

INDEX

記号・数字

#tax_id 252
(コメント) 73
--version (コマンドオプション) 23
> (プロンプト) 71
\
(行継続) 71
| (パイプ) 60
* (ワイルドカード) 194, 209
00_merge_each_
 speciestransdecoder.py 246
00_ratio_calculation.py 243
10X Chromium 102
1 細胞 RNA-Seq → scRNA-Seq
 102, 183, 217
28S/18S RNA 26
3 群間比較 162
5' 端 104
5' 端のカウント情報 112

A

A260/A230 26
A260/A280 26
AGE-TAB 形式 287
Alevin 102
All Of gene Expression → AOE
 49, 239
Amason Web Services → AWS 125
AmiGO 188
Anaconda 15
Anaconda (channel 設定) 16
Anaconda (全体のアップデート) 24
Anaconda (ツールインストールの失敗)
 23

Analysis Match 機能 183
ANOVA 162
AOE → All Of gene Expression
 49, 239
Apple シリコン搭載 Mac 24, 40, 143
ARCHS 255
ARSA 287
AS 値 → 平均シルエットスコア 156
awk (コマンド) 140, 193
AWS → Amason Web Services 125

B

Ballgown 64
BAM ファイル 60, 100
BAM ファイル生成 (STAR) 77
BBDuk 69, 72
BBDuk (実行結果の確認) 74
BBTools (インストール) 69
BEDtools (インストール) 109
Biclustet 269
BigTranscriptome 99
bigWig ファイル 112
BioAnalyzer 26
Bioconda 15, 16, 130
Biological Replicate 27
Biomart 189
BioProject 277
BioProject 登録 278
BioSample 277, 279
Bitscore 245
BLAST (インストール) 19, 238
BLAST (バージョン確認) 23
blastn (コマンド) 2

BLASTP 244
bustools 102

C

CAGE → Capping Analysis of Gene
 Expression 104
CAGE (RNA-Seq との比較) 106
CAGE 解析の概要 105
CAGE データのダウンロード 111
CAGE ライブラリの品質評価 114
Capping Analysis of Gene
 Expression → CAGE 104
CDS 配列予測 140
CELLxGENE 219
channel 設定 (Anaconda) 16
CHESS 99
chmod (コマンド) 112
CIBERSORTx 219
CLC Genomics Workbench
 → GWB 183
conda 15
conda update --all 24
CPM の計算 113
CPU クロック数 126
CTSS 112
Cufflinks 101, 125
Cuffquant 102
curl (コマンド) 241
cut (コマンド) 209, 216
cutadapt 130

