

OUTPOST: 一款支持群体分组 分析的宏基因组测序 综合分析软件

周毅航^{1#}, 郑继红^{1#}, 宋文琦^{1#}, ..., 张超^{1*}, 王晓竹^{1, 9*}

¹同济大学生命科学与技术学院

⁹上海交通大学医学院附属第九人民医院



Yihang Zhou, Jihong Zheng, Wenqi Song, Xinyi Yan, Li Du, Zhonglin Ma, Yanbin Fu, Zhaohui Ouyang, Yuchen Xiao, Zhuoqun Liu, Feng Tian, Jason Wing Hon Wong, Jen Hao David Shih, Shikang Liang, Honglei Tian, Liu Liu, Ke Wei, Chao Zhang, Jiangtao Li, Xiaozhu Wang. 2024. OUTPOST: a comprehensive analysis software for whole-metagenome shotgun sequencing incorporating group stratification. *iMetaOmics* 1: e29.

<https://doi.org/10.1002/imo2.29>



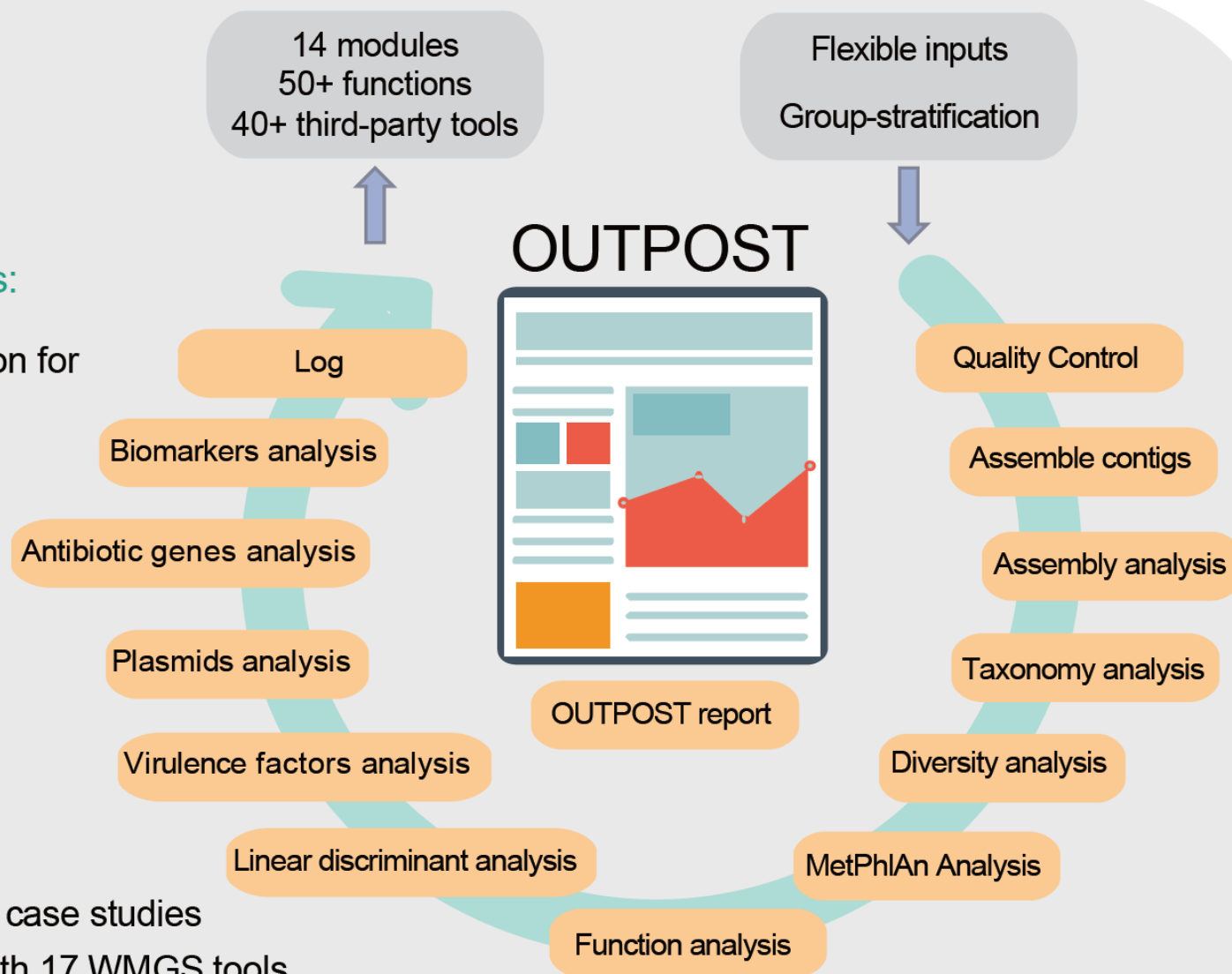
简介

Key novel features:

