

# 索引 INDEX

## 数字・欧文

1分子リアルタイムシーケンサー	21, 35
3C	182
3C-qPCRで増幅がみられない	192
3C アッセイ	182
3C制限酵素切断効率が低い	192
16S rRNA	38, 258
454 GS FLXT	261
454 GS Junior	261
1000人ゲノム	98, 367

## A~C

AbrB	141
ACGT 認識	172
Acil	172
AMPure XP Kit	279
AWS (Amazon Web Services)	350
BALM	163
BAM	370, 378
bash	48
BED ファイル	343, 367, 370
BioProject	388
BIOS	46
BioSample	390
BioSample ID	391
bowtie	48, 122, 201, 209, 210, 330, 335, 383
BWA	90, 98, 210, 313, 332, 352
CAGE 法	229, 344
CCGC 認識	172
CCS	251
Cell Innovation Project	238
CentOS	333
ChAP	132
ChIA-PET	182, 183

ChIA-PET サンプル調製時のローテーター	192
ChIA-PET のライブラリーの確認方法	192
ChIP	105
ChIP-DNA の収量が悪い	120
ChIP-seq	14, 38, 105, 342, 361
ChIP-Seq の結果が悪い	121
ChIP-Seq をやったがピークがみられない	14
Chromatin Immuno-Precipitation	105
Chromosome conformation capture	182
“command not found : perl” などと表示される	334
“command not found : wget” などと画面に表示される	334
Conserved Score	368
COSMIC	368
CpG アイランド	172
Cuffdiff	210, 226, 385
Cufflinks	210, 219, 226, 384
curl	334

## D・E

DBCLS	395
dbSNP	367, 368
DDBJ	324
DDBJ Pipeline	327, 352
DDBJ Pipeline 基礎解析部	354
DDBJ Pipeline 高次解析部	355
DDBJセンター	387
de novo アセンブリ	246, 352
de novo ゲノムシーケンシス	297
depth	12
DGE	229
DNApod (DNA Polymorphism Annotation Database)	360
DNase I	131
DNase I フットプリント	142
DNase-seq	202
DNA 回収量が著しく低い場合の対応	283
DNA シークエンシス	18
DNA シークエンシスにおけるライブラリ調製試薬の一覧	19
DNA 消化	135
DNA-タンパク質複合体の精製	135
DNA プール調製の具体例	57
DNA メチル化	156

DNA メチル化解析とは	16
DNA ライブラリの調製	61
DRA	352, 388, 391
D-way	389
EBCall	77
EBI	387
ENA	367
ENCODE	232
ERCC control	45
ERROR : Could not find a package	336
ERROR : The previous process exited with error code.	336
export コマンド	48, 373

---

## F~H

---

F <sub>2</sub> で変異形質を示す個体を選択	313
FAIRE	195
FASTA	370
fastCAGE 法	230
FASTQ	362
featureCounts	163
FFPE サンプル	73
Fisher's exact test	79
Fisher 検定の精度	81
fold change	240
FPKM	14, 211, 226
GAlIx	132, 306
Galaxy	342
Galaxy Cloudman	350
GATK	79, 90, 99, 350
GeF-seq	131
GenomeJack	377
Genomon-exome	77
Genomon-Fisher	77
GFF	367
GPGPU	326
GS FLX +	31
GS Junior	31
GTF	367
GVF	367
HapMap	367, 368
HELP-tagging 法	173
HELP 法	165

HGAP	246
HiSeq	34, 105, 132, 156
HiSeq2000	50, 57, 152
HiSeq2500	174, 204, 312, 313
His-tag 融合タンパク質	133
HLA	85
homebrew	332, 333
HpaII	165
HpyCH4IV	172

---

## I~N

---

IGV (Integrative Genomics Viewer)	164, 210, 212, 341
IMC array edition software	135
indel	77
Indel コールの false positive が大量に出た	81
Index 配列	146, 175, 218, 231
input DNA	198
INSDC	387
Intel Xeon Phi コプロセッサ	326
Ion PGM	33, 37, 67
Ion Proton	33
Ion Torrent 半導体シーケンサー	67
JGA (Japanese Genotype-phenotype Archive)	395
Large Hypomethylated Domain	172
LIMprep	162
linker-mediated PCR	165
LoD	172
LPM (Local Package Manager)	332
LPM のインストール	333
LPM のもう少し進んだ使い方	337
LPM のユーザーサポート	341
MACS	123, 131, 201
Mag Bead	248
Maser	232
MBD-seq	156
MethylMiner Methylated DNA Enrichment Kit	160
MeDIP-seq	38
MiGAP	327
MiSeq	34, 60, 64, 86, 216, 290
mpsmmap	135, 138
MspI	165
MutMap	311

