

Index

SYMBOLE

- .bashrc* 63
- .vimrc* 63
- \$ 35
- ./bash_profile* 130
- .gz* 55
- .my.cnf* 170, 200
- .tar* 55
- .tgz* 55
- 16S rRNA-Daten 105
- 32-Bit Linux 45
- 3D-Struktur 135, 141
- 64-Bit Linux 45
- Antworten zu Fragen** 243
- apt-get* 73
- Autovervollständigung 57
- AWK 31, 78, 101
 - Array Schleifen 91
 - Ausgabe 88
 - bedingte Schleifen 90, 91
 - bedingte Verzweigung 90
 - Befehle kreieren 91
 - BEGIN 81
 - Datei einlesen 82
 - Dateien zusammenführen 81
 - Daten einlesen 82, 88
 - Daten zusammenführen 79, 80, 115
 - END 85
 - Feldvariablen 78, 86
 - *getline* 88
 - jede n-te Zeile 86
 - Mathematik 89
 - *split* 140
 - Text bearbeiten 89
 - Variablen 86
 - Zeilen auswählen 79, 86, 101, 115
 - Zugriff auf Bash 85
- AWK:Feldvariablen 78
- BAM-Format** 155
- Bash 20, 22, 48, 50, 78
 - *.bash_profile* 130
 - *.bashrc* 63
 - *\$PATH* 133
- Anführungszeichen 121
- Befehl abbrechen 99
- Befehle 72, 74
- Befehle im Hintergrund 160
- Befehle kreieren 52
- in L^AT_EX 223
- in AWK 85
- in MariaDB/MySQL 186
- in R 199
- in Vim 62
- in Webseiten 227
- konfigurieren 63
- mehrere Dateien bearbeiten 121
- Schleifenkonstrukt 121
- Variablen 66
- BCFtools 149, 154
- Betriebssysteme 44
- Biogas 26, 103, 104, 119
- biologische Grundlagen 28
- BLAST 92, 98
 - Ausgabeformate 111
 - *blastn* 125
 - *blastp* 97, 99
 - *blastx* 122
 - eigener Webserver 237
 - installieren 96
 - *makeblastdb* 97
 - tabellarische Ausgabe 111, 112
 - Textausgabe 100
- Bowtie2-Programm 147, 154
 - Sequenzen indexieren 154
 - Sequenzen mappen 154
- BRENDA 239, 240
- Clustal Omega** 136
- Clustal Omega Programm 133
- Clustal-Format 137
- Copy/Paste im Terminal 52
- Cygwin 43

Dateien

- *batch job* 121
- komprimieren 55
- Archive 55
- ausführbar machen 138
- betrachten 65
- komprimieren 55
- kopieren 54
- löschen 54
- umbenennen 54
- Viewer Less 65
- Zugriffsrechte 54, 138
- zusammenführen 81

Dateisystem 51

Datenbank 20, 104

Datenbanken 21, 165

Datenströme umleiten 51

Distanzbaum 138

Ebola 145

Ebola-Virus 146

- Genomsequenz 146

egrep 22, 67

EMBOSS-Programmsuite 147

- Programme 148

Entrez Direct 129

- efetch 131

- Installation 129

Enzyme mappen 124

Excel 25, 165

FastA-Format 39

- als Tabelle 106
- Sequenzen zählen 96

FastQ-Format 39, 40, 86

- FASTX-Toolkit 107

- in FastA verwandeln 110

- Phred-Score 108

- Qualitätskontrolle 107, 108

FastQC-Programm 107, 108

FASTX-Toolkit 107, 109

- *fastx_quality_stats* 109

Fernverbindung 57

Flowcell 40, 41

forensische Mikrobiologie 95

Frage im Text 68, 84, 90, 102, 106, 116, 120, 138, 157, 158, 161, 172, 177, 203, 207, 210, 227, 233

