

## 中文版Method

仅供客户在文章写作时参考， 分析内容和方法请以结题报告  
为准， 请客户自行承担文章查重等相关风险。

## 1 实验流程

### 1.1 基因组DNA提取与样品检测

土壤、粪便、肠道内容物样品采用磁珠法土壤和粪便基因组DNA提取试剂盒(TianGen) , 对基因组DNA进行提取。其他样品类型采用CTAB方法, 对基因组DNA进行提取。之后利用1%琼脂糖凝胶电泳检测DNA的纯度和浓度, 取适量的样本DNA于离心管中, 使用无菌水稀释样本至1ng/μL。

### 1.2 PCR产物的获取

引物对应区域: 16S V4区引物(515F和806R): 鉴定细菌多样性。18S V4区引物(528F和 706R): 鉴定真核微生物多样性。ITS1区引物(ITS5- 1737F和ITS2-2043R): 鉴定真菌多样性。此外, 扩增区域还包括16S V3-V4/16S V4-V5/16S V5-V7; 古菌16S V4-V5/古菌16S V8; 18S V9和ITS2区。

所有PCR混合液加入15 μL Phusion® High-Fidelity PCR Master Mix(New England Biolabs)、0.2 μM引物和10 ng基因组DNA模板, 在98C下进行1分钟的第一次变性, 然后在98C(10s)、50C (30s)和72C(30 s) 下进行30次循环, 最后在72C下保持5分钟。

### 1.3 PCR产物的混样和纯化

PCR产物使用2%浓度的琼脂糖凝胶进行电泳检测; 对检测合格的PCR产物进行磁珠纯化, 采用酶标定量, 根据PCR产物浓度进行等量混样, 充分混匀后使用2%的琼脂糖凝胶电泳检测 PCR产物, 对目的条带使用通用型DNA纯化回收试剂盒(TianGen) 回收产物。

### 1.4 文库构建和上机测序

使用NEB Next® Ultra™ II FS DNA PCR-free Library Prep Kit(New England Biolabs) 进行文库构建, 构建好的文库经过Qubit和Q-PCR定量, 文库合格后, 使用NovaSeq 6000进行PE 250 上机测序。

## 2 生物信息分析

### 2.1 数据质量控制

#### 2.1.1 数据拆分

根据Barcode序列和PCR扩增引物序列从下机数据中拆分出各样本数据。

#### 2.1.2 双端数据拼接

截去 Barcode 和 引物序列后使用 FLASH (Version 1.2.11 ,<http://ccb.jhu.edu/software/FLASH/>)(Magoc T et al.,2011), 对每个样本的 reads进行拼接, 得到的拼接序列为原始Tags数据(Raw Tags)。

#### 2.1.3 数据质控

使用fastp软件 (Version 0.23.1) 对拼接得到的Raw Tags经过严格的过滤处理得到高质量的Tags数据(Clean Tags)(Bokulich NA et al.,2012)。

#### 2.1.4 去除嵌合体

经过以上处理后得到的Tags需要进行去除嵌合体序列的处理, Tags序列通过与物种注释数据库 (Silva database, [https://www.arb-silva.de/for\\_16S/18S](https://www.arb-silva.de/for_16S/18S), Unite database, <https://unite.ut.ee/> for ITS) 进行比对检测嵌合体序列, 并最终去除其中的嵌合体序列, 得到最终的有效数据(Effective Tags) (Edgar RC et al.,2011) 。

### 2.2 OTU聚类和物种注释

#### 2.2.1 OTU聚类

利用Uparse算法(Uparse v7.0. 1001, <http://www.drive5.com/uparse/>)(Edgar RC et al.,2013) 对所有样本的全部 Effective Tags进行聚类, 默认以97%的一致性(Identity) 将序列聚类成为 OTUs(Operational Taxonomic Units), 同时会选取OTUs的代表性序列, 依据其算法原则, 筛选的是OTUs中出现频数最高的序列作为OTUs的代表序列, 用于后续的物种注释。

#### 2.2.2 物种注释

16S: Silva 138.1 数据库 (<http://www.arb-silva.de/>)(Quast C et al.,2012); 分类注释算法: Mothur。

18S: Silva 138.1数据库 (<http://www.arb-silva.de/>)(Quast C et al.,2012); 分类注释算法: RDP。

