

## 数字

- 3大遺伝子配列データベース..... 92  
 1000 Genomes Project ..... **72**  
 1000人ゲノム ..... 138

## 欧文

## A・B

- APIアクセス ..... 111  
 BioCyc ..... 105  
 BioDBCore ..... 55  
 BioHackathon ..... 178  
 Biomedical Informatics Research  
 Network ..... 50  
 BioRuby ..... 176  
 BIRN ..... 50  
 Broad Institute of Harvard and  
 MIT ..... **72**  
 BioResource World ..... 41

## C・D

- CDCV ..... 137  
 ChemBank ..... 50  
 ChEMBL ..... 51  
 ChemSpider ..... 51  
 ChIP-Seq ..... 60, 76  
 ChIP-Seq 解析 ..... 64  
 CiteULike ..... 228  
 CLC Genomics Workbench ..... 191  
 CNV ..... 141, 163  
 common disease-common variant  
 ..... 137  
 copy number variation ..... 141  
 CTD ..... 155  
 Cytoscape ..... 185  
 dbGAP ..... 162

- DBTSS ..... 82  
 DDBJ ..... 28  
*de novo* アセンブリ ..... 205  
 DIAM ..... 58  
 DOR ..... 31  
 DP ..... 230, **231**  
 DRA ..... 30, 207  
 DrugBank ..... 217

## E~G

- e-Science ..... 136  
 EGA ..... 162  
 ELIXIR ..... 52  
 EMBL ..... 51  
 EMBL-Bank ..... 29  
 ENCODE ..... **72**  
 EndNote ..... 227  
 Entrez Programming Utilities  
 (E-Utilities) ..... 113  
 EupathDB ..... 157  
 European Life sciences Infrastruc-  
 ture for Biological Information  
 ..... 52  
 European Molecular Biology Labo-  
 ratory ..... 51  
 Faculty of 1000 ..... 226  
 FAIRE-Seq ..... 77  
 Galaxy ..... 182  
 GenBank ..... 29  
 genome-wide association study  
 ..... 137  
 Google Scholar ..... 104  
 GPCR ..... 218  
 Grisk ..... 58  
 GWAS ..... 137, 160  
 Gタンパク質共役受容体 ..... 85

## H~J

- Health Information Technology for  
 Economic and Clinical Health  
 (HITECH) Act ..... 50  
 hemagglutinin ..... 213  
 HiC-Seq ..... 77  
 hmChIP ..... 79  
 ICD ..... 155  
 IEDB ..... 158  
 IGV ..... 72  
 imputation ..... 138  
 INSDC ..... 28, 206  
 IP ..... **234**  
 IRD ..... 157  
 IUBMB ..... 106  
 JASPAR ..... 80  
 JavaScript Object Notation ..... 36  
 JSNP データベース ..... 138  
 JSON ..... **36**

## K・L

- KAAS ..... **22**  
 KEGG ..... 105, 156  
 KEGG API ..... 108  
 KEGG DISEASE ..... 145  
 KNApSAcK ..... 127  
 KOALA ..... **22**  
 LD ..... 137  
 linkage disequilibrium ..... 137  
 LinkDB ..... 21, 27  
 long seed アプローチ ..... **195**

## M

- MAGE-TAB 形式 ..... 208  
 MCSIS project ..... 218  
 MEDALS ..... 54  
 MEDALS 横断検索 ..... 56  
 MediaWiki ..... 136

