

16S rDNA Amplicon 测序 交付文档

上海锐翌基因科技有限公司

目录

1. 分析结果文件列表 RESULTS	3
2. FASTA 格式	15
3. FASTQ 格式	16
4. 文件打开或浏览方法.....	17

1. 分析结果文件列表 RESULTS

└─04_data_statistics	[Reads]
length_distrubution.pdf	[reads 长度]
length_distrubution.png	[reads 长度]
length_distrubution.tsv	[reads 长度统计数据]
pick_otu_summary.tsv	[reads 长度]
└─alpha	
chao1.pdf	[Alpha 多样性 chao1 指数]
chao1.png	[chao1 指数]
chao1.txt	[chao1 指数的数据]
observed_species.pdf	[observed_species 指数]
observed_species.png	[observed_species 指数]
observed_species.txt	[observed_species 指数的数据]
└─05_OTU_analysis	[OTU 分析]
└─all	[所有]
otu_downsize_stat.tsv	[OTU 抽平结果]
otu_statistic.tsv	[OTU 统计]
otu_table.tsv	[OTU 丰度表]
profile_tree.tsv	[层次分类丰度表]
rep_set.fna	[OTU 代表序列]
tax_assignment.tsv	[OTU 注释文件]
└─specaccum	[物种累积曲线]

			specaccum.pdf	
			specaccum.png	
		└─wf_taxa_summary		[OTU 注释到各个水平]
			otu_table_L2.txt	[门水平]
			otu_table_L3.txt	[纲水平]
			otu_table_L4.txt	[目水平]
			otu_table_L5.txt	[科水平]
			otu_table_L6.txt	[属水平]
		└─group		[group 分组一]
			otu_downsize_stat.tsv	[OTU 抽平结果]
			otu_statistic.tsv	[OTU 数量统计]
			otu_table.tsv	[OTU 丰度表]
			profile_tree.tsv	[层次分类丰度表]
			tax_assignment.tsv	[OTU 注释文件]
			└─core_otu	[共有 OTU]
			core_otu.pdf	[共有 OTU]
			core_otu.png	[共有 OTU]
			core_otu.txt	[共有 OTU 数据]
			for_plot.txt	[画图数据]
			└─flower	[花瓣图]
			for_plot.txt	[画图数据]

		flower.png	
		—otu_pca	[PCA 图]
		otu_pca.pdf	
		otu_pca.png	
		—venn	[维恩图]
		for_plot.txt	
		venn.png	
		└wf_taxa_summary	[OTU 注释到各个水平]
		otu_table_all.txt	[所有水平]
		otu_table_L1.txt	[界水平]
		otu_table_L2.txt	[门水平]
		otu_table_L3.txt	[纲水平]
		otu_table_L4.txt	[目水平]
		otu_table_L5.txt	[科水平]
		otu_table_L6.txt	[属水平]
		—06_classification_abundance_analysis	
		└all	[所有]
		krona.html	[注释结果可视化]
		└bar_plot	[物种注释柱状图]
		└class	[纲水平]
		bar_plot.pdf	[柱状图]

				bar_plot.png	
				for_plot.txt	[画图数据]
			—	family	[科水平]
				bar_plot.pdf	
				bar_plot.png	
				for_plot.txt	
			—	genus	[属水平]
				bar_plot.pdf	
				bar_plot.png	
				for_plot.txt	
			—	order	[目水平]
				bar_plot.pdf	
				bar_plot.png	
				for_plot.txt	
			—	phylum	[门水平]
				bar_plot.pdf	
				bar_plot.png	
				for_plot.txt	
		—		rank_abundance	[rank_abundance 曲线图]
				rank_abundance.pdf	
				rank_abundance.png	

		└tax_star	[星形图]
		for_star_plot.txt	
		tax_star.pdf	
		tax_star.png	
		└group	[分组 1]
		krona.html	[注释结果可视化]
		└bar_plot	[物种注释柱状图]
		└class	[纲水平]
		bar_plot.pdf	[柱状图]
		bar_plot.png	[柱状图]
		for_plot.txt	[画图数据]
		└family	[科水平]
		bar_plot.pdf	[柱状图]
		bar_plot.png	
		for_plot.txt	
		└genus	[属水平]
		bar_plot.pdf	[柱状图]
		bar_plot.png	
		for_plot.txt	
		└order	[目水平]

			bar_plot.pdf	[柱状图]
			bar_plot.png	
			for_plot.txt	
		└─	phylum	[门水平]
			bar_plot.pdf	[柱状图]
			bar_plot.png	
			for_plot.txt	
		└─	heatmap	[热图]
			for_plot.txt	
			heatmap.pdf	
			heatmap.png	
		└─	phylo_tree	[进化树]
			tax_phylo.nwk	
		└─	tax_bar_tree	[物种聚类]
			bar_tree.pdf	
			bar_tree.png	
			for_plot.txt	
		└─	tax_tree	[物种分类树]
			tax_ass_modified.txt	
			tax_tree.nwk	