MutMap pipelineによる解析	314
nAnT-iCAGE	238
NBDC	395
NBDC ヒトデータ共有ガイドライン	395
NCBI	387
Nextera 通常プロトコールとの違い	93
NextSeq500	302, 312
Novoalign	341

## O~R

ORF 予測	272
OS	47, 324
OTU 解析	266
PacBio RS	35, 246
PATH	335
PBJelly	254
PCR 重複 (Duplicate)	21, 364
PCR フリーショットガンライブラリ作製	277
Perl のモジュール	340
Phase-defined sequencing による HLA 遺伝子配列決定	90
pmapsr	135, 138
porg	333
Python のモジュール	340
QC ツール	44
QC について	40
QIAquick PCR Purification Kit	279
qPCR での enrichment が悪い	120
Quality Value	266
Quiver	252
RAD-seq	303
RADtools	310
RECLU	238
RedHat Enterprise Linux	333
RIN 値	205
RNA-Seq	13, 38, 204, 352
RNA-seq ライブラリのインサートサイズ	301
RNase の混入	227
RNA シークエンシング	26
RNA 抽出	291, 295
RPKM	14, 29, 210, 383
RS Dashboard	251
RS Remote	250

Ruby のモジュール	340
R コマンドインタプリタ	49
R シェル	49

## S~Z

SAM/BAM	370, 378
Sample Prep Calculator	249
SAMtools	79, 90, 123, 226, 310, 313, 350, 374
SMRT	246
SMRT Analysis	252
SMRT bell	247
SMRT Cell	249
SMRT Pipe	252
SMRT Portal	252
SMRT View	254
SNP	303
SNP-index 解析	311, 317
SNPTools による多型の抽出とインビューテーション	101
spike-in control	45
Sprai	252
SRA	380
Stacks	310
stranded RNA Seq	204
SureSelect ターゲットエンリッチメントシステム	50
tar ball	338
Top-Hat	210, 219, 225
TPM	240
Trackster	347
Trinity	210, 352
Trinity2BLASTP	356
Ubuntu Linux	333
UCSC	379
UCSC Genome Browser	242, 344
UGE (Univa Grid Engine)	326
Umbrella BioProject	389
“unable to resolve host address” というエラーメッセージが出る	334
UTGB Toolkit	370
VCF	367, 378
Web デザインツール	67
WES (whole exome sequencing) 法	50
wget	334

WIG	370
yum	332
ZMW	249
ZMW Loading for Productivity	251

## 和文

### あ行

アセンブル	211
アノテーションワークフロー	356
アライメントエラーが多い	81
ありふれた疾患	103
アンブリコンシークエンス	67, 71
鋳型調製	204
イソシゾマー	165
一部の5'-CCGG-3'サイト(数百~数千)にのみ配列がマッピングされる場合	180
遺伝研スパコン	323
遺伝子機能プロファイリング	273
遺伝子コード領域や調節領域に変異が確認できない	320
遺伝子診断	59
遺伝子発現の定量方法	13
遺伝子レパートリー	269
イネ	312, 359
イネの食味関連の候補SNP	360
インストール履歴	340
インタラクティブノード	327
インデックス管理	34
インデックス配列	146, 175, 218, 231
インビューテーション	100
エクソーム解析とは	11
エクソームキャプチャー	54
エラーの起こりやすさ	81
演算装置	46
エンハンサー領域の同定	202
オープンクロマチン領域	16, 202
オペレーティングシステム	46
オリゴ配列	185

### か行

カーネル	47
海水からの海洋細菌叢検体	259
核酸濃度の影響	301
カスタムパネルデザイン	68
カバー度	23
カバー率	24
完全変態昆虫	291
記憶装置	46
基礎解析部でジョブがエラーで終了した場合	358
キメラチェック	266
キャプチャーシークエンス	29
キャリアオーバー	34
偽陽性	364
菌叢DNAサンプル調製	258
偶発的所見	97
クオリティーコントロール	39
クラスタージェネレーション	300
クラスタリング	240
クロマチンアクセシビリティ解析	195
クロマチンがうまく断片化できない	120
クロマチン構造解析とは	15
クロマチン断片化が安定しない	120
クロマチン免疫沈降	105
計算プラットフォーム	351
ゲートウェイノード	327
ゲノムDNA断片化の最適化	141
ゲノムDNAの抽出と精製	298
ゲノム解析でLPMを使うべき理由	335
ゲノム環状化	254
ゲノム配列をよむ	11
ゲノムブラウザ	212, 377
ゲノム編集技術	75
ゲノムリシークエンス	38
ゲノムワイド関連解析(GWAS)	95
原品種と交配	313
高I/Oバンド幅	323
国際塩基配列データベース	387
ごく微量である場合	295
枯草菌	133
コホート研究	95, 103
コマンドインタプリタ	47

