

# 索引

## 数字

2型糖尿病 ..... 170  
 3Dバーテックスモデル ... 203, 204  
 4D細胞シミュレーション ..... 166

## 和文

### あ

悪性化シグナル発生 ..... 31  
 悪性化フィードバック ..... 16  
 アクチン ..... 152  
 アポトーシス ..... 83  
 アルゴリズム ..... 56  
 安定 ..... 63  
 安定性解析 ..... 213  
 アンプリコンシーケンス ..... 55  
 イコライズ ..... 95  
 一分子イメージング ..... 131  
 一般化固有値問題 ..... 102  
 一般化特異値分解 ..... 101  
 遺伝子制御ネットワーク ..... 112  
 遺伝子つなひき法 ..... 78  
 遺伝的浮動 ..... 120  
 イメージングサイトメーター ..... 83  
 医療情報 ..... 105, 106, 108  
 インシリコ創薬 ..... 231  
 インスリン ..... 170  
 インスリンクリアランス ..... 171  
 インターカレーション ..... 137  
 インタラクトーム ..... 123  
 インフルエンザウイルス ..... 116  
 隠喩モデル ..... 60  
 ウイルス ..... 223  
 ウイルス感染 ..... 223  
 ウイルスダイナミクス ..... 223  
 裏打ちタンパク質 ..... 162  
 エージェント・ベストモデル ..... 201  
 液体クロマトグラフィー質量分析  
 ..... 129  
 エッジ抽出法 ..... 96  
 エネルギー関数 ..... 204, 205  
 炎症 ..... 174  
 オイラー・丸山法 ..... 179

オーミクスデータ ..... 54  
 オシレーション ..... 175, 176  
 オフターゲット ..... 233  
 オントロジー ..... 57

**か**  
 回帰モデル ..... 72  
 階層クラスター分析 ..... 85  
 ガイドRNA ..... 125  
 解離係数 ..... 27  
 ガウシアンフィルタ ..... 94  
 化学構造の記述子 ..... 232  
 化学反応 ..... 19  
 拡散 ..... 19  
 拡散係数 ..... 197  
 拡散定数 ..... 168  
 拡散誘導不安定性 ..... 60  
 核内移行 ..... 42  
 核の形 ..... 168  
 核膜輸送 ..... 168  
 確率過程 ..... 228  
 確率シミュレーション ..... 130  
 確率微分方程式 ..... 179  
 可積分性 ..... 20, 27  
 画素 ..... 93  
 画像解析 ..... 86  
 画像・動画解析 ..... 57  
 活性化ゲート ..... 220  
 活性化-抑制化因子系 ..... 63  
 活動電位 ..... 219  
 カラーノイズ ..... 101  
 下流 ..... 12  
 がん ..... 81  
 環境勾配 ..... 21  
 環境DNA ..... 55  
 感染 ..... 223  
 がん細胞浸潤 ..... 151  
 がん性腹膜炎 ..... 84  
 観測信号 ..... 100  
 機械学習 ..... 54, 77, 232  
 幾何学的類似性 ..... 82  
 基礎方程式の離散化 ..... 21  
 基底膜分解 ..... 14  
 輝度値ヒストグラム ..... 93  
 逆相タンパク質アレイ ..... 82

ギャップジャンクション ..... 193  
 キャビテーション現象 ..... 141  
 境界条件 ..... 20  
 偽陽性率 ..... 56  
 共分散分析 ..... 74  
 局在化 ..... 17  
 極小モデル ..... 41  
 近動的平衡 ..... 25  
 空間分布 ..... 19  
 茎細胞 ..... 201  
 クラスタリング ..... 57  
 グラフ理論 ..... 57  
 蛍光共鳴エネルギー移動 ..... 135, 178  
 蛍光細胞周期インジケーター  
 Fucci ..... 187  
 蛍光相互相関分光法 ..... 135  
 蛍光レポーターマウス ..... 137  
 形態形成 ..... 134, 203  
 血管新生 ..... 36, 145, 146,  
 148, 149, 150, 200  
 血管内皮細胞 ..... 200  
 血管内皮増殖因子 ..... 145  
 結合係数 ..... 27  
 結合振動子 ..... 180  
 結合モチーフ配列 ..... 112  
 血糖恒常性 ..... 170  
 ゲノム編集 ..... 119  
 ケミカルゲノミクス ..... 119  
 ケモゲノミクス ..... 232  
 検出力 ..... 56  
 源信号 ..... 100  
 原発巣 ..... 229  
 高インスリン正常血糖クランプ ..... 170  
 抗がん剤 ..... 81  
 高血糖クランプ ..... 170  
 合成生物学 ..... 156  
 酵素反応 ..... 48  
 好中球 ..... 195  
 公的レポジトリ ..... 113  
 勾配 ..... 19  
 勾配作用素 ..... 19  
 酵母ツーハイブリッド法 ..... 123  
 交絡 ..... 71  
 交絡要因 ..... 72  
 公理的方法の導入 ..... 12

