

INDEX

記号

% (プロンプト) 12
../ (1つ上のディレクトリ) 14
~/ (ホームディレクトリ) 14
\
(コマンドの改行) 12
> (リダイレクト) 14

数字

10X Chromium 101
1 細胞 RNA-Seq → scRNA-Seq
..... 101, 173
28S/18S RNA 29
2-pass mapping 83
2 群間 2 因子比較 219
2 群間比較 141, 213, 219
3 群間比較 149, 213

A

A260/A230 29
A260/A280 29
Adjusted Rand Index → ARI 197
adjustedRandIndex (R 関数) 197
Affymetrix genechip ID 209
Alevin 101
AM → Analysis Match 167
Amazon Web Services → AWS 119
AmiGO 171
Anaconda Cloud 20
Anaconda (インストール) 17, 68
Analysis Match → AM 167
ANOVA 149

AOE 44, 242
ARCHS4 210
ARI → Adjusted Rand Index 197
AS 値 → 平均シルエットスコア 143
awk (コマンド) 16
AWS → Amazon Web Services 119

B

Ballgown 60
BAM (ファイル)
..... 56, 58, 63, 76, 78, 81, 99, 110, 121, 212
bamCoverage 63
bamCoverage (インストール) 56
bash 11
baySeq (R パッケージ) 150
BED 110, 212
bedGraphToBigWig (インストール) 108
BEDtools (インストール) 108
biclust (R パッケージ) 223
BigTranscriptome 98
bigWig 63, 111
bigWigAverageOverBed (インストール)
..... 108
BioAnalyzer 29
BiocManager::install 175
Bioconda 17
Bioconductor 18, 175
BioContainers 23
Biological Replicate 30
BioManager (R パッケージ) 139
BioMart 154, 172, 209

BioProject (DRA データモデル) .. 230, 232
BioSample (DRA データモデル) .. 230, 232
Biostars 25, 65
BLAST 154, 172
blast2GO 211
boxplot (R 関数) 63
brew 17, 108, 124
brewsci 124
bulk RNA-Seq 218
bustools 101
bzip2 55

C

CAGE 104
CAGE クラスター 106, 110
CAGE データ 48
calculateQCMetrics (R 関数)
..... 176, 177, 185
CapTrap 法 106
cat (コマンド) 13, 16
cd (コマンド) 12, 15
CDS 領域 125, 129
CellFishing.jl 205
CellRanger 174
Character User Interface → CUI ... 84
CHESS 98
chmod (コマンド) 15, 111
Chrome 208
Chromium 174
CIS-BP 217
CLI → コマンドラインインタプリタ 11

