

# 菌群 + 对应代谢产物介导 + 机制研究

2024-01-12

LiChuang Huang



@ 立效研究院

# Contents

<b>1</b>	<b>摘要</b>	<b>1</b>
<b>2</b>	<b>前言</b>	<b>1</b>
<b>3</b>	<b>材料和方法</b>	<b>1</b>
3.1	材料 . . . . .	1
3.2	方法 . . . . .	1
<b>4</b>	<b>分析结果</b>	<b>1</b>
<b>5</b>	<b>结论</b>	<b>1</b>
<b>6</b>	<b>附：分析流程</b>	<b>1</b>
6.1	Microbiota 16s RNA . . . . .	1
6.1.1	Fastp QC . . . . .	1
6.1.2	元数据 . . . . .	2
6.1.3	Qiime2 分析 . . . . .	2
6.1.4	MicrobiotaProcess 分析 . . . . .	3
6.1.4.1	样本聚类 . . . . .	3
6.1.4.2	Alpha 多样性 . . . . .	4
6.1.4.3	Alpha 稀疏曲线 . . . . .	5
6.1.4.4	Beta 多样性 . . . . .	5
6.1.4.5	差异分析 . . . . .	7
	<b>Reference</b>	<b>7</b>

# List of Figures

1	All samples PCoA . . . . .	3
2	Filtered PCoA . . . . .	4
3	Alpha diversity . . . . .	4
4	Alpha rarefaction . . . . .	5
5	Beta diversity group test . . . . .	6

# List of Tables

1	Microbiota metadata . . . . .	2
---	-------------------------------	---

## 1 摘要

生信分析 (8 个 con) + (8 个 A) + (8 个 B) (盲筛, 不提供具体分组信息)。

## 2 前言

## 3 材料和方法

### 3.1 材料

### 3.2 方法

Mainly used method:

- Fastp used for Fastq data preprocessing<sup>1</sup>.
- R package MicrobiotaProcess used for microbiome data visualization<sup>2</sup>.
- Qiime2 used for gut microbiome 16s rRNA analysis<sup>3-7</sup>.
- Other R packages (eg., dplyr and ggplot2) used for statistic analysis or data visualization.

## 4 分析结果

- A、B 组 Alpha 和 Beta 多样性无显著差异 (见 6.1.4.2 和 6.1.4.4)。
- A、B 组差异分析, 未找到差异菌。

## 5 结论

## 6 附: 分析流程

### 6.1 Microbiota 16s RNA

#### 6.1.1 Fastp QC

原始数据质控:

‘Fastp QC’ 数据已全部提供。

(对应文件为 ./fastp\_report/)

注：文件夹./fastp\_report/共包含 17 个文件。

1. A1.338F\_806R..html
2. A2.338F\_806R..html
3. A3.338F\_806R..html
4. A4.338F\_806R..html
5. A5.338F\_806R..html
6. ...

### 6.1.2 元数据

Table 1 (下方表格) 为表格 microbiota metadata 概览。

(对应文件为 Figure+Table/microbiota-metadata.csv)

注：表格共有 16 行 7 列，以下预览的表格可能省略部分数据；表格含有 16 个唯一 ‘SampleName’。

1. group: 分组名称

Table 1: Microbiota metadata

SampleName	group	dirs	reports	Run	forward-ab...	reverse-ab...
A1	A	./material...	./material...	rawData	/home/echo...	/home/echo...
A2	A	./material...	./material...	rawData	/home/echo...	/home/echo...
A3	A	./material...	./material...	rawData	/home/echo...	/home/echo...
A4	A	./material...	./material...	rawData	/home/echo...	/home/echo...
A5	A	./material...	./material...	rawData	/home/echo...	/home/echo...
A6	A	./material...	./material...	rawData	/home/echo...	/home/echo...
A7	A	./material...	./material...	rawData	/home/echo...	/home/echo...
A8	A	./material...	./material...	rawData	/home/echo...	/home/echo...
B1	B	./material...	./material...	rawData	/home/echo...	/home/echo...
B2	B	./material...	./material...	rawData	/home/echo...	/home/echo...
B3	B	./material...	./material...	rawData	/home/echo...	/home/echo...
B4	B	./material...	./material...	rawData	/home/echo...	/home/echo...
B5	B	./material...	./material...	rawData	/home/echo...	/home/echo...
B6	B	./material...	./material...	rawData	/home/echo...	/home/echo...
B7	B	./material...	./material...	rawData	/home/echo...	/home/echo...
...	...	...	...	...	...	...

