



MicrobiomeStatPlots: 一个用于微生物组宏组学和生物信息学的统计绘图库

白德凤^{1#}, 马闯^{1,2#}, 荀佳妮^{1#}, 罗豪¹, 杨海飞^{1,3}, 吕虎杰^{1,4},
朱志豪⁵, 盖安然^{1,6}, Salsabeel Yousuf¹, 彭凯⁷, 许珊珊⁸, 高云云^{1,9}, 王瑶^{1*}, 刘永鑫^{1*}

¹中国农业科学院深圳农业基因组研究所

²安徽农业大学园艺学院

³青岛农业大学生命科学学院

⁴香港理工大学食品科学与营养学系

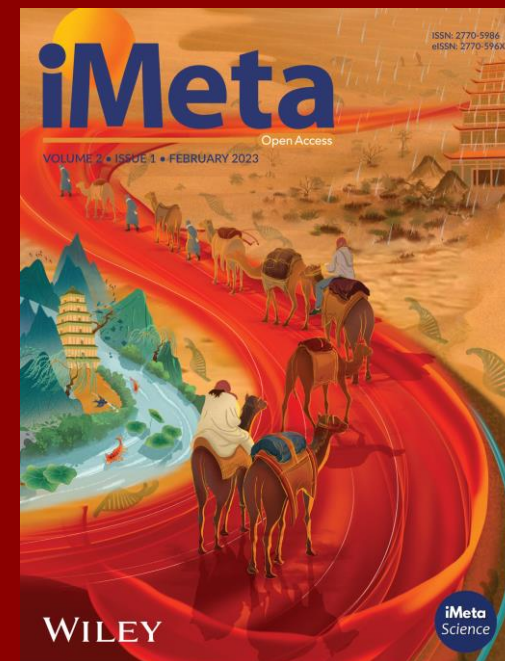
⁵广东医科大学基础医学院

⁶郑州大学农学院

⁷扬州大学动物医学院

⁸合肥工业大学食品与生物工程学院

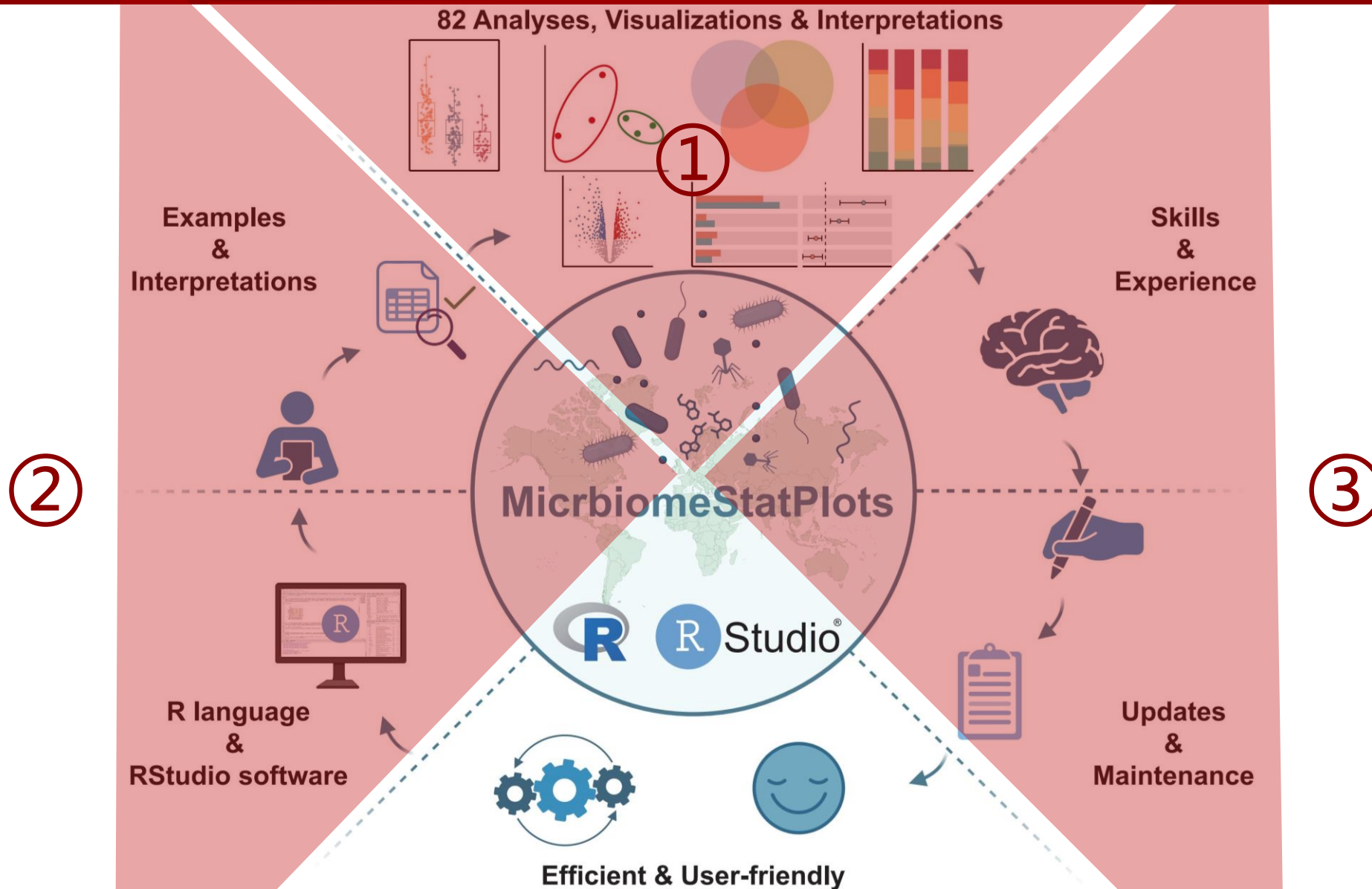
⁹北京林业大学生态与自然保护学院



Defeng Bai, Chuang Ma, Jiani Xun, Hao Luo, Haifei Yang, Hujie Lyu, *et al.* 2025. MicrobiomeStatPlots: Microbiome statistics plotting gallery for meta-omics and bioinformatics. *iMeta* 4: e70002. <https://doi.org/10.1002/imt2.70002>



