

MG summary report manual

1. 用語説明.....	2
2. Html レポートの全体像	3
2.1. Html の全体構造.....	3
2.2. 全体サマリ.....	4
2.3. サンプル別個別レポート.....	5
3. サイドバー	6
4. 全体サマリ	7
4.1. 統計表	7
4.2. リード品質	8
4.3. 系統情報プロット.....	9
4.4. 系統情報テーブル.....	10
5. サンプル別個別レポート.....	11
5.1. 統計情報	11
5.2. 系統情報	12
6. Information.....	13

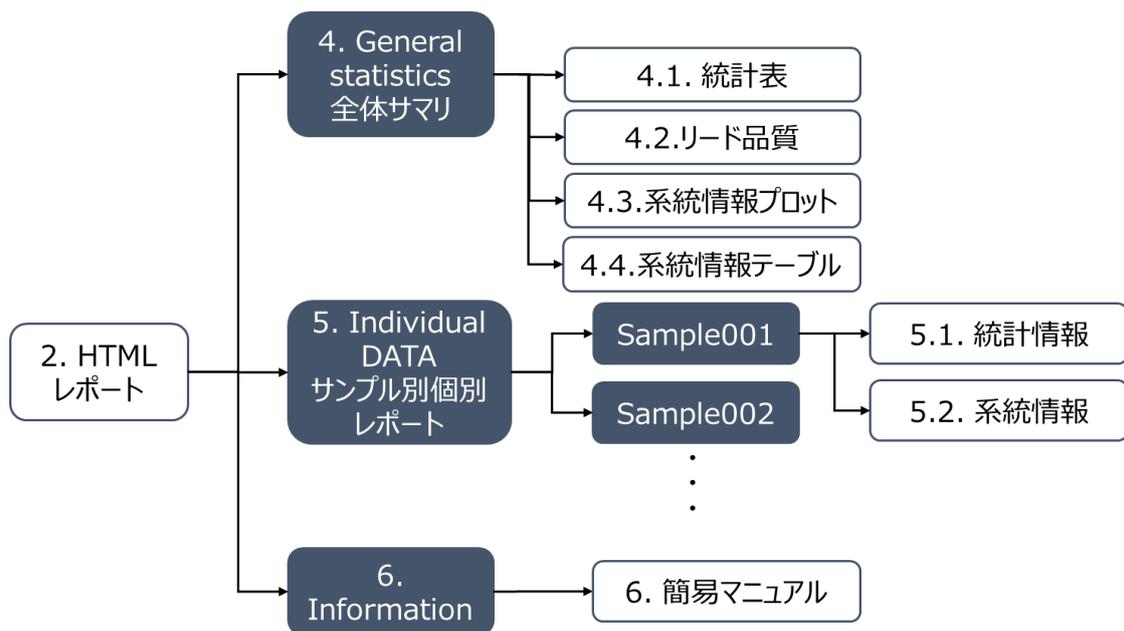
1. 用語説明

MG	MetaGenome の略。
CDS	CoDing Sequence の略、たんぱく質をコードしている拡散配列の領域。
シャノン指数	生物多様性の指標。有効種数 (ENS)の算出に利用される数値です。
有効種数	Effective Number of Species (ENS)。ENS = Exp(シャノン指数)で算出される。同じ多様度を示すのに必要な、同一個体数の種数であり、多様性指標の一つ。
N50	配列長の加重平均。配列を長い順に並べて加算したとき、全体の半分の長さに達したときの配列の長さ。