ITS: Unite 数据库(<https://unite.ut.ee/>)(Herr JR et al.,2014); 分类注释算法: blast。

#### 2.2.3 构建系统发育树

使用MUSCLE(Edgar RC et al.,2004)(Version 3.8.31, <http://www.drive5.com/muscle/>)

软件进行快速多序列比对，得到所有OTUs代表序列的系统发生关系。

#### 2.2.4 数据均一化

最后对各样本的数据进行均一化处理，以样本中数据量最少的为标准进行均一化处理，后续的Alpha多样性分析和Beta多样性分析都是基于均一化处理后的数据。

#### 2.2.5 物种丰度统计

根据每个样本在不同分类等级（门、纲、目、科、属、种）的丰度前10的物种，通过SVG函数绘制Perl中相对丰度的分布直方图。

#### 2.2.6 热图

利用每个分类级别的的丰度前35的物种丰度信息绘制热图，直观地显示了不同的丰度和分类群聚类。这是用R的pheatmap()函数实现的。

#### 2.2.7 三元相图

根据每个分类级别的前10个分类群的三元图可以用来显示三个样本之间的丰度差异。它是用R的vcd()函数中计算的。

#### 2.2.8 韦恩图和花瓣图

Venn和Flower图直观地显示了不同样本或组之间的共同和独特信息。Venn图和Flower图分别用VennDiagram()函数在R中生成，用SVG函数在perl中生成。

#### 2.2.9 系统进化分析

系统发育树，也称为进化树，可以描述不同物种之间的进化关系。选择样本中丰度最高的100个属，进行序列比对，用perl绘制SVG格式的系统发育树。

## 2.3 样本复杂度分析(Alpha Diversity)

### 2.3.1 Alpha多样性指数分析

使用Qiime 软件( Version 1.9.1 ) 计算Observed-otus, Chao1, Shannon, Simpson, ace, Goods-coverage, PD\_whole\_tree 指数, 使用R软件(Version 4.0.3) 绘制稀释曲线。

计算菌群丰度(Community richness) 的指数有:

Chao -the Chao1 estimator (<http://www.mothur.org/wiki/Chao>);

ACE -the ACE estimator (<http://www.mothur.org/wiki/Ace>)。

计算菌群多样性(Community diversity) 的指数有:

Shannon - the Shannon index (<http://www.mothur.org/wiki/Shannon>); Simpson - the Simpson index (<http://www.mothur.org/wiki/Simpson>)。

计算测序深度的指数有:

Coverage - the Good' s coverage (<http://www.mothur.org/wiki/Coverage>)。

计算系统发育多样性的指数有:

PD\_whole\_tree-PD\_whole\_tree index ([http://scikit-bio.org/docs/latest/generated/skbio.diversity.alpha.faith\\_pd.html?highlight=pd#skbio.diversity.alpha.faith\\_pd](http://scikit-bio.org/docs/latest/generated/skbio.diversity.alpha.faith_pd.html?highlight=pd#skbio.diversity.alpha.faith_pd))。

### 2.3.2 物种累积箱型图

为了评估微生物群落的丰富度和样本量。物种积累箱图可以用于可视化, 这是用R包执行的。

### 2.3.3 等级梯度曲线

通过观察曲线的宽度和形状来反映样本物种的丰富度和均匀度。这可以使用R中的ColorBrewer 软件包绘制。

### 2.3.4 稀释曲线

测序数量不足可能导致样本信息不足, 而过多的测序深度也可能导致不必要的成本增加。因此, 确定合适的测序量是至关重要的。绘制稀疏曲线提供了发现序列深度是否足够的可行性的能力。这是通过使用plyr包的R来实现的。

## 2.4 多样本比较分析(Beta Diversity)

### 2.4.1 Beta多样性分析

为了评估群落组成的复杂性并比较样本(组)之间的差异, 用Qiime软件(Version 1.9.1) 基于的加权和非加权距离进行 $\beta$ 多样性分析。

### 2.4.2 Beta多样性热图

$\beta$ 多样性分析用于评估样本在物种复杂性方面的差异。通过QIIME软件计算加权和未加权unifrac的 $\beta$ 多样性距离。然后绘制一个热图来显示样本之间的unifrac距离，这是用Perl实现的。

