# 微生太MGE分析 结题报告

## 分析步骤

1）使用FMAP[1]软件将各样本质控和去宿主之后的序列与MGE数据库[2]进行比对（基于DIAMOND），过滤掉比对失败的序列；参数：-e 0.01 （evalue 阈值）；

2）根据比对结果，统计出每个样本比对到各MGE参考序列的reads数，从而计算相对丰度（RPKM ，reads per kilobase per million，校正样本比对成功reads(mapped reads)以及基因长度后的丰度)；

3）从MGE的丰度出发，进行丰度柱形图展示，丰度聚类热图展示，丰度分布圈图展示，组间MGE差异分析。

## 结果解读

结果的解读与宏基组结题报告中相应图表的解读方式相同，请参照宏基因组结题报告解读本部分结果。

## 参考文献

1. Kim J, Kim MS, Koh AY, Xie Y, Zhan X. "FMAP: Functional Mapping and Analysis Pipeline for metagenomics and metatranscriptomics studies" BMC Bioinformatics. 2016 Oct 10;17(1):420. PMID: 27724866.

2）(2018). Maternal gut and breast milk microbiota affect infant gut antibiotic resistome and mobile genetic elements. *Nature communications*.