—07_Alpha_diversity	[alpha 多样性]
—group	[分组一]
alpha_marker.tsv	[alpha 显著差异 marker]
alpha_statistic.tsv	[alpha 多样性统计]
chao1.pdf	[chao1 指数]
chao1.png	
chao1.txt	
goods_coverage.pdf	[goods_coverage 指数]
goods_coverage.png	
goods_coverage.txt	
observed_species.pdf	[observed_species 指数]
observed_species.png	
observed_species.txt	
PD_whole_tree.pdf	[PD_whole_tree 指数]
PD_whole_tree.png	
PD_whole_tree.txt	
shannon.pdf	[shannon 指数]
shannon.png	
shannon.txt	
simpson.pdf	[simpson 指数]
simpson.png	
simpson.txt	
└—box_plot	[盒型图]
chao1.boxplot.pdf	[chao1 指数]
chao1.boxplot.png	

		goods_coverage.boxplot.pdf	[goods_coverage 指数]
		goods_coverage.boxplot.png	
		observed_species.boxplot.pdf	[observed_species 指数]
		observed_species.boxplot.png	
		PD_whole_tree.boxplot.pdf	[PD_whole_tree 指数]
		PD_whole_tree.boxplot.png	
		shannon.boxplot.pdf	[shannon 指数]
		shannon.boxplot.png	
		simpson.boxplot.pdf	[simpson 指数]
		simpson.boxplot.png	
	└	total_alpha_rare	[总的 alpha 多样性]
		alpha_statistic.tsv	[alpha 多样性统计]
		chao1.pdf	[chao1 指数]
		chao1.png	
		chao1.txt	
		goods_coverage.pdf	[goods_coverage 指数]
		goods_coverage.png	
		goods_coverage.txt	
		observed_species.pdf	
		observed_species.png	[observed_species 指数]
		observed_species.txt	
		PD_whole_tree.pdf	
		PD_whole_tree.png	[PD_whole_tree 指数]
		PD_whole_tree.txt	
		shannon.pdf	

	shannon.png	[shannon 指数]
	shannon.txt	
	simpson.pdf	
	simpson.png	[simpson 指数]
	simpson.txt	
	└─08_Beta_diversity	[beta 多样性]
	└┬group	[分组一]
	unweighted_unifrac_otu_table.tsv	[未加权 unifrac 距离表]
	weighted_unifrac_otu_table.tsv	[加权 unifrac 距离表]
	└─anosim	[anosim 结果]
	unweighted_unifrac.anosim.pdf	
	unweighted_unifrac.anosim.png	
	weighted_unifrac.anosim.pdf	
	weighted_unifrac.anosim.png	
	└─cluster	[聚类结果]
	mapfile.txt	
	unweighted_unifrac_cluster.pdf	
	unweighted_unifrac_cluster.png	
	unweighted_unifrac_otu_table.txt	
	weighted_unifrac_cluster.pdf	
	weighted_unifrac_cluster.png	
	weighted_unifrac_otu_table.txt	

		—heatmap	[热图]
		unweighted_unifrac.heatmap.pdf	
		unweighted_unifrac.heatmap.png	
		weighted_unifrac.heatmap.pdf	
		weighted_unifrac.heatmap.png	
		—nmds	[nmds 结果]
		unweighted_unifrac.nmds.pdf	
		unweighted_unifrac.nmds.png	
		weighted_unifrac.nmds.pdf	
		weighted_unifrac.nmds.png	
		└─pcoa	[pcoa 结果]
		unweighted_unifrac.pcoa.pdf	
		unweighted_unifrac.pcoa.png	
		weighted_unifrac.pcoa.pdf	
		weighted_unifrac.pcoa.png	
	└─09_diff_analysis		[差异分析]
	└─group		[分组一]
	└─genus_diff		[属水平差异]
		genus_diff.marker.filt.tsv	[过滤后的差异 maker]
		genus_diff.marker.tsv	[差异 maker]
		└─boxplot	[盒型图]
		diff_boxplot.for_plot_top_20.txt	

		diff_boxplot.pdf	
		diff_boxplot.png	
		—heatmap	[热图]
		heatmap.pdf	
		heatmap.png	
		└pca	[pca 图]
		diff_pca.pdf	
		diff_pca.png	
		—LEfSe	[LEfSe 结果]
		LDA.cladogram.pdf	
		LDA.cladogram.png	
		LDA.pdf	
		LDA.png	
		otu_table_for_lefse.txt	
		—otu_diff	[OTU 水平差异]
		otu_diff.marker.filt.tsv	
		otu_diff.marker.tsv	
		—boxplot	[盒型图]
		diff_boxplot.for_plot_top_20.txt	
		diff_boxplot.pdf	
		diff_boxplot.png	

```

| |
| |—heatmap [热图]
| | heatmap.pdf
| | heatmap.png
| |
| |
| |—pca [pca 图]
| | diff_pca.pdf
| | diff_pca.png
| |
| |
|—taxall_diff [所有水平的差异]
| | taxall_diff.marker.filt.tsv
| | taxall_diff.marker.tsv
| |
| |—boxplot [盒型图]
| | diff_boxplot.for_plot_top_20.txt
| | diff_boxplot.pdf
| | diff_boxplot.png
| |
| |—heatmap [热图]
| | heatmap.pdf
| | heatmap.png
| |—pca [pca 图]
| | diff_pca.pdf
| | diff_pca.png
|—10_function [功能分析]
| |—metagenome_predictions.L3.spf

