

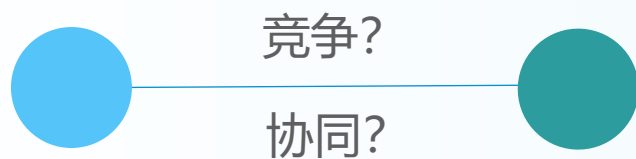


ggClusterNet在微生物组网络分析中的应用

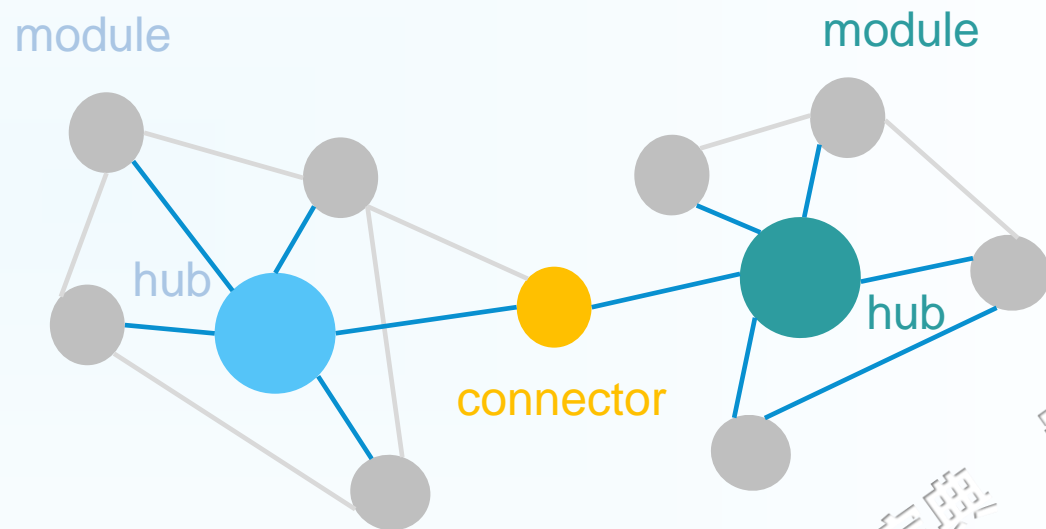
文涛 南京农业大学
2023年2月5日



网络分析是微生物生态学研究中的重要内容，对于探索人体、动物、植物健康和微生物关系、环境变化与地球生物化学循环、生态演替与进化等研究至关重要

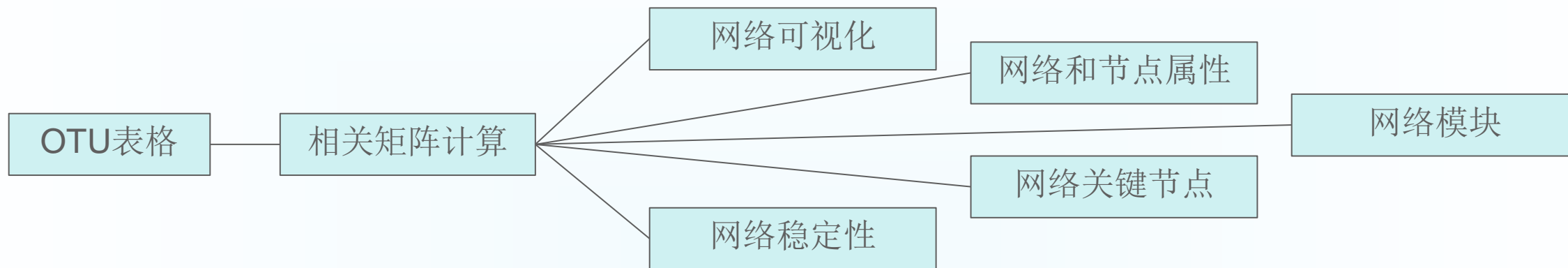


探索潜在的物种互作关系



寻找关键微生物

微生物网络分析基本过程 和 工具



常用的网络分析工具：

- 交互式软件工具： Cytoscape、 Gephi
- R包： igraph, network, sna, ggraph, **ggClusterNet** 等

