraploid cotton germplasms reveals mechanisms of somatic embryogenesis and enables precise genome editing. (Nature Genetics, IF:31.8, 2025)
- 2.Graph-based pangenome provides insights into the structural variation and genetic basis of metabolic traits in potato. (Molecular Plant, IF:17.1, 2025)
- 3.Genomic Analyses Yield Markers for Identifying Agronomically Important Genes in Potato. (Molecular Plant, IF:17.1, 2018)
- 4.The chromosome-scale reference genome of black pepper provides insight into piperine biosynthesis. (Nature communications, IF:14.7, 2019)
- 5.The First High-quality Reference Genome of Sika Deer Provides Insights into High-tannin Adaptation.(Genomics, Proteomics & Bioinformatics (GPB), IF:11.5, 2022)
- 6.MFMGP: An integrated machine learning fusion model for genomic prediction. (Plant Biotechnology Journal, IF:11.2, 2025)
- 7.Rice3kGS: a powerful web platform and database for large-scale genome selection. (Plant Communications, IF:9.4, 2025)

智能育种核心算法模型研发 | >

CORE ALGORITHM MODEL DEVELOPMENT FOR INTELLIGENT BREEDING



智能育种平台 | >

INTELLIGENT BREEDING PLATFORM-BIOAIAP



多组学大数据功能位点挖掘平台 | >

MULTI-OMICS BIG DATA FUNCTIONAL SITE MINING PLATFORM



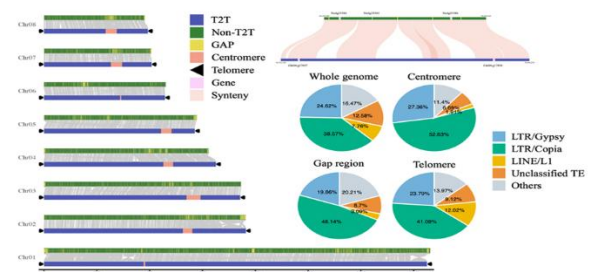
基因编辑 | >

GENE EDITING



科技服务 · T2T基因组组装 | >

TECH SERVICE-T2T GENOME ASSEMBLY



电话: 18322280330/18202600269
邮箱: support@biohuaxing.com
地址: 天津市武清开发区创业总部基地B19号楼4层
官网: <https://www.biohuaxing.com>

微生物组

绝对定量

检测专家

昊为泰AccuMetaG®宏基因组
绝对定量测序专利技术

昊为泰Accu16S®细菌扩增子
绝对定量测序专利技术

昊为泰AccuITS™真菌扩增子
绝对定量测序专利技术

昊为泰AccuFL®全长扩增子
绝对定量测序专利技术

- 单次检测，数据倍增！
- 相对定量（常规分析流程）+ 绝对定量（昊为泰特色流程）一并囊括！
- 数据更准确、结果更全面、结论更可靠！

上海昊为泰生物科技有限公司

www.genecowin.com

400-065-6886

上海市奉贤区望园路2066号

021-50802060



客户服务中心



微信公众号



公司官网

VITA GutMicrobime

全球首个肠道微生物组的高通量单细菌转录组产品

M2O
Genomics

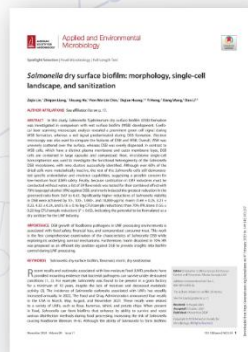
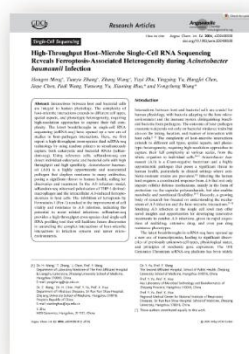
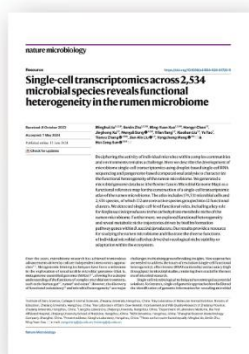
检测肠道菌群及单细菌等微生物样本超10,000+例

