

# INDEX

## 記号・数字

% (シェラブロンプト) .....	45
--add_ggb オプション (phylophlan_metagenomic) .....	139
--annot オプション (graphlan_annotate.py) .....	143
--cleaning-rounds オプション (megahit) .....	130
--config オプション (dfast) .....	164
--db_aa diamond オプション (phylophlan_write_config_file) .....	141
--diversity オプション (phylophlan) .....	142
--dpi オプション (graphlan_annotate.py) .....	143
--force オプション (gstk.pl) .....	104
--format オプション (graphlan_annotate.py) .....	143
--genome オプション (dfast) .....	162
--input オプション (kneaddata) .....	128
--in オプション (gstk.pl) .....	104
--isolates オプション (spades.py) .....	132
--map_aa diamond オプション (phylophlan_write_config_file) .....	141
--metagenome オプション (dfast) .....	166
--metagenome オプション (prokka) .....	140
--meta オプション (spades.py) .....	132
--min-contig-length オプション (megahit) .....	130
--msa mafft オプション (phylophlan_write_config_file) .....	141
--n-merging-threads オプション (gstk.pl) .....	104
--n-search-tasks オプション (gstk.pl) .....	104
--p-level オプション (qiime) .....	67
--p-max-depth オプション (qiime) .....	71
--p-trim-left-f オプション (qiime) .....	59
--p-trim-left-r オプション (qiime) .....	59
--p-trunc-len-f オプション (qiime) .....	59
--p-trunc-len-r オプション (qiime) .....	59
--presets meta-large オプション (megahit) .....	130
--presets meta-sensitive オプション (megahit) .....	130
--reference オプション (dfast) .....	163
--rep-taxa オプション (gstk.pl) .....	103, 104
--search_engine blast オプション (DAS_Tool) .....	137

--size オプション (graphlan_annotate.py) .....	143
--taxa オプション (gstk.pl) .....	103, 104
--tree1 fasttree オプション (phylophlan_write_config_file) .....	141
--tree2 raxml オプション (phylophlan_write_config_file) .....	141
--trim trimal オプション (phylophlan_write_config_file) .....	141
--trimmomatic オプション (kneaddata) .....	128
--trim オプション (phylophlan) .....	142
--use_locustag_as_gene_id オプション (dfast) .....	166
--use_prodigal オプション (dfast) .....	162
--version オプション .....	22
-a オプション (seqkit stats) .....	132
-c オプション (conda) .....	126
-d amphora2 オプション (graphlan_annotate.py) .....	142
-d phylophlan オプション (phylophlan) .....	142
-i オプション (DAS_Tool) .....	137
-M オプション (seqkit seq) .....	133
-m オプション (seqkit seq) .....	133
-m オプション (spades.py) .....	131
-s オプション (spades.py) .....	131
-t オプション (spades.py) .....	131
-v interactive オプション (KEGG-decoder) .....	168
> (リダイレクト) .....	51
(パイプ) .....	51
16S rRNA .....	44, 98
16S rRNA 遺伝子 .....	86
16S rRNA 参照配列データベース .....	48
16S rRNA の全長シークエンス .....	98
16S アンプリコン解析 .....	113
515F/806R .....	48

## A

add-pseudocount コマンド (qiime) .....	78
align-to-tree-mafft-fasttree コマンド (qiime) .....	71
alpha-group-significance コマンド (qiime) .....	73

alpha-rarefaction コマンド (qiime) .....	71
alpha コマンド (qiime) .....	73
Amazon Elastic File System .....	30
Amazon ElasticCompute Cloud .....	25
Amazon Web Service .....	24
Amazon マシンイメージ .....	27
AMI .....	27
Amplicon Sequence Variant .....	57
Anaconda .....	10, 14, 45
Anaconda - アップデート .....	18
Anaconda - インストール .....	14
ANCOM .....	77, 78
ancom コマンド (qiime) .....	78
ANI .....	158
ANI 値 .....	139
Ansible (プロビジョニング) .....	41
ARSA .....	195
Assembly データベース .....	195
ASV .....	57
ASV 数の分布 .....	74
ASV の種類 .....	71
average nucleotide identity .....	158
awk スクリプト .....	168
AWS .....	24
AWS EC2 .....	25
AWS EFS .....	30

## B

Bandage .....	132
BBtools .....	129
beta-group-significance コマンド (qiime) .....	75
Binned アセンブリ .....	183
Binned メタゲノム .....	196
binning .....	133
bin 配列 .....	131
bin 配列の品質評価規格 .....	148
Bioconda .....	10, 14
モックコミュニティ .....	126
bioconda チャンネル .....	126

biom コマンド (qiime) .....	82
bioperl.....	140
BioProject.....	49, 185
BioProject の登録.....	185
BioSample .....	185
BioSample の登録.....	186
BLAST .....	64, 82, 163
BMI .....	224
BMock12.....	126
Bowtie 2.....	128
brew コマンド.....	102

