

## 数字

|              |  |
|--------------|--|
| 1細胞オミクス      | 170  |
| 3Dイメージング     | 191  |
| 10x Genomics | 16, 24, 36, 56, 107, 163, 185, 203, 216, 224 |

## 欧文

### A

|   |                    |
|---|--------------------|
| Akoya Biosciences                       | 122                |
| amplified RNA (aRNA)                    | 174                |
| AnnData                                 | 156                |
| API (Application Programming Interface) | 155                |
| ARDS                                    | 211, 212           |
| ASD                                     | 230                |
| ASURAT                                  | 175, 179, 180, 181 |

### B

|  |        |
|--|--------|
| BayesSpace                                 | 36, 37 |
| BD5  | 157    |
| BDML (Biological Dynamics Markup Language) | 157    |
| BD-zarr                                    | 157    |
| BioImage Archive (BIA)                     | 159    |
| BPD  | 230    |

### C

|    |     |
|----|-----|
| C1 | 224 |
|----|-----|

|   |                        |
|---|------------------------|
| CARD (conditional autoregressive-based deconvolution) | 217                    |
| CARTANA   | 70                     |
| cDNA  | 49, 50                 |
| CE (capillary electrophoresis)                        | 147                    |
| Cell2location   | 20, 186                |
| cell barcode (CB)                                     | 47                     |
| Cell Neighbor   | 20                     |
| Cell Neighborhood 解析                                  | 120, 135               |
| Cell Ranger   | 54, 163                |
| CellTrek  | 20, 186                |
| CEL-seq2  | 172, 224               |
| CE-MS   | 147                    |
| CE-TOF-MS   | 152                    |
| Chromium  | 47, 171, 203, 205, 224 |
| CIM   | 130                    |
| CITE-seq  | 206                    |
| cloupe ファイル   | 38, 45                 |
| CNN   | 56, 199                |
| CNV   | 230                    |
| CODEX   | 122, 130, 135, 195     |
| contents  | 190                    |
| contexts  | 190                    |
| CRISPR/Cas9   | 87, 198                |
| csv ファイル  | 39                     |
| CTC   | 228                    |
| CUBIC   | 193                    |
| CUBIC-Atlas   | 193                    |
| CytoMAP   | 135                    |
| CytoSeq   | 224                    |

### D

|                              |          |
|------------------------------|----------|
| DASH 法                       | 174      |
| DBIT-seq                     | 206      |
| ddSeq                        | 224      |
| DeepCOLOR                    | 187      |
| DeepSpaCE                    | 56, 61   |
| Deep Visual Proteomics (DVP) | 207      |
| DNA nanoball (DNB)           | 90       |
| DNA ポリメラーゼ                   | 79       |
| DNA ライゲース                    | 79       |
| Docker Hub                   | 59       |
| droplet                      | 47       |
| Drop-seq                     | 109, 224 |
| DSP                          | 209      |
| DV200                        | 33, 34   |

### E

|                      |     |
|----------------------|-----|
| Epoch 数              | 61  |
| eSPRESSO             | 164 |
| expansion microscopy | 87  |

### F

|  |                                     |
|--|-------------------------------------|
| FACS                                       | 224                                 |
| FAIR 原則                                    | 155                                 |
| FANS (fluorescent activate nuclei sorting) | 205                                 |
| FASTQ                                      | 38                                  |
| FFPE                                       | 24, 32, 72, 106, 115, 123, 141, 212 |
| Fiji                                       | 156                                 |

FindClusters 関数 ..... 41  
 FindMarkers 関数 ..... 36, 41, 163  
 FindNeighbors 関数 ..... 41  
 FindSpatiallyVariableFeatures 関数  
 ..... 36, 41, 163  
 FISH ..... 69, 79  
 FISSEQ ..... 12, 70  
 FLAMES ..... 55  
 FLASH-seq ..... 172  
 FNA (fine-needle aspiration) ... 110  
 FPKM ..... 161

## G

Gene Expression Omnibus (GEO)  
 ..... 160, 161  
 GEO DataSets ブラウザ ..... 161  
 GeoMx ..... 12  
 GeoMx DSP ..... 142, 138, 211  
 Giotto ..... 20, 36, 37, 157  
 GRCh38 ..... 38

