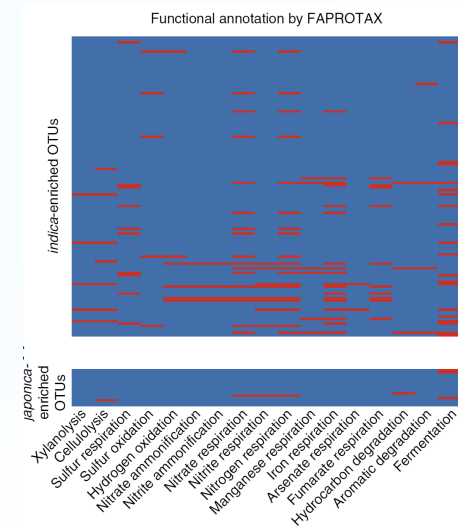
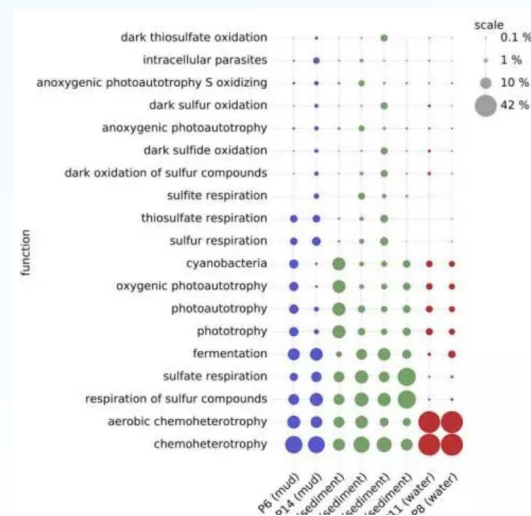


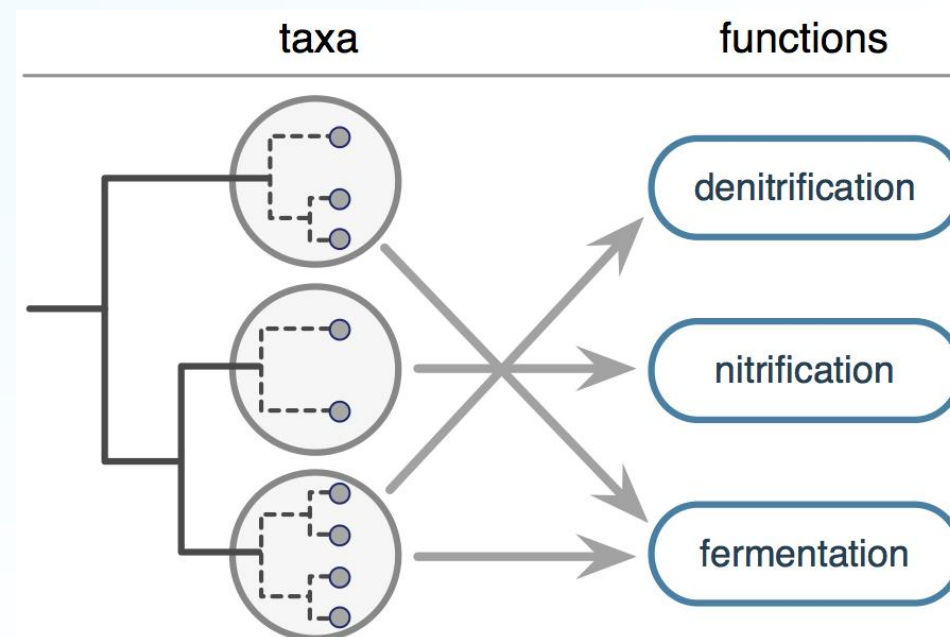


易生信，毕生缘；培训版权所有。



# 原核物种功能注释 Functional Annotation of Prokaryotic Taxa (FAPROTAX)

- FAPROTAX是根据文献手动构建了物种分类与功能注释的数据库；编写了联系OTU分类表与数据库的python脚本；我们只要将基于16S的OTU分类表，使用python脚本，就可以获得微生物群落的功能注释预测结果。
- FAPROTAX较适用于对环境样本（如海洋、湖泊等）的生物地球化学循环过程（特别是碳、氢、氮、磷、硫等元素循环）进行功能注释预测。因其基于已发表验证的可培养菌文献，其预测准确度较好，但覆盖度较低。



