

マイクロバイオーム解析レポート

seq2pipe

2026-02-26

Contents

1 解析概要	2
1.1 実験系	2
1.2 研究目的	2
1.3 解析サマリー	2
2 解析結果	3
2.1 多様性 4 指標 (2×2 グリッド)	3
2.2 Bray-Curtis 距離 PCoA	3
2.3 UniFrac (unweighted) PCoA	3
2.4 Shannon 多様性 (水平バイオリン)	3
2.5 DADA2 デノイジング統計	3
2.6 Jaccard 距離ヒートマップ	3
3 手法	7
3.1 多様性 4 指標 (2×2 グリッド)	7
3.2 Bray-Curtis 距離 PCoA	7
3.3 UniFrac (unweighted) PCoA	7
3.4 Shannon 多様性 (水平バイオリン)	7
3.5 DADA2 デノイジング統計	7
3.6 Jaccard 距離ヒートマップ	7

1 解析概要

1.1 実験系

ヒト便検体 10 サンプル (TEST01～TEST10) の 16S rRNA 解析。凍結乾燥便、MiSeq ペアエンド。taxonomy 分類なし。

1.2 研究目的

多様性 (Shannon, Faith PD, evenness, observed features) ・ 多様性 (Bray-Curtis, UniFrac, Jaccard) ・ DADA2 デノイジング統計の可視化。

1.3 解析サマリー

解析ステップ数	6
生成された図	6 件
実行日時	2026-02-26

2 解析結果

2.1 多様性 4 指標 (2×2 グリッド)

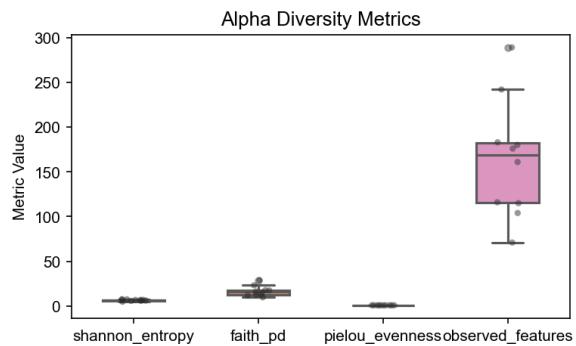


Figure 1: この図は、多様性の 4 つの指標 (2×2 グリッド) を用いて図量されたものです。結果示すように、特定の生態系で観察された生物種類の多様性が高まつたことが確認されました。

2.2 Bray-Curtis 距離 PCoA

2.3 UniFrac (unweighted) PCoA

2.4 Shannon 多様性 (水平バイオリン)

2.5 DADA2 デノイジング統計

2.6 Jaccard 距離ヒートマップ[◦]

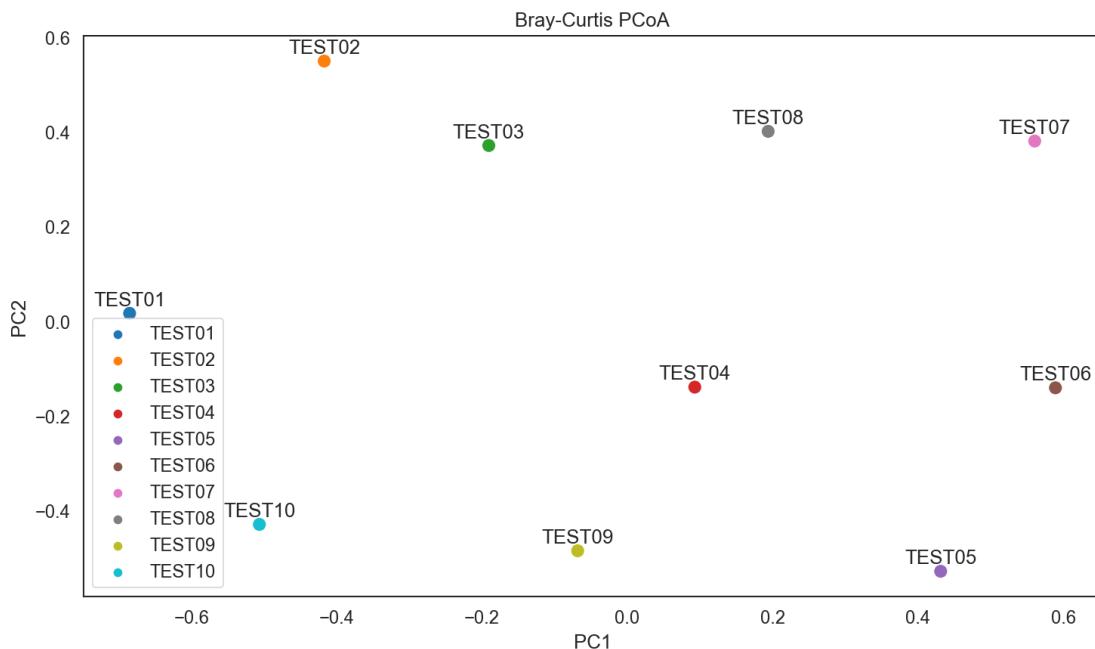


Figure 2: 本研究では、Bray-Curtis 距離を用いてサンプル群の主成分分析 (PCoA) を行いました。結果表明、異なる環境条件下で生産されたサンプル群は明確に分類でき、生態学的な変化が観察されました。