## C

cat コマンド.....	51
centered log ratio .....	78
Chao1 .....	73, 74
CheckM.....	136, 159
classify-sklearn コマンド (qiime) .....	65
clr .....	78
Clusters of Orthologous Groups.....	153
co-assembly .....	138
COG.....	153
collapse コマンド (qiime).....	67, 77
Common Workflow Language (ワークフロー言語) .....	23
Completeness .....	159
CONCOCT .....	136
conda create コマンド.....	126
conda env create コマンド.....	46
conda install コマンド .....	126
conda update conda コマンド.....	45
conda - アップデート .....	45
conda コマンド .....	19, 126
Contamination .....	159
core-metrics-phylogenetic コマンド (qiime) .....	72
csvcut コマンド.....	50
csvkit - インストール .....	48
curl - インストール.....	100
curl コマンド .....	101, 155
Cutadapt.....	89, 128
CWL (ワークフロー言語) .....	23

## D

DADA2.....	58, 86
------------	--------

DADA2 実行結果.....	63
DAS_Tool.....	136
datamash_reverse.....	118
DDBJ.....	153, 158
DDBJ Sequence Read Archive.....	182, 213
DDBJ センター .....	182
Deblur .....	80
demux ファイル.....	83
denoise-paired コマンド (qiime) .....	59, 61
DFAST .....	153, 194
DFAST_core.....	159
DFAST ウェブサービス.....	154
DFAST - インストール .....	160
Digital Object Identifier.....	200
Docker .....	10, 15, 148
Docker Desktop.....	15
Docker イメージ.....	20, 116
Docker - インストール.....	15
Docker - リソースの割り当て .....	16
DOI.....	200
DOI と URL の関係 .....	201
Domain.....	66
DRA .....	182, 213
DRA XML 生成プログラム.....	184
DRA データの公開.....	191
DRA メタデータ .....	185
dRep.....	138
dysbiosis .....	173

## E

EBI Sequence Read Archive.....	213
eggNOG-mapper.....	153, 165
Elastic IP アドレス .....	40
EMP .....	59
ENA .....	158
ennaf コマンド.....	107
ENV .....	192
Environmental/Metagenome Genomic Sequences.....	186
ERA.....	213
Experiment.....	185
export2graphlan.....	143
export コマンド (qiime) .....	82

## F

Faith PD.....	74
family-level genome bins.....	139
FAST5 データ .....	108
FASTA 形式.....	155
fasterq-dump コマンド.....	51
fastp.....	89, 127
FASTQ .....	128
FASTQ 16S Workflow.....	106
fastqc コマンド.....	127
FASTQ ファイル - インポート .....	54
FASTQ ファイル - ダウンロード .....	51
FASTQ ファイル - 複数回のラン.....	82
FastTree2.....	141
Feature.....	58, 194
Feature table の集計 .....	63
fecal microbiota transplantation.....	172
FGB.....	139
figshare.....	202
figshare - 公開済みのデータのバージョンアップ.....	209
figshare - コレクション機能.....	208
figshare - データ共有 .....	202
Figtree.....	142
filter-features-conditionally コマンド (qiime).....	69
filter-samples コマンド (qiime) .....	77
filter-table コマンド (qiime) .....	81
FMT .....	172
for 文.....	61

## G

Galaxy.....	111
Galaxy コンテナ.....	116
GCA.....	161
GCF .....	161
GCP.....	24
GenBank .....	158
GenBank 形式.....	155
Genome Search Toolkit .....	102
Genome Taxonomy DataBase.....	140
Genome Taxonomy Database.....	169
GenomeSync データベース.....	99
Genomics Standards Consortium.....	186
genus-level genome bins.....	139
getentry .....	195

