

INDEX

数字

2-digit アレル	189
2型糖尿病	044
4-digit アレル	189
1000 Genomes Project	017, 128, 129, 154, 231

A

ABO 血液型	023
additive model	157
ADH	215
AI	039
ALDH2	215
all-cause mortality	033
AMD Gene Consortium	234
AMP	129, 238
APOE	032
ASMC	211
ATC	044, 240
AWK	098, 158, 171, 172

B・C

BASIC	090
<i>BLK</i> 遺伝子	170
cDNA	169
CentOS	066
CHD	038
cis-eQTL	175
CKDGEN	236
ClinVar	230
CMS	210
COSMIC	234
CRAN	103
CRP	028, 038
CUI	066
Cygwin	068
C 言語	088

D・E

dbGAP	128
dbSNP	171, 230

Debian	066
DIAGRAM	233
dominant model	157
DRUGBANK	239
EMBL-EBI	229
ENCODE	237
Ensembl	229
eQTL	166
ESP	231
ExAC Browser	231

F・G

<i>f</i>	210
fine-mapping	179
FinnGen	047
for 文	110
FST	209
<i>F</i> 検定	119
<i>F</i> 分布	056
GATK	129
Gene ATLAS	233
Gene ID	092
Genetic Factors for Osteoporosis Consortium	234
GEO database	236
GEUVADIS プロジェクト	168
GGT	036
GIANT	234
GitHub	217
Global Lipids Genetics Consortium	234
Global Urate Genetics Consortium	234
GPU	039
GREP	044, 240
Grimon	238
GSK3B 阻害剤	044
GTEEx Portal	236
GUI	066
GWAS	027, 148
GWAS Catalog	232

H

HaploReg	171, 232
Hardy-Weinberg 平衡	141

HDD	068
Hello world	088
HGNC	228
HipSci	129
HLA	189
HLA-B 遺伝子	189
HLA-C 遺伝子	192
HLA アレル	189
hsa-miR-762	047
Human Genetic Variation Database	237
HWE	141, 156, 189

I

IBD	143
IBD Genetics	235
IBS	143
ICBP	235
if 文	110
iHS	210, 220
IMGT/HLA	189, 230
Import	129, 238
Immunobase	235
imputation	178, 191
imputation 推定精度	184
imputed dosage	201
<i>in silico</i>	022
iPS 細胞	129

J・L

Java	089
LD	181
LD-Hub	233
LDL	038, 043, 179
LDSC	036
Linux	066, 068
LocusZoom	172, 236
Luminex	190

M

macOS	066
MAF	139
MAGIC	233
map ファイル	132, 218
MDS	144, 162, 164

MHC 187
 MICA 193
 MIGWAS 045, 238
 miRBase 229
 miRNA 044
 missing heritability 030
 ML 039
 MR 038
 MR-base 233
 mRNA 166

N・O

NBDC 128, 198
 NCBI 228
 NGS 017, 129, 194
 non-coding RNA 044
 OMIM 232
 OS 066

P

PBMC eQTL browser 237
 PCA 026, 144
 PCSK9 043
 ped ファイル 132
 Perl 090
 PLB1 029
 PLINK 137, 154
 polygenic model 030
 polymorphism 014
 Precision Medicine 019
 PrediXcan 175
 prephasing 187
 PRKCD 031
 Python 090, 092
p 値 058
p 値の誤用 060

Q・R

QC 142
 R 091, 102
 recessive model 157
 Red Hat 066
 ReproGen 235
 RNA-Seq 166, 190
 rsID 172

RStudio 102
 R-Tips 102

S

SAS 102
 SDS 212
 selscan 217
 singleton 212
 SNP 014
 SNP genotype imputation
 153, 178
 SNP ID 158
 SNP2HLA 195
 SNP タイピング 027
 SNP ハプロタイプ 180
 SNP マイクロアレイ 027, 018,
 140, 153
 S-PLUS 102
 SPSS 102
 STITCH 240
 strand 196
 STRING 241
 SuperTarget 239