易生信 基因组学



网络分析工具存在的一些问题

USEARCH

● 易用性

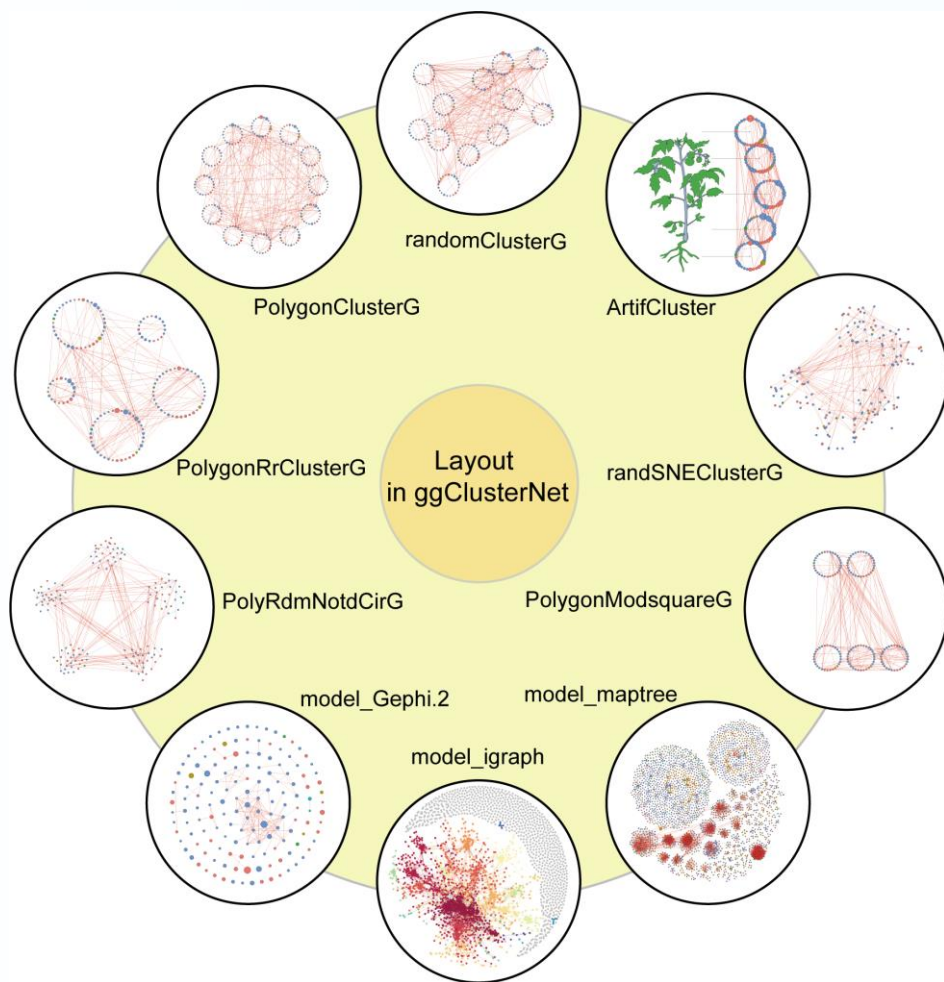
- 网络分析的软件使用步骤繁琐，且结果难以重复
- 缺乏可以快速数据挖掘网络以及可视化的工具
- 微生物网络分析结果修改、再分析困难
- 微生物大网络绘制困难 (1000 > OTU)
- 缺乏网络稳定性内容
- 缺乏对跨域网络的支持

● 美观性

- 可视化布局方式比较单一，不适于微生物网络展示
- 无法对微生物模块信息进行挖掘
- 无法同时进行多网络可视化和比对



ggClusterNet流程及引文



iMeta

SHORT COMMUNICATION | [Open Access](#) | [CC](#) | [i](#)

ggClusterNet: An R package for microbiome network analysis and modularity-based multiple network layouts

Tao Wen, Penghao Xie, Shengdie Yang, Guoqing Niu, Xiaoyu Liu, Zhexu Ding, Chao Xue, Yong-Xin Liu ✉, Qirong Shen, Jun Yuan ✉

First published: 13 June 2022 | <https://doi.org/10.1002/imt2.32> | Citations: 2

Tao Wen and Penghao Xie contributed equally to this study.

