

腸内細菌叢解析データの開き方

www.cosmobio.co.jp



納品データのダウンロード

下記URLよりデータファイル（ZIP）のダウンロードをお願い致します。

※ダウンロードはGooglechromeのブラウザをご利用下さい。

<https://dna2.macrogen.com/admin/lims3/atchFileDown.jsp?atchmnflNo=-3cf6d226020530be6bff6b094d77299a&seqno=1>

※7Zipファイルですので、解凍して頂きますようお願い致します。

※解凍ソフトをお持ちでなければ<http://www.7-zip.org/> より
ソフトのダウンロードをお願い致します。

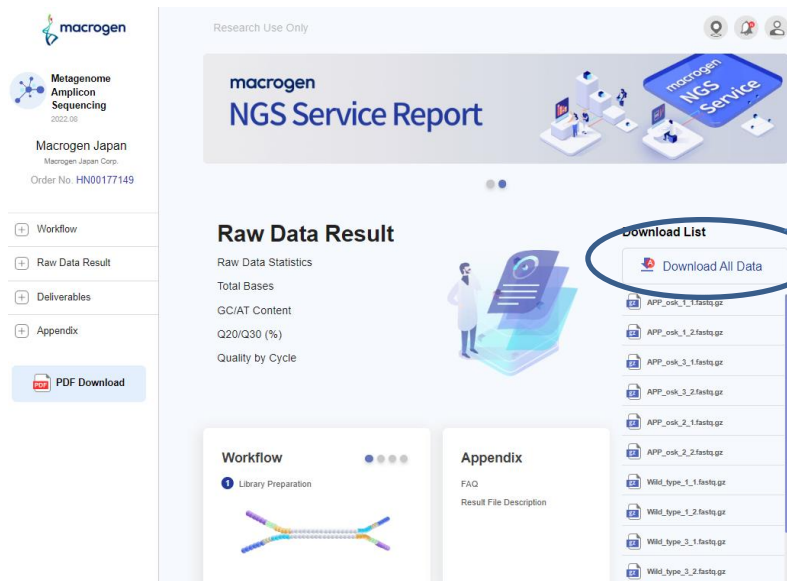
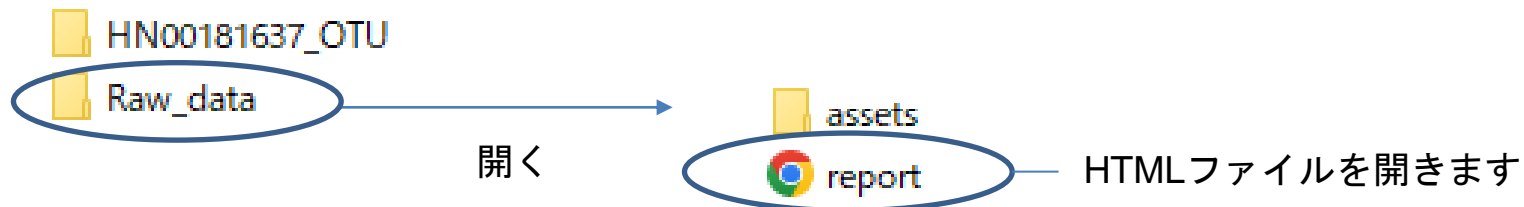
各サンプルのRaw dataファイルはRaw dataフォルダ内の
Report.html中のリンクからダウンロードをお願い致します。

このアドレスは例ですのでクリックして
開くことはできません。納品時のメール
をご確認ください

納品のデータリンクが貼られたメールが送信されてきます。
リンク先から「7Zipファイル」をダウンロード、解凍します。

収録データ（生データの保存）

ダウンロード、解凍すると「OTU」と「Raw Data」フォルダが収録されています。
まずはRaw Dataのダウンロードを行います。

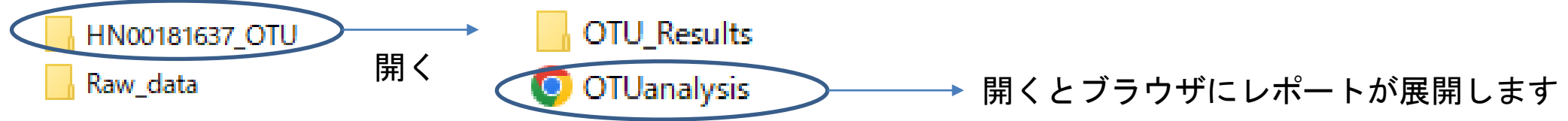


ブラウザでこの画面が開きますので、
「Download All Data」
からダウンロードします。
この「fastqファイル」が生データになります。

将来、このデータを次のデータと比較したい、となった場合必要
になりますので、もう一度解析に使用する可能性がある場合はと
くに大事に保管してください。

※解析元では3か月保管後に消去します

収録データ（レポート）



I. Analysis Procedure



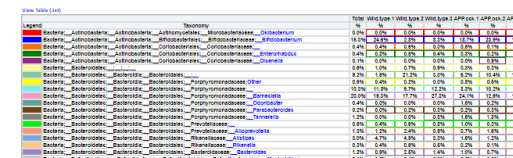
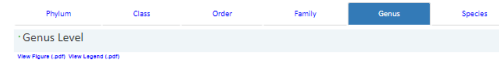
「MANUAL Download」からシーケンスデータの解析条件を閲覧できます。
使用しているソフト、バージョン、設定値情報などが記載されています。

II. Results of Analysis

Assembly	Results of Assembly [HTML] [EXCEL]
Preprocessing & Clustering	Summary [HTML] Representative sequence (OTU) [FASTA]
Taxonomic assignment - uclust_RDP	Bar type [HTML] Area type [HTML] OTU abundance [EXCEL] Taxonomy abundance - Count [EXCEL] / Ratio [EXCEL]
Diversity statistics	Community richness & diversity [HTML] [EXCEL] Rarefaction [HTML] PCoA(weighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] PCoA(unweighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] UPGMA tree comparing samples(weighted unifracs) [HTML] [tree] UPGMA tree comparing samples(unweighted unifracs) [HTML] [tree]

各項目の[HTML]をクリックするとブラウザ上での閲覧
[EXCEL]をクリックすると編集可能なファイルを入手できます。
(詳しくは次ページ)

