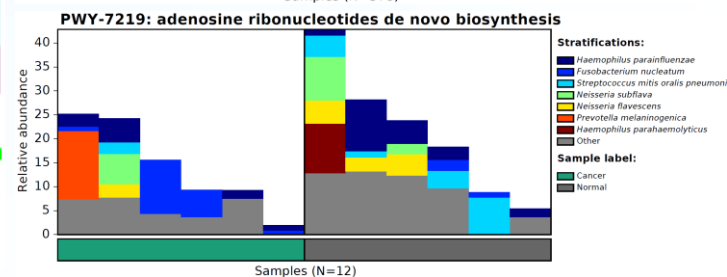
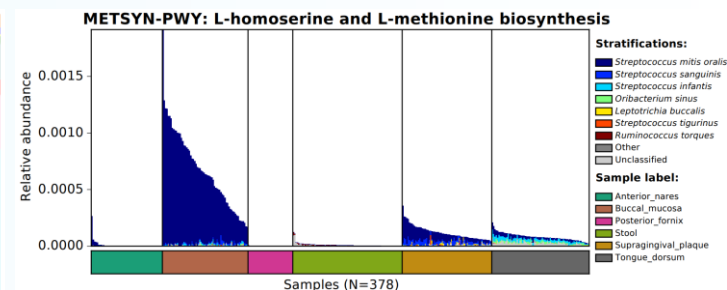
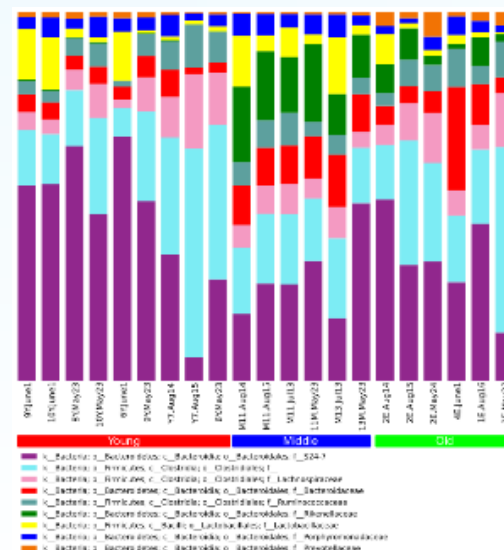


# 微生物组—宏基因组分析专题研讨会第18期



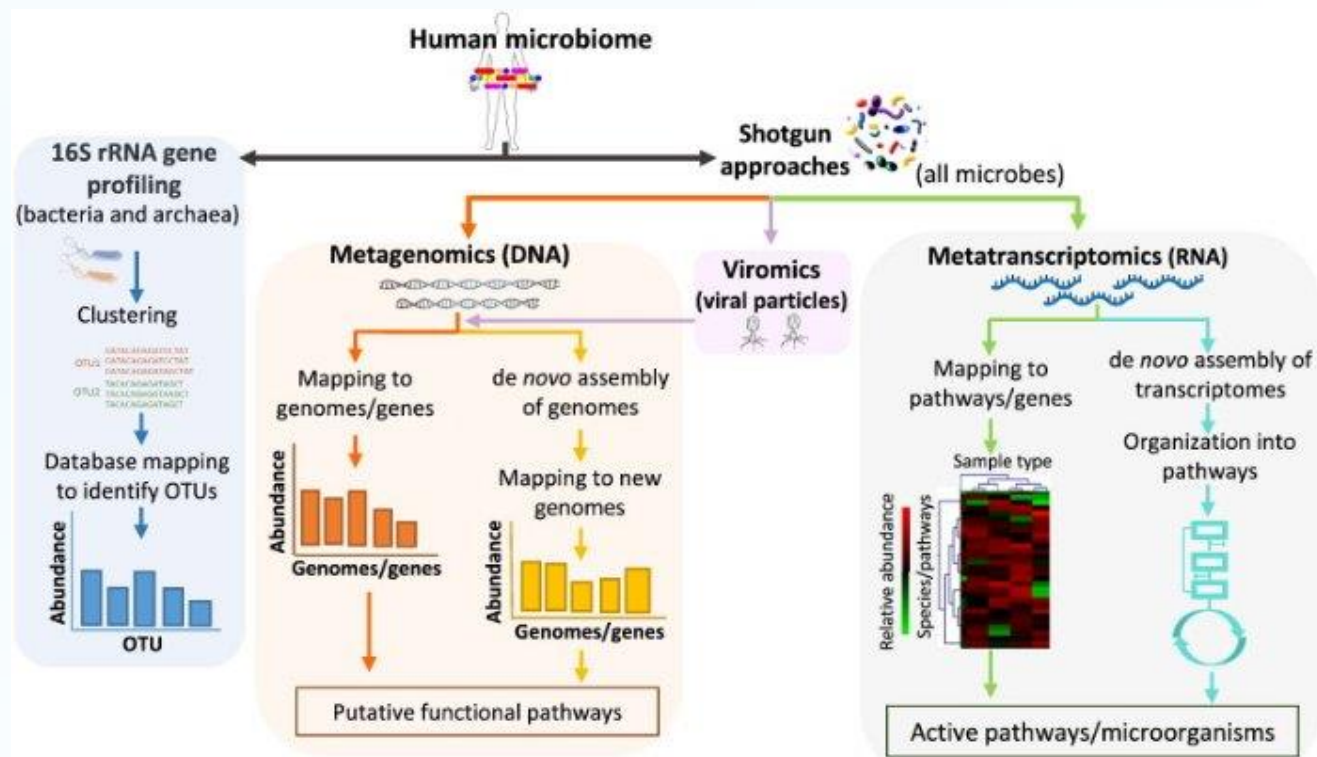
## 23HUMAN2物种 和功能组成

易生信  
2023年4月8日



# 宏基因组基于读长(Read-based)的分析流程

- 一. 软件安装和数据库部署
- 二. KneadData质控
- 三. **MetaPhlAn2物种组成**
- 四. HUMAnN2功能组成
- 五. GraPhlAn可视化物种
- 六. LEfSe分析物种差异
- 七. STAMP功能组成分析



易生信

# MetaPhlAn2 (metagenomic phylogenetic analysis, 宏基因组系统发育分析, 2015)



- MetaPhlAn2是分析微生物群落(细菌、古菌、真核生物和病毒)组成的工具，只需一条完命令即可获得微生物的物种丰度信息。同时提供脚本可进一步统计和可视化。
- 主页: <http://segatalab.cibio.unitn.it/tools/metaphlan2/>
- Nicola Segata, Levi Waldron, Annalisa Ballarini, Vagheesh Narasimhan, Olivier Jousson, Curtis Huttenhower. 2012. Metagenomic microbial community profiling using unique clade-specific marker genes. *Nature Methods* 9: 811. <https://doi.org/10.1038/nmeth.2066> Cited by 1715
- Duy Tin Truong, Eric A. Franzosa, Timothy L. Tickle, Matthias Scholz, George Weingart, Edoardo Pasolli, Adrian Tett, Curtis Huttenhower, Nicola Segata. 2015. MetaPhlAn2 for enhanced metagenomic taxonomic profiling. *Nature Methods* 12: 902-903. <https://doi.org/10.1038/nmeth.3589> Cited by 1696
- Aitor Blanco-Míguez, et al. 2023. Extending and improving metagenomic taxonomic profiling with uncharacterized species using MetaPhlAn 4. *Nature Biotechnology* <https://doi.org/10.1038/s41587-023-01688-w> Cited by 1





