

索引

記号	
-	82, 90
!=	82
.	50, 95
..	50
.bashrc	40
.py	80, 106
()	87, 95
[]	85, 95
*	82, 95
*?	94
/	82
\d	95
\D	95
\s	95
\S	95
&	32, 65, 90
&>	60
#!	80
%	82
^	90, 95
+	82, 95
+?	94
<	82
<=	82
==	82, 92
>	59, 82
>&	60
>=	82
	61, 90
~	50
~/bashrc	57
~/cshrc	57
\$	95

¥¥wsl\$.....36

A

add()	89
Albacore	313
Anaconda	73, 123
append()	86
APT	64
Arm系CPU	16
Arrow	334
ATAC-seq	238, 249

B

BAM	183, 244
bam.bai	228
bar plot	140
barplot()	141
bash	46
BCFtools	209
BD Rhapsody	252
BED	185
bg	66
Bioconductor	125
Bismark	249
bool型	82
Bowtie2	217, 219, 225, 240
box plot	138
boxplot()	139
break	98
brew	68
BS-seq	238, 249
BWA	195, 219
BWA-MEM	195

C

C1	252
Canu	310, 334
CasualCall	313
cat	103
cBioPortal	165
cd	48
cDNA-seq	311
Cell Ranger	251, 253, 255, 256
Cell Ranger ATAC	251, 259, 260
cellranger mkref	255
chgrp	53, 54
ChIP-seq	238, 240
Chiron	313
chmod	52, 80, 216
chown	53, 54
ChromHMM	249
Chromium	251, 252
CLIP-seq	212
close()	103
cloupe	253
clusterProfiler	155
CNVkit	208, 209
ComplexHeatmap	151
continue	98
Control-FREEC	208, 209
cor.test()	134
core histone marks	238
cp	54, 55
CpGサイト	249
CPU	16
CRAN	125
Ctrl+C	66
Ctrl+D	79

Ctrl+Z.....66
 Cufflinks.....230
 CuteSV.....325
 Cドライブ.....35

D

DAVID.....158
 DBKERO.....188, 304
 dbSNP.....198
 ddSEQ.....252
 de novo アセンブリ.....333
 def.....99
 DEG 解析.....144, 145
 DEG 抽出.....279, 281
 DESeq2.....126, 145, 146
 dict 型.....91
 difference().....90
 direct RNA-sequencing.....311
 dist().....150
 Dist().....150
 DNase-seq.....249
 DNA メチル化.....238, 249
 DNA 結合タンパク質.....238
 DNA 配列の変異.....114

E

edgeR.....126, 146
 elif.....96
 else.....96
 EM-seq.....249
 emacs.....71
 endswith().....93
 enrichment analysis.....287
 env.....56, 58, 81
 export.....56, 58

F

FALSE.....82
 FAIRE-seq.....249

FAST5.....183, 329
 FASTA.....183
 FASTQ.....183, 194
 FastQC.....216, 222
 featureCounts
218, 230, 312, 316
 fg.....66
 file.....76
 FLAG.....183, 316
 Flappie.....313
 float 型.....82
 Flongle.....307
 Flye.....333
 for.....97
 format().....84
 FPKM.....230
 from ... import.....107
 from ... import ... as.....107

G

gatk.....203
 GATK.....196, 204
 GATK HaplotypeCaller
205, 208, 209
 GC 含有率.....216
 GDC.....165
 Gene Ontology 解析.....154
 Genomon.....209
 GenomonSV.....209
 ggplot2.....125, 136, 151
 global.....101
 GO エンリッチメント 解析.....155
 GraphMap.....310
 grep.....62
 GridION.....307
 group().....95
 GSEA.....287
 Guppy.....313

H

hclust().....150
 heatmap.2().....151
 hg19.....160, 187
 hg38.....160, 186, 187
 HGC.....174
 Hi-C.....249
 HISAT2.....219
 Homebrew.....64, 68
 HTseq.....230
 HTSlib.....196
 hybrid 法.....334

