

数字

1000ドルゲノムプロジェクト	113
1000人ゲノムプロジェクト	113, 144, 153, 173
1型糖尿病	125
1分子シークエンシング法	115
2型糖尿病	26, 101
454	107, 137, 144, 175
4q25	50
9p21	50

和文

あ

アイソシゾマー	136
アセンブリ	113
アセンブル	111
アセンブル配列・アライメント法	169
アノテーション	189
アライメントツール	180
アルツハイマー病	32
アレル	87
アレル不均衡	61
意識調査	206
一塩基多型	39
一塩基変異	176
一分子シークエンス	147
遺伝継承法則	150
遺伝子間相互作用	162
遺伝子検査	206, 207
遺伝子座異質性	82
遺伝子診断薬	87
遺伝子増幅	61
遺伝子・タンパク質解析情報	20
遺伝子配列の全長解読	180
遺伝的多様性	113
遺伝統計学	149
遺伝モデル	157
イリノテカン	87

インフォームドコンセント	22, 195, 201
永続性	184
エピゲノム	134
エピジェネティクス解析	37
エピジェネティック再プログラム化	179
エピスタシス	163
エマルジョンPCR法	114
エリテマトーデス	93
炎症性腸疾患	120
オーダーメイド医療	154, 196
オーダーメイド医療実現化プロジェクト	20, 29
オープンコンセント	204
オッズ比	164
オントロジー	153, 191
か	
χ^2 検定	156
階層化	55
潰瘍性大腸炎	124
科学リテラシー	207
隠れマルコフモデル	169
家族集積性	81
家族性AD	34
家族性PD	38
家族内集積	62
加齢	33
癌遺伝子中毒説	67
癌関連疾患	25
癌ゲノム	67
がんゲノムプロジェクト	153
乾癬	80
癌抑制遺伝子	132
関連解析	150
危険因子	149
機能カテゴリー	122
逆位	168, 172, 176
共有財	184
均一性	184
くも膜下出血	52
クローン病	124
クロマチン	176
ケースコントロール関連解析	155, 185
ケースコントロール研究	45, 162
ケースコントロール相関解析	35, 76
ゲノム	192
ゲノムDNA	22
ゲノムアセンブラ	180
ゲノムアセンブリ	179
ゲノム医学	206
ゲノムインプリンティング	179
ゲノム疫学	204
ゲノム全域同状態共有割合	54
ゲノム濃縮	70
ゲノムの再解読	176
ゲノム不安定性	72
原因遺伝子	34
研究結果の開示	201
研究デザイン	161
研究倫理	200
検出力	150, 156
ゴーシェ病	41
公共政策	200
高血圧	84
構造多型	167
公的バンク	183
候補遺伝子研究	45
国際がんゲノムコンソーシアム	71, 153, 202
個人遺伝情報	195
個人ゲノム解析	113
個人情報	192
個人の遺伝的背景	103
孤発性AD	32
孤発性PD	38
コピー数異常	99
コピー数多型	93, 168
コピー数多型の関連解析	171

