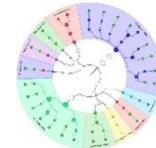
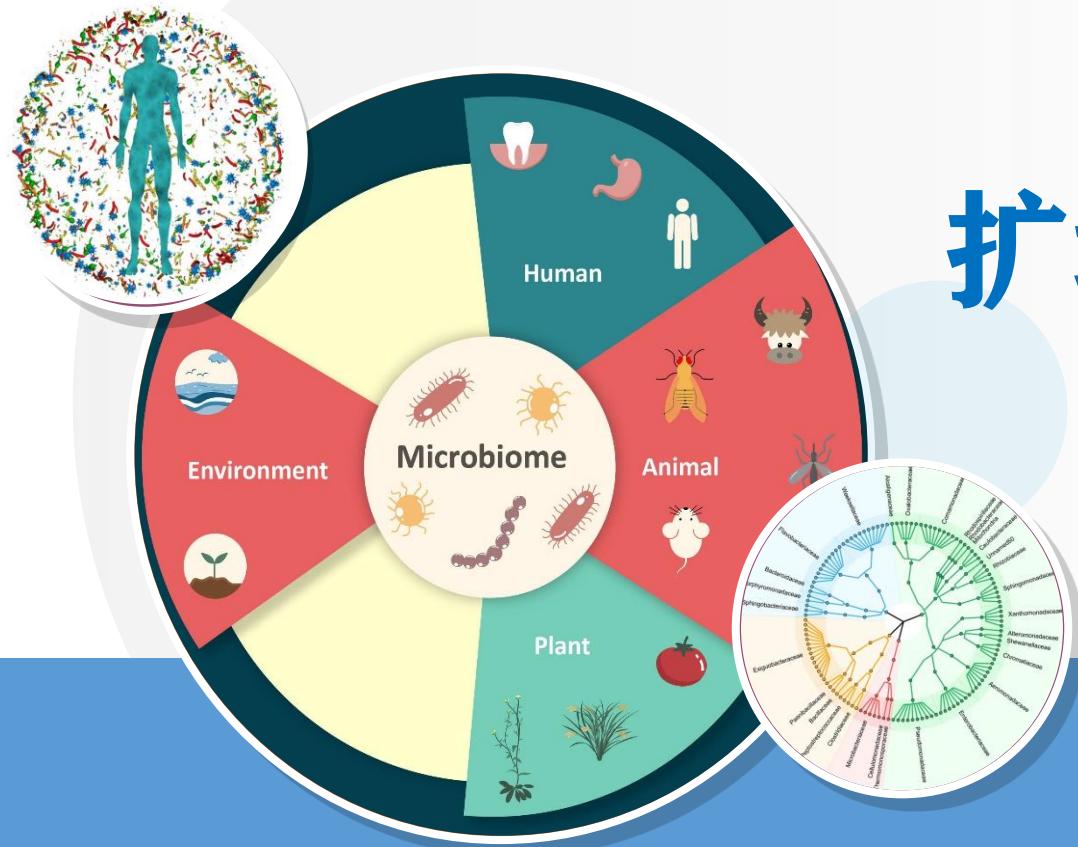




