



easynem: 一个用于计算和可视化 土壤线虫生态指数的R软件包

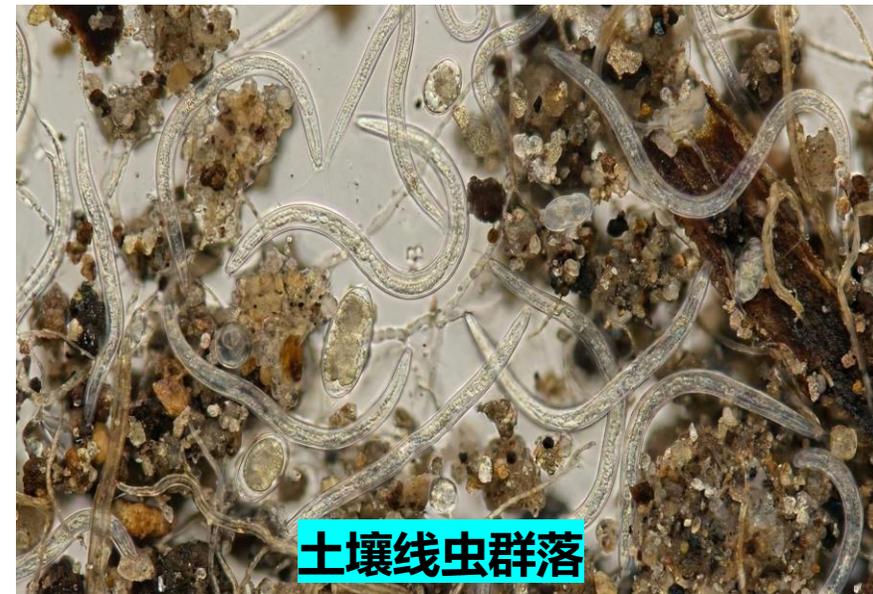
王坤光^{1#}, 邵吉祺^{1#}, 马静¹, 崔冬明¹, 傅子玥¹, 唐岚¹, 马润姣¹,
左元梅^{1*}, 顾少华^{1*}

¹中国农业大学资源与环境学院
国家农业绿色发展研究院
养分资源高效利用全国重点实验室



Kunguang Wang, Jiqi Shao, Jing Ma, Dongming Cui, Ziyue Fu, Lan Tang, Runjiao Ma, et al. 2026. *easynem*: an R package for computing and visualizing soil nematode ecological indices. *iMetaOmics* 2: e70083. <https://doi.org/10.1002/imo2.70083>

简介



Data Preparation

Data reading
`read_nem()`
`read_nem2()`

Automated linking to soil nematode databases

Database visualization
`nem_database()`

Abundance Taxonomy Test design

Genus	Family	Feeding	Cp_value
Aba...	Mer...	Herbivo...	1
Abb...	Phy...	Funivor...	3
Abe...	Enc...	Bacteri...	3

Data Pre-processing

Data filtering
`filter_name()`
`filter_num()`

Data transformation
`trans_name()`
`trans_formula()`
`trans_norm()`
`trans_rare()`
`trans_combine()`



Data Visualization

`nem_plot()`

Life-history strategy

Metabolic footprint

Energy flows

Calculation of Nematode-based Indices

Nematode community
`calc_alpha()`
`calc_beta()`
`calc_nemindex()`
`calc_ter()`
`calc_compare()`

Nematode-based indices
`calc_funguild()`
`calc_mf()`
`calc_ef()`
`calc_lm()`



亮点

安装和加载easynem

```
install.packages("easynem")
```

```
library(easynem)
```

导入数据

```
nem <- read_nem2(tab = nemtab,  
                tax = nemtax,  
                meta = nemmeta)
```