コピー数のデジタルカウント 99

コホート研究 45, 196

コミュニケーション 207

コンプライアンスコントロール 198

さ

最尤法 150

サロゲートマーカー 36

三省指針 196

サンプルサイズ 151, 155

サンプル配布システム 23

サンプル保管システム 22

シークエンス拠点 148

識別子 176

次世代シーケンサー
 37, 42, 58, 68, 107, 113, 134, 144,
 175, 191

自然淘汰 103

疾患感受性遺伝子 74

社会的コントロール 199

集積流体回路 99

集団階層化 151

主成分分析 103

常在菌 120

情報処理 175

情報セキュリティ 192

情報セキュリティ手順 193

情報発信 211

神経芽腫 60

診断マーカー 124

浸透率 149, 155, 163

制御RNA 68

セキュリティ対策 193

説明責任 198

線維芽細胞性腫瘍 65

潜在クラス分析 210

染色体転座産物 69

選択的スライシング 180

相加的ポリジーンモデル 163

相乗遺伝モデル 160

挿入削除 176

た

大規模SNP解析 102

体細胞変異 108

体細胞変異解析 108

対立遺伝子頻度 155, 156

タイリングアレイ 137

多因子遺伝病 162

多因子疾患 149

タグSNP 150

多次元尺度法 55

多重検定 152, 164

多重検定問題 154

多段階発癌説 67

タモキシフェン 88

段階的ライゲーション法 116

腸内細菌 120

重複断片 168

超有機体 126

追跡可能性 198

データベース 188

テキストマイニング 191

転座 173

転写開始点解析 110

同意の撤回 201

統合データベースプロジェクト
 186, 188, 193

統合トランスクリプトーム 109

同定可能性 202

糖尿病遺伝子 27

糖尿病関連遺伝子(糖尿病感受性遺
 伝子) 27, 102

透明性 184, 198, 211

ド・プロイグラフ 181

トランスクリプトーム解析 145

な

ナノポアシーケンシング法 117

ナルコレプシー 84, 102

二次元クラスタリング 130

認知症 33

ヌクレオソームコア 176

ネビラピン 87

脳梗塞関連遺伝子 44

脳動脈瘤 52

脳動脈瘤感受性遺伝子 56

ノトバイオート 121

ノンパラメトリック連鎖解析 53

は

パーキンソン病 38

パーソナルゲノム時代 195

パーミュテーションテスト 165

バイオインフォマティクス 188

バイオバンク 71

バイオバンクジャパン 22, 184

バイオマーカー 35, 87

肺癌 132

バイサルファイト処理 179

配列タグ 110

パイロシーケンシング法 115

パスウェイ 152

発見ツール 111

ハプロタイプ 84, 149, 165

ハプロタイプ共有法 153

ハプロタイプの系統樹 96

ハプロブロック 40

バミューダ原則 202

久山町研究 44

非対立相同組換え 95

ヒトゲノム・遺伝子解析研究に
 関する倫理指針 205

ヒトゲノムの多様性 101

ヒトの通常形質 103

ヒトマイクロバイオーム計画 125

肥満細菌叢 124

表現型のコピー数 170

品質管理 54

ファーマコゲノミクス 86

ファインマッピング 84

フォーカス・グループ・インタビュー
 206

副作用	86
プライバシーの保護	201
フリーソフト	189
ブリッジPCR法	114
プロトロンビン時間	90
プロモーター領域	179
分子標的医薬	60, 109
分子標的治療	67
ベアコーラー	180
ペアエンド・アライメント法	169
並列型シーケンサー	99
変異速度	85
変形性関節症	74
ポータルサイト	190
ポストシーケンズ時代	196
ホモ接合性マッピング	153

ま

マイクロアレイ	110, 135
マイクロサテライト	80, 82, 187
マイクロバイーム	111
前向き臨床研究	36
マス・メディア報道	206
未分化大細胞型リンパ腫	64
ムーアの法則	181
メタアナリシス	39, 45, 86, 150, 152, 186
メタゲノム	111
メタゲノム解析	118, 120
メタボリックシンドローム	25
メチル化シトシン	134
メチローム	147
メディカルコーディネータ	20
メンデル遺伝性PD	38
毛髪の太さ	103

や

薬理ゲノム学	87
有意水準	159
予防医学	118

5

リード長	175
罹患同胞対	53
リシークエンス	41, 54, 113, 152
リスク遺伝子	35
量の形質	163
リンカー	178
臨床情報	20
倫理的コントロール	199
倫理的・法的・社会的問題 (ELSI)	23, 195, 200
連結可能匿名化	198, 202
連鎖解析	46
連鎖不平衡	27, 49, 150, 165, 169