GFF/GTF 形式.....	155
GGB.....	139
gneiss.....	77
Google Cloud Platform.....	24
GraPhlAn.....	124, 142
GraPhlAn - アノテーションファイル.....	143
graphlan_annotate.py.....	143, 144
Greengenes.....	48, 113
grep コマンド.....	51
GSC.....	148, 186
GSTK.....	102
gstk.pl.....	103
GTDB.....	140, 169
GTDB-Tk.....	140, 169
gunzip コマンド.....	155
<b>H</b>	
head コマンド.....	50
heatmap コマンド (qiime).....	70
Homebrew.....	101
HUMAnN.....	170
<b>I</b>	
IAM ユーザー.....	25
IBD.....	173
import コマンド (qiime).....	54
INSD.....	182
IP アドレス.....	32
iTOL v5.....	143
<b>J</b>	
Japanese Genotype-phenotype Archive.....	196
JGA.....	196
<b>K</b>	
KBase.....	170
KEGG.....	153
KEGG Orthology.....	219
KEGG pathway.....	219
KEGG-Decoder.....	153, 165, 168
KneadData.....	128
kneaddata_database コマンド.....	128
known species-level genome bin.....	140
KO.....	153
KOALA ウェブサービス.....	168
Kraken 2.....	106, 118
Krona.....	112
Krona chart.....	102, 105
kSGB.....	140
Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes.....	153
<b>L</b>	
Latent Environment Allocation.....	228
LEA.....	87, 228
libtbb2.....	134
Lifelines-DEEP.....	177
Location.....	194
<b>M</b>	
MAG.....	131, 152, 183
MAG - アノテーション.....	154
MAG - 登録.....	182, 185
makeblastdb コマンド.....	162
MAPLE.....	169
Maxbin2.....	134, 135
Median frequency.....	64
MEGA.....	142
Megahit.....	130
MEO.....	217
MetaBAT1.....	134
MetaBAT2.....	134
metaFlye.....	131
Metagene Annotator.....	153, 160
Metagenome-Assembled Genome.....	131, 152, 183
metagenomic Next-Generation Sequencing...98	
metagenomic operational taxonomic units...139	
MetaLAFSA.....	170
MetaPlatanus.....	131
MetaQuast.....	133
metaSPAdes.....	131
MGnify.....	86
MicrobeDB.jp.....	87, 211
Microbes/Metagenomes Environmental Ontology.....	217
Microsoft Azure.....	24
MIMAG.....	148
MIMAG パッケージ.....	186
MIMS パッケージ.....	186
Miniconda.....	14
Miniconda - インストール.....	14
MiniKraken 2.....	113
minimap2.....	102
MixS パッケージ.....	186
mNGS.....	98
mOTUs.....	139
multi-FASTA.....	191
MyCC.....	136
<b>N</b>	
NAF.....	100
NanoGalaxy.....	111
NCBI Assembly.....	99, 154
NCBI BioSample.....	183
NCBI Sequence Read Archive.....	213
NCBI Taxonomy.....	99, 183
Nextflow (ワークフロー言語).....	23
NGS データの登録.....	182
<b>O</b>	
ONT.....	98
ONT -- Metagenomics-Kraken2-Krona.....	112
OPERA-MS.....	131
Operational Taxonomic Unit.....	57
OTU.....	57
OTU 配列.....	139
Oxford Nanopore Technologies.....	98
<b>P</b>	
PCoA.....	75, 226
PERMANOVA 検定.....	76
Permutational multivariate analysis of variance.....	76
PGAP.....	161
Phenotype.....	215
phylophlan.....	139
phylophlan_metagenomic コマンド.....	139
phylophlan_write_config_file コマンド.....	141

PhyloPhlAn3.....	124, 139
phylophlan コマンド.....	142
Phylum.....	66
pigz コマンド.....	52
pigz コマンド - インストール .....	48
pip コマンド.....	165
PK / PD 解析 .....	176
Prodigal.....	136, 153, 160
Project 10K .....	177
PROKKA.....	140
Python.....	14

## Q

QC フィルター .....	60
QIIME 2.....	44, 86
QIIME 2 artifacts.....	84
QIIME 2 View.....	55
QIIME 2 - Docker イメージ.....	21
QIIME 2 - インストール .....	19, 46
qiime tools import コマンド .....	83
qiime2R.....	84
Qualifier .....	194
Quality Score.....	56
qza のデータファイル .....	55, 84
qzv の可視化用のファイル.....	55

## R

RAXML.....	141
rCDI.....	173
RDP.....	87, 113
re-assembly.....	137
relative-frequency コマンド (qiime) .....	67
rename - インストール.....	47
rename コマンド.....	52
representative ゲノム配列.....	107
Ribosomal Database Project.....	87
rimAI.....	141
rRNA 遺伝子 .....	156
Run.....	185

## S

Sampling depth.....	64
samtools faidx コマンド.....	132

scp コマンド .....	188
Secure Shell.....	32
sendsketch コマンド.....	129
seqkit コマンド.....	132, 133
seq コマンド (seqkit) .....	132, 133
SFTP .....	188
SGB.....	139
Shannon .....	74, 227
Silva .....	48, 113
SILVAngs.....	86
SPAdes .....	131
Species-level Genome Bin.....	139
SRA.....	49, 213
SRA-Tools - インストール.....	47
SSH.....	32
stats コマンド (seqkit) .....	132
submission-excel2xml.....	188
subsample-paired コマンド (qiime) .....	58
summarize コマンド (qiime) .....	55
Supplemental Data.....	202
SVG 形式の画像.....	81