Bar type [HTML] をクリック

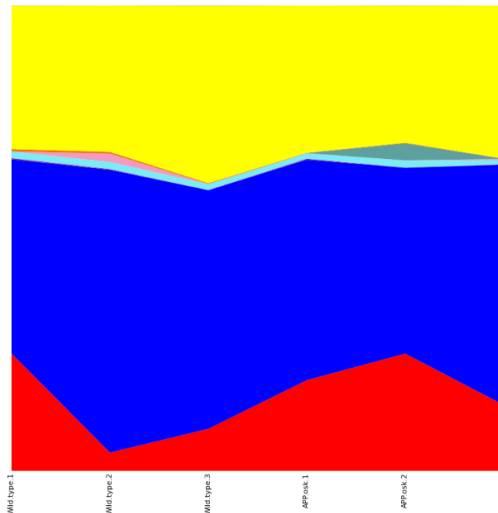
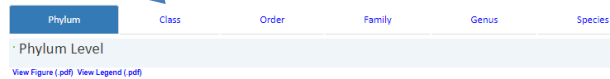


収録データ（細菌叢データの確認）

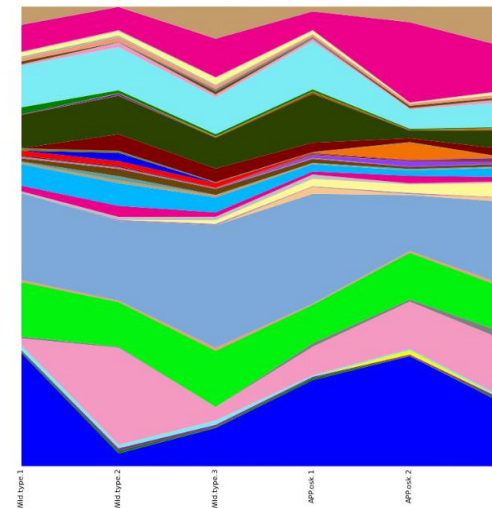
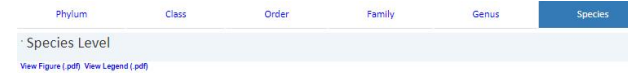
Assembly	Results of Assembly [HTML] [EXCEL]
Preprocessing & Clustering	Summary [HTML] Representative sequence (OTU) [FASTA]
Taxonomic assignment - uclust_RDP	Bar type [HTML] Area type [HTML] OTU abundance [EXCEL] Taxonomy abundance - Count [EXCEL] / Ratio [EXCEL]
Diversity statistics	Community richness & diversity [HTML] [EXCEL] Rarefaction [HTML] PCoA(weighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] PCoA(unweighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] UPGMA tree comparing samples(weighted unifracs) [HTML] [.tre] UPGMA tree comparing samples(unweighted unifracs) [HTML] [.tre]

Area type [\[HTML\]](#) をクリック

階層のタブをクリックすることで、PhylumからSpeciesまで、すべての階層で結果を表示可能
※データ内容はBar type と同じ



Phylum（門）



Species（種）



収録データ（細菌叢グラフを自分で作る、表示順を変えたい時など）

Assembly	Results of Assembly [HTML] [EXCEL]
Preprocessing & Clustering	Summary [HTML] Representative sequence (OTU) [FASTA]
Taxonomic assignment - uclust_RDP	Bar type [HTML] Area type [HTML] OTU abundance [EXCEL] Taxonomy abundance (count) [EXCEL] / Ratio [EXCEL]
Diversity statistics	Community richness & diversity [HTML] [EXCEL] Rarefaction [HTML] PCoA(weighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] PCoA(unweighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] UPGMA tree comparing samples(weighted unifracs) [HTML] [.tre] UPGMA tree comparing samples(unweighted unifracs) [HTML] [.tre]

OUT abundance [EXCEL]をクリック
エクセルファイルをダウンロード

Denovo0からすべてのOUTが、データベースのどのアクセッションNo.にヒットしたか、第3候補まで表示される。
生物の階層ごとに2候補以上が一致した場合分類結果が表示され、一致しない場合は「_」が表示される。