㊦

割合の差の検定	157
ワルファリン	87

欧文

A

AD	32
ADNI	35
AGTRL1	49
ALCL	64
ALK	60
ALK 阻害剤	60
ALLPATHS	181
ALOX5AP	46
AlzGene	35
ANRIL	58
APOE	35

B

BBDB	196
BIRD	191
bisulfite	138
bisulfite sequencing	138
bisulfite shotgun sequencing	142
Bone and joint decade	74

C

CAGE (cap analysis of gene expression) 法	145
CDKN2A	58
CDKN2B	58
ChIP-seq	109, 180
CNP	168
CNV	93, 117, 153, 168, 187
CNVphaser	174
CNVの関連解析	171
CNVの系統樹	96
CNVマップ	94
CNV領域	170
COG	122
common CNV	172
common disease-common variant	30, 39, 58, 93, 108, 150, 162
common disease-multiple rare variant	39
common variant	105
Cox比例ハザードモデル	88
CYP2C9	87
CYP2D6	88

D

DAS	187
DataBase of Genomic Variant	94
DBCLS	188
dbGaP	185
de novo CNV	95
di-allelic	97
DMH (differential methylation hybridization) 法	135
DNAメチル化	179
dominant negative	77
driver mutation	72

E

EBI	188
EcoP15I	176
EGA	185

ELIXIR	190	LRRK2	40	PGP	203
ELSI	23, 200	M		PGRN	90
EMアルゴリズム	171	MBD	137	<i>PRKCH</i>	47
ENU誘発変異株	118	MCI	35	Q	
EOAD	32	MDS	55	QOL	75
G		MeDIP-Chip法	137	qPCR	169
Genome Analyzer	107, 115, 130, 175	MIAMI法	137	R	
Genome Sequencer	115, 175	micrococcal nuclease	178	rare CNV	95, 172
GPCR	83	microRNA	128	rare variant	108
GWAS (ゲノムワイド関連解析)		MIDD	27	RAT	165
...	27, 35, 39, 44, 46, 53, 76, 80, 101, 108, 162, 185, 201	MIRA (methylated-CpG island recovery assay) 法	137	reduced representation	142
H		miRNA発現プロファイル	130	RETINA	173
HapMap計画		MmeI	176	RNA-Seq法	180
...	27, 50, 93, 103, 116, 150, 162, 167, 196	MOCSphaser	174	S	
Hardy-Weinberg平衡	54, 168	MODY	27	SAGE法	176
HeliScope	116	MPSS (massively parallel signature sequencing) 法	130	Sanger法	180
HLA	81, 87, 103	mRAP (miRNA amplification profiling) 法	130	shRNAライブラリー	73
HMGJ	125	mRAP-HS (mRAP-high throughput sequencing) 法	130	single founder	95
I		MSDK (methylation specific digital karyotyping) 法	138	SMART法	130
IAP	121	N		SNCA	40
IBD	120, 151	NAHR	95	SNP	87 , 101
IBS	54	NCBI	188	SNPアレイ	61
ICGC	71, 202	NDRI	183	SNPタイピングアレイ	39
IHMC	125	Newbler	180	SNVC	173
Imaging Genetics	36	NHLBI	91	SOLiD	107, 116, 130, 176
J K		NIH	190, 193	SPF	125
J-ADNI	35	NPLスコア	54	spFRET	147
JSNP	28, 46, 150	O P		SuperSAGE法	176
<i>KCNQ1</i>	29	OA	74	T	
L		OECD	184, 193, 199	TCGA	70
LD	27, 169	P3G	204	Th17細胞	82
let-7	132	passenger mutation	72	U~W	
Lewy小体	38	PD	38	<i>UGT1A1</i>	87
LNAプローブ	129	<i>PDEAD</i>	46	VD	33
LOAD	32			Velvet	181
locus specific database	193			<i>VKORC1</i>	87
LODスコア	54			WTCCC	193
LongSAGE法	176				