# 意大利特伦托大学Nicola Segata组——宏基因组软件 (10-12年哈佛公共卫生学院Huttenhower组博后)



易生信

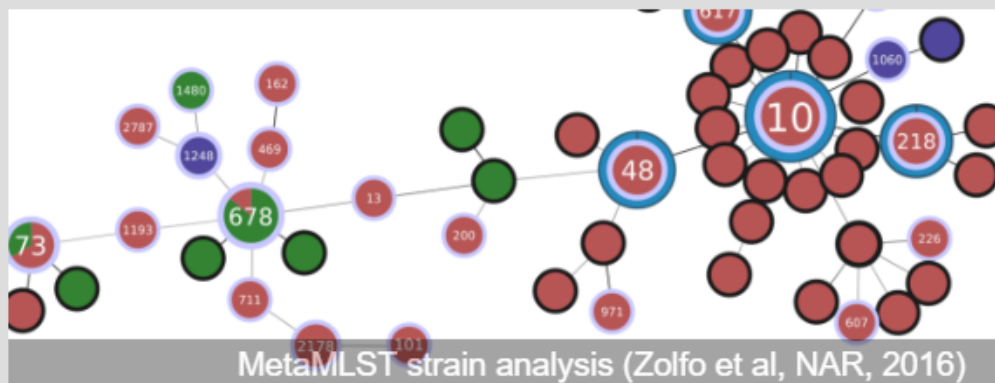
Segata lab <http://segatalab.cibio.unitn.it/>  
Computational Metagenomics

Home People Publications Tools Contacts



In the context of our [ERC Starting grant 2016](#) and other projects, we have **openings for four computational scientists** for human microbiome projects. Take a look at the [call for expressions of interest!](#)

Meta'omics for hacking the human microbiome



MetaMLST strain analysis (Zolfo et al, NAR, 2016)

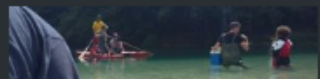


Tweets by @cibiocm

Segata Lab Retweeted

Sirio | Film Tv & Media  
@siriofilm

Con i ricercatori del  
@CIBIO\_UniTrento per la  
raccolta dei campioni  
microbioma ambientale.  
#Memex @RaiScuola  
#luoghidellascienza con  
@dcoeroborga.



## 开发维护和参与的软件

- [curatedMD \(2017\)](#) 发表人类微生物组物种和功能组成整理数据库R包
- [MetaMLST \(2016\)](#) 宏基因组多位点序列分型
- [StrainPhlAn \(2016\)](#) 菌株水平群体基因组分析
- [MetAML \(2016\)](#) 3000个宏基因组数据微生物与表型关联预测
- [PanPhlAn \(2016\)](#) 预测菌株水平基因组成和转录活性
- [MetaPhlAn2 \(2015\)](#) 宏基因组物种组成
- [GraPhlAn \(2015\)](#) 物种或进化树圈图美化
- [ShortBRED \(2015\)](#) 蛋白归类基因家族和宏基因组功能定量
- [MicroPITA \(2014\)](#) 宏基因组样本挑选
- [MetaRef \(2014\)](#) 微生物类特异基因数据库
- [PhyloPhlAn \(2013\)](#) 新微生物基因组分类和进化关系鉴定
- [HUMAnN \(2012\)](#) 宏基因组功能组成定量
- [LEfSe \(2011\)](#) 生物标志物挖掘

Cell: 宏基因组分箱15万人体微生物基因组



易汉博基因科技(北京)有限公司  
EHBIO Gene Technology (Beijing) co., LTD



# Nicola Segata

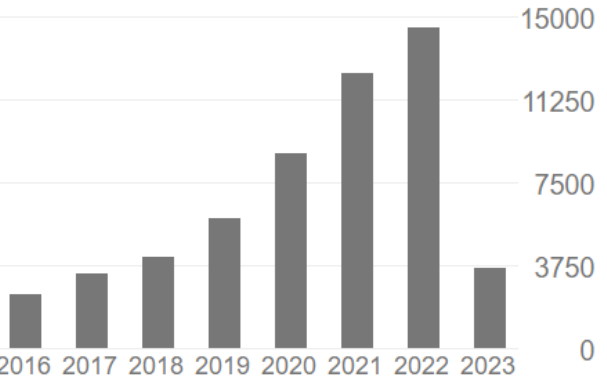
Department CIBIO, [University of Trento](#)  
Verified email at unitn.it - [Homepage](#)

[Human Microbiome](#) [Computational Biology](#) [Metagenomics](#) [Microbial Genomics](#)  
[Machine Learning](#)

FOLLOW

Cited by [VIEW ALL](#)

	All	Since 2018
Citations	60945	49828
h-index	80	73
i10-index	154	147



Public access [VIEW ALL](#)

0 articles	163 articles
not available	available
Based on funding mandates	

TITLE		CITED BY	YEAR
<a href="#">Metagenomic biomarker discovery and explanation</a> N Segata, J Izard, L Waldron, D Gevers, L Miropolsky, WS Garrett, ... Genome biology 12 (6), R60	LEfSe	9674	2011
<a href="#">Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2</a> E Bolyen, JR Rideout, MR Dillon, NA Bokulich, CC Abnet, GA Al-Ghalith, ... Nature biotechnology 37 (8), 852-857	QIIME 2	9411	2019
<a href="#">Structure, function and diversity of the healthy human microbiome</a> nature 486 (7402), 207-214		8947	2012
<a href="#">A framework for human microbiome research</a> nature 486 (7402), 215-221		2262	2012
<a href="#">Metagenomic microbial community profiling using unique clade-specific marker genes</a> N Segata, L Waldron, A Ballarini, V Narasimhan, O Jousson, ... Nature methods 9 (8), 811-814	MetaPhlAn	1715	2012
<a href="#">MetaPhlAn2 for enhanced metagenomic taxonomic profiling</a> DT Truong, EA Franzosa, TL Tickle, M Scholz, G Weingart, E Pasolli, ... Nature methods 12 (10), 902-903	MetaPhlAn2	1696	2015



# MetaPhlAn2的数据量和特征

MetaPhlAn2整理了超过17000个参考基因组，包括13500个细菌和古菌，3500个病毒和110种真核生物，汇编整理了100万+类群特异的标记基因，可以实现：