Tao Wen et al. 2022. ggClusterNet: an R package for microbiome network analysis and modularity-based multiple network layouts. iMeta. <https://doi.org/10.1002/imt2.32>

Google 学术搜索

ggClusterNet

文章

找到约 41 条结果 (用时0.04秒)

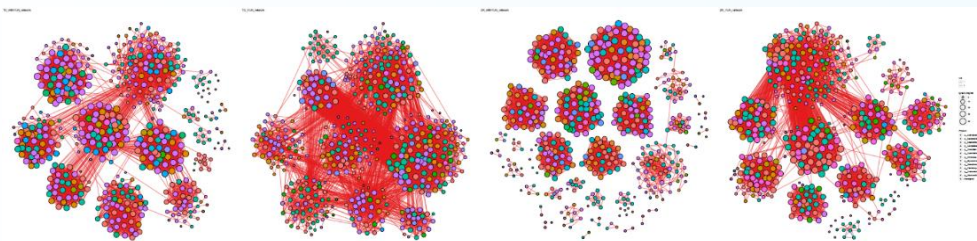
ggClusterNet---网络分析和挖掘

① 网络构建

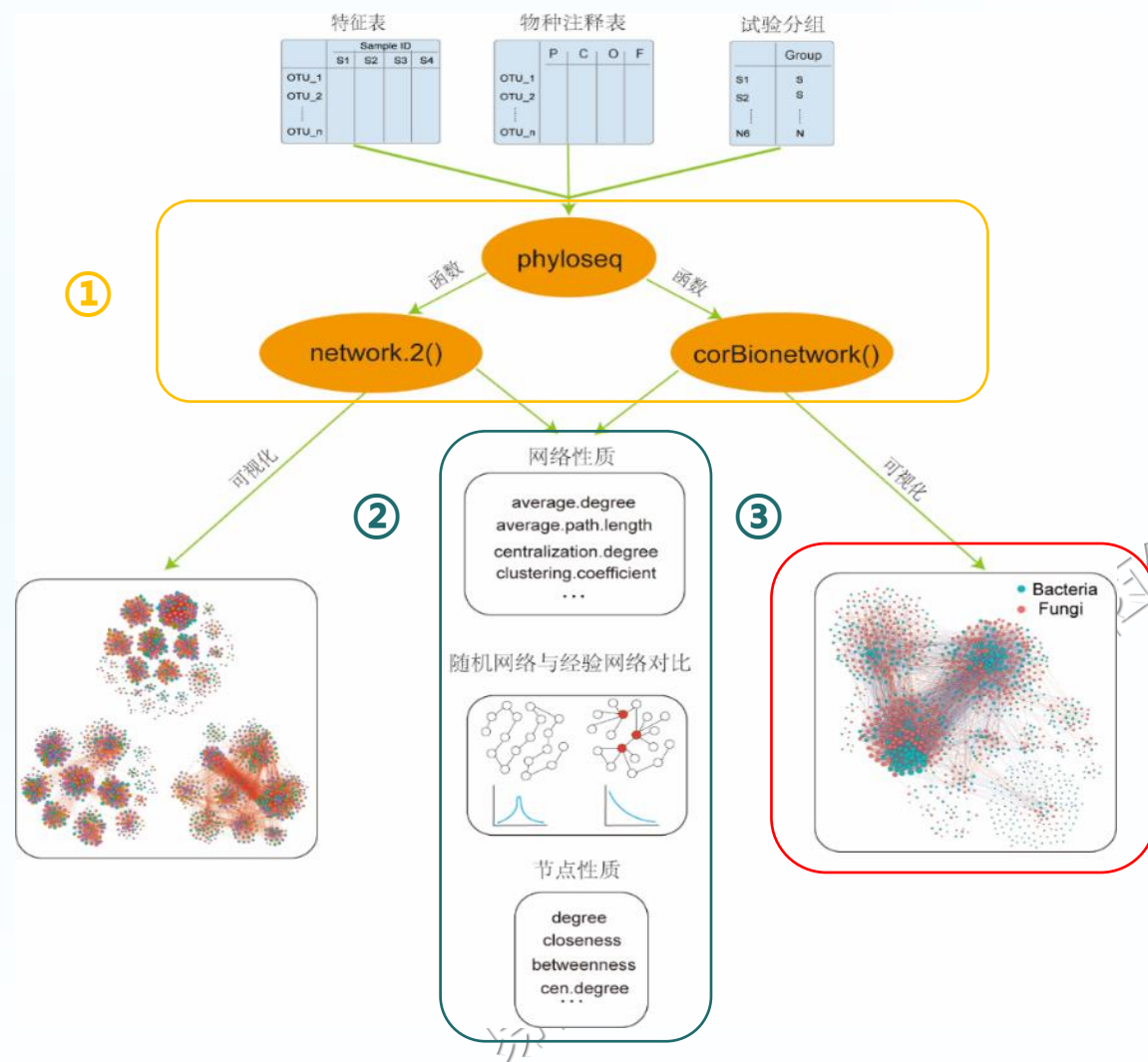
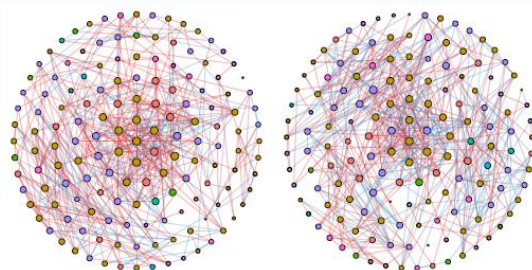
② 网络和节点属性的计算