1. Group-stratification for multi-group experiments
2. Meta-analysis-based biomarker identification

Benchmarks:

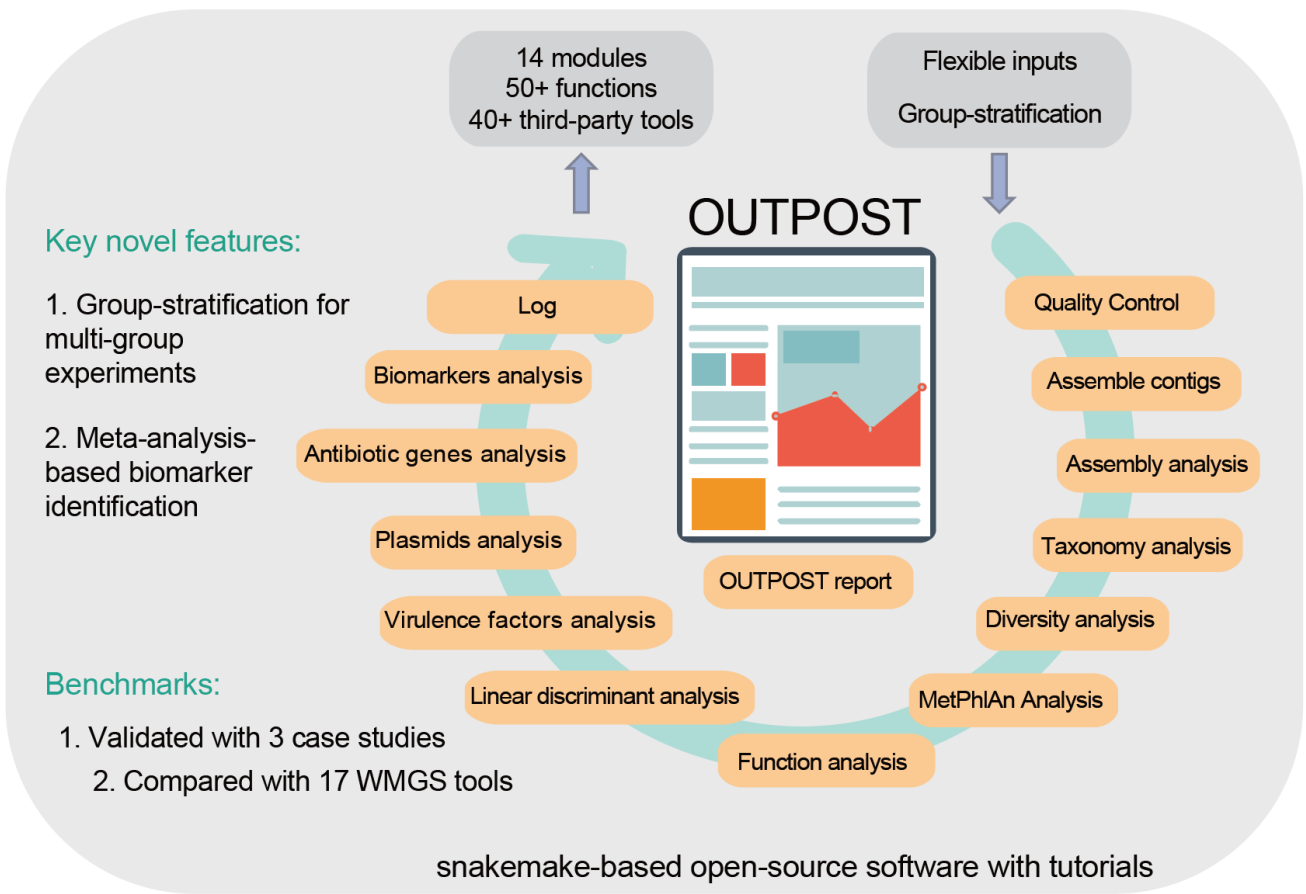
1. Validated with 3 case studies
2. Compared with 17 WMGS tools