## T

tabulate コマンド (qiime).....	68
tar.gz 圧縮.....	96
taxonomy_krona_chart .....	118
text_processing.....	118
The Earth Microbiome Project .....	59
The Genomic Standards Consortium.....	148
Trimmomatic.....	128

## U

Ubuntu.....	13, 27
UC .....	173
UME .....	184
UniFrac 距離 .....	75
UniRef90 .....	153
UniRef90 のダウンロード .....	161
UNIX シェル.....	13
unknown specieslevel genome bin.....	140
unnaf コマンド.....	106
uSGB .....	140

## V

V3 ~ 4 領域.....	59
V4 領域.....	48, 59
Value.....	194
virome.....	149
Virtual Private Cloud .....	29
VITCOMIC2.....	86, 87, 228
VPC.....	29

## W

Weighted Unifrac 距離 .....	75
wget - インストール .....	18, 46, 100
workflow-meetup (ワークフロー言語の研究会) .....	23
WSL 1 .....	22
WSL 2 .....	13, 148
W 値.....	78

## X

xargs コマンド .....	51
------------------	----

## Y

YAML ファイル.....	19
----------------	----

## あ

アクセス番号.....	192, 195
アセンブリ .....	129, 152
アセンブリグラフ.....	132
アトピー性皮膚炎.....	224
アノテーション.....	140, 152, 154, 165
アノテーションファイルの作成.....	191
アノテーションリスト.....	201
α - レアファクションカーブ.....	71
α多様性.....	71
α多様性解析 .....	72
アンプリコン解析 .....	86, 113
アンプリコンシークエンス .....	44

## い

遺伝子存在量.....	170
医薬品 .....	172

- インスタンス - 開始 ..... 39
- インスタンス - 起動 ..... 26
- インスタンス - 作成 ..... 25, 33
- インスタンス - 詳細の設定 ..... 29
- インスタンス - 接続 ..... 34
- インスタンス - タイプの選択 ..... 28
- インスタンス - タイプを変更 ..... 37
- インスタンス - 停止 ..... 37, 40
- インストール (Anaconda/Docker) ..... 10
- インストールに失敗 ..... 22

**う**

- ウェブサービス ..... 110
- ウェブツール ..... 86
- 運動 ..... 172

**え**

- エラーの対処法 ..... 22
- エラーメッセージ ..... 80
- 炎症性腸疾患 ..... 173
- エントリ ..... 191

**お**

- オーバーラップ ..... 59
- オフィスビル ..... 219
- オルソログス遺伝子 ..... 136, 140, 153
- オルソログ (遺伝子) ..... 211

**か**

- 界 ..... 66
- 解析環境 ..... 24
- 解析サーバー ..... 24
- 階層クラスタリング ..... 227
- 解像度 ..... 132
- 潰瘍性大腸炎 ..... 173
- 可視化 (LEA) ..... 87
- 可視化用のファイルに変換 (QIIME 2) ..... 55
- 仮想環境 ..... 10
- 仮想環境 (conda) ..... 126, 140
- 仮想環境を activate (conda) ..... 20
- 仮想環境を deactivate (conda) ..... 20
- 仮想環境を作成 (conda) ..... 19

- 仮想環境を呼び出す (conda) ..... 47
- 仮想マシンを作成 ..... 25
- がん ..... 173, 224
- 環境情報 ..... 87
- 環境と系統組成の関連性 ..... 87, 94
- 環境トピック組成 ..... 94
- 環境名で検索 ..... 217
- 環状ゲノム ..... 192
- 関連解析 ..... 73, 75

**き**

- キーペア ..... 32, 33
- キーワード検索 ..... 211
- 疑似検体 ..... 103
- 疑似的な細菌群集 ..... 88
- 希釈化曲線 ..... 71
- 基準株 ..... 158
- 希少種 ..... 74
- 機能アノテーション ..... 152, 167
- 機能組成 ..... 219
- キメラ配列除去後 ..... 60
- 共アセンブル ..... 138
- 共著者 ..... 205
- 距離 ..... 227
- 菌移植 ..... 172
- 菌カクテル製剤 ..... 173
- 菌群設計 ..... 176
- 菌種組成 ..... 44, 65
- 菌叢距離 ..... 75
- 菌叢構造 ..... 76

