

# Meta Genómica

César Emiliano Escalona Prado

Para este ejercicio se empleó la tabla de OTU en formato .biom generados a partir de la tarea 8.1 Los datos originales corresponden a 24 muestras de suelo rizosférico recolectados en sitios de bosque nativo (N) y mixto (M) de Quercus (Q) y de Juniperus (J)

```
suelo<-import_biom("../Data/taxonomy.biom") # se importa el archivo .biom y se le llama.
```

Una vez generado el objeto los datos del OTU se pasan a binarios, así pues se extrae la información taxonómica y los datos de hospedero y tratamiento .

```
OUT<-as.data.frame(otu_table(suelo))
OUT<-decostand(OUT, method="pa")#transformación a datos bin (presencia ausencia del otu)
OUT<-otu_table(OUT, taxa_are_rows = TRUE)
TAX <- tax_table(suelo)#extracción datos tax
sampledata<- sample_data(suelo)#extracción datos "host" y "treatment"
physeq<-phyloseq(OUT,TAX,sampledata)#generación de nuevo objeto
```

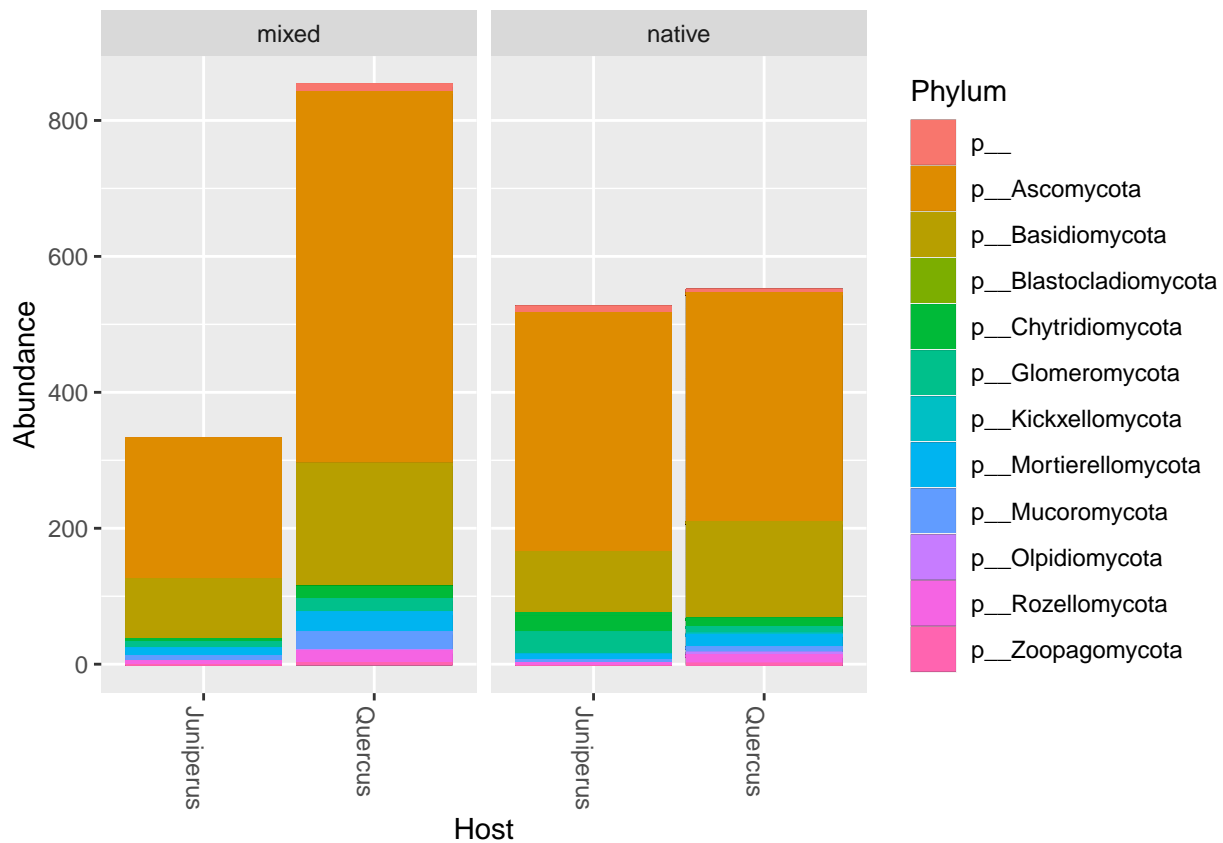
```
physeq # este es el nuevo objeto phyloseq
```

```
## phyloseq-class experiment-level object
## otu_table() OTU Table: [ 1257 taxa and 12 samples ]
## sample_data() Sample Data: [ 12 samples by 8 sample variables ]
## tax_table() Taxonomy Table: [ 1257 taxa by 7 taxonomic ranks ]
```

```
colnames(tax_table(physeq))<-c("Domain","Phylum","Class","Order","Family","Genus","Species")#redeterminación de columnas
```