snakemake-based open-source software with tutorials



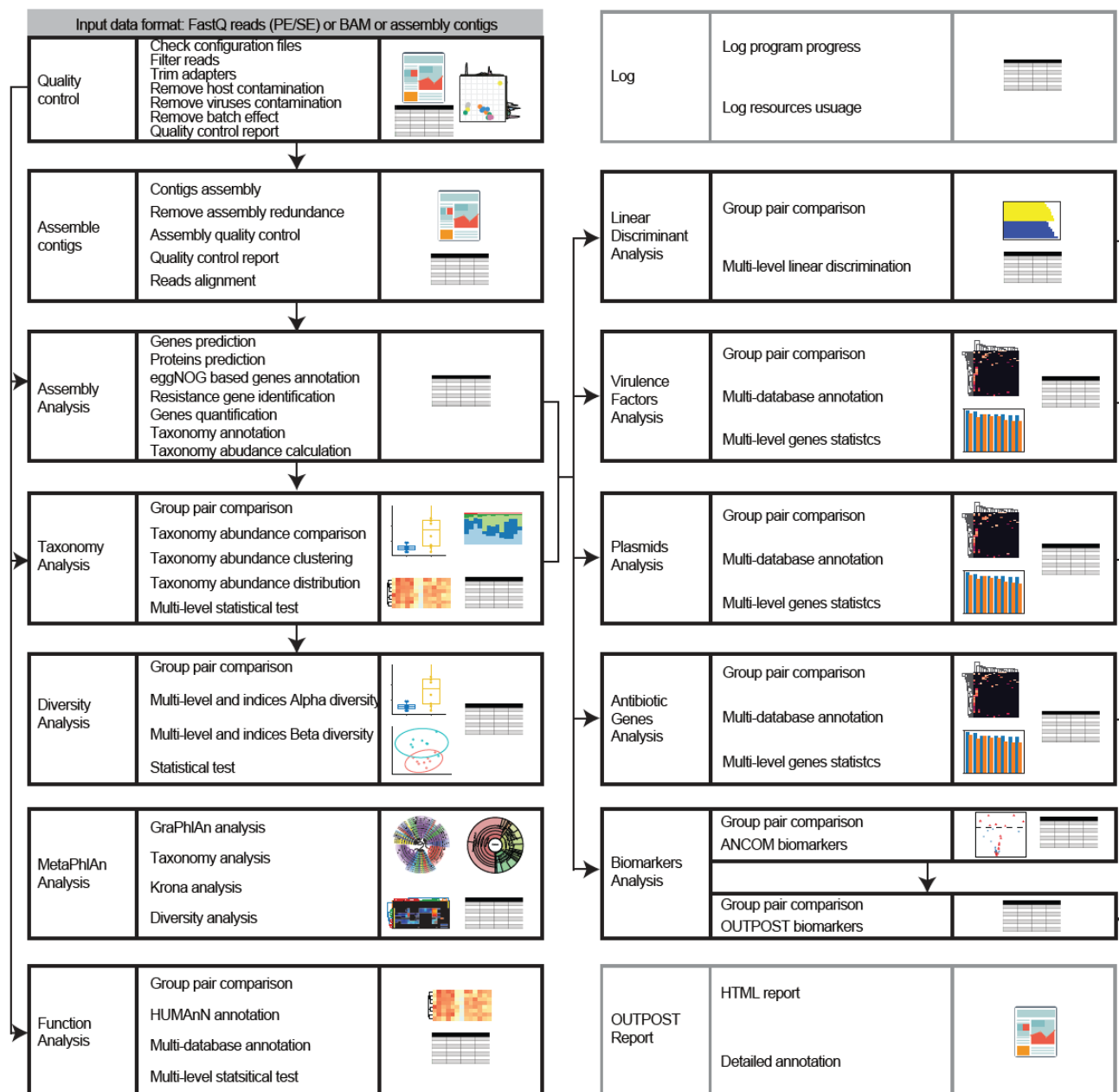
亮点



- OUTPOST是一款综合分析软件，专为宏基因组鸟枪法测序数据设计，由Snakemake进行管理。该软件包含14个模块，提供超过50种功能，相较于现有的17种工具，凭借其全面性脱颖而出。
- OUTPOST 在处理群体分组方面的独特能力使其特别适用于多组实验设计，并为计算扰动研究量身定制。
- OUTPOST 还引入了基于元分析的生物标志物识别的创新方法。

