

# 第3回 疾患バイオリソースセンターセミナー

下記によりセミナーを開催しますので、多数御来聴下さい

記

日 時:平成 25 年 12 月 10 日 (火) 18:30～19:30

場 所: M&D タワー2 階 共用講義室 2

演 者: 岡田 随象先生

(東京医科歯科大学 医歯学総合研究科 疾患多様性遺伝学分野 講師)

演 題: 遺伝統計解析を通じた疾患病態解明・ゲノム創薬への展望

要 旨: ヒトゲノム配列が解読されてから 10 年が経過し、数千人～数万人規模のサンプルにおける遺伝情報が得られる時代となった。これらの膨大な遺伝情報に対し、ゲノムワイド関連解析や次世代シーケンサーに代表される遺伝統計解析を通じて、多数の疾患感受性遺伝子が同定されてきた。また、得られた疾患感受性遺伝子を多彩な生物学的データベース (eQTL、ヒストン修飾、蛋白質間相互作用ネットワーク、癌体細胞変異、サイトカインパスウェイ、ノックアウトマウス等) や創薬ターゲット遺伝子群と網羅的に照合することにより、疾患病態の解明やゲノム創薬に貢献できることが明らかになりつつある。本セミナーでは、関節リウマチや肥満、腎機能指標といった形質を対象に、国際共同研究を通じて我々が行ってきた遺伝統計解析の成果を紹介したい。

連絡先: 疾患バイオリソースセンター

田中 敏博 (内線 4660) [ttana.brc@tmd.ac.jp](mailto:ttana.brc@tmd.ac.jp)