### 6.1.3 Qiime2 分析

Microbiota 数据经 Qiime2 分析后，由 MicrobiotaProcess 下游分析和可视化。

## 6.1.4 MicrobiotaProcess 分析

### 6.1.4.1 样本聚类

在预分析中，根据 PCoA 去除离群样本：

Figure 1 (下方图) 为图 All samples PCoA 概览。

(对应文件为 Figure+Table/All-samples-PCoA.pdf)

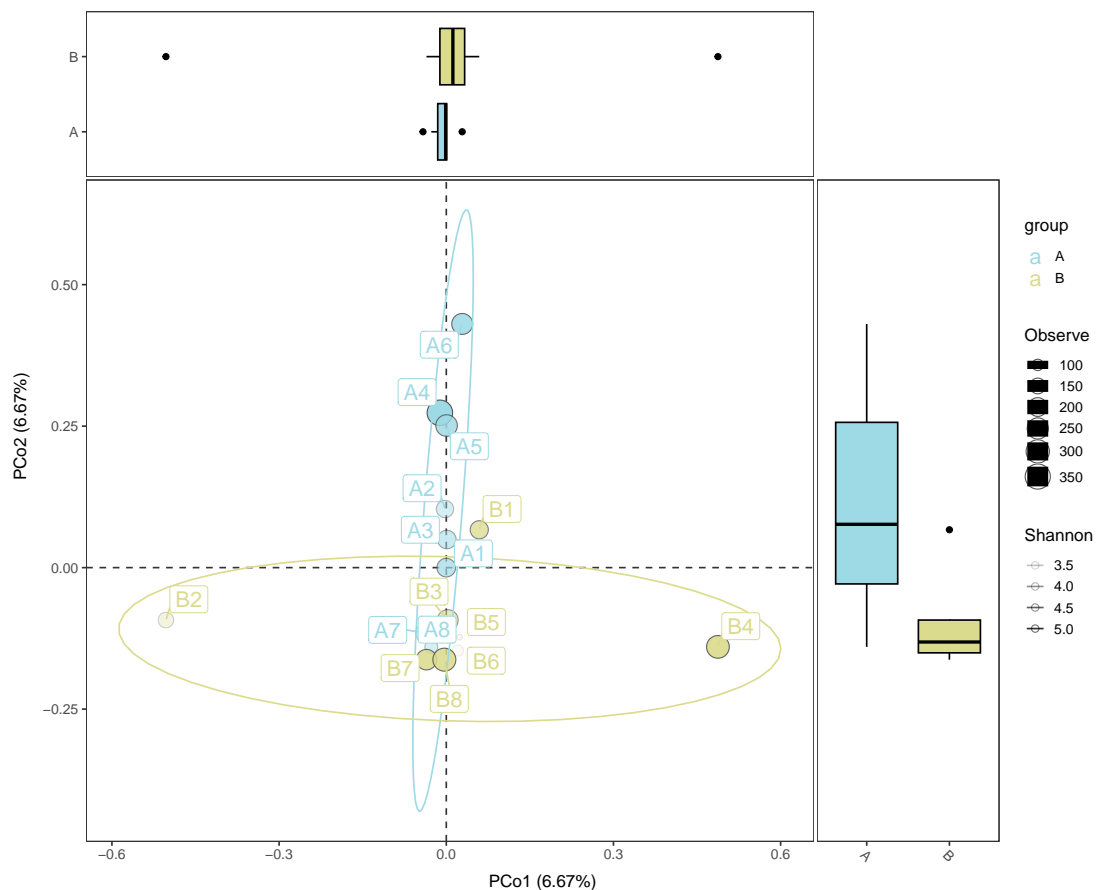


Figure 1: All samples PCoA

以下为除去样本后的 PCoA:

Figure 2 (下方图) 为图 Filtered PCoA 概览。

(对应文件为 Figure+Table/Filtered-PCoA.pdf)