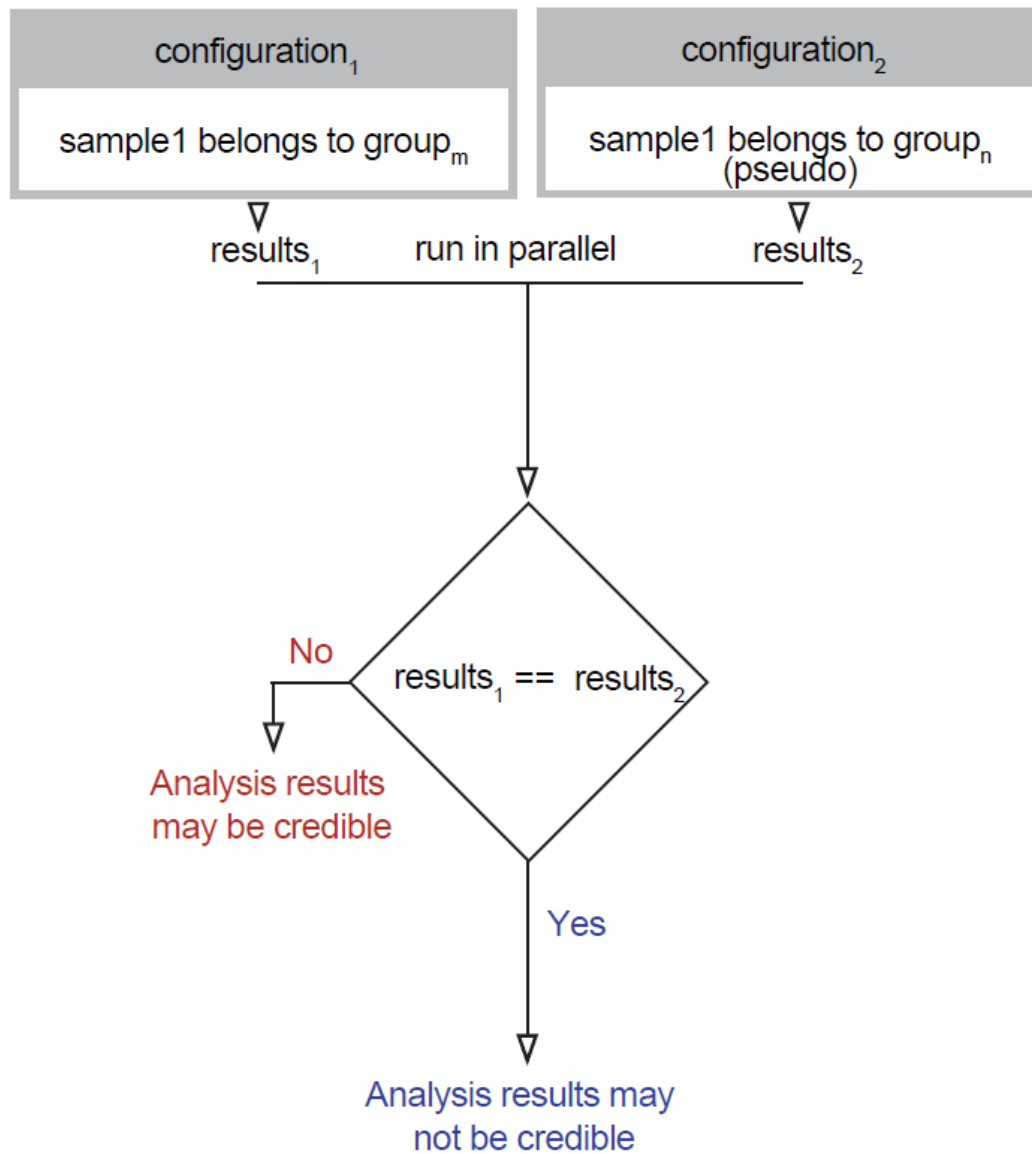


OUTPOST软件概述





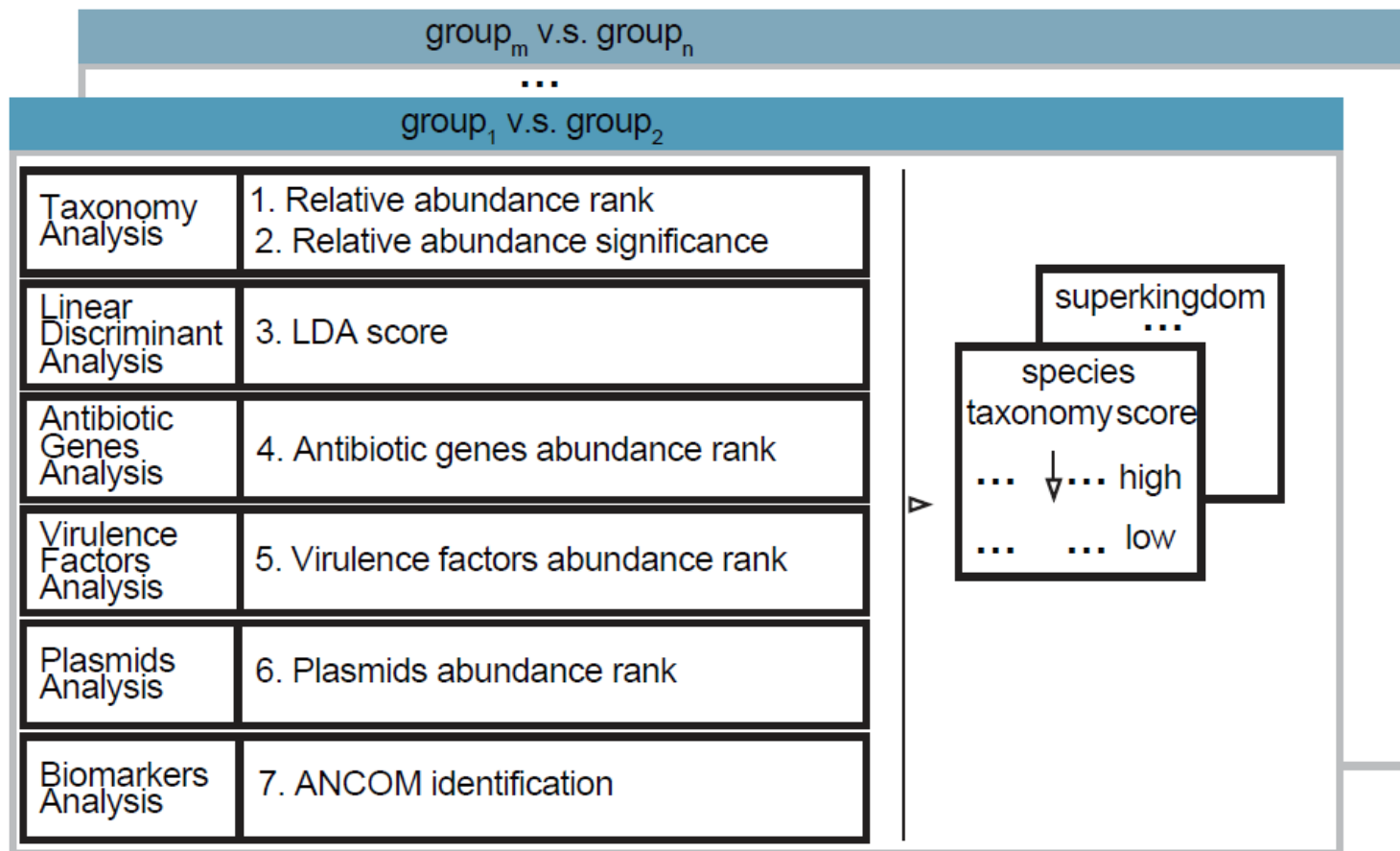
