
第 12 回 バイオインフォマティクス分野講演会

「ヒト全ゲノムデータ解析技術開発と バイオバンク解析による疾患リスクの解明」

小嶋 将平 先生



理化学研究所 生命医科学研究センター 基礎科学特別研究員

バイオバンクの大規模ヒトゲノムデータは、疾患の遺伝素因の研究基盤である。これまでゲノムワイド関連解析（GWAS）やeQTL解析といった遺伝統計解析により、多くの遺伝的な疾患リスクが明らかとなってきた。これらの解析には多くの場合、一塩基多型が用いられる。一方、長鎖配列の挿入や欠損である構造多型は検出が技術的に難しく、遺伝統計解析にはほとんど用いられてこなかった。そこで我々は全ゲノムシーケンスデータから構造多型を検出する手法を開発し、バイオバンク解析に取り入れることで、見過ごされてきた疾患リスクを明らかとしてきた。本セミナーでは我々の技術開発や研究成果とともに、疾患ゲノム解析の潮流についてもご紹介する。

日時：2024 年 11 月 21 日 [木] 16:00-16:45

場所：筑波大学 健康医科学イノベーション棟 1F 105 室

Zoom 配信あり（参加登録したメールアドレスに接続情報をお送りします）

発表言語：日本語（スライド言語は英語）

対象者：教職員・学生・他機関・企業等、どなたでも参加いただけます

参加登録：<https://forms.gle/bdMc1Fhm82Huyat29>

主催：筑波大学 医学医療系 生命医科学域 バイオインフォマティクス研究室

お問い合わせ：haruka.ozaki@md.tsukuba.ac.jp

<https://sites.google.com/view/ozakilab-jp/seminar>