亮点



<https://github.com/YongxinLiu/MicrobiomeStatPlot>

概述

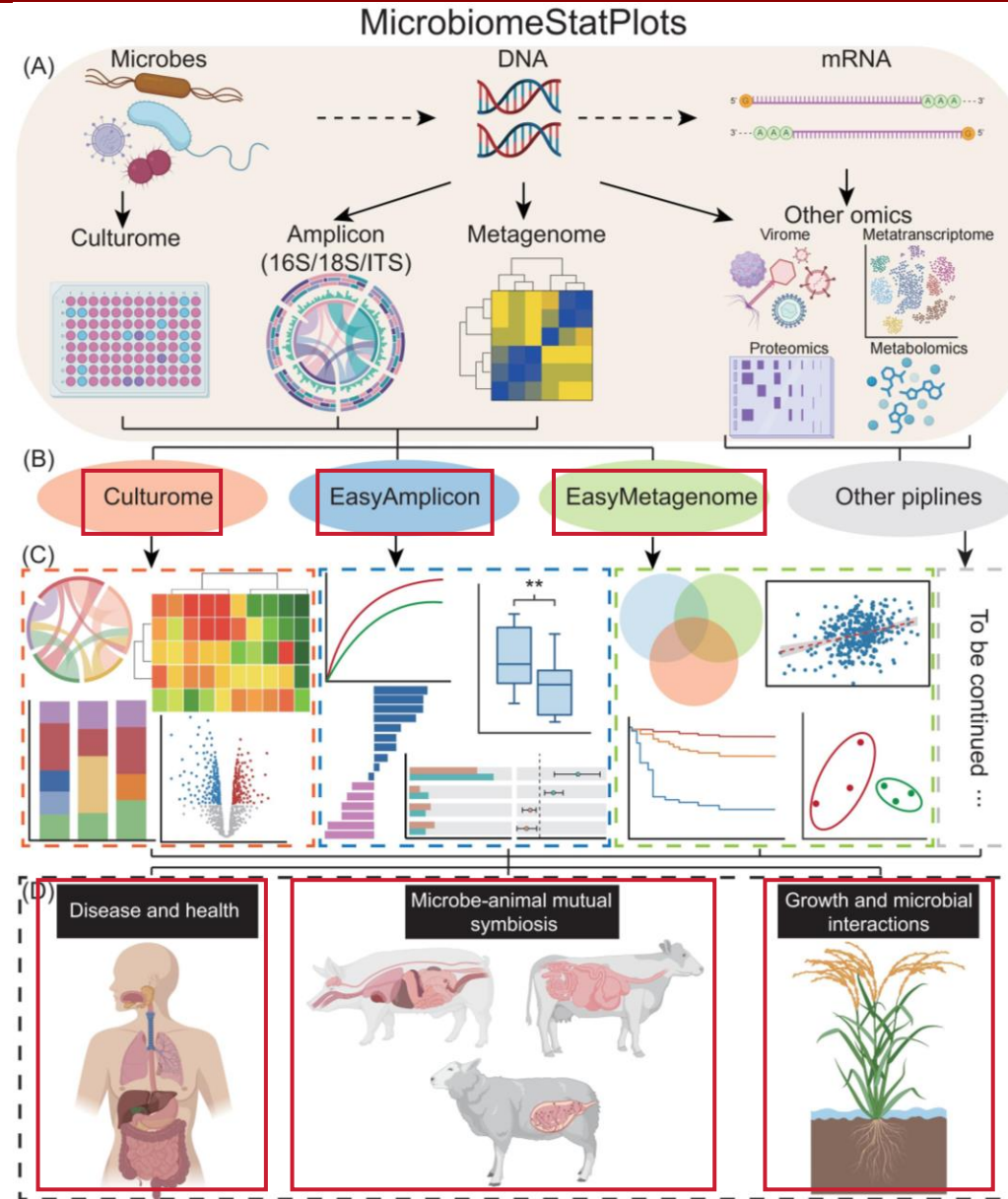


图1. MicrobiomeStatPlots的概述



结构与组成

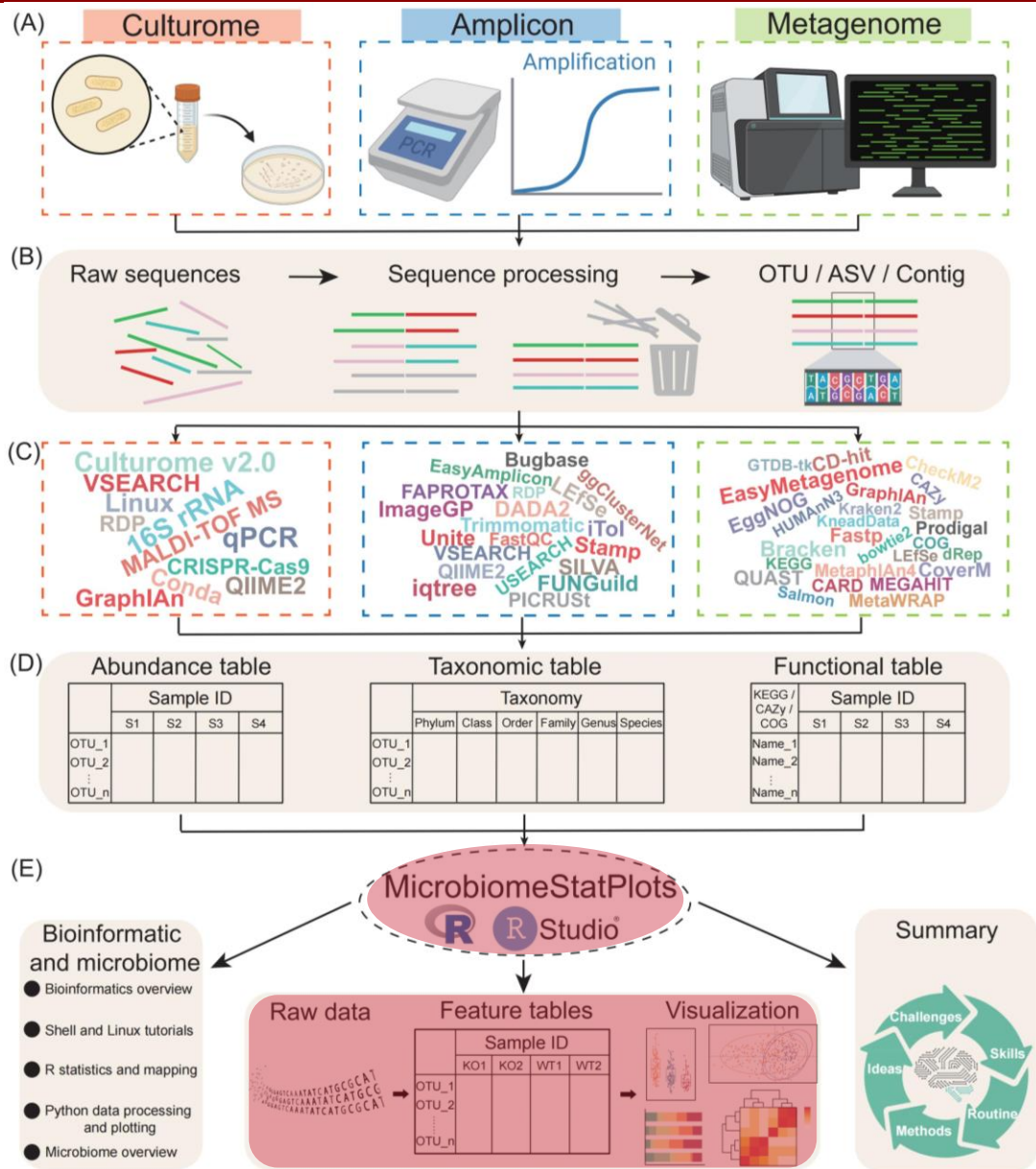


图2. MicrobiomeStatPlots的结构和组成



培养组、扩增子、宏基因组数据分析与可视化案例

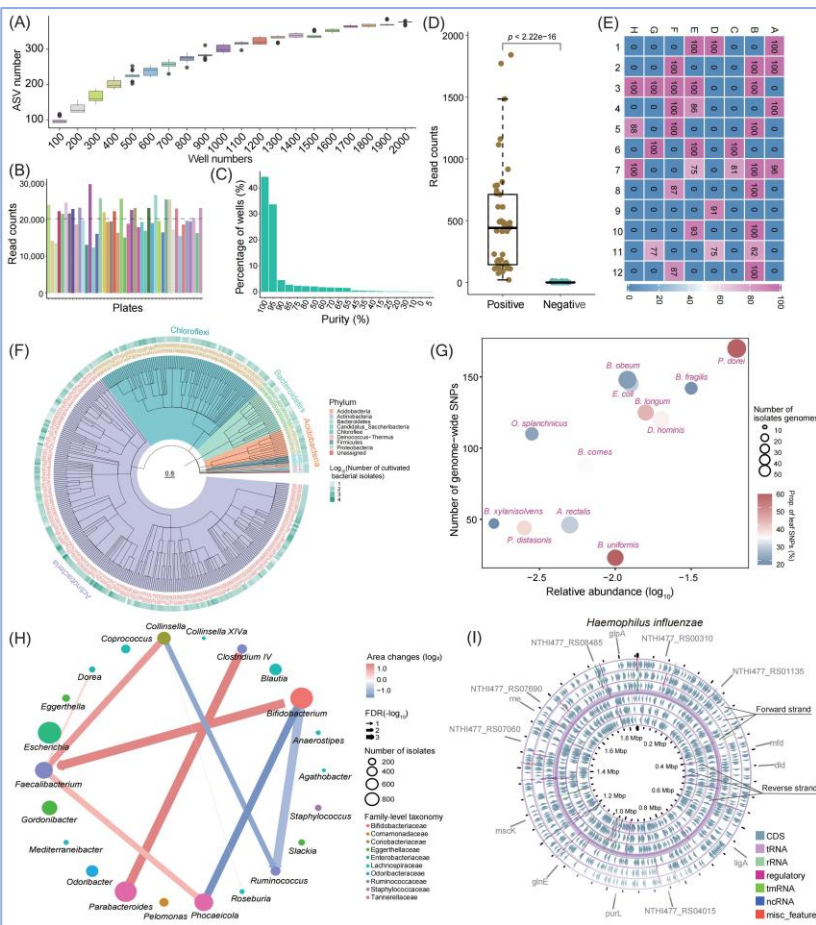


图3. 案例1: 培养组示例