|                         |  |             |   |                  |          |
|-------------------------|--|-------------|---|------------------|----------|
| 個人情報                    | 105, 106, 107, 108                     | 修飾          | 15  | 前骨芽細胞            | 22       |
| 骨芽細胞                    | 22                                     | 修飾分子        | 28  | 全細胞のシミュレーション     | 75       |
| 骨粗鬆症                    | 22                                     | 集団の細胞運動     | 200                                       | 先端細胞             | 201      |
| 骨代謝                     | 22                                     | 出芽酵母        | 76  | 線虫               | 215      |
| コレステロール                 | 142                                    | 出生死亡過程      | 228                                       | 先端端              | 195      |
| 混合ガウス分布モデル              | 96                                     | 腫瘍サブタイプ     | 84  | 前破骨細胞            | 22       |
| コントラスト強調処理              | 94                                     | 受容体         | 16  | 走化性              | 19, 195  |
| コンパートメント                | 16                                     | 衝撃波         | 139                                       | 相互作用             | 48       |
| コンピューター支援設計             | 156                                    | 上皮          | 203                                       | 増殖因子             | 16       |
| <b>さ</b>                |  | 常微分方程式      | 171                                       | 増殖シグナル           | 31       |
| 細胞間相互作用                 | 194                                    | 情報処理        | 218                                       | 走性               | 215      |
| 細胞間のばらつき                | 130                                    | 情報動物行動学     | 55  | 相転移              | 143      |
| 細胞系譜                    | 119                                    | 上流          | 12  | 素過程              | 15       |
| 細胞システム                  | 75                                     | 上流キナーゼ解析    | 185                                       | 組織画像解析           | 86       |
| 細胞周期                    | 187                                    | 上流差分        | 38  | <b>た</b>         |          |
| 細胞周期進行波                 | 187                                    | 進化          | 227                                       | 対応表              | 109      |
| 細胞性粘菌                   | 195                                    | 進化動態        | 120                                       | 体軸形成             | 188      |
| 細胞接着分子                  | 162                                    | シングルセル      | 83  | 代謝               | 22       |
| 細胞動態                    | 200                                    | 神経回路        | 215                                       | 代謝ネットワーク         | 211, 213 |
| 細胞内パラメータ                | 75                                     | 進行スポット解     | 64  | 代謝ネットワーク分析       | 213      |
| 細胞変形                    | 151                                    | 人工知能        | 54, 57                                    | 代謝物クロストーク        | 212      |
| 細胞膜                     | 12                                     | 浸潤          | 151, 152                                  | 代謝フラックス解析        | 207      |
| 細胞遊走                    | 195                                    | 浸潤突起        | 16  | 代謝流束             | 207      |
| 最尤法                     | 73                                     | 浸潤能         | 16  | 大腸菌中央代謝          | 159, 160 |
| サンプルサイズ                 | 56                                     | 振動          | 166                                       | 耐糖能異常者           | 171      |
| 時間遅れのあるネガティブ・フィードバックループ | 175                                    | 振動現象        | 175                                       | ダイナミクス           | 49, 213  |
| 時間情報コード                 | 178                                    | 振幅          | 163                                       | 体表模様             | 192      |
| しきい値処理法                 | 96                                     | 膀胱がん        | 228                                       | 大理石骨症            | 22       |
| 色素細胞                    | 192                                    | スイッチ的応答     | 129                                       | 多階層              | 218      |
| 色素胞                     | 192                                    | 数値シミュレーション  | 21, 153                                   | 多光子顕微鏡           | 137      |
| シグナル伝達                  | 183                                    | 数理腫瘍学       | 10, 11                                    | 多細胞動態            | 203      |
| シグナル伝達経路                | 128                                    | 数理モデリング     | 12, 18, 151, 152                          | 多重検定             | 56       |
| シグナル伝達制御機構              | 129                                    | 数理モデル       | 11, 75, 170, 184, 203, 204, 205, 224, 230 | 多重比較補正           | 116      |
| 試験管内進化                  | 121                                    | 数理モデル解析     | 128                                       | 腕リン酸化            | 31       |
| 脂質二重層構造                 | 140                                    | ストレス応答キナーゼ  | 174                                       | 多変量解析            | 74       |
| 指数関数あてはめ                | 162                                    | スペクトラルグラフ理論 | 213                                       | 多量体化形成           | 129      |
| システム生物学                 | 11, 46, 128, 156                       | 生化学反応モデル    | 48  | 多量体形成阻害          | 130      |
| 次世代シーケンサー               | 54                                     | 脆弱性         | 79  | タンパク質間相互作用       | 123      |
| 自然言語処理                  | 57                                     | 生存シグナル      | 31  | タンパク質間相互作用ネットワーク | 119      |
| 実測パラメータ                 | 136                                    | 生体階層        | 12  | タンパク質リン酸化反応      | 135      |
| 質量作用の法則                 | 19                                     | 性皮腫脹        | 88  | チューリングパターン       | 192      |
| 質量分析装置                  | 207                                    | 生物間相互作用     | 211, 212, 213                             | 超並列DNAシーケンシング    | 119      |
| 質量保存                    | 29                                     | 生物機能        | 156, 157                                  | 定常状態             | 25       |
| 時定数                     | 163                                    | 生物統計学       | 11  | 定量シミュレーション       | 136      |
| シミュレーション                | 151, 156, 157, 158, 159, 170, 204, 205 | 生命科学実験の統合   | 12  | 定量生物学            | 81       |
| シミュレータ                  | 157, 159                               | 脊索          | 188                                       | 定量的イメージング        | 174, 176 |
| 自由境界                    | 20, 35, 154, 155                       | ゼブラフィッシュ    | 187, 192                                  | 定量的な予測           | 130      |
| 重合                      | 28                                     | 線形回帰モデル     | 74  | データ科学            | 12       |
|                         |  | 線形化理論       | 24  | データ構造            | 56       |
|                         |  | 線形代数        | 56  |                  |          |