# FAPROTAX结果什么样

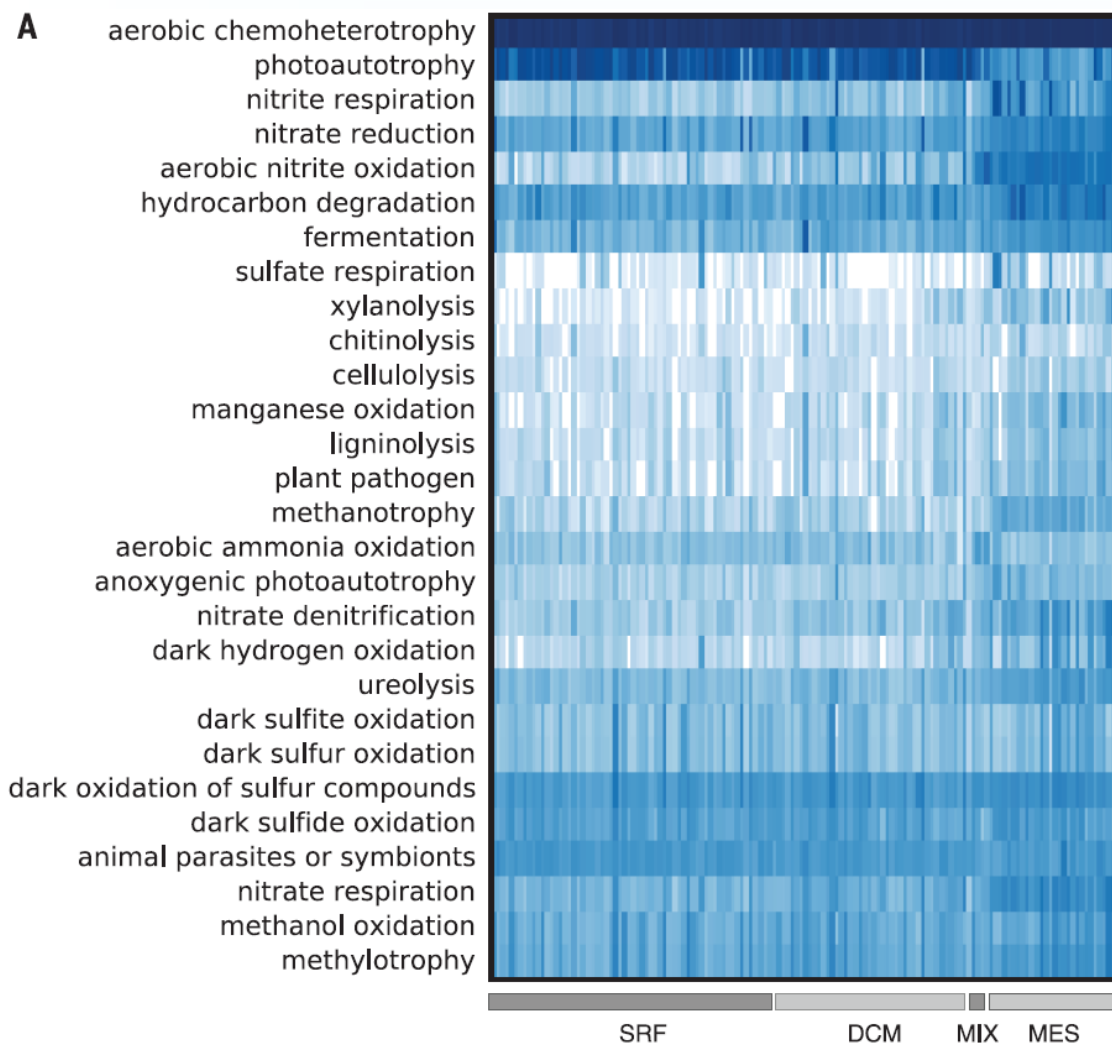
group	K01	K02	K03	K04	K05	K06	OE1	OE2	OE3	OE4
methanotrophy	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
acetoclastic_methanogenesis			0	0	0	0	0	0	0	0
methanogenesis_by_disproportionation_of_methyl_groups							0	0	0	0
methanogenesis_using_formate			0	0	0	0	0	0	0	0
methanogenesis_by_CO2_reduction_with_H2				0	0	0	0	0	0	0
methanogenesis_by_reduction_of_methyl_compounds_with_H2							0	0	0	0
hydrogenotrophic_methanogenesis			0	0	0	0	0	0	0	0
methanogenesis	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
methanol_oxidation		77	105	49	54	134	156	58	123	
methylotrophy	77	105	49	54	134	156	58	123	67	
aerobic_ammonia_oxidation			6	5	0	4	0	1	6	
aerobic_nitrite_oxidation			28	27	10	17	13	20	43	
nitrification	34	32	10	21	13	21	49	26	35	
sulfate_respiration		0	0	0	0	0	0	0	0	