OUTPOST软件概述



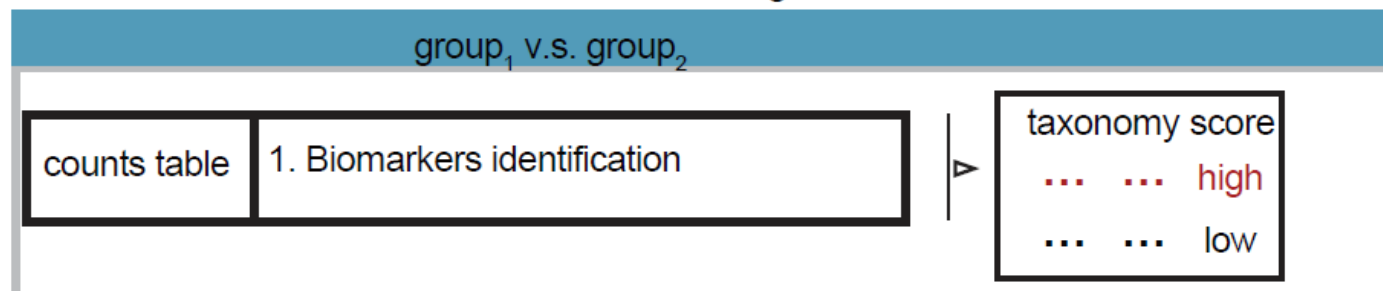


OUTPOST软件概述