产品特色

- 无需分离培养
- 捕获通量高
- 灵敏度高
- 可在单细菌水平进行转录组及功能分析



部分发表的文章



微生物系列产品

高灵敏专利技术|高精度算法|单细胞微生物

2bRAD-M®高灵敏微生物组（欧易专利产品）

痕量、高宿主、高降解样本微生物组技术

2bRAD-M®高灵敏微生物组，2022年1月26日发表在Genome Biology（影响因子：12.3）。次年，升级算法MAP2B，相关成果于2023年8月22日发表在Nature communications（影响因子：16.6）。

产品优势

种水平同时检测细菌、古菌和真菌；

高效处理疑难样本：

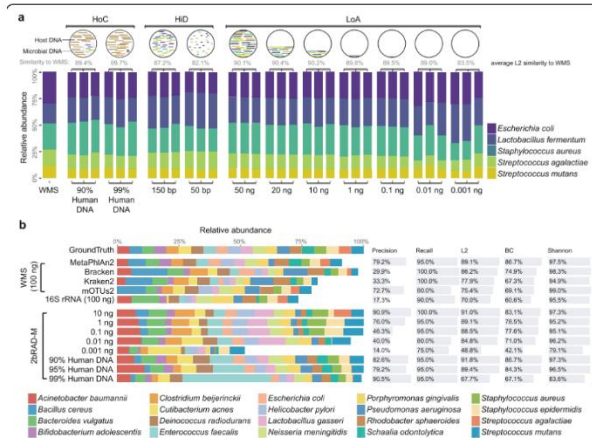
低生物量（pg级别DNA）、严重降解样本（降解至50bp）、高宿主样本（宿主核酸含量达99.9%）

严格污染防控措施：

负压实验室、阴性对照、去污染算法

成果产出：

已发表客户文章61篇，平均影响因子6.6



宏基因组测序（新算法更精准）

高精度全面解析微生物群落结构和功能

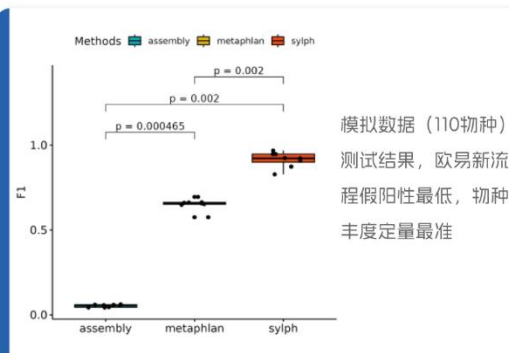
产品优势

定性准：假阴性和假阳性低于15%

定量准：L1误差低，准确还原物种真实丰度

菌株水平：支持株水平MWAS分析

数据库灵活：GTDB等多个数据库可以灵活选择组合，添加MAGs



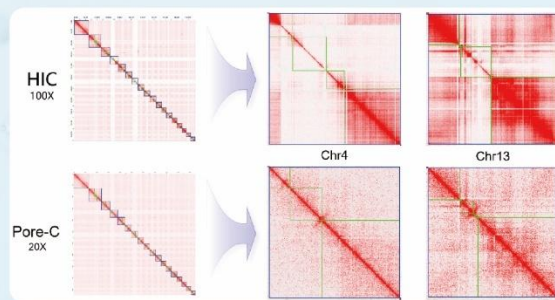
ONT only T2T基因组

ONT 超长测序

N50>100K\150K\200K
跨越大基因组复杂区域

Pore-C 测序

有效互作信息是HIC的3-4倍
助力重复序列T2T准确挂载



HiFiasm-ONT 最新组装算法引擎

实现T2T级别组装,不仅依赖高质量原始数据,更需强大的组装算法支撑。Hifiasm (ONT) 由生信专家李恒团队开发,专为Oxford Nanopore长读长数据优化。

