

微生物网络挖掘及可视化R包： ggClusterNet

文涛，谢鹏昊，杨盛蝶，牛国庆，刘潇予，丁哲旭，薛超
刘永鑫，袁军，沈其荣

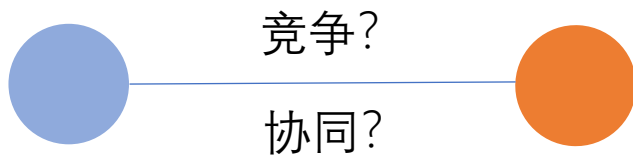
南京农业大学，江苏省有机固体废弃物利用重点实验室
中国科学院，种子创新研究院



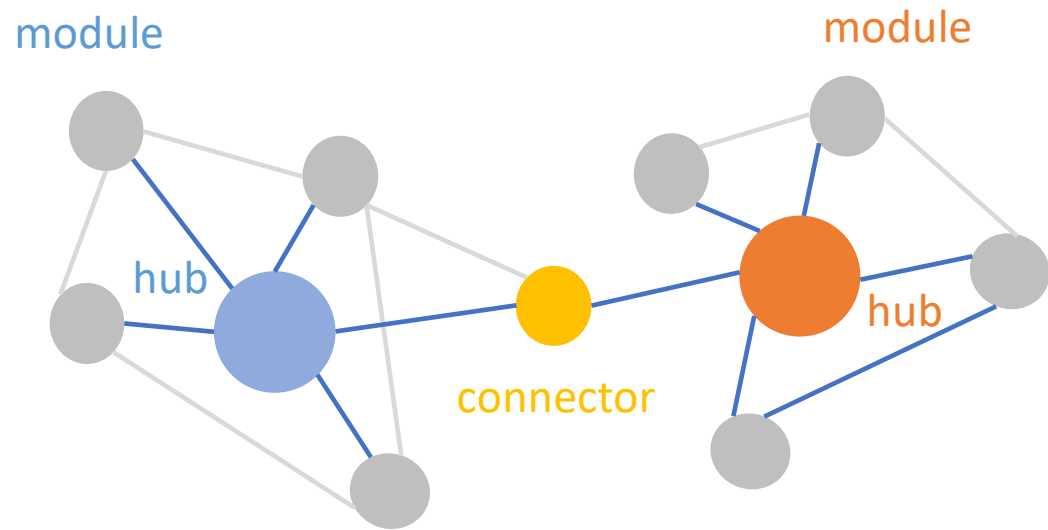
Tao Wen[#], Penghao Xie[#], Shengdie Yang, Guoqing Niu, Xiaoyu Liu, Zhexu Ding, Chao Xue, Yong-Xin Liu^{*}, Qirong Shen, Jun Yuan^{*}. 2022. ggClusterNet: an R package for microbiome network analysis and modularity-based multiple network layouts. *iMeta*. <https://doi.org//10.1002/imt2.32>

网络分析在微生物组数据挖掘中的应用

网络分析是微生物生态学研究中的重要内容，对于探索人体、动物、植物健康和微生物关系、环境变化与地球生物化学循环、生态演替与进化等研究至关重要



探索潜在的物种互作关系



寻找关键微生物

Tao Wen et al. 2022. ggClusterNet: an R package for microbiome network analysis and modularity-based multiple network layouts. *iMeta*. <https://doi.org//10.1002/imt2.32>

