



第 7 回

テニユアトラック教員支援セミナー

日時：2013年5月16日(木) 17:30～18:30

場所：臨床講堂 第二

演者：鎌谷直之 先生

所属：東京女子医科大学 膠原病リウマチ痛風センター客員教授
スタージェン会長

タイトル：「大規模ゲノム解析情報処理」

要旨：一つの種の、世代を超えて伝えられる生物学的情報のワンセットを「ゲノム」と呼ぶ。ゲノム情報はDNAの4種類のヌクレオチド配列として保存されている。ヒトゲノムは約30億個あり、現在はそのすべての配列を機械で読むことができるようになっている。ゲノムは体内のすべての蛋白質のアミノ酸情報を含むとともに、個人の性質(表現型)の違い(形質)に影響を与えている。形質とゲノムの配列の関係が現在さかんに研究されるようになっている。遺伝病などの形質は連鎖解析と言う遺伝統計学的解析手法によりゲノム配列と対応させることができる(形質マッピング)。多因子病や、薬物反応性に関係するゲノム配列はゲノムワイド関連解析(GWAS)という方法により対応させることができる。連鎖解析に用いられたゲノム配列の場所の数は300 - 500、GWASに用いられたマーカーの数は10 - 250万個であるが、最近では全ゲノム配列(30億個)、全エキソーム配列(5千万個)が個人から得られるようになり、その大規模ゲノム情報解析手法は複雑になってきた。

公開セミナーです。ぜひご参集ください

■お問い合わせ

統合医科学研究所 古川 徹(内線29675) furukawa.toru@twmu.ac.jp

総合研究所 竹宮孝子(内線30425) takakot@lab.twmu.ac.jp