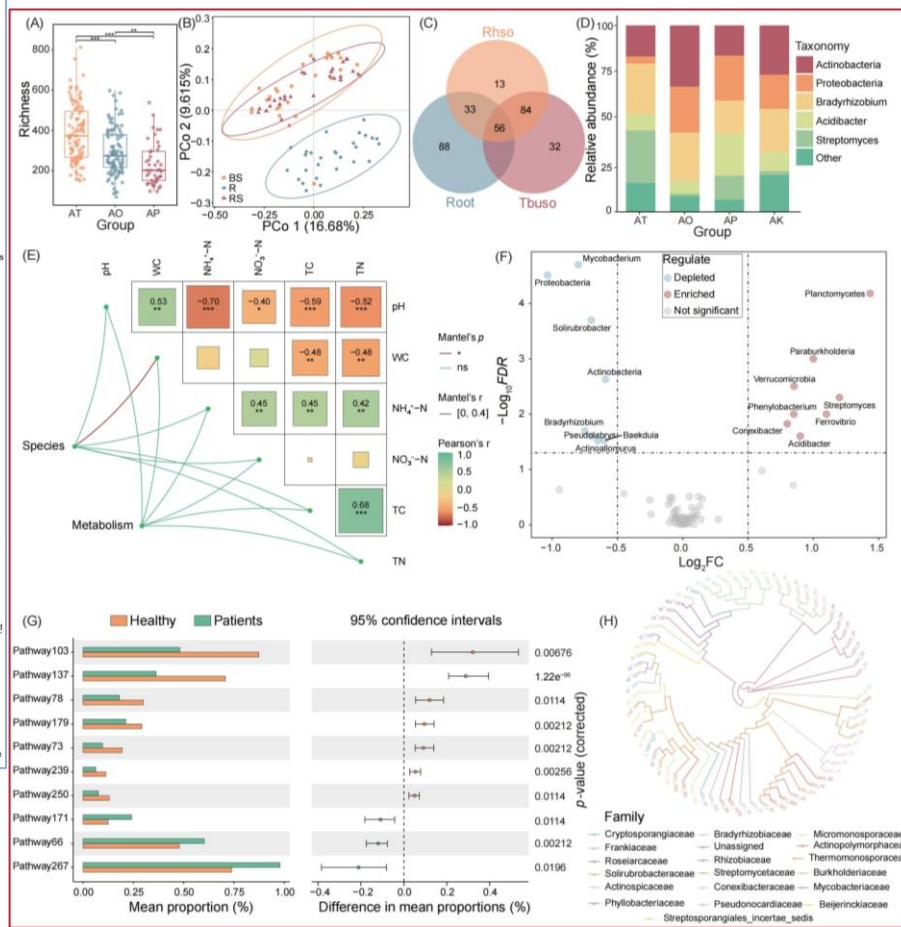


图4. 案例2: 扩增子示例

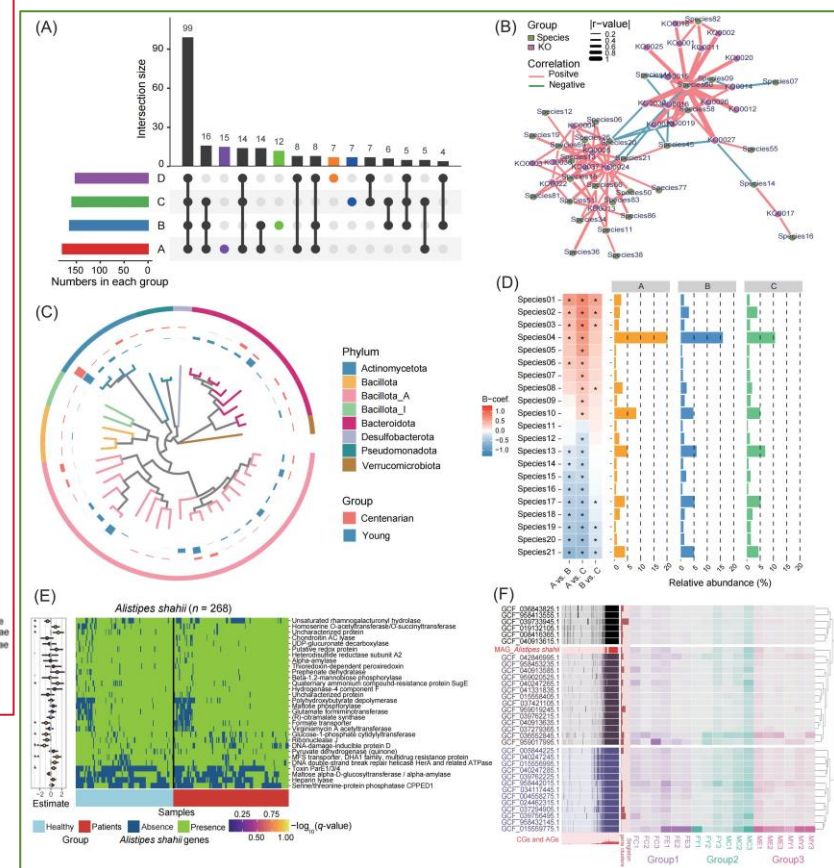


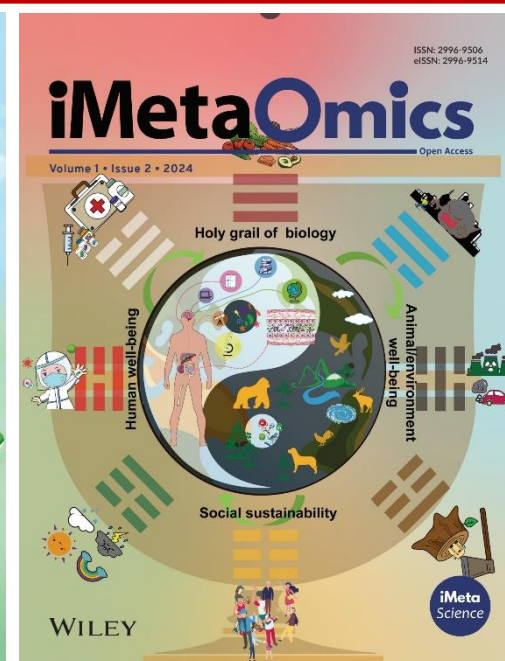
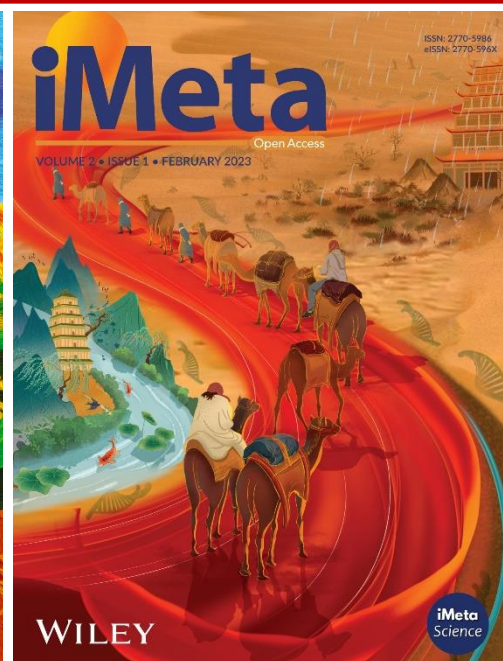
图5. 案例3: 宏基因组示例



总结

- ❑ 该集成项目结合了三种广泛使用的组学数据分析流程（培养组、扩增子和宏基因组）、以及最新的微生物组数据分析最佳实践流程；
- ❑ 目前平台已配备了80多个用于分析和解释多组学数据的示例，未来平台将持续更新，使用户能够有效地构建和修改来自各种组学分析的组合图；