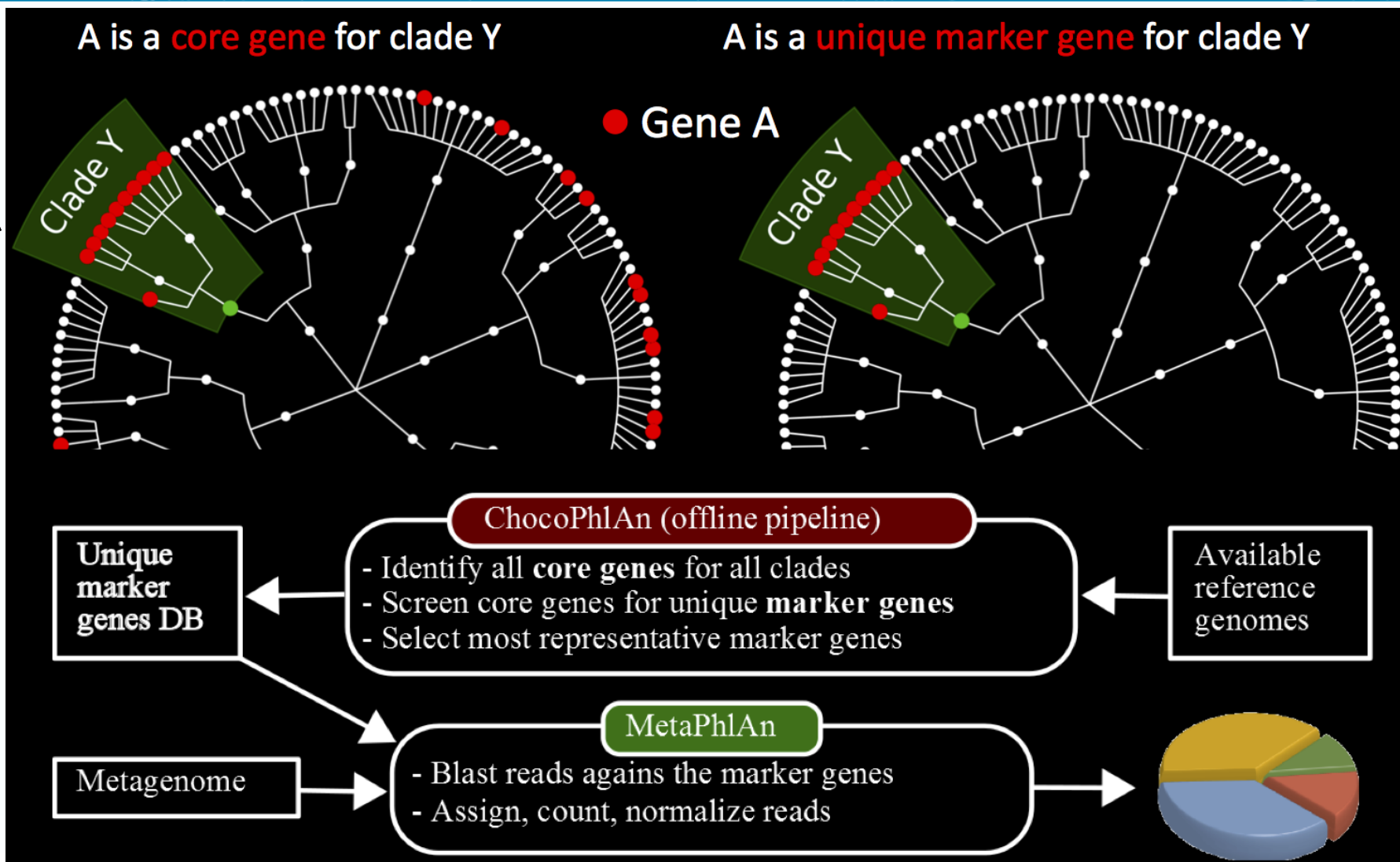
- 精确的分类群分配
- 准确估计物种的相对丰度
- 种水平精度
- 株鉴定与追踪
- 超快的分析速度

易生信  
宏基因组



# MetaPhlAn Marker的选择(核心算法)

类核心  
基因



类特异  
基因

基因组







```
metaphlan2.py metagenome.fastq --bowtie2out metagenome.bowtie2.bz2 \
  --nproc 9 --input_type fastq > profiled_metagenome.txt
```

输入fastq单个文件，输出物种组成表，可选bowtie2比对中间文件

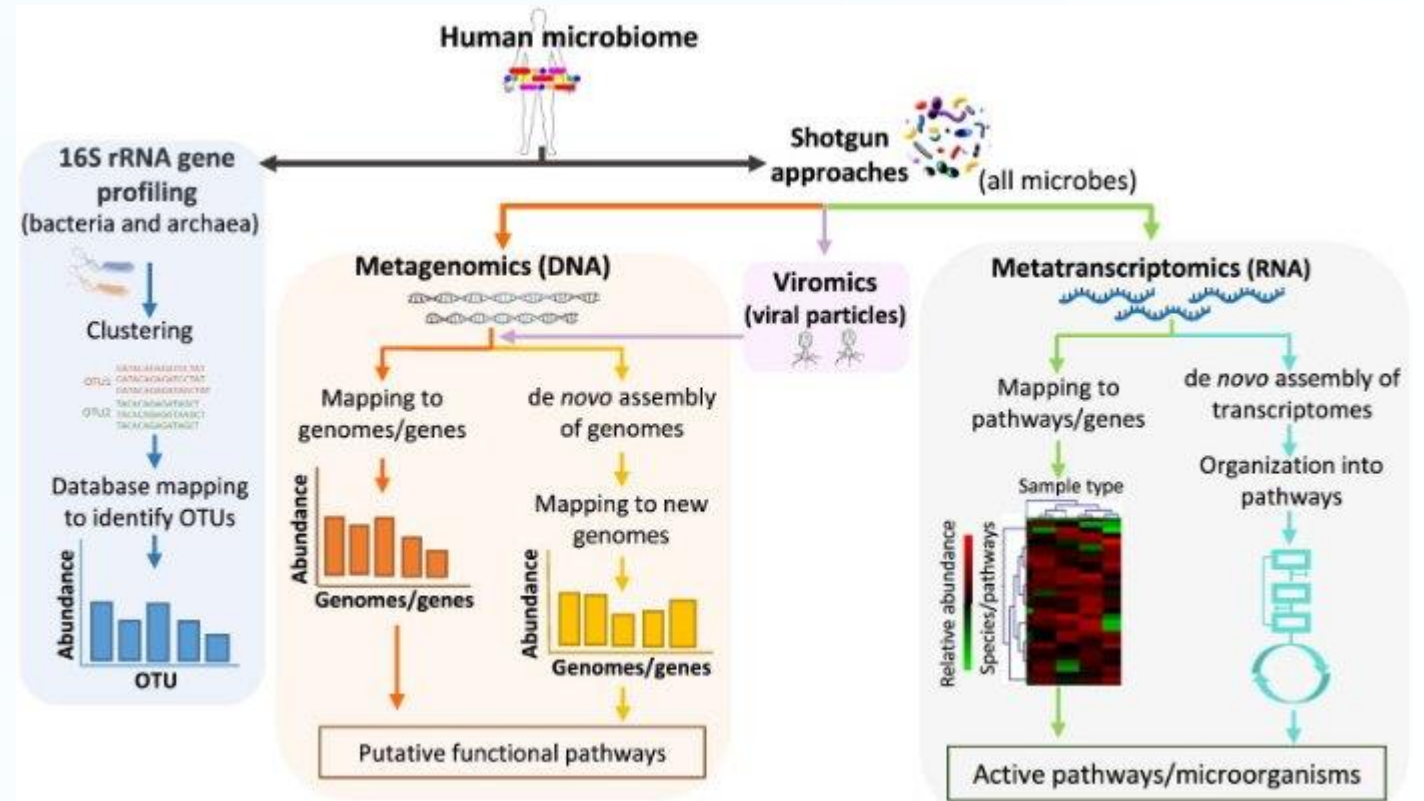
- 使用方法详见：MetaPhlAn2一条命令获得宏基因组物种组成
- 软件安装代码见1soft\_db.sh或2pipeline.sh中附录metaphlan2部分
- 除非只关注物种组成，否则MetaPhlAn很少单独使用
- HUMAnN2整合了MetaPhlAn2软件，可实现一条命令完成物种、功能、以及功能对应物种组成三个文件，多角度挖掘宏基因组数据。

