

扩增子结果文件补充说明

02.OTUanalysis 【OTUs 聚类 and 物种注释结果】

1 OTUs.fasta 【OTUs 代表序列】

OTU 代表序列的 fasta 格式文档

2 OTUs.tax_assignments.txt 【OTUs 物种注释结果】

16s 注释默认采用的是 Silva 数据库（也可以根据老师的需要进行选择）。注释方法为 mothur 方法，mothur 为类 LCA 算法，即在得到两个同分类等级的两个不同注释结果时，默认上一级共有分类单位为最后注释结果。在注释过程中，16S 设定阈值为 0.8-1，即置信度高于设定阈值的注释结果才能完整输出。

other，表示分类时，程序无法根据规则判断应该分为哪一类；

横线，f__g__表示，程序把未知序列比对到了某一参考序列，但是，参考序列本身没有鉴定到 f__g__等级。比如一个特征序列能区分到目，但在该目下一些不同的科所对应的微生物上，都是一致的，那么该序列就没办法在科水平上进行区分。

注释结果中出现 mitochondria、chloroplast，中文翻译为线粒体和叶绿体，但是在这里不要人为的翻译成线粒体和叶绿体，我们注释的数据库里命名都是其官方命名，mitochondria 属于 Proteobacteria（变形菌门），Alphaproteobacteria（ α 变形菌纲），Rickettsiales（立克次氏体目），是一种原核微生物，chloroplast 在蓝细菌门比较常见的。

3 OTUs.tre 【OTUs 进化树文件】

Qiime 软件根据 otu 丰度表格的 biom 文件及 tree 文件计算得到 weighted 和 unweighted 距离。

4 otu_table_even.biom 【均一化处理后 biom 格式的绝对丰度表】

Qiime 软件根据 otu 丰度表格的 biom 文件及 tree 文件计算得到 weighted 和 unweighted 距离。

5 taxa_abundance 【每个样品中物种丰度信息】

5.1 Absolute 【OTUs 绝对丰度】

5.1.1 otu_table.*.absolute.xls 【界门纲目科属种 (k,p,c,o,f,g,s) 水平上的绝对丰度】

列数	列标题	含义
1	Taxonomy	注释结果
2	样本名称	各样本中各物种的绝对丰度值
3	Tax_detail	详细注释信息

5.1.2 otu_table.txt 【OTUs 绝对丰度表】

列数	列标题	含义
1	#OTU_num	OTU 序列号
2	样本名称	各样本 OTU 绝对丰度值
3	Taxonomy	注释结果
4	#Total_tag	各样本总 Tags 数
5	#Uniq_tag	Uniq_tag 数目, Uniq_tag 指频数为 1, 在 OTU 聚类过程中与任何一条序列的相似度都达不到阈值 (我们设定的是 97%) 的序列
6	#Tax_tag	注释到的 Tags 数目
7	#Unclassified_tag	没有注释到的 Tags 数目

5.2 Evenabs 【均一化处理后的绝对丰度 (均一化处理使每个样品的 OTUs 丰度

之和相等)】

5.2.1 otu_table.absolute.xls 【OTUs 绝对丰度】

列数	列标题	含义
1	#OTU_num	OTU 序列号
2	样本名称	各样本中各 OTU 均一化处理后的绝对丰度值
3	Taxonomy	各 OTU 注释结果

5.2.2 otu_table.*.absolute.xls 【界门纲目科属种 (k,p,c,o,f,g,s) 水平上的绝对丰度】

列数	列标题	含义
1	Taxonomy	注释结果
2	样本名称	各样本中各水平物种均一化后的绝对丰度值
3	Tax_detail	详细注释信息

均一化意义及方法：由于测序深度不一致，样品之间的序列数有多有少，为了消除实验误差和人为统计误差，我们需要把样品的序列数设置在同一深度水平，尤其针对于样品间的比较分析需要具有可比性，所以进行均一化。方法是设置一个阈值（一般是序列数最低的那个样品），然后从样品中随机抽取阈值所设定的序列条数，进一步分析。

5.3 Relative 【均一化处理后的相对丰度（均一化处理使每个样品的 OTUs 丰度之和相等）】

5.4 Relative_group 【组 OTUs 相对丰度】

6 taxa_heatmap 【物种注释聚类热图】

cluster*. {pdf,png,txt} 门纲目科属 (p,c,o,f,g) 水平上的物种聚类热图和作图数据

7 taxa_stat 【OTUs 分析统计结果】

7.1 Classified_stat.{png,svg} 【注释到界门纲目科属种（k,p,c,o,f,g,s）水平上的 Tags 数目分布图】

7.2 classified_stat.xls 【注释到界门纲目科属种（k,p,c,o,f,g,s）水平上的 Tags 数目统计表】

列数	列标题	含义
1	Sample_Name	样本名称
2	Kingdom	注释到界水平上的 Tags 数
3	Phylum	注释到门水平上的 Tags 数
4	Class	注释到纲水平上的 Tags 数
5	Order	注释到目水平上的 Tags 数
6	Family	注释到科水平上的 Tags 数
7	Genus	注释到属水平上的 Tags 数
8	Species	注释到种水平上的 Tags 数

7.3 Sample_stats-OTUs_dis.{png,svg} 【各样品的 Tags 及 OTUs 数目统计分布图】

7.4 Tags_stat.xls 【各样品的 Tags 及 OTUs 数目统计表】

列数	列标题	含义
1	Sample_Name	样本名称
2	Total_tag	各样本总 Tags 数
3	Taxon_Tag	注释到的 Tags 数
4	Unclassified_Tag	没有注释到的 Tags 数

5	Unique_Tag	Unique_Tag 数
6	OTU_num	各样本中 OTU 数

8 species_stat.txt 【所有样本各层级注释到的信息汇总】

如 Kingdom 2 表示所有样本注释到界水平上的有 2 种。