No.をクリックするとデータベースへとリンクする

Group	Organism	Kingdom	Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	Score	Hit	Accession Number	Accession Number	Accession Number
denovo0	Bacteria; "Actinobacteria"; Actinobacteria; Bifidobacteriales; Bifidobacteriaceae; Bifidobacterium	Bacteria	"Actinobacteria"	Actinobacteria	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	-	1	1	EU029514	FJ676863	KF468634
denovo1	Bacteria; "Firmicutes; Erysipelotrichia; Erysipelotrichales; Erysipelotrichaceae; Allobaculum; uncu	Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Allobaculum	uncultured bacterium	1	1	JF79095	FJ879098	FJ880665
denovo2	Bacteria; "Bacteroidetes"; "Bacteroidia"; "Bacteroidales"; "uncultured bacterium	Bacteria	"Bacteroidetes"	"Bacteroidia"	"Bacteroidales"	"Bacteroidales"	"Bacteroidales"	uncultured bacterium	0.67	1	JF79095	EF097517	EF096780
denovo3	Bacteria; "Bacteroidetes"; "Bacteroidia"; "Bacteroidales"; "Porphyromonadaceae"; Barnesiella;	Bacteria	"Bacteroidetes"	"Bacteroidia"	"Bacteroidales"	"Porphyromonadaceae"	Barnesiella	uncultured bacterium	1	1	JN013140	JN013064	JN013140
denovo4	Bacteria; "Firmicutes; Erysipelotrichia; Erysipelotrichales; Erysipelotrichaceae; Turicibacter; uncu	Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Turicibacter	uncultured bacterium	1	1	HM809503	HM809503	HM808248
denovo5	Bacteria; "Firmicutes; Bacilli; Lactobacillales; Lactobacillaceae; Lactobacillus; uncultured bacteri	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	Lactobacillus	uncultured bacterium	1	1	JQ08165	FJ835317	FJ835300
denovo6	Bacteria; "Firmicutes; Bacilli; Lactobacillales; Lactobacillaceae; Lactobacillus; uncultured bacteri	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	Lactobacillus	uncultured bacterium	1	1	FJ163766	FJ163767	FJ163765
denovo7	Bacteria; "Bacteroidetes"; "Bacteroidia"; "Bacteroidales"; "Porphyromonadaceae"; Barnesiella;	Bacteria	"Bacteroidetes"	"Bacteroidia"	"Bacteroidales"	"Porphyromonadaceae"	Barnesiella	uncultured bacterium	1	1			
denovo8	Bacteria; "Firmicutes; Erysipelotrichia; Erysipelotrichales; Erysipelotrichaceae; Allobaculum; uncu	Bacteria	Firmicutes	Erysipelotrichia	Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	Allobaculum	uncultured bacterium	0.67	1			
denovo9	Bacteria; "Bacteroidetes"; "Bacteroidia"; "Bacteroidales"; "Porphyromonadaceae"; Barnesiella;	Bacteria	"Bacteroidetes"	"Bacteroidia"	"Bacteroidales"	"Porphyromonadaceae"	Barnesiella	uncultured bacterium	1	1			
denovo10	Bacteria; "Bacteroidetes"; "Bacteroidia"; "Bacteroidales"; "Porphyromonadaceae"; uncu	Bacteria	"Bacteroidetes"	"Bacteroidia"	"Bacteroidales"	"Porphyromonadaceae"	"Bacteroidales"	uncultured bacterium	1	1			
denovo11	Bacteria; "Bacteroidetes"; "Bacteroidia"; "Bacteroidales"; "Prevotellaceae"; Allovotella; uncu	Bacteria	"Bacteroidetes"	"Bacteroidia"	"Bacteroidales"	"Prevotellaceae"	Allovotella	uncultured bacterium	1	1			
denovo12	Bacteria; "Proteobacteria"; Epsilonproteobacteria; Campylobacteriales; Helicobacteraceae; Helicob	Bacteria	"Proteobacteria"	Epsilonproteobacteria	Campylobacteriales	Helicobacteraceae	Helicobacter	uncultured bacterium	1	1			
denovo13	Bacteria; "Bacteroidetes"; "Bacteroidia"; "Bacteroidales"; "Porphyromonadaceae"; uncu	Bacteria	"Bacteroidetes"	"Bacteroidia"	"Bacteroidales"	"Porphyromonadaceae"	"Bacteroidales"	uncultured bacterium	1	1			
denovo14	Bacteria; "Bacteroidetes"; "Bacteroidia"; "Bacteroidales"; "Porphyromonadaceae"; uncu	Bacteria	"Bacteroidetes"	"Bacteroidia"	"Bacteroidales"	"Porphyromonadaceae"	"Bacteroidales"	uncultured bacterium	0.67	1			
denovo15	Bacteria; "Bacteroidetes"; "Bacteroidia"; "Bacteroidales"; "Porphyromonadaceae"; Barnesiella;	Bacteria	"Bacteroidetes"	"Bacteroidia"	"Bacteroidales"	"Porphyromonadaceae"	Barnesiella	uncultured bacterium	0.67	1			
denovo16	Bacteria; "Bacteroidetes"; "Bacteroidia"; "Bacteroidales"; "Porphyromonadaceae"; uncu	Bacteria	"Bacteroidetes"	"Bacteroidia"	"Bacteroidales"	"Porphyromonadaceae"	"Bacteroidales"	uncultured bacterium	0.67	1			

National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

Accession Number: [EU029514](#)

Accession Number: [FJ676863](#)

Accession Number: [KF468634](#)

Accession Number: [JF79095](#)

Accession Number: [EF097517](#)

Accession Number: [JN013140](#)

Accession Number: [HM809503](#)

Accession Number: [JQ08165](#)

Accession Number: [FJ163766](#)

Accession Number: [FJ163767](#)

Accession Number: [FJ835317](#)

Accession Number: [FJ835300](#)

Accession Number: [FJ163765](#)

Uncultured Bifidobacterium sp. clone T4310 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

Genbank: EU029514.1

FASTA Genbank Epub

Accession Number: [EU029514](#)

Accession Number: [FJ676863](#)

Accession Number: [KF468634](#)

Accession Number: [JF79095](#)

Accession Number: [EF097517](#)

Accession Number: [JN013140](#)

Accession Number: [HM809503](#)

Accession Number: [JQ08165](#)

Accession Number: [FJ163766](#)

Accession Number: [FJ163767](#)

Accession Number: [FJ835317](#)

Accession Number: [FJ835300](#)

Accession Number: [FJ163765](#)



収録データ（細菌叢グラフを自分で作る、表示順を変えたい時など）

Assembly	Results of Assembly [HTML] [EXCEL]
Preprocessing & Clustering	Summary [HTML] Representative sequence (OTU) [FASTA]
Taxonomic assignment - uclust_RDP	Bar type [HTML] Area type [HTML] OTU abundance [EXCEL] Taxonomy abundance - Count [EXCEL] / Ratio [EXCEL]
Diversity statistics	Community richness & diversity [HTML] [EXCEL] Rarefaction [HTML] PCoA(weighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] PCoA(unweighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] UPGMA tree comparing samples(weighted unifracs) [HTML] [.tre] UPGMA tree comparing samples(unweighted unifracs) [HTML] [.tre]

Taxonomic assignment

Taxonomy abundance - Count [EXCEL]をクリック

CountとRatio のファイルがあり、PhylumからSpeciesまで、すべての階層をシート別に収録

	A	B	C	D	E	F	G	H
1	Kingdom	Phylum	Wild.t	Wild.t	Wild.t	APP.o	APP.o	APP.o
2	Bacteria	Actinobacteria	7,901	1,084	2,660	6,953	6,527	3,902
3	Bacteria	Bacteroidetes	13,081	16,849	15,130	16,924	10,355	14,243
4	Bacteria	Deferribacteres	71	40	7	74	7	21
5	Bacteria	Proteobacteria	451	428	370	403	398	243
6	Bacteria	Tenericutes	2	498	14	15	6	77
7	Bacteria	Verrucomicrobia	0	0	0	1	942	0
8	Bacteria	Candidatus Saccharibacteria	151	94	40	21	32	17
9	Bacteria	Cyanobacteria/Chloroplast	5	4	8	10	6	5
10	Bacteria	Firmicutes	9,653	8,712	11,246	11,293	7,630	9,064
11	Unassigned	Other	9	3	13	1	9	2

収録データ（α多様性解析結果）

Assembly	Results of Assembly [HTML] [EXCEL]
Preprocessing & Clustering	Summary [HTML] Representative sequence (OTU) [FASTA]
Taxonomic assignment - uclust_RDP	Bar type [HTML] Area type [HTML] OTU abundance [EXCEL] Taxonomy abundance - Count [EXCEL] / Ratio [EXCEL]
Diversity statistics	Community richness & diversity [HTML] [EXCEL] Rarefaction [HTML] PCoA(weighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] PCoA(unweighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] UPGMA tree comparing samples(weighted unifracs) [HTML] [.tre] UPGMA tree comparing samples(unweighted unifracs) [HTML] [.tre]