代谢足迹分析

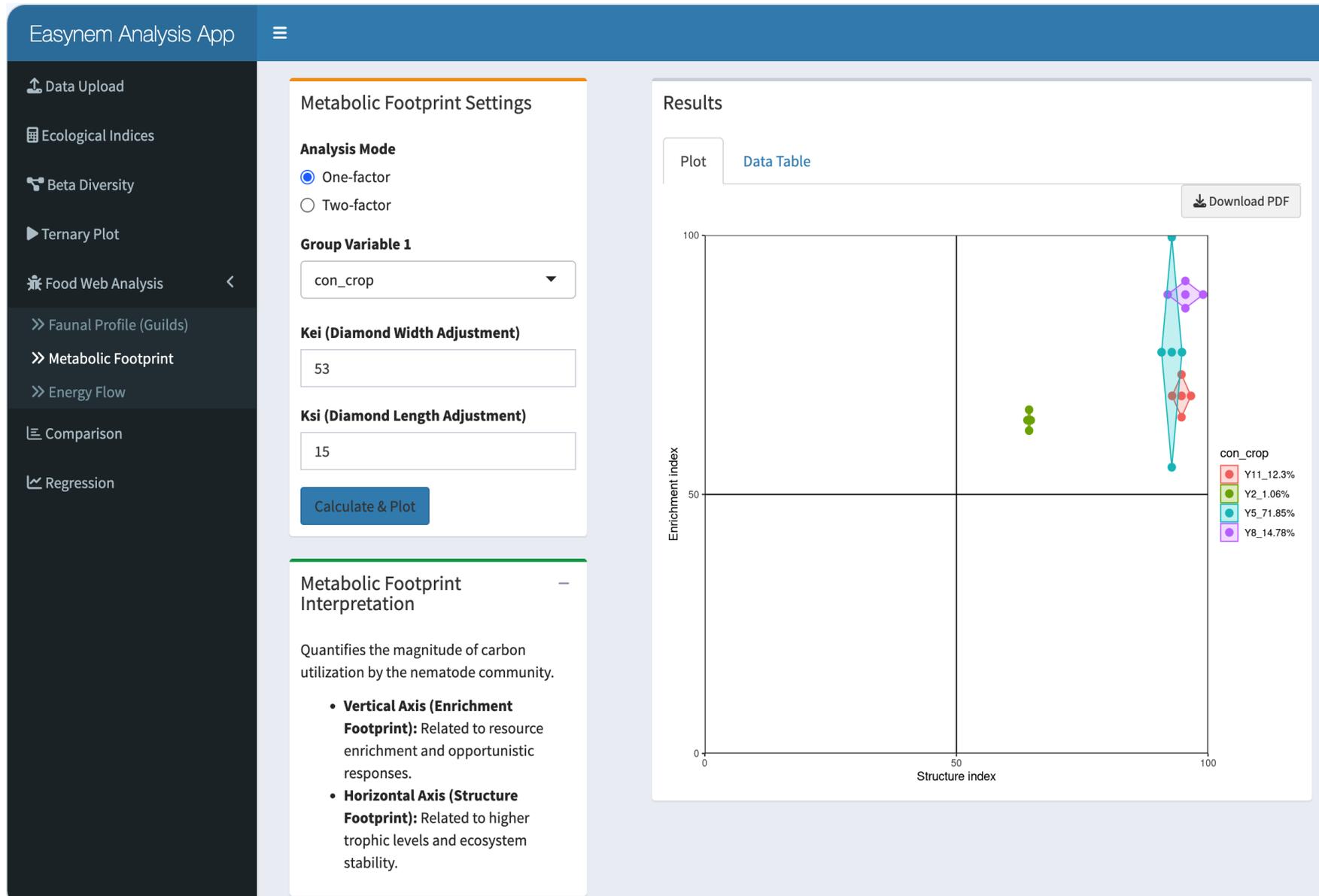
```
p <- nem |>
```

```
  calc_nemindex() |>
```

```
  calc_mf(con_crop) |>
```

```
  nem_plot(kei = 53, ksi = 15)
```

R代码



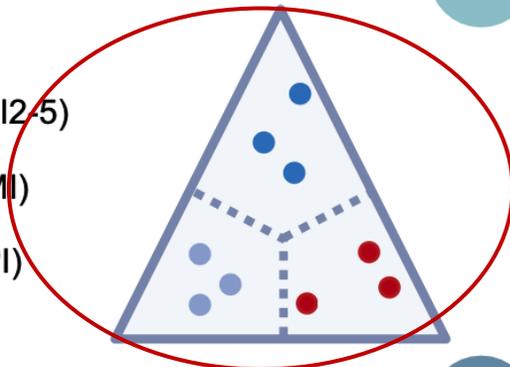
https://whkygl.shinyapps.io/Easynem_Analysis/