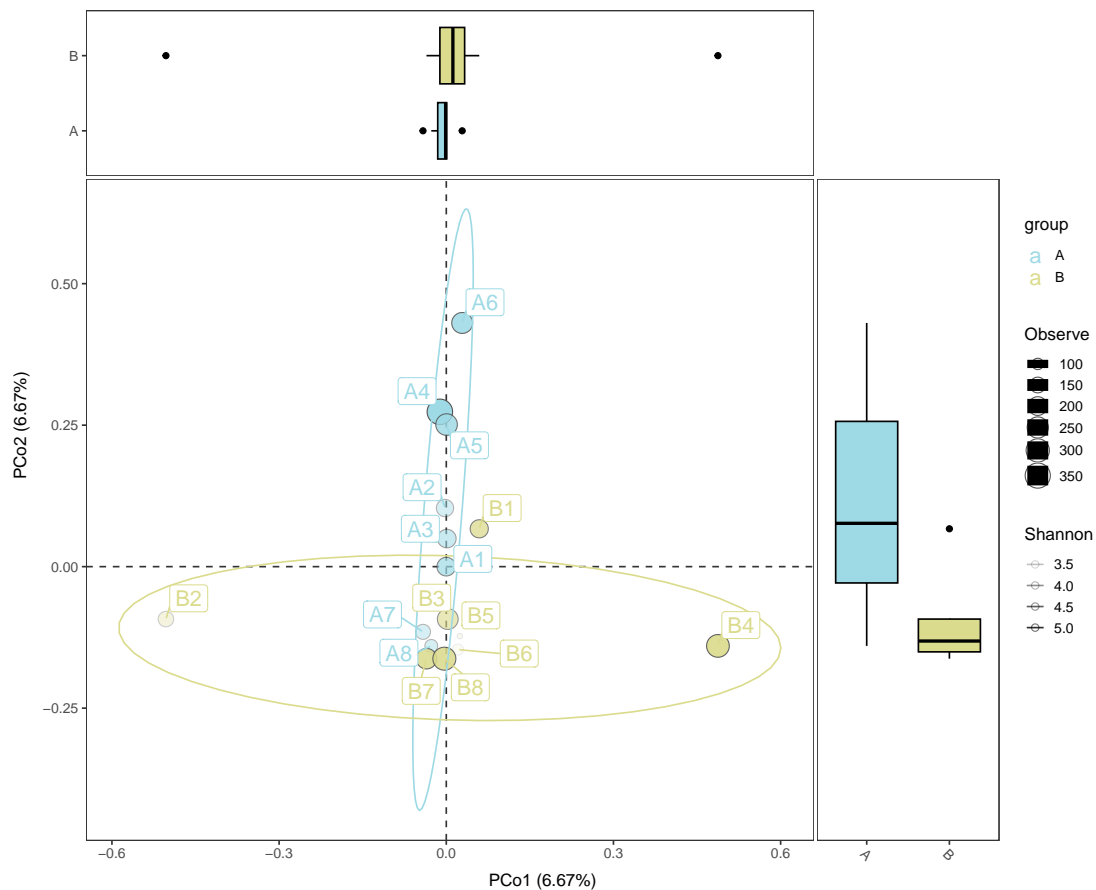


Figure 2: Filtered PCoA

随后的分析以去除离群样本后进行。

#### 6.1.4.2 Alpha 多样性

A、B 组 alpha 多样性没有显著差异。

Figure 3 (下方图) 为图 Alpha diversity 概览。

(对应文件为 Figure+Table/Alpha-diversity.pdf)