腸内細菌叢解析におけるα多様性とβ多様性

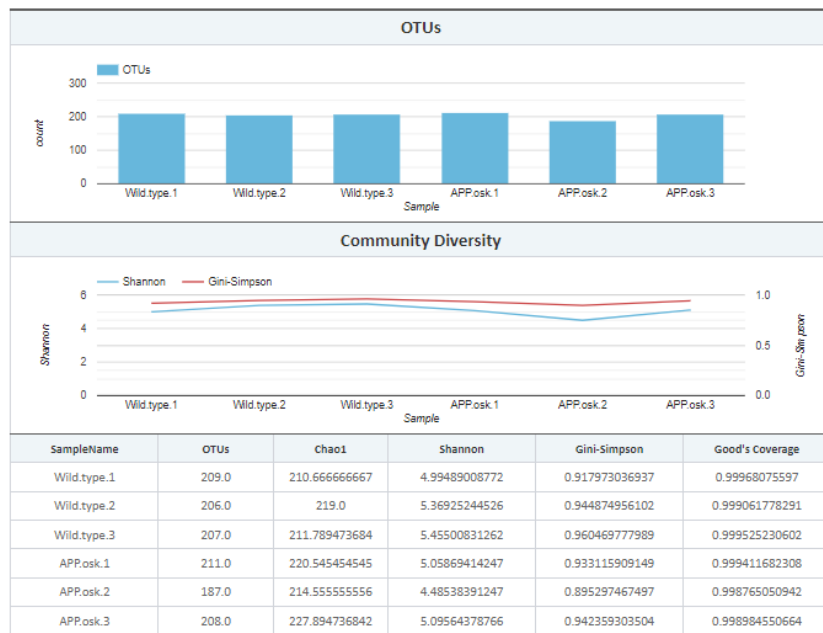
α多様性：1人の患者(個体)の腸内細菌叢において、どのくらいの種類がどのくらい均等に存在しているか？(個体内の比較)

β多様性：患者(個体)AとBの間で、どれくらい多様性が異なるか？(個体間の比較)

Community richness & diversity

Diversity statistics

Community richness & diversity [\[HTML \]](#) をクリック



下記の数値を収録

Chao1：検体中に存在する菌種数の推定値（期待値）

Shannon index：検出された種の数と均一性を評価した指数。数値が高いほど多様性も高い

Gini Simpson：シャノン指数と同じく種の数と均一性を評価した指数。多くの種が均一に検出されると1に近づく（1にはならない）

Good's Coverage：取得データ量が評価に十分かの参考値となる。0.99以上が望ましいとされる。

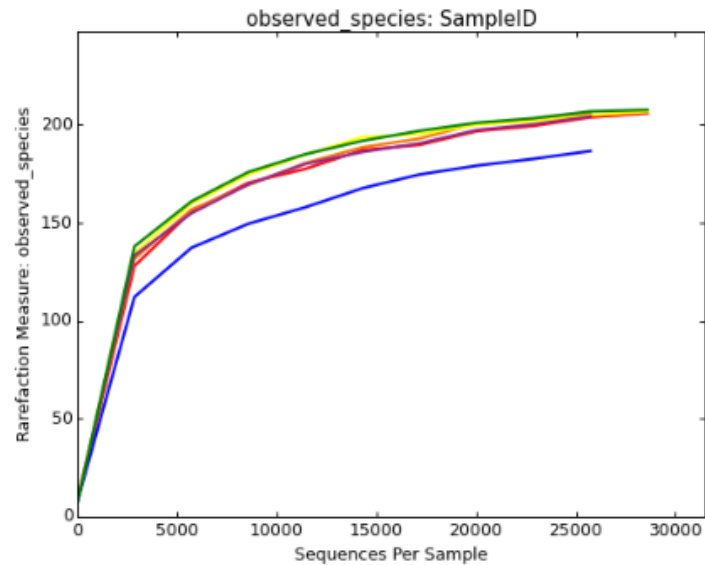
収録データ（α多様性解析結果）

Assembly	Results of Assembly [HTML] [EXCEL]
Preprocessing & Clustering	Summary [HTML] Representative sequence (OTU) [FASTA]
Taxonomic assignment - uclust_RDP	Bar type [HTML] Area type [HTML] OTU abundance [EXCEL] Taxonomy abundance - Count [EXCEL] / Ratio [EXCEL]
Diversity statistics	Community richness & diversity [HTML] [EXCEL] Rarefaction [HTML] PCoA(weighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] PCoA(unweighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] UPGMA tree comparing samples(weighted unifracs) [HTML] [.tre] UPGMA tree comparing samples(unweighted unifracs) [HTML] [.tre]

Diversity statistics

Rarefaction[HTML] をクリック

Select a Metric: Select a Category:



Show Categories:

Legend

- APP.osk.1
- APP.osk.2
- APP.osk.3
- Wild.type.1
- Wild.type.2
- Wild.type.3

シーケンスリード数と検出された種の数のグラフ。
シーケンスリード数が十分であったかの参考となる。
グラフがプラトーに達していない場合は、リード数が不足している可能性がある。