Una vez generado el nuevo objeto con los datos del otu referidos a presencias y ausencias, se genera un plot\_bar de la abundancia de OTUs por phylum en cada hospedador (host) y tratamiento (treatment)

```
p<-plot_bar(physeq,"Host",fill = "Phylum")+ geom_bar(aes(color=Phylum,fill=Phylum),stat="identity",position="stack")
p + facet_wrap("Treatment")
```



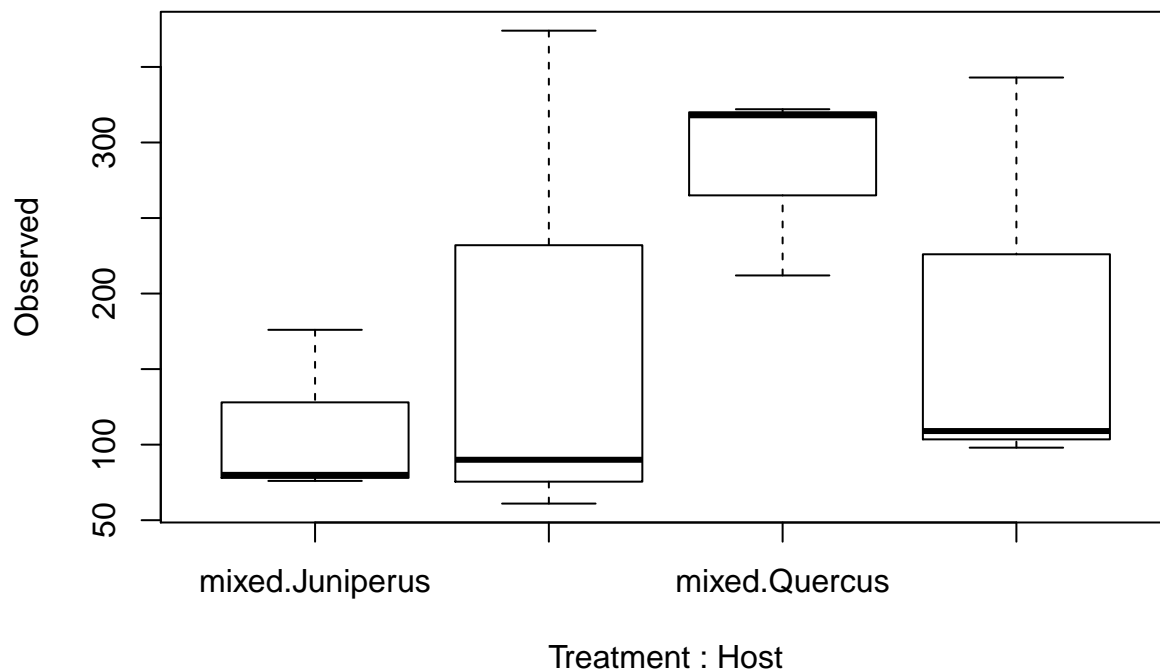
De igual manera se generó una anova de la riqueza observada (“Observed”) por hospedero y tratamiento, junto con un boxplot que permite visualizar la situación de las medias para los datos

```
diversity<-estimate_richness(physeq,measures=c("Observed","Fisher"))
data<-cbind(sample_data(physeq),diversity)
```

```
host<-aov(Observed ~ Treatment + Host, data=data)
summary.aov(host)
```

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Treatment  1    990      990  0.067  0.801
## Host       1 24752 24752  1.678  0.227
## Residuals  9 132736 14748
```

```
boxplot(Observed ~ Treatment + Host, data=data)
```



*#No se aprecian diferencias significativas en la diversidad (observada) respecto al tratamiento o al ho*

De igual forma se generó una una matriz a partir del coeficiente probabilístico Raup-Crick(que compara el número observado de taxones compartidos con la distribución de coocurrencias en 200 réplicas generadas al azar) y a partir de la misma se generó una ordenación NMDS, y su gráfico correspondiente

