

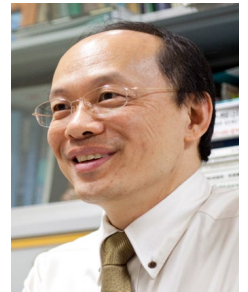
シグナル伝達医学講演会/先端医学トピックス

# Complex disease 関連遺伝子 探索研究の進展

Advances in whole-genome search for complex  
disease associated genes

徳永 勝士 先生

東京大学大学院医学系研究科  
人類遺伝学分野 教授



日時

平成30年11月15日 (木)

17:00~18:30

場所

外来診療棟 4階 A講義室

<講演要旨>

我々はさまざまなcomplex disease (多因子疾患) の発症感受性や薬剤・治療応答性に関する国内・国際多施設共同研究に参加し、GWAS (ゲノム全域関連解析) などによる遺伝要因の探索を実施してきた。最近の解析法の進展とその応用例を紹介したい。

(1) 日本人に適したSNP arrayによる解析と大規模全ゲノムシーケンスデータに基づく genome-wide imputationによって、疾患関連遺伝子の同定効率が上昇した。(2) 多くの免疫系疾患の最も強い遺伝要因であるHLA多型をSNP array dataから高精度に推定するHLA imputationによって、HLA-疾患関連の詳細な解析が容易になった。(3) NGSを用いるタイピング法が開発され、従来ほとんど解析されなかったHLA遺伝子を含めて詳細なHLA多型データが得られるようになった。WESやWGSデータからのHLA callingの精度も上がっている。(4) GWASデータから遺伝率を推定する方法が進展している。polygenicモデルの適用によって新たな遺伝要因が同定され、個人の遺伝的リスクの推定精度も上がった。

これらの進展について、感冒薬に関連するスティーブンス・ジョンソン症候群、B型/C型肝炎ウイルス関連疾患、原発性胆汁性胆管炎、小児ネフローゼ症候群などへの応用と成果を紹介したい。

【担当】 分子細胞生物学分野 教授 鈴木 聡 (内線: 6052)

【主催】 シグナル伝達医学研究展開センター

【連絡先】 研究支援課研究企画係 (内線 5195)

E-mail: k9shien@med.kobe-u.ac.jp