

第84回 未来医療セミナー

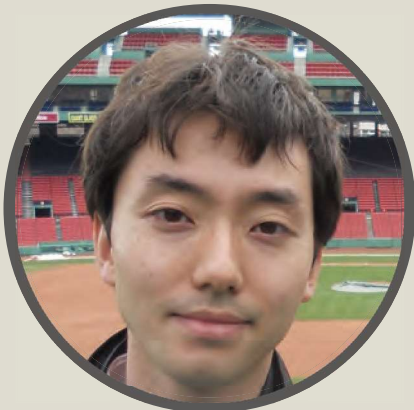
2014.12/4
18:00-19:00

大阪大学吹田キャンパス
最先端医療イノベーションセンター
1F マルチメディアホール

大規模ヒトゲノム解析が明らかにしたこと ～疾患病態解明と新規創薬への挑戦～

岡田 随象

東京医科歯科大学 大学院医歯学総合研究科
テニュアトラック 講師



ヒトゲノム配列が解読されてから10年が経過し、数千人～数十万人規模のサンプルにおける遺伝情報が得られる時代が到来した。これらの膨大な遺伝情報に対する大規模ヒトゲノム解析を通じて、多数のヒト疾患の発症に関わる遺伝子が同定されてきた。また、得られた疾患関連遺伝子を多彩な生物学・医学データベースや創薬ターゲット遺伝子群と横断的に照合する遺伝統計解析により、新たな疾患病態の解明や、ドラッグ・リポジショニングを通じた新規創薬に貢献できることが明らかになりつつある。本セミナーでは、様々なヒト疾患を対象に我々が行ってきた遺伝統計解析の成果を紹介すると共に、ヒトゲノム解析の今後の展望について述べたい。

主催：未来医療交流会
共催：文部科学省橋渡し研究加速ネットワークプログラム
大阪大学「TR実践のための戦略的高機能拠点整備」
後援：大阪大学大学院医学系研究科
大阪大学医学部附属病院未来医療センター
大阪大学臨床医工学融合研究教育センター
厚生労働省早期・探索的臨床試験拠点整備事業

お問い合わせ：
大阪大学医学部附属病院未来医療センター
ctr.osakauniv@dm.med.osaka-u.ac.jp

<http://www.hp-mctr.med.osaka-u.ac.jp>