

疾患ゲノム解析によるデータ駆動型創薬

開催日時 2017年11月28日(火) 10:00~15:40

開催場所 千里ライフサイエンスセンタービル 5F 山村雄一記念ライフホール

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 岡田 随象

国立がん研究センター研究所 分子腫瘍学 分野長 片岡 圭亮

趣旨：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を象徴している。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。

プログラム

① 遺伝統計学に基づく疾患病態解明とゲノム創薬

・岡田 随象 (大阪大学大学院医学系研究科 遺伝統計学 教授)

② 骨髄異形成症候群におけるゲノム異常の獲得パターンとその臨床的意義

・牧島 秀樹 (京都大学大学院医学研究科 腫瘍生物学講座 講師)

③ 大規模メタボロミクスデータのゲノム解析による疾患バイオマーカー探索

・鎌谷 洋一郎 (京都大学大学院医学研究科附属ゲノム医学センター 准教授)

昼食休憩

④ 脳腫瘍のゲノム解析から端緒する創薬への道筋

・夏目 敦至 (名古屋大学大学院医学系研究科 脳神経外科 准教授)

⑤ Quantifying structural and functional convergence in immune cell receptor repertoires.

・Daron M Standley (大阪大学微生物病研究所 遺伝子情報実験センター ゲノム情報解析分野 教授)

⑥ 様々な悪性腫瘍で認められるPD-L1 ゲノム異常とその治療標的としての可能性

・片岡 圭亮 (国立がん研究センター研究所 分子腫瘍学 分野長)

定員

200名(申込順) 参加費 無料

申込要領

氏名、所属、〒(連絡先)住所、電話番号を明記の上、E-mailでお申し込み下さい。事務局より参加証をE-mail添付で送付します。(当日、受付でご提示願います)

申込先

公益財団法人千里ライフサイエンス振興財団 セミナーJ4事務局
〒560-0082 豊中市新千里東町1-4-2 千里ライフサイエンスセンタービル 20階
E-mail: { [HYPERLINK "mailto:tnb@senri-life.or.jp"](mailto:tnb@senri-life.or.jp), TEL: 06-6873-2001, FAX: 06-