D

D-way 278

DAVID.....	182	Drop-Seq.....	102	FASTQ ファイル.....	47, 72, 281	
DDBJ.....	51, 276	DRR ~ (アクセッション番号).....	280	FASTQ ファイルの圧縮 (pigz).....	56	
DDBJ Sequence Read Archive		DRX ~ (アクセッション番号).....	280	FASTQ ファイルの取得 (fasterq-dump)		
→ DRA.....	276	DRY 解析.....	25	56, 111	
DDBJ センター.....	276	DRYAD.....	291	FASTQ ファイルの取得 (ikra).....	227	
<i>de novo</i> アセンブリ.....	128, 136, 192	DTE.....	94	FDR.....	158, 264	
<i>de novo</i> トランスクリプト配列構築.....	27	DTU.....	94	featureCounts.....	97	
DEE2 → Digital Expression				Feature (DDBJ).....	284	
Explorer 2.....	255	E			FFPE サンプル.....	30
DEG → Differentially Expressed Gene		E-GEAD-n ~ (アクセッション番号) ...	289	figshare.....	50, 291	
.....	37, 116, 151, 154, 188, 231, 264	EBI.....	276	fold change による検定.....	267	
DEG (PREDA による集積領域の検出)		EBI OmicsDI.....	289	for_trinity.pl.....	135	
.....	268	edgeR (R パッケージ).....	113, 157	for 文 (シェルスクリプト).....	209	
DEGES アルゴリズム.....	157	EM アルゴリズム.....	97	FPKM.....	32, 98	
DEG 解析 (iDEP).....	264	ENA.....	71	Functional ANnotation Of		
DEG 可視化 (iDEP).....	265	Ensembl Biomart.....	189	Mammalian genomes → FANTOM		
DEG 除去戦略.....	157	Ensembl ID.....	168	104	
DESeq2.....	157, 258, 264	Entrez Gene ID.....	168	G		
DEU.....	94	eRNA.....	104	g:Profiler.....	182	
DGE.....	94	Experiment (DRA メタデータ) ...	33, 280	GAGE.....	267	
dgeL オブジェクト.....	114	explained variance ratio (PCA)		GEA → Genomic Expression Archive		
Differentially Expressed Gene → DEG		→ 寄与率.....	211	276	
.....	37, 116, 151, 154, 188, 231, 264	eXpress.....	101	F		
Digital Object Identifier → DOI ...	291	F			GEA 登録.....	142, 287
Digital Expression Explorer 2		false discovery rate.....	158, 264	GENCODE プロジェクト.....	71, 99	
→ DEE2.....	255	Fanflow4Insects.....	146, 189	Gene Expression Omnibus → GEO		
DNase 処理.....	26	FANTOM → Functional ANnotation		41, 224	
Docker.....	17, 222	Of Mammalian genomes.....	104	Gene Ontology → GO.....	188	
Docker の Resources 設定 (Mac)	18	FANTOM リファレンス.....	107, 120	Gene Symbol.....	168	
Docker の Resources 設定 (Windows)		fasterq-dump (SRA Toolkit)		gene2pubmed.....	249, 252	
.....	18	40, 47, 111	GenelD.....	252	
Docker (プログラム実行).....	22	Fastp (インストール).....	55	genomeCoverageBed.....	112	
DOI → Digital Object Identifier ...	291	Fastp によるトリミング.....	58	Genomic Expression Archive → GEA		
doublet.....	218	Fastp Screen.....	59	276	
DRA.....	276	FastQ Screen.....	59	GEO → Gene Expression Omnibus		
DRA Experiment.....	280	FastQ Screen (インストール).....	55	41, 224	
DRA Run.....	280	FastQC.....	58, 73, 130	getentry.....	287	
DRA → DDBJ Sequence Read		FastQC (インストール).....	55, 69	GFFread (インストール).....	237	
Archive.....	3, 276	FastQC (結果の確認).....	74, 134	ggplot2.....	163, 211	

ggplot2 (インストール) 208
 GGSEARCH..... 148
 GO → Gene Ontology..... 188
 GO 解析..... 188
 GRCh38..... 57
 grep (コマンド)
 75, 137, 140, 242, 258
 GSEA 267
 GTF ファイル57, 71, 75
 GWAS-LD エンリッチメント解析 120
 GWB → CLC Genomics Workbench
 183
 gzip (コマンド) 77, 111, 120
 gz 形式..... 56

H

head 関数 (R) 113
 HGNC Biomart..... 189
 HISAT2..... 53, 60, 100, 125, 257
 HISAT2 (インストール) 55
 HMMER..... 148
 Homebrew 24, 40, 144
 HTML レポート (TCC-GUI) 158
 HTSeqcount 97
 Human Cell Atlas 219

I

iDEP..... 216, 258
 iDEP (ローカルでの起動) 271
 iDEP パラメータの決定方法..... 271
 IDF → Investigation Description
 Format..... 287
 IDF メタデータ (GEA 登録) 287
 ID 変換 (Metascape)..... 171
 ID 変換ツール..... 189
 IGV 56, 60, 82
 IGV (インストール)..... 70
 ikra 226, 228, 257, 258
 ikra (インストール) 223

Ingenuity Pathway Analysis → IPA
 183
 INSD 276
 Instrument (DRA Experiment) 34
 Integrated Genome Viewer → IGV
 56, 60, 82
 Investigation Description Format
 → IDF..... 287
 IPA → Ingenuity Pathway Analysis
 183

J

Jupyter Notebook (インストール) ... 223

K

k-Means クラスタリング 262
 k-mer counting..... 101
 Kallisto..... 87, 125, 138, 193, 255
 Kallisto (インストール) 88, 132
 kallisto index (コマンド) 90
 kallisto quant (コマンド)..... 91
 Kent Utility tools (インストール) 109

L

Land Explorer → LE..... 183
 LE → Land Explorer 183
 Library Construction Protocol (DRA
 Experiment) 34
 Library Selection (DRA Experiment)
 34
 Library Source (DRA Experiment)
 34
 Library Strategy (DRA Experiment)
 34
 lncRNA 30
 Location (DDBJ) 284
 ls (コマンド) 22, 47, 77, 209