T

The International Genomics of
 Alzheimer's Project 235
 TOPMed プロジェクト 018
 tped ファイル 218
 trans-eQTL 175
 TTD 239
t 検定 055, 060, 116, 117
t 分布 055

U・V・W・X・Z

UCSC Genome Browser 228
 UK10K 152
 UK バイオバンク 018, 047, 233
 Unix 066
 vcf ファイル 132, 218
 WES 190
 WGS 190
 Windows 066
 WTO 044
 XOH 043

ア行

圧縮 052, 078, 112
 アデニン 012
 アミノ酸配列多型 189
 アミノ酸変異 140
 アルコール代謝 215
 アルツハイマー病 032
 アレル 139
 アレル頻度 139, 149, 184, 204
 アレル頻度差 206
 アロプリノール 190
 安全性 041
 イエイツの補正 061
 一様分布 159
 一卵性双生児 015, 150
 一般化線形混合モデル 064
 一般化線形モデル 064
 一般教書演説 019
 遺伝子クローニング 016
 遺伝子発現 166
 遺伝子発現制御領域 037
 遺伝子発現量の予測式 175
 遺伝子番号 092
 遺伝子変異カテゴリー 211
 遺伝情報 022, 050
 遺伝的多様性 205
 遺伝的背景 026, 036, 148, 214
 遺伝的浮動 205
 遺伝統計学 022, 050
 因果関係 038, 050
 インタプリタ 086, 102
 インデント 095
 インポート 093
 栄養 215
 疫学調査 035
 エクソーム解析 044
 エクソームシークエンス 212
 エストニア 033
 エピゲノム 033
 エラーメッセージ 097, 107
 炎症 028
 エンハンサー 171

- オープンソース……………102
 横断的オミクス解析……………033, 034
 応用性……………051
 大阪大学医学系研究科 遺伝統計
 学分野……………235
 オッズ比……………151
 オブジェクト指向……………088
 オプション……………072, 108
 オミクス解析……………033
 オミクス情報……………129
 オリジナル関数……………110
- カ行**
- 回帰分析……………153
 回帰モデル……………153
 改行コード……………095
 外見……………015
 カイ二乗検定……………056, 060, 116,
 121, 150
 カイ二乗分布……………056
 改正個人情報保護法……………128
 解析パイプライン……………169
 解凍……………078
 書き出し……………112
 核酸創薬……………044
 学習……………041
 確率……………050
 確率密度関数……………054
 家系情報……………132
 家系データ解析……………181
 家系ハプロタイプ推定……………181
 仮説検定……………057
 画像ファイル……………125
 家族性高コレステロール血症
 型……………094
 鎌状赤血球症……………207
 髪の毛の太さ……………210
 環境因子……………150
 感受性領域……………029
 関数……………108
 関節リウマチ……………025, 029, 035, 044,
 152, 166, 180, 187
 乾癬……………038, 192
 観測結果……………050
 ガンマ分布……………120
- 関連解析……………148, 189
 機械学習……………039
 機械語……………086
 棄却……………057
 キサンチン尿症……………043
 希少疾患……………031, 152
 機能性多型……………210
 婦無仮説……………057, 116, 164
 木村の中立説……………205
 究極の個人情報……………041, 128
 行数……………077
 偽陽性……………062
 共変量……………153
 行列……………023, 040, 106
 近縁関係……………143
 グアニン……………012
 区切り文字……………098
 クラスタリング……………144, 162
 繰り返し配列……………014
 グラフ描画……………123
 クローニング競争……………016
 ケースコントロール研究……………149
 経験……………050
 計算リソース……………066
 形質……………148
 形質情報……………022, 025, 050
 形質ファイル……………155
 血液検査値……………033
 結合……………080, 081
 ゲノム……………033
 ゲノム解読……………014
 ゲノムコホート……………036
 ゲノム情報……………012
 ゲノム創薬……………042
 ゲノムの全長……………012
 ゲノムワイド関連解析……………027
 ゲノムワイド水準……………162
 原因遺伝子……………024, 025, 029
 検索……………080
 減数分裂……………014
 検出力……………027, 051, 119, 149, 151,
 179, 223
 検定……………051, 116
 好塩基球数……………179
 効果量……………153
- 好酸球数……………179
 高脂血症……………044
 高密度化……………186
 国際HapMap Project……………015, 128
 個人差……………014
 個人同定……………169
 コスト……………017, 178, 199
 個性……………148
 古代人……………207
 コックラン・アーミテージ検定
 ………………151
 古典的HLA遺伝子……………194
 コピー……………075
 個別化医療……………190
 コホート研究……………149
 コマンド……………066, 070
 コマンドライン引数……………094
 コメントアウト……………160
 コモンバリエント……………030, 158
 コンパイラ……………086
- サ行**
- サーバー……………022, 067
 再現性……………051
 最小値……………109
 最大値……………109
 最頻値……………053
 細胞分裂……………014
 三角関数……………109
 サンガー法……………017
 三次元グラフ……………124
 参照データ……………180
 散布図……………123, 124
 サンプル数……………151, 152
 三葉虫……………207
 ジェノタイプ……………023, 139
 ジェノタイプデータ……………132
 ジェノタイプ頻度……………139, 141
 ジェノタイプファイル……………155
 指数……………109
 次世代シーケンサー……………017, 129
 自然選択説……………205
 自然対数……………109
 時相……………212
 疾患……………148

