

数 字

- 1細胞遺伝子発現解析 159
 1分子実時間シーケンサー 237
 3P-Seq 254
 3'-Seq 120
 3'UTR (3'非翻訳領域) 119, 143, 199
 4-sU (4-thiouridine) 141, 144, 151
 5-BrU (5-bromouridine) 142, 144
 5'EST配列 107
 6-sG (6-thioguanosine) 151
 10X Genomics 234
 16S菌叢解析 191

欧 文

A

- AGO (Argonaute) 58
 ALDH2 262
 AMPure XP 28, 33
 APA (alternative polyadenylation) 119
 aNSC (activated NSC) 213
 ATAC-Seq 181, 199
 A-to-I RNA編集 113

B

- BAM ファイル 39, 49
 Bioconductor 96
 BioMart 271
 Bowtie 40, 124, 135, 192
 BRIC (bromouridine immunoprecipitation chase) 145
 BrU 142
 BrUTP 140
 BS-Seq 109

C

- C1 システム 174
 CAGE 98, 228, 268
 CAGE ピーク 268

- cDNA 合成 166
 CEL-Seq 83, 170
 CentroidFold 257
 cERMIT 157
 ChIP-Seq (chromatin immunoprecipitation sequencing) 108, 139, 199, 220
 CHOPS 症候群 219
 CIP (calf intestinal alkaline phosphatase) 153
 CLIP 法 149
 collapse mapping 116
 CpG アイランド 112
 CRE (cis-regulatory element) 184
 CRE-Seq 184
 cSNP 227
 Cufflinks 39, 45
 CytoSeq 162

D

- DBTSS 51, 108
 DDBJ 41
 DEG 225
 DEPC (diethylpyrocarbonate) 17
 DGGE 法 190
 DNase I 154
 DNase I -Seq 139
 DNA ポリメラーゼ 236
 Droplet 160
 Drop-Seq 160
 DR-Seq 181

E・F

- editing ratio 114
 EEM (Extraction of Expression Module) 205
 electroelution 156
 ENCODE 139, 268
 enhancer RNA 148
 eQTL (expression quantitative trait locus) 107, 262

- EST (expressed sequence tag) 228
 FACS 186
 FANTOM 268
 FANTOM5 SSTAR 269
 FASTQ 39, 48
 FF ontology 269
 FFPE (formalin-fixed paraffin-embedded) 69, 234
 FISSEQ (fluorescent *in situ* sequencing) 230
 FPKM 22, 39, 45
 fusionfusion 207

G

- Genomon 208
 Genomon2 208
 Genomon-fusion 207
 GEO 205
 GO (gene ontology) 204, 218, 226
 GRO-Seq 139
 GSEA (gene set enrichment analysis) 201, 204, 226
 GTEx (Genotype-Tissue Expression) 262
 G&T-Seq 181

H～J

- Halo タグ 152
 heterogeneity 181, 213, 230
 HITS-CLIP 法 149, 199
 Homebrew 40
 iCLIP 法 149
 IGV 40, 45, 180
 iJGVD (Integrative Japanese GenomeVariation Database) 265
 inDrop RNA sequencing 162
 ISS (*in situ* sequencing) 230
 IVT (*in vitro* transcription) 83, 160, 170
 jMorp (Japanese Multi Omics Reference Panel) 266

L

| | |
|---|---------|
| LAST | 245 |
| LCM (laser-capture microdissection) | 70 |
| LIMS (laboratory information management system) | 76, 265 |
| LNA (locked nucleic acid) | 84, 168 |
| LNA-TSO | 172 |
| LPS | 199 |

M

| | |
|-------------------|-------------|
| MARS-Seq | 159 |
| MDA 法 | 166 |
| MetaGeneAnnotator | 192 |
| Metricor | 245 |
| MinION | 242 |
| miRBase | 250 |
| miRNA | 52, 94, 250 |
| MNase | 153 |
| MNase-Seq | 108 |
| MPFD | 183 |
| MPRA | 183 |
| mRNA/gDNA 同時解析 | 173 |
| mRNA-Seq | 29 |
| mRNA-リボソーム複合体 | 132 |
| mRNA 前駆体 | 63 |
| mRNA 発現解析 | 166 |

