

平成24年度がん診療連携拠点病院機能強化事業
共催：筑波大学附属病院病理部/総合がん診療センター

がん医療従事者セミナー 2012年11月15日(木)18時～
イノベーション棟8階講堂

全ゲノム解析による 医科学研究の急進展と未来

角田 達彦 先生

理化学研究所 ゲノム医科学研究センター
グループディレクター

全ゲノム解析に基づく新たな医科学の方法論が急展開してきた。我々の2002年の世界初のゲノムワイド関連解析[1]、2004年の連鎖不平衡地図の初構築[2]、そして国際HapMapプロジェクト参画による疾患研究のためのSNPセット選定[3]・商用チップ搭載に牽引され、2007年、世界でゲノムワイド関連解析が爆発的進展を見せた。東大医科研・理研はそれに先駆け2003年BioBank Japanプロジェクトを発足、疾患関連遺伝子および治療法選択マーカーを探索、世界のトップ機関とし成果を報告し続けてきた。さらに次世代シーケンサーにより、個人のゲノムが高速・低コストで解読可能になった。我々は世界初の日本人の全ゲノム解読と多様性の包括的な解析結果を[4]、また27症例の肝がんゲノム上の変異の網羅的な解析結果を[5]報告した。近未来の医科学研究とオーダーメイド医療の実現には、大規模バンクとコホート、体系的網羅的かつ多階層の観測技術と解析手法の進展に加え、未知変量の探索・推定や、予測などのための高次元数理推論体系が必須である。

[1] Ozaki, K., *et al.* Functional SNPs in the lymphotoxin- α gene that are associated with susceptibility to myocardial infarction. *Nature Genetics*, **32**, 650-654 (2002).

[2] Tsunoda, T., *et al.* Variation of gene-based SNPs and linkage disequilibrium patterns in the human genome. *Human Molecular Genetics*, **13**, 1623-1632 (2004).

[3] The International HapMap Consortium. A second generation human haplotype map of over 3.1 million SNPs. *Nature*, **449**, 851-862 (2007).

[4] Fujimoto, A., *et al.* Whole genome sequencing and comprehensive variant analysis of a Japanese individual using massively parallel sequencing. *Nature Genetics*, **42**, 931-936 (2010).

[5] Fujimoto, A., *et al.* Whole Genome Sequencing of Liver Cancers Identifies Etiological Influences on Mutation Patterns and Recurrent Mutations in Chromatin Regulators. *Nature Genetics*, **44**, 760-764 (2012).

事前申込不要

お問い合わせ先
筑波大学附属病院 総合がん診療センター
〒305-8576 つくば市天久保2-1-1
TEL:029-853-8096 FAX:029-853-3404
E-Mail:ccc@un.tsukuba.ac.jp