

バイオインフォマティクス技術者認定試験 出題範囲主要キーワード一覧

生命科学分野	
生物学基礎	細胞(細胞、細胞内小器官、真核生物、原核生物)、細胞周期(体細胞分裂、減数分裂)、遺伝学(メンデルの法則、連鎖、Hardy-Weinbergの法則)
分子生物学	セントラルドグマ、複製(DNA)、転写(RNA、遺伝子発現、逆転写、スプライシング)、翻訳(タンパク質、tRNA、リボソーム、遺伝暗号、二次構造、三次構造、四次構造、翻訳後修飾)、シグナル伝達(受容体、シグナル変換)
バイオテクノロジー	ゲノム(ショットガン法)、トランスクリプトーム(マイクロアレイ)、プロテオーム(質量分析、二次元電気泳動、酵母ツーハイブリッド法)、立体構造決定(X線結晶構造解析、NMR、電子顕微鏡)
情報科学分野	
コンピューターシステム	二進数、論理演算(論理積、論理和、排他的論理和)、数値演算(浮動小数点数、丸め誤差、桁落ち)、プログラミング言語(C言語、Perl言語)、ネットワーク(OSI参照モデル、IPアドレス)、マークアップ言語(HTML、XML)
アルゴリズム	データ構造(スタック、キュー、リスト、木構造)、探索(二分探索、ハッシュ表、木探索)、ソーティング、文字列比較
データベース技術	3層スキーマ構造、データモデル(階層型、リレーショナル型)
確率・統計	確率分布・確率変数(母集団、標本、独立性、ベイズの定理)、データ解析(平均、分散、相関、回帰)、推定・検定(点推定、区間推定、帰無仮説、対立仮説、有意水準)
機械学習	決定木、k-最近接近傍法、ニューラルネットワーク、サポートベクターマシン、感度、特異度、クロスバリデーション法、クラスタリング、K-平均法、自己組織化マップ(SOM)
バイオインフォマティクス	
分子生物学データベース	文献DB(PubMed)、ゲノムDB、核酸配列DB、アミノ酸DB、モチーフDB(モチーフライブラリー)、立体構造DB、代謝パスウェイDB、多型DB、発現DB、アノテーション、遺伝子オントロジー(Gene ontology)
配列解析	アライメント(動的計画法(dynamic programming)、スコアテーブル、ギャップペナルティ、ローカルアライメント、グローバルアライメント、Smith-Waterman法、ペアワイズアライメント、マルチプルアライメント、累進法(ツリーベース法)、ClustalW、HMM(隠れマルコフモデル)、相同性検索(FASTA、ハッシング、BLAST、有限オートマトン、PSI-BLAST、位置特異的スコア行列(PSSM)、プロファイル比較)、モチーフ解析(正規表現、重み行列)、分子系統解析(オーソログ、パラログ、距離行列法、UPGMA、近隣結合法(N-J法)、最節約法、最尤法、同義置換、非同義置換)、タンパク質機能予測(膜貫通部位予測、細胞内局在部位予測)、RNA二次構造予測
タンパク質立体構造解析	立体構造表現(コンタクトマップ、ラマチャンドランマップ)、構造比較(重ね合わせ、RMSD、構造アライメント、構造モチーフ、構造分類)、タンパク質二次構造予測、立体構造予測(ホモロジーモデリング、フォールド認識、スレディング、3D-1D法)
ゲノム解析	遺伝子発見(ORF(open reading frame)、スプライシング解析、プロモータ解析、偽遺伝子)、ゲノム特徴抽出(繰り返し配列発見、転写因子、SSR(simple sequence repeat)、GC含量、コドン使用頻度)、ゲノム比較(ゲノムアライメント、編集距離、系統プロファイル法、ロゼッタストーン法、遺伝子並び順の保存、遺伝子の水平伝搬、多型マーカー(SNP、マイクロサテライト、VNTR、RFLP、HLAタイプ)
トランスクリプトーム解析・プロテオーム解析	遺伝子発現クラスタリング、遺伝子ネットワーク推定(ブーリアンネットワーク、ベイジアンネットワーク)、タンパク質相互作用解析
パスウェイ解析・システム生物学	ネットワーク解析(スケールフリー、ハブ、ネットワークモチーフ)、動的シミュレーションとシステム解析(微分方程式、ロバストネス、フィードバック、フィードフォワード、感度解析、安全性解析、代謝流束解析)