- HUMANN3.6可基于MetaPhlAn4结果继续运行
- 整合了分离培养基因组+1百万宏基因组组装基因组(MAGs)
- 26,970种水平MAGs, 其中4,992个未定义的种
- 默认移除低质量结果
- 安装 `conda install -c bioconda metaphlan=4.0.6`
- 使用 <https://github.com/biobakery/biobakery/wiki/metaphlan4>
- Aitor Blanco-Míguez, et al. 2023. Extending and improving metagenomic taxonomic profiling with uncharacterized species using MetaPhlAn 4. *Nature Biotechnology* <https://doi.org/10.1038/s41587-023-01688-w> Cited by 1



# 宏基因组基于读长(Reads-based)的分析流程

- 一. 软件安装和数据库部署
- 二. KneadData质控
- 三. MetaPhlAn2物种组成
- 四. **HUMAnN2功能组成**
- 五. GraPhlAn可视化物种
- 六. LEfSe分析物种差异
- 七. 功能组成统计分析



易生信



- HUMAnN2: The HMP Unified Metabolic Analysis Network 2, HUMAnN2是基于宏基因组、宏转录组数据分析微生物通路丰度的有效工具。这一过程称为功能谱，目的是描述群体成员的代谢潜能。可以回答微生物群体成员可能干什么，或在干什么的问题。

[HTML] Metabolic reconstruction for metagenomic data and its application to the human microbiome

S Abubucker, N Segata, J Goll... - PLoS computational ..., 2012 - journals.plos.org

Microbial communities carry out the majority of the biochemical activity on the planet, and they play integral roles in processes including metabolism and immune homeostasis in the human microbiome. Shotgun sequencing of such communities' metagenomes provides information complementary to organismal abundances from taxonomic markers, but the resulting data typically comprise short reads from hundreds of different organisms and are a best challenging to assemble comparably to single-organism genomes. Here, we describe

☆ Save Cite Cited by 1059 Related articles All 33 versions

Abubucker, S. *et al.* Metabolic Reconstruction for Metagenomic Data and Its Application to the Human Microbiome. *PLOS Computational Biology* **8**, e1002358, doi:10.1371/journal.pcbi.1002358 (2012).

Species-level functional profiling of metagenomes and metatranscriptomes

EA Franzosa, LJ McIver, G Rahnavard, LR Thompson... - Nature ..., 2018 - nature.com

Functional profiles of microbial communities are typically generated using comprehensive metagenomic or metatranscriptomic sequence read searches, which are time-consuming, prone to spurious mapping, and often limited to community-level quantification. We developed HUMAnN2, a tiered search strategy that enables fast, accurate, and species-resolved functional profiling of host-associated and environmental communities. HUMAnN2 identifies a community's known species, aligns reads to their pangenomes, performs ...

☆ Save Cite Cited by 1050 Related articles All 12 versions

Franzosa, E. A. *et al.* Species-level functional profiling of metagenomes and metatranscriptomes. *Nature Methods* **15**, 962-968, doi:10.1038/s41592-018-0176-y (2018).

[Nature Methods: HUMAnN2实现宏基因组和宏转录组种水平功能组成分析](#)

[HUMAnN2: 人类微生物组统一代谢网络分析2](#)

[宏基因组有参流程 \(HUMAnN2\)](#)



- 可对已知和未知生物分析群体功能谱  
MetaPhlAn2和ChocoPhlAn泛基因组数据库
- 可获得基因组、基因和通路层面的结果  
UniRef基因家族, MetaCyc基因通路, MinPath定义最小通路集
- 简单的使用界面(单行命令实现全部工作流程)  
用户只需提供质控后的宏基因组或宏转录组数据
- 加速序列比对  
采用Bowtie2加速核酸水平比对  
采用Diamond加速核酸翻译蛋白水平比对

宏基因组  
易生信

# HUMAnN2工作原理

- File Type 1 (a quality-controlled metagenome or metatranscriptome)

- fastq (fastq.gz)
- fasta (fasta.gz)

- File Type 2 (alignment results type 1)

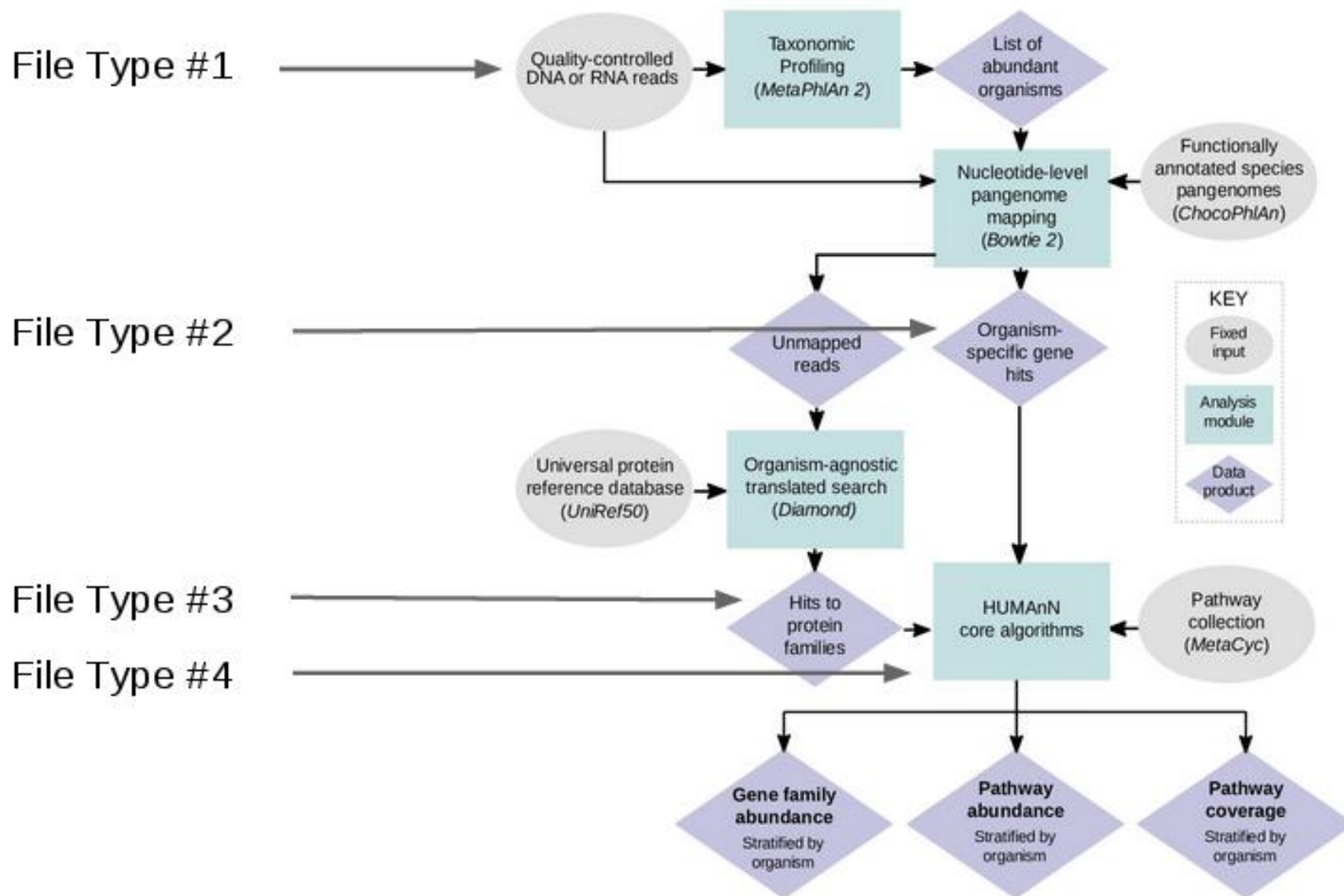
- sam
- Bam

- File Type 3 (alignment results type 2)