中国科学院遗传与发育生物学研究所  
Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences



宏基因组  
meta-genome



第三届青年生命科学论坛·北京

# 扩增子和宏基因组数据分析与可视化流程

刘永鑫  
中科院遗传发育所 高级工程师  
宏基因组公众号 创始人  
2021年6月6日

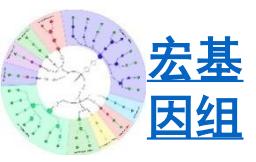
# 目录

- 微生物组研究概述
- 扩增子分析
- 宏基因组分析
- 数据可视化
- 总结



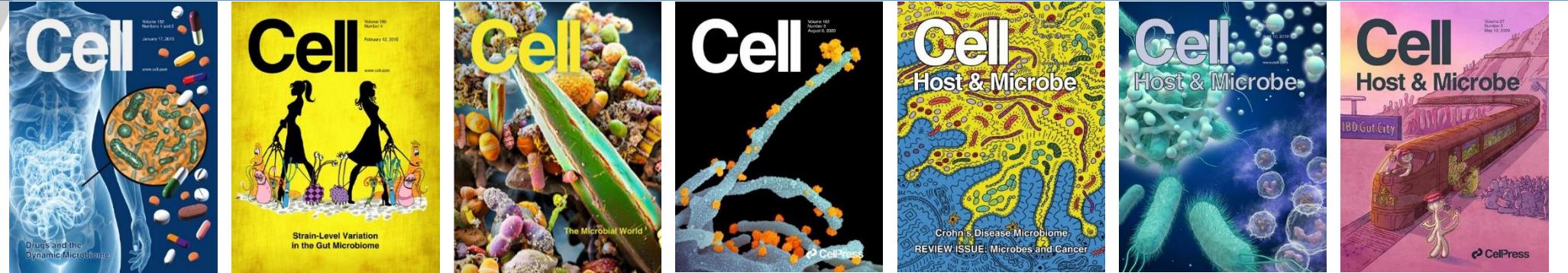
# 目录

- 微生物组研究概述
- 扩增子分析
- 宏基因组分析
- 数据可视化
- 总结





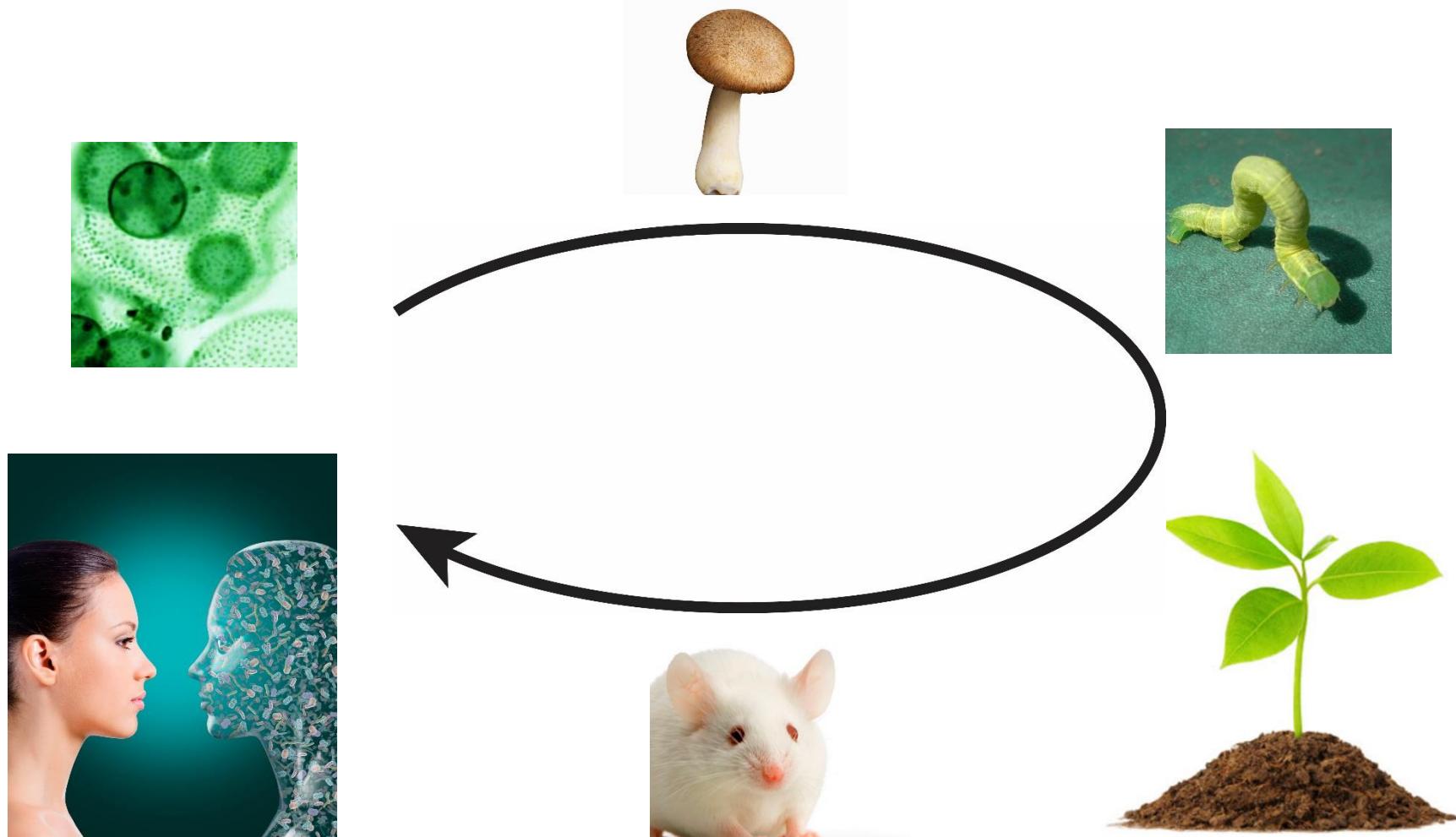
# 为什么微生物组这么热？



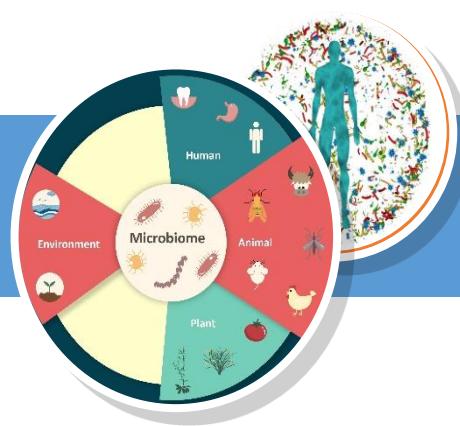
宏基  
因组



# 动植物生活环境充满微生物



脱离了微生物的生物学研究是不完整的



# 宏组学研究(实验和分析)流程

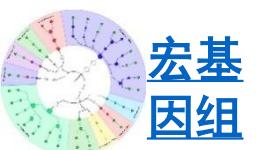
微生物组  
取样

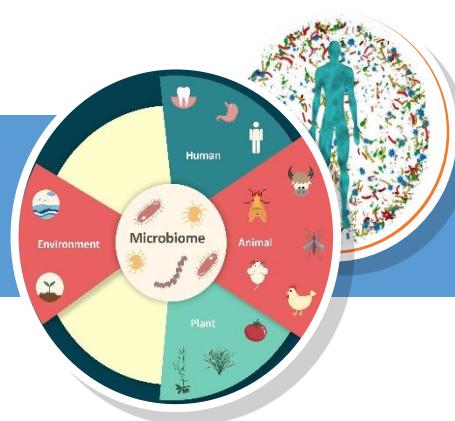
“宏组学”  
数据产出

数据处理  
(质控定量)

统计分析  
可视化

Yong-Xin Liu, Yuan Qin, Tong Chen, Meiping Lu, Xubo Qian, Xiaoxuan Guo & Yang Bai. A practical guide to amplicon and metagenomic analysis of microbiome data. *Protein Cell* 41, 1-16, doi:  
<https://doi.org/10.1007/s13238-020-00724-8> (2020).





# 数据分析的基本思想——三步走

# 大数据

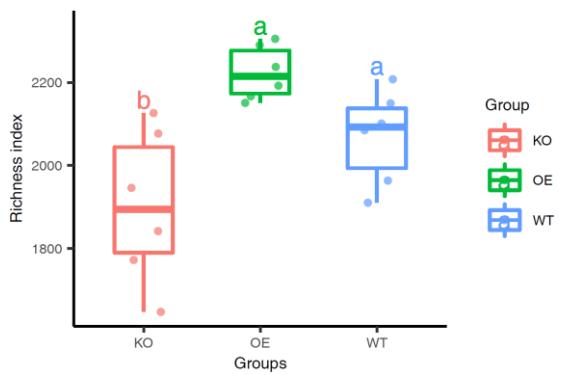
# 大表

# 小表

冬

ID	WT6	WT3	OE4	WT2	OE3	WT1
OTU_265	18	18	6	11	20	15
OTU_36	63	77	57	194	155	163
OTU_102	20	44	18	77	18	43
OTU_49	106	92	25	137	76	65
OTU_270	9	5	22	5	22	5
OTU_1865		0	3	0	0	2
OTU_58	77	75	28	84	53	64
OTU_1110		6	3	3	2	2
OTU_30	100	142	78	111	124	145
OTU_51	87	79	21	38	42	102
OTU_1353		0	1	2	0	1
OTU_1137		0	1	0	3	0
OTU_18	166	150	126	318	130	265
OTU_4	498	343	189	804	224	626
OTU_3	459	690	340	1039	568	580
OTU_704	3	14	12	8	9	4
OTU_14	176	283	110	314	169	232

Sample	berger_parker	buzas_gibson	chaol		
WT6	0.042	0.0381	1388.9	0.992	0.817
WT3	0.0453	0.0425	1474.9	0.992	0.828
OE4	0.0359	0.0414	1476.4	0.993	0.828
WT2	0.0642	0.0244	1203.0	0.985	0.773
OE3	0.0426	0.0396	1716.9	0.991	0.807
WT1	0.0586	0.0293	1317.0	0.988	0.788
WT4	0.0518	0.0359	1353.2	0.991	0.813
OE5	0.0361	0.0441	1622.8	0.993	0.824
OE2	0.0466	0.0472	1733.3	0.992	0.827
OE6	0.0432	0.0523	1759.5	0.994	0.840
WT5	0.0435	0.0252	1181.6	0.987	0.776
OE1	0.0374	0.0524	1591.2	0.994	0.852
KO4	0.0558	0.0325	1474.1	0.990	0.796
KO1	0.0552	0.0409	1651.6	0.990	0.813
KO5	0.0732	0.025	1306.2	0.986	0.772
KO2	0.0509	0.0445	1675.3	0.992	0.825
KO3	0.0571	0.0329	1489.8	0.990	0.800
KO6	0.0518	0.0334	1215.9	0.991	0.813

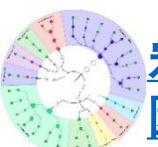


序列:  $10^6 \sim 10^9$

特征表:  $10^{1\sim 3} \times 10^{3\sim 5}$

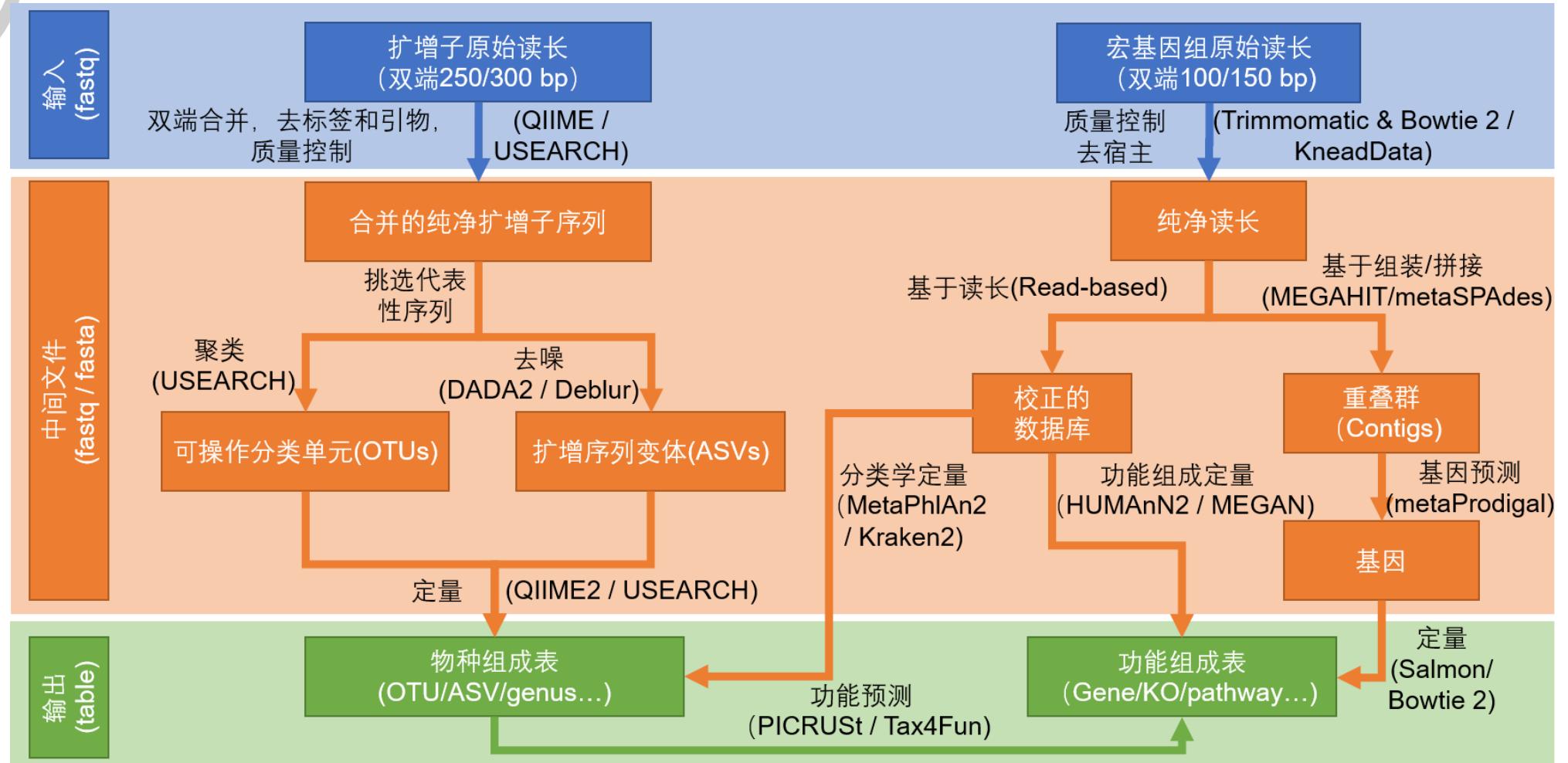
## 统计表: 1~N X 10<sup>1~3</sup>

图:  $10^{1\sim 3}$ 个点和统计信息

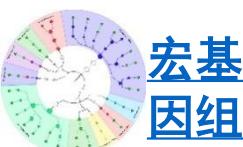


# 宏基 因组

[Protein Cell: 扩增子和宏基因组数据分析实用指南](#)  
[刘永鑫: 想学菌群生物信息分析-21分钟带你入门](#)