疾患感受性遺伝子……………030
 疾患感受性遺伝子変異……………180
 疾患と組織の関連……………037
 疾患発症リスク……………148, 161
 疾患罹患情報……………154
 疾患リスクアレル……………167
 シトシン……………012
 脂肪酸代謝……………166
 シミュレーション……………057
 重回帰……………063, 116, 120
 従属変数……………063
 集団構造化……………039, 214
 自由度……………056, 060
 縮重PCR……………016
 主成分分析……………026, 041, 109, 144
 受容体……………029
 寿命遺伝子……………032
 消去……………075
 条件式……………095
 常染色体……………012
 食習慣……………216
 シングルセルRNA-Seq……………129
 人工知能……………039
 人種……………015
 深層学習……………039
 身長……………037, 213
 深度……………213
 膵臓組織……………034
 数値計算……………104
 スピアマンの順位相関係数……………117
 スプライシングパターン……………168
 正確確率検定……………061, 116
 正規分布……………054
 制御性T細胞……………037
 性染色体……………012
 精度……………041, 181
 精密配列……………014
 世界保健機構……………044
 摂食中枢……………034
 絶対値……………109
 線形回帰……………063, 120, 153, 162
 線形モデル……………064
 全ゲノム関連解析……………148
 染色体……………012
 染色体数……………012

選択……………205
 選択圧……………015, 204, 205
 選択圧解析……………207
 相関関係……………062
 相関関係の検定……………116
 相関係数……………062
 創薬……………041, 129
 創薬コスト改善……………044
 創薬データベース……………044
 添字……………105
 組織特異的eQTL解析……………166
 存在確率……………181
 ソースコード……………086

タ行

ダーウィン……………205
 対応のある2標本のt検定……………118
 対応のない2標本のt検定……………117
 対照群……………032
 大数の法則……………053
 対立仮説……………057
 ダウンロード……………082
 多型……………014
 多国籍化……………186
 多サンプル化……………186
 多次元尺度構成法……………144
 多重検定……………051
 多重検定補正……………059
 多層的オミクス解析……………033
 ダブルチェック……………116
 単一集団……………210, 211
 単回帰……………063, 116
 第一種の過誤……………062
 代入……………104
 小さいp値……………051
 チミン……………012
 中央値……………053, 109
 中心極限定理……………054
 中立進化説……………205
 調査……………050
 治療適応疾患……………044
 テーブル……………106
 データ可視化……………102
 データ処理層……………039
 ディープラーニング……………039

