

索引

INDEX

数字

- 2群間比較 197
16S rRNA 11, 19, 23, 43, 64, 111
18S rRNA 101

欧文

A~C

- Actinomyces* 128
Anaerostipes hadrus 104
ANI (average nucleotide identity) 19, 24, 165
ARDB (Antibiotic Resistance Genes Database) 19
ASV (amplicon sequence variant) 66
α多様性 31, 68
Bacteroides 177
Bacteroides thetaiotaomicron 104
Bifidobacteria 181
Bifidobacterium 101, 177
binning 72, 133, 141
BLAST 23
Blautia 101, 177
Blautia obeum 104
BMTagger 60
Bowtie2 103
β-Proteobacteria 110
β多様性 31, 68
call rate 186
Candida albicans 101
Candidatus 27
CARD (Comprehensive Antibiotic Resistance Database) 19
Caudovirales 81
CAZy 19
CE-MS 93
Clostridioides difficile 83
Clostridium 177
COG (Clusters of Orthologous Groups) 19
Collinsella 181
contig 71, 79, 132, 141
CORRAL 102
Corynebacterium 86, 109
crAss-like phage 79
CRISPR (clustered regularly interspaced short palindromic repeats) 配列 81

- Cutibacterium* 109
Cutibacterium acnes 113, 168

D~F

- DADA2 66
DDH (DNA-DNA hybridization) 24
Debaryomyces hansenii 103
DNA 断片化 45
DNA 抽出 136, 157
DNA 抽出法 12, 30, 62, 125
DNA モック標品 58
DNA ロス 50
DRA (DDBJ Sequence Read Archive) 18

- dysbiosis 12, 75, 101, 117
eggNOG (evolutionary genealogy of genes: Non-supervised Orthologous Groups) 19
EMBERS 20
ENA (European Nucleotide Archive) 18
Enterococcus 85
ENVO (Environment Ontology) 18
Escherichia coli 104, 119
Eubacterium ventriosum 104
EukDetect 102
Exophiala mesophila 103
EzBioCloud 23
Faecalibacterium 180
fastp 59
FastQC 59
Flavobacteriales 110
Fusicatenibacter saccharivorans 104

G~I

- GC-MS 91
genotype imputation 188
GLM (genome language model) 20
GRCh38 60
Greengenes2 19, 67
GTDB (Genome Taxonomy Database) 19, 27, 73
GVHD (graft-versus-host disease) 85
GWAS 184
Haemophilus 110
Haemophilus influenzae 120
HWE (Hardy-Weinberg 平衡) 187
ICNP (International Code of Nomenclature of Prokaryotes) 25
ICSP (International Committee on

- Systematics of Prokaryotes) 22
IHMC 8
IHMS (International Human Microbiome Standards) 31
IMG/M (Integrated Microbial Genomes & Microbiomes) 19
Inocle 140
IPW (inverse probability weighting) 196
IS (insertion sequence) 142
ITS (internal transcribed spacer) 19, 101, 113

J~L

- Japanese 4D (Disease Drug Diet Daily life) マイクロバイオーム コホート 103, 192
JG1.0.0b 60
KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) 19
k-mer 組成 67
Lactobacillus 177
LA 法 31
LCA (least common ancestor) 166
LC-MS 92
LLM (large language models) 20

M~O

- MaAsLin2 103
MAG (metagenome-assembled genome) 19, 72, 133, 141
Malassezia 101, 110
MDA (multiple displacement amplification) 79, 148
MEGARes (Microbial Ecology Group Antimicrobial Resistance Database) 19
MEO (Metagenome/Microbes Environmental Ontology) 18
MetaCyc 19
MetaSPAdes 79
MGnify 19
MicrobeDB.jp 20
MicrobiomeDatahub 20
Micrococcus 109
Microviridae 81
MIMAG (minimum information about a metagenome assembled genome) 18
MIMARKS (minimum information about a marker gene sequence) 18
minimap2 103