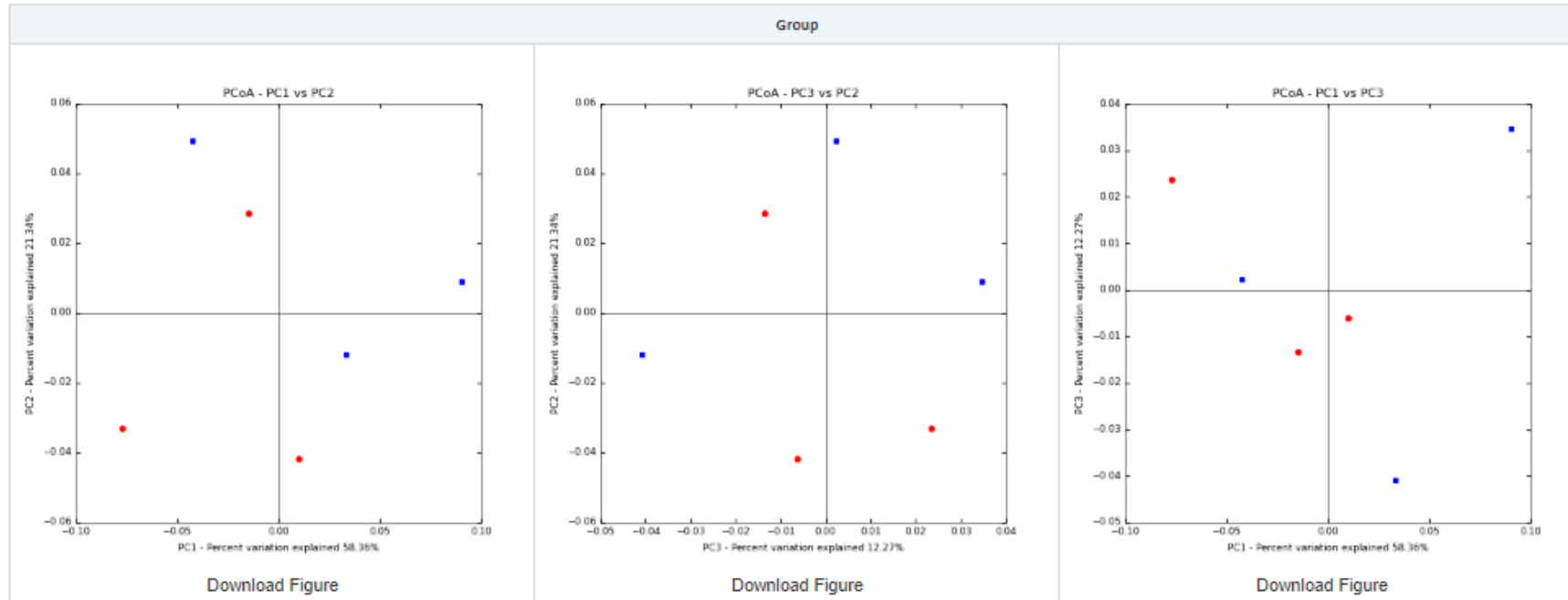
収録データ（β多様性解析結果）

Assembly	Results of Assembly [HTML] [EXCEL]
Preprocessing & Clustering	Summary [HTML] Representative sequence (OTU) [FASTA]
Taxonomic assignment - uclust_RDP	Bar type [HTML] Area type [HTML] OTU abundance [EXCEL] Taxonomy abundance - Count [EXCEL] / Ratio [EXCEL]
Diversity statistics	Community richness & diversity [HTML] [EXCEL] Rarefaction [HTML] PCoA(weighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] PCoA(unweighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] UPGMA tree comparing samples(weighted unifracs) [HTML] [.tre] UPGMA tree comparing samples(unweighted unifracs) [HTML] [.tre]

Diversity statistics

PCoA(weighted unifracs) - 2D plot [\[HTML \]](#)

または PCoA(unweighted unifracs) - 2D plot [\[HTML \]](#)
をクリック



距離が離れているほど菌叢が違っていることを表す。

Weighted Unifrac：リード数を考慮
(リード数の重みをつけて評価)

Unweighted Unifrac：リード数は考慮しない

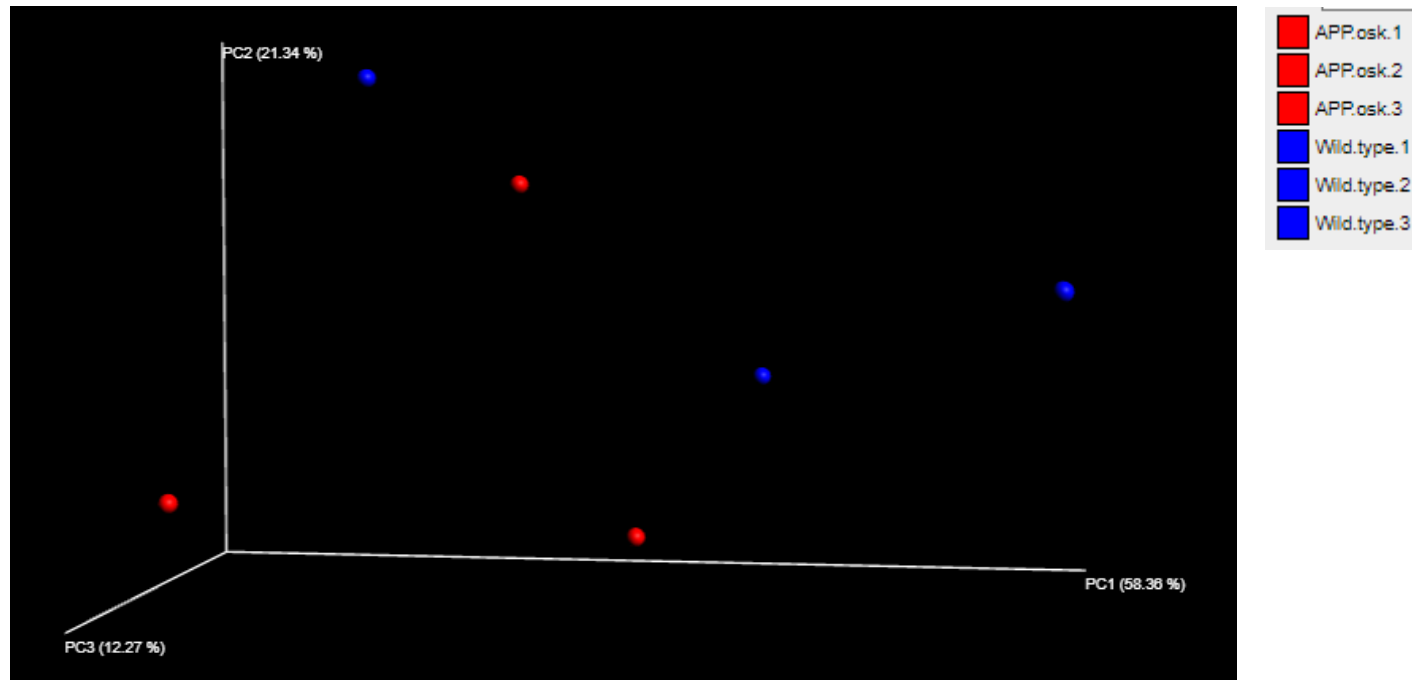
収録データ (β多様性解析結果)

Assembly	Results of Assembly [HTML] [EXCEL]
Preprocessing & Clustering	Summary [HTML] Representative sequence (OTU) [FASTA]
Taxonomic assignment - uclust_RDP	Bar type [HTML] Area type [HTML] OTU abundance [EXCEL] Taxonomy abundance - Count [EXCEL] / Ratio [EXCEL]
Diversity statistics	Community richness & diversity [HTML] [EXCEL] Rarefaction [HTML] PCoA(weighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] PCoA(unweighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] UPGMA tree comparing samples(weighted unifracs) [HTML] [.tre] UPGMA tree comparing samples(unweighted unifracs) [HTML] [.tre]