Medical Subject Headings … 113	positive predictive value …… 231	SYMPHONIE …………… 147
MEDLINE …………… <b>223</b>	PosMed …………… 36	Syndrome Finder …… 147
MEGA5 …………… 213	POSSUM web …………… 147	Synthetic biology …… 38
Mendeley …………… 227	PPV …………… 231	
MeSH …………… <b>226</b>	Predictor …………… 73	<b>T ~ Z</b>
METI …………… 54	Protegen …………… 158	TargetMine …………… 218
MIAMEガイドライン …… <b>91</b>	PubChem …………… 50, 216	TogoDoc …………… 222
MIRA …………… 190	PubMed …………… 223	TogoWS …………… 178
missing heritability問題 …… 140	PubMed/MEDLINE …… 110	TRANSFAC …………… 80
MitoCheck …………… 51	PubMedScan …… 59, 228	UR-DBMS …………… 147
mmCIF …………… 101	q-gram 定理アプローチ …… <b>195</b>	varDB …………… 158
MNase-Seq …………… 76	QTL …………… 140	Variant Effect …… 73
MPromDb …………… 82	Quantitative Trait Loci解析… 140	Variant Effect Predictor …… 72
MutationView …………… 147		VectorBase …………… 157
MyNCBI …………… 225	<b>R • S</b>	ViPR …………… 156
myPresto …………… 58	RAxML …………… 212	Web API …………… <b>107</b>
<b>N • O</b>	RCSB PDB …… 99	WGR/JGR …………… 42
National Center for Research	RDF …………… 179	WGS …………… 205
Resources …………… 50	Reactome …………… 105	wwPDB …………… 98
NBRP …………… 40	Research Resource Circulation	XML …………… <b>106</b>
ncRNA …………… 229	…………… 42	Zotero …………… 227
NCRR …………… 50	RNA …………… 229	
Newbler …………… 190	RNA-Seq …………… 60, 65, 76	<b>和文</b>
non-coding RNA …… 229	RNA間相互作用 …… 234	<b>あ</b>
N-グリカン …………… 121	SAM (BAM) フォーマット … 205	アドオン …………… <b>227</b>
OMIM …………… 145, 154	SBDD …………… 219	アノテーション …… 22, 133
O-グリカン …………… 121	SciNetS …………… 33	アラート機能 …… 59
<b>P • Q</b>	sensitivity …………… 231	アンサンブル …… 231
Papers …………… 227	single nucleotide polymorphism	一塩基多型 …… 137
PATRIC …………… 156	…………… 137	遺伝医学 …… 152
PDBe …………… 99	SNOMED …………… 155	遺伝形質 …… 145
PDBj …………… 98	SNP …………… 137	遺伝子共発現 …… <b>94</b>
PDBML …………… 101	SNV …………… 165	遺伝的背景 …… 144
PeakSeq …………… 79	SQL データベース …… 88	医薬品探索 …… 216
Personal Health Records …… 171	SRA …………… 70	インフルエンザ …… 157
PhyML …………… 212	Structure-based drug design	インフルエンザ・ウイルス …… 213
	…………… 219	

- ウイルス病原体…………… 156  
 ウェブアプリケーション…………… 182  
 ウェブサービス…………… 177  
 疫学研究…………… 167, **168**  
 エキソーム…………… 60, 70  
 エキソーム解析…………… 61  
 エクソームシークエンス…………… 141  
 エピトープ…………… 158  
 塩基対…………… 229  
 塩基対確率…………… 232  
 欧州分子生物学研究所…………… 51  
 横断検索…………… 54  
 オーダーメイド医療…………… 142  
 オーダーメイド医療実現化プロジェクト…………… 139  
 オープンソース…………… 46, 176  
 オープンバイオ…………… 176  
 オミクス…………… 17  
 オントロジー…………… 94, 179
- か**  
 解析ツール…………… 18  
 解析プラットフォーム…………… 182  
 核内受容体…………… 218  
 仮想ラボセンター…………… 33  
 カタログづくり…………… 17  
 活性部位予測…………… 219  
 環境物質…………… 156  
 基準振動解析…………… 102  
 キッシングヘアピン…………… 235  
 距離行列法…………… 210  
 クラウドコンピューティング…………… **203**  
 グリコシダーゼ…………… 119  
 クロマチン構造解析…………… 64  
 経済産業省…………… 54  
 経済産業省ライフサイエンスデータベースプロジェクト…………… 55
- 系統解析…………… 210  
 結合二次構造…………… 234  
 結合部位…………… 234  
 ゲノムブラウザ…………… 70  
 ゲノムワイド関連解析…………… 137  
 ゲノム設計…………… 38  
 ゲノム毒性…………… 155  
 ケミカル・バイオロジー…………… 132  
 ケモインフォマティクス…………… 132, 216  
 原因遺伝子…………… 149  
 検索…………… 110  
 抗原変異タンパク質…………… 158  
 更新検知ツール…………… 55  
 合成生物学…………… 38  
 構造・機能ドメイン…………… 84  
 酵素番号…………… **106**  
 コール…………… **139**  
 国際HapMap計画…………… 138  
 国際ガンゲノムコンソーシアム…………… 186  
 国民識別番号…………… 170  
 国立研究資源センター…………… 50  
 コピー数多様性…………… 141  
 コホート研究…………… **168**
- さ**  
 最節約法…………… 210  
 サイネス…………… 33  
 最尤系統樹探索法…………… 211  
 最尤法…………… 210  
 サンガー法開発…………… 188  
 ジェイソン…………… 36  
 脂質二重膜…………… 89  
 システムズバイオロジー…………… 132  
 次世代シークエンサー…………… 76, 92, 139, 141, 142, 188  
 次世代シークエンスデータ…………… 66  
 自然言語処理技術…………… 113
- 疾患…………… 144  
 疾患原因遺伝子…………… 155  
 実験ファクター…………… **93**  
 実験プロトコル…………… 118  
 質量分析…………… 127  
 シュードノット…………… 231  
 症状…………… 144  
 真核生物病原体…………… 157  
 推論検索…………… 35  
 スーパーファミリー…………… 86  
 整数計画法…………… 234  
 生物遺伝資源委員会…………… 48  
 セマンティック・ウェブ…………… **27**, 33, 179  
 セマンティックJSON…………… 36  
 全ゲノムシークエンス…………… 141  
 相互運用性…………… 178  
 創資源…………… 38  
 祖先配列…………… 214  
 ソフトウェア…………… 177
- た**  
 代謝物測定技術…………… 128  
 タイピング…………… **139**  
 大量データ…………… 182  
 多重アラインメント…………… 102  
 単一遺伝子疾患…………… 149  
 タンパク質間相互作用…………… 84  
 タンパク質相互作用データ…………… 185  
 短リード用アセンブラ…………… 191  
 地域コホート研究…………… 170  
 知識発見…………… 19  
 知識薬…………… **39**  
 長リード用アセンブラ…………… 189  
 追加キーワードの提案機能…………… 56  
 データトラック…………… 72  
 データベース…………… 14

