

索引

記号・数字

10x Genomics.....	174
1 細胞解析.....	27
1 細胞摂動モデリング.....	183
1 細胞糖鎖・RNA シークエンス.....	78
1 細胞プールCRISPR スクリーニング.....	183
1 層抽出系.....	98
5' CRISPR.....	45
6-His タグ.....	277
Δ SET.....	252

A

ACSS2.....	260
Adaptive sampling.....	107
ADT.....	185
AlphaFold.....	249
AlphaMissense.....	249
Anaconda.....	141
APC/C.....	252
API.....	15
APOE4.....	271
application programing interface.....	15
ARC.....	152
ArchR.....	154
ATAC-Seq.....	138, 281
ATAC-Seq 法.....	29
Augur.....	185

B

base call.....	25
BCAA.....	259
Bioconductor.....	20, 226
biological big data.....	270
biological replicates.....	97
BioModels.....	238
Bligh & Dyer 法.....	98, 277
BSA.....	277
bulk RNA-Seq.....	137

C

C/EBP α	254
CAF.....	262
Capture Hi-C.....	119
CBP.....	255
CCAAT-enhancer binding protein α	254
CD90.....	279
CDS.....	64, 216
CE.....	204
CE-ESI-MS.....	236
CE-MS.....	262
CE-MS 法.....	87
CE-MS メタボローム解析.....	86
CE-TOFMS 法.....	89
Cell Ranger.....	140, 152
Cell Ranger ATAC.....	152
CentPGS.....	271
ChatGPT.....	20
ChIA-PET.....	281
ChIP-Atlas.....	244
ChIP-Seq.....	250, 253, 254, 260
ChIP-Seq 法.....	28
chromVAR.....	156
Cicero.....	155
CID.....	104
CITE-Seq.....	44, 138
Claude.....	20
Colaboratory.....	19
CosMx.....	38
CRAN.....	226
CRISPR/Cas.....	42
CROP-Seq.....	183
CTC.....	80
Cufflinks.....	236
Cumulus.....	152
CustardPy.....	119
CUT & Tag.....	281

D

DAR.....	154
DDA.....	68, 103, 205, 236
DDBJ.....	174
de novo アセンブリ.....	107
DeepLift.....	155
DIA.....	68, 73, 103, 205, 236
DIA-NN.....	74
DIAmpireSE.....	74
differentially accesible region.....	154
Direct capture 配列.....	45
DIW window 幅.....	73
DNA 損傷.....	246
DNA バーコード.....	78, 280
Docker.....	19, 238
Docker イメージ.....	121
DREG_DYN.....	165
DRF.....	133
dTAD.....	133
dT オリゴ.....	38

E

ECCITE-Seq.....	185
eggNOG.....	219
ELBO.....	162
EM-Seq.....	27
ERR- γ	244
extraction blank.....	97

F

FACS.....	278, 281
fastp.....	213
FASTQ.....	175
FASTQ 形式.....	119
FASTQ ファイル.....	140
featureCounts.....	217, 218
FF.....	37
FFPE.....	32, 37
FFPE 検体.....	176
FitHiChIP.....	281

fluorescence-activated cell sorting.....	278
Folch 法.....	98
fold change.....	208
FPKM.....	217
Fragpipe.....	74

■ G

G6PC.....	238
GC.....	204
GC/MS 法.....	87
Gene Expression Omnibus.....	153
gene ontology 解析.....	254
Genome Taxonomy Database.....	214
GEO.....	125, 153
ggplot.....	20
GitHub.....	238
GoPeak.....	281
GPU.....	19
GPU 演算.....	119
gRNA.....	185
GST タグ.....	277
GTDB.....	214
GWAS.....	243, 270

■ H

H3K27ac.....	253
H3K4me3.....	253
h5ad 形式.....	142
HDAC3.....	252
HE 染色画像.....	176
Hi-C.....	118
HiChIP.....	281
HiCHIP.....	280
HIF-1 α	259
HILIC.....	267
HOMER ソフトウェア.....	281
Htra3 遺伝子.....	246

■ I

IGFBP7.....	246
internal standard.....	98
internal standard blank.....	97
InterPro.....	219
IS.....	98
isoalloLCA.....	273
iTRAQ.....	68

■ J

JASPAR.....	156
JSS.....	275
Jupyter Lab.....	141

■ K

Kawasaki Wellbeing and Aging Project.....	271
KAWP.....	271
KEGG.....	19, 219
KO.....	219
Kofam.....	219
KofamScan.....	220
Kozak 配列.....	277
Kraken2.....	214