Diversity statistics

PCoA(weighted unifracs) - 3D plot [[HTML](#)]

またはPCoA(unweighted unifracs) - 3D plot [[HTML](#)]
をクリック



距離が離れているほど菌叢が違っていることを表す。

Weighted Unifrac : リード数を考慮(リード数の重みをつけて評価)

Unweighted Unifrac : リード数は考慮しない

収録データ（β多様性解析結果）

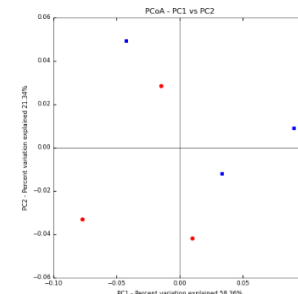
Assembly	Results of Assembly [HTML] [EXCEL]
Preprocessing & Clustering	Summary [HTML] Representative sequence (OTU) [FASTA]
Taxonomic assignment - uclust_RDP	Bar type [HTML] Area type [HTML] OTU abundance [EXCEL] Taxonomy abundance - Count [EXCEL] / Ratio [EXCEL]
Diversity statistics	Community richness & diversity [HTML] [EXCEL] Rarefaction [HTML] PCoA(weighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] PCoA(unweighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] UPGMA tree comparing samples(weighted unifracs) [HTML] [.tre] UPGMA tree comparing samples(unweighted unifracs) [HTML] [.tre]

Diversity statistics
PC value [\[HTML \]](#) をクリック

PC vector number - unifracs	1	2	3	4	5	6
Wild.type.1	-0.042504219022	0.0493689961458	0.00222154666001	-0.0202386179693	0.00598002479513	-0.0
Wild.type.2	0.0904350763171	0.00892035035989	0.0345610326004	-0.00178168565502	-0.00206155896625	-0.0
Wild.type.3	0.0332305356003	-0.0119287147905	-0.0407659839772	-0.0184029416134	-0.00558706167262	-0.0
APP.osk.1	-0.0145771567087	0.0285912636644	-0.01344821484	0.0358882554365	-0.00309557801929	-0.0
APP.osk.2	-0.0767596682258	-0.0329846388956	0.0235789689347	-0.00447969894256	-0.00612724116067	-0.0
APP.osk.3	0.0101754320392	-0.041967256484	-0.00614734937791	0.00901468874383	0.0108914150237	-0.0

寄与率の高いデータから順にPC1、PC2、PC3・・・とナンバリングされます。

このデータから任意のデータを用いて2D plot図などを作成可能です。



PC1とPC2を使用した一例

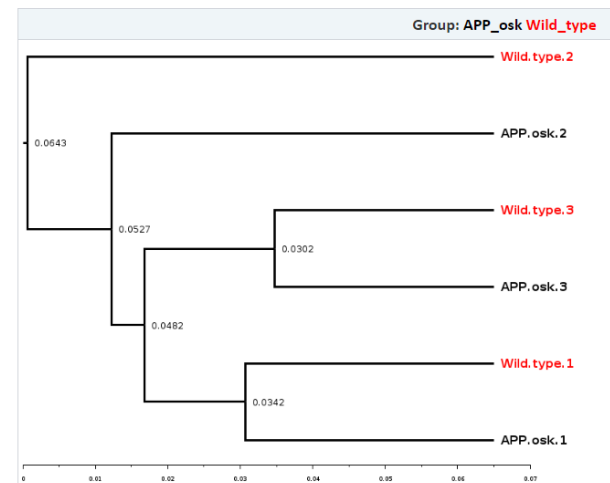
収録データ（β多様性解析結果）

Assembly	Results of Assembly [HTML] [EXCEL]
Preprocessing & Clustering	Summary [HTML] Representative sequence (OTU) [FASTA]
Taxonomic assignment - uclust_RDP	Bar type [HTML] Area type [HTML] OTU abundance [EXCEL] Taxonomy abundance - Count [EXCEL] / Ratio [EXCEL]
Diversity statistics	Community richness & diversity [HTML] [EXCEL] Rarefaction [HTML] PCoA(weighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] PCoA(unweighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] UPGMA tree comparing samples(weighted unifracs) [HTML] [.tre] UPGMA tree comparing samples(unweighted unifracs) [HTML] [.tre]

Diversity statistics

UPGMA tree comparing samples(weighted unifracs) [[HTML](#)]
または(unweighted unifracs) [[HTML](#)]
をクリック

● UPGMA Tree - weighted unifracs



サンプル間の類似度（非類似度）を視覚化します。
群集構造が近いサンプル同士でクラスタリングされます。
上流で分かれているほど菌叢が違っていることを表します。

収録データ（Summary）

Assembly	Results of Assembly [HTML] [EXCEL]
Preprocessing & Clustering	Summary [HTML] Representative sequence (OTU) [FASTA]
Taxonomic assignment - uclust_RDP	Bar type [HTML] Area type [HTML] OTU abundance [EXCEL] Taxonomy abundance - Count [EXCEL] / Ratio [EXCEL]
Diversity statistics	Community richness & diversity [HTML] [EXCEL] Rarefaction [HTML] PCoA(weighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] PCoA(unweighted unifracs) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] UPGMA tree comparing samples(weighted unifracs) [HTML] [.tre] UPGMA tree comparing samples(unweighted unifracs) [HTML] [.tre]

Summary [HTML] をクリック

解析前処理（低Qualityリード、キメラリード除去）後のリード数を記載しています。
こちらのリードを基に、OTU（operational taxonomic unit）の分類を行います。
配列の類似性が97%以上の配列を1つのOTUとして定義します。

OTU Picking Method: de novo

- Results of Clustering (cutoff : 97%)		
No.	SampleName	Read Count
1	Wild.type.1	31,324
2	Wild.type.2	27,712
3	Wild.type.3	29,488
4	APP.osk.1	35,695
5	APP.osk.2	25,912
6	APP.osk.3	27,574

