

索引

数字

1細胞RNA-seq 47
 1細胞RNAデータ 85
 1分子FRET 169

和文

い
 意思決定 202
 一個抜き交差検証 74
 遺伝子機能組成 90, 91
 遺伝子予測 90
 移動軌跡 196, 197
 移動行動 195
 イメージングサイトメトリー 120
 医薬品開発 101
 インシリコ創薬 **103**
 インスタンスセグメンテーション
 129, 130, 137
 インフォマティクス 102

え・お
 エピトープ **80, 81**
 エポック 29
 応力 161, 167

か
 カーネル関数 68
 回帰 230
 回帰器 93
 階層確率モデル 81
 階層クラスタリング 222
 外部刺激 196, 197
 ガウス分布 215
 過学習 180
 拡散 57
 拡散速度 171
 拡散マップ 49, 57
 拡散モード 174
 確率 214
 確率過程 58
 確率分布 214

確率モデル 215
 隠れ状態推定 190
 隠れマルコフモデル 169, 172,
183, 208, 224
 画像解析 36
 画像処理 36
 画像分類 118
 価値関数 203
 活性化関数 25
 カルマン smoother **163, 166, 168**
 カルマンフィルター **163, 166**
 完全畳み込みネットワーク 134

き
 機械物性 161, 163, 165, 167
 擬似逆行列 **75, 76**
 擬似時間 57
 希少細胞 53
 擬似ラベル 127, 131, 132
 擬似ラベル法 132
 軌跡推定 55
 逆強化学習 198, 205
 逆相関 99
 逆畳み込み層 137
 逆問題 163, 164
 球面調和関数 **157**
 強化学習 203
 教師あり学習 182, **183, 218**
 教師なし学習 129, **183, 218**
 教師なし特徴学習 140
 胸腺 85
 行列 212
 距離関数 212

く
 空間情報 120
 組み合わせ爆発 **200**
 クラウド
 (クラウドコンピューティング) **17**
 クラシフィケーション 16, 109
 クラスタ 123
 クラスタリング 36, 48, 91,
 126, 129, 169, 222
 クラス分類 225

グレースケール画像 19
 訓練 18

け
 経験のモード分解 157
 蛍光共鳴エネルギー移動 182
 計算顕微鏡 178
 系統組成 90, 91
 系譜木解析 186
 欠損値 96
 欠損値補完 51
 決定木 38, 39, 229
 決定木分析 199
 決定境界 110
 ケモインフォマティクス 103
 顕微ラマン分光法 71

こ
 抗原 **78**
 交差検証 32, 115
 行動戦略 202
 勾配ブースティング決定木 229
 勾配法 29
 誤差 29
 古典的条件付け学習 202
 コミュニティ検出 52
 混合ガウスクラスタリング 224
 混合ガウス分布 51, 52
 混合正規分布 198
 混同行列 42
 コンフォーカル顕微鏡 171

さ
 最小全域木 56, 57
 最大エントロピー 169
 最大エントロピー原理 181
 最適化 97
 最適化手法 144
 細胞系譜解析 141
 細胞系譜木 **187**
 細胞牽引力 163, 167
 細胞検出 142, 146
 細胞周期 118, **119**
 細胞トラッキング 141, 143