■ L

LC.....	204
LC-MS.....	277
LC-MS/MS.....	66, 95, 236
LC-MS 法.....	87
leiden アルゴリズム.....	146
Linux.....	141
Lipidomics Standards Initiative.....	96
LLM.....	20
LMA.....	77
Loupe Browser.....	177
Loupe ブラウザ.....	153
LOWESS.....	169
LSI.....	96

■ M

MACS.....	278
MAG.....	211
magnetic cell sorting.....	278
MALDI.....	262
MALDI-TOF MS.....	277
MALDI- イメージング.....	266
MATLAB.....	238
matplotlib.....	20
maximum injection time.....	73
MaxIT.....	73
MCMC.....	238
MEGAHIT.....	216
Merscope.....	38
MetaboAnalyst.....	209
MetaCyc.....	219
metagenome assembled genome.....	211

MetaPhlAn4.....	214
Micro-C.....	119
Micro-Capture-C.....	119
Mixscape.....	184, 185
mmVelo.....	162
Monocle3.....	155
mRNA.....	174
MS-DIAL.....	105, 206
MS1 情報.....	102
MS2 情報.....	102
MSFragger.....	74
muon.....	147, 151
MYC.....	92

■ N

Nanopore.....	33
NCoR.....	252
NGS.....	24, 66
NMDG.....	278
NMF.....	225
NMR.....	87

■ O

OLINK.....	272
OMELET.....	237

■ P

p-Profiler.....	74
p53 シグナル.....	246
padlock プローブ.....	179
PC.....	240
PCA.....	74, 145
PCR.....	78
PeakVI.....	154
PEI.....	277
PEPCK.....	240
peroxisome proliferator-activated receptor γ	254
Perseus.....	74
Pertpy.....	184
Perturb-Seq.....	43, 183
PGC-1 α	92
phase transfer surfactant.....	71
phosphoenolpyruvate carboxykinase.....	240
PK.....	240
postGWAS 解析.....	271
PPAR γ	254

PRM.....	68
procedure blank.....	97
Prodigal.....	216
PRS.....	243, 270
PRTB.....	190
pseudo-MRM.....	68
pseudotime analysis.....	155
PTS.....	71
pycisTopic.....	154
pyruvate carboxylase.....	240
pyruvate kinase.....	240
Python.....	140, 184
p 値.....	207

■ Q

Q-Orbitrap.....	204
Q-TOF.....	204
QC.....	97, 151
QC 基準.....	17, 144
qPCR.....	276
QqFT.....	68
QqQ.....	204
QqTOF.....	68
QTOF.....	102
Quality control.....	143

■ R

RamDA-Seq.....	80
Reactome.....	19
Ribo-Calibration.....	65
Ribo-Seq.....	49
Ribo-Zero.....	32
RNA velocity.....	161
RNA velocity 解析.....	280
RNA-Seq.....	18, 49
RNase 除去剤.....	83
RNA 発現.....	147
R 言語.....	184

■ S

s/MRM.....	68
S/N 比.....	151
SBML.....	238
Scanpy.....	140, 163
scATAC-Seq.....	42, 147, 150
scCRISPR.....	43
scFlex.....	34
scGR-Seq.....	14, 78

scifi-ATAC-Seq.....	151
scMultiome.....	34
scMultiome 解析.....	152
scRNA-Seq.....	42, 137, 272, 280
scVI-tools.....	154
SDS.....	70
SEACR.....	281
SENIC +.....	154
seqkit.....	217
SETD5.....	252
Seurat.....	140, 154, 155, 177, 184
sgRNA-specific バーコード.....	44
Signac.....	154, 156
SingleM.....	214
Singularity イメージ.....	121
Slide-Seq.....	45
SMART-Seq.....	138
SMRT シークエンス.....	107
SnapATAC2.....	154
SNP.....	243
snRNA-Seq.....	280
Space Ranger.....	175
Squidpy.....	180
SRM.....	205
Stereo-Seq.....	37
STREAM.....	155
Subread.....	218

■ T

T2T consortium.....	107
TAD 間相互作用.....	133
TCA 回路.....	238
TFEB.....	92
The Japanese Semi- supercentenarian Study.....	275
Thor.....	64
THY1.....	279
TIC.....	97
TMT.....	68
Tn5 トランスポザーゼ.....	150
ToMMo.....	271
TopHat.....	236
TPM.....	217
trajectory inference.....	155
tripleQ.....	102
trypsin 消化.....	73
tSNE.....	155

