

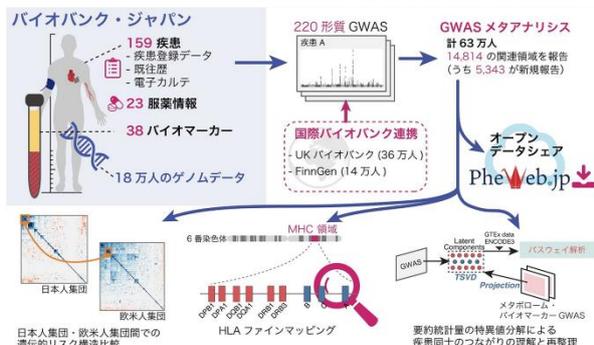
講座名（専門科目名）	ゲノム生物学講座・遺伝統計学	教授氏名	岡田 随象
学生への指導方針	ゲノム・オミクスデータ解析の理論と実践を指導します。		
学生に対する要望	自主性と協調性を持って研究に取り組むことのできる学生を希望します。		
問合せ先	(Tel) 06-6879-3971 (Email) office@sg.med.osaka-u.ac.jp	担当者	岡田 随象
その他出願にあたっての注意事項等			

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・オミクス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。遺伝統計解析や機械学習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。

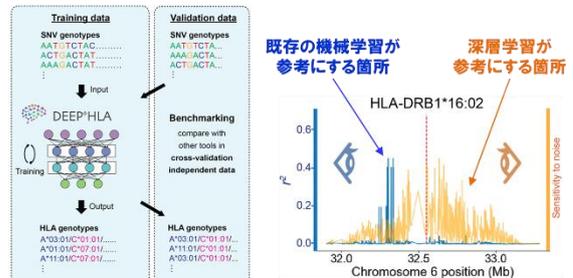
遺伝学、統計学、臨床医学、情報学、人工知能学といった複数の学問領域に渡る専門性が求められることもあり、我が国では遺伝統計学の専門家が少ない状況にあります。遺伝統計学を標榜する数少ない教室の一つとして、若手研究者や学生を対象とした人材育成にも取り組んでいます。

### 国際バイオバンク連携によるGWASメタ解析



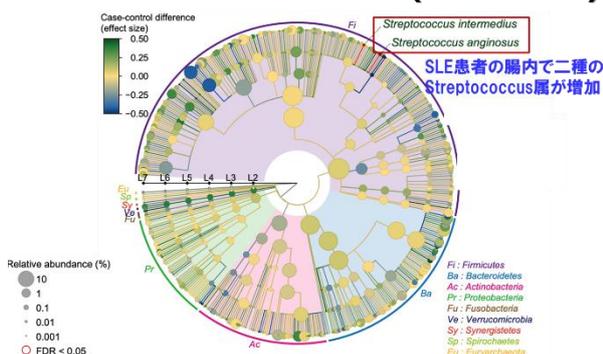
- 国際バイオバンク連携63万人・220形質のGWASメタ解析を実施。
- GWAS統計量を <https://pweb.jp/> にて一般公開中。  
(Sakaue S and Kanai M et al. *Nat Genet* 2021)

### ヒト集団ゲノムデータ行列への深層学習の適用



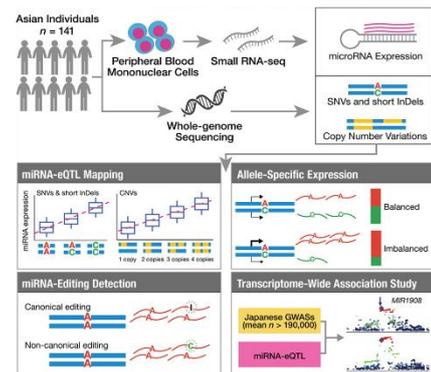
- 深層学習によるHLA imputation法(DEEP+HLA)を開発。MHC領域内のヒト集団ゲノム行列を画像変換することで深層学習の適用を可能にした。
- 従来の機械学習(例:マルコフ連鎖)と比較して、稀なHLA遺伝子型の推定精度が改善。計算時間・使用メモリも改善。  
(Naito T et al. *Nat Commun* 2021, Luo Y et al. *Nat Genet* 2021, Naito T et al. *Mov Disord* 2021)

### SLEメタゲノムワイド関連解析(菌種系統解析)



- SLE患者腸内微生物叢に特異的な菌種・代謝物・パスウェイを同定。
- SLE群における二種類のStreptococcus(ストレプトコッカス)属の増加を認めた。  
(Tomofuji Y et al. *Ann Rheum Dis* 2021)

### 日本人集団マイクロRNA eQTLデータベース



- 日本人集団におけるマイクロRNA eQTLデータベースを構築。  
(特願2021-140666, Sonehara K et al. *Hum Mol Genet* 2022)