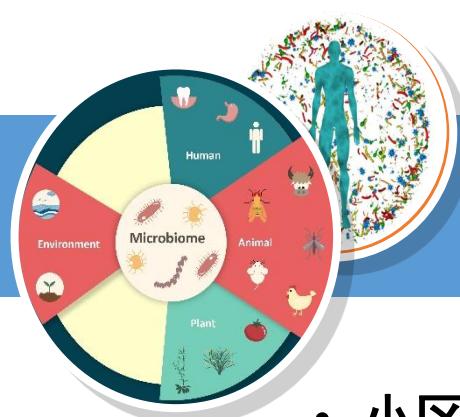
Protein Cell: 扩增子和宏基因组数据分析实用指南



# 目录

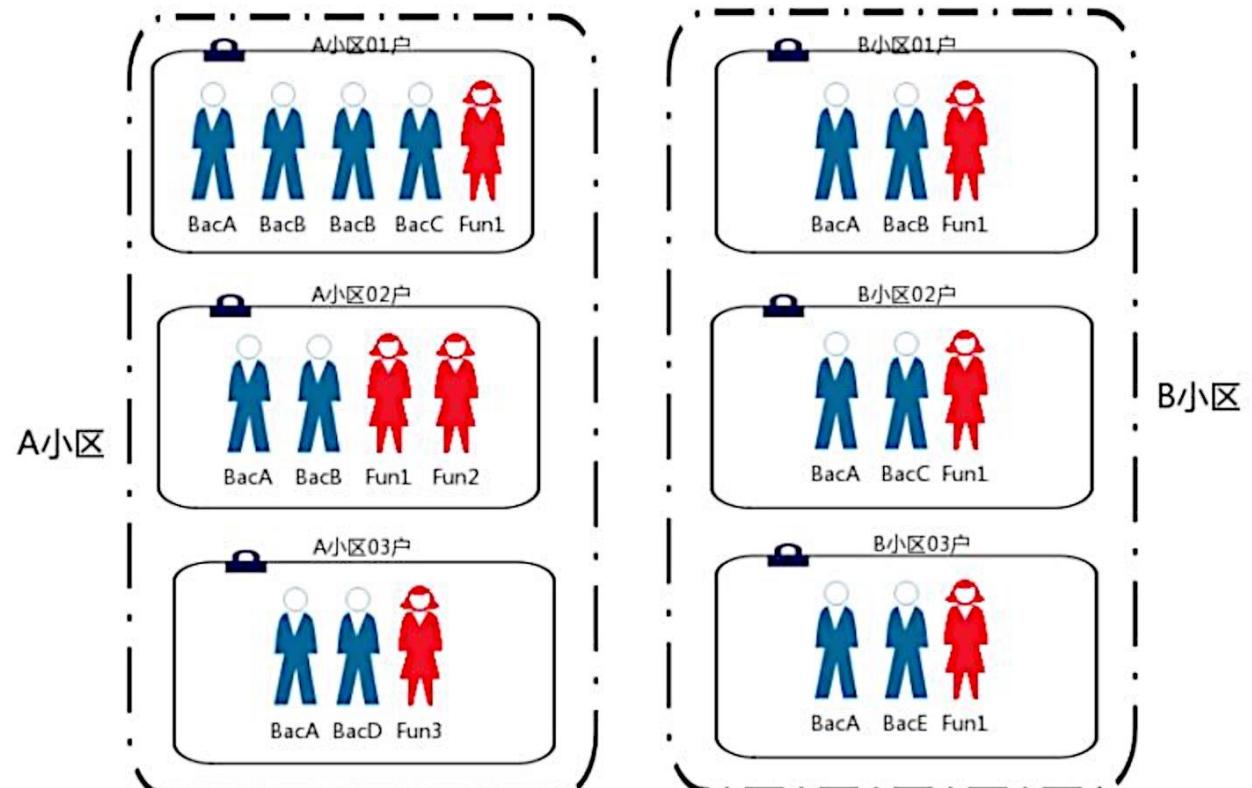
- 微生物组研究概述
- 扩增子分析
- 宏基因组分析
- 数据可视化
- 总结

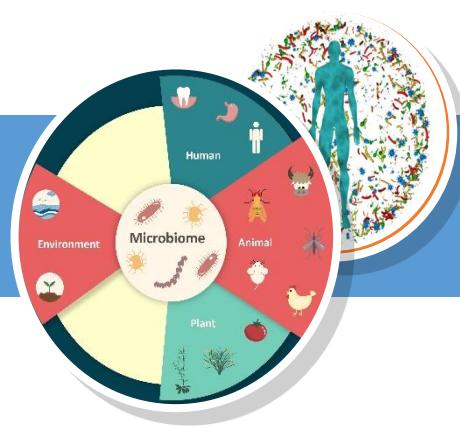




# 扩增子分析类似一次人口普查

- 小区：实验组
- 家户：样品
- 男生：样品中的细菌
  - BacA：北京人
  - BacB：山东人
  - BacB：山东人
  - BacC：东北人
- “省份”这一规则进行分类
- 女生：样品中的真菌





# 扩增子测序和分析流程

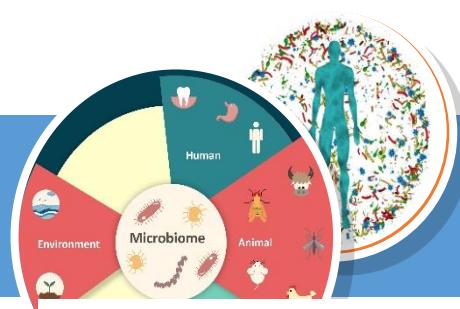
提取DNA

扩增  
测序

质控、(聚类)  
去噪、定量

多样性分析

[•Protein Cell: 扩增子和宏基因组数据分析实用指南](#)



### 科学顾问

朱永官 中科院城环境所  
刘双江 中科院微生物所  
朱宝利 中科院微生物所

### 宏基 因组

# 《微生物组实验手册》

## 微生物组实验手册征稿中

Bio-protocol中国编辑部联合宏基因组公众号共同发起微生物组实验方法电子书(Microbiome Protocol eBook)项目，旨在促进微生物组领域国内外华人科研团队之间的交流和合作，倡导科研团队注重实验方法的沉淀、分享与传播。希望本电子书填补微生物组领域方法空白，解决实验和分析难重复的问题，推动实验标准化，为积累标准统一的数据和未来大数据整合分析做准备，助力微生物组学研究的发展。

eBook主题为微生物组(Microbiome)，包括培养组、扩增子、宏基因组、宏转录组、宏代谢组、单菌基因组、相关分子生物学和微生物学实验、以及微生物组学上下游相关实验和分析技术等。按研究对象分类主要包括人、动物、植物、环境、通用、土壤、水体、细菌、真菌、病毒等。按研究方法分类：主要包括样本制备、核酸提取、蛋白和代谢物提取、测序文库制备、微生物培养与鉴定、合成菌群、无菌实验、数据分析、微生物学常用实验和分析等。

为了提高本实验手册的质量以及方法的多样化，我们诚邀更多国内外优秀华人同行参与本项目。欢迎您的来稿！ [征稿主页: https://bio-protocol.org/bio101/Special\\_Issue\\_info.aspx?siid=48](https://bio-protocol.org/bio101/Special_Issue_info.aspx?siid=48)  
进展: <https://kdocs.cn/l/cL8RRqHIL>

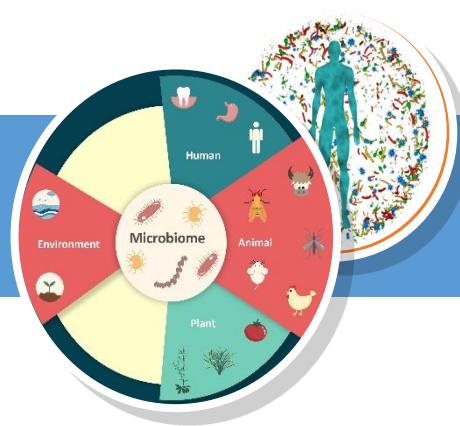
### 特邀主编

褚海燕 中科院南京土壤所  
刘永鑫 中科院遗传发育生物所

### 特邀编委

朱怀球 北京大学 杨瑞馥 军事医学科学院  
周宏伟 南方医科大学 成艳芬 南京农业大学  
韦中 南京农业大学 邓晔 中科院生态中心  
杨军 中科院城环境所 白洋 中科院遗传发育生物所  
袁志林 中国林科院 李猛 深圳大学



