

A~D

Arachne	56
Atlas	56
AUGUSTUS	86
BIOBASE	170
BioTermNet	198
BLAT	74, 92
BLAST	73, 78, 106
BLASTN	119
CAMERA	40
CCDS	91
CEAS	159
Celera	56
CELLO	144
Cell Designer	171
Cell Illustrator	172
CLUSTAL W	122
CMfinder	125
Conrad	87
CONTRAFold	123
CONTRAST	87
COPASI	171
DAS	26
DAVID	160
DEQOR	109
DIGIT	87
dsCheck	107
Dynalign	123

E~G

E-Cell	171
eF-seek	129
eF-site	129
ENCODE	44, 80, 92
Ensembl	25, 91
Euler	56
EvoFold	124
FANTOM	93
FOLDALIGN	123
frnAdb	118
g:Profiler	160
Galaxy	159
GBFR (UCSC GenomeBrowser for Functional RNA)	116
Gbrowse	26
GEO	39
GENA	196
GeneZilla	86
GENSCAN	86
Gepasi	171
Ginger	210
GIOVE	212
GMAP	86
GOLD	24

H~K

HapMap	44
H-InvDB	90
IGB	159
IMG/M	40
Infernal	124
JAZZ	56
JDesigner	171
JIGSAW	87
KEGG	170, 176

L~N

LipidBase	190
LipidSearch	190
LocARNA	123
LOCATE	144
Los Alamos HIV Sequence Database	109
MARNA	123
MassBank	190
McCaskill-MEA	122
MeV	160
MEME	81
mfold	123
miRAlign	88
MiRscan	87
miRseeker	87
MPSS	99
MultiLoc	144
Murlet	123
MUSCLE	122
MXSCARNA	123
NCBI	91
Noncoding RNA database	113
N-SCAN	87

O~R

OmicsBrowse	26
PCAP-RE	56
PHMMTS	124
Phrap	56
PHUSION	56
PMcomp	123
PRIME	190
PROBCONS	122
proGENA	196
ProMiR	88
Proteome Analyst	142
PSORT II	141
pTARGET	144
PURE	201
QRNA	114
RAMEN	56, 65
RePS	56

RNAz	88, 114, 124
RNAalifold	122
RNAfold	123
RNAforester	123
RNAmine	125
RESEARCH	124

S

SBW	171
SCARNA	123
Sfold	123
SHARCGS	56
siDirect	106
siRecords	107
siRNAdb	107
siVirus	109
SOAP	145
SPALN	86
srnaloop	87
stem kernel	124
StrAI	122
Swiss-Prot	141

T~Y

Trace Archive	39
TRANSFAC	135
TWINSKAN	87
UCSC Genome Browser	25, 43, 92, 113, 159
UniME	40
UTGB	28
Virtual Cell	171
Weeder	81
WoLF PSORT	141
xMAN	159
Yeast Gene Order Browser (YGOB)	47

一覧表

KEGGのデータベース	177
SAGE関連のデータベース	97
siRNA設計のためのウェブツール	107
エピゲノム解析に用いられるソフトウェア	160
主な局在部位データベース	143
完全長cDNAデータベース	94
機能部位の予測を行うwebサーバーと関連データベース	131
ゲノム配列のマルチプルアラインメントツール	79
コード遺伝子の発見プログラム	87
非コード遺伝子の発見プログラム	88
モチーフ抽出ツール	82

数字

2 ベースエンコーディング法	71
5' end-SOLiD	102
5' SAGE	99
1,000ドルゲノムプロジェクト	67

和文

あ

アイソフォーム	142
アセンブリの品質評価	64
穴あきシード	75
アノテーション	90, 92, 142
アミノ酸残基・塩基相互作用	135
アミノ酸組成	141
アラインメント	77
アラインメント問題	73
アラキドン酸	180
アンカー抽出	78
アンチセンス	113
異常スプライシング	89
位置特異的重み行列	135
位置特異的スコア行列	81
遺伝子重複	85
遺伝子制御	169
遺伝子ネットワーク	210
遺伝子の発見	80, 84
遺伝子発現	96
遺伝的アルゴリズム	210
遺伝的多様性	32
遺伝的プログラミング	210
動く遺伝子	218
ウルトラコンティグ	64
エクソンシャフリング	207
エビゲノム	155
エビジェネティクス	101, 155, 162
エマルジョンPCR	71
オーソログ	179
オーダーメイド医療実現化プロジェクト	22
オーバーラップ	58
オフターゲット効果	104
重み行列	135
オンデマンド	186
オントロジー	175