cluster_louvain (R 関数) 193

colData (R 関数) 177

conda 17, 211

Control + C 13

cowplot (R パッケージ) 175

cp (コマンド) 13, 15

CPM 112

CPUの使用状況 16

CRAN 175

CTSS 110, 111

Cufflinks 100, 120

Cuffquant 101

CUI → Character User Interface ... 84

curl (コマンド) 174

cut (コマンド) 16, 49

cutadapt (インストール) 55

CWL 23

D

DAVID 162

DBCLS 236

dbscan 190

DBSCAN 195

DDBJ 228

DDBJ Search 236

DDBJ Sequence Read Archive → DRA
..... 36

DDBJ 登録用アカウント 229

de novo アセンブリ 122, 124, 128

de novo トランスクリプトーム解析 210

de novo トランスクリプト配列構築 30

decomposeVar (R 関数) 185

DEE2 210

deepTools 63

deepTools (インストール) 56

DEG → 発現変動遺伝子
..... 140, 145, 165, 171, 219

DEGES (DEG 除去戦略) 144, 149

denovoTA-master 126

DESeq2 (R パッケージ) ...61, 144, 219, 221

DEU 95

DGE 95

dgeL オブジェクト 113

Digital Object Identifier → DOI... 245

DNase 処理 29

Docker 23

Docker Desktop 24

Docker Hub 23

DOI → Digital Object Identifier.. 232, 245

DRA 229

DRA Submission 231

DRA → DDBJ Sequence Read Archive
..... 36

DropletUtils (R パッケージ) 175, 176

Drop-Seq 101

DRY 解析 28

DRYAD 245

DTE 95

DTU 95

E

EBI ArrayExpress 237

EBI Omics DI 242

EBSeg 70, 83

edgeR (R パッケージ) ... 61, 112, 144, 215

EmptyDrops 184

EM アルゴリズム 96

ENA 71, 88

Enrichr 166

Ensembl BioMart 172

Ensembl Gene ID 155, 209

Entrez Gene ID 155, 163, 209

env (コマンド) 16

eRNA 104

est_salmon.sh 132

Excel 52

Experiment (DRA データモデル)
..... 36, 230, 234

eXpress 100

F

False Discovery Rate 145

FANTOM 104

FASTA 125, 243

fasterq-dump 45

fasterq-dump (インストール) 43

FASTQ .. 45, 51, 55, 71, 110, 126, 236

FastQC 20, 57, 73, 127

FastQC (インストール) ..23, 55, 68, 124

FDR 145

featureCounts 96, 212

featureCounts (インストール) 211

FFPE サンプル 33

figshare 245

FindClusters (R 関数) 202

Flybase Gene ID 163

fold-change 215, 221

Fold 解析 85

for_trinity.pl 126

for 文 (シェル) 72

FPKM 35, 59, 63, 79, 97

FunctionAnnotator 211

G

GAGE (R パッケージ) 221

GC の偏り 128

GEA 134, 228, 237, 245

GENCODE..... 59, 70, 88
 GENCODE Human Release 30 88
 Gene Expression Omnibus → GEO... 45
 Gene ID → 遺伝子 ID..... 214
 Gene Ontology → GO
 86, 97, 157, 171, 211
 Gene Symbol..... 155
 genomeCoverageBed..... 111
 Genomic Expression Archive... 134, 228
 GEO → Gene Expression Omnibus ... 45
 GFF..... 212
 GFF3..... 212
 gffread..... 212
 gffread (インストール)..... 211
 ggplot2 (R パッケージ) 216
 git clone 24
 GitHub..... 24
 GitHub の Issue..... 25
 GLM..... 149
 GMT..... 211
 GO → Gene Ontology
 86, 97, 157, 171, 211
 GO 解析..... 86, 97, 157, 171
 gplots (R パッケージ) 190, 198
 graph_from_adjacency_matrix (R 関数)
 193
 Graphical User Interface → GUI ... 84
 GRCh38.p12 88
 grep (コマンド)..... 16, 75, 134
 GSEA (R パッケージ) 221
 GSEA 解析 (StrandNGS) 86
 GTF..... 59, 71, 74, 212
 GUI → Graphical User Interface ... 84
 gzip (コマンド) 15, 46

H

HDBSCAN..... 195
 hdbscan (R 関数) 195
 head (R 関数) 112
 head (コマンド)..... 16
 Heatmap..... 149, 198, 202, 220
 heatmap.2 (R 関数) 198, 216
 heatmaply (R パッケージ) 202
 HGNC BioMart..... 172
 HISAT 64
 HISAT2..... 57, 99, 120
 HISAT2 (インストール) 56
 Homebrew 124
 Homebrew (インストール) 17
 HPO → Human Phenotype Ontology
 166
 htop (コマンド) 16
 HTSeq-count..... 96
 Human Cell Atlas 205
 Human Phenotype Ontology → HPO
 166

I

iDEP..... 207
 IDF (GEA メタデータ) 237, 239
 ID 変換..... 154, 172
 igraph (R パッケージ) 190, 193
 IGV 63, 81
 IGV (インストール) 56, 70
 igv.bat..... 63
 igv.sh 63
 igvtools 81
 ikra 24, 121
 Ingenuity Pathway Analysis → IPA... 167
 Instrument (Experiment 情報) 37
 Interpro gene ID..... 209

Investigation Description Format... 237
 IPA → Ingenuity Pathway Analysis... 167
 Issue (GitHub) 25

J

Jaccard index..... 192
 JGA..... 243

K

Kallisto..... 120
 kallisto index..... 91
 kallisto quant 91
 Kallisto (インストール) 89
 KEGG..... 221
 Kent Utility tools..... 108
 k-means クラスタリング (iDEP) 217
 k-mer 89, 100