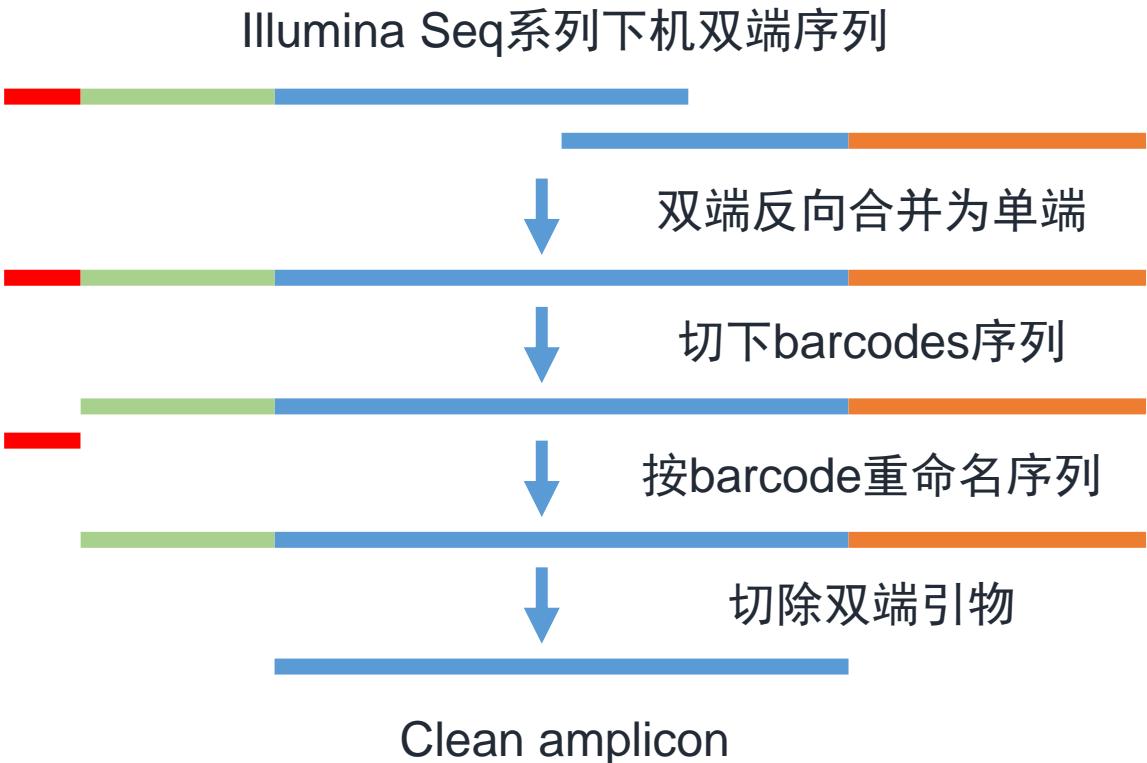


# 扩增子结构



Primer: 在16S/ITS/18S保守区设计的引物，用于扩增rDNA的部分高变区

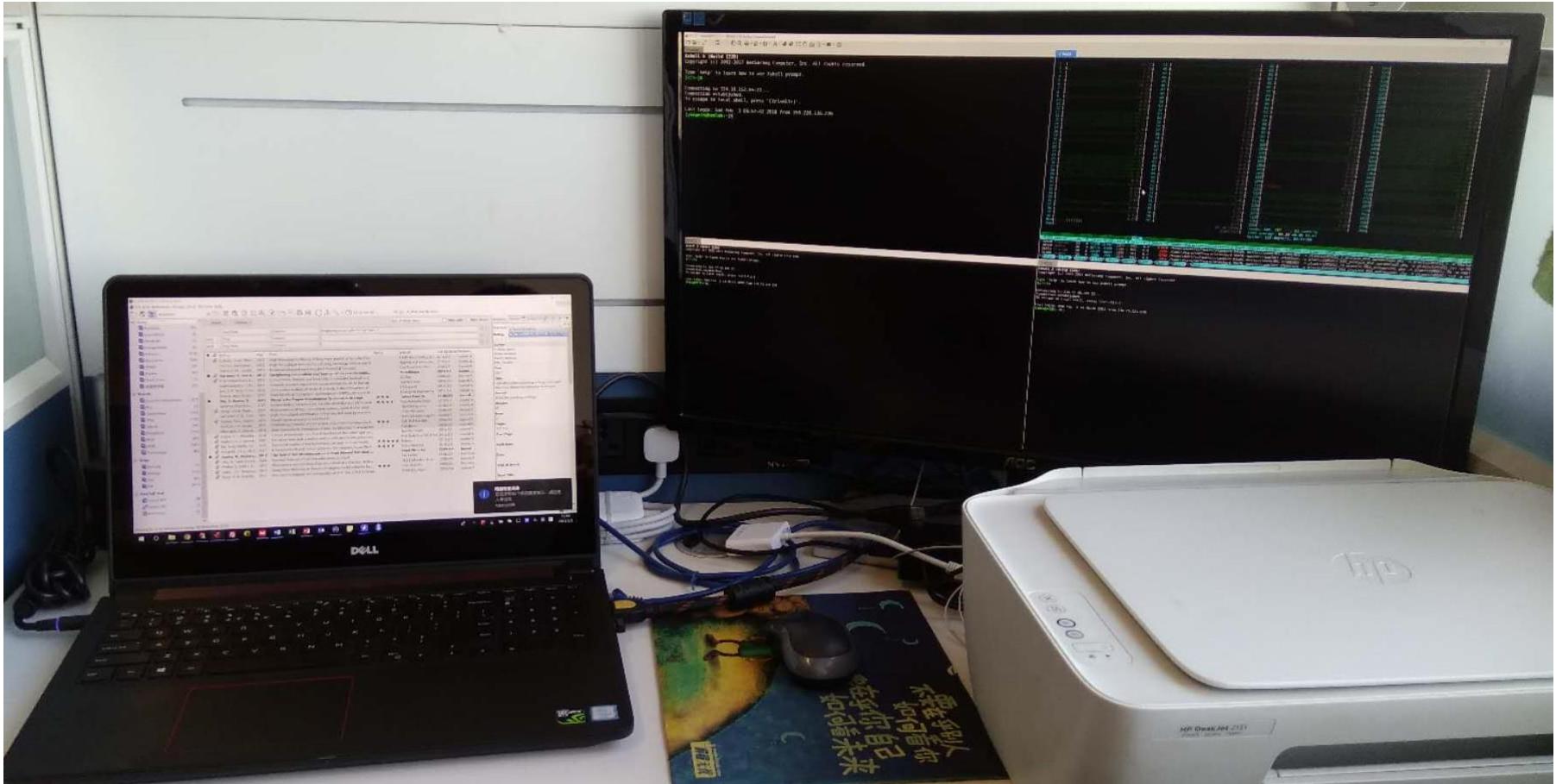
Amplicon: 扩增的部分 rDNA



[Xu-Bo Qian, Tong Chen, Yi-Ping Xu, Lei Chen, Fu-Xiang Sun, Mei-Ping Lu & Yong-Xin Liu. A guide to human microbiome research: study design, sample collection, and bioinformatics analysis. Chin. Med. J. \(2020\).](#)



# 硬件——笔记本+显示器



双显示器方便多任务管理、阅读文献和多图比较

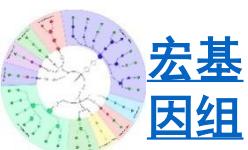


# 常用分析软件

- 数据分析环境Shell + R + IDE: [GitForWindows](#)、[R](#)、RStudio+R包



- 扩增子分析流程: USEARCH & VSEARCH, Win子系统+QIIME 2
- 辅助工具: 序列工具seqkit、表格工具csvtk、并行管理rush
- 差异分析和可视化: STAMP
- 网络分析及可视化: Cytoscape、Gephi
- 图片排版: Adobe Illustrator
- 登录服务器: XShell 或PuTTY；上传下载文件: Filezilla 或 WinSCP





# 扩增子分析软件和数据库

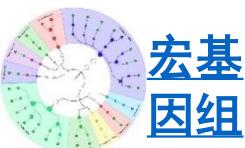


Quantitative Insights Into Microbial Ecology



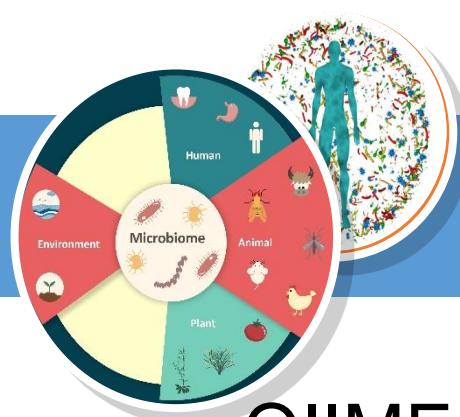
16S、18S和ITS分析流程

[扩增子分析神器USEARCH 简介](#)



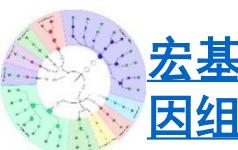
16S、18S、ITS数据库

[微生物扩增子数据库大全](#)  
[NAR: UNITE真菌鉴定ITS数据库](#)