## H

HCA (Human Cell Atlas) ..... 160  
 HCA Data Portal ..... 162  
 HDF5 ..... 157  
 HE2RNA ..... 58  
 Hi-C 法 ..... 197  
 HILIC ..... 152  
 HyBISS (hybridization-based *in situ*  
 sequencing) ..... 12, 70, 79  
 Hyperion ..... 12, 111

## I

ICell8 ..... 224  
 iDISCO 法 ..... 233  
 IDR (Image Data Resource) ... 159  
 ImageJ ..... 135  
 Image Mass Cytometry ..... 112  
 image.sc ..... 158  
 IMAXT ..... 157  
 IMC ..... 112  
 InDrop ..... 224  
 inferCNV ..... 207  
*in situ* capturing ..... 12, 1556  
*in situ* sequencing (ISS)  
 ..... 12, 14, 69, 70, 79, 87, 171, 195  
*in situ* ハイブリダイゼーション  
 (ISH) ..... 12, 69  
*in vitro* transcription ..... 174

## J

Jupyter Notebook ..... 157

## L

LNA (locked nucleic acid) ..... 172  
 LoupeBrowser ..... 45

## M

MALDI ..... 147, 151  
 MARS-seq ..... 224  
 MassHunter ..... 150  
 MAV ..... 135

MCD Viewer ..... 117  
 MD (mean-difference) ..... 162  
 MERFISH ..... 12, 69, 79  
 MIBI-TOF ..... 113  
 Mirion ..... 151  
 mm10 ..... 38  
 Monocle ..... 20, 177  
 MS (mass spectrometry) ..... 147  
 multiplex 解析 ..... 87  
 MUON ..... 157

## N

NanoString ..... 138, 209, 211  
 napari ..... 156  
 nCounter ..... 210

## O

OME-NGFF ..... 156  
 Oxford Nanopore Technologies  
 (ONT) ..... 47

## P

Pacific Biosciences (PacBio) ..... 48  
 PAGODA (pathway and gene set  
 overdispersion analysis) ... 179, 181  
 PBMC ..... 203  
 PCA ..... 41, 186  
 PhenoCycler ..... 12, 113, 122, 136  
 PhenoCycler-Fusion ..... 137  
 PhenoImager ..... 112

PIC (Photo-Isolation Chemistry) ..... 107  
 PromteHION ..... 47  
 pseudotime 解析 ..... 87  
 Python ..... 58  
 PyTorch ..... 57

## Q

QPTIFF ファイル ..... 135  
 Quartz-seq2 ..... 172, 224  
 QuPath ..... 119, 135

## R

R ..... 39, 58  
 RamDA-seq ..... 173, 224  
 RCA (rolling circle amplification) ..... 12, 70, 79  
 RCTD ..... 109  
 ReadCoor ..... 70  
 RESEPT ..... 36, 37  
 RIN 値 ..... 28  
 RNA editing ..... 55  
 RNA FISH ..... 171  
 RNAScope ..... 205  
 ROI (region of interest) ..... 106, 138, 142, 210

## S

SABER ..... 195  
 SBH (sequence by hybridization) ..... 70

SBL (sequencing-by-ligation) ... 70  
 Scanpy ..... 37, 156, 163  
 ScISOR-seq 法 ..... 55  
 ScNaUmi-seq 法 ..... 55  
 scRNA-seq ..... 47, 87, 170, 204  
 SCTransform ..... 36, 37, 163  
 scVDJ-seq ..... 204  
 scverse ..... 157  
 SCZ ..... 229, 230  
 seqFISH ..... 36, 184  
 seqFISH + ..... 12, 69  
 Seurat ... 19, 36, 39, 157, 163, 177, 225  
 SiCeLoRe ..... 55  
 siCNV ..... 207  
 SIMLI ..... 120  
 Singularity ..... 58  
 SiT ..... 55  
 Slide-seq ..... 163  
 Smart-seq2 ..... 172, 219, 224  
 Smart-seq3 ..... 172  
 SMart-seq3xpress ..... 172  
 Smart-seq-total ..... 174  
 smFISH ..... 205  
 snATAC-seq ..... 205  
 SNP ..... 79  
 snRNA-seq ..... 205  
 SOMDE ..... 36, 37  
 Space Ranger ... 19, 25, 30, 36, 38, 54  
 spaceranger mkref ..... 39  
 SpaGCN ..... 37