■ U

UMAP.....	155, 167, 186
UMI.....	64, 151
unique molecular identifier.....	64
UNMF.....	225

■ V

VAE エンコーダー.....	162
Visium.....	37, 174, 245
Visium HD.....	35, 174
Volcano プロット.....	74, 207

■ W

wave plot.....	158
weighted gene co-expression network analysis.....	245
WGBS 法.....	27
WGCNA.....	245

■ X

Xenium.....	38, 179
Xenium Analyzer.....	179
Xenium Explorer.....	179

■ あ

アダプター配列.....	151
アデノ随伴ウイルスベクター.....	247
アニオン分析.....	265
アノマー異性体.....	77
アフィニティー精製.....	69
アミンカップリング.....	78
アルツハイマー型認知症.....	271

■ い

イオン化効率.....	97
イオンサプレッション.....	87
鋳型非依存的.....	77
異常増幅.....	64
位置バーコード付きオリゴ.....	174
遺伝子アノテーションファイル.....	123
遺伝子機能組成推定.....	219
遺伝要因.....	243
インシュレーションスコア.....	132, 133

■ う

牛血清アルブミン.....	277
---------------	-----

■ え

液性因子	280
液体クロマトグラフィー	204
液体クロマトグラフィー-連結タンデム 質量分析計	66
エピゲノム	14
エピゲノム酵素複合体	255
エピゲノム時計	274
エピゲノム修飾	27
エピゲノム情報	150
エピゲノム情報データベース	244
エピゲノム制御因子	251
エピジェネティクス	16
エピジェネティック	262
エピジェネティック解析	280
エマルジョンベース	138
遠位エンハンサー	158
炎症	245
エンハンサー-プロモーター相互作用	281
エンハンサー領域	169
エンリッチメント解析	206, 232

■ お

汚染	83
オッズ比	271
オミクス	18
オミクスデータ	10
オリゴDNA配列	78
オルガネラ	16

■ か

介護診療報酬明細書	274
解析ツールの知識	19
階層クラスタリング	74
解糖系	92, 259
界面活性剤	71
カウントマトリクス	177
核内受容体コプレッサー	252
隠れマルコフモデル	220
ガスクロマトグラフィー	204
仮説駆動型研究	10
カチオン分析	264
カバレッジ	151
カルシウムハンドリング	244
がん	16
がん幹細胞	85, 259
がん関連線維芽細胞	262

環境要因	243
患者固有モデリング	15
冠動脈	245
がん微小環境	16

■ き

機械学習	246
擬時間解析	155
軌跡推論	155
逆相系	101
逆多重化	151
逆転写	280
キャピラリー	87
キャピラリー電気泳動	204
キャピラリー電気泳動法	262
急性スライス標本	278
共局在解析	254
教師あり学習	249
共免疫沈降	254
行列分解	225
拒否リスト	153
近位依存的標識法	69

■ く

空間トランスクリプトーム解析	37, 44, 245
空間バーコード	37
クオリティーコントロール	97
クオリティフィルタリング	213
グライコム	14
クラスタリング	153
グリア細胞	279
クリックケミストリー	78
グルコース	235
グルコース飢餓	74
クロマチン情報	147
クロマチン接近可能性	281
クロマチン免疫沈降シークエンス	250

■ け

計画行列	229
蛍光標識	279
系統組成推定	214
系統バイアス	211
血漿	89
血漿プロテオームデータ	246
血中循環腫瘍細胞	80, 85

血糖値	235
ゲノム	14
ゲノムテーブル	123
ゲノムワイド関連解析	243, 270

■ こ

後期促進複合体/サイクローム	252
公共データベース	15
高次元データ	145
合成ペプチド	74
構造アノテーション	98
構造異常	116
構造決定	206
構造多様性	95
抗体由来タグ	185
高変動性遺伝子	145
混合正規分布モデル	185
コンタクト行列	119, 128
コンタクトマップ	281
コントロールDNA	24
コンパートメントPC1	133
コンパートメント構造	130
コンビナトリアル手法	151

■ さ

最適DIA windowサイズ	73
細胞間情報伝達	280
細胞間相互作用	280
細胞懸濁液	278
細胞状態	162
細胞抽出液	51
細胞不均一性	258
細胞分化	250
細胞分散	278
細胞ライセート	276
差次の発現解析	186
作用機序	184
サリエンシーマップ	155
酸素要求量	278
三大栄養素	95
サンプリング戦略	260
サンプル調製	96
三連四重極型	102, 204