|                                |                                 |              |                         |                 |            |
|--------------------------------|---------------------------------|--------------|-------------------------|-----------------|------------|
| データベース                         | 57                              | パターン形成       | 195                     | 偏微分方程式系の数値計算    | 37         |
| データポイント                        | 82                              | 発現量-適応度曲線    | 79                      | 偏微分方程式の数値解析     | 21         |
| 適応的な応答                         | 196                             | パラメータ        | 47, 201, 224            | 偏微分方程式の分類       | 17         |
| 適合型シミュレーション                    | 21, 39                          | パラメータの許容範囲   | 79                      | 方向性運動           | 202        |
| 適合型数値シミュレーション                  | 38                              | パラメータ非感受性    | 78                      | 膨潤現象            | 88         |
| 適切性                            | 20                              | パラメータ分布      | 225, 226                | ポストゲノム          | 54         |
| 電位依存性 Ca <sup>2+</sup> チャネル    | 222                             | 反応拡散         | 192                     | 保存則の方程式         | 19, 37     |
| 転移確率モデル                        | 188, 189                        | 反応拡散型方程式     | 62                      | ホップ分岐           | 168        |
| 転移巢                            | 229                             | 反応拡散近似       | 66                      | ボトムアップ          | 156        |
| 転写因子                           | 112, 166                        | 反応のグルーピング    | 29                      | ホモ/ヘテロ多量体       | 129        |
| 転写制御因子                         | 40                              | 比較の妥当性       | 72                      | ホモロジー           | 86, 87     |
| 電流双極子                          | 100                             | ピクセル         | 93                      | ホモロジーモデリング      | 125        |
| 動的平衡                           | 21                              | 微生物生態系       | 211, 213                | ホワイトノイズ         | 101        |
| 匿名化                            | 109                             | 微生物叢解析       | 211, 213                | 翻訳後修飾           | 184        |
| 突然変異                           | 227                             | 非線形動態        | 128                     | 翻訳場所            | 168        |
| ドラッグデリバリーシステム                  | 139                             | 比増殖速度        | 207                     | <b>ま・や</b>      |            |
| ドラッグリポジショニング                   | 233                             | 比速度          | 208                     | マイクロ流体デバイス      | 197        |
| トランスクリプトミクス                    | 232, 233                        | ビッグデータ       | 54, 231                 | 膜透過性            | 142        |
| トレーサー実験                        | 208                             | 微分方程式        | 18, 158, 159            | マササイトメーター       | 83         |
| <b>な</b>                       |                                 | 微分方程式モデル     | 46                      | マルチオミックス解析      | 80         |
| 内因的ノイズ                         | 182                             | 非平衡現象        | 140                     | マルチスケール性        | 20         |
| ネットワーク                         | 156, 157, 158, 159              | 不安定          | 63                      | マルチスケールモデリング    | 34         |
| ネットワーク解析                       | 58, 183                         | フィードバック      | 197                     | 慢性骨髄性白血病        | 227        |
| ネットワーク構造                       | 46                              | フィードフォワード    | 197                     | ミオシン            | 137        |