线虫生态指数概述

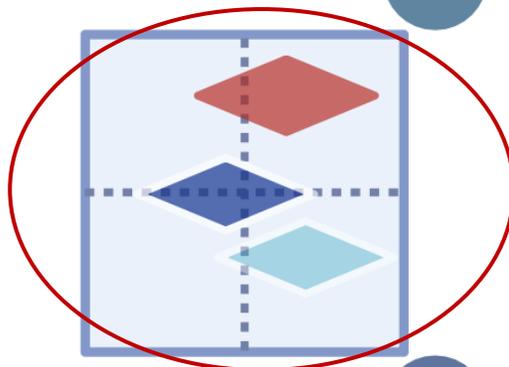
线虫生活史策略

- Cp三角
- 成熟度指数2-5 (MI2-5)
- 总成熟度指数 (ΣMI)
- 植物寄生指数 (PPI)
- PPI/MI

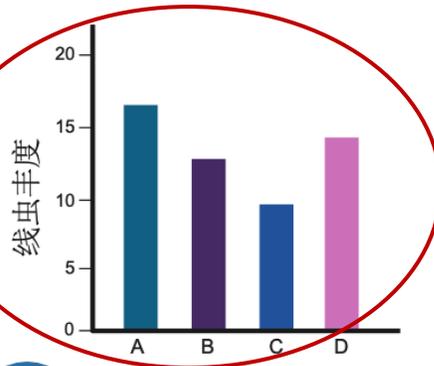


代谢足迹分析

- 富集代谢足迹
- 结构代谢足迹
- 功能代谢足迹
- 综合代谢足迹
- 植食、食细菌和食真菌线虫代谢足迹



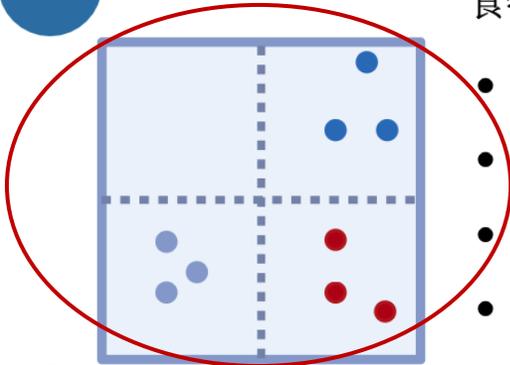
1970



丰富度和多样性

- 物种丰富度 (S)
- 辛普森指数 (D)
- 香农多样性指数 (H')
- 皮尔洛均匀度指数 (J')

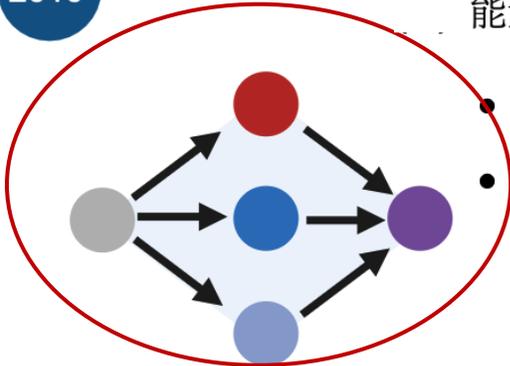
1990



食物网和区系分析

- 富集指数 (EI)
- 结构指数 (SI)
- 通道指数 (CI)
- 基础指数 (BI)

2010



能量结构分析

- 能量流动
- 能量结构均匀性 (U)