faprotax.txt

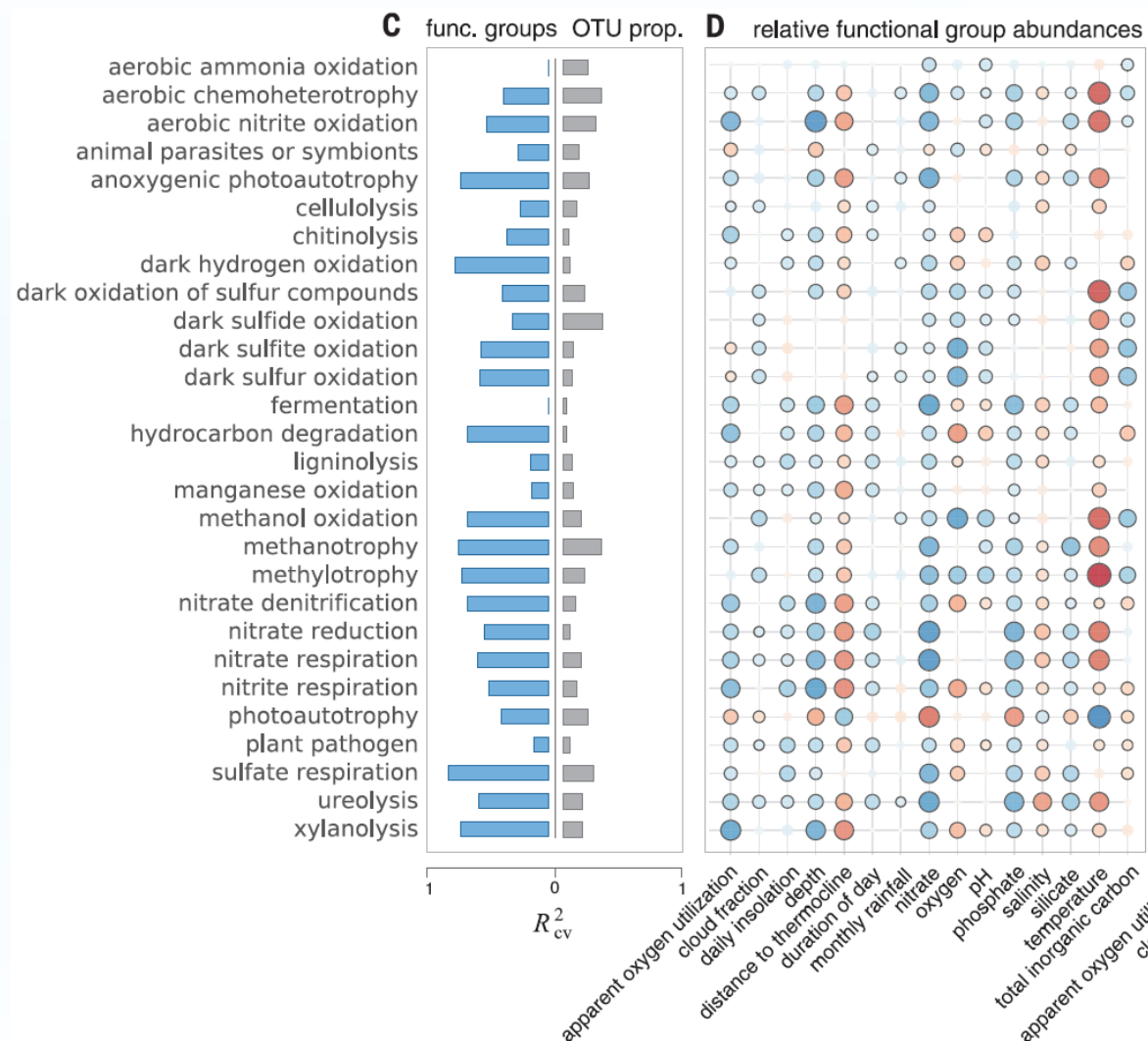
与OTU表、KO表类似，为功能描述与样本对应的矩阵



# FAPROTAX结果有什么应用



样本分组对应功能丰度热图 (Science图2A)



环境因子与功能相关性泡泡图 (Science图1D)

[Louca, S., Parfrey, L.W., Doebeli, M. \(2016\)](#)

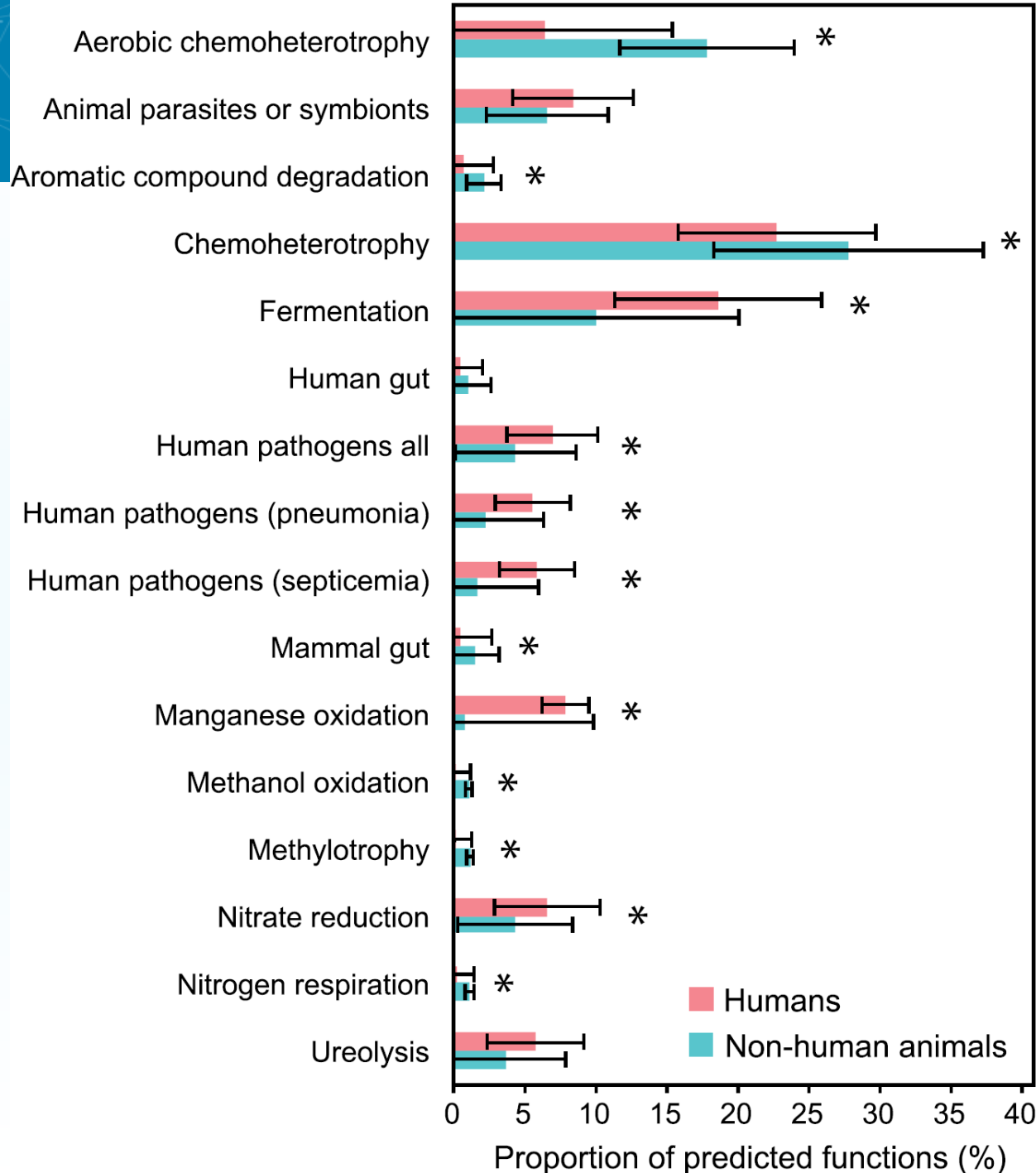
[Decoupling function and taxonomy in the global ocean microbiome. Science 353:1272-1277](#)