M

MA plot (iDEP) 266
 MA plot (R による描画) 117
 MA plot (TCC-GUI) 157, 161
 MAQC- III 36
 MBCdeg 163
 MBCcluster.Seq 162, 163
 MCODE 179
 MDS..... 263
 metakallisto 102
 Metascape 165, 233
 Metascape (解析の実行) 167, 170
 Miniconda..... 15
 Miniforge..... 68
 miRNA 30
 miTranscriptome..... 99
 Molecular Complex Detection ... 179
 Morpheus..... 195
 mRNA 30
 MSS フォーム 284
 multi-FASTA..... 281
 MultiQC (インストール) 69

N

nAnT-iCAGE..... 104
 NCBI 276
 Nominal Length (DRA Experiment)
 34
 numpy (インストール) 238

O

OpenJDK (インストール) 69
 ORF 予測 141

P

pandas (インストール) 223, 238
 paste (コマンド) 194, 209, 229
 PCA → principal component analysis
 206

PCA (R による解析) 263
 PCA (TCC-GUI による解析) 162
 Pfam 148
 PGSEA 267
 pigz (コマンド) 40, 48, 56
 polyA-mRNA 精製 28
 prcomp 関数 (R) 211
 PREDA 268
 prefetch (SRA Toolkit) 40, 47
 prepDE.py3 243
 principal component analysis → PCA
 206
 PRJD ~ (アクセッション番号) 278
 ProjectID 239
 proteinID 244
 pseudo-alignment 101
 pseudoBAM 101
 Pubmed_ID 252
 Python 15

Q

QC → Quality Control 55
 Qualifier (DDBJ) 284
 Quality Control → QC 55
 Quartz-Seq 法 30
 quasimapping 101

R

RefSeq 240
 RefSeq ID 168
 refTSS バージョン 4 120
 Rfam 146
 RIN 値 26
 RNA-Seq データの取得 (公共データベ
 ース) 224
 RNA サンプル 25
 RNA サンプルの必要量 26
 RNA 抽出方法 26
 RNA の一次構造 106

RPKM 98
 rRNA キャプチャ除去 29
 RSEM 66, 101
 RSEM (インストール) 69
 RSEM による発現量算出 78
 RStudio (インストール) 152, 194
 Run Selector 225
 Run (DRA メタデータ) 280
 R (インストール) 152, 208
 R による仮想クラスタリング 201

S

Sailfish 95
 Salmon 87, 125, 240, 257
 salmon index (コマンド) 89
 salmon quant (コマンド) 89
 Salmon (インストール) 88
 SAMD ~ (アクセッション番号) 279
 Sample and Data Relationship
 Format → SDRF 287
 SAMtools 60
 SAMtools (インストール) 55
 SAQE → Systematic Analysis for
 Quantification of Expression 50
 scaledTPM 258
 scRNA-Seq → シングルセル RNA-Seq
 102, 183, 217
 scRNA-Seq (バルク RNA-Seq との比較)
 218
 SDRF → Sample and Data
 Relationship Format 287
 SDRF メタデータ (GEA 登録) 287
 sed (コマンド) 140, 193, 209
 SEQC 36
 Sequence Read Archive → SRA
 33, 46, 47, 51, 22, 239, 281
 SGSeq 275
 ShinyGO 182
 sleuth 94

SMARTer 法 30
 sort (コマンド) 209
 Spot Length (DRA Experiment) 34
 Spot Type (DRA Experiment) 34
 Spotfire 189, 198
 Spotfire (インストール) 194
 SRA → Sequence Read Archive
 33, 46, 47, 51, 223, 239, 281
 SRA Run Selector 225, 239
 SRA Toolkit 40, 56, 111
 SRA Toolkit (インストール) 223
 ssGSEA 219
 STAR
 66, 75, 100, 111, 125, 126, 257
 STAR (インストール) 69
 StringTie 53, 62, 125, 240, 244
 StringTie (インストール) 55
 study ID 239
 Submission (DRA メタデータ) 280
 summarizeToGene 関数 (tximport)
 94
 summary 関数 (R) 211
 Systematic Analysis for Quantification
 of Expression → SAQE 50

T

t-distributed stochastic neighbor
 embedding → t-SNE 216, 263
 t-SNE → t-distributed stochastic
 neighbor embedding 216, 263
 tail (コマンド) 209
 TCC-GUI 152, 216
 TDF 形式 82
 Technical Replicate 27
 TIBCO Spotfire 189
 TIGAR 102
 TMM 正規化 157
 TogoID 189
 TopHat2 101, 125