至今



案例一：土壤线虫食性和生活史策略分析



猕猴桃园覆草试验土壤线虫群落数据集

- CK: 无作物覆盖
- C2: 2种作物覆盖
- C4: 4种作物覆盖
- C8: 8种作物覆盖

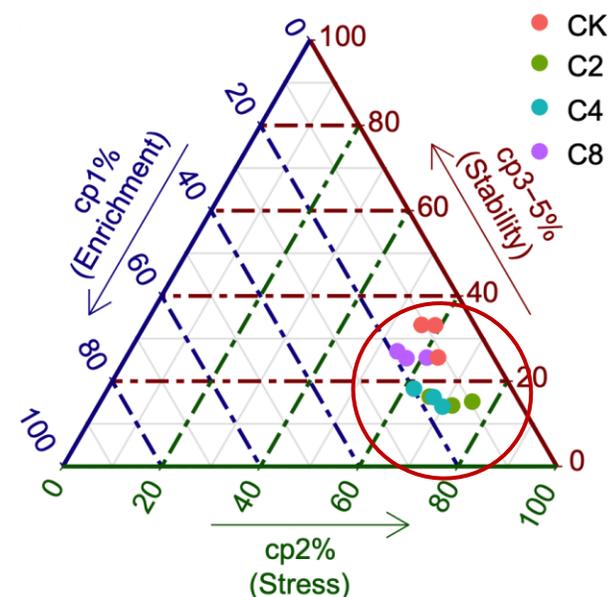
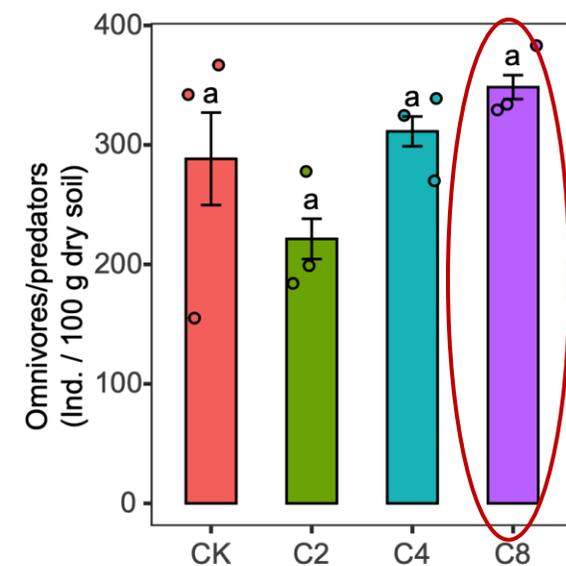
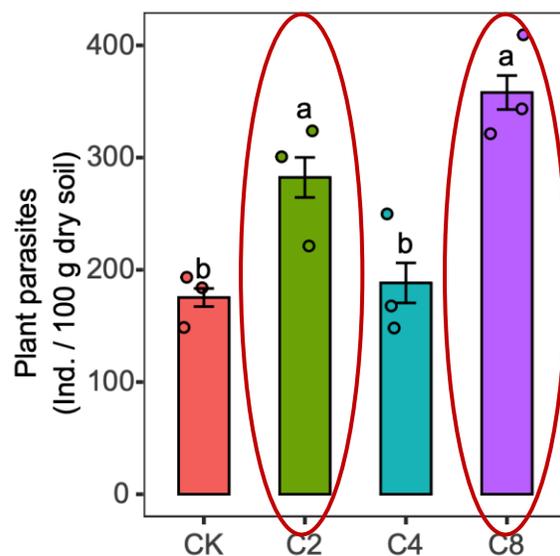
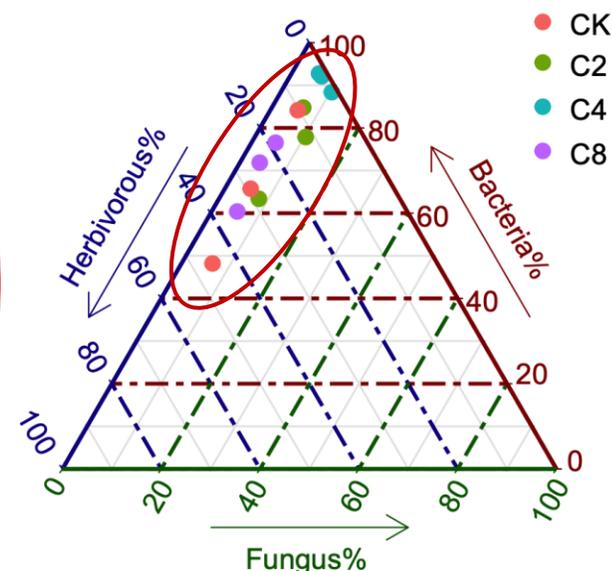
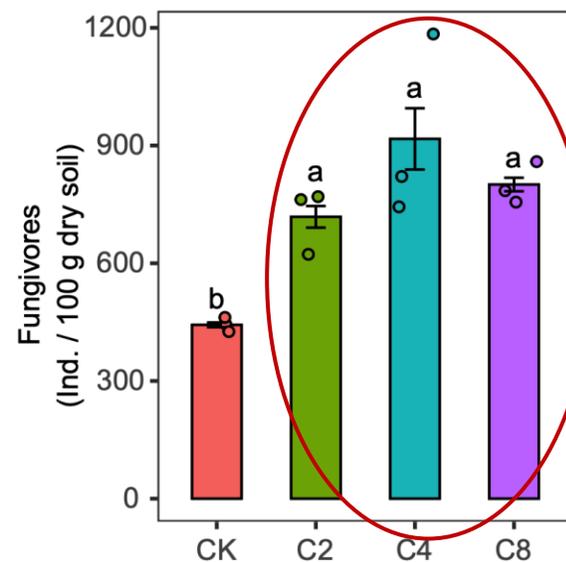
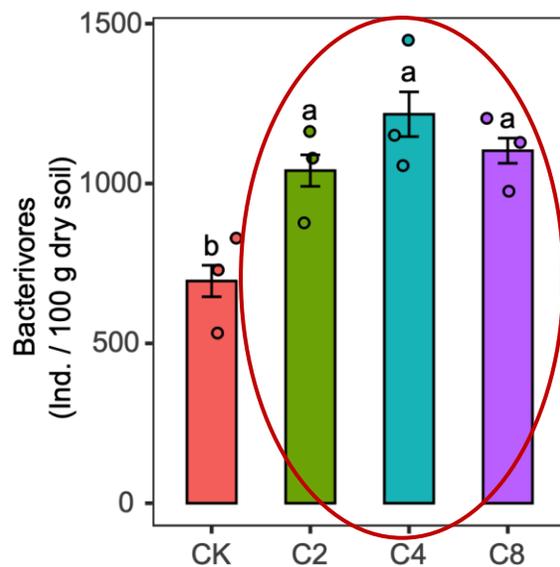