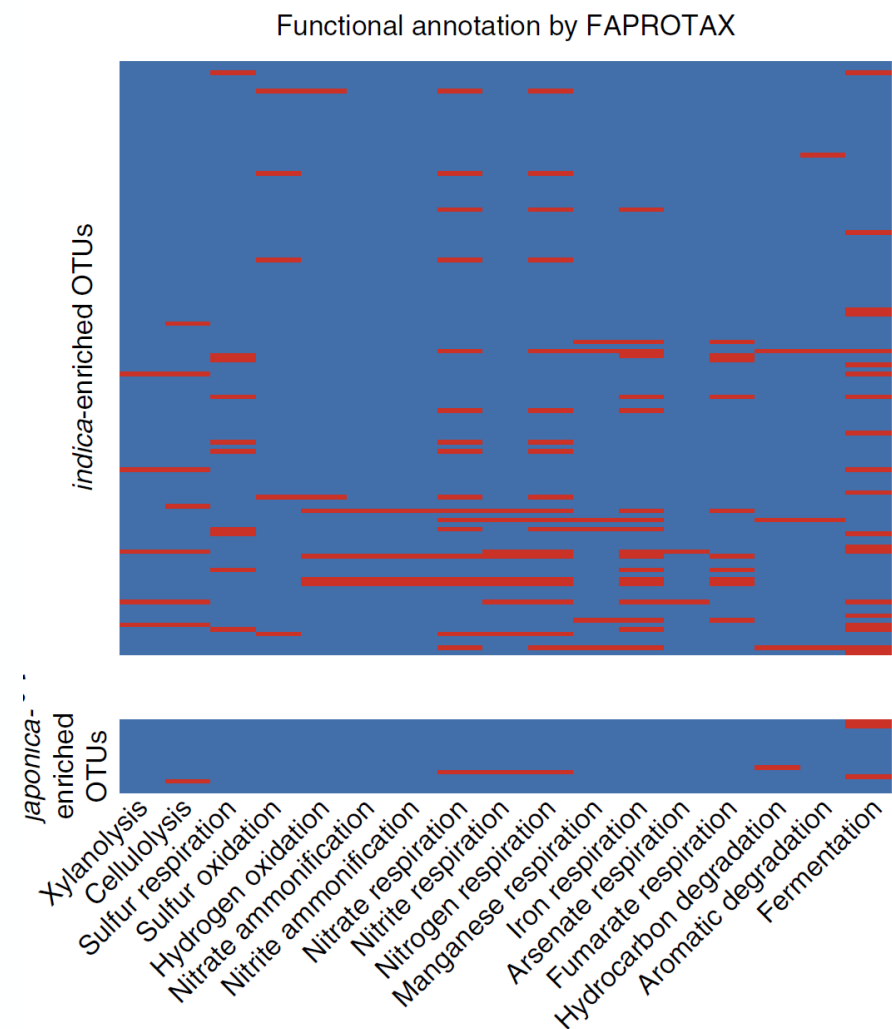
**基于FAPROTAX数据库预测菌群的功能。**  
应用Bonferroni校正后，星号表示哺乳动物和人类样品中的 $P < 0.05$ 。误差棒表示动物（ $n = 512$ ）和人类（ $n = 77$ ）样本的SD。