TPA	285	unique molecular identifiers → UMIs	218	アノテーションファイルの作成 (DDBJ)	282	
TPM → transcripts per million	80, 90, 98, 139, 193, 216, 241	UNIX	15	アノテーション付与 (Fanflow4Insects)	146	
TPM 値表の作成	194			アノテーション付与 (Metascape)	172	
transChecker	284	V			アミノ酸配列長の設定 (TransDecoder)	143
transcriptID	244	Value (DDBJ)	284	アミノ酸配列予測	140	
transcriptID から proteinID への変換	244	variance stabilizing transformation → VST	260	アンチセンス鎖	29	
Transcription Start Site → TSS	104	Volcano plot (iDEP)	266	い		
Transcriptome Shotgun Assembly → TSA	281	Volcano plot (TCC-GUI)	157, 162	閾値 (発現変動)	231	
transcripts per million → TPM	80, 90, 98, 139, 193, 216, 241	VST → variance stabilizing transformation	260	遺伝子 ID	168	
TransDecoder	244	W			遺伝子 ID 変換 (Metascape)	171
TransDecoder (インストール)	132, 238	wasabi	94	遺伝子 ID 変換ツール	189	
TransDecoder (最小アミノ酸配列長の設定)	143	weighted correlation network analysis	269	遺伝子アノテーションファイル	53, 57	
TransDecoder (CDS・アミノ酸配列予測)	140	WET 解析	25	遺伝子共発現ネットワーク解析	269	
Trim Galore!	130, 133	WGCNA	269	遺伝子順位の偏りの検定	267	
Trim Galore! (ikra での実行) ..	227, 257	wget (インストール)	19	遺伝子数	151, 154	
Trinity (de novo アセンブリ)	136	Windows Subsystems for Linux 2 → WSL2	12	遺伝子数の確認 (Metascape)	169	
Trinity (Docker イメージの取得)	131	WSL2 → Windows Subsystems for Linux 2	12	遺伝子セットの集積	267	
Trinity (複数 FASTQ ファイルの使用)	142	Z			遺伝子単位のカウント	274
TSS → Transcription Start Site	104	zcat (コマンド)	77	遺伝子単位での発現量	66, 78, 98	
tximport	87, 94, 274	あ			遺伝子発現定量 (ikra)	226, 257
tximport による出力ファイルの加工 (ikra)	227	アイソフォームベース	62	遺伝子発現データの登録 (GEA)	287	
tximport によるテーブル整形	257	アイソフォームベースでの発現量解析 ..	53	遺伝子発現パターンの把握	206	
U		アガロース電気泳動	26	遺伝子モジュールの定義	269	
UCSC ID	168	アセンブリ	55	遺伝子リストのエンリッチメント解析 ..	248	
UMAP	216	アセンブリ配列	281	遺伝子リストの機能調査	248	
UMIs → unique molecular identifiers	218	アダプター	32	遺伝子リストの準備 (Metascape)	166	
UMI カウント	102	アダプター配列の除去	72, 133	遺伝子リストへのアノテーション追加 (Metascape)	172	
UniProt ID	168	アダプター配列のトリミング	58	異物混入チェック	59	
		アノテーション情報	188	インサート	31	
		アノテーションデータの合併	62	インストール失敗 (Anaconda)	23	
				インデックス配列	32	
				インデックスの付与 (Kallisto)	138	
				インデックスの付与 (SAMTools)	60	

え

エルボープロット (iDEP)	263
塩基配列データの登録 (SRA)	291
エントリ (DDBJ)	281
エンハンサー	118
エンハンサー RNA	104
エンハンサーコール.....	107
エンリッチメント解析	165, 188
エンリッチメント解析 (Metascape)	167, 176

お

オープンサイエンス	219
オルソログ	167
オントロジー	173
オントロジー解析	178
オントロジーターム	176

か

解析環境.....	12
階層クラスタリング.....	191, 261
階層クラスタリング (Morpheus)	195
階層クラスタリング (R)	201
階層クラスタリング (Spotfire)	198
カウント値をベースとした手法	98
カウントテーブルの作成	216
可視化 (染色体上の分布)	56, 82
カットオフ値	291
カノニカルパスウェイ	183
カバレッジ.....	61, 92
下流の生物学的プロセス	183
環境構築.....	12
環状 RNA	99

