

# 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**

XP-EHH ..... 210  
 Z 値 ..... 220  
 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	043 094
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
キサントニン尿症	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
<b>マ行</b>	
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
<b>ヤ行</b>	
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
<b>ラ・ワ行</b>	
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