SPARK ..... 36, 37  
 spatial barcode (SB) ..... 25, 47, 48  
 Spatial-CITE-seq ..... 206  
 SpatialCPie ..... 36, 37  
 Spatial-CUT & Tag seq ..... 206  
 SpatialDE ..... 36  
 SpatialExperiment ..... 157  
 spatial GEX ..... 205  
 spatial inferred CNVs ..... 207  
 Spatial TCR sequencing ..... 205  
 Squidpy ..... 156, 157  
 SS2 ..... 172  
 SSBd:database ..... 154  
 SSBd:repository ..... 154  
 ssGSEA ..... 179, 181  
 STARmap ..... 36  
 Stereo-Seq ..... 90  
 ST-Net ..... 58  
 STOmics ..... 12, 90  
 STOmicsDB ..... 105  
 STOmics Fluorescent ..... 91, 94  
 STOmics Gene Expression ... 91, 98  
 STUtility ..... 20, 37

## T

TADs ..... 197  
 tagging ..... 172  
 TCR 遺伝子 ..... 227  
 TITAN ..... 120  
 TOF MS ..... 151

trendsceek ..... 36, 37

TS (template switching) ..... 172

t-SNE ..... 41, 178, 213

TSO (template switching oligo)  
..... 172

TubeMap ..... 193

T細胞 ..... 203

t分布型確率の近傍埋め込み法 ..... 178

## U

UMAP ..... 41, 43, 162, 216

UMI (unique molecular identifier)  
..... 53, 161, 172

## V

VAE ..... 187

VASA-seq ..... 174

VesSAP ..... 193

VesselVio ..... 193

VGG16 ..... 57

Visium ..... 12, 16, 24, 36, 47, 56, 107,  
136, 163, 171, 185, 205, 216, 233

Visium FFPE ..... 16, 25

Visium HD ..... 25

## W

WGCNA ..... 217

WGS (whole genome sequencing)  
..... 230

Wilcoxon 順位和検定 ..... 41

## X

Xenium ..... 12, 16

Xenium Analyzer ..... 70, 77

Xenium In Situ ..... 69, 70

XFuse ..... 58

## Z

Zarr ..... 156

## 和文

### あ行

アイソフォーム ..... 55

アニオン分析 ..... 150

アノテーション ..... 157, 177, 178, 182

アルツハイマー病 ..... 231

遺伝子座 ..... 198

遺伝子発現制御ネットワーク ..... 184

イメージング ..... 79, 196

イメージングMS ..... 147

イメージングフォーマット ..... 156

イメージング質量分析 ..... 147

液体クロマトグラフィー ..... 152

エピゲノム ..... 197

オープンフォーマット ..... 156

オミクス状態 ..... 196

オリゴdT プライマー ..... 25

オリゴヌクレオチド ..... 79

オリゴプール ..... 87

オルガノイド ..... 193

### か行

解析パイプライン ..... 177

解剖学的アトラス ..... 212

カウント値 ..... 161

学習 ..... 61

学習済みモデル ..... 62

可視化 ..... 36, 39, 42, 163, 225

カスタムコンジュゲート抗体 ..... 127

カチオン分析 ..... 149

カラーコード ..... 87

患者iPS細胞 ..... 229, 234

感染症 ..... 209

完全長型 scRNA-seq ..... 171

機械学習 ..... 199

記号スコア ..... 180, 181

偽時間解析 ..... 20

逆転写法 ..... 224

キャピラリー電気泳動法 ..... 147

共局在関係 ..... 188

共局在ネットワーク ..... 183

共焦点顕微鏡 ..... 82

近接関係 ..... 184

空間エピゲノム解析 ..... 12

空間解像度 ..... 18, 170

空間コンテキスト解析 ..... 190

空間的発現変動解析 ..... 41

空間的バーコードプローブ捕獲法  
..... 107

|   |                        |                       |
|---|------------------------|-----------------------|
| 空間プロテオーム…………… 12                                | 細胞密度…………… 41           | 全細胞イメージング…………… 190    |
| 空間メタボローム解析…………… 12, 147                         | シークエンス法…………… 224       | 穿刺吸引法…………… 110        |
| クオリティチェック…………… 28, 33                           | しきい値…………… 64           | 染色…………… 128           |
| クラスター…………… 182                                  | シグナル・ノイズ比…………… 79      | 染色条件…………… 117         |
| クラスタリング<br>…………… 36, 39, 41, 163, 182, 187, 225 | 次元圧縮…………… 171, 225     | 全長 cDNA…………… 53       |
| グリッドサーチ…………… 64                                 | 次元削減…………… 39, 41       | 全脳 c-fos マッピング …… 233 |
| クロマチンアクセシビリティ…………… 187                          | 質量分析…………… 147, 151     | 相関関係…………… 180         |