I

ICELL8.....252
 if.....96
 IGV.....207, 229, 320, 326
 import.....106
 import ... as.....107
 in.....93
 indel.....115, 192
 inferCNV.....286
 intersection().....90
 int 型.....82

J

JASPAR.....250
 jobs.....66
 Juicer.....250

L

LAST.....310
 len().....87, 88, 92
 less.....103
 library().....126
 Linux ディストリビューション.....28
 list().....85
 list 型.....85
 ln.....54, 55

lncRNA 212
 load() 131
 Loupe Browser 253, 255, 261
 ls 48, 50

M

MacPorts 64, 66
 MACS2 240, 246
 man 47
 match() 94
 matplotlib 110
 MEME 250
 Metascape 144, 158
 Miniasm 310
 Minimap2 310, 311, 322, 324
 MinION 306, 307
 miRNA 212
 mkdir 48, 49
 Monocle 126, 287
 more 103
 mRNA 212
 MSigDB 287
 MutationalPatterns 209
 Mutect2 209
 mv 54, 55

N

NanomonSV 310, 325
 Nanopolish 310, 334
 NanoSV 325
 NCI Genomic Data Commons 160
 NGMLR 310, 324
 NIG 174
 non-hybrid法 334

O

ONT (Oxford Nanopore Technologies) 社 306
 open() 103

P

PacBio RS II 307
 PacBio (Pacific Biosciences) 社 306
 packageVersion() 126
 PATH環境変数 57
 PCA 275
 PCAWG 321
 PCR duplicate リード 199
 Picard 196
 pip 73
 plot() 135
 point mutation 192
 polishing 334
 port 67
 PPM 231
 Primary alignment 316
 print() 83, 105
 printenv 56, 58
 PromethION 306, 307
 pseudotime analysis 287
 Pseudotime trajectory 126
 pwd 48
 pyplot 112
 Python 73, 78

Q

q() 127
 QC 214
 qsub 173

R

R CMD BATCH 132
 R (言語) 122, 144
 Raven 334
 read.table() 130, 131, 133
 readline() 103, 104
 readlines() 103, 104
 readRDS() 132

redbean 310
 remove() 86, 89
 return 99
 RIP-seq 212
 rm 54, 55
 rmdir 48, 49
 RNA velocity 287
 RNA-seq 133, 144, 212
 RNA結合タンパク質 212
 root ユーザ 55
 RPKM
 134, 138, 140, 149, 230, 231
 RSEM 230
 RStudio 124
 Rsubread 230
 rtモード 103

S

SAM 183
 SAM/BAM 195
 SAMtools
 195, 209, 217, 240, 312, 322
 samtools view 228
 save() 131
 saveRDS() 132
 Scanpy 286
 scATAC-seq 251, 259, 268
 scp コマンド 173
 scRNA-seq 251, 253, 256, 268
 scVelo 287
 Secondary alignment 316
 Sequel System 307
 setenv 56, 58
 set型 89
 Seurat 126, 268
 SHIROKANE 174
 Signac 126, 268
 SigProfiler 209
 SLURM 173

エンリッチメント解析	
.....	144, 154, 158
オープンクロマチン領域	249
オミクス	178
親ディレクトリ	50

か

解析環境	182
階層的クラスタリング	149, 150
カウント	218
返り値	100
隠しファイル	50
拡張子	50
型	82, 129
カプラン・マイヤー曲線	126
画面への出力	83
仮引数	99
カレントディレクトリ	48, 50
環境変数	56
がんゲノムアトラス	160
関数	99
キーと値のペア	91
偽時間	287
逆位	321
共発現遺伝子ネットワーク解析	126
行列操作	129
行列データ	122
距離	150
空間的遺伝子発現解析	304
クオリティチェック (QC)	214, 216, 221
組込み型	82
クラスタリング	278, 295
くり返し	97
グローバル変数	101
クロマチンアクセシビリティ	238, 249
クロマチン三次元構造	238, 249
クロマチンステータス	126

