

03.AlphaDiversity 【alpha 多样性分析结果】

1 Alpha_div 【组间 Alpha 多样性比较箱型图】

- 1.1 ACE 【ACE 指数】
- 1.1.1 ACE.{png,pdf} 【ACE 指数箱型图】
- 1.1.2 ACE_Tukey.txt 【ACE 指数多组间方差分析】

列数	列标题	含义
1	diff	组间差值
2	lwr	置信区间上限
3	upr	置信区间下限
4	p adj	P 值

1.1.3 ACE wilcox.txt 【ACE 指数多组间非参数 wilcox 检验】

列数	列标题	含义
1	Difference	均值差
2	pvalue	P 值
3	sig.	是否显著,若 p 值<0.05,标*,p 值<0.01 标 **,p 值<0.001 标 ***
4	LCL	置信区间下限
5	UCL	置信区间上限

Tukey 和 wilcox 两种分析都是两两比较的方法,都是可以给出显著性检验,不同的是:tukey 是参数检验,数据要求符合正态分布;wilcox 是非参数检验,不要求数据是否符合正态分布,因此后者更为通用一些。

2 venn_Flower_figure 【基于 OTU 的韦恩花瓣图】

- 2.1 venn flowerdata 【韦恩花瓣图数据】
- 2.1.1 1.*.uniq.otu.xls 【各样本独有 OTU 信息】
- 2.2 venn flower display.{png,pdf} 【韦恩花瓣图展示】

样本(或分组)≤5个,用 Venn 图展示;样本(或分组)5个以上15个以下,用花瓣 图展示。

3 alpha_diversity_index (group).txt 【样本(组间)α多样性指数】

Alpha-diversity 主要关注局域均匀生境下的物种数目,因此也被称为生境内的多样性。在分析中,选取 Observed-species,Chao1,Shannon,Simpson,Good-coverage 几种不同的 Alpha 多样性指数,以表征样品中物种分布的多样性和均匀度,并直观展示测序深度和数据 量情况。

Observed_species: 直观观测到的物种数目(也即是 OTUs 数目)。Shannon: 样品中的分类总数及其占比。群落多样性越高,物种分布越均匀,Shannon指数越大。Simpson: 表征群落内物种分布的多样性和均匀度。Chao1:估计群落样品中包含的物种总数。ACE:估计群落中OTU数目。Goods_coverage:测序深度指数。PD_whole_tree:群落内物种的亲缘关系。

simpson 有 3 种展示形式,即 Simpson's Index (D), Simpson's Index of Diversity (1 - D)
和 Simpson's Reciprocal Index (1 / D),它们对于反映群落多样性的效果相近但是计算的结果形式不同;我们用的是 Simpson's Index of Diversity (1 - D)。

4 (group) observed_species. {png,pdf} 【样本(组间)物种数目饱和 度曲线】

稀释性曲线图中,当曲线趋向平坦时,说明测序数据量渐进合理,更多的数据量只会产生少量新的 OTUs。但是,随着测序数据量的不断增加,在 QC 条件相对宽松的情况下,曲线的增长趋势可能会比较大,这主要因为测序存在错误,测序产品的丰度信息也不断增加,导致曲线会保持一个增加的趋势。

5 (group)rank_abundance.{png,pdf}【样本(组间)Rank Abundance 曲线】

Rank-abundance 曲线是分析多样性的一种方式。构建方法是:先统计每个样品中每个 OTU 的相对丰度(OTUs 包含的序列数除以总的序列数目),将 OTUs 按丰度由大到小进 行排序,得到每个 OTU 的等级(从大到小排序的序号),再以 OTU 等级为横坐标,以 OTU 的相对丰度为纵坐标做图。

Rank-abundance 曲线可用来解释物种丰度和物种均匀度,物种的丰度由曲线的宽度来反映,物种的丰度越高,曲线在横轴上的范围越大;曲线的形状(平缓程度)反映了样品中物种的均度,曲线越平缓,物种分布越均匀,如果曲线迅速下降,表明少数优势物种,占据了样品中微生物数量的很大比例。

6 plot_observed_species.xls 【样本物种数目饱和度曲线数据文件】

列数	列标题	含义
1	series	抽取序列数
2	样本名称	各样本中各抽取序列数统计到的 OTUs 数目

稀释曲线是从样品中随机抽取一定测序量的数据,统计它们所代表物种数目(也即是OTUs 数目),以数据量与物种数来构建的曲线。曲线趋向平坦时,说明测序数据量足够大,可以反映样品中绝大多数的微生物信息。

采用 Qiime 软件(Version 1.9.1) 默认参数,设定最小抽取序列数为 10,最大抽取数为 所有样品中最少的对应序列条数,步长为(最大抽取数-最小抽取数)/10,每一步重复取样 10次。