■ し

時空間情報	14
軸索	278
時系列解析	255

刺激 THP-1 細胞	185	心臓リモデリング	245	代謝物混合物	204
次元圧縮	153	心不全増悪因子	247	代謝物プロファイル	260
事後分布	237	心房細動	243	代謝フラックス	235
脂質	95	■ す		代謝リプログラミング	92
脂質代謝酵素	278	スーパーコンピューター	141	代償型心筋	246
シス制御因子	155	スーパーセンチナリアン	272	対数周辺尤度	228
次世代シーケンサー	24, 66	ストレス応答	51	ダイナミックレンジ	97
次世代シーケンス	106	スパース行列	151	ダウンサンプリング	217
事前計測	97	スパイクイン DNA	24	タグメンテーション	151
事前分布	237	スプライシング	280	脱抑制	252
失活	88	スプライシング異常	116	多変量正規分布	237
疾患感受性座位	243	スペルミジン	267	短鎖型シーケンサー	25
質量分析	276	■ セ		タンDEM 質量分析	102
質量分析計性能評価	74	生活習慣病	16	タンパク質安定性	255
質量レンジ	73	正規化	144, 188	タンパク質発現	147
脂肪細胞	250	生体膜	95	■ ち	
修飾ヒストン	252	生物学的知識	19	中間出力ファイル	127
重水素ラベル体	98	生物学的レプリケート	189	抽出法	88
終末状態推定	168	絶対定量	65	中心化	192
樹状突起	278	接着因子	280	長鎖型シーケンサー	26
主成分分析	119, 145	摂動応答	184	長寿 GWAS メタ解析	271
寿命遺伝率解析	270	摂動シグネチャ	190	長寿関連因子	270
腫瘍微小環境	261	セリンプロテアーゼ	246	腸内細菌	273
循環器疾患	15	セルセグメンテーション	182	■ て	
順相系	101	セルソーター	138	ディープニューラルネットワーク	225
衝突誘起解離	104	セレンディビティ	16	低酸素状態	278
小児白血病	109	全イオンクロマトグラム	97	低発現タンパク質検出	68
常微分方程式モデル	238	線維化	245	定量 PCR 法	205
情報解析スキル	19	線維芽細胞	16	データ解析環境	19
ショートリードシーケンス	106	線形モデル	228	データ可視化	74
ショットガンプロテオミクス	67	全国超百寿者研究	274	データ駆動型研究	10
ショットガン分析	236	全細胞抽出物	74	デブリ	278
ショットガン法	70	選択反応	205	デマルチプレクシング	151
シングルセル CRISPR 解析	43	■ そ		デュアルセクション	46
シングルセル RNA-Seq	42, 280	相互作用	184	電気生理実験	278
シングルセル RNA-Seq 解析	245	相互作用タンパク質	250	転写因子結合モチーフ	153
シングルセル RNA シークエンシング	137	増幅バイアス	211	転写開始点	252
シングルセルオミクス	14	■ た		■ と	
シングルセル解析	183	ターゲットプロテオミクス	68	同位体標識実験	235
シングルセルトランスクリプトーム解 析	37	ターゲットリビドミクス	95	糖鎖	77
神経細胞	278	大規模言語モデル	20	糖鎖プロファイル	77
神経細胞単離法	280	代謝	204	同重体タグ	68
神経変性疾患	16	代謝機転	277	糖新生	238
新鮮凍結	37	代謝パスウェイ	206, 209	糖尿病	15
深層学習	19				
深層学習モデル	155				

東北メディカルメガバンク機構.....	271
特徴量.....	154
ドットプロット.....	147
トップダウンプロテオミクス.....	67
トライアングルプロット.....	130
トライアングルレシオプロット.....	134
トラジェクトリー解析.....	15
トランスオミクス.....	13
トランスクリプトミクス.....	272
ドロップレット型 scGR-Seq.....	80
ドロップレット手法.....	151