③ 网络布局 and 可视化

1 基于多个网络使用model_maptree算法布局:



2 基于多个网络使用model_Gephi.2算法布局:



ggClusterNet文档介绍

ggClusterNet文档于2023年1月28日更新，内容如下，一共2000+ 行代码。囊括常见的多种网络需求

写在前面
R包安装
导入R包
输入方式
输入方式一
输入方式二
使用ggClusterNet进行网络分析的过程
corMicro函数用于计算网络相关
制作分组,我们模拟五个分组
PolygonClusterG 根据分组,计算布局位置坐标
nodeadd 节点注释的:用otu表格和分组文件进行注释
计算边
出图
模拟不同的分组-可视化
模拟不同分组效果展示: 3个分组
模拟不同的分组查看效果: 8个分组
微生物分类分组可视化
微生物分类可视化布局优化1-圆环半径调整PolygonRrClusterG
微生物分类可视化布局优化2-model_filled_circle
微生物分类可视化布局优化3 model_maptree_group

按照网络模块化分组
模块布局算法 model_maptree_group
模块布局算法 model_maptree2
上千OTU相关性计算测试model_igraph2布局
网络属性和节点属性
网络性质计算
节点性质计算
Zipt基于模块对OTU进行分类
扩展-关键OTU挑选
对应随机网络构建和网络参数比对
微生物网络流程
微生物组小网络: model_Gephi.2
微生物大网络: model_maptree2
微生物大网络: model_igraph
微生物大网络: model_igraph2-network.i
跨域网络流程
细菌,真菌,环境因子三者跨域网络
细菌-环境因子跨域网络
细菌和真菌跨域网络
细菌真菌任意分类水平跨域网络

网络稳定性(抗干扰性)
模块相似度
网络鲁棒性(随机去除节点)
网络鲁棒性(去除关键节点)
负相关比例
组成稳定性
网络抗毁性
网络模块化
展示网络模块
基于模块的微生物组成分析
模块计算alpha多样性
基于单个样本计算网络属性
计算模块的Zscore值
模块ZS值,网络属性,环境因子相关联合到一起
时空组:网络相关分析
时空组:多组网络展示-网络性质稳定性等
时空组:多网络单独绘制却填充相同颜色