GenBank 63

- Format 38

Genome Savant-Programm 151, 160, 161

Geschichte der Bioinformatik 22

GFF-Format 152

H1N1-Virus 127

HTML 227

hypothetische Gene/Proteine 101

IGV-Programm 150, 160

Illumina HiSeq 40

InDel-Mutationen 146

InDels

- anzeigen 158–160

- VCF-Format 157

Influenza-Viren 128

Installation

- L^AT_EX 221

- Apache Webserver 226

- BLAST 96

- Bowtie2 147

- Clustal Omega 133

- EMBOSS 147

- Entrez Direct 129

- FastQC 107

- FASTX-Toolkit 107

- Genome Savant 151

- IGV 150

- Jmol 134

- MariaDB 167

- MariaDB/MySQL Workbench 184

- mit Software-Center 72

- R 187

- RMySQL 200

- RStudio 188

- SAMtools 149

- TreeView 134

- Trimmomatic 107

- Ubuntu-Pakete 72

- VirtualBox Gasterweiterung 49

Jmol 236

Jmol-Programm 134, 135, 141

- Befehle 139, 143

- CGI-Skript 236

- KEGG-Pathways 118
 - annotierte Map herunterladen 123
 - Datenprojektion 122
 - herunterladen 120
 - Referenzkarten 119
- Kommandohistorie 57
- Kristallstruktur 134
- L^AT_EX**
 - 33, 221, 222
 - Befehle 223
 - installieren 221
 - PDF erzeugen 223
 - Zugriff auf Bash 223
- Linux 22, 30, 43, 44, 48, 50
 - Emulator 43
 - Server 57
- MacOSX** 23, 43, 44
- MariaDB/MySQL 20, 21, 30, 33, 92, 166
 - Ausgabe als Liste 176
 - Befehle kreieren 180
 - Daten auslesen 181
 - Daten importieren 174
 - Datenbank erstellen 170
 - Datentypen 173
 - in der Bash 183
 - in R 199
 - installieren 167
 - *.my.cnf* 170, 175, 200
 - MySQL Workbench 184
 - `mysqlimport` 175
 - Nutzer anlegen 168
 - remote connection 184
 - SQL-Befehle 169, 184
 - Suchanfragen 176
 - Tabelle erstellen 171, 172
 - Zugriff auf Bash 186
- Metagenomik 117
- Metatranskriptom 26
- Metatranskriptomik 117
- Methanstoffwechsel 119
- MySQL *siehe* MariaDB/MySQL
- Neuraminidase** 128, 129, 132, 135, 138
 - Mutationen 142
- Offenes Leseraster** 28, 122
- ORF *siehe* offenes Leseraster
- Pathogenität bei *E. coli*** 95
- PDB-Datenbank 134
- PDB-Format 42
- pdf_latex 222
- Phred-Score 40, 108
- phylogenetische Bäume 134
- Pipe 51
- Proteome 96
 - vergleichen 98
- PubMed 63
- putative Gene/Proteine 101
- PuTTY 57, 58
- Q-Score** *siehe* Quality-Score
- Quality-Score 108
- R** 30, 33, 92, 187, 190
 - Anscombe-Quartet 216
 - Befehle 218
 - Boxplot 204, 205
 - Chi-Quadrat-Test 211
 - Daten exportieren 197
 - Daten importieren 196
 - Dichteplot 210
 - Heatmap 205, 208
 - Histogramm 203
 - in der Bash 213
 - installieren 187
 - interaktiver Plot 194, 195, 203, 204
 - MariaDB/MySQL 199
 - Paarplot 204, 205
 - Pakete installieren 217
 - PDF erzeugen 195
 - Plot Legende 194
 - PNG erzeugen 195
 - Regressionsanalyse 213
 - RMySQL installieren 200
 - Schleifenkonstrukt 206
 - Spalten 198
 - t-Test 209
 - Variablen 190
 - Vektorelemente 198
 - Vektoren 190
 - Workspace 188
 - X/Y-Plot 192, 193, 203
 - Zeilen 198

- Zeitreihe 206
- Zugriff auf Bash 199
- Reads 39, 145, 147
- Redirections 51
- reguläre Ausdrücke 68
 - bei Sed 70
 - bei Vim 70
- Resequenzierung 145, 147
- RNASeq 27, 103, 104, 117
 - Phred-Score 108
 - Qualitätskontrolle 108
- RStudio 190
- SAMtools** 149, 154
 - Dateiformat 162
 - mpileup 155
 - tvview 158, 159
- Schweinegrippe 128
- Schweinegrippevirus 127
- scp 59
- screen 59
- Sed 22, 70, 78
 - Ausgabe selektieren 123
 - Ersetzung 106
 - Zeile löschen 106
- Sequenzalignment 133, 136
- Sequenzierautomat 40, 41
 - Phred-Score 108
 - Qualitätskontrolle 107, 108
- Sequenzreads 39, 145
- Shell 50
- SILVA-Datenbank 105
- SNPs 146
 - anzeigen 158–160
 - mit SAMtools suchen 156
 - VCF-Format 157
- Software installieren 72
- Sonderzeichen 61
- Spanische Grippe 127
- SQL 166
- ssh 57, 59
- STDERR 52
- STDIN 52
- STDOUT 52, 78
- s/./../ 71
- Systempfad 133
- tar 55
- Terminal 20, 22, 30, 31, 48
- Text
 - -dateien betrachten 65
 - Dubletten zählen 116
 - editieren 60
 - sortieren 113, 115
 - suchen 67
 - Viewer Less 65
- TreeView-Programm 134, 136
- Trimmomatic-Programm 107, 109
- Ubuntu-Linux** 44, 45, 48
 - aktualisieren 49
 - Pakete installieren 72
- unbekannte Gene/Proteine 102
- Unix 22, 44
- VCF-Format** 157, 162
- Verzeichnisse
 - anlegen 54
 - löschen 54
 - wechseln 54
- Vim 60, 78
 - konfigurieren 63
 - wichtige Befehle 61
 - Zugriff auf Bash 62
- VirtualBox 45, 46
 - Port Forwarding 231
- virtuelle Maschine 30, 44, 45, 48
 - als Webserver 230
 - importieren 49
- Webseiten**
 - BLAST aufrufen 237
 - BRENDA aufrufen 239
 - CGI-Skripte 228, 229, 232, 234, 236, 237
 - erstellen 225
 - HTML 227, 230
 - Jmol aufrufen 234
 - Server installieren 226
 - Zugriff auf Bash 227
- Webserver 226, 228, 229
 - Parameter übergeben 234
- wget 64
- Wildcards 55
- Windows 43, 44
- WinSCP 57, 58
- X/Y-Plot** 204
- g(un)zip 55