■ な

内部標準.....	88, 98
内部標準ペプチド.....	68
ナノポアシーケンス.....	107

■ に

尿.....	89
--------	----

■ ね

熱安定性プロファイリング.....	69
-------------------	----

■ の

脳組織.....	276
ノンターゲットプロテオミクス.....	68
ノンターゲットリビドミクス.....	15, 95

■ は

バイアス.....	144
バイオセーフティキャビネット.....	83
バイオリンプロット.....	147
培養細胞.....	89
配列類似性検索.....	219
バルク.....	14
バルク CRISPR スクリーニング.....	42
バルク RNA シーケンシング.....	137
半減期解析.....	69
反応速度.....	15
反応速度論.....	237

■ ひ

ピークコール.....	152, 281
ヒートマップ.....	147, 229
光切断リンカー.....	78
非コード領域.....	106
微細ウェルベース.....	138
ヒストンアセチル化酵素.....	255

ヒストン修飾.....	28
ヒストン脱アセチル化酵素 3.....	252
ヒストンメチル化.....	252
ヒト iPS 細胞.....	244
ヒト心不全患者.....	246
ビベッティング.....	278
肥満.....	235
百寿者.....	271
百寿者ポリジェニックスコア.....	271
百寿者予備群.....	275
標準化合物.....	206
標準試料.....	74, 97
病理組織由来細胞.....	280
ピルビン酸サイクル.....	238
品質管理.....	151

■ ふ

フィードバック機構.....	13
フィッシャーの正確確率検定.....	232
フェノタイプ.....	23
不活性ガス.....	104
不均一性.....	150
複数モダリティ.....	161
不整脈疾患.....	243
不全型心筋.....	246
双子研究.....	270
ブリカーサーイオンスペクトル.....	68
プレート型 scGR-Seq.....	78
プレートベース.....	138
プロダクトイオンスペクトル.....	68, 205
プロテオミクス.....	272
プロモーター.....	252
分岐鎖アミノ酸.....	259
分子間相互作用ネットワーク.....	246
分子指紋.....	184
分子バーコード.....	151
分析手法.....	17
分泌性因子.....	246
糞便.....	88

■ へ

平滑化カウント.....	162
ベイズ理論.....	237

■ ほ

ポリジェニック・リスクスコア.....	243
ポリジェニックリスクスコア.....	270
ホルマリン固定.....	38

ホルマリン固定パラフィン.....	32
ホワイトリスト.....	151
翻訳伸長阻害剤.....	51
翻訳伸長反応.....	64

■ ま

マイクロアレイ法.....	205
マイクロスライサー.....	278
マイクロ流路.....	80, 137, 151, 280
マウス圧負荷心不全モデル.....	246
マトリクス支援レーザー脱離イオン化 法.....	262
マトリックス効果.....	97
マルチオミクス.....	17
マルチオミクス解析パッケージ.....	210
マルチオミクス研究.....	10
マルチプレックス化.....	25
マルチプレックス定量プロテオーム解 析.....	68
マルチモーダル解析.....	137
マルチモーダルデータ.....	147

■ み

ミクログリア.....	281
ミトコンドリア遺伝子.....	143
ミトコンドリア代謝.....	247

■ め

メカノセンシング遺伝子群.....	245
メタゲノム解析.....	211
メタデータ.....	177
メタボローム.....	15
メタボローム解析.....	204
メタボロミクス解析.....	273
メチル化異常.....	116
免疫細胞.....	16

■ も

目的.....	17
モダリティ.....	224
モチーフエンリッチメント解析.....	281
モチーフ解析.....	254
モチーフ情報.....	155
モデル開発.....	241

■ や

薬理団.....	184
----------	-----

■ ゆ

尤度.....	237
ユビキチン-プロテアソーム経路.....	255

■ よ

予測.....	155
四重極-オービトラップ型.....	204
四重極-飛行時間型.....	102, 204
四重極オービトラップ質量分析計.....	266

■ ら

ラベルフリー.....	74
-------------	----

■ り

リアルワールドデータ.....	270
リード深度.....	25
立体構造変動.....	134
リビート伸長病.....	109
リビドーム.....	15, 95
リビドミクス.....	95, 206
リファレンスゲノム.....	176
リボクオリティ.....	95
リボソームフットプリント.....	50
リボソームプロファイリング法.....	49

■ れ

レクチン.....	78
レクチンマイクロアレイ.....	77
レジリエンス.....	272
レセプトデータ.....	274
レトロウイルス.....	252
レバトア解析.....	272
連鎖解析.....	270
レンチウイルス.....	277

■ ろ

老化.....	16
ロングリード.....	211
ロングリードシーケンシング.....	107

■ わ

ワールブルグ効果.....	92
---------------	----