图1. 不同覆盖作物处理线虫食性和生活史策略分布



案例二：土壤线虫生态指数分析

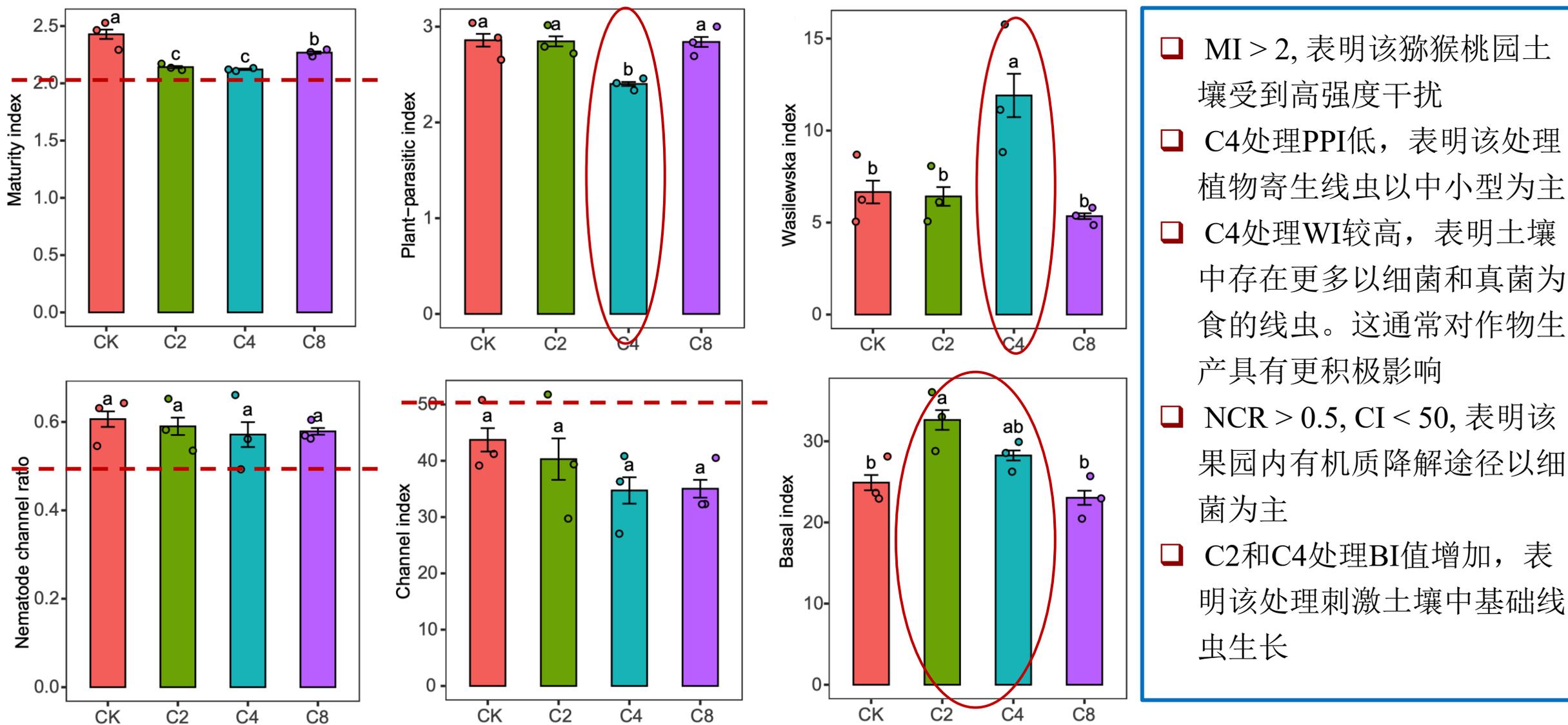
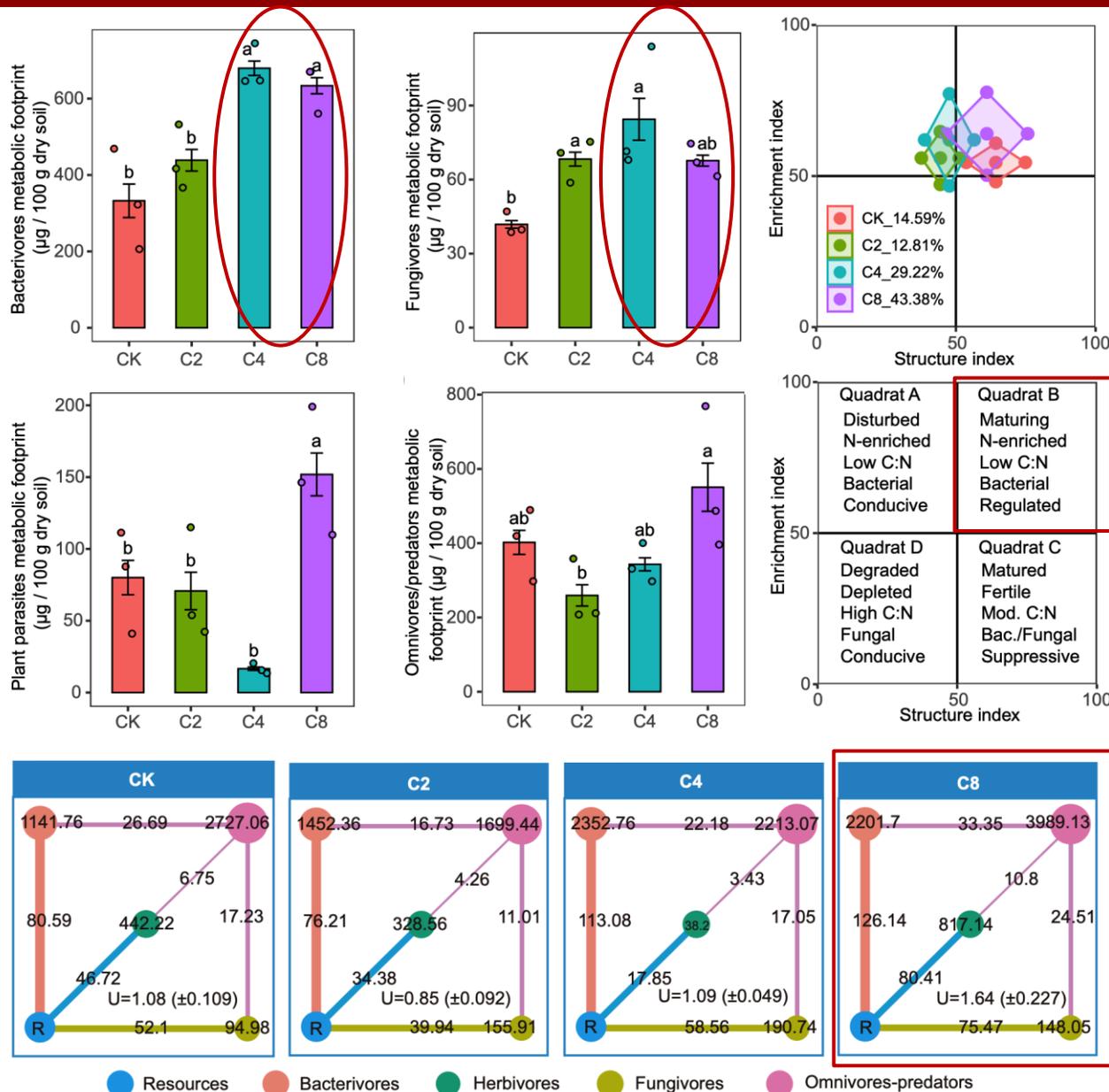