```

—metagenome_predictions.L3.txt	[KEGG 代谢途径 L3 水平预测文件]
—metagenome_predictions.L2.spf	
—metagenome_predictions.L2.txt	[KEGG 代谢途径 L2 水平预测文件]
—metagenome_predictions.biom	[Biom 文件]
—Group.txt	[分组文件]
—results	[结果]
—metagenome_predictions.L2.extended error bar	[KEGG L2 差异分析结果]
—metagenome_predictions.L2.pca	[KEGG L2 pca 分析结果]
—metagenome_predictions.L3.extended error bar	[KEGG L3 差异分析结果]
—metagenome_predictions.L3.pca	[KEGG L3 pca 分析结果]
└─11_network	[网络分析]

2. FASTA 格式

FASTA 格式（又称为 Pearson 格式），是一种基于文本用于表示核苷酸序列或氨基酸序列的格式。在这种格式中碱基对或氨基酸用单

个字母来编码，且允许在序列前添加序列名及注释。序列文件的第一行是由大于号">"或分号";"打头的任意文字说明（习惯常用">"作为起

始），用于序列标记。从第二行开始为序列本身，只允许使用既定的核苷酸或氨基酸编码符号。通常核苷酸符号大小写均可，而氨基酸常

用大写字母。如：

>scaffold1 35.9

AACTCCAAATGTTTTACATCCTTTTTTTATCCATAATATATAATCAACTGA
TATACAAAATGAAAAAATACTACCTACATTTTTATTAGGCTTATTTTATTAAA
ATAAGGTTGGT

GTTGTGGAAATAGCCATTCT……

3. FASTQ 格式

Single-end 测序，每个样品只有 1 个 FASTQ 文件；Paired-end 测序，*_1.fq 和*_2.fq 分别对应一个 FASTQ 文件。

FASTQ 文件是用户得到的最原始文件，其中每 4 行表示一条 read，即：

```
@FC4290FAAXX:4:1:3:84#CAGATC/1
```

```
CCAACTATGATAGCCAANAAGGGAAAGCCATAGAG...
```

```
+
```

```
abb_aab_aa`a^aba^D[`a`aaaa`_a`__a...
```

每个序列共有 4 行，第 1 行是@序列 ID，包括 index 序列及 read1 或 read2 标志，由测序仪产生；第 2 行是碱基序列，大写“ACTGN”；

第三行是“+”，省略了序列 ID；第 4 行是序列对应的测序质量值序列，每个字母对应第 2 行每个碱基，第四行每个字母对应的 ASCII 值

减去 33，即为该碱基的测序质量值，比如 I 对应的 ASCII 十进制值为 73，那么其对应的碱基质量值是 40。Solexa 碱基质量值范围为 0 到

41。下表为 Solexa 测序错误率与测序质量值简明对应关系，Solexa 碱基质量值用 sQ 表示，则有以下表关系：

表 2-1 Solexa 测序错误率与测序质量值简明对应关系

测序错误率测序质量值对应字符

5.00%	20	5
0.10%	30	?
0.01%	40	I

4. 文件打开或浏览方法

所有提供的文件均为 Linux 系统下的文件，压缩包使用“tar -zcvf ”命令压缩，以下为不同系统用户解压缩的方法：

Unix/Linux/Mac 用户：使用 tar -zcvf *.tar.gz 命令

Windows 用户：使用 WinRAR 软件解压缩

如在本附录中无特殊说明，所有提供的文件均为 Linux 系统下文本文件。

Unix/Linux 用户可以使用 more 或 less 命令查看该文本文件内容；Windows 用户，一般文本文件可以使用写字板打开。推荐使用开源文本编辑器 gedit for win32 版本(<http://projects.gnome.org/gedit/>)。当文件比较大时，打开文件可能导致 Windows 系统死机，建议使用性能较好的计算机或者使用更适合处理大量数据的

Unix/Linux 系统打开。

数据中可能包含部分图像文件，一般图像文件后缀名为.png、.pdf、tiff 等，对于图像文件，Windows 用户可以使用图片浏览器打开，Linux/Unix 用户使用 display 命令打开。

Linux 下的表格均为制表符(Tab)分割的文本，为了便于阅读，建议使用 excel 或 openoffice 等办公软件用表格形式打开，打开时请用“Tab 分割”方式。