微菌次世代定序資訊分析工作坊
Microbiota NGS Bioinformatics Workshop

主辦單位：台灣微菌聯盟

協辦單位：國立陽明大學生物醫學資訊研究所、臺北榮民總醫院

日期 ： 2019/11/16（星期六）　　地點：國立陽明大學活動中心第三會議室

Time	Agenda	講者
8:30-9:00	Registration	
09:00-09:10	Opening Remarks	陳鴻震司長 陳震寰院長 吳俊穎理事長
09:10-09:40	Microbiota analysis in addition to microbial composition	吳俊穎理事長 台灣微菌聯盟
9:40-10:10	To characterize unculturable microbial genomes: metagenome binning or single bacterial cell sorting?	湯森林研究員 中研院生物多樣性研究中心
10:10-10:30	Discussion	
10:30-10:50	Coffee break	
10:50-11:20	Comparative Analysis of Microbial Whole Genomes	張傳雄教授 陽明生資所
11:20-11:50	Experiences of Antimicrobial Studies by Short-Read and Long-Read Sequencing	黃耀廷教授 中正大學資工系
11:50-12:10	Discussion	
12:10-13:30	Lunch	
13:30-14:00	Joining Illumina paired-end reads for classifying phylogenetic marker sequences	劉宗霖教授 成大生科與產業科學系
14:00-14:30	Metagenomics theory and real-world application	曾景鴻博士 微菌方舟生物科技
14:30-15:00	A genome-based multi-omics approach for elucidating the microbial functional potential for different environmental factors	吳育瑋教授 北醫大醫資所
15:00-15:20	Discussion	
15:20-15:40	Coffee break	
15:40-16:10	Composition Analysis and Feature Selection of the Oral Microbiota Associated with Periodontal Disease with Machine Learning Techniques	林耀鈴教授 靜宜大學資工系
16:10-16:40	Data Visualization for Microbiota Analysis	何秀榮博士 北榮醫研部
16:40-17:00	Discussion	
17:00-17:10	Closing Remarks	