# 易扩增子(EasyAmplicon)

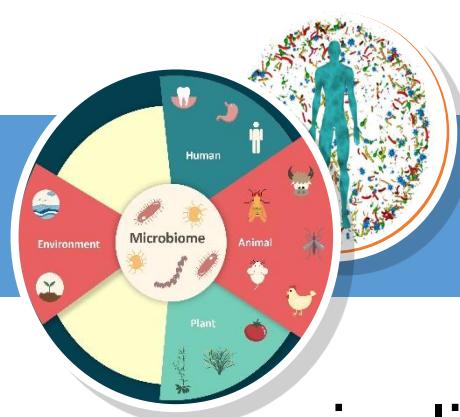
- QIIME、USEARCH和Mothur，但仍分别存在依赖关系过多导致的安装困难、大数据收费和使用界面不友好等问题
- 易扩增子实现简单易用、可重复和跨平台地开展扩增子分析
- 核心采用体积小、安装方便、计算速度快且跨平台的软件 USEARCH，同时整合VSEARCH以突破USEARCH免费版限制
- 选用RStudio的图形界面对流程代码文档管理和运行，实现命令行和/或鼠标点击操作方式开展扩增子可重复分析
- 提供数10个脚本，实现特征表过滤、重采样、分组均值等常用计算，并为STAMP、LEfSe、PICRUSt1/2等提供标准的输入文件



宏基  
因组

项目：<https://github.com/YongxinLiu/EasyAmplicon>

教程：[MPB：易扩增子：易用、可重复和跨平台的扩增子分析流程](#)

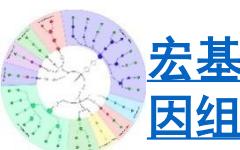


# 易扩增子(EasyAmplicon)



- - pipeline.sh # 流程脚本
- - pipeline\_mac.sh # Mac版
- - result/ # 示例结果
- - result/Diversity-tutorial.Rmd
- 多样性分析交互脚本
- 使用有道云笔记Markdown阅读
- 每季度更新

项目：<https://github.com/YongxinLiu/EasyAmplicon>



- 扩增子 EasyAmplicon 1.11(2021.4)
- 21、背景介绍
- 22、扩增子16S分析流程
  - 1. 了解工作目录和起始文件
    - 1.1. metadata.txt实验设计文件
    - 1.2. seq/\*.fq.gz原始测序数据
    - 1.3. pipeline.sh流程依赖数据库
  - 2. 合并双端序列并按样品重命名
  - 3. 切除引物与质控
  - 4. 去冗余挑选OTU/ASV
    - 4.1 序列去冗余
    - 4.2 聚类OTU/去噪ASV
    - 4.3 基于参考去嵌合
  - 5. 特征表和筛选
    - 5.1 生成特征表
    - 5.2 去除质体和非细菌
    - 5.3 等量抽样标准化
  - 6. Alpha多样性
    - 6.1. 计算多样性指数
    - 6.2. 计算稀释过程的丰富度变化
    - 6.3. 筛选高丰度菌
  - 7. Beta多样性
  - 8. 物种注释分类汇总
  - 9. 有参定量特征表
  - 10. 空间清理及数据提交
- 23、R语言多样性和物种分析
  - 1. Alpha多样性
    - 1.1 Alpha多样性箱线图
    - 1.2 稀释曲线
    - 1.3 多样性维恩图
  - 2. Beta多样性
    - 2.1 距离矩阵热图pheatmap
    - 2.2 主坐标分析PCoA
    - 2.3 限制性主坐标分析CPCoA
  - 3. 物种组成Taxonomy
    - 3.1 堆叠柱状图Stackplot
    - 3.2 弦/圈图circlize
    - 3.3 树图treemap/maptree
- 24、差异比较
  - 1. R语言差异分析
    - 1.1 差异比较
    - 1.2 火山图
    - 1.3 热图
    - 1.4 曼哈顿图
  - 2. STAMP输入文件准备
    - 2.1 命令行生成输入文件
    - 2.2 Rmd生成输入文件
  - 3. LEfSe输入文件准备
- 25、QIIME 2分析流程
- 31、功能预测
  - 1. PICRUSt功能预测
  - 2. 元素循环FAPROTAX
  - 3. Bugbase细菌表型预测



# QIIME 2教程



- 简明教程(5千字，1天入门)
  - [MPB：使用QIIME 2分析微生物组16S rRNA基因扩增子测序数据\(视频\)](#)
- 官方教程中文版(10万字，32节，半个月系统学习)
  - [NBT：QIIME 2可重复、交互式的微生物组分析平台](#)
  - [1简介和安装Introduction&Install](#)
  - [2插件工作流程概述Workflow](#)
  - [3老司机上路指南Experienced](#)
- 英文原版(最新版见官网)
  - <https://docs.qiime2.org/>

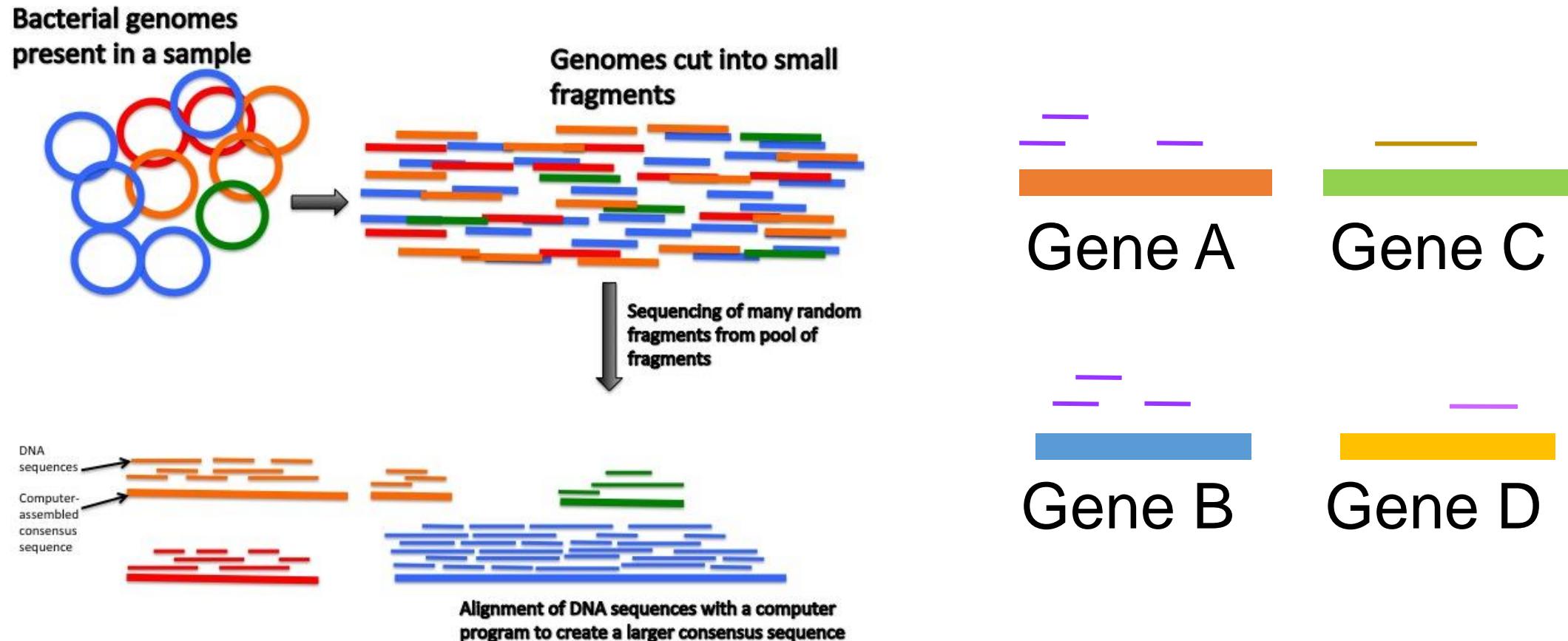
# 目录

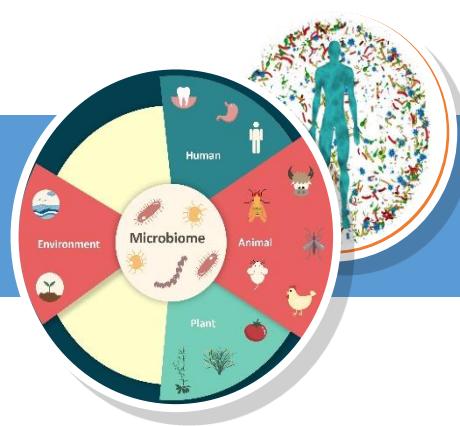
- 微生物组研究概述
- 扩增子分析
- **宏基因组分析**
- 数据可视化
- 总结





# 宏基因组的基本原理





# 硬件——服务器/集群



服务器

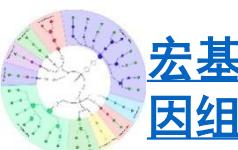


集群



# CONDA BIOCONDA®

- Conda是(Python, R, Java, C等)软件包和环境管理系统，用于安装多个版本的软件包及其依赖关系，并在它们之间轻松切换
  - wget -c [https://repo.continuum.io/miniconda/Miniconda2-latest-Linux-x86\\_64.sh](https://repo.continuum.io/miniconda/Miniconda2-latest-Linux-x86_64.sh)
  - bash Miniconda2-latest-Linux-x86\_64.sh
- Bioconda是conda系统的生物信息软件专用频道，包括4部分：
- 可用软件清单 [http://bioconda.github.io/conda-package\\_index.html](http://bioconda.github.io/conda-package_index.html)
- 2018年以通讯发表于*Nature Methods*，以后可以优雅的引用它(吃水不忘挖井人)，三年内被引300+次
- 添加频道： conda config --add channels bioconda



Nature Method: Bioconda解决生物软件安装的烦恼 <https://bioconda.github.io/>  
Grüning, B. et al. Bioconda: sustainable and comprehensive software distribution for the life sciences. *Nat. Methods* 15, 475-476, doi:10.1038/s41592-018-0046-7 (2018).