| ネットワーク分析                       | 212                             | フィブロネクチン     | 146, 147, 148, 149, 150 | ミクログリア          | 89, 90, 91 |
| ネットワークマップ                      | 160                             | ブートストラップ法    | 225, 226                | ミクログリアの活性化      | 90         |
| ネットワークモチーフ                     | 48                              | ブーリアン変数      | 21, 39                  | ムーア・ベンローズ一般化逆行列 | 102        |
| ノイズ                            | 100                             | フーリエ変換       | 50                      | メタゲノム           | 55         |
| ノイズ共分散                         | 100                             | フェノミクス       | 232, 233                | 免疫染色            | 82         |
| ノイズ除去                          | 94                              | 不活性化ゲート      | 220                     | 網羅的解析技術         | 80         |
| ノーマライズ                         | 95                              | 物質の生成と消滅     | 19                      | モース指数           | 24         |
| <b>は</b>                       |                                 | 物理法則の実現      | 37                      | 文字列解析           | 57         |
| バーコードフュージョン遺伝学                 | 123                             | 負のフィードバックループ | 40                      | モデリング           | 157        |
| バーテクスダイナミクスモデル                 | 137                             | フラックス        | 207                     | モデル化            | 46         |
| バイアス                           | 72                              | プロテアソーム阻害剤   | 83                      | モンテカルロシミュレーション  | 38         |
| バイオイメージングフォマティクス               | 55                              | プロテオフォーム     | 123                     | 薬剤耐性            | 31, 227    |
| バイオイノフォマティクス                   | 11, 53                          | プロテオミクス      | 183                     | 薬物・タンパク質間相互作用   | 231        |
| バイオマーカー                        | 84                              | プロモーター領域     | 114                     | 融合研究            | 225        |
| 背景除去                           | 94                              | 分化           | 22                      | 輸送              | 19         |
| ハイスループット・ハイコンテンツ<br>イメージングシステム | 77                              | 分岐構造         | 61                      | 挿らぎ             | 16         |
| ハイブリッドシミュレーション                 | 21, 38, 146, 147, 148, 149, 150 | 分岐点          | 64                      | よいモデル           | 47         |
| 破骨細胞                           | 22                              | 分岐パラメータ      | 63                      | 溶血              | 142        |
| パスウェイ解析                        | 185                             | 分岐理論         | 63                      | <b>ら</b>        |            |
| パスウェイシミュレーション                  | 166                             | 分散分析         | 74                      | ライブイメージング       | 134        |
|                                |                                 | 分枝過程         | 228                     | ランダム行列理論        | 213        |
|                                |                                 | 分子動力学        | 139                     | ランディングパッド       | 121        |
|                                |                                 | 分子プロファイリング   | 83                      | 力学系             | 178        |
|                                |                                 | 平均化フィルタ      | 94                      | 力学系理論           | 20, 22     |
|                                |                                 | 平均場近似        | 221                     | 離散化             | 37         |
|                                |                                 | 変異体          | 192, 193                |                 |            |