データ共有	19, 183	バイオオントロジー	46	ベタバイト級データ	19
テキストマイニング	111	バイオデータベース	48	ヘマグルチニン	213
テレワーク	<b>39</b>	バイオバンクジャパン	139	ポータルサイト	54
電子カルテ	168	バイオリソース	40	ホモロジーモデル	102
電子顕微鏡	102	ハイブリダイゼーション	234	<b>ま</b>	
転写因子結合部位	79	パスウェイ	104	膜タンパク質	84
転写因子データベース	80	パスウェイ再構築	24	マッシュアップ	114
転写開始点	82	発見的探索法	212	マッピング	194, 205
同義語検索	56	鳩の巣原理アプローチ	<b>195</b>	マッピング・ビューワ	194
統合データベース	178	ハプロタイプ解析	141	マッピング感度	<b>195</b>
統合データベースプロジェクト		バルクダウンロード	111	メタデータベース	87
.....	15, 55, 59	ヒストン修飾	79	メタボローム	24
糖鎖遺伝子	117	ヒトゲノム計画	15	メタボロームデータベース	126
糖鎖構造解析技術	117	表記の揺れ	115	<b>ら</b>	
糖鎖付加位置	121	病原細菌	156	リファレンス・パスウェイ	107
糖脂質	123	病原体	124, 152	略語	114
糖タンパク質	123	病原体仲介昆虫	157	リンク自動管理システム	58
動的計画法	230	ファミリー	86	臨床研究	167, <b>168</b>
糖転移酵素	119	ファンクショナル・ゲノミクス		臨床試験（治験）	169
糖ペプチド	122	.....	128	臨床情報データベース	167
ドッキング計算	220	フォーマットの標準化	17	レクチン	122
トポロジー	<b>88</b>	フリーソフトウェア	184	連鎖不平衡	137
トランスクリプトーム解析	65	プロモータ配列	82	連鎖不平衡係数	<b>139</b>
<b>な</b>		文献管理	222	<b>わ</b>	
二次構造	229	文献情報	110	ワーキンググループ	46
日本DNA データバンク (DDBJ)		文献推薦	222	ワークフロー	178
.....	203	文献データベース	110	ワクチン開発	158
<b>は</b>		分子表面	103		
パーソナルゲノム	19, 142	分子標的創薬	216		
バイオインフォマティクス		分配関数	231		
.....	14, 133, 174	分野別の統合化	18		