N

| | |
|---|-----------------------------|
| N50 スキャフォールド長 | 238 |
| nAnT (no Amplification and no Tagging) -iCAGE 法 | 99 |
| Nascent-Seq | 140 |
| nCounter | 233 |
| ncRNA | 50, 113, 136, 148, 173, 188 |
| NET-Seq | 140 |
| NGS ハンズオン講習会 | 97 |
| NMD (nonsense-mediated mRNA decay) | 144, 201 |
| NSC (neural stem cell) | 213 |

| | |
|---------|-----|
| Nx1-Seq | 164 |
|---------|-----|

O ~ Q

| | |
|--------------------------|------------------------|
| OCT コンパウンド | 70 |
| ORF (open reading frame) | 133 |
| PacBio RS | 236 |
| PARalyzer | 157 |
| PAR-CLIP | 149, 199 |
| PAXgene Tissue | 70 |
| PBs (processing bodies) | 201 |
| PBMC | 75 |
| PCA 法 | 183 |
| Pct | 253 |
| Phred | 49, 115, 128, 135, 245 |
| polyA_DB | 119 |
| precursor mRNA | 63 |
| PromethION | 245 |
| PRO-Seq | 140 |
| qNSC (quiescent NSC) | 213 |
| Quartz-Seq | 83, 170 |
| QV | 49, 115 |

R

| | |
|--------------------------------------|--------------|
| R | 13, 96 |
| RBP | 149 |
| RCA (rolling-circle amplification) | 230 |
| RefEx | 228 |
| Regnase-1 | 198 |
| rER | 201 |
| RG (radial glia) | 215 |
| Ribo-Zero | 35 |
| RIN (RNA integrity number) | 14, 22, 72 |
| RIP (RNA immunoprecipitation) | 57, 149, 199 |
| RISC (RNA-induced silencing complex) | 58, 250 |
| RNA Access | 233 |
| RNase | 17, 151 |
| RNase T1 | 153 |

| | |
|----------|----|
| RNaseZap | 17 |
|----------|----|

| | |
|----------------------------|---------------------|
| RNA の 2 次構造予測 | 256 |
| RNA ポリメラーゼ II | 139 |
| RNA ラダー | 24 |
| RNA 結合タンパク質 | 149 |
| RNA 品質管理機構 | 143 |
| RNA 分解速度 | 119, 143 |
| RNA 免疫沈降法 | 52 |
| RNeasy | 16 |
| Roadmap Epigenomics プロジェクト | 139 |
| Roquin | 199 |
| RPKM | 11, 22, 39, 45, 193 |
| rRNA の除去 | 26, 35, 193 |
| RT-LAMP | 247 |
| (R で) 塩基配列解析 | 96 |

S

| | |
|---|--------------|
| SAMtools | 39 |
| scRRBS | 181 |
| SensiPhi | 169 |
| SG | 201 |
| small RNA | 52 |
| SMART | 84, 167 |
| SMARTer | 167, 174 |
| SMART-Seq | 84 |
| SMART-Seq2 | 84, 167, 170 |
| SMRT | 237 |
| snRNA | 63 |
| SNV | 262 |
| “split-and-pool”DNA 合成法 | 160 |
| SPRI (solid phase reverse immobilization) ビーズ | 16 |
| STARR-Seq | 185 |
| Stranded mRNA-Seq | 29 |
| STRT | 181 |
| STRT-Seq | 84 |
| Synthetic Long Read | 91 |