### PNAS: 人类皮肤微生物的独特性和哺乳动物的系统发育共生现象

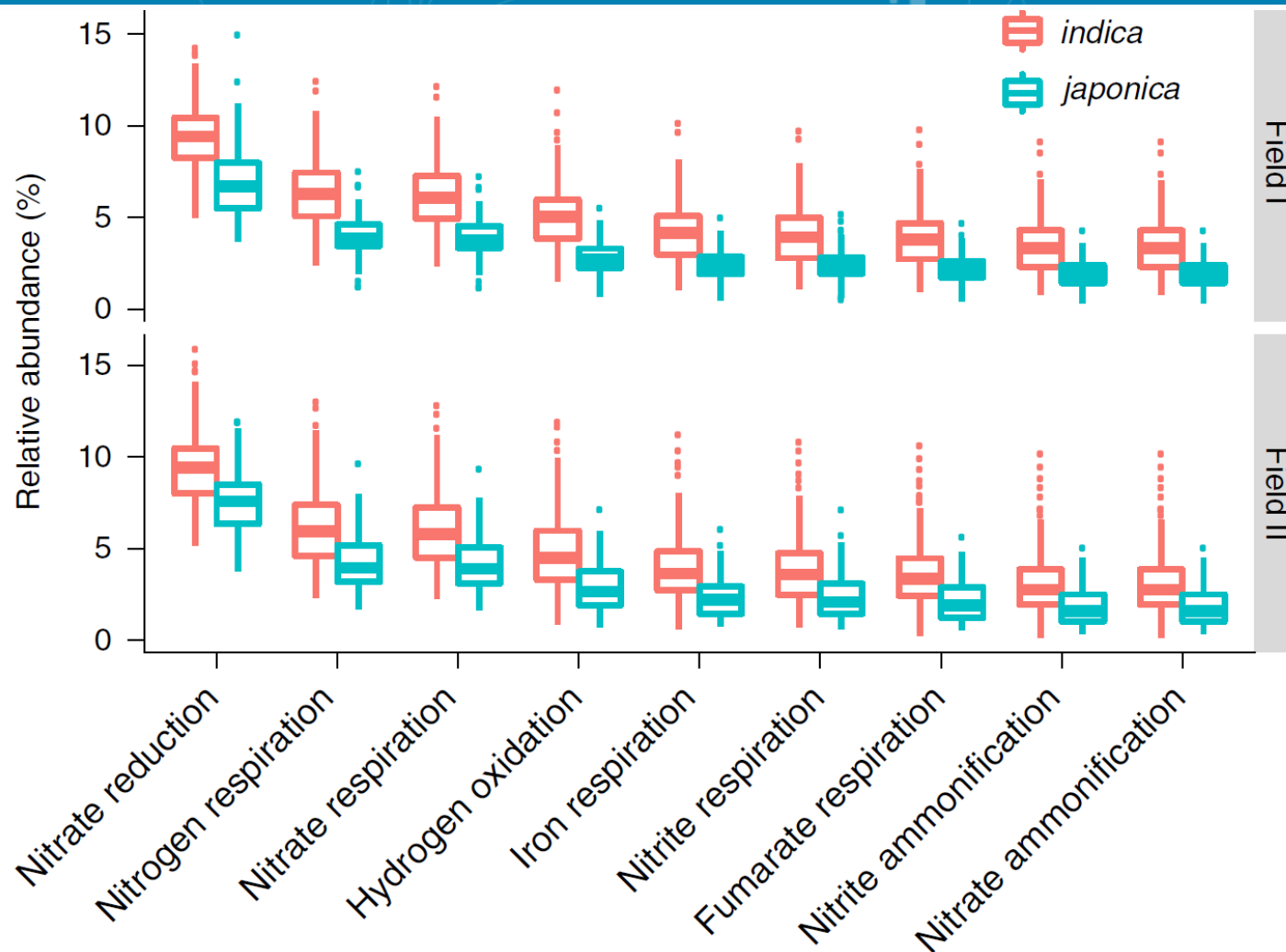
Ashley A. Ross, Kirsten M. Müller, J. Scott Weese & Josh D. Neufeld. (2018). Comprehensive skin microbiome analysis reveals the uniqueness of human skin and evidence for phyllosymbiosis within the class Mammalia. ***Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*** 115, E5786-E5795, doi: <https://doi.org/10.1073/pnas.1801302115>