2. Html レポートの全体像

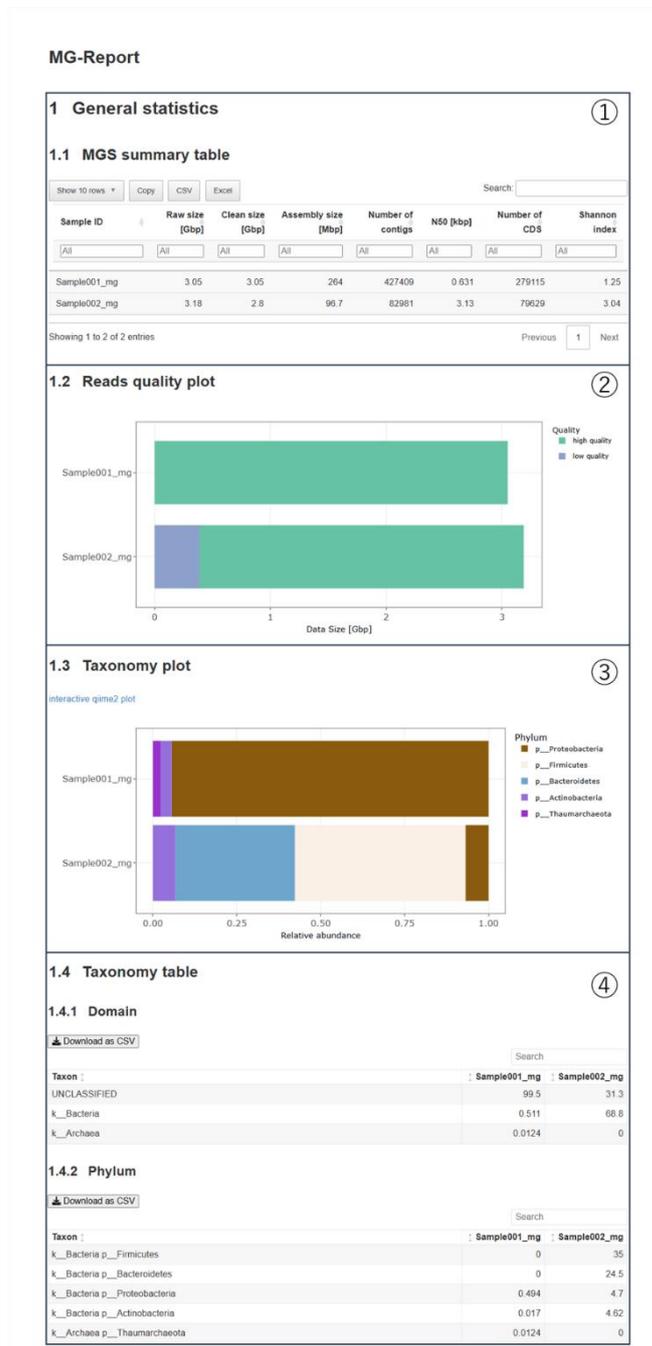
2.1. Html の全体構造

Html レポートは全体サマリ、サンプル別個別レポート、Information で構成されています。HTML レポートのサイドバーに下図の塗りつぶしの項目があり、クリックすると枠のみの項目が表示されます。項目中の数字は本マニュアルの章番号です。



2.2. 全体サマリ

全体サマリは①統計表、②リード品質、③系統情報プロット、④系統情報テーブルで構成されています。



① メタゲノム統計表	サンプル毎の統計情報の表です。
② リード品質	サンプルごとのデータ品質のプロットです。
③ 系統情報プロット	生物系統の門別に色分した積み上げ棒グラフです。
④ 系統情報テーブル	生物系統の各階層の系統別に相対存在量を集計した表です。

2.3. サンプル別個別レポート

サンプル別個別ページは①統計情報、②系統情報で構成されています。

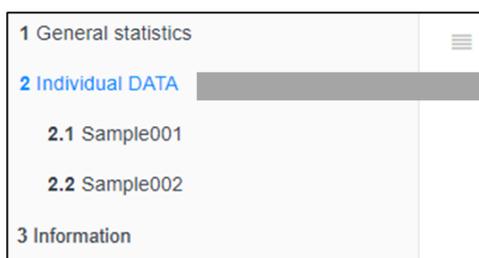
2.2 Sample002_mg



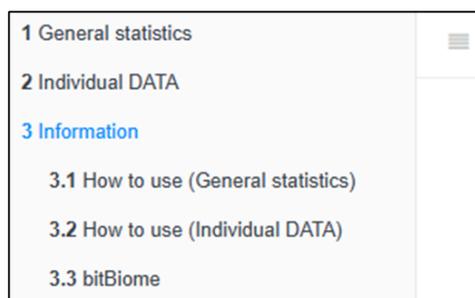
① 統計情報	サンプルごとのデータ品質などが表示されます。
② 系統情報	検出された生物系統情報が Tree map で表示されます。

3. サイドバー

Html レポートのヘッダー部分は全体サマリ、サンプル別個別レポート、Information へのリンクで構成されています。



サイドバーの Individual DATA をクリックすることで、表示する Sample を選択できます。



Information をクリックすると、簡易 Help が表示されます。

4. 全体サマリ

4.1. 統計表

メタゲノムの統計情報が表示されます。表上部の各ボタンをクリックすると、表示行数の変更 (Show)、クリップボードへのコピー (Copy)、CSV 形式で保存 (CSV)、Excel 形式で保存 (Excel) が可能です。

1.1 MGS summary table							
Show 10 rows ▾	Copy	CSV	Excel	Search: <input type="text"/>			
Sample ID	Raw size [Gbp]	Clean size [Gbp]	Assembly size [Mbp]	Number of contigs	N50 [kbp]	Number of CDS	Shannon index
<input type="text" value="All"/>							
Sample001_mg	3.05	3.05	264	427409	0.631	279115	1.25
Sample002_mg	3.18	2.8	96.7	82981	3.13	79629	3.04