|               |                         |
|---------------|-------------------------|
| リボソームプロファイリング | 76                      |
| 粒子運動の平均化      | 37                      |
| 流束            | 19                      |
| 領域分割          | 96                      |
| 理論的研究         | 230                     |
| リン酸化          | 31                      |
| ルシフェラーゼ再構成法   | 125                     |
| レセプト          | 105, 106, 107, 108, 110 |
| レベルセット法       | 35                      |
| 連結軌道          | 24                      |
| ローパスフィルタ      | 49                      |
| ロジスティック回帰モデル  | 74                      |
| ロバストネス        | 78, 159                 |

## 欧文

### A・B

|                      |     |
|----------------------|-----|
| $\alpha$ -アマニチン      | 84  |
| A-Cell               | 167 |
| ANDゲート機構             | 130 |
| Anderson-Chaplainモデル | 37  |
| BFG-Y2H法             | 123 |
| biased random walk   | 217 |
| BioFNet              | 158 |

### C・D

|                                 |          |
|---------------------------------|----------|
| $Ca^{2+}$ 依存性 $K^+$ チャネル        | 222      |
| $Ca^{2+}$ イメージング                | 215      |
| $Ca^{2+}$ ポンプ                   | 222      |
| CAD                             | 156      |
| CADLIVE                         | 157, 159 |
| Cas9                            | 125      |
| cell-free感染                     | 223      |
| cell-to-cell感染                  | 223      |
| ChIP on chip                    | 113      |
| ChIP-seq                        | 113      |
| computational ethology          | 55       |
| confounding                     | 71       |
| confounding factor              | 72       |
| Coxの比例ハザードモデル                   | 74       |
| Cre-loxP組換え                     | 121      |
| CRISPR associated protein 9     | 125      |
| CYCLoPs                         | 77       |
| Diagnosis Procedure Combination | 106      |
| DNA組換え                          | 119      |
| DNAバーコード                        | 119      |
| down state                      | 220      |
| DPC                             | 106      |
| DPC/PDPS                        | 106      |

### E・F

|  |                    |
|--|--------------------|
| ECM  | 152                |
| EGF  | 184                |
| EMDフィルタ  | 102                |
| Enrichment Score                               | 115                |
| ErbB受容体  | 129                |
| ERK  | 136                |
| ERK MAPキナーゼカスケード                               | 178                |
| extrinsic noise                                | 182                |
| FCCS   | 135                |
| first-hit                                      | 197                |
| First In First Out                             | 157                |
| fluorescence cross correlation spectroscopy    | 135                |
| Förster/fluorescence resonance energy transfer | 135                |
| FRAP   | 162                |
| FRAP実験   | 16                 |
| FRET   | 135, 174, 175, 178 |
| FRETバイオセンサーマウス                                 | 138                |
| FSTフィルタ  | 103                |
| FST法   | 100                |
| Fucci  | 187                |

### G~K

|                        |          |
|------------------------|----------|
| G1/S転移の窓               | 190      |
| Gaussian mixture model | 96       |
| GECI                   | 215      |
| Gene Set Enrichment解析  | 113, 114 |
| GESTALT法               | 125      |
| GMM                    | 96       |
| GO解析                   | 185      |
| HIV-1                  | 224, 225 |
| Hodgkin-Huxleyモデル      | 219      |
| Hoffmannのモデル           | 41       |
| intrinsic noise        | 182      |
| JNK                    | 84       |
| Keller-Segelモデル        | 34       |
| k-meansクラスター分析         | 82       |
| K-means法               | 96       |

### L~N

|                             |     |
|-----------------------------|-----|
| landing pad                 | 121 |
| LEGI                        | 196 |
| Linear-Nonlinear-Poissonモデル | 216 |
| LNPモデル                      | 216 |
| log fold change             | 116 |
| MAPK                        | 174 |
| MAPKシグナル伝達系                 | 134 |

|                       |         |
|-----------------------|---------|
| mCherry               | 83      |
| MEG                   | 100     |
| MEK                   | 136     |
| membrane ruffling     | 90      |
| MMP                   | 152     |
| mobile fraction       | 162     |
| MRI                   | 100     |
| MT1-MMP               | 14      |
| multivariate analysis | 74      |
| MUSICアルゴリズム           | 100     |
| N/C比                  | 168     |
| NET-seq               | 80      |
| NF- $\kappa$ B        | 85, 166 |
| NMDA受容体               | 222     |

### O・P

|                         |     |
|-------------------------|-----|
| ODE                     | 171 |
| p38                     | 174 |
| p53                     | 85  |
| p65                     | 84  |
| PDPS                    | 106 |
| Per-Diem Payment System | 106 |
| PHLDA1                  | 129 |
| P-TEFb複合体               | 117 |
| Python                  | 58  |

### R~U

|   |          |
|---|----------|
| Rac   | 195      |
| Ras   | 196      |
| regression model  | 72       |
| reverse-phase protein array                             | 82       |
| RPPA  | 82       |
| SGフィルタ  | 102      |
| SILAC法  | 183, 184 |
| SQL   | 58       |
| stable isotope labeling by amino acids in cell culture法 | 183, 184 |
| $t_{1/2}$   | 162      |
| $t$ 統計量   | 115      |
| tAI   | 76       |
| TCGA  | 84       |
| The Cancer Genome Atlas                                 | 84       |
| transition probability model                            | 189      |
| up state  | 220      |

### V~Z

|                   |                         |
|-------------------|-------------------------|
| VEGF              | 145, 146, 147, 148, 150 |
| wPGSA             | 114                     |
| XML               | 58                      |
| Y2H法              | 123                     |
| Yeast Two-Hybrid法 | 123                     |
| zFucci            | 187                     |