

# 量化分析群落聚集过程

## Quantifying community assembly processes

时间：20200414

### 1. 研究背景

如何理解生态群落组成的过程一直是一个长期存在的挑战。目前有主要两种因素来解释群落的聚集过程（community assembly process）：

- 1) 随机性过程（stochastic process）：不可预测的扰动因素、随机的扩散和出生死亡时间
- 2) 确定性过程（deterministic process）：非生物的选择或环境过滤和物种间的相互作用

### 2. 研究方法

但是如何量化两种过程在空间或时间上群落聚集的影响，基于以下假设：

- 1) 如果群落结构的分布是随机的，那么群落系统发育组成和动态与随机的系统发育组成结构是没有显著差异的
- 2) 如果环境过滤是主要的影响因素，在特定的时间下，一些共存 taxa 的联系应当比预期的要更加紧密。
- 3) 如果环境变化决定群落组成，系统发育结构的迁移转变应该比预期 OTU 转变（taxonomic turnover）的要大
- 4) 如果物种间的竞争比较大，共存的 taxa 应该有所分化。那共存的 taxa 在特定的时间点下的关联性应当比预期的要远。

因此，可以采用系统发育信息（phylogenetic community composition），结合随机化过程（null models，零和模型），去量化两种过程对群落组装的影响。

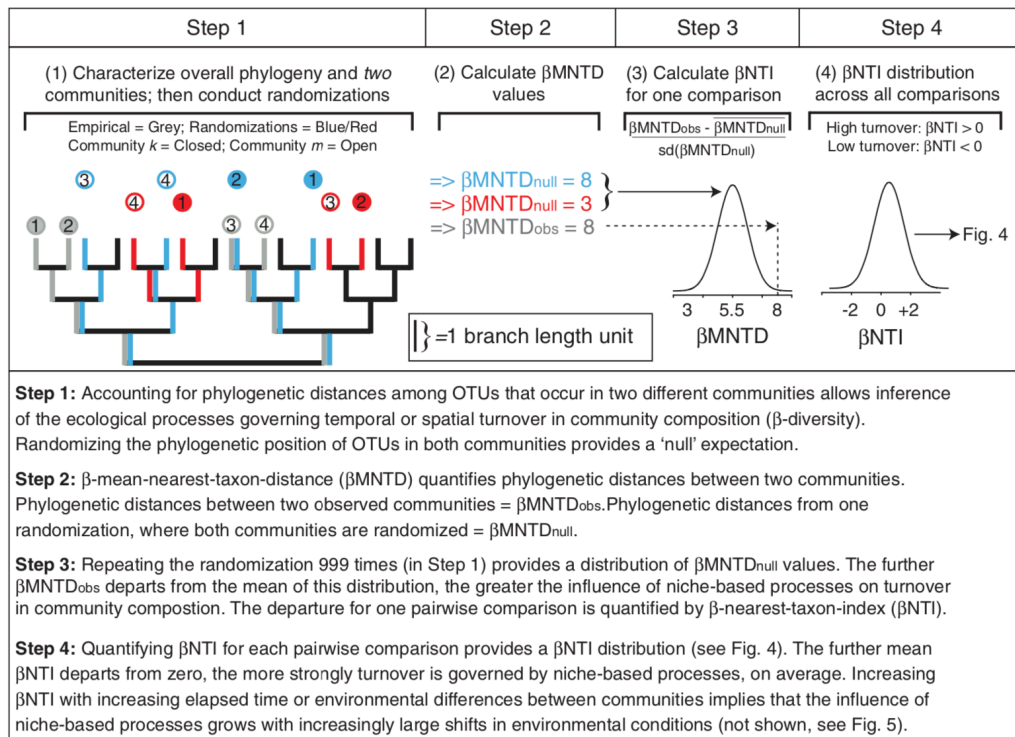
#### 第一步：

Step1：计算样本之间/群落之间的遗传发育距离，并进行随机化（999 次模拟分布，构建零和模型作为对照）

Step2：计算  $\beta$ MNTD 【 $\beta$ -mean-nearest-taxon-distance】（该公式考虑了样本之间 OTU 的发育距离和丰度值，类似 weighted-unifrac），公式如下：

$$\beta MNTD = 0.5 \left[ \sum_{i_k=1}^{n_k} f_{i_k} \min(\Delta_{i_k j_m}) + \sum_{i_m=1}^{n_m} f_{i_m} \min(\Delta_{i_m j_k}) \right]$$

$\min(\Delta i_{kj_m})$ ：样本  $k$  中的 OTU  $i$  和样本  $m$  中所有 OTU 的最小发育距离值； $f_{ik}$ ：OTU  $i$  在  $k$  样本中的相对丰度； $n_k$ ：样本  $k$  中所有 OTU 的数目。



Step3：计算某个比较对  $(k-m)$  中的  $\beta$ NTI 【 $\beta$ -nearest-taxon-index】，公式如下：

$$\frac{|\beta\text{MNTD}_{\text{obs}} - \beta\text{MNTD}_{\text{null}}|}{\text{sd}(\beta\text{MNTD}_{\text{null}})}$$