# 挖掘差异菌与氮功能相关



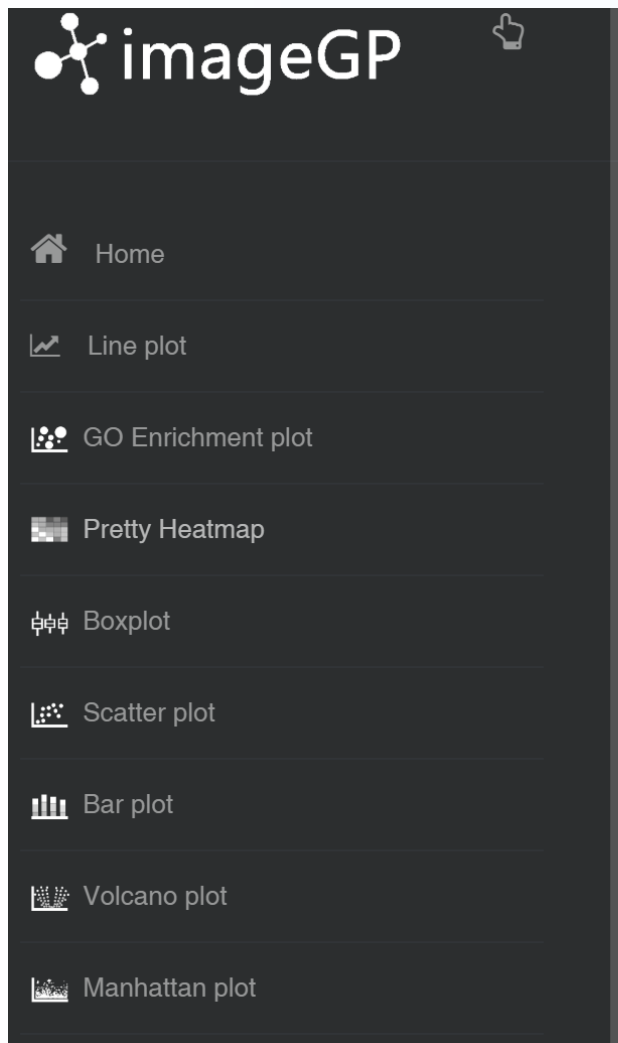
差异菌与报导的氮循环功能相关



粳稻中富集的9个最高丰度的通路中，6个与氮相关



# 方法1. 推荐ImageGP——FAPROTAX一键分析



Make plot be easy and exquisite

woodcorpse@163.com

## FAPROTAX



详

如果操作中遇到问题或想添加新功能，请扫码拉您入群

Map prokaryotic clades to established metabolic or other ecologically relevant functions. Please refer to [FAPROTAX](#) for input formats, results explanation and citation information.

OTU abundance table

分别粘贴 otutab.txt 和 taxonomy.txt

OTUID	KO1	KO2	KO3	KO4	KO5	KO6	OE1	OE2	OE3	OE4	OE5	OE6	WT1
WT2	WT3	WT4	WT5	WT6									
OTU_91		169.0	62.0	55.0	94.0	0.0	39.0	74.0	83.0	120.0	123.0	69.0	24.0
9.0	12.0	1.0	55.0	16.0	2.0								
OTU_684		10.0	3.0	7.0	0.0	3.0	18.0	9.0	5.0	3.0	7.0	1.0	7.0
2.0	2.0	11.0	2.0	2.0	6.0								
OTU_7	200.0	113.0	971.0	298.0	1016.0	241.0	122.0	1084.0	727.0	494.0	172.0	202.0	631.0
715.0	450.0	174.0	456.0	706.0									
OTU_60		1447.0	1016.0	1161.0	1323.0	1907.0	1576.0	455.0	410.0	615.0	720.0	656.0	614.0
848.0	842.0	748.0	864.0	762.0	814.0								
OTU_4	1328.0	341.0	420.0	613.0	1003.0	419.0	472.0	526.0	381.0	573.0	583.0	390.0	884.0
1120.0	448.0	468.0	871.0	758.0									



# 方法2：本地分析(限Linux系统，选学)

## 1. 软件安装(仅需运行1次)

下载软件包和解压

测试及依赖关系(如numpy、biom, 可直接使用qiime2环境);

## 2. 准备带有物种注释信息的biom格式OTU表;

文本格式转换为biom格式

Biom格式添加物种信息

## 3. OTU表转换为功能表

collapse\_table.py转换带有物种信息的OTU表为功能表





# 1. 软件安装(选学)

- <http://www.zoology.ubc.ca/louca/FAPROTAX> 下载软件1.2.6版, 2022/7/14更新数据库, 脚本运行环境更新为python3  
wget -c  
[https://pages.uoregon.edu/slouca/LoucaLab/archive/FAPROTAX/SECTION\\_Download/MODULE\\_Downloads/CLASS\\_Latest%20release/UNIT\\_FAPROTAX\\_1.2.6/FAPROTAX\\_1.2.6.zip](https://pages.uoregon.edu/slouca/LoucaLab/archive/FAPROTAX/SECTION_Download/MODULE_Downloads/CLASS_Latest%20release/UNIT_FAPROTAX_1.2.6/FAPROTAX_1.2.6.zip)  
unzip FAPROTAX\_1.2.6.zip
- 新建一个python3环境, 或进入python3环境, 如qiime2  
conda activate qiime2-2022.11
- 测试是否可运行, 弹出帮助即正常工作  
python FAPROTAX\_1.2.6/collapse\_table.py
- 如果报错, 并一般提示缺少numpy, 可使用conda安装依赖包  
conda install numpy  
conda install biom



## 2. 制作输入OTU表

- # txt转换为biom json格式

```
biom convert -i otutab_rare.txt -o otutab_rare.biom --table-type="OTU table" --to-json
```

- # 添加物种注释

```
biom add-metadata -i otutab_rare.biom --observation-metadata-fp  
taxonomy2.txt -o otutab_rare_tax.biom --sc-separated taxonomy --observation-  
header OTUID,taxonomy
```