全长宏基因组

超长读长

N50可达3-10Kb,最长read达100Kb
以上,可跨越长复杂区域。

获得基因组完成图

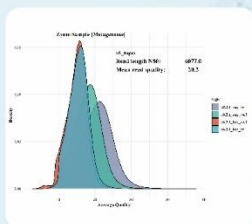
binning后组装获得物种、菌株基因组和质粒基因组。

功能挖掘更准确

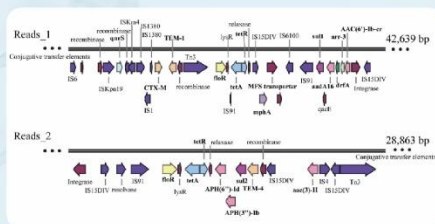
差异基因分析更准确,毒力因子分析
更全面。

准确挖掘基因簇

挖掘更长更多抗生素抗性基因、多
重耐药基因。



SUP v5 basecall reads准
确性达Q20以上



准确鉴定抗生素抗性基因簇



QNome 纳米孔基因测序平台

1 QNome-3841
便携式纳米孔测序仪

2 QNome-3841hex
桌面式纳米孔测序仪



QPursue 纳米孔基因测序平台

1 QPursue-6k
便携式中通量纳米孔测序仪

2 QPursue-6khex
桌面式中通量纳米孔测序仪

性能优势

■ 超长读长

Mb级长读长, 更有利于检测基因组复杂区域和结构变异

■ 直接测序

无需PCR扩增可直接检测DNA、RNA修饰避免表观遗传信息丢失或引入扩增偏倚。

■ 实时测序

可实时输出测序结果, 边测边分析, 节省大量时间

■ 简便快捷

文库制备简单快捷极速建库可低于10分钟; 搭配自研测序系统一键开启测序流程

■ 设备便携化

测序设备体积小、重量轻, 可携带至现场, 从源头进行样本测序

■ 成本低

设备价格亲民, 开机成本低, 即来即测, 天天开机无压力

配套产品



测序芯片QCell



极速建库试剂



测序试剂



测序软件QPready

应用场景灵活多元



先进农业和食品安全



环境监测与保护



遗传病检测



病原体研究



生物多样性保护



物种鉴定



(扫码了解更多)

www.qitanech.com
business@qitanech.com
400-800-2038

成都总部: 成都市武侯区人民南路四段3号成都来福士广场办公楼T2-2004
北京公司: 北京市海淀区建材城中路27号金隅智造工场N2楼101-130
生产基地: 成都市双流区凤凰路618号天府国际生物医药产业加速器6栋附104



“iMetaOmics” 是iMeta(IF 33.2)姊妹刊，由威立、宏科学组织和数千名华人科学家共同出版的开放获取期刊，主编由中国科学院北京生命科学研究院赵方庆和香港中文大学于君教授共同担任。目的是发表原创研究、方法和综述以促进宏组学、生物信息学、生物技术和相关交叉学科发展。目标是发表前20% (IF>10) 的高影响力论文。期刊特色包括视频投稿、可重复分析、图片打磨、青年编委、前3年免出版费、60万用户的社交媒体宣传等。2024年6月起创刊发行，已被Google Scholar和Dimensions等数据库收录。投稿范围对标Nature Communications、Microbiome、ISME、Nucleic Acids Research、Briefings in Bioinformatics、Bioinformatics等期刊，欢迎投稿！

◆ 主编团队

◆ 执行主编



013592



赵方庆 研究员

中国科学院北京生命
科学研究院

于君 教授

香港中文大学

蓝灿辉 教授/院长

武汉轻工大学/热心肠
生物技术研究院

施春林

ANGENOVO

甘人友

香港理工大学

iMetaOmics

邮箱: imetaomics@imeta.science

投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

主页: <http://www.imeta.science/imetaomics/>

出版社: <https://onlinelibrary.wiley.com/journal/109969514>

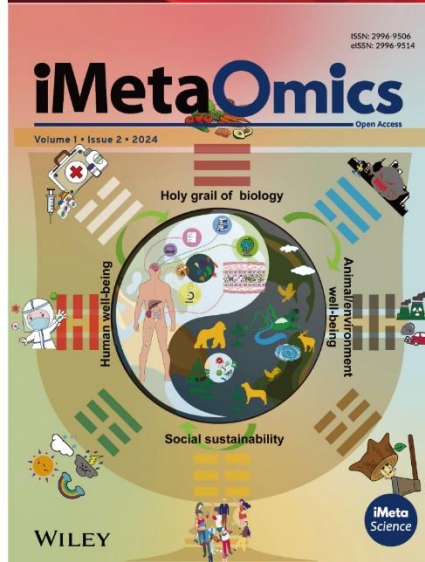


iMeta公众号

iMetaOmics主页



时空组学
STOmics



iMeta公众号 湖北中医药大学 华中农业大学