L

Leiden..... 203
 less (コマンド)..... 16
 Library Construction Protocol
 (Experiment 情報) 37
 Library Selection (Experiment 情報) .. 37
 Library Source (Experiment 情報) .. 37
 Library Strategy (Experiment 情報) ... 37
 librarySizeFactors (R 関数) 180
 liftover 210
 limma (R パッケージ) 221
 Linux 標準教科書 13
 lncRNA 33
 log10_total_counts..... 186
 Louvain..... 193, 205
 ls (コマンド) 13, 15

M

MA plot 144, 149, 220
Mac 11
MAGE-TAB 形式 237
man (コマンド) 13, 16
MAQC 39, 88
Materials & Methods 50, 80, 245
Matrix (R パッケージ) 192
mclust (R パッケージ) 190, 197
md5 チェックサム値 235
MDS → 多次元尺度構成法 218
membership (R 関数) 193
metakallisto3 101
Metascape 155
Method 134
MIAME 237
MINSEQE 237
miRNA 33
miTranscriptome 98
mkdir (コマンド) 12, 15
Monocle 203, 205
Monocle 3 204
mRNA 33
MultiQC 23
mv (コマンド) 15

N

nAnt-iCAGE 104
NBDC 243, 245
NCBI gene symbol 209
NCBI GEO 237
NET-CAGE 法 117
Nextera 72
nextflow 23
NGS 生データ 229
NGS の機種とライブラリ (DRA) 230

nn2 (R 関数) 191
Nominal Length (Experiment 情報)
..... 37
normalize (R 関数) 180

O

Official Gene Symbol 155, 163
open (コマンド) 12, 16
ORF 推定 129

P

PAGA → partition-based graph abstraction
..... 205
partition-based graph abstraction → PAGA
..... 205
PATH 14
pathview (R パッケージ) 221
pbzip2 (コマンド) 55
PCA → 主成分分析 85, 180, 218
PCA のプロット 183
Perl 48
PGSEA (R パッケージ) 218, 221
pigz (インストール) 44
pigz (コマンド) 46, 127
pip 22
plot (R 関数) 63
plotReducedDim (R 関数) 181, 182
plotTranscripts (Ballgown パッケージ)
..... 63
points (R 関数) 63
polyA-mRNA 精製 32
PREDA (R パッケージ) 222
prefetch 45
prefetch (インストール) 43
prepDE.py 61
pseudo-alignment 100

pseudoBAM 99
pseudo-count 180
PubMed ID 232
pwd (コマンド) 12, 15
Python 17, 22

Q

QIAGEN Knowledge Base → QKB
..... 167
QKB → QIAGEN Knowledge Base
..... 167
Quality Control 204
quality value → QV 73
Quartz-Seq 法 33
quasi-mapping 100
Quay.io 23
QUBIC (R パッケージ) 223
QV → quality value 73

R

R (インストール) 18, 139, 175
RACE 134
RANN 190
RANN (R パッケージ) 191
read10xCounts (R 関数) 176
RefEx 46
RefSeq 155, 209
RIN 値 29
rlog 215
rm (コマンド) 13, 15
RNAi 134
RNA サンプルの必要量 29
RNA 抽出方法 29
rowData (R 関数) 177
RPKM 97
rRNA キャプチャ除去 32