- blast-like tsv

- File Type 4 (gene table)

- tsv
- biom





- **HUMAnN2有参宏基因组物种和功能定量流程**

conda install humann2

- **查看可用数据库并设置下载位置**

humann2\_databases # 显示可用数据库

- **辅助比对数据库**

humann2\_databases --download utility\_mapping full ~/db/humann2

- **微生物物种核心基因 5.37G**

humann2\_databases --download chocophlan full ~/db/humann2

- **功能基因diamond索引| 10.3G**

humann2\_databases --download uniref uniref90\_diamond ~/db/humann2

[http://huttenhower.sph.harvard.edu/humann2\\_data/uniprot/uniref\\_annotated/](http://huttenhower.sph.harvard.edu/humann2_data/uniprot/uniref_annotated/)

目前数据为2016版，2019版为HUMAnN3的数据库，数据量增大一倍



- 查看参数和数据库位置是否正确

```
humann2_config --print
```

- 常用修改线程数、核酸、蛋白库和多种功能注释数据库位置

```
humann2_config --update run_modes threads 8
```

```
humann2_config --update database_folders utility_mapping
```

```
~/db/humann2/utility_mapping
```

```
humann2_config --update database_folders nucleotide ~/db/humann2/chocophlan
```

```
humann2_config --update database_folders protein ~/db/humann2
```



# HUMAnN3.5+MetaPhlAn3; HUMAnN3.6+MetaPhlAn4

- 支持pip, conda和github源码3种安装方式
- 数据库更新2016版为201901版
- 微生物泛基因组数据库从1.7万增加至10万个, 5.37G增加为15.3G
- 蛋白功能注释数据库, 5.87G增加为19.31G, 增大3倍多
- 安装 `conda install -c biobakery humann`

数据库较大, 有时下载缓慢,

国家微生物组科学数据中心-工具资源下载 <http://nmdc.cn/datadownload>

百度云备份链接详见: <https://github.com/YongxinLiu/EasyMicrobiome/blob/master/DownloadList.md>

主页: <http://huttenhower.sph.harvard.edu/humann3>  
代码: <https://github.com/biobakery/humann>  
教程: <https://github.com/biobakery/biobakery/wiki/humann3>





## 2.1 合并双端文件

- 有参宏基因组不考虑双端，将双端文件直接合并为一个文件

# 创建目录存放合并后的序列

```
mkdir -p temp/concat
```

# for循环调用cat合并每一个样品

```
for i in `tail -n+2 result/metadata.txt | cut -f 1`;do \
```

```
    cat temp/qc/${i}*_?.fastq > temp/concat/${i}.fq; done
```

# 查看样品数量和大小

```
ls -sh temp/concat/*.fq
```



# 大文件加速(只用单端和/或截取, 牺牲精度换速度)

- 方法1. 仅链接左端为输入文件(提速50%, 节省1倍文件空间)

```
for i in `tail -n+2 result/metadata.txt|cut -f1`;do  
  ln -sf `pwd`/temp/qc/${i}_1.fastq temp/concat/${i}.fq  
done
```

- 方法2. 控制标准样比对时间。测序数据量通常为6~50G, 同一样本分析时间可达10h~100h, 严重浪费时间而浪费硬盘空间。可用head对单端分析截取20M序列, 即3G, 则为80M行

```
for i in `tail -n+2 result/metadata.txt|cut -f1`;do  
  head -n80000000 temp/qc/${i}_1.fastq > temp/concat/${i}.fq  
done
```



## 2.2 HUMAnN2计算物种和功能组成

```
mkdir -p temp/humann2
```

- 如果数据库位置正确，只需输入文件和输出目录，经rush管理批量任务队列

```
tail -n+2 result/metadata.txt|cut -f1|rush -j 2 \  
'humann2 --input temp/concat/{1}.fq \  
--output temp/humann2/'
```

# 核心步骤，测序数据  $2 \times 8 = 16$  线程，用时1h，真实数据可能要几小时至几天



## 2.3 物种组成分析

```
mkdir -p result/metaphlan2
```

- # 样品结果合并

```
merge_metaphlan_tables.py  
temp/humann2/*_humann2_temp/*_metaphlan_bugs_list.tsv | \  
sed 's/_metaphlan_bugs_list//g' > result/metaphlan2/taxonomy.tsv
```

- # 转换为spf格式方便stamp分析

```
metaphlan_to_stamp.pl result/metaphlan2/taxonomy.tsv \  
> result/metaphlan2/taxonomy.spf
```

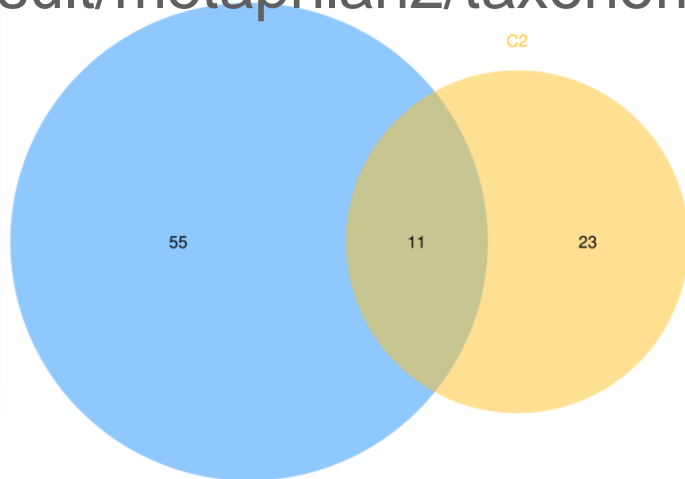
- [metaphlan\\_to\\_stamp.pl](#) 脚本来自 [microbiome helper](#) 项目，整合至 [EasyMicrobiome](#)



# 筛选样本中某一丰度的分类(2StatPlot.sh)

- # (可选)筛选>0.5%的分类, 绘制维恩图

```
awk 'BEGIN{OFS=FS="\t"}{if(FNR==1)
{for(i=2;i<=NF;i++) a[i]=$i;} \
else {for(i=2;i<=NF;i++) if($i>0.5) print $1, a[i];}}' \
result/metaphlan2/taxonomy.tsv \
> result/metaphlan2/taxonomy_high.tsv
wc -l result/metaphlan2/taxonomy_high.tsv
```



Click on a venn diagram figure to display the linked elements:

Common elements in C1 C2 :

