




Oxford Nanopore Test Run 結果2

- シーケンサー Oxford Nanopore MinION Mk1B
- フローセル MinION Flow Cell Mk I (R9)
- ワークフロー 2D Basecalling RNN for SQK-NSK007(48hrs)

- 解析対象 16S Amplicon (27f mod + 1492r)



Run 結果

- Total reads : 23,793 (Calibration Strand 含む)
- Total bases : 32,621,715

- Total reads (2D) : 7,931 (Calibration Strand 含む)
- Total Bases (2D): 11,237,467
- Mean Length : 1,416.90
- Median Length : 1,480
- Minimum Length : 201
- Maximum Length : 7,449

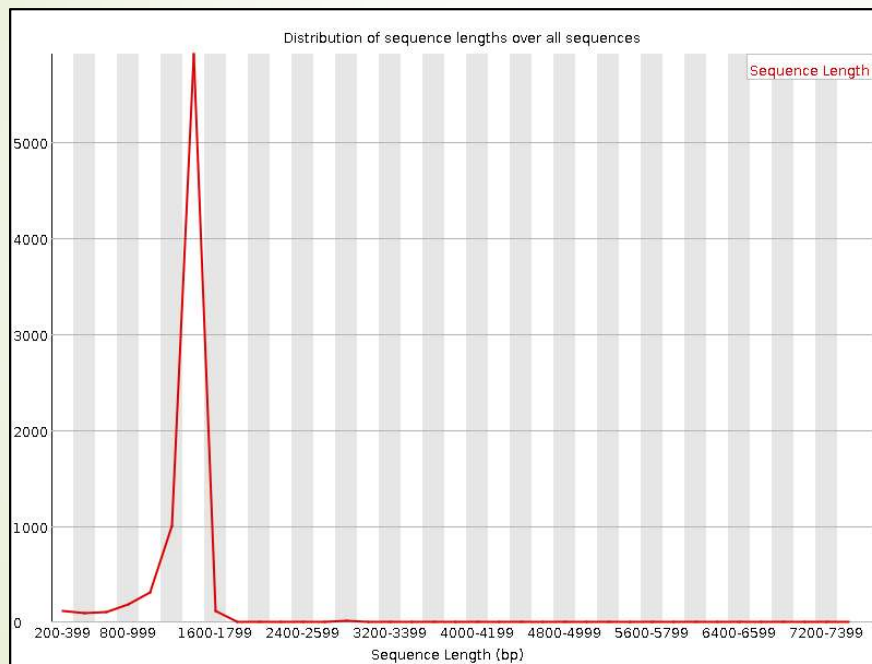
(統計情報はpopetoolで取得)

データ解析

- ▶ Raw dataから2D Readのみ抽出(pore tools)
- ▶ Fastqc で断片長確認
- ▶ 1450bp±200bpの配列を抽出

- ▶ クラスタリングは困難、個別リードごとに系統推定
- ▶ 系統推定1 bwaで基準株にマップ、カウントを得る(無理矢理マッピング)
- ▶ 系統推定2 RDP classifier で系統推定
- ▶ 同じサンプル V1V2、V3V4、V4アンプリコンと比較(こちらもRDP)

データ解析 2



多くのリードが目的の1400-1600bpの間となっている。

系統推定結果(門レベル)

	Nanopore bwa_ont2d	Nanopore rdp	MiSeq V1V2 rdp	MiSeq V3V4 rdp	MiSeq V4 rdp
Acidobacteria	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Actinobacteria	0.04	0.04	0.07	0.05	0.07
Bacteroidetes	0.06	0.06	0.04	0.04	0.02
Cyanobacteria	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Firmicutes	0.67	0.63	0.66	0.66	0.69
Fusobacteria	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
Proteobacteria	0.21	0.21	0.21	0.23	0.19
Spirochaetes	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
SR1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Synergistetes	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Tenericutes	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
TM7	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Verrucomicrobia	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Unmapped / Unassigned	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00