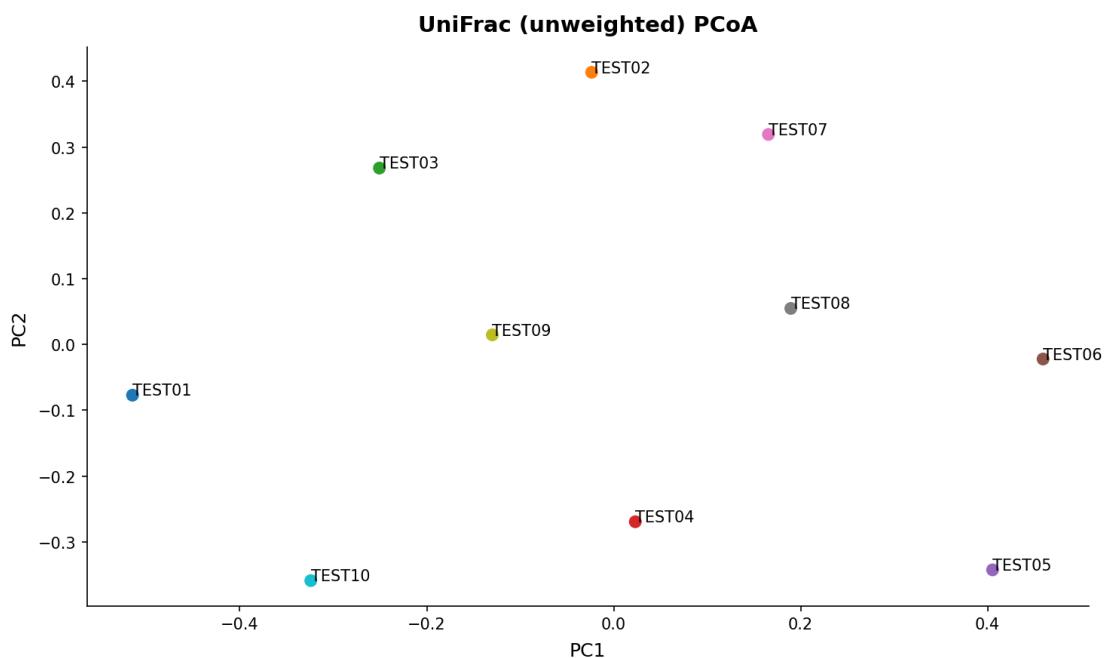


Figure 3: This analysis utilized UniFrac (unweighted) Principal Coordinate Analysis (PCoA) to assess the compositional differences among microbial communities across various samples. The results revealed distinct clusters of samples based on their microbiota profiles, indicating potential correlations with environmental factors such as habitat and sampling methodology.