# 国家微生物科学数据中心

National Microbiology Data Center  
National Microbiology Data Center

首页 数据资源 元数据 数据下载 分析工具 服务案例 关于我们

登录 注册

## 世界微生物 数据中心

National Microbiology Data Center

<http://nmdc.cn/>

宏基因组

•微生物组常用数据库国内备份站



# 微生物组软件和数据库国内备份

## 国际数据下载

- 核酸及蛋白质序列数据库 (11)
- 基因组数据库 (6)
- 蛋白质结构及功能数据库 (15)
- 文献数据库 (1)
- 物种及元数据库 (4)
- 宏基因组数据库 (1)
- Blast数据库 (9)

## 工具资源下载

- 微生物组软件包 (2)
- 扩增子数据库 (4)
- 宏基因组数据库 (9)

宏基  
因组

### 宏基因组数据库

<http://nmdc.cn/datadownload>

#### HUMAnN物种和功能注释-HUMAnN2+MetaPhlAn2数据库(主流)

主页: <http://www.huttenhower.org/humann2>

描述: 宏基因组数据有参快速物种和功能通路定量软件。 下载, 解压, 具体路径通过humann2\_config设置database\_folders中utility\_mapping、protein和nucleotide的值。

序号	版本	大小	更新时间	下载链接	描述
1	full_mapping_1_1	593M	2020-09-23	<a href="#">tar.gz</a>	功能描述/utility_mapping)
2	full_chocophlan_plus_...	5.4G	2020-09-23	<a href="#">tar.gz</a>	微生物泛基因组(nucleotide), 建立功能与物种组成的联系
3	uniref90_annotated_1...	5.9G	2020-09-23	<a href="#">tar.gz</a>	UniRef蛋白(protein)序列diamond索引

### 宏基因组数据库

#### HUMAnN物种和功能注释-HUMAnN3+MetaPhlAn3数据库(测试版)

主页: <http://www.huttenhower.org/humann3>

描述: 宏基因组数据有参快速物种和功能通路定量软件。比HUMAnN2的数据库增大3倍。 下载, 解压, 具体路径通过humann\_config设置database\_folders中utility\_mapping、protein和nucleotide的值。

•微生物所-宏基因组共建: 微生物组常用数据库国内备份站

•百度云: <https://github.com/YongxinLiu/MicrobiomeStatPlot/blob/master/Data/BigDataDownloadList.md>

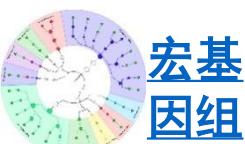


# 易宏基因组(EasyMetagenome)



- 1SoftDb.sh: 软件和数据库安装
- 2Pipeline.sh: 分析流程
  - 数据质量控制和去宿主
  - 有参分析流程HUMAnN2
  - 组装拼接流程
  - 分箱和基因组分析
- 3StatPlot.sh: 统计和可视化代码
- 使用有道云笔记Markdown阅读
- 每季度更新

- 宏基因组分析流程 Pipeline of metagenomic analysis
- 一、数据预处理 Data preprocessing
  - 1.1 准备工作 Prepare
    - 1.1.1 环境变量设置(每次开始分析前必须运行)
    - 1.1.2 起始文件——序列和元数据
    - 1.1.3 了解工作目录和文件
  - 1.2 (可选)FastQC质量评估Quality access
  - 1.3 KneadData质控和去宿主
    - 1.3.1 (可选)单样品质控
    - 1.3.1 多样品并行质控
  - 1.4 (可选)质控后质量再评估
- 二、基于读长分析 Read-based (HUMAnN2)
  - 2.1 合并质控文件为HUMAnN2输入
  - 2.2 HUMAnN2计算物种和功能组成
  - 2.3 物种组成表
    - 2.3.1 样品结果合并
    - 2.3.2 转换为stamp的spf格式
    - 2.3.3 (可选) Python绘制热图
    - 2.3.4 (可选) R绘制热图
  - 2.4 功能组成分析
    - 2.4.1 功能组成合并、标准化和分层
    - 2.4.2 添加分组和差异比较
    - 2.4.3 通路物种组成柱状图
  - 2.5 GraPhAn图
  - 2.6 LEfSe差异分析和Cladogram
  - 2.7 kraken2物种注释reads
    - 2.7.1 物种注释
    - 2.7.2 汇总样品物种组成表
    - 2.7.3 物种多样性分析
    - 2.7.4 物种组成
- 三、组装分析流程 Assemble-based
  - 3.1 拼接 Assembly
    - 3.1.1 MEGAHIT拼接
    - 3.1.2 (可选) metaSPAdes精细拼接
    - 3.1.3 QUAST评估
  - 3.2 基因预测、去冗余和定量 Gene prediction, redundancy removal and quantification
    - 3.2.1 metaProdigal基因预测
    - 3.2.2 基因聚类/去冗余cd-hit
    - 3.2.3 基因定量salmon
  - 3.3 功能基因注释
    - 3.3.1 基因注释eggNOG(COG/KEGG/CAZy)
    - 3.3.2 碳水化合物dbCAN2(可选)
    - 3.3.3 抗生素抗性ResFam
- 四、挖掘单菌基因组/分箱(Binning)
  - 4.1 MetaWRAP
    - 4.1.1 准备数据和环境变量
    - 4.1.2 运行三种分箱软件
    - 4.1.3 Bin提纯
    - 4.1.4 Bin定量
    - 4.1.5 Bin注释
  - (可选)MetaWRAP单样本分别组装和分箱
    - 参数设定
    - 1 megahit组装
    - 2 运行三种bin软件
    - 3 Bin提纯
  - 4.2 dRep去冗余种/株基因组集
  - 4.3 GTDB-tk物种注释和进化树
  - 4.4 table2itol制作树注释文件
- 附录1. 测试版humann3

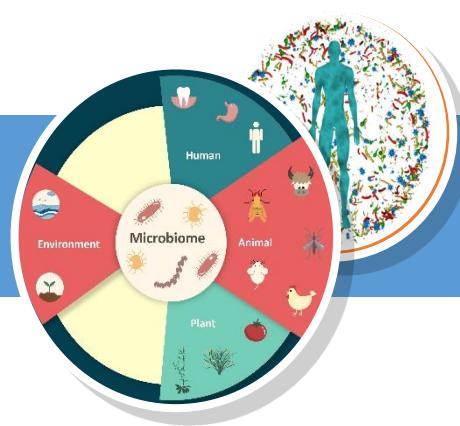


项目: <https://github.com/YongxinLiu/EasyMetagenome>

# 目录

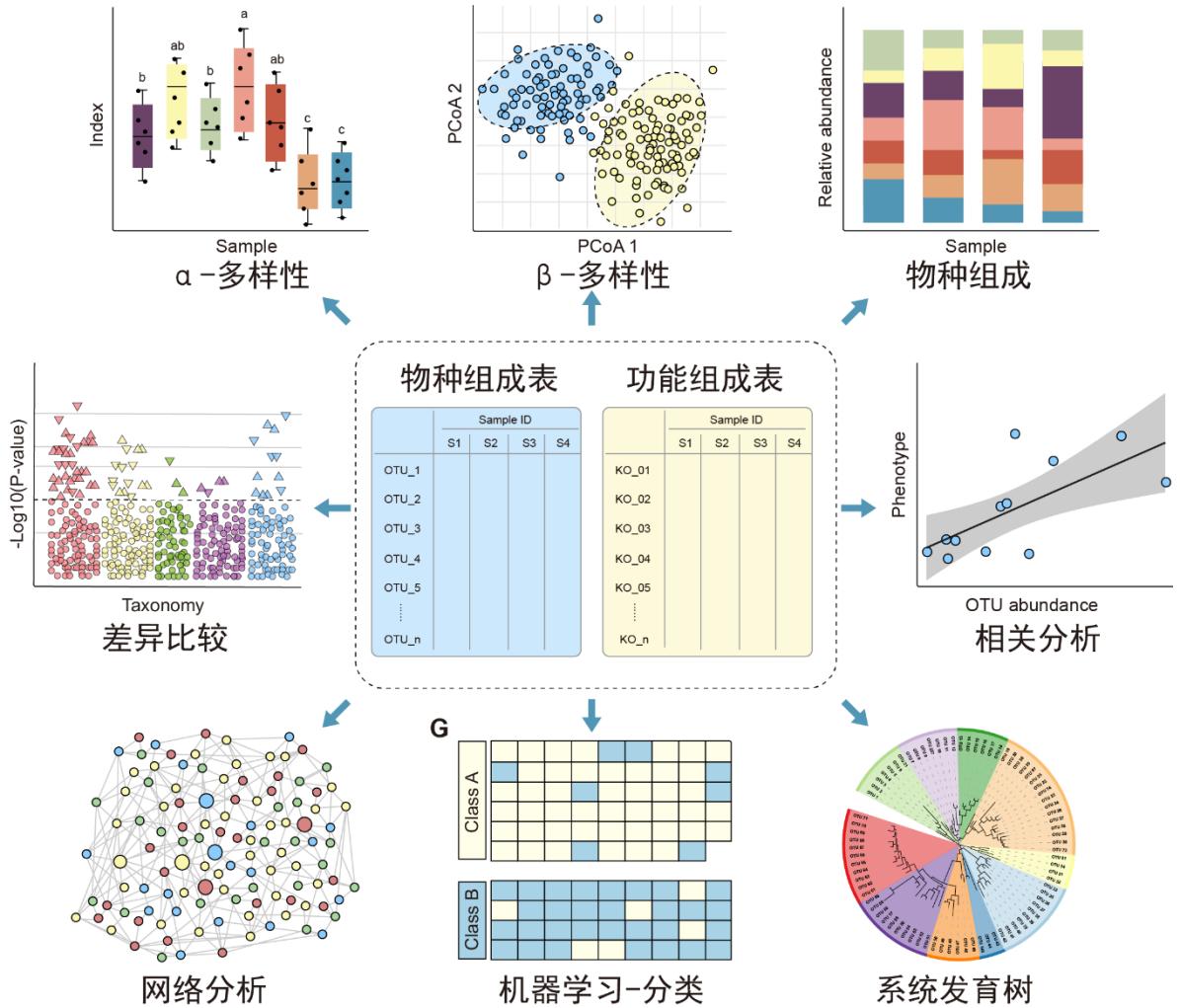
- 微生物组研究概述
- 扩增子分析
- 宏基因组分析
- 数据可视化
- 总结





