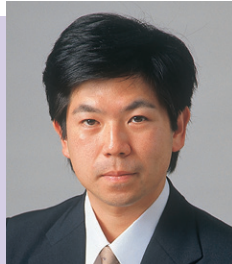


「ヒト GWAS とモデル動物トランスクリプトームの統合的解析による新規アルツハイマー病関連遺伝子の同定」

Integrated analysis of human genetic and mouse transcriptome data to identify susceptibility genes for Alzheimer's disease



角田 達彦

理化学研究所 統合生命医科学研究センター 医科学数理研究グループ
グループディレクター、
医学博士・工学博士

1989年東京大学理学部物理学卒業。1995年工学博士、2007年医学博士。1995年京都大学助手、1997年東京大学医科学研究所RA、1998年同助手、2000年理化学研究所遺伝子多型研究センターチームリーダー、2011年ゲノム医科学研究センターグループディレクターを経て、2013年4月より現職。

TSUNODA, Tatsuhiko, PhD

Group Director, Medical Science Mathematics,
RIKEN Center for Integrative Medical Sciences

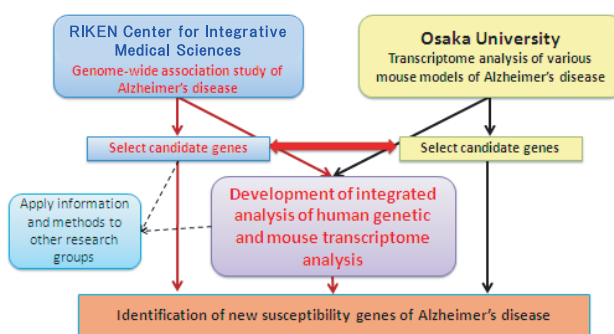
1989 Bachelor of Science, University of Tokyo. 1995 Ph.D. in Engineering and 2007 Ph.D. in Medicine. 1995 Assistant Professor of Kyoto University. 1997 Research Associate and 1998 Assistant Professor, Institute of Medical Science, University of Tokyo. 2000 Laboratory head and 2011 Group Director of RIKEN Center for Genomic Medicine. 2013 Group Director, Medical Science Mathematics, RIKEN Center for Integrative Medical Sciences.

■ 研究内容

理化学研究所ゲノム医科学研究センターでは、九州大学等との共同研究により、認知症患者を用いたゲノムワイド解析（GWAS）を実施している。このヒトゲノム解析データと研究代表者（大阪大学）のグループが実施しているマウストランスクリプトーム解析の統合的な解析を大阪大学と共同で実施し、新たな認知症関連遺伝子の同定や新規治療法の開発につなげることを目的とする。理化学研究所には多因子疾患のゲノム解析についてインバーダー法の開発を始めとした豊富な技術・経験と、各種疾患遺伝子同定の実績がある。本研究では大阪大学で動物モデルを用いたトランスクリプトーム解析による認知症関連遺伝子探索と、理化学研究所が進めている国内最大規模のヒト検体を用いたゲノムワイド関連解析とを融合させる。動物検体とヒト検体の融合、トランスクリプトーム解析とゲノム解析の融合はこれまでにない研究戦略であり、これにより新規関連遺伝子が同定され、認知症の新しい病態が解明されると期待される。

■ Research works

Researchers in RIKEN Center for Genomic Medicine (CGM) are working on the genome-wide association study (GWAS) of Alzheimer's disease using large number of cases and controls. On the other hand, researchers in Osaka University are working on the transcriptome analysis of various mouse models of Alzheimer's disease. The aim of this study is to perform the integrated analysis of human GWAS data and mouse transcriptome data to identify susceptibility genes for Alzheimer's disease in collaboration with the researchers in Osaka University. This strategy is a new approach to identify the susceptibility genes of Alzheimer's disease which cannot be found in the separate analysis. To perform this new approach, we need to develop the new statistical and analytical methods how to apply the genetic association results to the results of expression profiles of mouse models at each gene level. If we succeed in the integration of human genomic analysis and mouse transcriptome analysis, we will uncover the new mechanisms for the development of Alzheimer's disease.



図：研究計画の概要

Fig. Overview of the strategy of this study.