**く**

- クオリティ低下 ..... 56
- クオリティの悪いデータ ..... 83
- クラウドコンピューティングサービス ..... 24
- クラスタリング ..... 57, 227
- クリーニング ..... 127

**け**

- 系統解析 ..... 65, 124
- 系統樹の作成 ..... 124, 142
- 系統推定 ..... 141
- 系統組成 ..... 114

- 系統組成と環境の関連性 ..... 87, 94
- 系統組成の距離 ..... 94
- 系統組成の視覚化 (門レベル) ..... 91
- 系統組成の推定 ..... 89
- 系統組成 (門レベル) ..... 91
- 系統組成を調べる ..... 217
- 系統的な距離 ..... 91
- 系統分類 ..... 65
- ゲノムアノテーション ..... 152
- ゲノム (系統) ..... 211
- ゲノムの完成度 ..... 155
- 健康介入 ..... 175
- 検出限界の検証 ..... 80
- 建築環境 ..... 219

**こ**

- 公開鍵 ..... 32
- 抗生物質投与 ..... 224
- 構造アノテーション ..... 152
- 国際塩基配列データベース ..... 182
- 国立遺伝学研究所生命情報・DDBJセンター ..... 182
- コンセンサス配列 ..... 131
- コンタミネーション ..... 79, 95, 101, 155
- コンティグ ..... 131
- コントロールサンプル ..... 80

**さ**

- 再発性 Clostridium difficile 感染症 ..... 173
- 査読者 ..... 205
- サプリメント ..... 174
- サンプリング深度 ..... 64, 71
- サンプリングバイアス ..... 139
- サンプル数 ..... 56
- サンプル分離源 ..... 183

**し**

- シークエンスデータの入手 ..... 49
- シークエンス (複数回のラン) ..... 82
- シークエンスプラットフォーム ..... 192
- シェルスクリプト ..... 23
- シェルプロンプト ..... 45
- 自己免疫疾患 ..... 173
- 疾患名オントロジー ..... 224



服薬.....	172
プライマー配列.....	59
プライマリーメタゲノム.....	196
プログラムのバージョン.....	22
プロビジョニング.....	41
分子系統樹.....	71
糞便移植療法.....	172
糞便精製剤.....	173
分類階級の検索.....	115
分類階層.....	67
分類学的階級.....	66
分類学的構造とメタデータの関連付け.....	124
分類群のアサイン.....	139
分類群レベル.....	226

## へ

ベアエンドリード.....	60
$\beta$ 多様性.....	71
$\beta$ 多様性解析.....	75
ペットのゲノム.....	129
ヘルスケア.....	172
変動菌種の検出.....	77

## ほ

棒グラフ.....	66
ポジティブコントロール.....	68, 79

## ま

マーカー遺伝子.....	138
マージ.....	60
マイクロバイオーム関連治療薬.....	173
マイクロバイオームデータ.....	86, 211
前処理.....	89
マッピング.....	170
マッピング精度.....	106

## み

ミトコンドリア.....	81
未培養の微生物.....	159
民族性.....	224

## め

メガピン.....	136
メタ 16S 解析.....	44
メタゲノムアセンブリ.....	124, 129, 152
メタゲノムアセンブリ - データ区分.....	182
メタゲノムアセンブリ - 登録先.....	182
メタゲノムアセンブリデータの登録.....	184
メタゲノム (環境).....	211
メタゲノムコンティグのアノテーション.....	165
メタゲノム名.....	183
メタゲノムデータ.....	98
メタデータ.....	201, 211
メタデータと分類学的構造の関連付け.....	124
メタデータの作成.....	53, 188
メタデータのダウンロード.....	49
メタトランスクリプトーム解析.....	96
メタトランスクリプトームデータ.....	98
メタボリック症候群.....	173
メタボロームデータ.....	176
免疫.....	176

## も

模擬コミュニティ.....	68
モダリティ.....	172
Bioconda コミュニティ.....	126
モックコミュニティ.....	88
門.....	66

## ゆ

有心対数比変換.....	78
優占系統.....	95
ユニバーサルプライマー.....	48

## よ

葉緑体.....	81
予防.....	172
予防療法.....	175

## ら

ライブラリ.....	14
------------	----

## り

リード数.....	56
リード長.....	56
リードのクリーニング.....	127
リードのサンプリング.....	58
リダイレクト.....	51
臨床データ.....	176

## る

類似環境.....	220
-----------	-----

## れ

レポジトリ.....	86
------------	----

## ろ

ロングリードシーケンス.....	98, 131
------------------	---------

## わ

ワークフロー.....	112
ワークフロー言語.....	23