### 2.4.3 UPGMA聚类分析

基于加权unifrac距离矩阵，在UPGMA上构造了聚类树。这在生态学中被广泛用于进化分类。UPGMA图是通过Qiime中的UPGMA.tre函数绘制的。

### 2.4.4 降维分析

主成分分析（PCA），该分析用于使用带有R软件的ade4软件包和ggplot2软件包（4.0.3版）来降低原始变量的维数。

主坐标分析（PCoA）用于从复杂和多维数据中获取主坐标并进行可视化。在转换到一组新的正交轴之前，获得了样本之间加权或未加权均匀性的距离矩阵，通过该矩阵，第一主坐标表示最大变化因子，第二主坐标表示第二大变化因子。PCoA分析通过R软件（4.0.3版）中的ade4包和ggplot2包计算和绘制。

非度量多维度分析（NMDS）来降低数据维度。与PCoA类似，NMDS也使用距离矩阵，但它强调的是数值秩。图上样本点之间的距离只能反映秩信息，而不能反映数值差异。NMDS分析是通过带有ade4软件包和ggplot2软件包的R软件实现的。

## 2.5 群落差异分析

通过Anosim、Adonis、MRPP、Simpser、T检验、MetaStat和LEfSe等一系列统计分析，揭示了群落结构的分化。

Anosim、Adonis和MRPP分析是分析高维数据组之间差异的非参数检验。这可以分析分组之间的差异是否显著大于组内的差异，这可以确定分组是否有意义。这些可以在R软件内使用vegan包和ggplot2包进行分析和绘制。

Simpser可以揭示每个物种对群体之间分化的贡献。选出了前10个物种，并将其显示在图上。这在R中使用Vegan软件包和ggplot2软件包进行。

MetaStat可以展示群体之间表现出显著差异的物种。它基于多重假设检验，并使用ComplexHeatmap软件包在R中进行。

LEfSe被广泛用于发现生物标志物，它可以揭示宏基因组特征。这是lefse的单独软件进行计算和绘制的。

## 2.6 功能预测

PICRUSt (V1.1.4) 主要用于预测基于标记基因的宏基因组功能。PICRUSt2 (V2.3.0) 是PICRUSt的改进版本。

Tax4Fun (V0.3.1) 是一个R软件，广泛用于肠道和土壤样本。总的来说，与PICRUSt相比，它可以提供更准确的结果，尤其是对于土壤样本。

BugBase工具，可以发现显微组织的表型。它可以根据七种表型对微生物群落进行分类：革兰氏阳性、革兰氏阴性、生物膜形成、致病性、含移动元素、氧气利用（包括好氧、厌氧和可培养厌氧）和氧化应激耐受性。

在处理真菌样本时，可以使用FunGuild工具，对主要的营养类型进行分类，研究具体的真菌功能分类。

FAPROTAX是主要阐明生物化学过程和元素时发挥重要作用的软件。

## 2.7 关联分析

### 2.7.1 网络图

为了探索物种之间的共生关系，揭示环境因素对群落结构的影响，绘制了二维和三维网络图进行可视化。

### 2.7.2 环境因子分析

可以使用spearman相关性检，CCA/RDA和dbRDA等进一步分析来反映环境因素与物种丰度之间的相关性。所有这些图表和分析都是在R中完成的。

## 2.8 Python, R and Perl

在整个分析过程中，使用的Python、R和Perl版本分别为3.6.13、4.0.3和5.26.2。

### 3 参考文献

Bokulich NA, Subramanian S, Faith JJ, et al. Quality-filtering vastly improves diversity estimates from Illumina amplicon sequencing. *Nature Methods*. 2012;10(1):57-59. doi:10.1038/nmeth.2276.

Edgar RC, Haas BJ, Clemente JC, Quince C, Knight R. UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection. *Bioinformatics*. 2011;27(16):2194-2200. doi:10.1093/bioinformatics/btr381.

Edgar RC. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*. 2004;32(5):1792-1797. doi:10.1093/nar/gkh340.

Edgar RC. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads. *Nature Methods*. 2013;10(10):996-998. doi:10.1038/nmeth.2604.

Herr JR, Qbik M, Hibbett DS. Towards the unification of sequence-based classification and sequence-based identification of host-associated microorganisms. *New Phytologist*. 2014;205(1):27-31. doi:10.1111/nph.13180.

Magoc T, Salzberg SL. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies. *Bioinformatics*. 2011;27(21):2957-2963. doi:10.1093/bioinformatics/btr507.

Quast C, Pruesse E, Yilmaz P, et al. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. *Nucleic Acids Research*. 2012;41(D1):D590-D596. doi:10.1093/nar/gks1219.