コマンドパス	48
コマンドラインインターフェイス	46
コマンドラインシェル	47
混み具合の確認	329
コモンディーズ	103
昆虫組織から精製したRNA	301

## さ行

細菌叢	38, 258
さらなるスキルアップに向けて	49
サンプルが分解を受けている場合	40
サンプル調製に用いる測定機器	42
サンプルの調製	51
サンプルの見込みの総量が実際の値と大きく異なる場合	40
ジェノタイピング	303
シェル	47
シーケンサーの選択	31, 37
シーケンスデータからマッピングデータの作成	98
シーケンスデータのQC	43
シーケンスの読み均一性	12
シーケンス読み取り深度	12
シーケンスライブラリの作製	293, 299
磁性ビーズの持ち込みの影響とその防止方法	280
疾患パネル	25
実験サンプルのQC	42
質の低いDNAの精製方法	279
シャープ文字	47
ジャンクションマッピング	383
十分な量のRNAを確保できる場合のRNA-seq	291
情報解析	138
ショートリードのクオリティコントロール	314
植物種	312
初心者がよくつまづく	48
ショットガンシーケンス	38
ジョブ、プログラム、プロセス	326
新規ゲノム配列決定	277
新規生物種解析	361
スパコン	353
進んだ解析	337, 350
スロット	328
制限酵素	303
精神神経疾患検体の解析	75

全エクソームシーケンス法	50
全ゲノム解析とは	12
全ゲノムまたは全エクソームシーケンスデータからのHLAタイピング	92
ソフトウェアのインストール地獄	332

## た・な行

大規模計算	328
唾液からの唾液細菌叢検体	259
多型情報の精度管理	100
ターゲットDNAシーケンシング	22
ターゲットキャプチャ	62
ターゲット濃縮試薬の一覧	22
ターゲットリシーケンス	38
多検体を用いた実用的な使用をめざす場合	94
多サンプルライブラリのサイズセレクト	282
ターミナル	47
断片化の度合いが実験ごとに異なる場合	141
超並列型シーケンサー	31
ディープシーケンシング	38
定量的なDNAメチル化解析	180
ディレクトリ	47
デジタル遺伝子発現解析	13
データ解析	301, 342
データ可視化	342
データ提供申請サイト	395
データ転送	328
データの共有	348
データベースを作成	370
転写因子	344
転写因子結合部位	238
転写開始点	346
転写制限メカニズムを明らかにする	14
東北メディカル・メガバンク計画	95
匿名化	96
ドル記号	47
ながはま0次予防コホート事業	95
日本DNAデータバンクセンター	387
入出力装置	46
ノード	325

## は行

バーコード配列	261, 306
---------	----------

バイオサイエンスデータベースセンター	395
バイサルファイトシーケンス	38
ハイブリッドアセンブル	254
パスを通す	48
パッケージ一覧を知りたい	337
発現解析	240
ハプロタイプブロック	100
バルクDNAのシーケンス	313
ヒスチジンタグを解析対象タンパク質に 融合できない場合	141
微生物ゲノム	391
必要書類一式	395
ヒト主要組織適合抗原	85
ヒト腸内フローラなどの閉鎖系	274
ヒト胚性幹細胞 (HI) のメチル化状態	180
非モデル生物	290, 303
微量DNAサンプル	73
微量DNAに対応した試薬	20
微量DNAの断片化の評価と定量ができる手法	73
微量RNAに対応した試薬	28
微量なサンプルの場合	14
品質管理	39
ファイルの一覧を取得	337
フォーマット	377
フォルダ	47
副産物の出現	227
不等号	47
プライマー設計	67
プログラム	326
糞便からの腸内細菌叢検体	259
ベースライン調査	95
変異解析	361
変異候補から脱落した	81
ホームディレクトリ	48

## ま・や行

マッピング	209, 238
マッピングデータから多型ファイルの作成	99
湖や海中などの開放系	274
ミドリフグ	354
メイトペアライブラリ作製	277, 281
メタ16S解析	258
メタゲノム	258
メタゲノム・アセンブリ	271
メタデータ	387
メチル化感受性酵素	165
メチル化状態の分布に偏りがみられる	180
メンデル遺伝性疾患	50
目的のバンドが得られない	180
融合遺伝子	211
ユーザー登録	326

## ら・わ行

ライフサイエンス統合データベースセンター	395
ライブラリ	14
ライブラリ長の最適化	93
ライブラリ長の最適化がされていない場合	94
ライブラリ定量用試薬	30
ライブラリの作製	137
ライブラリ作製に用いる測定機器	42
ライブラリの電気泳動で生じるサイズのズレ	282
リソーススケジューラ	326
リファレンス配列	379
リファレンス配列の構築	314
臨床におけるNGSの活用	12
ログイン	327
ロングアンプリコンシーケンス	86
ロングリードを再構築	21
ワークフロー	347