# 可视化方案

- 分析方法：Alpha多样性、Beta多样性、物种组成、差异比较、相关分析、网络分析、机器学习、进化
- 图表类型：箱线图、散点图、堆叠柱状图、曼哈顿图、热图、相关图、网络图、进化树
- 更多见[微生物组数据分析](#)



RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Project (None)

**代码编辑区**

```
84  
85 # 系统默认是灰主题, 改为经典主题  
86 p1 + theme_classic()  
87  
88 # 主题包括修改标题、坐标轴标签内容, 字体等  
89 p1 + theme_classic() +  
90   tabs(x = "X axis", y = "Y axis", title = "Title") +  
91   theme(axis.title = element_text(size = 7),  
92         axis.text = element_text(size = 7),  
93         plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 9))  
94  
95
```

94:1 (Top Level) R Script

**环境变量/历史**

Environment History Connections Presentation

Global Environment

mtcars 32 obs. of 11 variables  
p List of 9  
p1 List of 9

**代码执行区**

```
> p + geom_point() + stat_smooth() # 点图+拟合平滑曲线  
`geom_smooth()` using method = 'loess'  
> # 设置主题  
> # 散点和拟合确定使用, 可进一步保存  
> p1 = p + geom_point() + stat_smooth()  
> # 系统默认是灰主题, 改为经典主题  
> p1 + theme_classic()  
`geom_smooth()` using method = 'loess'  
> # 主题包括修改标题、坐标轴标签内容, 字体等  
> p1 + theme_classic() +  
+   tabs(x = "X axis", y = "Y axis", title = "Title") +  
+   theme(axis.title = element_text(size = 7),  
+         axis.text = element_text(size = 7),  
+         plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 9))  
`geom_smooth()` using method = 'loess'
```