```
raup<-distance(physeq, method="raup")
raup
```

```
##          A1-JM2-2-2621739 A12-QM1-2-2621927 B12-QM2-2-2621928
## A12-QM1-2-2621927      3.812118e-04
## B12-QM2-2-2621928      1.940208e-02      8.407267e-08
## E3-JN1-2-2621809      2.981085e-04      3.142908e-05      6.091538e-04
## F2-QN3-2-2621802      1.647256e-02      2.194212e-02      6.226159e-01
## F3-JN2-2-2621810      1.154752e-05      1.832723e-03      3.481819e-04
## F9-QM3-2-2621908      3.629450e-02      1.266253e-07      1.532108e-14
## G2-QN1-2-2621803      1.631959e-01      6.168236e-01      5.513875e-01
## G3-JM1-2-2621811      2.127505e-03      1.615661e-03      8.848442e-02
## H2-JM3-2-2621804      8.040961e-02      2.033454e-09      1.139412e-04
## H11-JN3-2-2621926      9.986778e-01      9.992857e-01      9.999252e-01
## H12-QN2-2-2621934      7.233675e-01      3.493853e-03      1.227350e-02
##          E3-JN1-2-2621809 F2-QN3-2-2621802 F3-JN2-2-2621810
## A12-QM1-2-2621927
## B12-QM2-2-2621928
## E3-JN1-2-2621809
## F2-QN3-2-2621802      7.933218e-03
## F3-JN2-2-2621810      9.296648e-10      7.576308e-10
## F9-QM3-2-2621908      6.395760e-02      3.060165e-05      9.862806e-07
## G2-QN1-2-2621803      8.317392e-02      6.731157e-07      1.781737e-03
## G3-JM1-2-2621811      4.075325e-05      5.711590e-02      1.557377e-07
## H2-JM3-2-2621804      8.016741e-10      5.668327e-03      3.255598e-04
## H11-JN3-2-2621926      1.299106e-01      9.772516e-01      5.671620e-01
## H12-QN2-2-2621934      3.124659e-01      6.892796e-01      6.250973e-01
```

```

##          F9-QM3-2-2621908 G2-QN1-2-2621803 G3-JM1-2-2621811
## A12-QM1-2-2621927
## B12-QM2-2-2621928
## E3-JN1-2-2621809
## F2-QN3-2-2621802
## F3-JN2-2-2621810
## F9-QM3-2-2621908
## G2-QN1-2-2621803      7.829386e-04
## G3-JM1-2-2621811      1.957659e-01      1.433104e-03
## H2-JM3-2-2621804      1.159980e-04      5.144178e-01      9.663811e-04
## H11-JN3-2-2621926      9.731756e-01      9.889183e-01      9.848998e-01
## H12-QN2-2-2621934      1.694230e-01      5.166819e-01      6.227335e-01
##          H2-JM3-2-2621804 H11-JN3-2-2621926
## A12-QM1-2-2621927
## B12-QM2-2-2621928
## E3-JN1-2-2621809
## F2-QN3-2-2621802
## F3-JN2-2-2621810
## F9-QM3-2-2621908
## G2-QN1-2-2621803
## G3-JM1-2-2621811
## H2-JM3-2-2621804
## H11-JN3-2-2621926      8.059043e-01
## H12-QN2-2-2621934      1.193973e-01      9.999961e-01

```

```

NMDS<-ordinate(physeq,method = "NMDS", distnace="raup")

```

```

## Run 0 stress 0.1186582
## Run 1 stress 0.1737167
## Run 2 stress 0.1189473
## ... Procrustes: rmse 0.02239942 max resid 0.04908731
## Run 3 stress 0.2194821
## Run 4 stress 0.126374
## Run 5 stress 0.1732798
## Run 6 stress 0.1186578
## ... New best solution
## ... Procrustes: rmse 0.0002897291 max resid 0.0005151254
## ... Similar to previous best
## Run 7 stress 0.126374
## Run 8 stress 0.1663385
## Run 9 stress 0.126374
## Run 10 stress 0.1968763
## Run 11 stress 0.126374
## Run 12 stress 0.126374
## Run 13 stress 0.1733076
## Run 14 stress 0.126374
## Run 15 stress 0.1189472
## ... Procrustes: rmse 0.02145924 max resid 0.04851065
## Run 16 stress 0.1732809
## Run 17 stress 0.1189484
## ... Procrustes: rmse 0.02118628 max resid 0.04823359
## Run 18 stress 0.1811643
## Run 19 stress 0.1189472
## ... Procrustes: rmse 0.02220193 max resid 0.04922009
## Run 20 stress 0.1189469

