

課題名(タイトル):genetic analyses for personalized medicine

利用者氏名:○寺尾 知可史(1)、富塚 耕平(1)

理研における所属研究室名:

(1) 生命医科学研究センター ゲノム解析応用研究チーム

1. 本課題の研究の背景、目的、関係する課題との関係
ヒトゲノム計画のあと、一塩基多型を対象とした DNA マイクロアレイや、シーケンス技術の発達により、全ゲノム関連解析はヒト形質の遺伝的基盤の解明に大きく貢献してきた。一方で、ゲノム関連解析結果を個別化医療に応用するまでには至っていない。ここには、ゲノム解析結果を用いた予測の上限は遺伝率となること、原因多型、原因遺伝子の特定が容易でないことが挙げられる。本研究では、日本人大規模データやヨーロッパ人大規模データを解析し、上記の問題点解決に取り組む。具体的には、遺伝率では捉えきれない遺伝子発現を含む動的因子をモデルに組み入れ、原因多型としての稀な多型や構造多型、原因多型や遺伝子を予測する機械学習を用いて、個別化医療実装のための研究を行う。

2. 具体的な利用内容、計算方法

3. 結果

4. まとめ

5. 今後の計画・展望

6. 利用がなかった場合の理由

予定の作業の優先度が下がり、研究室内計算リソースにて計算が完了したため、本年度の利用は見送った。