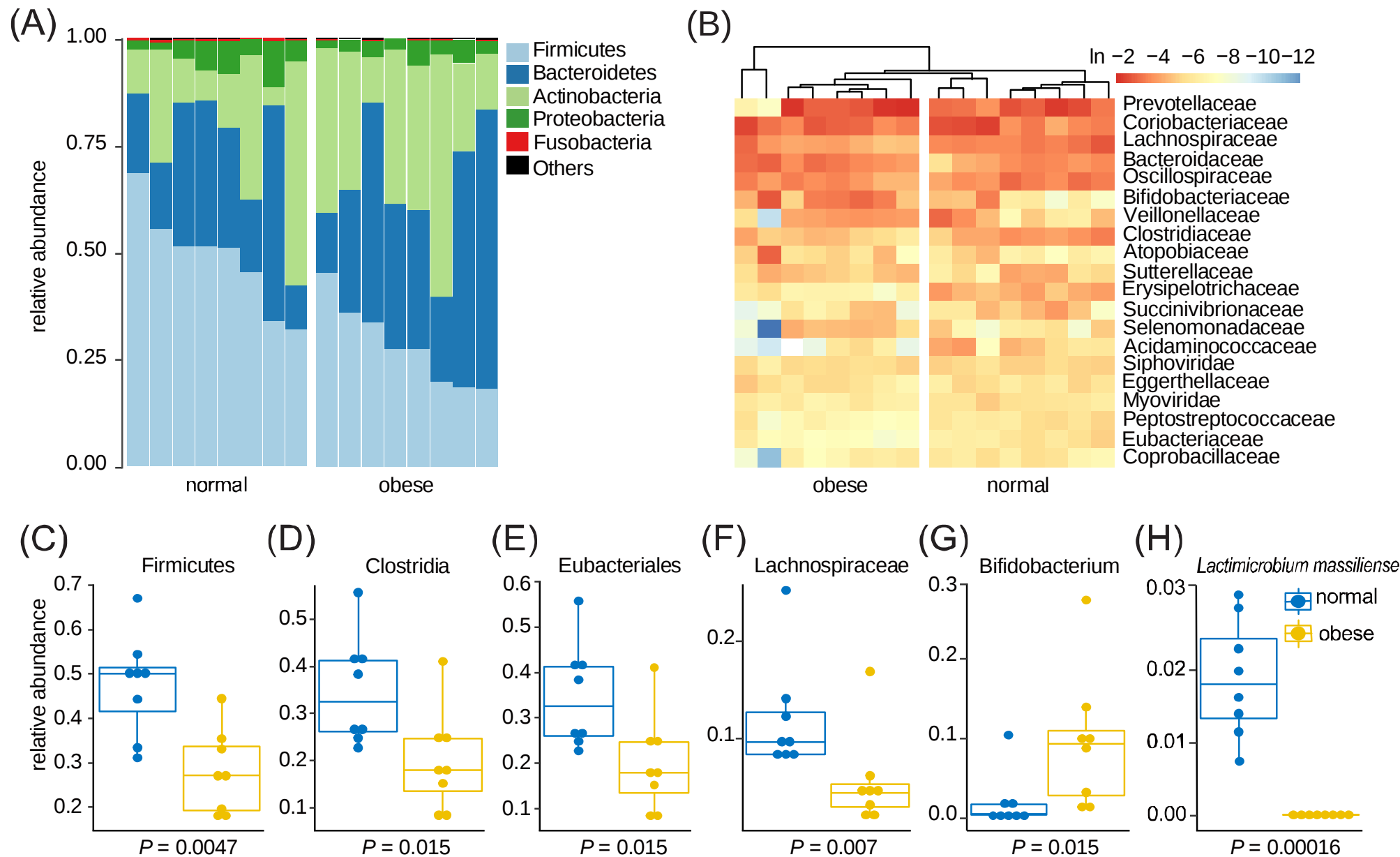
OUTPOST biomarkers identification algorithm