- Results of Preprocessing	
Sample Count	6
Read Count	177,705
Gamma-diversity	306
Counts/sample summary	
Min	25,912.0
Max	35,695.0
Median	28,600.0
Mean	29,617.5
Filtered Read Count	
Ambiguous	0
Wrong prefix or primers (Sequence of prefix or primer)	35,025 CCTACGGG[ACGT]GGC[AT]GCAG
Low-Quality	4,503
Chimera	26,499
Other	424,401

収録データ (FASTA)

Assembly	Results of Assembly [HTML] [EXCEL]
Preprocessing & Clustering	Summary [HTML] Representative sequence (OTU) [FASTA]
Taxonomic assignment - uclust_RDP	Bar type [HTML] Area type [HTML] OTU abundance [EXCEL] Taxonomy abundance - Count [EXCEL] / Ratio [EXCEL]
Diversity statistics	Community richness & diversity [HTML] [EXCEL] Rarefaction [HTML] PCoA(weighted unifrac) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] PCoA(unweighted unifrac) - 2D plot [HTML] / 3D plot [HTML] / PC value [HTML] UPGMA tree comparing samples(weighted unifrac) [HTML] [.tre] UPGMA tree comparing samples(unweighted unifrac) [HTML] [.tre]

[FASTA] をクリック

OTU解析の結果、得られたシーケンスリードを表示します。
データベースを使用して相同性の再解析などに使用できます。

>denovo0 APP. ask. 1_775
 CCTACGGGGGGCAGCAGTATGGGAATATTGCACAAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCTGCGGGATGGAGGCGCTTCGGGTTGTAACCGCTTTTGTTCAGGGGCAAGGCACGGTATCTCGGCCGTTGAGTGGATTGTTGCAATAGCACCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGGTAAATACGTAGGGTGCA
 CGAAGGCAGGTCTCTGGGCCCTTACTGACGCTGAGGACGAAAGCTGCGGGAGCAACAGGATTAGATACCCCAAGTAC

>denovo1 APP. ask. 2_48
 CCTACGGGGGGCAGCAGTATGGGAATTTTGGTCAATGGGCGCAAGCCTGAACGAGCAATGCCGCTGAACGAGGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTCTGTTGAGAGGGAAAAAGGTCACCAGAGGAATGCTGGTGAAGTGATATTACCTTTGAGGAAGTCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAAATACGTAT
 CAGTGACGCAAGGCGGCCCTGGCTGTTACTGACGCTGAGGCACGAAAGCGTGGGAGCAAAATAGGATTAGATACCCGA

>denovo2 APP. ask. 1_62
 CCTACGGGGGGCAGCAGTATGGGAATATTGGTCAATGGTGGGAGACTGAACACGCCAAGCCGCTGAGGAGGAAGGTACAGAGTATCGTAAACCTCTTTTGTACGGGAACAAGGCGGGGAGCTGTCCCAGGATGAGTGTACCTGAGAAAAAGCATCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCCGGTAAATACGAGGAGTG
 GCAAGGCAGCATGCCGGCTCCACACTGACGCTGAGGCACGAAAGCGTGGGTATCGAACAGGATTAGATACCCGAGTAGT

>denovo3 APP. ask. 1_551
 CCTACGGGAGGCAAGCAGTATGGGAATATTGGTCAATGGGCTTACGCTGAACAGCCAAAGTCGCGTGAAGGGAAGACTGCCCTATGGGTTGTAACCTCTTTTGTACGGGAGCAATTGGCGCTACGTGTAGCGTTATCGAGAGTACCTGAGAAAAAGCATCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCCGGTAAATACGAGGAT
 TGCAGAGGCAGCATACCCGCGCCAACTGACGCTGAAGCAGCAAGAGCGTGGGTATCGAACAGGATTAGATACCCGAGTAG

>denovo4 WId. type. 3_36041
 CCTACGGGGGGCAGCAGTATGGGAATCTTCGCAATGGGCGAAAGCCTGACCGAGCAACGCCGCTGAATGAGGAAGGCGCTTCGGGTTGTAACCTCTTTTGTACGGGAGCAATTGGCGCTACGTGTAGCGTTATCGAGAGTACCTGAGAAAAAGCATCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAAATACGTAT
 CCAAGTGGCAGAGGCGGCTCTCTGGTGTGCACTGAGGCGCAAGAGCGTGGGAGCAACAGGATTAGATACCC

>denovo5 APP. ask. 1_94191
 CCTACGGGGGGCAGCAGTATGGGAATTTTCCACAAATGGGCGAAAGCCTGATGGAGCAACGCCGCTGGGTGAAGGAAGGTCTTCGGATCGTAAACCTCTTTTGTAGAGGAAGAGTGCCTGAGAGTAACTGTTACGTTTCAGCGTATCTAACGAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAAATACGTAT
 CCAAGTGGCAGAAAGCGGCTCTCTGGTGTGTAAGTACGCTGAGGTTGCAAGAGCGTGGGTAGCAACAGGATTAGATACCC

>denovo6 APP. ask. 1_2457
 CCTACGGGGGGCAGCAGTATGGGAATTTTCCACAAATGGACGAAGGCTGATGGAGCAACGCCGCTGAGTGAAGGAAGGTTTCGGCTCGTAAAGCTCTGTTGGTAGTGAAGGAAGATAGAGGTAGTAAGTGGCCTTTATTTGACGGTAATTACTTAGAAGTACAGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAAATACGTAT
 CCAAGTGGCAGAGGCGGCTCTCTGGTGTGCAACTGACGCTGAGGCTCGAAGAGCATGGGTAGCAGACAGGATTAGATACCC

>denovo7 APP. ask. 1_5864
 CCTACGGGAGGCAAGCAGTATGGGAATTTTGGTCAATGGGCGGAAGGCTGAACAGCCAAAGTCGCGTGAAGGGAATAAGGCCCTACGGGTCGTAACCTCTTTTGTACGGGAGCAAGGCCGCCACGCTGTGAGCAGGAAGGAGTACCTGAGAAAAAGCATCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCCGGTAAATACGAGGAT
 TGCAGAGGCAGCATACCCGCGCCCTACTGACGCTGAGGCACGAAAGTGCGGGATCAACAGGATTAGATACCCGAGTAG

>denovo8 APP. ask. 1_270
 CCTACGGGAGGCAAGCAGTATGGGAATTTTGGTCAATGGGCGCAAGCCTGAACGAGCGATGCCGCTGAGTGAAGGAAGGCTTCGGGTCGTAAGAGCTCTGTTGCGGGGAAAAAGGAGCAGCATCAGGAATGGTGCTGATGGTCCGCCAGAAAGTACAGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAAATACGTAT
 CCAAGTGGCAGAGGCGGCCCTGGCTGTTGCTGACGCTGAGGCACGAAAGCGTGGGAGCAAAATAGGATTAGATACCC