图2. 土壤线虫生态指数在不同覆盖作物处理下的变化



案例三：土壤线虫代谢足迹和能量结构分析

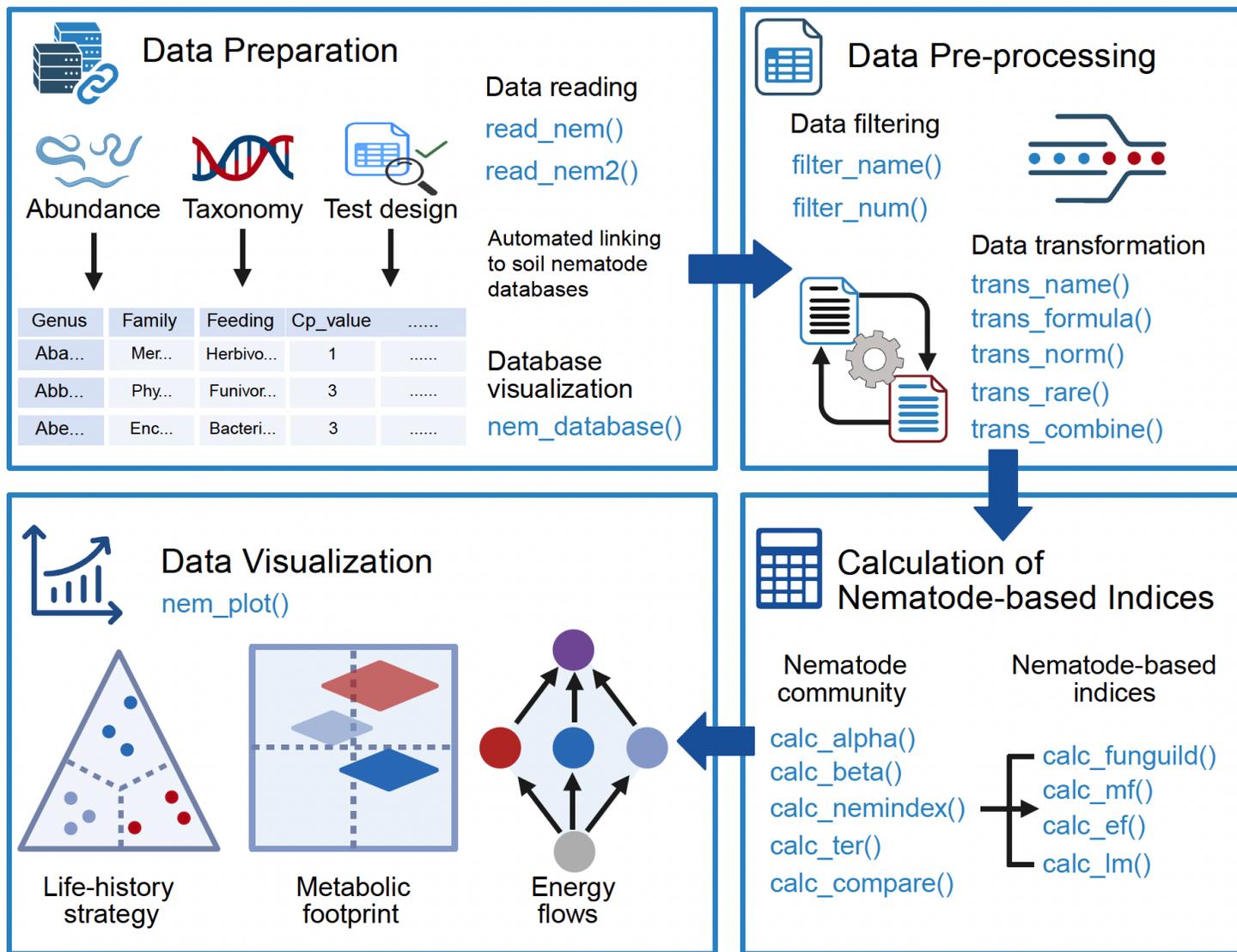


- ❑ C4与C8处理的食细菌与食真菌线虫代谢足迹显著高于CK，较高的代谢足迹表明土壤线虫活性更强，对土壤生态服务和功能的贡献更大
- ❑ C8与CK处理主要位于区系分析图的B象限，这表明其土壤养分状况较好，土壤干扰较少，暗示土壤食物网处于稳定和成熟的状态
- ❑ C8处理的功能代谢足迹高于C2和C4，说明C8比其他处理更能促进捕食性杂食线虫的代谢活动
- ❑ 与CK相比，C8增加了各营养类群线虫的生物量和能量流动，并形成了最均匀的线虫能量结构

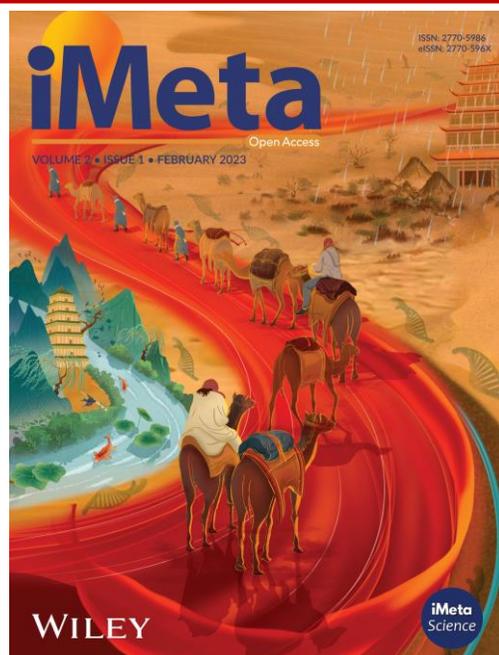
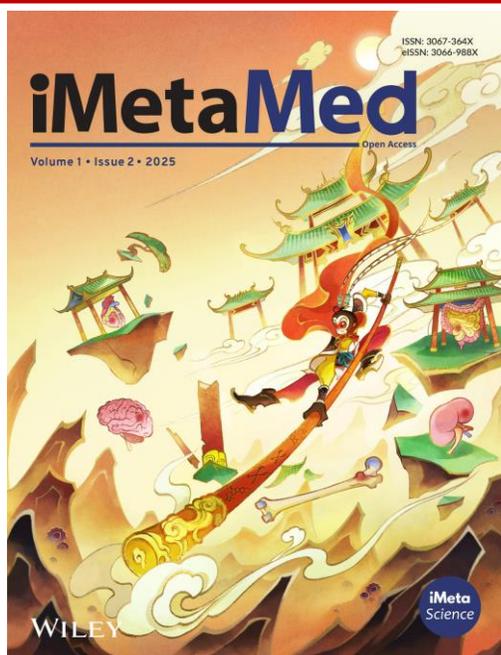
图3. 不同覆盖作物处理土壤线虫代谢足迹和能量结构变化



总结



- *easynem* 是一款用户友好且灵活的 R 包，旨在简化复杂的土壤线虫群落分析以评估土壤健康。
- 它提供了一套集成化的工作流程，涵盖数据处理、数十种生态指数的计算以及结果的全面可视化，从而将复杂的线虫群落生成有意义的生态学见解。



iMeta(宏)期刊是由宏科学、千名华人科学家和威立共同出版，对标**Cell**的生物/医学类综合期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，重点关注生物技术、大数据和组学等前沿交叉学科。已被**SCIE**、**PubMed**等收录，最新IF 33.2，位列全球SCI期刊第65位(前千分之三)，中国第5位，微生物学研究类全球第一，中科院生物学双1区Top。外审平均21天，投稿至发表中位数87天。子刊**iMetaOmics** (宏组学)、**iMetaMed** (宏医学)定位IF>10和15的生物、医学综合期刊，欢迎投稿!



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

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

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



宣传片



[iMeta](#)



更新日期
2025/7/6