- 細胞の内部状態…………… 186
 細胞の分節化…………… 44
 最尤推定…………… 68, 216
 最尤推定法…………… 206
 最尤法…………… 172
 サポート・ベクター・マシン… 83
 サポートベクトルマシン… 227
 作用メカニズム…………… 101
- し**
 識別器…………… 125, 126
 識別モデル…………… 82
 時系列データ…………… 169
 次元圧縮…………… 47
 次元削減…………… 66, 91
 事後確率最大化…………… 206
 事後分布…………… 166, 216
 次世代シーケンサー…………… 79
 事前分布…………… 163, 165, 166, 216
 疾患…………… 99
 疾患類似性…………… 99
 弱教師あり学習…………… 128
 弱教師学習…………… 149
 自由エネルギー原理…………… 209
 集合…………… 212
 重心解析…………… 171
 集団増殖率…………… 192
 集類…………… 36, 37
 主成分分析…………… 48, 72, 124, 156, 219
 出力関数…………… 26
 消去学習…………… 203
 条件刺激…………… 203
 ショウジョウバエ胚…………… 139
 状態推定…………… 198
 状態遷移…………… 171
 状態遷移軌跡…………… 171
 上皮成長因子受容体…………… 174
 情報の圧縮…………… 124
 情報利得…………… 200
 情報量規準…………… 173, 192
 神経細胞の分化判別…………… 114
 人工知能…………… 102
 深層学習…………… 43, 44, 85, 155, 200
 深層学習のネットワークモデル
 ……………… 44, 45
- す**
 推論…………… 18
 数理最適化…………… 146
- スカラー…………… 210
 ストイキオメトリ…………… 175
 スペクトラルクラスタリング… 52
- せ**
 正規化層…………… 25
 正規分布…………… 215
 生死判別…………… 114
 正準相関分析…………… 66
 正準相関分析法…………… 221
 生成モデル…………… 67, 85
 正則化…………… 217, 231
 生物学的な根拠…………… 114
 セグメンテーション…………… 119, 134
 セマンティックセグメンテーション
 ……………… 137
 ゼルニケ基底関数…………… 157
 遷移確率…………… 172, 179
 線形回帰…………… 230
 線形計画法…………… 146
 線形判別分析…………… 227
 線形判別分析法…………… 72
 線形判別問題…………… 226
 全結合層…………… 25, 112, 136
 線虫…………… 196
 線虫胚…………… 139
 全反射型蛍光顕微鏡…………… 170
- そ**
 増殖バイアス…………… 186, 187, 191
 相補性決定領域…………… 79
 創薬…………… 95
 ソフトマックス関数…………… 204
- た**
 対応付け最適化…………… 144
 ダイマー形成…………… 174
 多次元ガウス分布…………… 215
 畳み込み層…………… 25, 112, 135
 畳み込みニューラルネットワーク
 ……………… 119, 134
 多様体学習…………… 57
 探索と搾取のジレンマ…………… 209
- ち・つ**
 注意機構…………… 201
 チューニング…………… 41
 ツール化合物…………… 101
- て**
 低次元化…………… 219
- データ駆動型…………… 202
 データ同化…………… 182
 テスト…………… 114
 転移学習…………… 140, 152
 点像分布関数…………… 170
 テンソル…………… 96, 213
 テンソル分解…………… 96
- と**
 統計量…………… 214
 ドーパミン神経細胞…………… 204
 特徴抽出…………… 200
 特徴量…………… 118
 特徴量スタック…………… 40
 トラッキング…………… 142
 トランスクリプトーム…………… 73, 95
- な・に**
 内部状態…………… 196, 197
 並べ替え検定…………… 74
 ニューラルネットワーク… 43, 217
- ね・の**
 ネオアンチゲン…………… 79
 ノイズありラベル…………… 126, 128
 ノイズ除去…………… 51
 能動学習…………… 185
- は**
 バースト…………… 175
 パーセプトロン…………… 226
 パイオインフォマティクス… 103
 ハイパーパラメータ…………… 25, 69
 ハミング距離…………… 83
 汎化性能…………… 180
 半教師あり学習…………… 127, 182, 183
 半教師学習…………… 149
- ひ**
 ビッグデータ…………… 101, 195
 非負値行列因子分解…………… 66, 67
 評価…………… 18
 表現型アプローチ…………… 104
 標的タンパク質…………… 102
 標的デコンボリューション… 105
 標的分子…………… 102, 103
 標的ベースドアプローチ… 104
 病理画像…………… 130, 132
 非類似度…………… 212
 頻出系列マイニング…………… 200

ふ

部位間の対応付け…………… 151
 フィッシャーの正確確率検定…………… 82
 部位の検出…………… 151
 ブートストラップ法…………… 83
 フーリエ変換…………… 164
 プーリング層…………… 26, 112, 135
 フェイズフィールド法…………… 159
 フェルスター共鳴エネルギー移動
 ……………… 169
 フォワード・バックワード
 アルゴリズム…………… 208
 部分強化効果…………… 205
 部分的最小二乗回帰…………… 74, 93
 ブラウン運動…………… 171
 分光学的物差し…………… 171
 分散・共分散行列…………… 214
 分子状態…………… 169
 分子動力学シミュレーション…………… 179
 分節化…………… 37, 43, 44
 分類…………… 43
 分類器…………… 40, 92
 分類器のチューニング…………… 41
 分裂時間…………… 186

へ

ベイズ最適化…………… 185
 ベイズ推定…………… 65, 81, 163,
 164, 167, 181, 216
 ベイズ的最適化…………… 25
 ベイズの定理…………… 65, 206, 214
 ベクトル…………… 211
 ベクトル場…………… 58
 ベルマン最適方程式…………… 206
 変数選択…………… 112
 変分オートエンコーダー…………… 85, 86
 変分ベイズ…………… 173, 209

ほ

ポアンカレ埋め込み…………… 50
 報酬…………… 198, 203
 ポーズトラッキング…………… 150
 ホッジ分解…………… 60
 ポテンシャル…………… 58
 ポリファーマコロジー…………… 105

ま

マーカー…………… 120
 マイクロ流体デバイス…………… 187

マウス初期胚…………… 139
 マシンビジョン…………… 199, 200
 マスク…………… 120
 マハラノビス距離…………… 68
 マルコフ状態モデル…………… 179
 マルチオミクスデータ…………… 101

め・も

メタゲノム解析…………… 88, 89, 91
 目的関数…………… 28

や・ゆ・よ

薬物応答遺伝子発現データ…………… 95, 96
 尤度関数…………… 172
 輸送最適化…………… 67
 予測誤差…………… 203

ら

ライブセルイメージング…………… 138
 ライブセルオミクス…………… 77
 ラット…………… 196
 ラプラシアン行列…………… 49
 ラプラシアン固有マップ…………… 49
 ラマン散乱…………… 70
 ラマン分光…………… 70
 ランダムウォーク…………… 57
 ランダムフォレスト…………… 38, 39, 83, 229