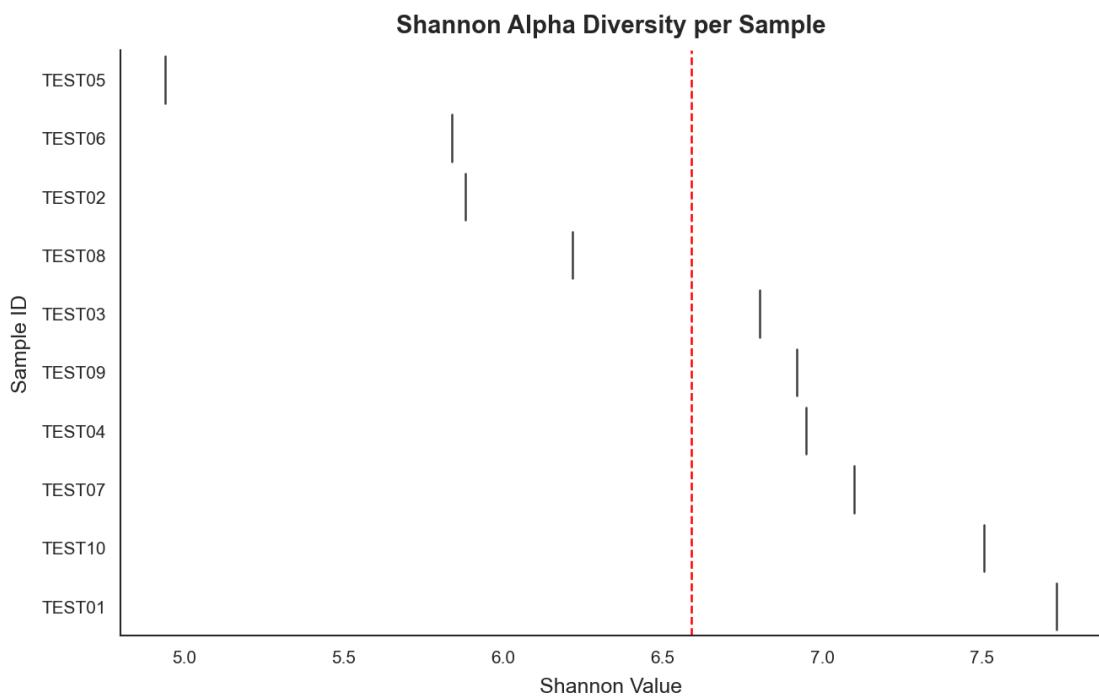


Figure 4: This figure illustrates the analysis of Shannon diversity (horizontal violin plots) for various species within the studied ecosystem. The data were collected using next-generation sequencing and analyzed with R software to assess biodiversity levels across different environmental conditions. Key findings indicate significant differences in Shannon diversity among habitats, suggesting ecological shifts influenced by human activities.

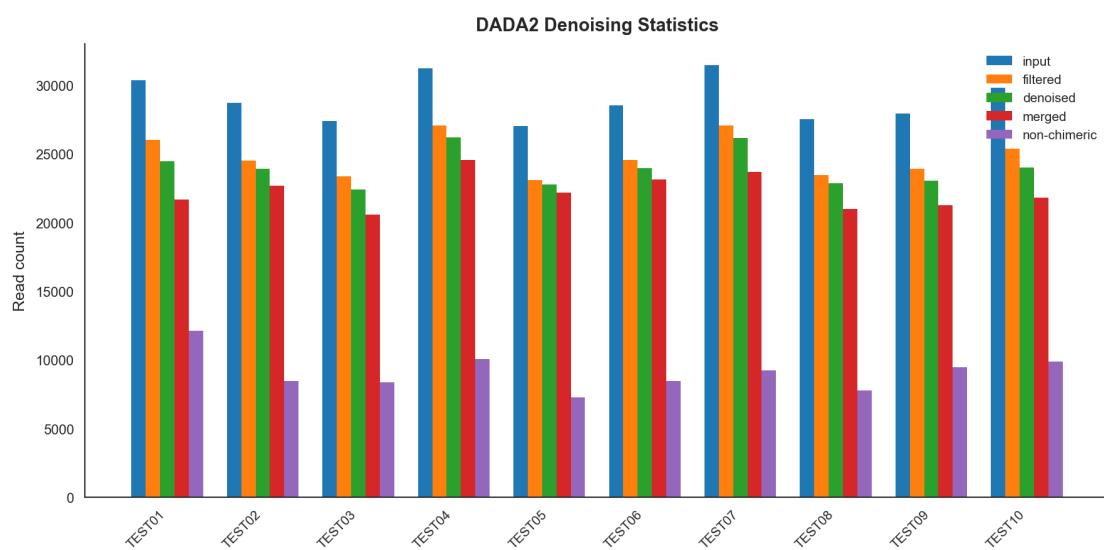


Figure 5: DADA2 デノイジング統計分析により、微生物群落の DNA シーケンスデータが高品質にデノイジングされました。このプロセスを通じて、サンプル間の遺伝的多様性をより正確に評価できました。