网络分析工具存在的一些问题

目前网络分析的工具主要有：Cytoscape、Gephi、一些R包（igraph、ggraph、network等）

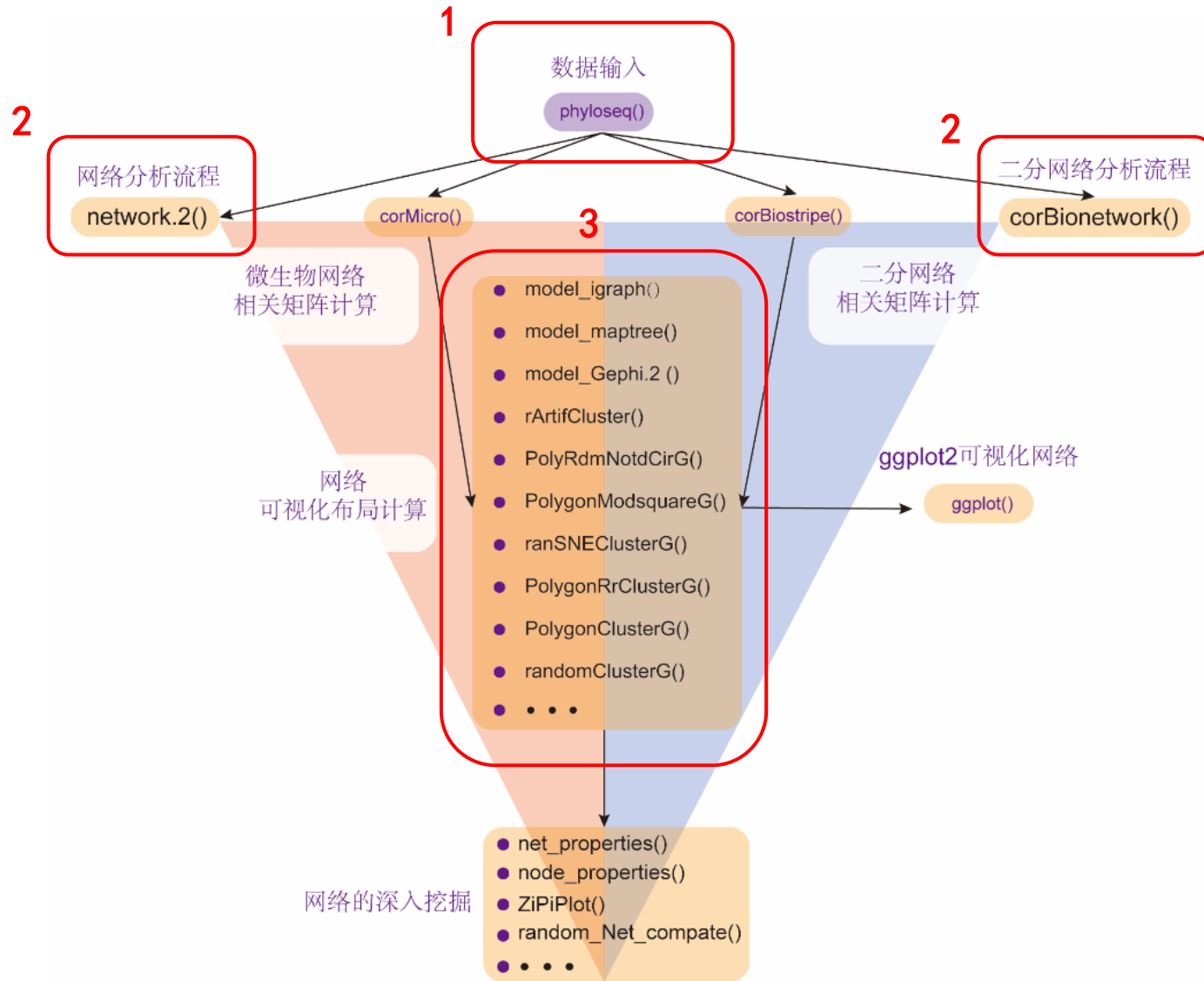
● 易用性

- 网络分析的软件使用步骤繁琐，且结果难以重复
- 缺乏可以快速数据挖掘网络以及可视化的工具
- 微生物网络分析结果修改、再分析困难
- 微生物大网络绘制困难（1000>OTU）