欠失	321
ゲノム	178, 306
ゲノム解析	181, 192
ゲノム構造	321
公開鍵	168
公開鍵認証	168
構造多型	306, 321
構造多型検出	209
構造変異	321
構造変異検出	209
国立遺伝学研究所	174
コピー数解析・推定	208, 286
コピー数多型検出	209
コピー数変異検出	209
コマンド検索パス	57
コマンドライン引数	108
コマンドラインシェル	46

さ

細胞種同定	284
差集合	90
散布図	133, 135, 317
シェル (シェルスクリプト)	46
次元圧縮	273, 295
辞書型	91
指数形式	82
次世代シーケンサー	178
四則演算	127
シバン	80
集合型	89
条件分岐	96
ショートリード	212
ショートリードシーケンサー	180, 192
ジョブ管理	65
ジョブ管理システム	173
所有グループ	52
所有者	52
新規転写産物	212

シングルセル	182, 251, 268
シンボリックリンク	54
スーパーコンピュータ (スパコン)	167
スーパーユーザ	55
スクリプトファイル	78
スケーリング	273
スコープ	100
ストレージ	17
スプライスパターン	212, 306
スライス	86, 87, 94
正規表現	94
生殖細胞系列変異	192
整数型	82
生存解析	126
絶対パス	49
全エキソーム解析	192
全ゲノム解析	192
相対パス	49
挿入	321
ソースコードの分割	106

た

ターゲットシーケンズデータ	208
体細胞突然変異	192
対称差集合	90
代入	82
対話型インタプリタ	78
多型	192
多型検出	209
多重ループ	99
タプル型	87
重複	321
ディスククォータ	173
ディストリビューション	29
ディレクトリ	48
データフレーム	129
データプロセッシング	329
データベース	188

テキストエディタ	70
テキスト形式	79
デスクトップ	35
デフォルトユーザ	34
転座	321
転写因子結合部位	250
転写産物	212
点変異	192
東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター	174
統合解析	268
東北メガバンク・メガバンク機構	174
特権ユーザ	55
ドットファイル	50
トランスクリプトーム	178, 181, 212, 251, 306
トリミング	216

な

ナノポアシークエンサー	306
二項演算子	82
二次元描画	278, 295

は

パーミッション	52
バイサルファイト	249
パイプ	61
箱ひげ図	138
パス	48
バックグラウンド	65
パッケージ	64
パッケージマネージャ	64
発現遺伝子数	270
発現変動遺伝子	126
発現量解析	230, 316
バッチモード	132
ピアソン相関係数	134
ピークコール	238, 240, 246

ヒートマップ	144, 149, 153, 233, 332
ヒストン修飾	238
秘密鍵	168
標準エラー出力 (stderr)	59
標準化	273
標準出力 (stdout)	59
標準入力 (stdin)	59
頻度	201
ファイルオブジェクト	103
ファイルからの入力	102
ファイルの受け渡し	34
ファイルの入出力	102
ファイルへの出力	105
フィルタリング	202, 270, 271, 289
フェージング	306
フォアグラウンド	65
不可視ファイル	50
浮動小数点型	82
フローセル	310
ペアレントディレクトリ	50
ベースオリティスコア	216
ベースコール	313
ベクトル操作	128
変異検出	196, 209
変異シグネチャー解析	209
変更可能	85
変更不可能	85
変数	82
変数名	82
棒グラフ	140
ホームディレクトリ	35, 48

ま

マーカー遺伝子確認	279, 281
マッチオブジェクト	95
マッピング	198, 217, 226, 242, 310, 313, 324, 330

マッピングツール	219
ミュータブル	85
メチル化	330
メモリ	17
モジュール	106
文字列型	82
文字列のパターンマッチング	92
戻り値	100

や

融合遺伝子	212
ユニークマップリード	228

ら

ライブラリ	212
リスト型	85
リダイレクト	59
リファレンスゲノム	185
類似度	150
ルートディレクトリ	48
ループ	97
ローカル変数	100
ロングリード	306
ロングリードシークエンサー	180, 306
ロングリード解析	182
論理型	82

わ

ワイルドカード	51
和集合	90