Showing 1 to 2 of 2 entries Previous Next

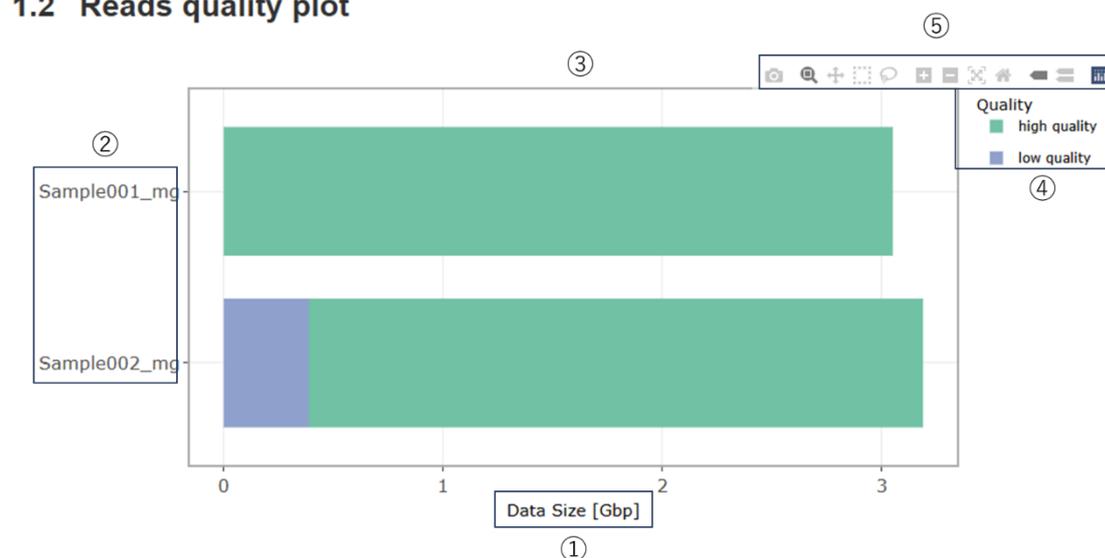
列の説明

Sample ID	サンプル名
Raw size [Gbp]	シーケンスされた全塩基数
Clean size [Gbp]	高品質塩基数
Assembly size [Mbp]	アセンブリ配列の長さ
Number of contigs	コンティグ数
N50	N50 の長さ
Number of CDS	遺伝子数
Shannon index	生物多様性指標

4.2. リード品質

サンプル毎のリード品質のプロットです。カーソルをプロット上に合わせると、カーソル位置のデータ情報が表示されます。

1.2 Reads quality plot



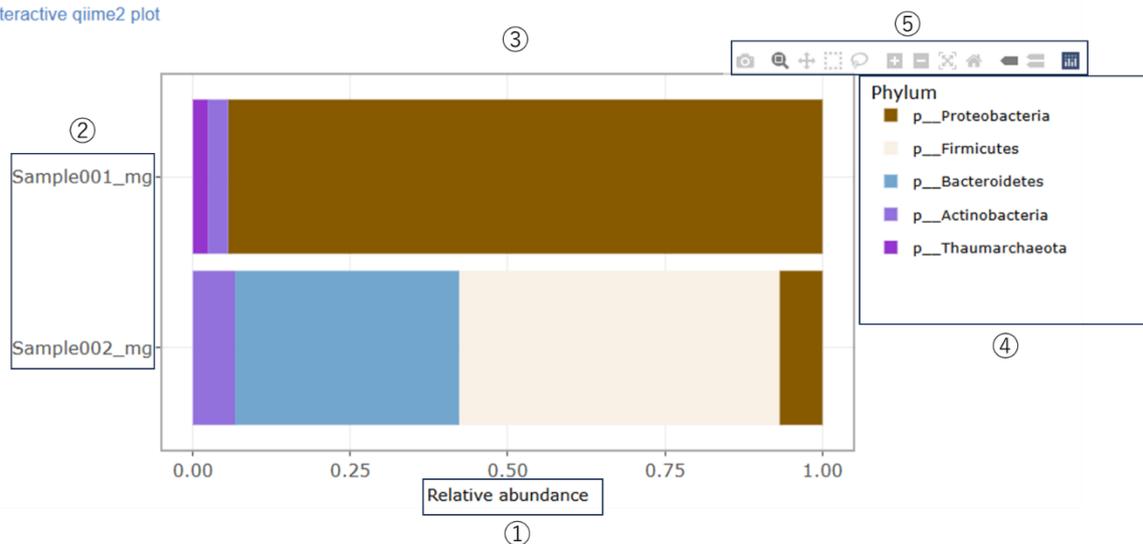
- ① 塩基数 (単位 : Gbp)
- ② サンプル名
- ③ 塩基数が棒グラフで表示されます。
- ④ 凡例: 高品質リード (緑)、低品質リード(青)で色分けされています。
- ⑤ 図をインタラクティブに操作するパネルです。