| クロマチン構造…………… 197                                | 自閉スペクトラム症…………… 230     | 臓器全細胞アトラス…………… 193    |
| クロマトグラフィー…………… 147                              | 主成分分析…………… 178         | 双極性障害…………… 230        |
| 形態学的マーカー…………… 142                               | 腫瘍浸潤 T 細胞 …… 225, 226  | 相互作用…………… 183         |
| ゲノムコピー数変異…………… 230                              | 新型コロナウイルス感染症… 209, 210 | 組織学…………… 196          |
| 検出遺伝子数…………… 18                                  | 神経回路…………… 229          | 組織接着性…………… 33, 34     |
| 検出感度…………… 170                                   | 新鮮組織…………… 29           | 組織切片…………… 125         |
| 高極性代謝物…………… 147                                 | 新鮮凍結…………… 17, 24, 83   | 組織透過処理…………… 100       |
| 高血圧…………… 219                                    | 心臓…………… 215            | 組織透明化…………… 190, 191   |
| 構造分布パターン…………… 190                               | 深層学習…………… 56           | 組織パンチング法…………… 107     |
| 高付加価値データベース…………… 159                            | 深層生成モデル…………… 183, 187  |                       |
| 高分解能質量分析計…………… 147                              | 心臓リモデリング…………… 215, 218 |                       |
| 固定凍結…………… 83                                    | 心不全…………… 219           |                       |
| 固定法…………… 86                                     | スフェロイド…………… 193        |                       |

## さ行

|                                 |
|---------------------------------|
| 細菌感染…………… 212                   |
| 細胞塊…………… 109                    |
| 細胞型…………… 170                    |
| 細胞間相互作用ネットワーク<br>…………… 183, 187 |
| 細胞種…………… 170, 184               |
| 細胞周期…………… 199                   |
| 細胞状態…………… 170                   |

|                              |
|------------------------------|
| 精神医学…………… 229                |
| 精神疾患診断…………… 229, 236         |
| セグメンテーション…………… 191, 192, 220 |
| セミバルク RNA-seq …… 109         |
| セルオミクス…………… 190              |
| 全ゲノム解析…………… 236              |
| 全ゲノムシークエンス解析…………… 230        |

## た行

|                                  |
|----------------------------------|
| 代謝物…………… 147                     |
| タギング…………… 172                    |
| 多重イメージング…………… 111                |
| 多重蛍光免疫組織化学染色…………… 122            |
| 多層オミクス…………… 203                  |
| 畳み込みニューラルネットワーク<br>…………… 56, 199 |
| 脱パラフィン…………… 34, 126              |
| 単一細胞分取法…………… 224                 |
| 超解像顕微鏡…………… 196                  |
| 超解像度化…………… 56, 64, 66            |
| 超多重染色…………… 196                   |
| ディテクションプローブ…………… 82              |

|                |          |
|----------------|----------|
| 定量位相差顕微鏡       | 200      |
| 定量比較解析         | 194      |
| 定量メタボローム       | 147      |
| データベース         | 21, 160  |
| データ解析          | 191      |
| データ解析ツール       | 19       |
| データ駆動型アプローチ    | 185      |
| データ統合          | 170      |
| デコンボリューション     | 171, 217 |
| 転移学習           | 65       |
| 点変異検出          | 54       |
| 透過処理           | 29       |
| 透過処理           | 86       |
| 透過処理時間         | 98       |
| 凍結             | 123      |
| 凍結切片           | 91       |
| 凍結組織           | 72       |
| 統合             | 122, 219 |
| 統合解析           | 153      |
| 統合失調症          | 229, 230 |
| トータルRNA シークエンス | 171      |