り・れ・ろ

力場パラメータ…………… 180
 粒子フィルタ…………… 182
 レイリー散乱…………… 71
 レーベンシュタイン距離…………… 83
 劣決定…………… 163
 ロジスティック回帰…………… 83, 230

欧文

A

ABC…………… 167
 Accuracy…………… 30
 Actor-Critic 学習法…………… 204
 Adam…………… 29
 AI…………… 16
 ALEX…………… 169, 175
 ALICE…………… 85
 alternative laser excitation…………… 169
 Anaconda…………… 18

approximate Bayesian computation
 ……………… 167
 attention 機構…………… 200, 201
 AUC…………… 99, 100
 AUPR…………… 115
 AUROC…………… 115

C

C. エレガンス…………… 196
 CCA…………… 66, 221
 Chainer…………… 18
 CNN…………… 18, 119, 134, 136
 Confusion Matrix…………… 42
 CP 分解…………… 98
 CPU…………… 21
 Cross Entropy 関数…………… 29
 CSPN…………… 139
 curl…………… 60

D

DA…………… 182
 data assimilation…………… 182
 DeepCell…………… 138
 DeepImageJ…………… 44, 45
 DeepLabCut…………… 150
 deep learning…………… 43, 146
 deep Taylor decomposition…………… 114
 Diffusion maps…………… 57
 div…………… 60
 DNN…………… 109, 112
 DTD…………… 114

E

EGFR…………… 174
 EM (expectation-maximization)
 アルゴリズム…………… 68, 166, 168, 191, 208
 epidermal growth factor receptor
 ……………… 174
 epoch…………… 29

F

FCN…………… 134, 137, 151
 feature bagging…………… 229
 Förster 距離…………… 171
 Förster resonance energy transfer
 ……………… 169, 182
 forward-backward 法…………… 191
 FRET…………… 169, 170, 182
 fully convolutional network…………… 151

G

G タンパク質共役受容体 174
 Gap 統計量 52
 GBP 114
 GESTALT 188
 github 18
 GLIPH 84
 Google Colaboratory 16
 GPCR 174
 G protein-coupled receptor 174
 GPS 受信機 195, 198
 GPU 18, 19
 grad 60
 Grad-CAM 122, 123
 guided backpropagation 114

H

HeLa 細胞 16
 hidden Markov model 169
 Hill 数 81
 HMM 169, 172, 225

I · J

ImageJ 36
 Jensen-Shannon divergence
 83, 84
 Jupyter Notebook 18

K

K-分割交差検証 32
 k 平均値法 37
 kin-correlation 190
 KL ダイバージェンス 205
 k-means 法 51, 222
 k-mer 法 83
 k nearest-neighbor (KNN) graph
 53

L

laplacian 60
 LASSO 107
 Lasso 232
 LASSO 回帰 90
 LDA 72, 222
 LEA 92
 LEM 187

lineage expectation-maximization
 187
 LLP 126
 loss 29
 Louvain 法 53

M · N

Mask R-CNN 139
 Matthews Correlation Coefficient
 65
 MaxEnt 181
 maximum entropy principle 181
 MCC 65
 MD シミュレーション 179
 MDS 221
 MEMOIR 188
 metagenome binning 90
 MHC 80
 MHC 複合体 79
 minimum spanning tree 57
 MST 57
 negative learning 129, 131
 NMF 67

P

PCA 48, 219
 permutation test 74
 PLS 93, 222
 point spread function 170
 Positive and unlabeled 学習 126
 pseudo-time 57
 PSF 170
 public TCR 80
 Python 16, 122

Q · R

QCANet 139
 ReLU 25
 Repl.it 34
 Rescorla-Wagner モデル 202
 RNA-sequencing 75
 RNA velocity 59

S

ScarTrace 188
 scRNA-seq 63

single-molecule FRET 169
 single photon counting 169
 smFRET 169, 171
 Smith-Waterman アルゴリズム 83
 softmax 123
 Softmax 関数 26
 Softmax Cross Entropy 関数 29
 SPC 169, 171
 spectroscopic ruler 171
 SVM 109, 110

T

T 細胞 78
 T 細胞受容体 78
 t 分布型確率の近傍埋め込み 72
 TCR 78
 TCR レパトア 78
 TCRdist 83
 TCRNET 82
 temporal difference (TD) 誤差
 204
 tensor-train 分解 97
 test 23
 TI 55
 TIRF 顕微鏡 170
 TPU 21
 TracerSeq 188
 train 23
 trainable Weka segmentation
 38, 40
 trajectory inference 55
 tSNE 221
 t-SNE 49
 TWS 38, 41

U · V · W

UMAP 91, 221
 U-Net 124, 136, 197
 validation 23
 variational Bayes 173
 VB 173
 VDJ 再構成 85
 VGG16 112, 135
 VM 17
 Weka Explorer 41