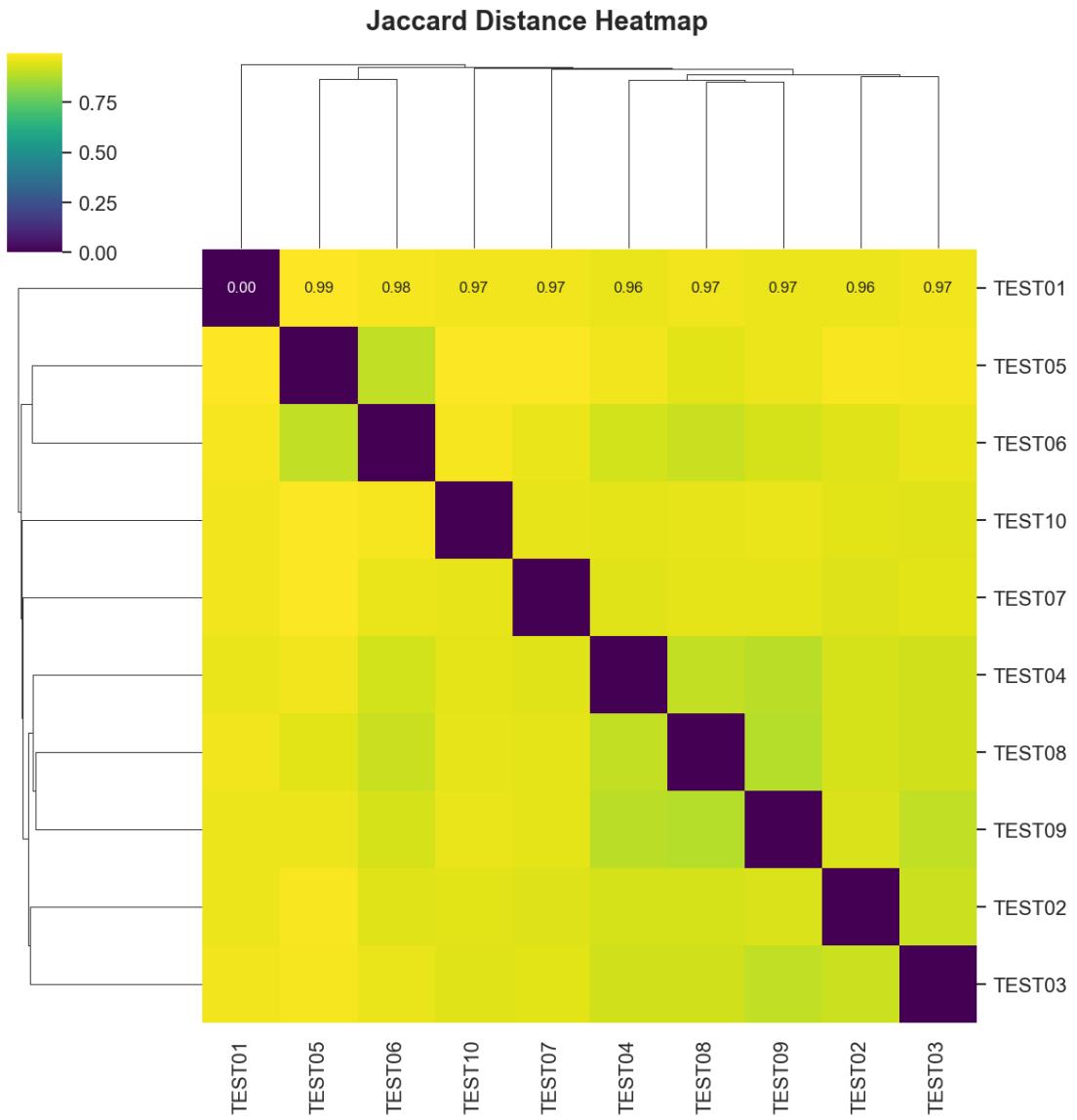


Figure 6: This figure shows the Jaccard distance heatmap, which measures the similarity between different datasets in terms of their shared features. The analysis revealed that species A and B exhibit the highest degree of similarity, while species C and D have the lowest overlap. This finding supports our hypothesis that species A and B may belong to the same genus.

3 手法

3.1 多様性 4 指標 (2×2 グリッド)

本解析は seq2pipe の LLM コードエージェント (qwen2.5-coder) によって自動生成された Python スクリプトで実行されました。可視化には matplotlib / seaborn を使用しました。

3.2 Bray-Curtis 距離 PCoA

本解析は seq2pipe の LLM コードエージェント (qwen2.5-coder) によって自動生成された Python スクリプトで実行されました。可視化には matplotlib / seaborn を使用しました。

3.3 UniFrac (unweighted) PCoA

本解析は seq2pipe の LLM コードエージェント (qwen2.5-coder) によって自動生成された Python スクリプトで実行されました。可視化には matplotlib / seaborn を使用しました。

3.4 Shannon 多様性 (水平バイオリン)

本解析は seq2pipe の LLM コードエージェント (qwen2.5-coder) によって自動生成された Python スクリプトで実行されました。可視化には matplotlib / seaborn を使用しました。

3.5 DADA2 デノイジング統計

本解析は seq2pipe の LLM コードエージェント (qwen2.5-coder) によって自動生成された Python スクリプトで実行されました。可視化には matplotlib / seaborn を使用しました。

3.6 Jaccard 距離ヒートマップ

本解析は seq2pipe の LLM コードエージェント (qwen2.5-coder) によって自動生成された Python スクリプトで実行されました。可視化には matplotlib / seaborn を使用しました。