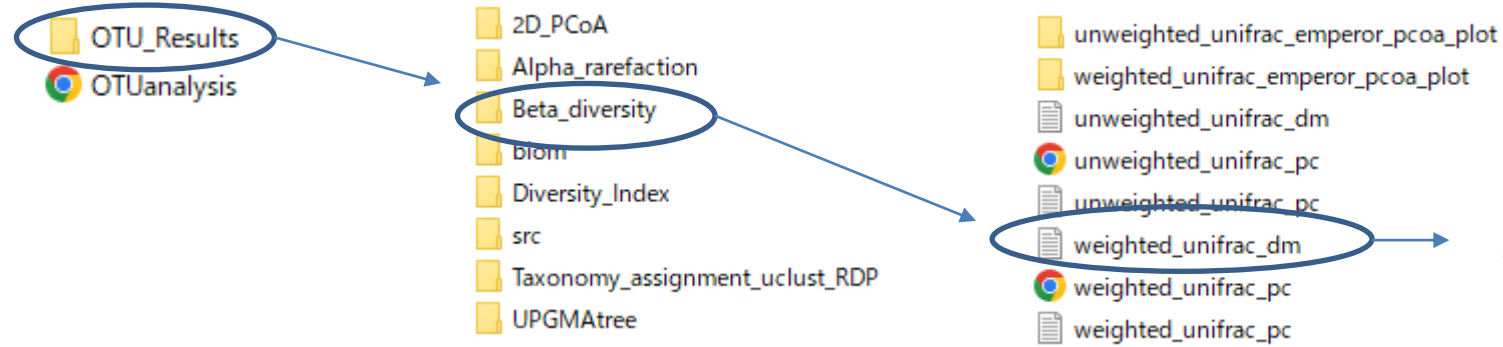
>denovo9 APP. ask. 1_18628
 CCTACGGGGGGCAGCAGTATGGGAATTTTGGTCAATGGGCGGAAGGCTGAACAGCCAAAGTCGCGTGAAGGGAATAAGGCCCTACGGGTCGTAACCTCTTTTGTACGGGAGCAAGGCGGCCACGCTGTGAGCAGGAAGGAGTACCTGAGAAAAAGCATCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCCGGTAAATACGAGGAT
 TGCAGAGGCAGCTTCCGCGCGCTCAACTGACGCTGAGGCACGAAAGTGCGGGTATCGAACAGGATTAGATACCCAGTAG

>denovo10 APP. ask. 1_23736
 CCTACGGGAGGCAAGCAGTATGGGAATTTTGGTCAATGGGCGGAGCCTGAACACGCCAAGTCGCGTGAAGGGAATAAGGCCCTACGGGTCGTAACCTCTTTTGTACGGGAGCAAGGCGGCCACGCTGTGAGCAGGAAGGAGTACCTGAGAAAAAGCATCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCCGGTAAATACGAGGAT
 GCAAGGCAGCGTACCGGCTCCACACTGACGCTGAGGCACGAAAGCGTGGGTATCGAACAGGATTAGATACCCGTTAGT

>denovo11 APP. ask. 1_6301
 CCTACGGGGGGCAGCAGTATGGGAATTTTGGTCAATGGACGCAAGTCTGAACACGCCAAGTAGCGTGCAGGATGACGGCCCTCCGGTGTGTAACCTGCTTTTGTAGTGGGAATAAGAGGGGCTGCTGAGCCCTGATTGTATGTACCATCAGAAAAAGGACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCCGGTAAATACGAGGAT
 ATCGCAAGGCAGAGTGTCCGGGATGACACTGACGCTGAGGCTCGAAGGTCGGGTATCAACAGGATTAGATACCCAGT

>denovo12 APP. ask. 1_43805
 CCTACGGGGGGCAGCAGTATGGGAATTTTGGTCAATGGGCGCAAGCCTGAACGAGCGATGCCGCTGAGTGAAGGAAGGCTTCGGGTCGTAAGAGCTCTGTTGCGGGGAAAAAGGAGCAGCATCAGGAATGGTGCTGATGGTCCGCCAGAAAGTACAGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAAATACGTAT
 CCAAGTGGCAGAGGCGGCCCTGGCTGTTGCTGACGCTGAGGCACGAAAGCGTGGGAGCAAAATAGGATTAGATACCC

収録データ（郡内距離と群間距離比較）



納品データのフォルダを開きます。

unweighted_unifrac_dm - メモ帳

ファイル(F)	編集(E)	書式(O)	表示(V)	ヘルプ(H)							
Wild.type.1		Wild.type.2		Wild.type.3		APP.osk.1		APP.osk.2		APP.osk.3	
Wild.type.1	0.0	0.1820123353		0.198401656669		0.249081587798		0.237873072481		0.242081839946	
Wild.type.2	0.1820123353	0.0	0.194260805593		0.253493584306		0.260803834059		0.198115083383		
Wild.type.3	0.198401656669	0.194260805593		0.0	0.234271239939		0.262733483318		0.18550934178		
APP.osk.1	0.249081587798	0.253493584306		0.234271239939		0.0	0.225641316461		0.200329227326		
APP.osk.2	0.237873072481	0.260803834059		0.262733483318		0.225641316461		0.0	0.232023704001		
APP.osk.3	0.242081839946	0.198115083383		0.18550934178		0.200329227326		0.232023704001		0.0	

	A	B	C	D	E	F	G
1		Wild.type.1	Wild.type.2	Wild.type.3	APP.osk.1	APP.osk.2	APP.osk.3
2	Wild.type.	0	0.18201234	0.19840166	0.24908159	0.23787307	0.24208184
3	Wild.type.	0.18201234	0	0.19426081	0.25349358	0.26080383	0.19811508
4	Wild.type.	0.19840166	0.19426081	0	0.23427124	0.26273348	0.18550934
5	APP.osk.1	0.24908159	0.25349358	0.23427124	0	0.22564132	0.20032923
6	APP.osk.2	0.23787307	0.26080383	0.26273348	0.22564132	0	0.2320237
7	APP.osk.3	0.24208184	0.19811508	0.18550934	0.20032923	0.2320237	0

Excelにコピー

全検体の総当たりのunifrac distanceデータが得られる。
郡内距離と群間距離で有意差検定が可能