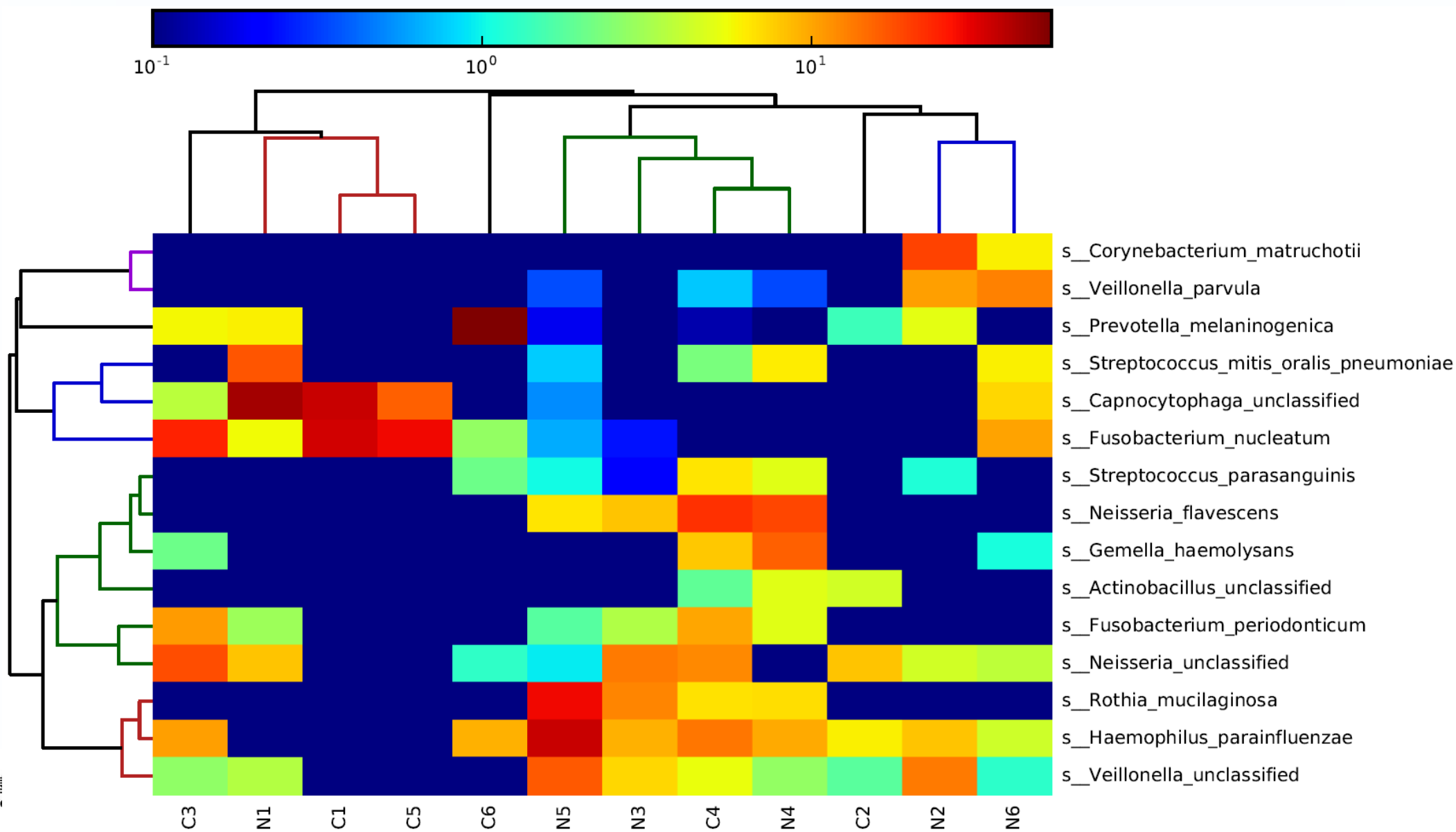
k\_\_Bacteria  
k\_\_Bacteria|p\_\_Bacteroidetes  
k\_\_Bacteria|p\_\_Bacteroidetes|c\_\_Bacteroidia  
k\_\_Bacteria|p\_\_Bacteroidetes|c\_\_Bacteroidia|o\_\_Bacteroidales  
k\_\_Bacteria|p\_\_Bacteroidetes|c\_\_Bacteroidia|o\_\_Bacteroidales|f\_\_Prevotellaceae  
k\_\_Bacteria|p\_\_Bacteroidetes|c\_\_Bacteroidia|o\_\_Bacteroidales|f\_\_Prevotellaceae|g\_\_Prevotella  
k\_\_Bacteria|p\_\_Firmicutes  
k\_\_Bacteria|p\_\_Proteobacteria  
k\_\_Bacteria|p\_\_Proteobacteria|c\_\_Betaproteobacteria  
k\_\_Bacteria|p\_\_Proteobacteria|c\_\_Betaproteobacteria|o\_\_Neisseriales

<http://www.ehbio.com/test/venn/#/>

- MetaPhlAn2提供了很多脚本，常用的有聚类热图  

```
metaphlan_hclust_heatmap.py --in result/metaphlan2/taxonomy.tsv \  
--out result/metaphlan2/heatmap.pdf \  
-c bbcry --top 15 --minv 0.1 -s log -x 0.4 -y 0.2
```
- # c设置颜色方案，top设置物种数量，minv最小相对丰度，s标准化方法，log为取10为底对数，文件名结尾可先pdf/png/svg三种图片格式。更多说明详见 `metaphlan_hclust_heatmap.py -h`
- 科研结果有时要服从人类可读性，选择合适数据的结果展示，读者容易懂你是关键