T

- T4 polynucleotide kinase (T4 PNK) 153
 Table Browser 42, 275
 TargetScan 54, 252
 TCGA 205
 TDP-43 152
 TET 271
 TIVA (transcriptome *in vivo* analysis) 232
 ToMMo (Tohoku Medical Megabank Organization) 75, 264
 TopHat 38, 44
 total RNA 16
 T-RFLP 法 190
 TRIP 185
 TRIzol 16
 TSO 84, 168
 TSS (transcription start site) 98, 107
 TSS-Seq 107

U・W・Z

- UCSC Track Data Hub 269
 UCSC ゲノムブラウザ 42, 269
 UMI (unique molecular identifiers) 84, 160
 uORF (upstream ORF) 134
 UPF1 201
 UTR 119
 Waterfall 215
 waveguide 237
 WTA (whole transcriptome amplification) 83
 ZENBU 269
 ZMW (zero-mode waveguide) 237

和 文

あ

- アクチノマイシンD 30
 アストロサイト 212

- アダプター 52
 アダプターダイマー 35
 アルデヒドデヒドロゲナーゼ 262
 遺伝子ネットワーク推定手法 206
 遺伝子発現解析 29, 38, 98
 遺伝子発現量データの解析 204
 ウラシルDNA グルコシラーゼ 30
 エクソーム配列解析 219
 エネルギーモデル 257
 エピゲノム 110, 239
 エピジエネティック制御 199
 エボラウイルスのゲノム解読 245
 塩基対確率 257
 炎症性サイトカイン 197
 エンハンサー 182, 268
 オミクス 14, 74
 オミクスデータベース 265
 オリゴキャッピング法 107
 オリゴ дендроサイト 212

か

- 改変型 SMART-Seq2 171
 核画分 63
 核酸アナログ 141, 144
 核酸保護剤 70, 76
 獲得免疫 197
 核内低分子 RNA 63
 確率モデル 257
 活性化神経幹細胞 213
 簡易ラボシステム 75
 患者由来細胞 217
 完全长 cDNA 98, 188
 完全长 mRNA 92
 がんのシステム異常 204
 期待精度最大化 257
 機能性 RNA 256
 キャップ・トラッパー法 98, 107
 キャップ構造 107
 休止期神経幹細胞 213
 偽陽性 116
 共相関解析 226
 クオリティスコア 49, 128, 135, 245
 苦惱の多いNGSデータ解析者 249
 クローンライブラー法 190
 クロスコンタミ 66
 群間比較 106, 248
 血液検体 74
 血漿プロテオーム 266
 ゲノムアセンブリ 238
 ゲノムコホート研究 74
 原虫 222
 高品質リード 115
 コホート研究 74
 コルネリア・デ・ラング症候群 219

さ

- サークルコンセンサスリード 92
 再現率 117
 最小自由エネルギー予測 256
 サイズセレクション 52
 細胞質画分 63
 細胞の特徴づけ 248
 最尤推定 256
 サテライト 75
 鎮特異的cDNAライブラー合成 170
 参照ゲノム 10, 38, 225
 シークエンス深度 11
 シード領域 252
 シクロヘキシド 132
 自然免疫 197
 修飾塩基 260
 周辺確率 259
 宿主-病原体相互作用 222
 樹状細胞 197
 主成分分析 193
 ショ糖密度勾配遠心 64, 132
 シリカメンブレン 16

| | |
|---------------|----------------------------------|
| シングルセルRNA-Seq | 93, 159, 166, 174, 202, 212, 227 |
| 神経幹細胞 | 213 |
| 人生の指針 | 248 |
| ストレス顆粒 | 201 |
| スプライシング異常 | 209 |
| スプライシング多型 | 92 |
| スプライシングバリエント | 263 |
| 成体神経幹細胞 | 213 |
| 生物学的反復数 | 90 |
| 生物種間保存性指標 | 253 |
| セロタイピング | 247 |
| 染色体異常症 | 218 |
| 選択的ポリアデニル化 | 119 |
| 先天異常症候群 | 217 |
| 全トランスクリプトーム増幅 | 83 |
| 相関係数 | 194 |
| 組織検体 | 69 |
| 組織特異性 | 263 |
| 粗面小胞体 | 201 |