き

機能アノテーション	99, 146, 188, 248
機能ゲノミクスデータ (GEA 登録)	287
機能推定 (Metascape).....	179
キュレーション	224

局所パターン	269
--------------	-----

寄与率 (PCA) → explained variance ratio.....	263
--	-----

寄与率とその累積プロット (PCA)	211
--------------------------	-----

く

クオリティチェック	73, 133
クラスタリング.....	191
くり返し処理 (シェルスクリプト) ...	57, 209
群数	151, 154

け

ゲノムアライメント	257
ゲノムインデックスデータの作成.....	75
ゲノムサイズが小さい生物種	84
原核生物のサンプル.....	27
検出性能.....	38

こ

公共 RNA-Seq データを用いたメタ解析	221
公共データの使用 (iDEP)	255
構成細胞種の予測 (バルク RNA-Seq)	219
高変動遺伝子のプロファイリング (iDEP)	261
国際塩基配列データベース.....	276
国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ セン ター	276
コンタミ.....	75
コンティグ.....	128, 192
コンティグにおける CDS・アミノ酸配列予 測	140
コンティグ (インデックスの作成)	138
コンティグ作成 (<i>de novo</i> アセンブリ)	135
コンティグ数.....	137
コンティグの発現定量.....	138
コンテナ (Docker).....	17

さ

再解析 (RNA-Seq データ)	221
再現性 (Replicate 間)	38, 260
最小アミノ酸配列長指定 (TransDecoder)	143
細胞種特異的遺伝子.....	263
細胞タイプ (Metascape)	179
細胞バーコード法	217
サブセット間の関連遺伝子群の検出....	269
参照ゲノム配列.....	57
サンプル間距離の計算方法	203
サンプルごとに正規化を行う解析手法 ...	98
サンプル採取地域.....	279
サンプル採取日	279
サンプルの分類.....	216

し

シークエンスデータ登録.....	33
シェルスクリプトによるくり返し....	57, 209
視覚化 (TCC-GUI)	157, 160
疾患との関連 (Metascape)	179
実行時間.....	124, 125
主成分得点のプロット	211
主成分分析→PCA.....	206, 263
主成分分析 (R による解析)	263
主成分分析 (TCC-GUI による解析)....	162
出版バイアス	249
上流制御分子	183
シングルセル RNA-Seq → scRNA-Seq	102, 183, 217
シングルセル RNA-Seq データの再解析	219
シングルセル遺伝子発現解析	217
シングルセルデータベース.....	219
シングルリード.....	31
真のアイソフォーム	64