- # 指定输入文件、物种注释、输出文件、注释列名、属性列名



### 3. FAPROTAX功能预测

- # python运行collapse\_table.py脚本、-i输入带有物种注释的OTU表、-g指定数据库位置，物种注释列名，输出过程信息，强制覆盖结果，输出文件

```
python FAPROTAX_1.2.4/collapse_table.py -i otutab_rare_tax.biom \  
-g FAPROTAX_1.2.4/FAPROTAX.txt \  
--collapse_by_metadata 'taxonomy' -v --force \  
-o faprotax.txt -r faprotax_report.txt  
# Assigned 979 records to groups, 1924 records were leftovers
```

- # 下载faprotax.txt，配合实验设计可进行统计分析faprotax\_report.txt，faprotax\_report.txt查看每个类别中具体来源哪些OTUs



## 4. 制作OTU对应功能注释有无矩阵

- 对ASV(OTU)注释行，及前一行标题进行筛选

```
grep 'ASV_' -B 1 faprotax_report.txt | grep -v -P '^--$' > faprotax_report.clean
```

- Perl脚本将数据整理为三类表格

```
faprotax_report_sum.pl -i faprotax_report.clean -o faprotax_report
```

ASV_1227	ureolysis		
ASV_1232	aerobic_chemoheterotrophy		
ASV_1232	chemoheterotrophy		
ASV_1235	predatory_or_exoparasitic		
ASV_1236	aerobic_chemoheterotrophy		
ASV_1236	aromatic_compound_degradation		
ASV_1236	chemoheterotrophy		
ASV_1241	ureolysis		
ASV_1243	aerobic_chemoheterotrophy		
ASV_1243	chemoheterotrophy		
ASV_1244	chemoheterotrophy		
ASV_1244	fermentation		

OTU功能注释列表

faprotax\_report.otu\_func

aerobic_ammonia_oxidation	ASV_1646
aerobic_ammonia_oxidation	ASV_2391
aerobic_anoxygenic_phototro	ASV_293
aerobic_chemoheterotrophy	ASV_1000
aerobic_chemoheterotrophy	ASV_1001
aerobic_chemoheterotrophy	ASV_1007
aerobic_chemoheterotrophy	ASV_1009
aerobic_chemoheterotrophy	ASV_1016
aerobic_chemoheterotrophy	ASV_1017
aerobic_chemoheterotrophy	ASV_1018
aerobic_chemoheterotrophy	ASV_1019
aerobic_chemoheterotrophy	ASV_1020

功能包含OTU列表

faprotax\_report.func\_otu

OTUID	aerobic_chemoheterotrophy	aromatic_compound_degradation	cellulolysis	chemoheterotrophy
ASV_1000	1	0	0	1
ASV_1001	1	0	0	1
ASV_1007	1	0	0	1
ASV_1011	0	0	0	0
ASV_1016	1	0	0	1
ASV_1017	1	0	0	1
ASV_1018	1	0	0	1
ASV_1019	1	0	1	1
ASV_1020	1	1	0	1
ASV_1023	1	0	0	1

