



東北大学グローバルCOE

第5回

Network Medicine特論

講義のお知らせ

布施 昇男 博士

(東北メディカルメガバンク機構ゲノム解析部門・教授)

common diseaseの原因遺伝子の探索

日時: 7月12日(木)17時30分

場所: 医学部5号館201号室

ヒトゲノムプロジェクトの成果としてヒトゲノム配列が明らかにされ、遺伝子もしくはタンパクといった人体を構成する要素が明らかとされた。それ以降、ゲノム情報とその解析技術の革新は臨床医学のパラダイムを変えつつある。Common diseaseである2型糖尿病、心筋梗塞、慢性関節リウマチ、気管支喘息、緑内障などが、多因子疾患感受性遺伝子と環境因子が関与すると考えられている。

ヒト疾患のゲノム研究は、従来のメンデル遺伝性疾患を対象とした連鎖解析から、多因子疾患を対象にした罹患者集団の一塩基多型SNPなどの多型マーカーによるGenome-Wide Association Study (GWAS)へと発展してきた。また、近年では次世代シーケンサーを用いた、エクソーム解析、全ゲノム解析へと進んできている。今回は、おもに眼科疾患を例にとり、Common diseaseの原因遺伝子の探索の現状について考察する。またメディカルメガバンク構想では、大規模ゲノムコホート研究と、個別化医療等の次世代医療体制の構築を目指すことを主たる目的としているが、今後の全ゲノム解析について考察してみたい。

Network Medicine特論では、最新のNetwork Medicine研究を紹介しています。最新の医学研究を理解するために必要な知識を多くの学生・教員間で共有したいと思います。

Network Medicine特論は医学履修課程の大学院講義です。受講学生は履修簿を持参し、修了後にサインを受けること。聴講は自由大歓迎です。皆さん是非ご参加ください。

拠点リーダー 岡 芳知 / 担当 中山 啓子(内線8227)