

# <はじめに>

コーディネーター：

大阪大学大学院医学系研究科 遺伝統計学 教授

おかだ ゆきのり  
岡田 随象

ゲノム配列解読技術の著しい発達により、大容量のヒト疾患ゲノムデータが出力される時代が到来している。最新型の次世代シーケンサーでは、ヒトゲノム全配列の解読が1サンプルあたり 1000 ドルのコストで実施可能となり、ヒトゲノム解析が新たなステージへ進んだこと象徴している。ゲノム情報に基づく解釈結果を治療方針へと反映する、個別化医療の試みも広く開始されている。これまでは研究者のコミュニティーに閉ざされていたゲノム情報の、社会への還元が加速している。

一方で、一次的な解析処理を施され蓄積された大容量のゲノム配列情報を適切に解釈し、社会還元するためのデータ解析学問へのニーズが高まっている。特に、疾患ゲノムデータに基づき創薬を促進する「ゲノム創薬」の方向性については、見解が定まっていない。

本セミナーでは、最先端の疾患ゲノムデータを駆使した活動を進めている新進気鋭の研究者に集まって頂き、これからのゲノム創薬のありかたについて議論を深める場としたい。