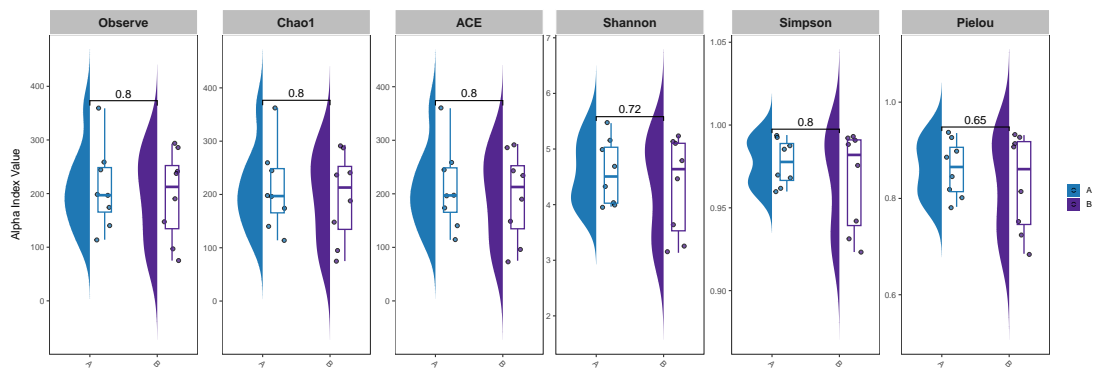


Figure 3: Alpha diversity

‘Taxonomy abundance’ 数据已全部提供。

(对应文件为 **Figure+Table/Taxonomy-abundance**)

注：文件夹 Figure+Table/Taxonomy-abundance 共包含 6 个文件。

1. 1\_Phylum.pdf
2. 2\_Class.pdf
3. 3\_Order.pdf
4. 4\_Family.pdf
5. 5\_Genus.pdf
6. ...

#### 6.1.4.3 Alpha 稀疏曲线

Figure 4 (下方图) 为图 Alpha rarefaction 概览。

(对应文件为 **Figure+Table/Alpha-rarefaction.pdf**)

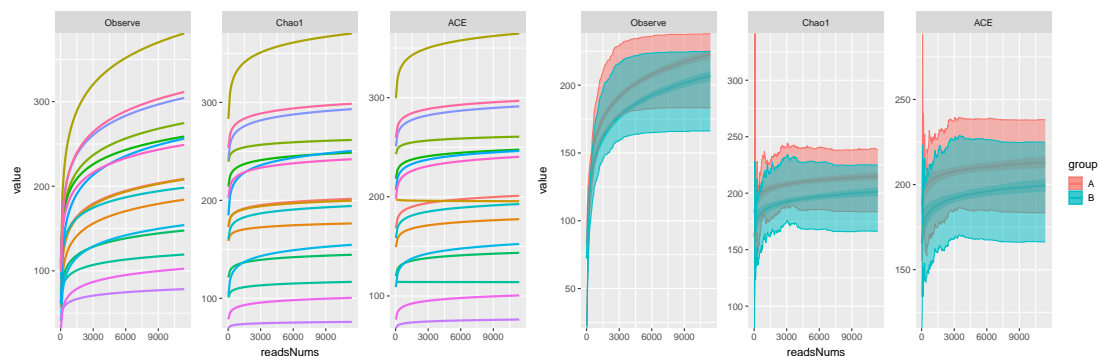


Figure 4: Alpha rarefaction

#### 6.1.4.4 Beta 多样性

A、B 组 Beta 多样性无显著差异。

Figure 5 (下方图) 为图 Beta diversity group test 概览。

(对应文件为 **Figure+Table/Beta-diversity-group-test.pdf**)