● 美观性

- 可视化布局方式比较单一，不适于微生物网络展示
- 无法对微生物模块信息进行挖掘
- 无法同时进行多网络可视化和比对

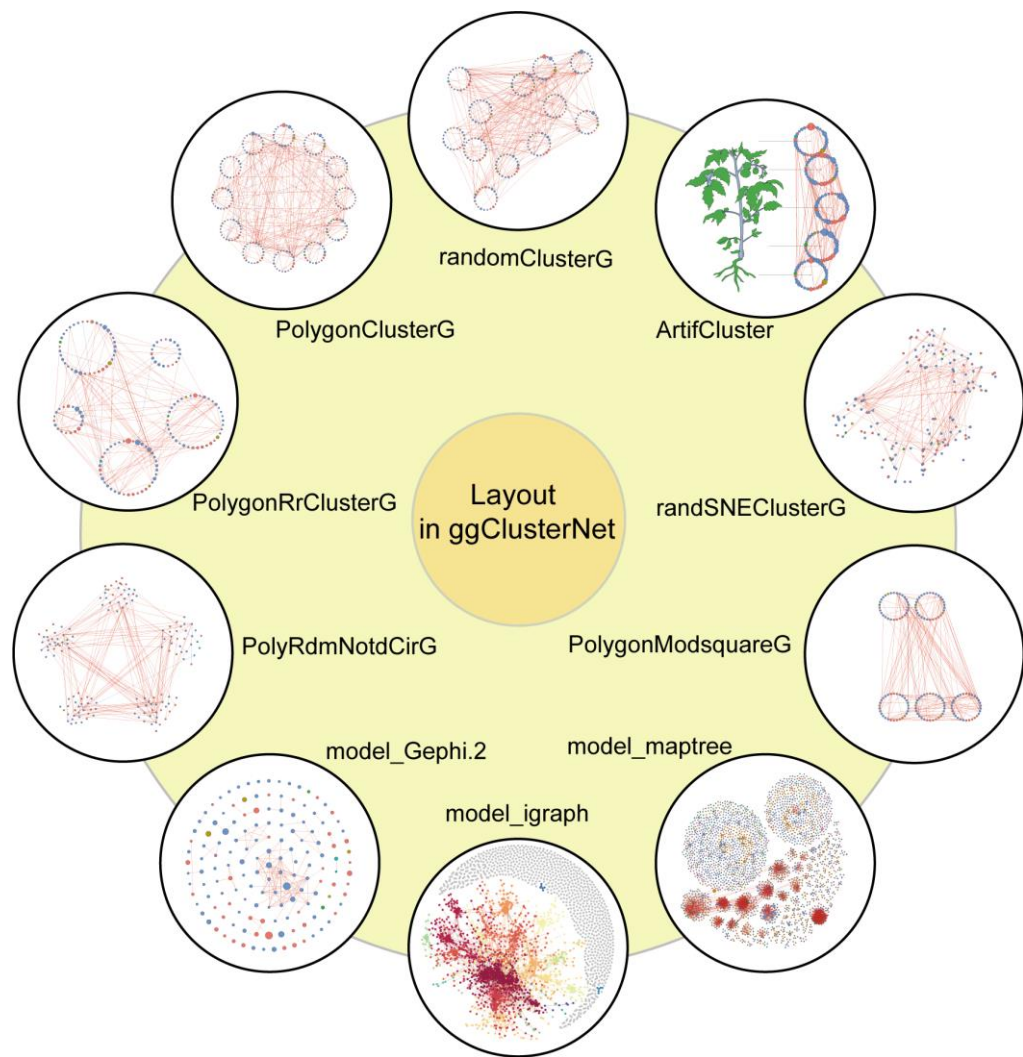
ggClusterNet主要功能及函数的简介



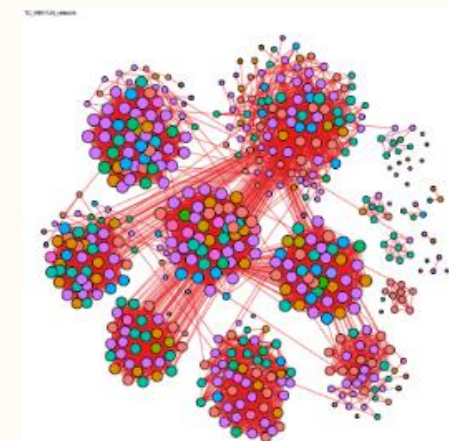
ggClusterNet包括两大分析内容：

- 网络挖掘流程和二分网络挖掘流程
- 基于模块展示网络分析的多种可视化布局算法
- 网络挖掘内容主要包括：网络属性计算、节点属性计算、模块性计算、随机网络计算和比对等

十种布局函数的可视化效果



model_maptree开发故事



Tao Wen et al. 2022. ggClusterNet: an R package for microbiome network analysis and modularity-based multiple network layouts. *iMeta*. <https://doi.org//10.1002/imt2.32>