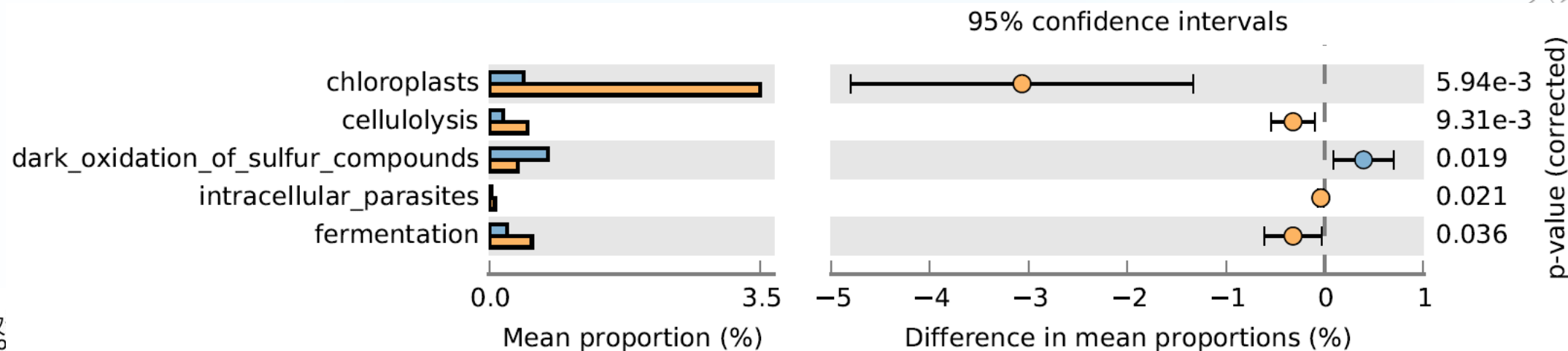
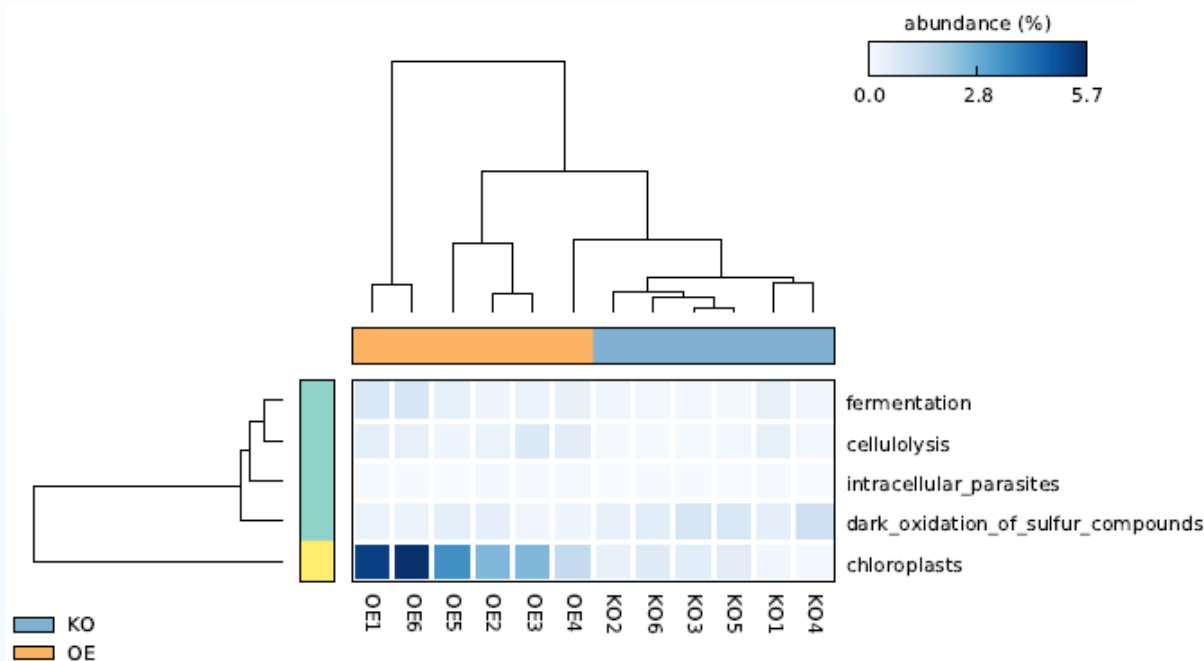
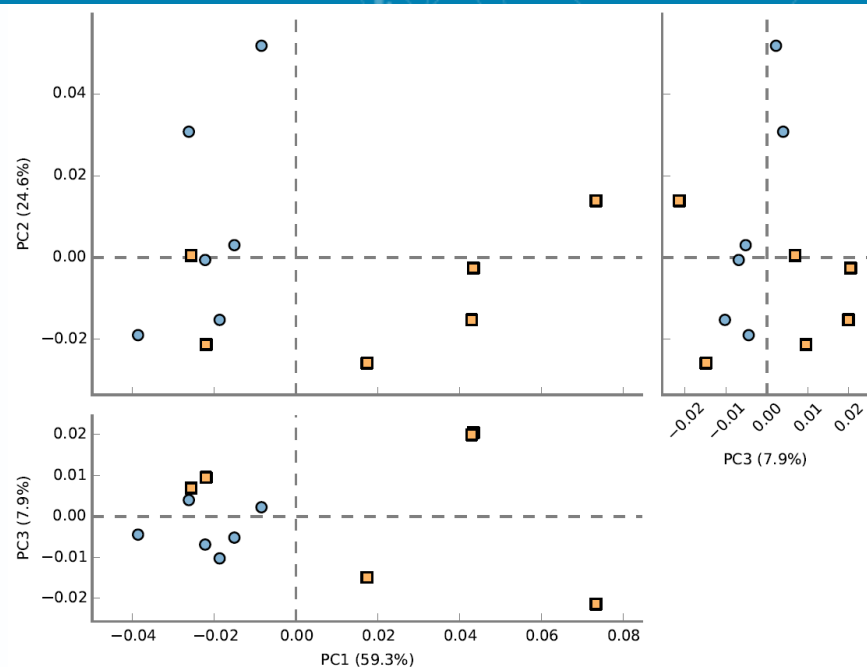
OTU功能有无矩阵

faprotax\_report.mat

筛选部分进行绘制热图



# FAPROTAX结果展示(STAMP)



- FAPROTAX于2016年发表于Science，7年引用1400+次，在关注元素循环功能方面注释较好、环境、农业领域有较多应用；2022年7月14更新1.2.6版，注释比例提高；
- FAPROTAX无网络版本，需要本地脚本、数据库及依赖关系，准备带有物种注释的OTU表作为输入；
- 推荐使用ImageGP在线版，一键完成分析，目前默认使用1.2.4版；
- 软件不限物种注释数据库，但经验上RDP注释的结果匹配率最高；
- 软件中间文件的单个OTU功能注释结果，可用于图型展示和讨论。

- 0概述：根据16S预测微生物群落功能最全攻略，对以下4种常用的功能预测工具进行简介、实例说明和点评，必读；
- 1KO通路PICRUST：本地和在线分析，及统计分析可视化指导；
- 2元素循环FAPROTAX：元素循环相关菌代谢预测，只有本地版python脚本；识别菌种名称；
- 3表型bugbase：表型预测、革兰氏、氧气利用等；有在线和本地版，基于Greengene数据库；
- 4KO通路Tax4Fun：R包基于作者整理的Sliva123数据，准确率不可知，输出结果为百分比；最新版Tax4Fun2
- PICRUST2：OTU/ASV等16S序列随意预测宏基因组，参考数据库增大10倍





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