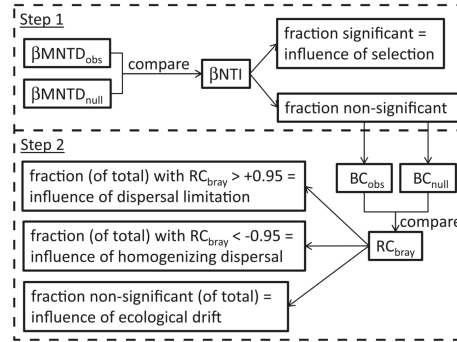
Step4：根据  $\beta$ NTI 判断群落转变程度的大小 ( $\beta\text{NTI} > 0$ ，高变； $\beta\text{NTI} < 0$ ，低变)

## 第二步：

将影响因素细分

- (i) 选择 (selection)：选择是在生物和非生物因素下，对物种繁殖变化的影响
- (ii) 扩散 (dispersal)：扩散是指物种在群落中的迁移转变。低水平的扩散限制了群落中物种的交换，可能会导致群落的空间转变，称之为扩散限制 (dispersal limitation)。高水平的扩散能使群落组成均匀化，从而导致不同群落之间有较小的差异，这种现象称之为均匀扩散 (homogenizing dispersal)
- (iii) 漂变 (drift)：由于偶然因素引起种群波动的变化。
- (iv) 成种 (speciation)：成种对群落变化的影响非常小，在此不将作为影响因素

为了量化四种因素 (选择、限制性扩散、均匀扩散和漂变) 对群落变化的影响，需要将 RCbray (Raup-Crick) 考虑进去。具体如下：

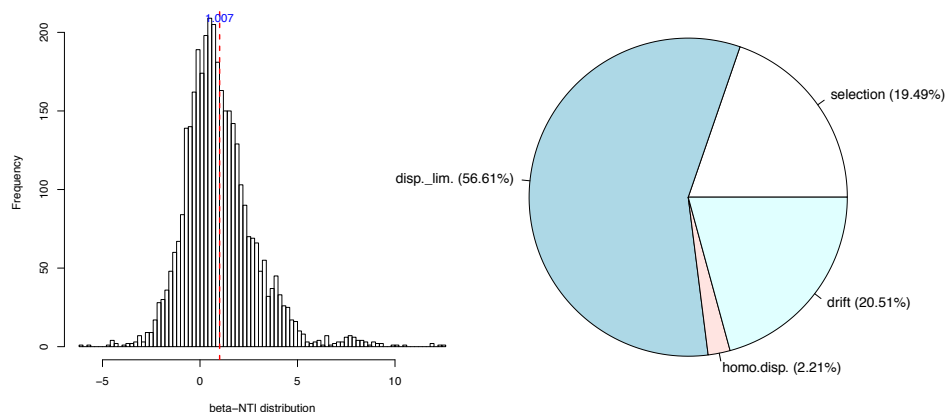


$\beta\text{NTI} > 2$	---	Selection
$\beta\text{NTI} < 2$	$\text{RC-bray} > 0.95$	Dispersal limitation
$\beta\text{NTI} < 2$	$\text{RC-bray} < -0.95$	Homogenizing dispersal
$\beta\text{NTI} < 2$	$ \text{RC-bray}  < 0.95$	drift

### 3. 结果说明

结果交付：

RC_bray.csv	【RC-bray 距离矩阵】
betaMNTD_weighted.csv	【 $\beta\text{MNTD}$ 距离矩阵】
weighted_bNTI.csv	【 $\beta\text{NTI}$ 指数矩阵】
weighted_beta-NTI_Histogram.pdf	【 $\beta\text{NTI}$ 分布图】
pie_chart.pdf	【四种群落聚集的比例】
commu_assm_prop.csv	【比例数据】



$\beta\text{NTI}$  的均值为 1.007，说明群落有较高的转变（high turnover），导致高转变的主导因素为扩散限制（56.61%），其次为漂变（20.51%）、环境选择（19.49%）和均匀扩散（2.21%）。

关于该方法的应用解读，可参考文献（iii）。

#### 4. 参考文章

- (i) Stegen, J. C., Lin, X., Fredrickson, J. K., Chen, X., Kennedy, D. W., Murray, C. J., . . . Konopka, A. (2013). Quantifying community assembly processes and identifying features that impose them. *ISME J*, 7(11), 2069-2079. doi:10.1038/ismej.2013.93
- (ii) Stegen, J. C., Lin, X., Konopka, A. E., & Fredrickson, J. K. (2012). Stochastic and deterministic assembly processes in subsurface microbial communities. *ISME J*, 6(9), 1653-1664. doi:10.1038/ismej.2012.22
- (iii) Langenheder, S., Wang, J., Karjalainen, S. M., Laamanen, T. M., Tolonen, K. T., Vilmi, A., & Heino, J. (2016). Bacterial metacommunity organization in a highly-connected aquatic system. *FEMS Microbiol Ecol*. doi:10.1093/femsec/fiw225