

索引

記号・数字

16S rRNA アンブリコン配列解析70, 102

A

A/B コンパートメント125
AFM (atomic force microscope)210
Anaconda229
AnnData147
assembly-stats29
ASV (amplicon sequence variant)104

B

Bandage95
blobplot34
Bowtie275
BUSCO (benchmarking universal
single-copy orthologs)23, 27
bwa34

C

CellMarker 2.0160
ChatGPT228
CheckM298
ChIP (クロマチン免疫沈降) -seq108, 302
Circos236
Clusters of Orthologous Groups235
ComplexHeatmap262
contact probability139
CRISPR リピート領域235

D

DADA2105
Data-dependent analysis (DDA) 法169
Data-independent analysis (DIA) 法169
DEG (differentially expressed genes) 解析
.....48, 329
DESeq329
DFAST102
DIA-NN169
DNA 分解酵素119

E

eggNOG88
eggNOG-mapper88
Elicit227

F

FastQC77
FLASH76

G

GC skew234
GC 含量23, 234
GeF-seq118
gene set enrichment analysis162
GENOVA127
ggplot282
ggtree101
GO term51
GO エンリッチメント解析50
GO コンソーシアム51
GraPhlAn291
GSEA162
GTDB-Tk99
gVolante27
Gwyddion212

H

HEOCA153
Hi-C124
Hi-C コンタクトマップ128
Hierarchical clustering178
hifiasm-meta92
HiFi リード71
Human CellAtlas160
human endodermorganoid cell atlas153

I

ID mapping53
Igor Pro212
ImageJ212
insulation score134

J

jPOST180

K

Kaiju81
k-mer78

M

MAG (metagenome-assembled genome)	96
MA プロット	328
MEME	120
metaSPAdes	92
MIMAG	98
Miniconda	229
MonaGO	67
MountainsSPIP	212

N

N50	23
NIS.ai	191
NIS-Elements	191
NIS-Elements AR	195
NMDS	85
Nonpareil	78
NotebookLM	225

O

OTU (operational taxonomic unit)	104
----------------------------------	-----

P

PCA	177, 272
Perseus	166, 173
PhiX リード除去	75
PhyloPhlAn 3.0	291
principal component analysis	177
PRINSEQ++	76
Prodigal	88

Q

QIIME 2	103
quality control	72, 146

R

Revigo	67
--------	----

S

samtools	34, 97
scPoli	156
scRNA-seq	262, 312
Scrublet	148
SeqKit	24, 77
SILVA	103

T

TAD	125
The HumanProtein Atlas	167
tidyverse	82
tip convolution effects	213
Trim Galore	75
t-SNE	312

U

UMAP	189, 313
UMAP 埋め込み	146

V

vegan	86
viridis	269
Volcano プロット	328

W

WikiPathways	162
--------------	-----

あ

アダプター除去	75
アフィニティー精製	109
アンプリコン解析 → 16S rRNA アンプリコン配列解析	

い

イデオグラム	239
--------	-----

う

ウィンドウサイズ	114
----------	-----

お

大津の二値化	193
オルガノイド	144

か

カスタムプロンプト	229
カバレッジ	23
カバレッジ計算	34
環状ゲノムマップ	234

き

機能アノテーション	88
-----------	----

く

空間トランスクリプトーム解析	312
クオリティコントロール	72, 146
クラスタリング	146
クロマチン免疫沈降 (ChIP) -seq	108, 302
群集構造解析	81

け

形態解析	195
形態学的特徴	190
ゲノムアセンブリ	92
ゲノム統計値	24
ゲノム評価	23
ゲノムブラウザ	304
原子間力顕微鏡	210

こ

コヒーシオン	125
--------	-----

コンセンサス配列	117
コンタミネーション	98
コンテイング	23, 92, 235

さ

再構成損失	156
細胞核	190
差次的発現遺伝子 (DEG) 解析	48, 329
サドルプロット	132

し

次元圧縮	146
次元削減手法	272
主成分分析 (PCA)	177, 272
ショートリード	113
ショートリードシーケンサー	71
シングルセル RNA-seq	262, 312
シングルセルトランスクリプトーム解析	143

す

スキャッタープロット	242
------------------	-----

せ

正規化	146
生成 AI	224

そ

臓器アトラス	145
--------------	-----

た

タイルプロット	243
ダブルチップ	213

ち

注釈付き系統樹	291
---------------	-----

て

低クオリティ領域	75
低複雑度領域	75
テキストプロット	243
デジタルステイニング	189, 190
テックスプロット	240
転写因子	302

と

ドットプロット	57
ドラフトゲノム	23
トランスクリプトーム	41

ね

ネットワーク	63
--------------	----

の

ノイズ除去	214
-------------	-----

は

ハイトライトプロット	241
バックグラウンド減算	214
バックグラウンドノイズ	118
バブルプロット	60
ハルシネーション	225, 232

ひ

ピーク	112
ChIP-seq の——	
ピーク解析	303
ChIP-seq の——	
ヒートマップ	242, 262
非計量多次元尺度構成法	85
ヒストグラム	242
ヒストン修飾	302
微生物叢	69
ビンニング	96

ふ

フェレ径	198
負の二項分布	156
分散寄与率	278

へ

ペアエンドリード	71
----------------	----

ま

マルチモーダル AI	224
------------------	-----

め

メタゲノム解析	70
---------------	----

ゆ

ユニバーサルカラーデザイン	269
---------------------	-----

ら

ラインプロット	241
---------------	-----

り

リードカバレッジ	235
リファレンス埋め込み	145
リファレンスゲノム	119
リファレンスデータ	153
リボソーム RNA	112
リンクプロット	241

れ

連結配列	23
------------	----

ろ

ロングリードシーケンサー	71
--------------------	----