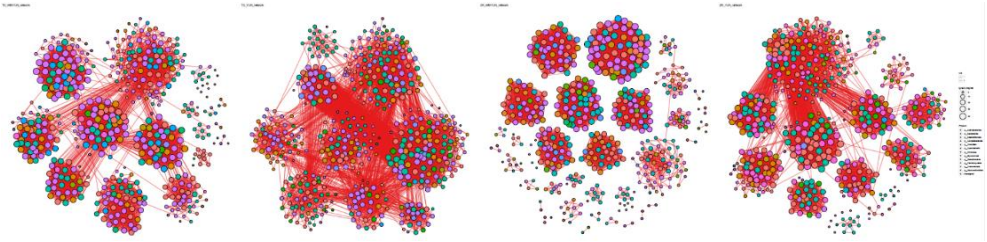
ggClusterNet---数据挖掘

① 网络构建

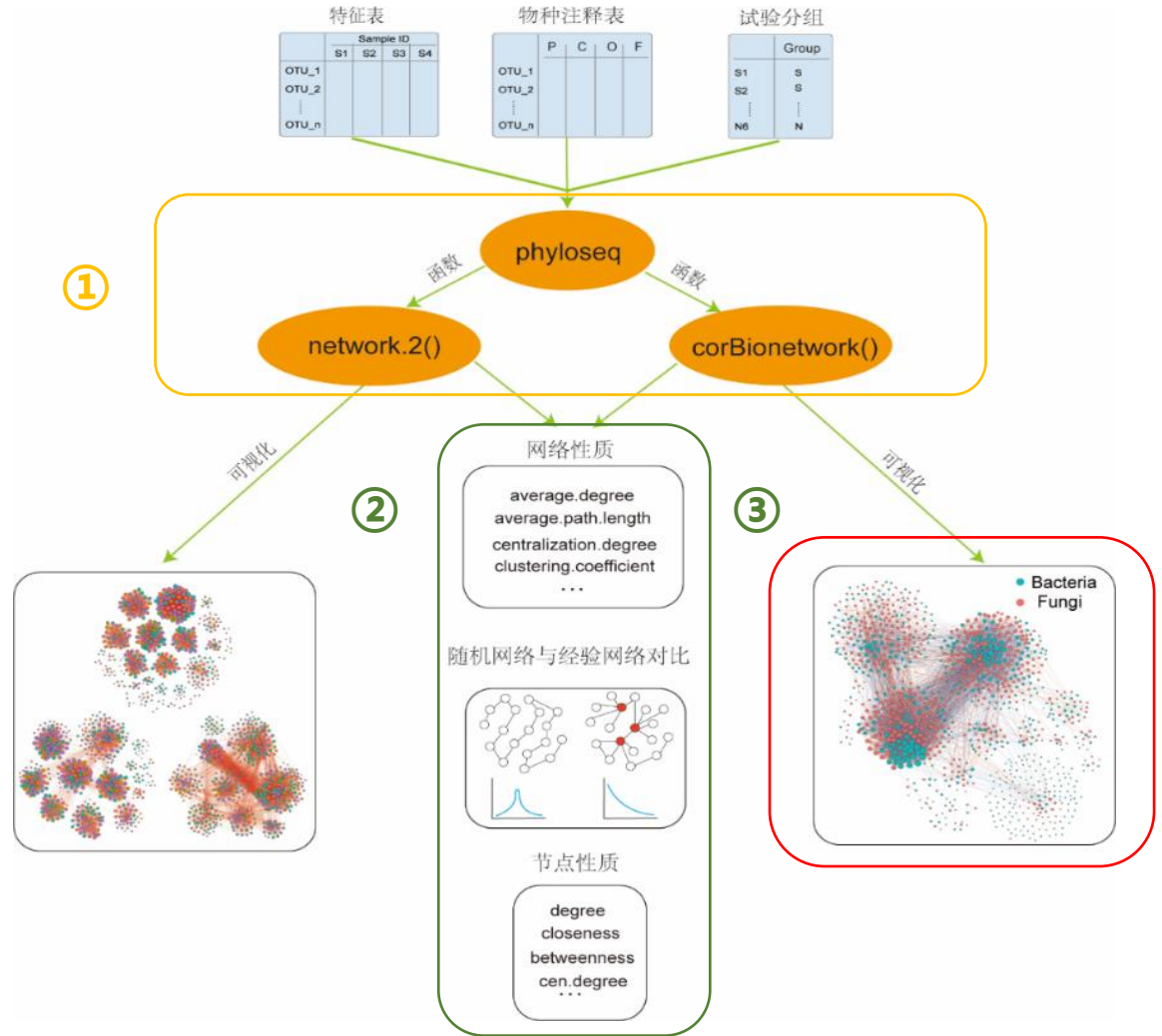
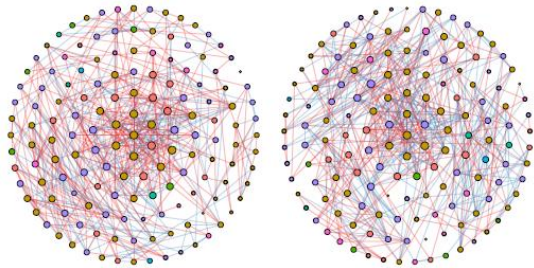
② 网络和节点属性的计算

③ 网络布局 and 可视化

1 基于多个网络使用model_maptree算法布局:



2 基于多个网络使用model_Gephi.2算法布局:





“iMeta”是由威立、肠菌分会和本领域数百位华人科学家合作出版的开放获取期刊，主编由中科院微生物所刘双江研究员和荷兰格罗宁根大学傅静远教授担任。目的是发表原创研究、方法和综述以促进宏基因组学、微生物组和生物信息学发展。目标是发表前10%(IF > 15)的高影响力论文。期刊特色包括视频投稿、可重复分析、图片打磨、青年编委、前3年免出版费、50万用户的社交媒体宣传等。2022年2月正式创刊发行!



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://onlinelibrary.wiley.com/journal/2770596x>



投稿: <https://mc.manuscriptcentral.com/imeta>



office@imeta.science



[iMeta](#)