適応進化……………207
 テキストファイル……………067
 手続き型……………088
 添付文書……………190
 統計……………050
 統計検定……………057, 116
 統合失調症……………035
 糖尿病……………034, 149
 等分散の検定……………056, 116
 等分散を仮定した対応のない
 2標本のt検定……………118
 特殊文字……………075
 突然変異……………204
 独立変数……………063
 ドライ……………022
 ドラッグ・リポジショニング……………044
 ドラフト配列……………014

ナ行

乳糖分解酵素ラクターゼ遺伝子
 ……………222
 尿酸……………043
 ネアンデルタール人……………206
 ノックアウトマウス……………033

ハ行

バーチャルな介入実験……………042
 配列……………104
 バイアス補正……………153
 バイアレル多型……………189
 バイオマーカー……………029
 バイトコード……………087
 バイナリ形式……………112
 バグ……………087
 箱ひげ図……………124
 バセドウ病……………038, 193
 バックアップ……………076
 パッケージ……………092, 103
 白血球の血液型……………039, 187
 ハプロタイプ phasing……………218
 ハプロタイプ情報……………218
 ハプロタイプ頻度……………184
 引数……………092
 非古典的HLA遺伝子……………194
 久山町研究……………149

ヒストグラム	123, 124, 162
ヒット化合物	041
ヒトゲノム	014
ヒトゲノムデータ	128
肥満	034
表現型	148
表現型ファイル	155
表示	080, 081
標準出力	074, 096
標準正規分布	054
標準配列	014
標準偏差	053, 109
標本集団	052
標本数	053
貧血	026
病理画像	041
ピアソンの相関係数	117
ファイルハンドル	095
ファイルパス	114
フィッシャーの正確確率検定	122
フィルタリング処理	141
フェノタイプ	148
フェノーム	033
フェブキソスタット	043
副作用	043
複数集団	209, 210
双子研究	150
分割表	060
分割表検定	150
分散	053
分散分析	056
プラットフォーム	087
プログラミング	086
プロテオーム	033
プロビット曲線	064
平均値	053, 109
ベクトル	104, 106
ヘモグロビン	026
ヘルシンキ宣言	128
変異	014
変数	094, 104
ポアソン分布	056, 120
補完	074
北方適応	213
本土クラスター	026, 214
棒グラフ	124
母集団	052
ボンフェローニ補正	059
マ行	
マイクロRNA	044
マイクロサテライト	014
マイナーアレル	139
マラリア	207
マルチアレル多型	189, 195
マルチスレッド計算	217
マンハッタンプロット	161, 170
命題	057
メタアナリシス	179
メタボリックシンドローム	047
メンデル型希少疾患	043
メンデルの遺伝の法則	024
文字化け	081
モジュール	093
文字列	097, 104
モデルマウス	042
ヤ行	
ユーザーインターフェース	066
有意	058
有意水準	058
有効性	041
優性遺伝形式	157
要素	096
読み込み	112
余命	032
ラ・ワ行	
罹患者集団	149
リガンド	029
離散性	161
リスクSNP	167
リスト	106
琉球クラスター	026, 214
量的効果	166
理論分布	054
臨床検査項目	028
臨床検査値	215
倫理審査委員会	128
累積分布関数	054
レアバリエント	030, 181, 212
劣性遺伝形式	157
連結	097
連鎖解析	024, 132, 189
連鎖不平衡	173, 181
ログファイル	067
ロジスティック回帰	063, 116
ロジスティック回帰分析	120, 153, 156
ロジスティック分布	120
ロジット曲線	064
ワイルドカード	077