- ❑ 平台支持用户自定义图表，为平台的扩展做出贡献，并在GitHub上免费访问丰富的生物信息学知识；
- ❑ 平台网址：<https://github.com/YongxinLiu/MicrobiomeStatPlot>

Defeng Bai, Chuang Ma, Jiani Xun, Hao Luo, Haifei Yang, Hujie Lyu, *et al.* 2025. MicrobiomeStatPlots: Microbiome statistics plotting gallery for meta-omics and bioinformatics. *iMeta* 4: e70002. <https://doi.org/10.1002/imt2.70002>



“**iMeta**” (影响因子**23.8**) 由威立、宏科学和千名华人科学家出版的期刊，主编刘双江和傅静远教授。收稿范围：任何领域高影响力的研究、方法和综述，重点关注生物技术、生物信息和微生物组等；影响力：[SCIE/WOS](#)、[PubMed](#)、[Google](#)、[Scopus](#)收录，**IF 23.8**位列**JCR**微生物学研究期刊**全球第一**；时效性：外审平均21天；投稿至发表中位数57天；“**iMetaOmics**” 主编赵方庆和于君教授，定位IF>10的高水平交叉学科综合期刊，欢迎投稿！

主页: <http://www.imeta.science>
出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

 office@imeta.science
imetaomics@imeta.science

投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>
<https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

 宣传片

 [iMeta](#)

