

研究可能テーマ

研究可能テーマ	研究指導者	受け入れ可能院生数
<p>(1)がんの分子病態解明を基盤とする分子診療法の開発                      がんの病態は複雑な分子機構で成り立っている。その病態を主として担うのは信号伝達経路の異常であるが、幾重にも重なった制御機構とクロストークにより極めて複雑なネットワークを形成しており、未解明の部分が大きい。がんの分子病態を詳細に解析することによりがん発生進展の分子機構を解明し、がんの予防、診断、治療に有用な情報を明らかにして、それを応用した分子診療法を開発する。</p>	<p>赤川准教授 古川客員教授</p>	<p>1</p>
<p>(2)大規模ゲノム解析による疾患分子機構の解明                      疾患感受性遺伝子の同定はこれまでは主として連鎖解析や構造異常領域を指標としたポジショナルクローニング法や候補遺伝子アプローチ法により行われてきた。ごく最近になり次世代型シーケンサーと呼ばれる超ハイスループットなDNA塩基配列解析装置が開発され、1施設におけるヒトゲノムの全塩基配列解明が現実的に可能となった。本分野ではこのような機器を利用した最先端のゲノム解析技術に基づく疾患分子機構の解明をすすめ、臨床診療に有用な情報を明らかにする。</p>	<p>赤川准教授 古川客員教授</p>	<p>1</p>
<p>(3)疾患iPS細胞を用いた疾患病態研究                      パーキンソン病やアルツハイマーなどの遺伝的な神経疾患のほとんどは脳が主な病変となる慢性疾患であるため、画像診断や遺伝子診断によって診断が確定されているのが現状である。しかし、画像診断による確定診断には限界があり、遺伝子診断における診断も遺伝的多様性のある疾患については容易ではない。そこで本研究では、そのようなバイオブシーすることが困難な臓器が冒される難病を対象として、疾患患者から疾患特異的iPS細胞を作成し、特定臓器の細胞に分化させ、病態を解析する研究を行う。</p>	<p>山本准教授</p>	<p>1</p>
<p>(4)ゲノムコピー数と疾患感受性との関連に関する研究                      ゲノム上には人によってコピー数が異なる領域が多く存在していることが明らかになってきた。多くの遺伝子はコピー数の違いが表現型に影響することはないが、一部の染色体領域は、先天性疾患や生活習慣病、癌などの発症との関連が示唆されている。本研究では、ゲノムコピー数と疾患感受性との関連、さらにはそのようなゲノムコピー数多型が引き起こされるメカニズムについて研究する。</p>	<p>山本准教授</p>	<p>1</p>
<p>(5)網羅的ゲノムシーケンスとバイオインフォマティクス解析による疾患遺伝子の研究                      近年、次世代型シーケンサーおよび様々な情報解析技術の進歩により、メンデル遺伝病の原因遺伝子座が次々に特定されている。糖尿病や脳卒中などの生活習慣病に代表される多因子遺伝性疾患についても、疾患発症に大きな効果で寄与する低頻度な機能的バリエーションの特定が期待されている。本研究では、患者ゲノムの網羅的シーケンスにより得られる膨大なデータからバイオインフォマティクスを駆使して疾患発症に寄与するバリエーションを特定する。さらにそのバリエーションによりもたらされる遺伝子の機能変化を解析し、病態の解明や新たな診断・治療法の開発を目指す。</p>	<p>赤川准教授</p>	<p>1</p>