MIxS (minimum information about any (x) sequence)	17
<i>Moraxella</i>	110
mOTUs	103
MS-DIAL	93
MTA (Material Transfer Agreement)	23
<i>Neisseria</i>	110, 128
NMR	93
NovaSeq	124
OTU (operational taxonomic unit)	66
Oxford Nanopore	126

P ~ R

PCA	96
PCR キメラ配列	66
Pfam	19
Phase variation	119
PI-HAT (proportion of IBD(identity by descent)heterozygosity alleles total)	187
PLINK	186
<i>Porphyromonas</i>	128
PPI (proton-pump inhibitor)	195
preNuc 法	136
<i>Prevotella</i>	128, 177
PromethION	126
Protocol_N	32
Protocol_P	32
Protocol_Q	32
Protlogger	25
QIIME2	66
RCT	192
RNAlater	31
<i>Roseburia</i>	101, 180
<i>Rothia</i>	128
<i>rpoB</i>	111
<i>Ruminococcus</i>	101, 177
<i>Ruminococcus bromii</i>	104

S ~ V

<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	101
<i>Saccharomyces kudriavzevii</i>	103
<i>Saccharomyces paradoxus</i>	103
SACRA (Split Amplified Chimeric Read Algorithm)	151
<i>Schaalia</i>	130
SeqCode	27
sequence abundance	128
SFB (segmented filamentous bacteria)	181
shearing 酵素	121
SILVA	19, 67

SNP (single nucleotide polymorphism)	184
SNP マイクロアレイ	186

SRA (Sequence Read Archive)	18
<i>Staphylococcus</i>	109
<i>Staphylococcus aureus</i>	111
<i>Staphylococcus hominis</i>	86
<i>Streptococcus</i>	128, 146
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	120
taxaTarget	102
taxonomic abundance	128
TMM (trimmed mean of M-values)	71
TPM (transcripts per million)	71
<i>Turicella</i>	110
UBERON (Uber-anatomy Ontology)	18
UDG (Uracil-DNA Glycosylase) 处理	160
UNITE	19
<i>Veillonella</i>	130
VirFinder	79
VirSorter	79
VLP (virus-like particle)	144

か行

外注	124
介入試験	12
潰瘍性大腸炎	101
化学法	30
学名	26
カルチャーコレクション	23
環境細菌由来DNA	111
環境要因	14
完全ゲノム配列	73
乾燥保存法	179
寒天平板培地	175
関連解析	198
機械学習モデル	199
技術誤差	31
擬似ランダム化	196
寄託	25
キメラ検出	66
キメラ配列	151
逆確率重み付け	196
夾雜物	92
共生代謝	90
共生病原菌	75
極性分子	92
距離行列	198
近縁関係	186
菌種組成	128
菌体モック標品	43
クオラムセンシング	119
クオリティコントロール	186
クオリティチェック	66
クラスタリング	187
グラム陰性菌	128
グラム染色	177
くり返し精度	43
クローン病	101
群集構造解析	16
蛍光活性化セルソーター	32
継代培養	177
系統組成	64
系統特異的マーカー遺伝子	71
ゲノム言語モデル	20
ゲノムワイド関連解析	184
嫌気チャンバー	173
嫌気培養	173
口腔	102, 123, 135
酵素法	30, 125
交絡因子	11, 191
国際塩基配列データベース共同体	18
国際原核生物分類命名委員会	22
国際原核生物命名規約	25
国際ヒトマイクロバイオーム	2
コンソーシアム	8

和文

あ行

アクロモペプチダーゼ	31
アセンブリ	140
アダプターダイマー	162
アダプターライゲーション	54
アトピー性皮膚炎	116
アミノ酸	91
アライメント	165
アレル頻度	187
安定同位体	97
アンブリコン解析	19, 64
移植片対宿主病	85
一塩基多型	184
一次代謝物	91
遺伝子機能組成	68
遺伝要因	14
因果関係	13
因果推論	191
インサートサイズ	58
インデックスPCR	161
エラー補正	132
炎症性腸疾患	101
エンドライシン	83
横断研究	191
オントロジー	20

