

## 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 DNA检测

详见样本检测报告。

### 1.2 PCR产物的获取

引物对应区域：16SV4 区引物(515F和806R)：鉴定细菌多样性。18SV4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16SV3-V4、16SV4-V5、16SV5-V7；古菌16SV4-V5、古菌16SV8；18SV9和ITS2区。

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

### 1.3 PCR产物的混样和纯化

对PCR产物进行磁珠纯化，根据PCR产物浓度进行等量混样，充分混匀后对PCR产物进行检测并回收目的条带。

### 1.4 文库构建和上机测序

进行文库构建，构建好的文库经过Qubit和qPCR定量，文库合格后进行上机测序。

## 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)。随后使用Cutadapt软件匹配反向引物序列并剪切掉余下的序列，以防止其对后续分析造成干扰。

#### 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, 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 ASV降噪和物种注释**

### **2.2.1 ASVs降噪**

对以上得到的 Effective Tags ， 使用 QIIME2软件中的DADA2 模块或 deblur 进行 降 噪 ( 默 认 使 用 DADA2) ， 从而获得最终的 ASVs (Amplicon Sequence Variants， 即扩增子序列变异) 以及特征表(Wang Y et al.,2021)。

### **2.2.2 物种注释**

使用 QIIME2 软件进行物种注释。对于 16S 和 18S， 数据库为 Silva 138.1， 对于 ITS， 数据库为 Unite v9.0。对于非常规区域，默认用 micro\_NT 数据库（利用 NT库提取古菌、真菌、病毒、细菌整理得到的子库）注释。

备注：

1. 由于Silva官网序列文件SILVA\_138.1\_SSURef\_NR99\_tax\_silva.fasta仅整理物种名称，缺失物种相关层级信息，同时Silva官网提供的层级信息文件不完整，因此需要通过物种名称去 ncbi获取层级。步骤是先使用Silva官网的层级信息补充物种层级，对未定位到物种层级的物种信息则使用 ncbi 官网提供的 dmp 文件进行层级补充。

2. Micro\_NT 库注释原理：将序列与 Micro\_NT 数据库中的序列进行blast比对，获取该序列与数据库中各序列打分前 20 的结果，按照 bit score 最大值进行筛选，随后使用 LCA 算法来推断该序列所属的最近共同祖先。NT数据库中大量的未分类信息，导致注释效果大大降低，注释的结果会出现较多的未分类 Unclassified。为保证数据的精确性，我们在进行最近公共祖先算法获取物种信息时，会忽略 Unclassified 未分类物种，降低其对注释造成的影响。

### **2.2.3 构建系统发育树**

使用QIIME2软件进行快速多序列比对，得到所有ASV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QIIME2 软件 计算 observed\_otus 、 shannon 、 simpson 、 chao1 、 goods\_coverage 、 dominance 和 pielou\_e指数。Alpha多样性指数具体描述如下：

Observed\_otus – ([http://scikit-](http://scikit-bio.org/docs/latest/generated/skbio.diversity.alpha.observed_otus.html)

[bio.org/docs/latest/generated/skbio.diversity.alpha.observed\\_otus.html](http://scikit-bio.org/docs/latest/generated/skbio.diversity.alpha.observed_otus.html));

Chao1 – (<http://scikit-bio.org/docs/latest/generated/skbio.diversity.alpha.chao1.html#skbio.diversity.alpha.chao1>);

Dominance – (<http://scikit-bio.org/docs/latest/generated/skbio.diversity.alpha.dominance.html#skbio.diversity.alpha.dominance>)

计算菌群多样性(Community diversity) 的指数有：

Shannon – (<http://scikit-bio.org/docs/latest/generated/skbio.diversity.alpha.shannon.html#skbio.diversity.alpha.shannon>);

Simpson – (<http://scikit-bio.org/docs/latest/generated/skbio.diversity.alpha.simpson.html#skbio.diversity.alpha.simpson>);

计算测序深度的指数有：

Coverage – ([http://scikit-bio.org/docs/latest/generated/skbio.diversity.alpha.goods\\_coverage.html#skbio.diversity.alpha.goods\\_coverage](http://scikit-bio.org/docs/latest/generated/skbio.diversity.alpha.goods_coverage.html#skbio.diversity.alpha.goods_coverage));

计算物种均匀度的指数有：

Pielou\_e – ([http://scikit-bio.org/docs/latest/generated/skbio.diversity.alpha.pielou\\_e.html#skbio.diversity.alpha.pielou\\_e](http://scikit-bio.org/docs/latest/generated/skbio.diversity.alpha.pielou_e.html#skbio.diversity.alpha.pielou_e)).

### 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，在QIIME2中，基于的加权和未加权距离进行 $\beta$ 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QIIME2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QIIME2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、Simpson、T检验、MetagenomeSeq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。

Simper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，并将其显示在图表上。这在R中使用Vegan软件包和ggplot2软件包进行。

Metagenomeseq可以展示群体之间表现出显著差异的物种。在R中使用MetagenomeSeq包进行。

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。

### 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.

Magoc T, Salzberg SL. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies. *Bioinformatic*. 2011; 27(21): 2957-2963. doi: 10. 1093/bioinformatics/btr507.

Wang Y, Guo H, Gao X, Wang J. The Intratumor Microbiota Signatures Associate with Subtype, Tumor Stage, and Survival Status of Esophageal Carcinoma. *Frontiers in Oncology*. 2021;11. doi:10.3389/fonc.2021.754788