た

| | |
|---------------|------------------|
| 対数尤度比 | 117 |
| ダウン症候群 | 218 |
| 脱アデニル化 | 199 |
| ダブレット | 177 |
| 単一遺伝子異常症 | 218 |
| 長鎖ノンコーディングRNA | 131, 148 |
| 腸内細菌叢 | 190 |
| データベース | 228 |
| テープステーション | 21 |
| 適合率 | 117 |
| 転写因子結合情報 | 110 |
| 転写因子結合モチーフ | 106, 268 |
| 転写開始点 | 93, 98, 107, 268 |
| 転写後制御 | 67 |
| 転写制御 | 107, 142 |
| 転写調節 | 106 |
| テンプレートスイッチオリゴ | 84 |

| | |
|------------------|------------------|
| テンプレートスイッチング | 167 |
| テンプレートスイッチング用オリゴ | 168 |
| 統計的な評価 | 117 |
| 統計的に有意 | 92 |
| 凍結 | 70 |
| 動的計画法 | 256 |
| 導波管 | 237 |
| 東北メディカル・メガバンク機構 | 75 |
| 東北メディカル・メガバンク事業 | 74, 264 |
| 特定健康診査会場 | 75 |
| トランスクリプトーム | 14, 74, 239, 262 |
| トリソミースキュー | 218 |

な

| | |
|-------------------|-----------------------------|
| ナノポア | 242 |
| 日本人標準リファレンスゲノムパネル | 265 |
| ニューロン | 212 |
| ノンコーディングRNA | 50, 113, 136, 148, 173, 188 |

は

| | |
|----------------|-------------------|
| バーコード | 84, 159, 182, 234 |
| バイオアナライザ | 21 |
| 配列特異性 | 259 |
| 発現解析 | 29, 38, 92 |
| 発現調節 | 142 |
| 発現モジュール | 205 |
| ヒト臨床検体 | 69 |
| 非ポリアRNA | 173 |
| 非翻訳領域 | 119 |
| 病原体 | 222 |
| 微量サンプル | 83 |
| 品質スコア (QV) | 49, 115 |
| フェノール・クロロホルム抽出 | 16 |
| 複数細胞のキャプチャ | 177 |
| プロモーター | 182, 268 |
| プロモーター活性測定法 | 98 |
| 分子バーコーディング | 234 |

| | |
|----------------|---------|
| 分子プロファイル | 99 |
| ペアエンド技術 | 115 |
| ヘアピン構造 | 250 |
| 編集率 | 114 |
| 放射状グリア | 215 |
| ポリアデニル化部位 | 119 |
| ポリソーム画分 | 63 |
| ポリソームプロファイリング | 132 |
| ボルツマン分布 | 256 |
| ホルマリン固定パラフィン包埋 | 69, 234 |
| 翻訳 | 132 |

ま

| | |
|--------------|--------------|
| マイクロRNA | 52, 119, 250 |
| マクロファージ | 197 |
| マッピング | 10, 38 |
| マラリア | 222 |
| ミクログリア | 212 |
| メタゲノム | 190 |
| メタトランスクリプトーム | 190 |
| メタボローム | 265 |
| 免疫 | 197 |
| 免疫沈降法 | 57 |
| モノソーム | 133 |

や

| | |
|-------|-------------|
| 有意差 | 92 |
| 融合遺伝子 | 46, 93, 206 |
| 溶菌法 | 193 |

ら

| | |
|------------------|--------------|
| ライブラリーのQC | 27 |
| ライブラリーのサイズセレクション | 28 |
| リード数 | 90 |
| リクルート | 75 |
| リファレンスゲノム | 10, 114, 265 |
| リボソームプロファイリング | 132 |
| レアファクションカーブ | 193 |
| レポーター・アッセイ | 182 |