# 前15个物种丰度对数聚类热图



图例



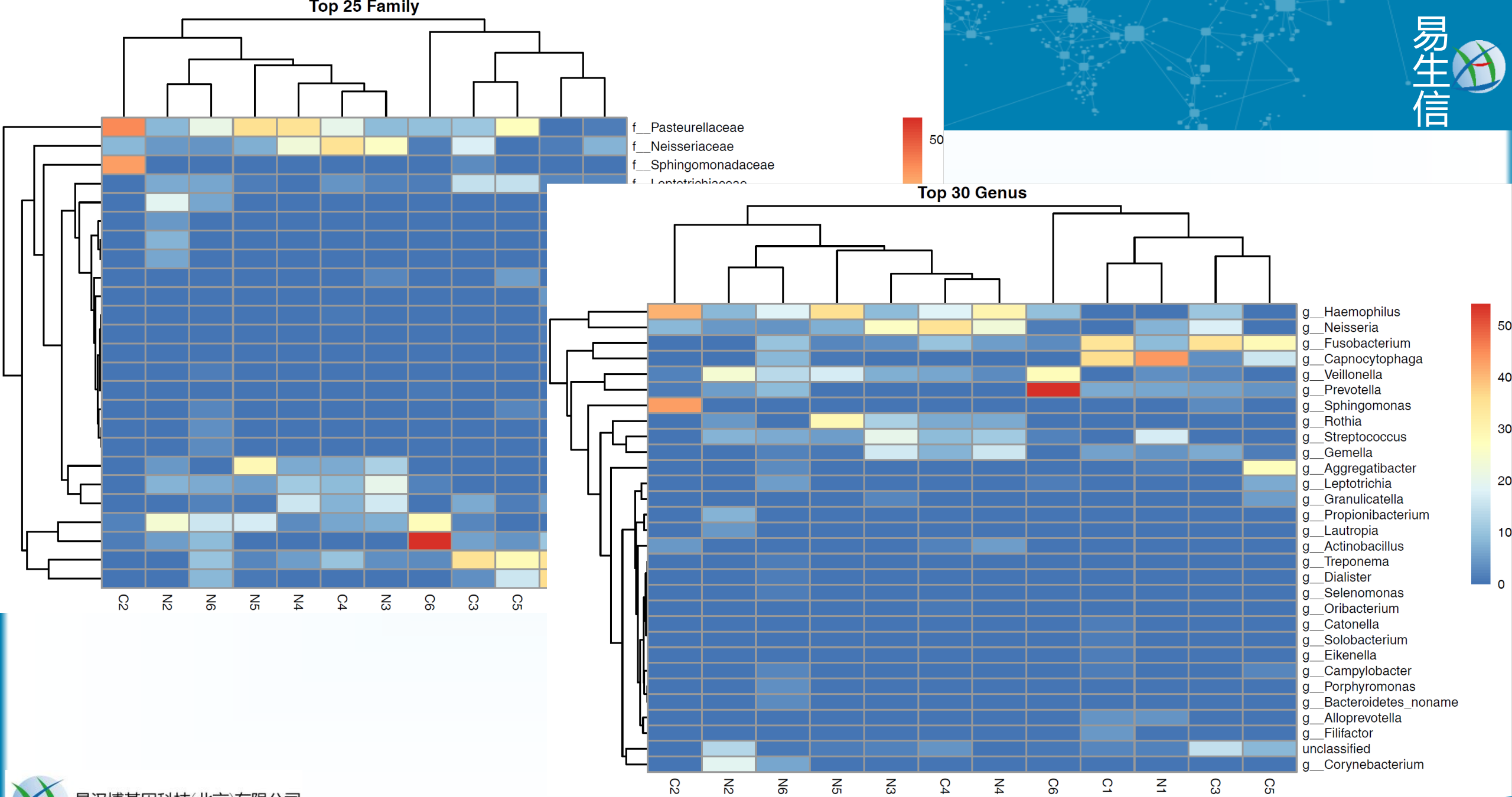
# 评估样本物种组成和分组聚类——更灵活绘制热图

- 方法1. metaphlan\_hclust\_heatmap.py 脚本服务器绘制热图，依赖关系和环境变量复杂
- 方法2. Excel筛选 metaphlan2/taxonomy.tsv 并在线绘制热图
- 方法3. R数据筛选taxonomy.spf并用pheatmap绘制热图，可指定分类级别、物种数量

```
Rscript $sd/metaphlan_hclust_heatmap.R \  
-i result/metaphlan2/taxonomy.spf \  
-t Order \  
-n 25 \  
-o result/metaphlan2/heatmap_Order
```

R脚本可以windows下运行，详见 3StatPlot.sh





## 2.4.1 功能组成合并、标准化和分层

- # 合并所有样品

```
humann2_join_tables --input temp/humann2 --file_name pathabundance \  
--output result/humann2/pathabundance.tsv  
sed -i 's/_Abundance//g' result/humann2/pathabundance.tsv
```

- # 标准化为相对丰度relab或百万分数cpm

```
humann2_renorm_table --input result/humann2/pathabundance.tsv --units relab \  
--output result/humann2/pathabundance_relab.tsv
```

- # 分层结果

```
humann2_split_stratified_table --input result/humann2/pathabundance_relab.tsv \  
--output result/humann/
```



## 2.4.2 添加分组和差异比较

# 手动或用Shell有表头下面添加分组行

# Pathway	C1	C2	C3	C4	C5	C6	N1	N2	N3	N4	N5	N6
Group	Cancer	Cancer	Cancer	Cancer	Cancer	Cancer	Normal	Normal	Normal	Normal	Normal	Normal
ANAGLYCOLYSIS-PWY: glycolysis III (from glucose)				12.7763613320	3.3803273747	3.4161087641	15.4265476544	12.7441068874	8.6332745611	0	3.5400735715	18.6514
ANAGLYCOLYSIS-PWY: glycolysis III (from glucose) g__Fusobacterium.s__Fusobacterium_nucleatum							5.0005085292	0	0	0	4.1457115522	0
ANAGLYCOLYSIS-PWY: glycolysis III (from glucose) g__Haemophilus.s__Haemophilus_parainfluenzae							0	0	0	3.5541892578	0	2.0826450377

# KW差异比较: 输入input、分组focal、分组类型type、分组行结果、FDR和输出output; 结果包括特征对应各组均值和统计值

```
humann2_associate --input result/humann2/pathabundance.pcl \
  --focal-metadatum Group --focal-type categorical \
  --last-metadatum Group --fdr 0.05 \
  --output result/humann2/associate.txt
```

样本少无显著差异, 改用HMP中每组各十个样本的数据集

易生信  
基因组学



# HMP数据——差异比较

# 使用HMP示例数据，样本名下面有分组信息，需要手动制作

FEATURE \ SAMPLE	SRS011084	SRS011086	SRS011090
Group		Stool	Stool Stool
1CMET2-PWY: N10-formyl-tetrahydrofolate biosynthesis		0.000498359	0.000628096 0.000304951
1CMET2-PWY: N10-formyl-tetrahydrofolate biosynthesis g__Acidovorax.s__Acidovorax_ebreus		0	0 0

```
humann2_associate --input hmp_pathabund.pcl --focal-metadatum  
Group --focal-type categorical --last-metadatum Group --fdr 0.05 --  
output associate.txt
```

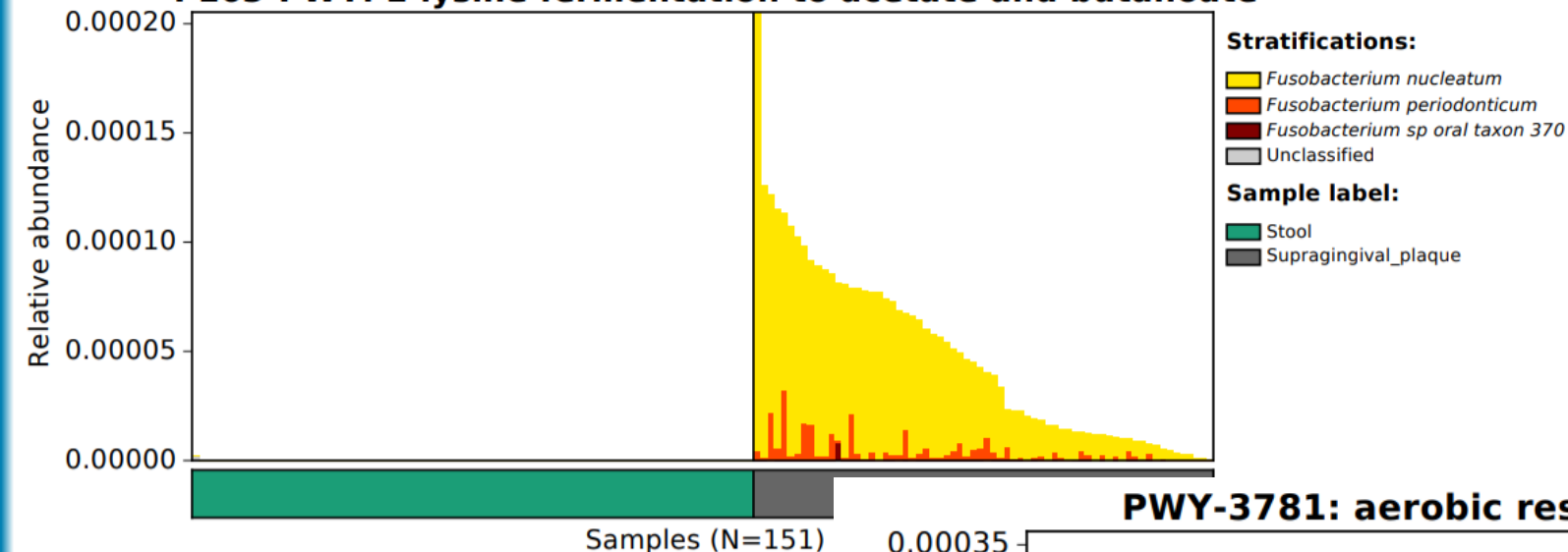
# Feature	Level means ( ed)	P-value	Q-value
P163-PWY: L-lysine fermentation to acetate and butanoate	Stool:3.133e-08 Supragingival_plaque:5.385e-05	1.253e-30	4.261e-28
PWY-3781: aerobic respiration I (cytochrome c)	Stool:1.464e-07 Supragingival_plaque:0.0002634	4.076e-30	4.62e-28
PWY66-409: superpathway of purine nucleotide salvage	Stool:0 Supragingival_plaque:0.000106	2.986e-30	4.62e-28
PWY1F-823: leucopelargonidin and leucocyanidin biosynthesis	Stool:4.877e-09 Supragingival_plaque:4.695e-05	1.402e-29	1.192e-27

```
humann2_barplot --sort sum metadata --input hmp_pathabund.pcl --  
focal-feature PWY-3781 --focal-metadatum Group --last-metadatum  
Group --output barplot_PWY-3781.pdf
```