如何构建phyloseq对象

使用phyloseq包构建ps对象进行全套网络分析

```
library(phyloseq)
library(tidyverse)
metadata = read.delim("./metadata.tsv", row.names = 1)
metadata$ID = row.names(metadata)
otutab = read.delim("./otutab.txt", row.names=1)
taxonomy = read.table("./taxonomy.txt", row.names=1, header = T)
```

```
ps = phyloseq(
  sample_data(metadata),
  otu_table(as.matrix(otutab), taxa_are_rows=TRUE),
  tax_table(as.matrix(taxonomy)))
```

ps

```
saveRDS(ps, "ps.rds")
```

```
##本地文件制作#-----
library(phyloseq)
# library(ggClusterNet)
library(tidyverse)

metadata = read.delim("./metadata.tsv", row.names = 1)
metadata$ID = row.names(metadata)
head(metadata)

otutab = read.delim("./otutab.txt", row.names=1)
head(otutab)

taxonomy = read.table("./taxonomy.txt", row.names=1, header = T)
head(taxonomy)

# tree = read_tree("./otus.tree")
# tree
#
# library(Biostrings)
# rep = readDNAStringSet("./otus.fa")

ps = phyloseq(
  sample_data(metadata),
  otu_table(as.matrix(otutab), taxa_are_rows=TRUE),
  tax_table(as.matrix(taxonomy))
  # phy_tree(tree),
  # refseq(rep)
)

ps

saveRDS(ps, "ps.rds")
```

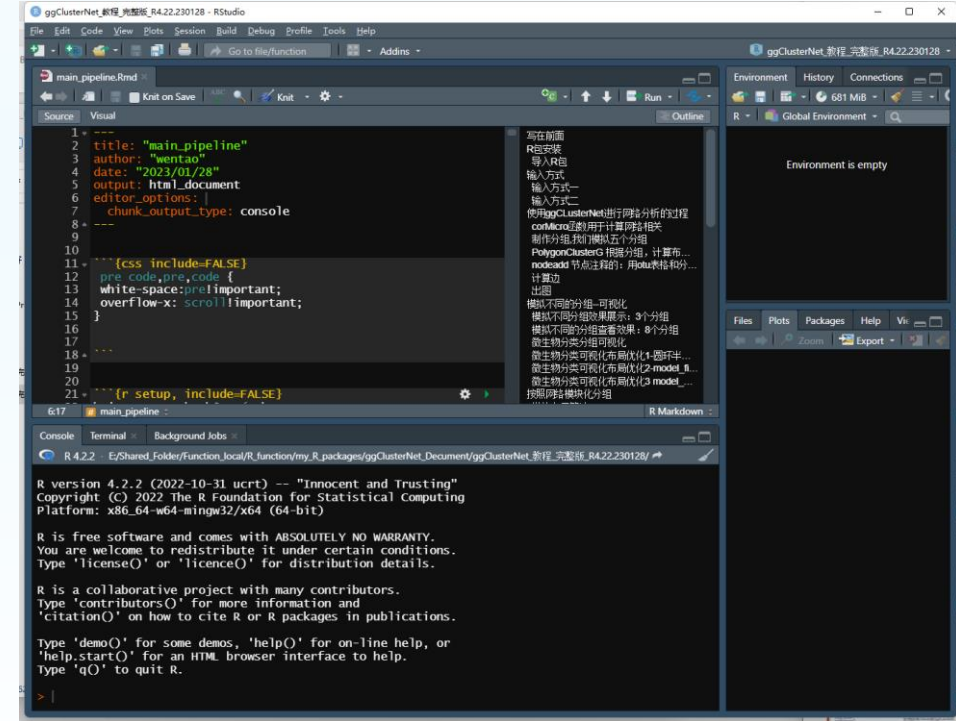


实战-使用ggClusterNet进行微生物网络分析

```
install.packages("BiocManager")
library(BiocManager)
install("remotes")
install("tidyverse")
install("tidyfst")
install("igraph")
install("sna")
install("phyloseq")
install("ggalluvial")
install("ggraph")
install("WGCNA")
install("ggnewscale")
install("pulsar")
install("patchwork")
remotes::install_github("taowenmicro/EasyStat")
remotes::install_github("taowenmicro/ggClusterNet")
```

这是ggClusterNet完整流程所需要的全部R包

接下来我们转入Rstudio进行ggClusterNet内容的实战：





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