Classical biomarkers identification algorithm

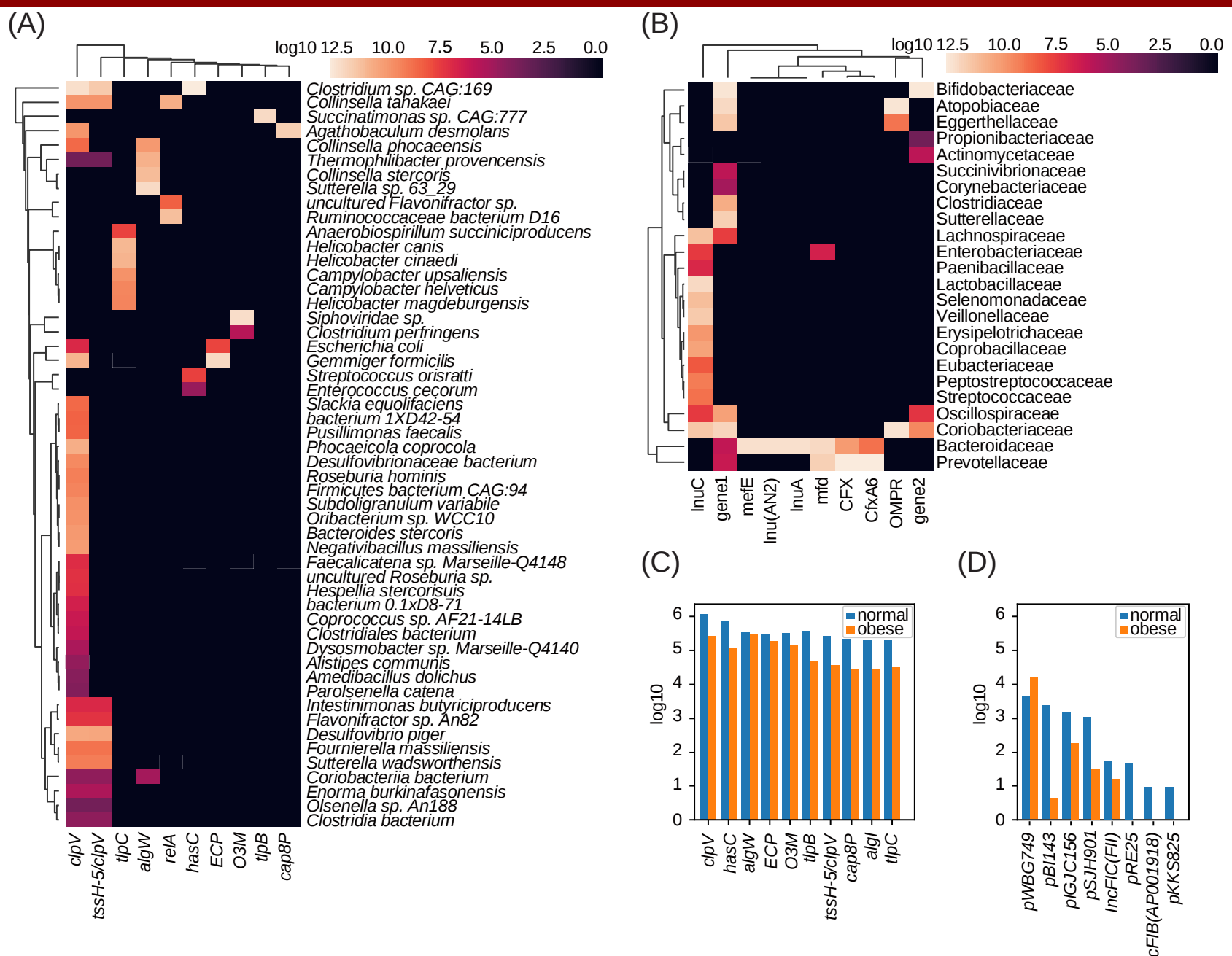


案例一：基于已发表的猫微生物组研究评估OUTPOST的性能

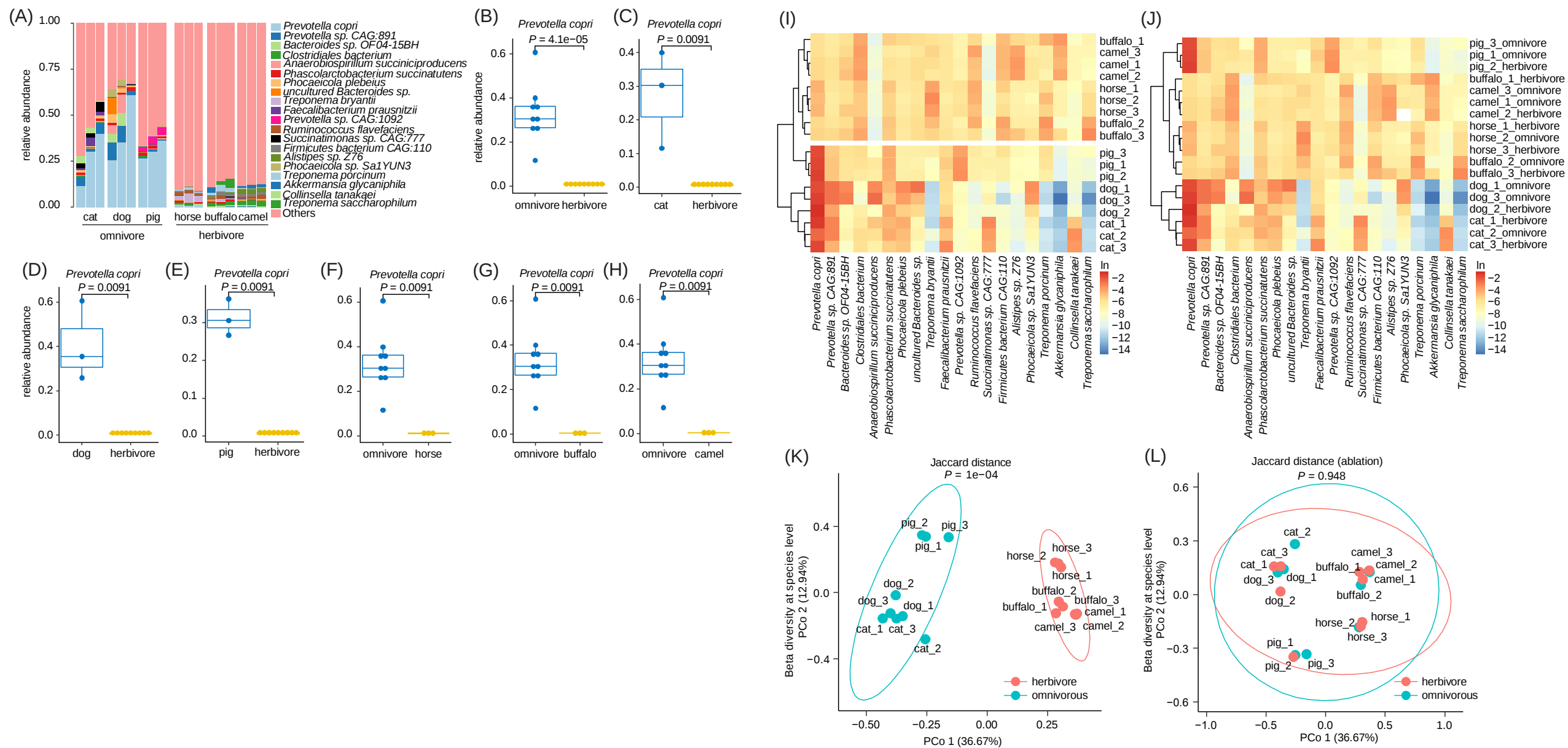




案例二：进一步探讨OUTPOST在哺乳动物微生物组研究中的应用



案例三：OUTPOST 在结直肠癌患者微生物组中的应用研究

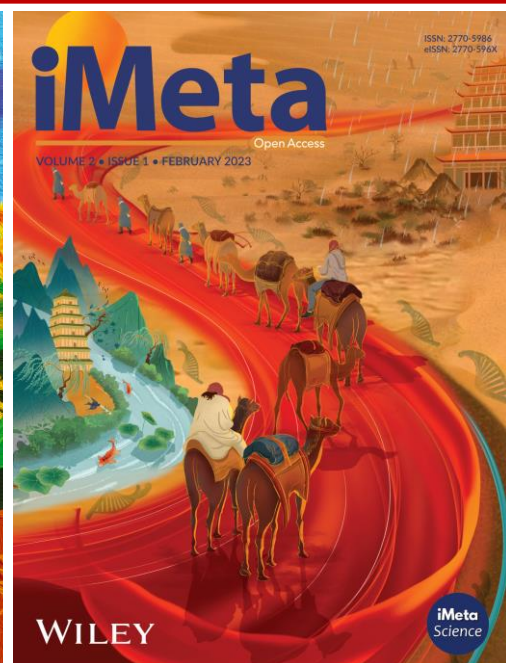
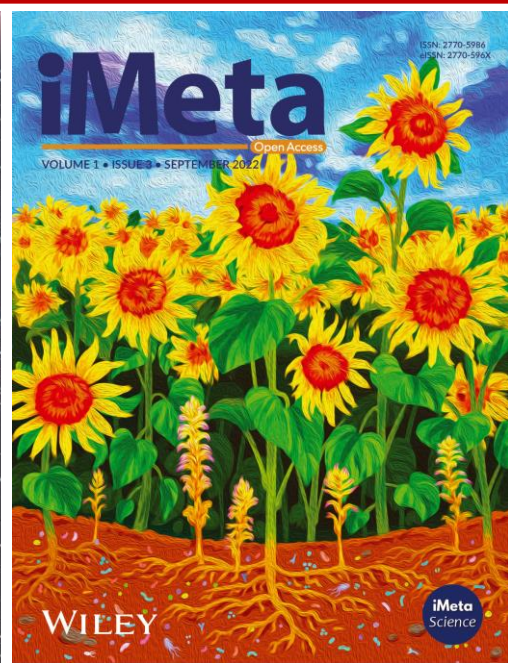




总结

- ❑ 全面的分析功能和多组支持：OUTPOST 提供 14 个模块，集成了超过 50 个功能和 40 多个第三方工具，使其特别适合处理多组实验设计和复杂的宏基因组分析。
- ❑ 创新性的计算扰动实验和生物标志物识别：OUTPOST 引入了计算扰动实验和基于元分析的生物标志物识别，增强了分析的稳健性和应用价值。
- ❑ 操作稳健性和用户友好性：OUTPOST 基于 Snakemake 框架，构建了一个可靠且灵活的分析环境，能够满足从初学者到高级研究者的多种需求。

Yihang Zhou, Jihong Zheng, Wenqi Song, Xinyi Yan, Li Du, Zhonglin Ma, Yanbin Fu, Zhaohui Ouyang, Yuchen Xiao, Zhuoqun Liu, Feng Tian, Jason Wing Hon Wong, Jen Hao David Shih, Shikang Liang, Honglei Tian, Liu Liu, Ke Wei, Chao Zhang, Jiangtao Li, Xiaozhu Wang. 2024. OUTPOST: a comprehensive analysis software for whole-metagenome shotgun sequencing incorporating group stratification. *iMetaOmics* 1: e29.
<https://doi.org/10.1002/imo2.29>



“**iMeta**”(影响因子**23.7**)由威立、肠菌分会和数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，重点关注微生物组、生物信息、大数据和多组学等；
影响力：[ESCI/WOS/JCR](#)、[PubMed](#)、[Google](#)、[Scopus](#)收录，**IF 23.7**位列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>



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



office@imeta.science
imetaomics@imeta.science



宣传片



iMeta

