Fig.4.微生物多样性。（A）患者组和对照组物种数Venn图。（B）患者组和对照组Top20物种组成柱状图，物种丰度改变图。（C）α多样性，Richness指数，Simpson指数，Shannon指数，Wilcoxon检验判断两组样本显著性，p<0.05,\*;p<0.01,\*\*。(D)β多样性，PCoA主坐标分析,非度量多维排列NMDS,基于Bray-Curtis相似性的ANOSIM检验，p<0.05,\*;p<0.01,\*\*。

Fig.5.通过线性判别分析效应大小（LEfSe）算法鉴定微生物标志物和革兰氏阴性菌比率。（A） 基于 LEfSe 的独特生物标志物的微生物直方图（>2.5），系统发育图。条形图的长度表示显著不同的物种的影响大小。（B上） LEfSe鉴定两组之间Top20微生物相对丰度的差异。（B下） 两组之间(Bacteroidota拟杆菌门+Proteobacteria变形菌门)/Firmicutes厚壁菌门+Bacillota芽孢杆菌门）比率的比较。

Fig.6.功能基因以及富集。（A） 差异基因的火山图，绿点表示下调的基因，红点表示上调的基因,黑点表示padj<0.05。（B）差异功能基因上调和下调Top20热图。（C）上调差异功能基因KEGG富集通路。（D）下调差异功能基因KEGG富集通路。

Fig.7.联合分析。（A）差异物种和差异代谢物的相关性热图p<0.05,\*;p<0.01,\*\*。（B）差异物种和差异代谢物的相关性网络图p<0.05,|r|>0.6。（C）关注代谢物和物种的相关性网络图。

差异物种分析

（A） 差异物种的火山图，绿点表示下调的基因，红点表示上调的基因，黑点表示 |log FC|<2，padj<0.05。（B）差异物种上调和下调Top10热图。