

## 納品ファイル

カテゴリー	ファイル名	内容
Sequence	SampleID_suffix.fastq.gz	品質付きの塩基配列データ SampleID : 検体 ID となります。 suffix : ペアエンドデータの場合、 forward = 1, reverse = 2 となります。
	md5sum.txt	ファイル破損のチェック用文字列
QC	dn-stat.tsv	DADA2 QC 結果
ASV <sup>*1</sup>	rep-seqs.fasta	代表配列
	feature-table.tsv	頻度マトリクス
Diversity	alpha-diversity_evenness.tsv	α 多様性指標 (evenness, faith_pd, observed OTUs, shannon)
	alpha-diversity_faith_pd.tsv	
	alpha-diversity_observed_otus_vector.tsv	
	alpha-diversity_shannon_vector.tsv	
	beta-diversity_unweighted_unifrac_distance_matrix.tsv	β 多様性指標 (weighted, unweighted unifrac distance, bray-curtis, jaccard)
	beta-diversity_weighted_unifrac_distance_matrix.tsv	
	beta-diversity_bray_curtis_distance_matrix.tsv	
	beta-diversity_jaccard_distance_matrix.tsv	
	beta-diversity_unweighted_unifrac_emperor.qzv	β多様性 PCoA プロット QIIME2 viewer
	beta-diversity_weighted_unifrac_emperor.qzv	
	beta-diversity_bray_curtis_emperor.qzv	
	beta-diversity_jaccard_emperor.qzv	
Taxonomic Analysis by Silva <sup>*2</sup>	taxonomy_silva.tsv	ASV-Taxonomy 対応表
	feature-table_silva.lv7.tsv	種レベル頻度マトリクス
	taxa-barplot_silva.qzv	Taxonomy バープロット
系統樹	root.nwk	ASV 単位の有根系統樹
	unroot.nwk	ASV 単位の無根系統樹

(\*1) Amplicon Sequence Variant

(\*2) Classified by Naive Bayes classifier

qzv ファイルは <https://view.qiime2.org/> へアップロードするとご確認いただけます。

QIIME2 version : 2023.9 (<https://qiime2.org>)

SILVA データベース : SILVA 138 (<https://www.arb-silva.de/documentation/release-138/>)