か

カイコ	208
開裂スキーマ	192

過学習	142
確率文脈自由文法	122
確率モデル	201
隠れマルコフモデル	141
仮説生成	195, 198
活性汚泥	220
完成クローン	65
間接認識	137
完全長cDNA	20, 90
機械学習	23, 141, 202
基質結合部位の予測法	127
機能性RNA	121
機能性RNAデータベース	112
機能制御シグナル	77
機能的miRNA	23
機能分担	47
機能用語	196
ギブスサンプリング	81
キメラクローン	63
逆遺伝子消失	45
協調フィルタリング	202
共通祖先由来	35
共通二次構造	122
協同性	137
局在化シグナル	140
局在シグナル	141
局在部位情報のデータベース	143
局在予測プログラム	142
局所大域的ゲノム配列アラインメント	78
局所的精度指標	65
局所マルチプルアラインメント	80
近縁複数全ゲノム配列比較	216
区間マッピング	49
組換え価	50
組換えホットスポット	34, 35
組換え率	35
クラスタリング	202
クレード	208
クローンカバー率	56
クロマチン免疫沈降	163
下水処理	220
血管内皮細胞	173
結合自由エネルギー変化	135
ゲノムアセンブラ	56
ゲノムアセンブラの原理	56
ゲノム再編	47, 79, 216
ゲノム再編成	47, 79
ゲノム進化	43, 216
ゲノム配列	24, 179
ゲノム比較法	84
ゲノムブラウザー	24, 113
ゲノムワイド関連解析	32
原子の空間配置	128
語彙的曖昧性	196
交差検定	143
構造アラインメント	123
構造ゲノムプロジェクト	127
高速シーケンサー	37
抗メチル化シトシン抗体	149, 151, 165
国際HapMapプロジェクト	20, 69
コンセンサス配列	135
コンタクトポテンシャル	136
コンティグ	56
コンティグギャップ	62
コンティグの接続	64
コンテンツベースフィルタリング	202

さ

細菌叢	37
最近傍法	141
再現率	205
再シーケンシング	69
最小自由エネルギー	122
最長上昇部分文字列 (longest increasing subsequence) 法	79
細胞内局在予測問題	140
最尤推定法	51
サポートベクターマシン	124
シーケンシングエラー	62
シーケンシス	94
シード	59
シード検索法	79
シグナル伝達	170
シグナルペプチド	141
シスアラインメント	86
システム生物学	169
次世代シーケンサー	101
自然選択	35
質的形質	49
質量分析	189
脂肪酸合成	176
シミュレーション	170
自由エネルギー	88
自由エネルギー最小化	121
重複遺伝子	45
種分化	85
浄化選択圧	35
情報抽出	196, 197
進化計算	210
新型シーケンサー	65

進化的保存領域	36
シンテニー	47
シンテニー領域	78, 85, 87, 114
スーパーコンティグ	62
スキヤップフォード	62
スペクトル検索	193
正規化	183
制限酵素	216
制限酵素修飾酵素遺伝子対	218
接尾辞	79
全ゲノム重複	44
全ゲノムショットガン法	55, 56
潜在知識発見	198
潜在的知識の発見	195
選択的スプライシング	22, 90
選択的スプライシングバリエント	92
全長cDNA	71
ソーティングシグナル	140
相互作用ネットワーク	131, 179
相互作用部位	135
相同性検索プログラム	91
組織特異的遺伝子	36
祖先染色体	48
た	
ターゲット予測	135
大域的精度指標	64
大規模ゲノム多型	216
対数尤度	51
タイリングアレイ	113, 147, 151, 158, 163
タグSNP	33, 34
タンパク質・DNA複合体構造	135
タンパク質遺伝子の <i>de novo</i> 予測手法	114
タンパク質間相互作用	131
タンパク質の局在部位の予測	23
チェイニング	79
超高速DNA解読装置	21
腸内細菌叢	38
超並列計算機	21
直接認識	137
データ同化	175
データベース	183, 201
適合率	205
デュアルゲノム比較法	87
転移因子	207
電荷分布	134
電子スプレーイオン化質量分析	190
転写因子	133
転写産物依存法	84

転写制御ネットワーク	139
転写物5'末端タグ	20
統計ポテンシャル	136
糖鎖修飾	213
糖タンパク質品質管理機構	214
動的計画 (DP) 法	78
糖転移酵素	180
ドッキング法	130
トラック	25, 113
トラックプログラム	28
ドラフトゲノム	55
トランスアラインメント	86
トランスクリプトーム	90, 99, 112
トランスポーズ	218
貪欲アルゴリズム	79
貪欲法	59