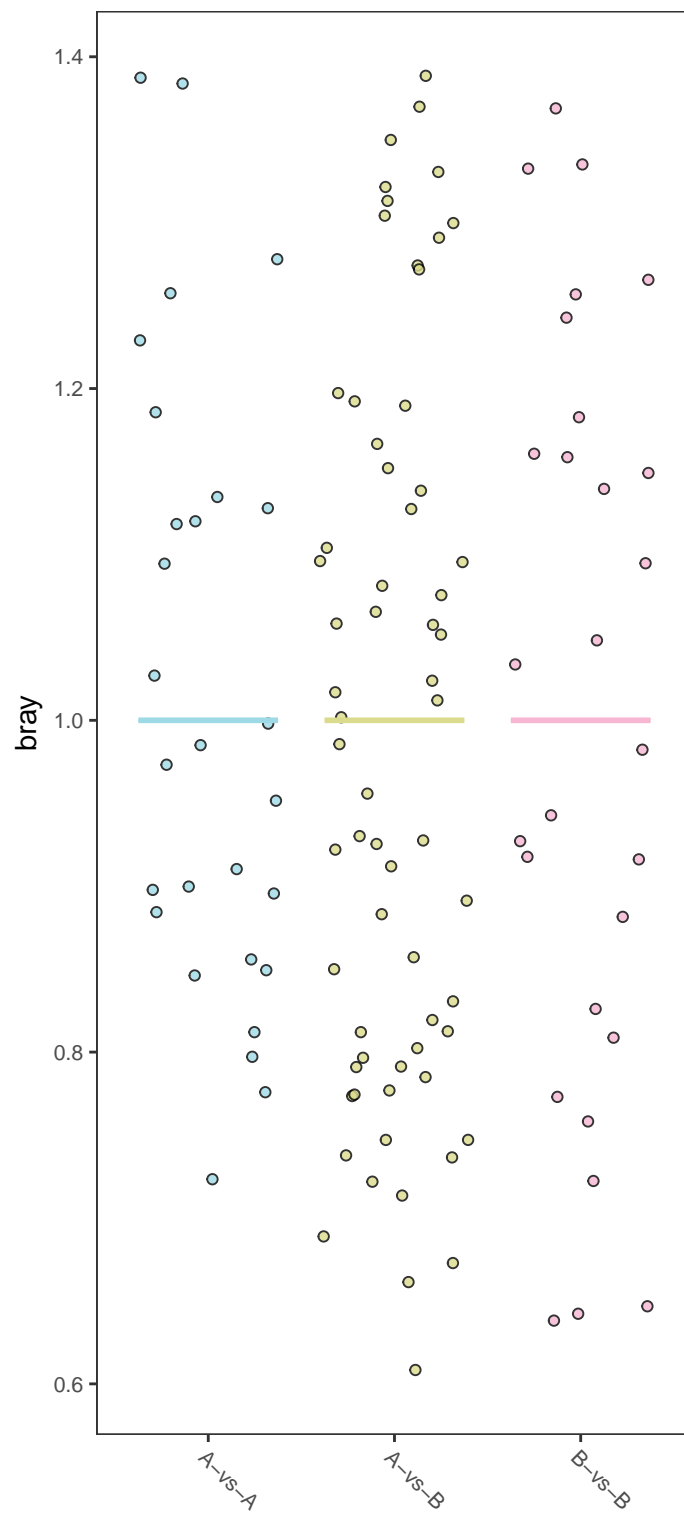


Figure 5: Beta diversity group test

‘Taxonomy hierarchy’ 数据已全部提供。

(对应文件为 Figure+Table/Taxonomy-hierarchy)



注：文件夹 Figure+Table/Taxonomy-hierarchy 共包含 6 个文件。

1. 1\_Phylum.pdf
2. 2\_Class.pdf
3. 3\_Order.pdf
4. 4\_Family.pdf
5. 5\_Genus.pdf
6. ...

#### 6.1.4.5 差异分析

注：MicrobiotaProcess 的差异分析和 Qiime2 差异分析结果相同，未发现差异肠道菌。

## Reference

1. Chen, S. Ultrafast one-pass FASTQ data preprocessing, quality control, and deduplication using fastp. *iMeta* **2**, (2023).
2. Xu, S. *et al.* MicrobiotaProcess: A comprehensive r package for deep mining microbiome. *The Innovation* **4**, 100388 (2023).
3. Bolyen, E. *et al.* Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature Biotechnology* **37**, 852–857 (2019).
4. McDonald, D. *et al.* The biological observation matrix (BIOM) format or: How i learned to stop worrying and love the ome-ome. *GigaScience* **1**, 7 (2012).
5. Callahan, B. J. *et al.* DADA2: High-resolution sample inference from illumina amplicon data. *Nature methods* **13**, 581 (2016).
6. Hamday, M., Walker J., J., Harris, J. K., Gold J., N. & Knight, R. Error-correcting barcoded primers allow hundreds of samples to be pyrosequenced in multiplex. *Nature Methods* **5**, 235–237 (2008).
7. Hamday, M. & Knight, R. Microbial community profiling for human microbiome projects: Tools, techniques, and challenges. *Genome Research* **19**, 1141–1152 (2009).