## な行

|            |     |
|------------|-----|
| 内部標準物質     | 149 |
| ネオアンチゲン    | 226 |
| 脳オルガノイド    | 234 |
| 脳疾患モデルマウス脳 | 231 |
| ノーマライゼーション | 60  |

## は行

|                |            |
|----------------|------------|
| バーコード          | 53         |
| バーコードオリゴ       | 122        |
| バーコード配列        | 25, 79     |
| バイオバンク         | 212        |
| バイオマーカー        | 213, 219   |
| バイオリソース        | 233        |
| ハイスループット超解像顕微鏡 | 198        |
| ハイパーパラメータ      | 61, 64     |
| ハイブリダイゼーション    | 79         |
| 剥がれ            | 136        |
| 発現値フィルタリング     | 64         |
| 発現定量           | 36         |
| 発現変動解析         | 36, 39     |
| 発現変動遺伝子解析      | 163        |
| バッチコレクション      | 187        |
| バッチ効果補正        | 171        |
| パドロックプローブ      | 79, 82, 84 |
| ハブ遺伝子          | 218        |
| ばらつき           | 41, 235    |
| パラメータチューニング    | 64         |
| バリデーション        | 122        |
| 半教師あり学習        | 62         |
| パンチング          | 106        |
| 光照射捕獲法         | 107        |
| ピアソン相関係数       | 62         |
| ピクセル数          | 65         |
| ピクセル値          | 65         |
| 微小組織採取         | 106        |
| 被転写領域          | 48         |

|                  |          |
|------------------|----------|
| 非モデル生物           | 214      |
| 病態解明             | 229, 236 |
| 病理学              | 196      |
| フィルタリング処理        | 60       |
| 不整脈              | 219      |
| プラットフォーム         | 220      |
| ブリッジ・ディテクションプローブ | 85       |
| ブリッジプローブ         | 79, 85   |
| プロテアーゼ処理         | 86       |
| プロテオーム           | 122, 220 |
| フロンティアバイオシステムズ   | 107      |
| 分子バーコード          | 139, 172 |
| 分類               | 178      |
| ベイズモデル           | 36       |
| ベクトル表現           | 187      |
| 変異検出             | 48, 49   |
| 変分自己符号化器         | 187      |
| ホルマリン固定パラフィン包埋   | 106, 123 |
| ホルマリン固定検体        | 18       |

## ま行

|                     |         |
|---------------------|---------|
| マイクロキャピラリー          | 224     |
| 前処理                 | 41      |
| 末梢血                 | 203     |
| マッピング               | 36, 171 |
| マトリックス支援レーザー脱離イオン化法 | 147     |
| マルチオミクス統合           | 171     |
| マルチタンパク質解析          | 140     |

|          |     |
|----------|-----|
| メタボローム   | 147 |
| 免疫       | 203 |
| 免疫反応マーカー | 213 |

## や行

---

|      |        |
|------|--------|
| 予測精度 | 62, 64 |
|------|--------|

## ら行

---

|                          |            |
|--------------------------|------------|
| ライトシート顕微鏡                | 190, 192   |
| ライブイメージング                | 196        |
| 落射型蛍光顕微鏡                 | 82         |
| ラベリング                    | 191        |
| ランダムフォレスト                | 186        |
| ランニングコスト                 | 80         |
| リードアウト                   | 79         |
| リードカウント                  | 36, 39, 41 |
| リスクバリエーション               | 230        |
| リスク変異                    | 230        |
| リファレンスデータ                | 36         |
| リファレンスマッピング              | 194        |
| リポジトリ                    | 159        |
| 臨床検体                     | 215, 220   |
| レーザーマイクロダイセクション法         | 107        |
| レバトア解析                   | 203        |
| ローリングサークルアンプリフィ<br>ケーション | 84         |
| ローリングサークル増幅              | 12, 70, 76 |
| ロングリードシーケンス              | 47         |