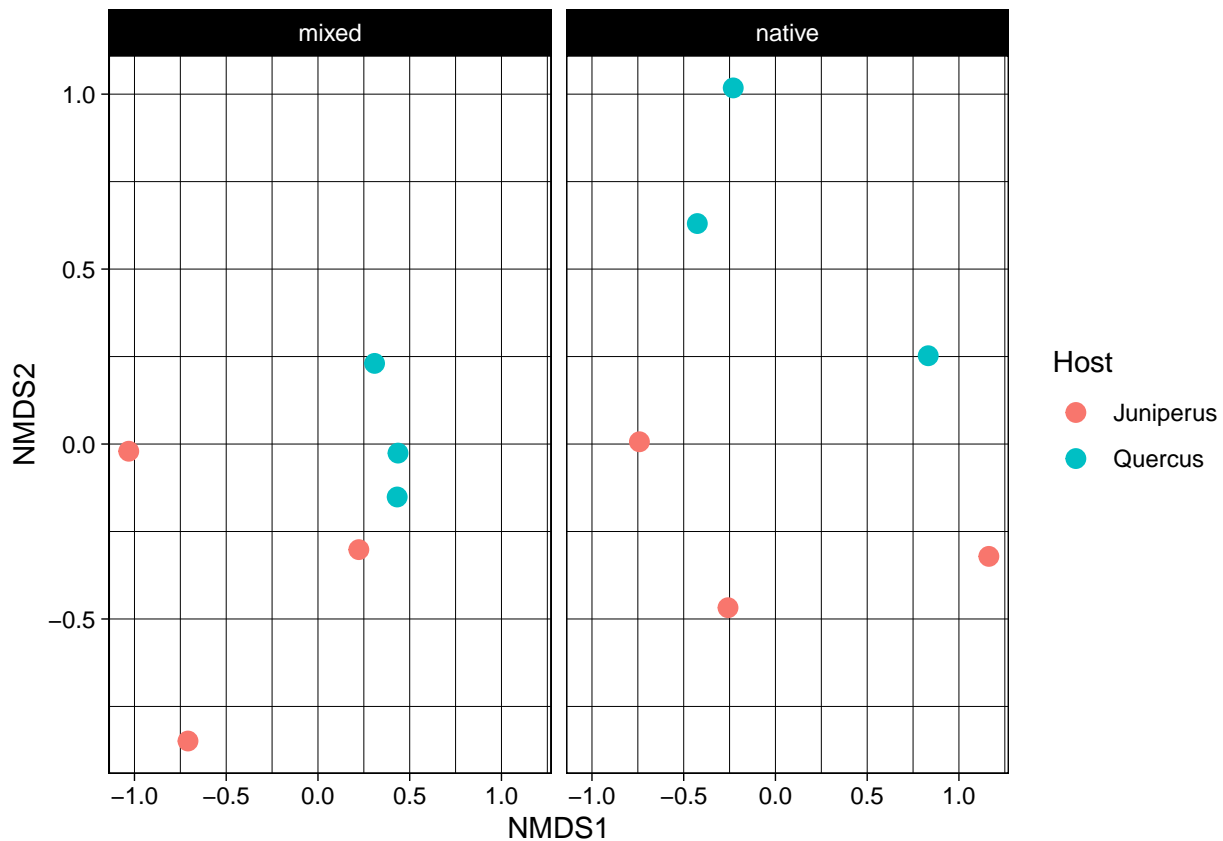
```

```
## ... Procrustes: rmse 0.02216136  max resid 0.04919788
## *** Solution reached
```

```
NMDS
```

```
##
## Call:
## metaMDS(comm = veganifyOTU(physeq), distance = distance, distnace = "raup")
##
## global Multidimensional Scaling using monoMDS
##
## Data:      veganifyOTU(physeq)
## Distance: bray
##
## Dimensions: 2
## Stress:    0.1186578
## Stress type 1, weak ties
## Two convergent solutions found after 20 tries
## Scaling: centring, PC rotation, halfchange scaling
## Species: expanded scores based on 'veganifyOTU(physeq)'
```

```
p<-plot_ordination(physeq,NMDS,color="Host")
p +facet_wrap("Treatment")+ geom_point(size=3)+ theme_linedraw()
```



De los resultados obtenidos se generó una prueba de adonis usando la librería “vegan” que se basa en una prueba de anova multivariada basada en disimilitudes

```
adonis(raup~Host+Treatment,data=data)
```

```
##
```

```
## Call:
## adonis(formula = raup ~ Host + Treatment, data = data)
##
## Permutation: free
## Number of permutations: 999
##
## Terms added sequentially (first to last)
##
##           Df SumsOfSqs  MeanSqs F.Model      R2 Pr(>F)
## Host         1   0.23671 0.236705  4.0668 0.22812  0.045 *
## Treatment    1   0.27707 0.277068  4.7603 0.26702  0.023 *
## Residuals    9   0.52384 0.058205          0.50485
## Total       11   1.03761          1.00000
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

*#la prueba revela que si existen diferencias significativas en términos de estructura de la comunidad,*