

講座名（専門科目名）	ゲノム生物学講座	教授氏名	岡田 随象
学生への指導方針	ゲノムデータ解析の理論と実践を指導します。		
学生に対する要望	やる気と自主性を持って研究に取り組むことのできる学生を希望します。		
問合せ先	(Tel) 06-6879-3971 (Email) office@sg.med.osaka-u.ac.jp	担当者	岡田 随象
その他出願にあたっての注意事項等			

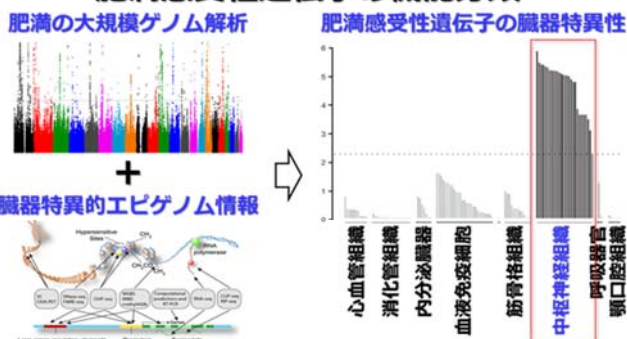
(以下教室紹介)

遺伝情報と形質情報の結びつきを統計学の観点より評価する学問である、「遺伝統計学」を専門としています。ゲノム解読技術の著しい発展により、大容量のゲノムデータが得られる時代が到来しています。得られたデータを適切に解釈し、社会還元していく過程において、遺伝統計学は重要な役割を果たしています。

当教室では、ヒトの遺伝情報の解析や新たな遺伝統計解析手法の開発を通じた、疾患病態の解明、ゲノム創薬、個別化医療の確立を目指しています。国際共同研究を通じて大規模ゲノム解析を実施し、多彩なヒト疾患における新規感受性遺伝子を同定してきました。遺伝統計解析により大規模ゲノム解析の成果と多彩な生物学・創薬データベースを横断的に統合することで、新規ゲノム創薬やバイオマーカー同定にも取り組んでいます。

遺伝学、統計学、臨床医学、情報学といった複数の学問領域に渡る専門性が求められることもあり、我が国では遺伝統計学の専門家が少ない状況にあります。遺伝統計学を標榜する数少ない教室の一つとして、若手研究者や学生を対象とした人材育成にも取り組んでいます。

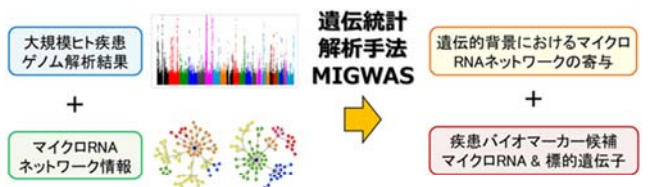
### 肥満感受性遺伝子の機能分類



・肥満の大規模ゲノム解析と臓器特異的なエピゲノム情報の統合により、「脳疾患としての肥満」が明らかに。

(Locke AE et al. *Nature* 2015, Finucane HK et al. *Nature Genetics* 2015)

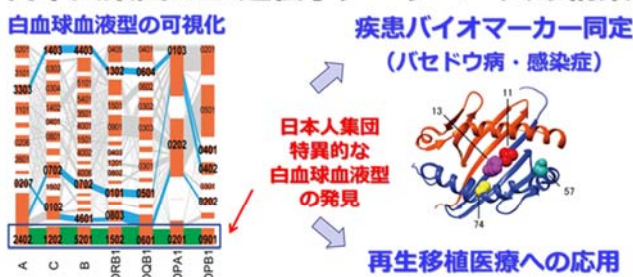
### 疾患ゲノム+miRNAネットワーク=核酸創薬



- ・大規模ヒト疾患ゲノム情報に基づいてマイクロRNAのインシリコスクリーニングを行う遺伝統計解析手法「MIGWAS」を開発。
- ・20疾患、200万人のゲノム研究の成果を再解析し、**マイクロRNAネットワークの疾患発症への関与**を明らかにした。
- ・**核酸創薬リソース**となるマイクロRNAのリストが出力可能。

(Okada Y et al. *Scientific Reports* 2016)

### 日本人集団HLA遺伝子データベースの構築



- ・HLA遺伝子配列(白血球の血液型)のデータベースを構築。日本人集団に特異的な白血球の血液型の存在を明らかに。
- ・疾患バイオマーカーの同定 (HLA imputation法) や、再生移植医療 (iPS細胞他家移植HLAホモドナー樹立) への応用。

(Okada Y et al. *Nature Genetics* 2015)

### ゲノム解析によるドラッグ・リポジショニング



- ・既存の治療薬の他の疾患への適用拡大(ドラッグ・リポジショニング)が、新規創薬のコスト改善に貢献すると注目されている。
- ・疾患感受性遺伝子を直接標的とした治療薬に注目することで、ドラッグ・リポジショニング候補探索が効率化できることを報告。
- ・**GSK3B阻害剤**(2型糖尿病)や**CDK4/6阻害剤**(関節リウマチ)を同定

(Imamura M et al. *Nature Communications* 2016. Okada Y et al. *Nature* 2014)