RSEM	77, 100	Seurat (R パッケージ)	202, 204	Technical Replicate.....	30
RSEM (インストール)	69	SGD ID.....	163	TIBCO Spotfire.....	172
rsem-plot-transcript-wiggles.....	80	Shiny (R パッケージ)	207	tidyverse (R パッケージ)	175
RSPD.....	78	ShinyGO	220	TIGAR	101
RStudio (インストール)	19, 139	SingleCellExperiment クラス(scater パッケージ)	175	TMM 正規化法	144
Rtsne (R パッケージ)	175	sizeFactors (R 関数)	180	top (コマンド)	16
Run (DRA データモデル).....	230, 234	sleuth.....	94	TopHat.....	64
runibic (R パッケージ)	223	SMARTer 法.....	33	TopHat2	64, 100, 120
runPCA (R 関数)	181, 185	Smart-Seq2.....	174	touch (コマンド).....	12, 16, 131
runUMP (R 関数)	182	sort (コマンド)	16	TPM ...	59, 79, 90, 92, 94, 97, 118, 133, 245
Run アクセション番号.....	71	sparseMatrix (R 関数)	192	Transcriptome Shotgun Assembly → TSA	134, 228, 243
S					
Sailfish	95	Spot Length (Experiment 情報)	37	TransDecoder.....	129
Salmon	120, 130	Spot Type (Experiment 情報)	37	TransDecoder (インストール)	125
salmon index	90	SRA → Sequence Read Archive	36, 45, 51, 210, 236, 245	Trim Galore	57
salmon quant.....	90	SRA Toolkit (インストール)	43	Trim Galore (インストール)	55
Salmon (インストール)	89	SRR.....	45	Trimmomatic.....	72
SAM.....	56, 57	SRX	45	Trimmomatic (インストール)	68
Sample and Data Relationship Format	237	SSR ID	51	Trinity	17, 128
SAMtools.....	25, 58	Stack Overflow	25	Trinity (インストール)	124
SAMtools (インストール).....	56	STAR	23, 75, 99, 111, 120	Trinotate.....	211
SC3.....	205	STAR (インストール)	69	TruSeq3.....	72
Scanpy (Python パッケージ)	23, 204	Strand NGS.....	84	TSA division → Transcriptome Shotgun Assembly.....	134, 228, 243
scater (R パッケージ)	175, 176, 180	StringTie	59, 60, 120	t-SNE.....	85, 182, 184, 185, 218
scatter plot (iDEP)	220	StringTie (インストール)	56	TSS.....	104
scp (コマンド)	231, 238	Subread (インストール)	211	tximport (R パッケージ)	94
scrna (R パッケージ)	185	sudo (コマンド)	25	t 分布型確率の近傍埋め込み法 → t-SNE	85, 182, 184, 185, 218
scRNA-Seq.....	173	T			
SDRF (GEA メタデータ)	237, 239	Tabula Muris	174, 205	U	
sed (コマンド)	16, 78	Tap (Homebrew).....	124	Ubuntu	11
SEQC	39	tar (コマンド)	16	UCSC gene ID	209
Sequence Read Archive → SRA	36, 45, 51, 210, 236, 245	TCC (R パッケージ)	144, 146, 149	UMAP	182, 184, 194
set.seed (R 関数)	176, 184	TCC-GUI	139, 149	UMI → Unique Molecular Identifier..	174
		TDF.....	81	UMI カウント	101, 177