な

二次構造	121
二次構造モチーフ	124
ニューラル・ネットワーク	141
ヌクレオソーム	162
ネアンデルタール人のゲノム	69
能動学習	206

は

背景モデル	81
バイサルファイト・シークエンス法	151
バイサルファイト・ショットガン・シークエンス	153
バイサルファイト処理	151
ハイブリッド質量分析	190
配列カバー率	59
配列プロフィール	128
配列類似度	141
バスウェイ	170
バスウェイマップ	176
発現制御	133
ハッシュ法	78
ハプロタイプ	32
ハプロタイプタグSNP	34
ハプロタイプブロック	34
早見表	73
バラログ・クラスター	216
反復改善法	79
反復配列	59
反復配列境界	60
非コード機能的RNA	121
微生物	220
ヒトメタゲノムプロジェクト	38
微分方程式	170

フォールド	128, 218
不飽和脂肪酸	180
フラボノイド	182, 186
フラボノイドWiki	185
ブリッジ増幅法	72
フレームワーク	28
分散データベース	190
分散分析	54
分子表面	128, 129
分類器	141
ベースコーラー	58
ベアドエンド	68
ベイズの定理	202
ベトリネット	172
ポケット検出法	130
保存部位	77
ホモ接合性	35

ま

マイクロアレイ	148
マイクロバイオーム	38
マスマスペクトルデータベース	189
末端配列対	60
マルチプルアラインメント	77
マルチプルゲノム比較法	87
マルチプレックス・ゲノミックPCR	69
メイトペア	68
メダカゲノム	28
メタゲノム解析	37, 69, 221
メタゲノムデータベース	37
メタゲノムプロジェクト	20
メタデータ	39
メタボローム解析	189
メタボロームデータ	20
メチルCpG結合タンパク質	158
メチル化DNA免疫沈降法	147
メチル化感受性制限酵素	148, 150, 158
メチル化シトシン	147
免疫沈降法	71
モチーフ抽出ツール	81
モチーフ抽出問題	80
モデル化	172

ゆ

有限混合モデル	202
尤度	51

ら

ランキング	201
立体構造	127, 134
量的形質	49

量的形質遺伝子座 49
 類似性検索法 128
 累進法 79
 レクチン 214
 レコメンデーション 201
 連鎖不平衡 32

欧 文

A~D

ABI3700 67
 ABI3730 67
 ab initio法 84
 ABI社 67
 Affymetrix社 114, 164
 BioPAX 175
 Cell Illustrator Online 173
 ChIP-chip法 71
 ChIP-seq 71
 closed discovery 198
 covariance model 124
 CpG アイランド 165
 CSO 171
 CSML 171
 DNA 結合タンパク質 134
 DNA メチル化 162, 167
 DNA メチル化プロフィール 156
 D-REAM法 158
 druggable pocket 130

E~G

EGF 受容体 175
 EM (expectation maximization) 202
 EMアルゴリズム 51, **81**
 Ensemblプロジェクト 25
 ENCODE計画 44, **80**
 EST 113
 exploration-exploitation trade-off 206
 FASTA 73
 G9a 156
 Gene Ontology 145
 GMM 54
 GMODプロジェクト 26
 GOSプロジェクト 40

H~K

HapMap データ 33
 HapMapプロジェクト 32
 HELP法 158
 hybrid Petri net with extension 172

Illumina社 67
 IS 216
 JAPIC 181
 JSNP 33
 jV 129
 KEGG 170, 176

L~N

LINE **207**
 LODスコア 51
 LongSAGE 97
 MAT 158, 164
 McrBC 148
 MediaWiki 184
 MeDIP 149
 MIAMI法 158
 miRNA 113, 119
 m/z **190**
 N50 ウルトラコンティグサイズ 64
 N50 コンティグサイズ 64
 N50 スキャップフォルドサイズ 64
 N50 値 64
 NA 結合タンパク質 80
 ncRNA 112
 NP 困難 80
 N型糖鎖 213
 N-グリカン 176

O~R

open discovery 198
 Personalized Genome Browser 117
 piRNA 119
 PSSM 141
 PubMed 144, 201
 QTL 解析 49
 QV 58
 RefSeq 25
 RISC 106
 RLGS 148, **156**
 RNAi (RNA 干渉) 104
 RNA 遺伝子探索 124
 RNA 遺伝子の探索 123

S

SAGE 96
 SAGE法 22
 Sanger法 55
 Sankoffアルゴリズム 122
 SBS 167
 search by content 88
 search by signal 88

seed 88
 sensitivity 85
 SINE 208
 siRNA 104
 SNP 25, 32
 Solexa 67, 72, 102
 SOLiD 67, 71, 102
 specificity 85
 SQL 183
 SSEARCHプログラム **179**
 SuperSAGE 97
 SVM **141**
 systems biology 169

T~Z

TAS 164
 T-DMR 156
 TRANSPATH 173
 ultra-conserved element 114
 Wiki 182
 Wikipedia 183
 Z-score 137, 204