す

スプライシングバリエント	33, 106
--------------------	---------

スプライシングバリエント解析..... 275

スプライシング前の未成熟な RNA..... 99

せ

正規化 (DEGES) 157

正規化 (edgeR) 113

正規化の評価 (TCC-GUI) 161

制限語彙..... 188

生物学的解釈 183, 191

生物種間対応表 189

生命科学系データベースアーカイブ 291

染色体上での分布の可視化..... 56

センス鎖 29

そ

総塩基数..... 32

増幅ノイズ 218

ソフトウェアのバージョン確認 292

た

ターミナル..... 14

第1・第2主成分のプロット (PCA) ... 210

ダイナミックレンジ..... 36

大量の RNA-Seq データ解析 64

多型情報..... 100

多細胞 RNA-Seq..... 254

多次元尺度構成法 263

探索的な解析 (TCC-GUI) 155, 159

タンパク質間相互作用にもとづく機能推定 (Metascape) 179

タンパク質ドメインの検索..... 148

タンパク質配列の予測..... 244

タンパク質をコードする遺伝子 258

断片化..... 28

ち

着目されていない遺伝子..... 251

重複 (RNA-Seq データ) 135

て

低クオリティ配列の除去..... 133

低発現域にある遺伝子発現..... 218

低発現遺伝子 33, 37, 218, 291

低発現遺伝子の足切り (iDEP) 260

低発現な転写産物 92

低品質 RNA..... 30

低品質領域の除去 72

定量化..... 97, 218

定量化 (Kallisto) 91

定量化 (Salmon) 89

定量化発現値データの登録 (GEA) 291

データ可視化 (ggplot2) 211

データキュレーション..... 224

データ結合 (paste) 194

データ公開手続き 292

データのクオリティ確認 58

データの前処理 (PCA) 209

データペア 230

データベースの明記 292

データリポジトリ..... 291

データ量 (総塩基数) 32

データ量のばらつきの調査 (iDEP) 260

転写因子の標的遺伝子..... 180

転写開始点..... 104

転写産物単位の発現量..... 66, 78, 98

転写産物長によるバイアス..... 106

転写産物配列単位のマッピングデータ... 77

転写制御..... 104

転写方向性情報..... 29

デンドログラム (Morpheus) 197

デンドログラム (R) 202

デンドログラム (Spotfire) 200

と

登録申請 (DDBJ) 284

トランスクリプトームデータの登録構成 277

トリミング..... 32, 133

な

生リードデータ..... 280

ね

ネットワーク図 (オントロジーの関連性) 178

の

ノイズ遺伝子の除外..... 267

ノンコーディング RNA..... 104

は

バージョン情報の出力..... 23, 292

バイアス補正 92

パイプ (|) 60

パイプライン (ikra) 227, 257

配列ファイルの作成 (DDBJ) 281

配列類似性検索..... 148

パスウェイ解析..... 189

パスウェイ解析 (iDEP) 263, 265, 267

パスウェイ解析 (IPA) 183

発現定量 (Kallisto) 138

発現データの正規化 (edgeR) 113

発現変動 (閾値) 231

発現変動遺伝子→ DEG 37, 116, 150, 151, 154, 188, 231, 264

発現変動遺伝子の描画 (MA plot) 117

発現変動遺伝子ランク 251

発現変動解析 (TCC-GUI) 157, 160

発現量算出 (転写産物/遺伝子単位) 78, 274

発現量データテーブルファイルの作成..... 79

発現量テーブルのダウンロード 256

発現量の単位..... 98

発現量のばらつきの可視化 (iDEP) 260

発現量比..... 243, 246

発現量比 (データペア単位) 230

発現量プロフィールの類似度比較	191
バッチエフェクト	230
バルク RNA-Seq	254
バルク RNA-Seq (scRNA-Seq との比較)	218
バルク RNA-Seq (構成細胞種の予測)	219
バルク遺伝子発現解析	217

ひ

ピアソン相関係数による距離測定 (R)	203
ヒートマップ (iDEP)	262, 266
ヒートマップ (Spotfire)	200
ヒートマップ (TCC-GUI)	162
必要なリード数	275
被覆率	61
ビブリオーム解析	249
非モデル生物	128, 236, 271
非モデル生物における機能アノテーション	146
標準化	216
微量 RNA サンプル	30
品質管理	55, 100
品質評価 (CAGE ライブラリ)	114

ふ

ファイル圧縮	48
フィルタリング (PCA)	209
ブートストラップ法	92
フォーマットチェック (DDBJ)	284
複数 FASTQ ファイル (Trinity)	142
複数サンプルによるメタ解析 (ikra)	230
フラグメント数	32
フローセル	31
プロモーター解析	104

へ

ペアエンド	31
ペアワイズ遺伝子発現量比較比較	260

平均シルエットスコア→ AS 値	156
並列実行数	73
並列処理	64
変動要因の抽出	269

ほ

ポジコン	100
ホモログ	148

ま

マイクロアレイ	36
マイナーな生物種	99
マッピング	60, 76
マッピング結果の可視化	60, 82
マッピング状況の確認 (STAR)	77
マッピングツール実行時間の比較	124
マッピングデータ (転写産物配列単位)	77
マルチスレッド	64
マルチプレックス解析	33
マルチマップ	92, 97

み

短いペプチド配列予測 (TransDecoder)	143
---------------------------	-----

め

メタ解析	221, 251
メタ解析結果を使ったエンリッチメント解析	234
メタデータ (DRA 登録)	280
メタデータ (GEO)	41
メタデータのダウンロード (SRA Run Selector)	225, 239

や

薬剤反応遺伝子	263
---------	-----

ゆ

融合遺伝子	99
-------	----

ら

ライブラリ	31
ライブラリ調製方法の選択	31

り

リード	32
リードカウント	61, 62, 97
リード数	275
リード長	32
リードペア数	32
リード本数	32
リダイレクト	193
リファレンスゲノム	71
リファレンストランスクリプトーム	99
リファレンスのプロテオーム配列	147

る

類似度比較 (サンプル間)	191
累積寄与率 (PCA)	211

れ

列の抽出 (awk)	193
レビューアクセス (GEA)	289, 291

わ

ワークフロー (機能アノテーション)	146
ワイルドカード (*)	194, 209