UniGene gene ID	209	圧縮 (zip 形式)	15	解凍 (zip 形式)	15
UniProt ID	155, 163	アノテーション	74, 157, 171, 211	カウント	96, 121
UniProtKB	209	アミノ酸コード領域	125	可視化	63, 81, 184, 204
Unique Molecular Identifier → UMI ..	174	アライメント	85	仮想環境	23
Universal Human Reference RNA ..	88	アンチセンス鎖	32	活性化エンハンサー	106
UNIX コマンド	11	一般線形化モデル	149	カットオフ値 (TPM)	245
unzip (コマンド)	15, 175	遺伝子 ID → gene ID	154	カラーマップ (R)	198
uwot (R パッケージ)	175	遺伝子アノテーションデータ → アノテーション	71	環境構築	10
V					
vdb-dump	110	遺伝子機能情報 → アノテーション	158	環境変数	14, 16
viridis (R カラーパレット)	190, 198	遺伝子数	140	環状 RNA	98
Volcano plot	144, 149, 220	遺伝子セット	165	擬時間推定	203, 205
VST	215	遺伝子セット	165	機能アノテーション	98, 171
W					
wasabi	94	遺伝子発現	97, 118	機能ゲノミクス	228
WET	28	遺伝子リスト	154	機能未知遺伝子	221
wget (インストール)	22	インサート	34	擬発見率	145
wget (コマンド)	88	インタラクティブヒートマップ	202	キメラリード	83
wikigenes	209	インデックス配列	34	キュレーションデータベース	170
Windows Subsystems for Linux	11	インデックスファイル (HISAT2)	56	共クラスタリング (iDEP)	223
Z					
zip (コマンド)	15	ウィンドウサイズ	73	共発現ネットワーク (iDEP)	224
zsh	11, 13	エピジェネティクス	228	クオリティコントロール	55
あ					
アガロース電気泳動	29	エラー対応	25	クオリティスコア	57
アクセス番号	71, 134, 230, 241	塩基配列データ	245	クオリティチェック (FastQC)	57, 68, 73, 124, 127
アセンブルした転写産物配列の登録 ..	243	エンハンサー	222	クラスター	190
アダプター配列	34	エンハンサー RNA	104	クラスター解析	97
アダプター配列の除去	72	エンハンサー検出	115	クラスター間比較	198
新しいディレクトリの作成	15	エンハンサー領域	104	クラスタリング	149, 190, 202, 204
圧縮 (gzip 形式)	15	エンリッチメント解析	153, 159, 163, 171, 218, 220	クロマチン立体構造	222
圧縮 (tar.gz 形式)	16	オプション	12	群数	140
か					
解析済みデータ (GEA メタデータ) ..	237	オミクスデータ	187	ゲノムインデックスデータ (STAR) ..	74
階層型クラスタリング	85, 216	か			
解凍 (gzip 形式)	15	解析済みデータ (GEA メタデータ) ..	237	ゲノムサイズが小さい生物種	82
解凍 (tar.gz 形式)	16	階層型クラスタリング	85, 216	ゲノムポジション (DEG)	222
解凍 (zip 形式)	15	解凍 (gzip 形式)	15	ゲノムマッピング (HISAT2)	57
検出性能	41	解凍 (tar.gz 形式)	16	原核生物	30
				研究内容 (DRA)	230
				検出性能	41

公共データベース.....	49, 210, 228	シンボリックリンク	72	ディレクトリ	14
コピー (ファイル)	15	スプライシング.....	36, 83, 98, 106	ディレクトリ構成の表示.....	15
コマンド.....	11, 15	スライディングウィンドウ.....	73	ディレクトリの圧縮・解凍.....	15
コマンド処理の中止	13	正規化 (DEG) ...	59, 148, 150, 180, 204, 215	ディレクトリの移動.....	15
コマンドのマニュアル表示.....	16	制限語彙.....	171	ディレクトリの作成.....	15
コマンドラインインタプリタ → CLI.....	11	生物学的解釈	167	データ再利用.....	245
コミュニティ検出.....	193	生物種間対応.....	172	データ量 → 総塩基数.....	35
コメント行 (シェル)	12	生命科学系データベースアーカイブ.....	245	データレポジトリ.....	245
コンティグ.....	122, 129	生命情報・DDBJ センター	228	テキスト操作.....	16
コンテナ (Docker).....	23	絶対パス.....	14	テキストの取り出し.....	16
さ					
再現性.....	41, 215	染色体領域.....	222	テキストファイルの作成	16
細胞型.....	183, 195, 204	センス鎖.....	32	テキストファイルの表示	16
細胞間類似度	202	総塩基数 → データ量.....	35	転写因子 (TF) データベース.....	217
細胞検索.....	205	相対パス.....	14	転写開始点.....	104, 110
細胞内局在.....	157	測定機器 (GEA メタデータ)	237	転写指向性.....	116
削除 (ファイル, ディレクトリ).....	15	組織特異的発現遺伝子.....	46	転写方向性情報	32
査読者.....	241	た			
散布図.....	181	ターミナル.....	11	デンドログラム.....	224
サンプル情報 (DRA)	230	代謝マップ (iDEP)	221	統計的意味.....	165
シークエンスデータ登録	36, 228	ダイナミックレンジ.....	39	登録者 (GEA メタデータ)	237
シークエンスプライマー.....	34	多型情報.....	99	トリミング.....	35, 55
シェル	11	多群間比較 (iDEP)	213	な	
シェルスクリプト	15, 111, 131	多次元尺度構成法 → MDS.....	218	名前の変更 (ファイル・ディレクトリ).....	15
視覚化 (iDEP)	216	ダブル・ブラインド査読.....	242	生データ (DRA)	230
視覚化 (TCC-GUI)	144, 147	探索的な解析 (TCC - GUI)	142, 146	生データ (GEA メタデータ).....	237
次元削減.....	180, 185, 195, 204	タンパク質ドメイン	157	生データ (NGS)	229
事後確率.....	150	断片化 (mRNA)	31	並び替え (テキスト操作)	16
実験デザイン (GEA メタデータ).....	237	チャンネル (Anaconda)	17	ネットワーク図.....	161
実行時間.....	99, 120	重複度 (シークエンス)	128	ネットワーク分析 (iDEP).....	222
シミュレーション	141	低カバレッジ	93	ノンコーディング RNA.....	104
樹形図.....	149, 198, 201, 222	低発現遺伝子	36, 40, 215, 245	は	
主成分分析 → PCA	97, 180, 218	低発現転写産物.....	93	バーコード.....	177, 184
上流制御分子	167	低品質 RNA.....	33	バージョン表示 (ツール).....	245
シングルリード.....	34	低品質領域の除去	68, 72	パーミッションの変更.....	15
		定量化 (Salmon, Kallisto).....	96	バイアス補正 (Salmon, Kallisto).....	93

