

医学セミナー・第 11 回分子遺伝疫学セミナー
ゲノム医科学リサーチユニットセミナー
免疫難病リサーチユニットセミナー

疾患感受性遺伝子多型の探し方

～Candidate gene approach strikes back～

講師：櫻井 大祐 先生

(東京医科歯科大学 難治疾患研究所 分子病態分野)

日時：平成 26 年 1 月 28 日 (火) 17:00-18:15

会場：イノベーション棟 8 階講堂

ヒトゲノムプロジェクトの終了宣言から約 10 年が経ち、その後の科学技術と遺伝統計学の目覚ましい発展により、全ゲノム関連解析や次世代シーケンサーによる全ゲノム解析による華々しい研究報告が一流誌を飾るようになって久しい。近年、次世代シーケンサーの技術革新およびコストダウンは著しく、エクソーム解析においては\$1000 ゲノム計画が現実のものとなり、一般の研究室においても解析手法の一つとして現実的な選択肢の一つになってきた。

論文や学会等で公表されるこれら全ゲノム解析のデータやそこから導き出される研究結果は美しく明快な結論を語っているが、現実問題としてこれらの遺伝統計解析単独では表現型や疾患の原因である多型や変異を同定することは不可能である。種々のデータベースに情報が蓄積されバイオリソースも整備されてきた今日、本セミナーでは全ゲノム解析を安易におこなうのではなく、研究者の知識と経験が真に試される候補遺伝子アプローチの復権を訴えたい。

我々が候補遺伝子アプローチによって全身性エリテマトーデスの疾患感受性遺伝子多型を特定した例や、次世代シーケンサーによる変異解析や RNA-seq の実際の例を紹介しながらそれぞれの研究手法の長所、短所を吟味し、疾患関連遺伝子のより良い解析手法について皆様と議論できれば幸いである。

連絡先：医学医療系 分子遺伝疫学研究室
土屋尚之(tsuchiya@md.tsukuba.ac.jp)