4.3. 系統情報プロット

検出された生物系統の門レベルで色分けした積み上げ棒グラフです。カーソルをプロット上に合わせると、カーソル位置のデータ情報が表示されます。左上にある「interactive qiime2 plot」をクリックすると、よりインタラクティブな系統情報プロットが表示されます。

1.3 Taxonomy plot

interactive qiime2 plot



- ① 生物系統の相対的存在量
- ② サンプル名
- ③ 門ごとの相対的存在量が棒グラフで表示されます。
- ④ 凡例:門ごとに色分けされています。
- ⑤ 図をインタラクティブに操作するパネルです。

4.4. 系統情報テーブル

生物系統の階層別にテーブルが表示されます。各系統の相対存在量がサンプル別に集計されています。「Download as CSV」をクリックすることで、表示されているテーブルをダウンロードできます。Search内にキーワードを入力することで、注目する系統のみを表示させることができます。

1.4.2 Phylum		
Download as CSV		
Search		
Taxon ↓	↑ Sample001 _mg	↑ Sample002 _mg
k__Bacteria p__Firmicutes	0	35
k__Bacteria p__Bacteroidetes	0	24.5
k__Bacteria p__Proteobacteria	0.494	4.7
k__Bacteria p__Actinobacteria	0.017	4.62
k__Archaea p__Thaumarchaeota	0.0124	0

列の説明

Taxon	生物系統名
検体名	各検体における相対存在量

5. サンプル別個別レポート

5.1. 統計情報

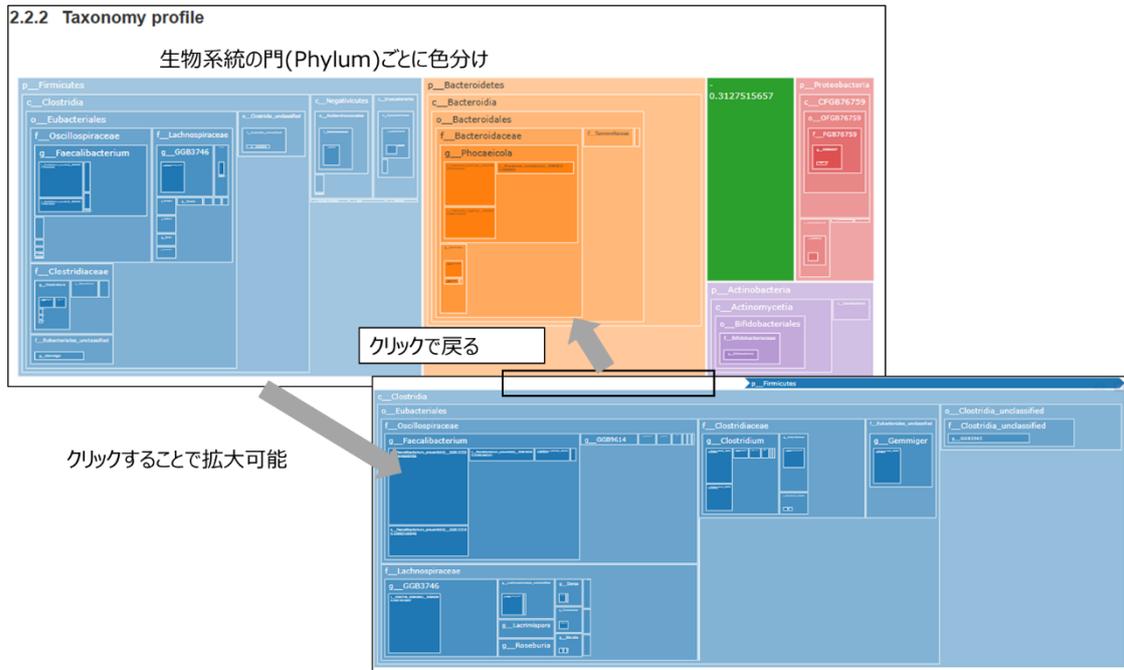
サンプルごとのデータ品質などが表示されます。

2.2.1 stats

Total Reads	21.1 Mreads	検体中の全リード数
Total Reads Length	3.18 Gbp	検体中の全リード長
Clean Reads	20.7 Mreads	高品質のリード数
Clean Reads Length	2.8 Gbp	高品質のリード長
Total Assembly Length	96.7 Mbp	アセンブリの全塩基数
# Contigs	82981	アセンブリ中のコンティグ数
N50	3.13kbp	N50
# CDS	79629	全遺伝子数
Shannon Index	3.043068	シャノン指数

5.2. 系統情報

検出された生物系統情報が Tree map で表示されます。面積は全リード数に対する各生物系統に分類されたリード数の割合に比例します。



6. Information

簡易 help 画面が表示されます。本マニュアルに記載されている使用方法を確認できます。