バイオサイエンスデータベースセンター...	243	フィルタリング	177, 184, 215
バイオロジカル解析	86	ブートストラップ法	93
バイクラスタリング (iDEP)	223	不均質性	204
パイプ	14	フラグメント数	35
パスウェイ ID	211	フローセル	34
パスウェイ解析	86, 97, 157, 167, 172, 221	プロセスの使用状況	16
パスを通す	14	プロトコル (GEA メタデータ)	237
バックスラッシュ	12	プロモーター位置情報	106
発現解析	85	プロンプト記号	12
発現値データ	245	分化	204
発現パターン検出	150	文献情報 (GEA メタデータ)	237
発現プロファイル	47, 167	文献情報の利用	170
発現変動遺伝子 → DEG	219	ペアエンド	34
発現変動解析	83, 144, 146, 165, 167, 204	ペアプロット	181, 183
発現変動の度合い → ランキング	141	平均シルエットスコア → AS 値	143
発現量データ	60, 78	ベイズ	150
発現量の単位	96	変数 (シェル)	14
パブリックデータ	210	ポジコン	99
阪大医学部 Python 会	26	翻訳アミノ酸配列	129
反復数	141		
ヒートマップ	149, 198, 202, 216, 220, 221, 223		
非階層型クラスタリング	85		
ヒトゲノムリファレンス	81		
非モデル生物	122, 210		
微量 RNA サンプル	33		
品質管理	99		
ファイル圧縮	46		
ファイル一覧の表示	15		
ファイル操作	15		
ファイルの圧縮・解凍	15		
ファイルの移動	15		
ファイル名を変更	15		
ファイルをアプリケーションで開く	16		

や

融合遺伝子	84, 98
ユーティリティ	11

ら

ライフサイエンス統合データベースセンター	236
ライブラリ	34
ライブラリ調整方法の選び方	34
ランキング → 発現変動の度合い	150
乱数シード値の固定 (R)	176, 184, 190
ランダム化特異値分析	184
リード, リードペア, リード数, リード長	35
リードカウント ...	61, 78, 96, 118, 209, 212
リード数の重複	128
リダイレクト	14, 134
リファレンスゲノム	70
リファレンストランスクリプトーム	77, 88, 98
隣接行列	191
類似細胞の検索	191
レビューアクセス	237, 241
レプリケート	30

ま

マイクロアレイ	39
マイナー生物	98, 154
マッピング	57, 75, 110, 118
マッピングデータ	78
マップリード分布	80
マップ率	113
マルチプレックス解析	36
マルチマップ	93, 96
メタゲノム	101
メタデータ	44
メタデータ (DRA)	236
メタデータ (GEA)	237
モジュラリティ	193
文字列を検索	16
文字列を操作	16