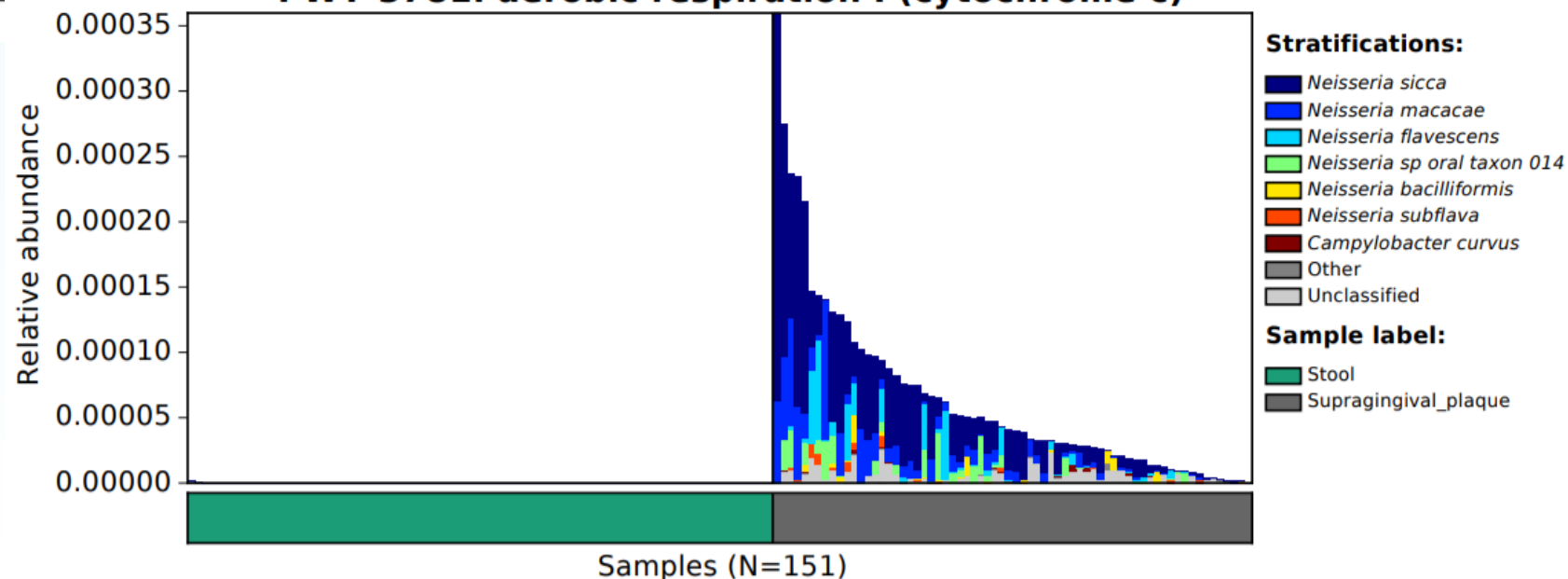


# --sort sum metadata先按分组，再按丰度

P163-PWY: L-lysine fermentation to acetate and butanoate



PWY-3781: aerobic respiration I (cytochrome c)



## 2.4.3 转换为KEGG注释

# 转换基因家族为KO(uniref90\_ko), 可选eggNOG(uniref90\_eggnog)或酶(uniref90\_level4ec)

```
for i in `tail -n+2 result/metadata.txt|cut -f1`;do
```

```
  humann2_regroup_table \
```

```
    -i temp/humann2/${i}_genefamilies.tsv \
```

```
    -g uniref90_ko \
```

```
    -o temp/humann2/${i}_ko.tsv
```

```
done
```

# 合并, 并修正样本名

```
humann2_join_tables \
```

```
  --input temp/humann2/ \
```

```
  --file_name ko \
```

```
  --output result/humann2/ko.tsv
```

```
sed -i '1s/_Abundance-RPKs//g' result/humann2/ko.tsv
```

# Gene Family	KO1	WT1
K00029	0	23.999
K00029 g__Pseudomonas.s__Pseudomon	0	23.999
K00031	8.81	7.018
K00031 g__Agrobacterium.s__Agrobacter	0	1.802
K00031 unclassified	8.81	5.215
K00032	0	8.48
K00032 g__Pseudomonas.s__Pseudomon	0	8.48
K00033	0	12.989
K00033 g__Bacillus.s__Bacillus_megateriu	0	3.454
K00033 g__Pseudomonas.s__Pseudomon	0	9.535
K00035	0	1.285
K00035 g__Agrobacterium.s__Agrobacter	0	1.285
K00036	0	46.161
K00036 g__Agrobacterium.s__Agrobacter	0	0.754
K00036 g__Bacillus.s__Bacillus_megateriu	0	5.084
K00036 g__Pseudomonas.s__Pseudomon	0	40.324

- HUMAnN2调用MetaPhlAn2基于bowtie2比对上万个物种的数据库，可快速、准确获得细菌、真菌、古菌、病毒、真核生物等的物种组成
- merge\_metaphlan\_tables.py合并、metaphlan\_hclust\_heatmap.py绘制丰度热图，metaphlan\_to\_stamp.pl生成STAMP输入文件
- HUMAnN2采用diamond比对UniRef数据库获得功能组成；注意数据库位置设置；了解其依赖关系以便解决依赖关系错误的问题
- 结果包括功能通路丰度组成和**功能通路具体来源的物种**，提供join, norm, stratified等脚本实现合并、标准化和分层
- associate, barplot脚本实现组间KW检验和通路组成可视化
- humann2\_regroup\_table脚本转换基因家族为KO/eggNOG/EC等注释



- [宏基因组公众号文章目录](#)      [生信宝典公众号文章目录](#)
- [科学出版社《微生物组数据分析》——50+篇](#)
- [Bio-protocol《微生物组实验手册》——153篇](#)
- [Protein Cell: 扩增子和宏基因组数据分析实用指南](#)
- [CMJ: 人类微生物组研究设计、样本采集和生物信息分析指南](#)
- [加拿大生信网 <https://bioinformatics.ca/> 宏基因组课程中文版](#)
- [美国高通量开源课程 <https://github.com/ngs-docs>](#)
- [Curtis Huttenhower <http://huttenhower.sph.harvard.edu/>](#)
- [Nicola Segata <http://segatalab.cibio.unitn.it/>](#)





扫码关注生信宝典，学习更多生信知识



扫码关注宏基因组，获取专业学习资料

# 易生信，没有难学的生信知识