**文件/图形预览**

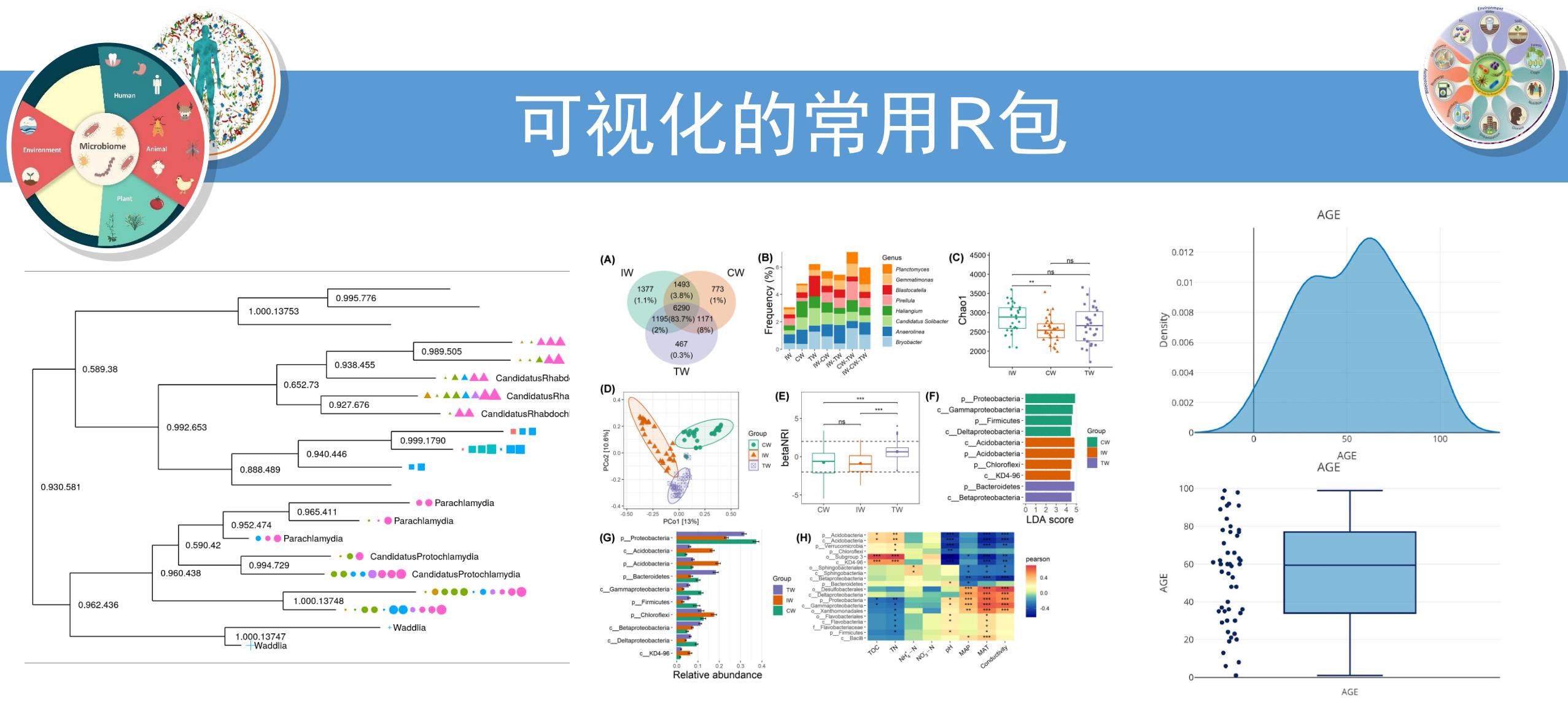
Plots Packages Help Viewer

Zoom Export Title

Y axis X axis

VS 0 1

0:06 2018/3/1

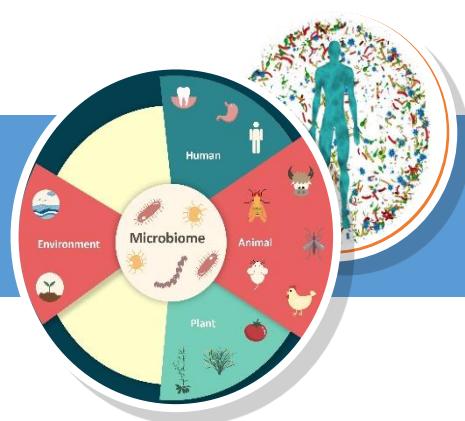


## phyloseq

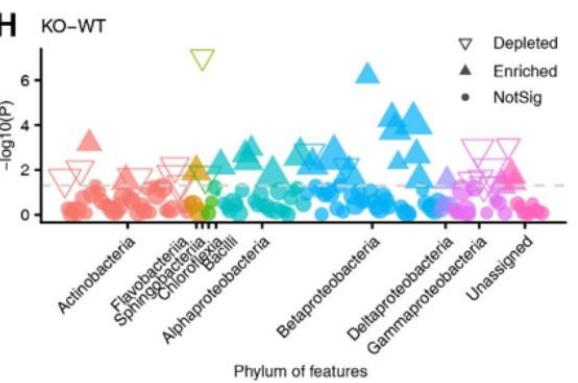
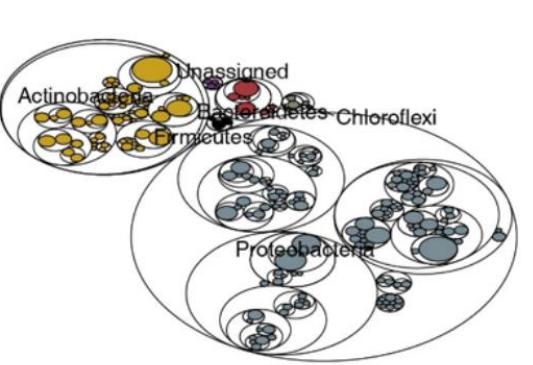
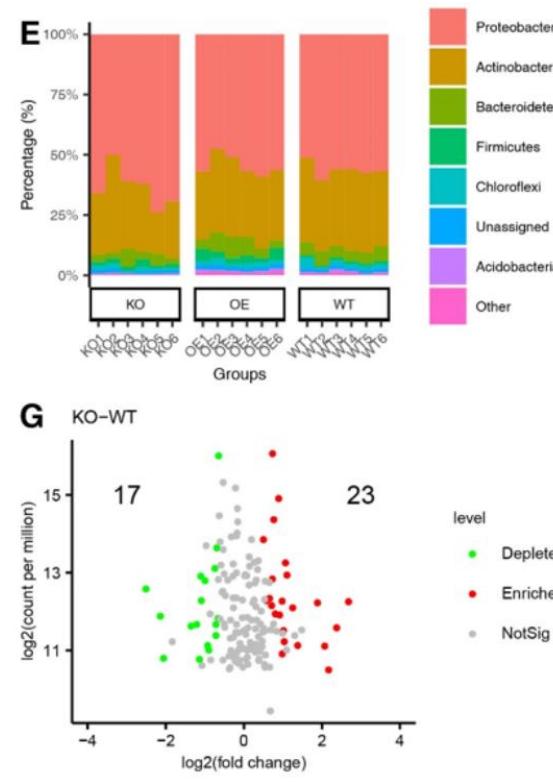
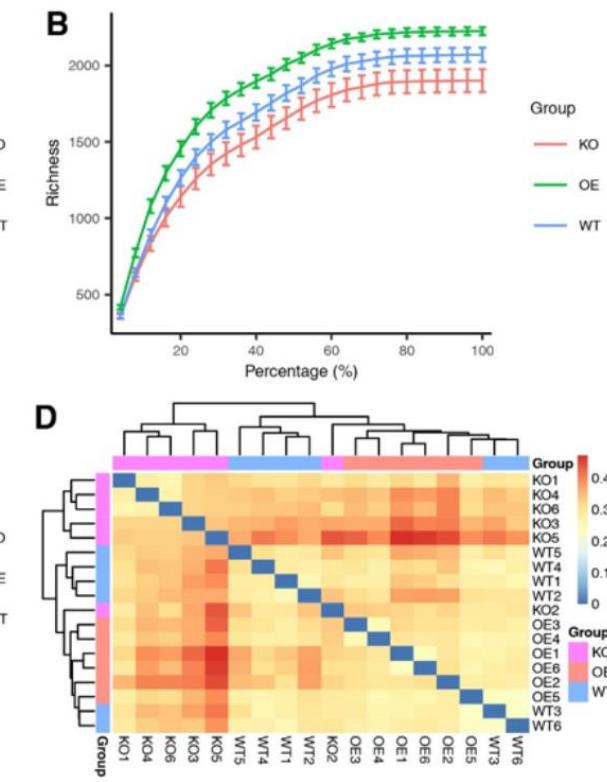
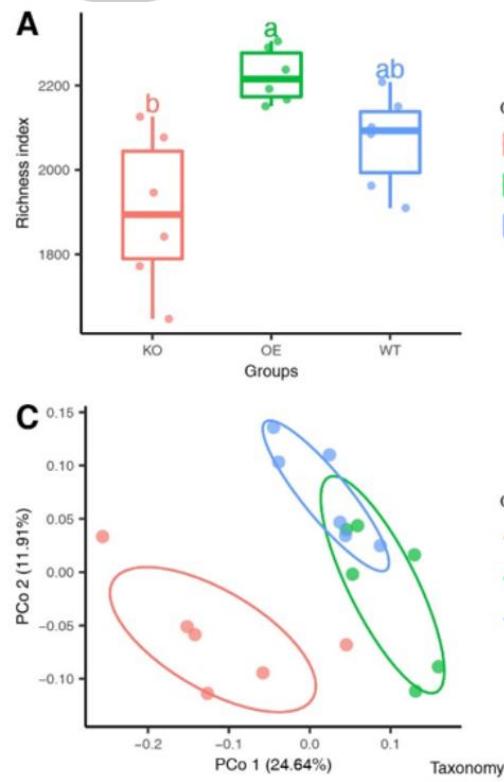
Paul J. McMurdie & Susan Holmes. (2013). phyloseq: An R Package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. *PloS One* 8, e61217, doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0061217>

Chi Liu, Yaoming Cui, Xiangzhen Li & Minjie Yao. (2020). microeco: an R package for data mining in microbial community ecology. *FEMS Microbiology Ecology* 97, doi: <https://doi.org/10.1093/femsec/fiaa255>

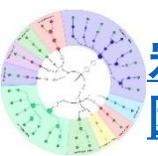
Yue Zhao, Anthony Federico, Tyler Faits, Solaiappan Manimaran, Daniel Segrè, Stefano Monti & W. Evan Johnson. (2021). animalcules: interactive microbiome analytics and visualization in R. *Microbiome* 9, 76, doi: <https://doi.org/10.1186/s40168-021-01013-0>

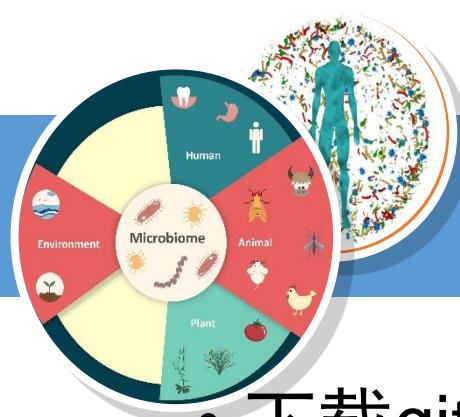


# amplicon包



```
library(devtools)  
install_github("microbiota/amplicon")
```





# 我常用的脚步和数据库



- 下载github仓库: <https://github.com/yongxinliu/db>
  - 方法1. 网页中点 “Code” —— Download ZIP, 下载后解压
  - 方法2. 命令行中 git clone git@github.com:YongxinLiu/db.git
- 如何使用脚本?
  - 将下载的db目录复制到windows的c盘(/c), 或Linux/Mac家目录(~)
  - 添加可执行程序至环境变量(以Windows中RStudio中Terminal为例)
  - `export PATH=$PATH:/c/db/win/`
  - 使用前设置目录变量, 方便以后多次使用
  - `sd=/c/db/script`
  - R语言绝对路径使用R脚本
  - `Rscript ${sd}/alpha_boxplot.R -h`

# 总结



- 微生物组为什么这么热？因为生物离不开微生物，脱离了微生物的研究是不完整的
- 数据分析基本思想：降维——降维——可视化
- 扩增子分析：主流有QIIME、mothur、USEARCH，可选我整合的EasyAmplicon全分析流程或最新的QIIME 2(有中文教程)
- 宏基因组分析：安装用Conda和Bioconda通道，数据库有微生物所备份、流程参考EasyMetagenome
- 可视化方案：常用样式有Alpha多样性、Beta多样性、物种组成、差异比较、相关分析、网络分析、机器学习、进化分析
- 可视化R包：常用有PhyloSeq、microeco和animalcules，以及我维护的amplicon

# The Innovation: A Journal to See the Unseen and Change the Unchanged



**The Innovation** 是一本由中科院青年科学家与Cell Press出版社于2020年共同创办的综合性英文学术期刊，向科学界展示鼓舞人心的跨学科发现，鼓励研究人员专注于科学的本质和自由探索的初心，领域覆盖**化学、材料科学、纳米技术、医学、物理学、生物学、地球科学和工程学等全部自然科学**。The Innovation已被DOAJ, ADS, Scopus等数据库收录。2020年，从投稿到发表的周期是56天。



欢迎赐稿

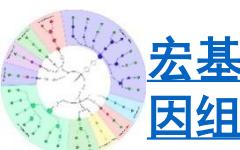
Website 1: <https://www.cell.com/the-innovation/home>  
Website 2: <http://www.the-innovation.org/>



# 宏基因组(公众号、个人微信)



扫码关注宏基因组，获取专业学习资料  
每天坚持学习进步一点点  
 $(1 + 0.01)^{356} = 37.8$



加我进入同行交流群  
备注：姓名-单位-职称/年级-研究方向



# 参考资源



- 宏基因组公众号文章目录 [生信宝典公众号文章目录](#)
- 科学出版社《微生物组数据分析与可视化实战》——50+篇
- [Bio-protocol](#)《微生物组实验手册》计划——150+篇
- [Protein Cell](#): 扩增子和宏基因组数据分析实用指南
- [CMJ](#): 人类微生物组研究设计、样本采集和生物信息分析指南
- 加拿大生信网 <https://bioinformatics.ca/> 宏基因组课程中文版
- 美国高通量开源课程 <https://github.com/ngs-docs>
- Curtis Huttenhower <http://huttenhower.sph.harvard.edu/>
- Nicola Segata <http://segatalab.cibio.unitn.it/>