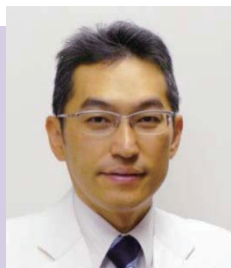


「遺伝環境統計学的相互作用大規模解析による気分障害の病態メカニズムの解明」  
Breakthrough for mechanisms for pathophysiology in mood disorder by 'statistical'  
gene-environment analysis.



岩田 仲生

藤田保健衛生大学医学部  
精神神経科学講座  
教授，医学博士

1989 年名古屋大学医学部医学科卒業。1993 年名古屋大学大学院医学系研究科博士課程修了。(PhD)。1996 年米国 National Institute of Health 客員研究員，1998 年藤田保健衛生大学講師を経て，2003 年 12 月より現職。

## IWATA, Nakao, MD, PhD

Professor, Department of Psychiatry,  
Fujita Health University School of Medicine

1989 Graduated from Nagoya University School of Medicine. Ph.D. degree from Nagoya University in 1993, 1996 Visiting Fellow of National Institute of Health (USA), served as Associate Professor of Fujita Health University from 1998, and was transferred to the current position in 2003.

### ■ 研究内容

気分障害の主症状であるうつ状態や躁状態の理解は進んでいない。うつ病・双極性障害による社会的損失は莫大であり，発症の予防と有効な治療法の開発は急務である。しかし，現時点で気分障害発症メカニズムを説明できる分子あるいはシステムは発見されていない。したがって，現状の治療薬は経験則から得られたモノアミン再取り込み阻害薬のみであり，その効果は十分と言えるものではない。病態生理に基づく診断・治療法，予防法を速やかに同定し，より有効性の高い方法を新規開発することが必要不可欠である。

本研究では，ヒトサンプルに特化したアプローチを行うことに主眼を置き，気分障害の発症メカニズムに関連する分子・システムを，新規に同定することを目指す。その際，事前の生物学的仮説を持たないためにバイアスが少なく，かつ網羅的な方法論である全ゲノム関連解析 (GWAS) を基盤とする。特に遺伝要因の高い双極性障害については，これまで集積した双極性障害患者集団サンプルでの GWAS を行うことで，これまで未知であった双極性障害関連遺伝子の同定を行う。

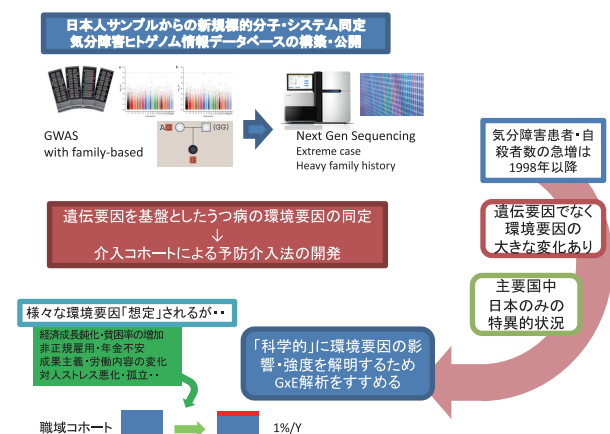
また環境要因の強いうつ病に関しては，遺伝要因を基盤とした環境要因との統計学的相互作用を解析することで，障害に対する特定の遺伝要因と，個別に相互作用する重要な環境要因の同定を目的とする。

### ■ Research works

A core symptom of mood disorders-depression and mania-has been perplexing for long time. Personal and social burden of mood disorders (depression, bipolar disorder) is increasing for many years, to conquer these disorders by innovate prevention and new treatment is now urgent needs for our society. However, despite considerable effort have been undertaken in the past century, the robust mechanism and/or neural system have not been identified. At the moment, only drugs which were founded by a chance are widely used in clinical, but the efficacy of the current treatment is insufficient. It is now a pressing issue to find new pathophysiology of mood disorder and develop novel effective countermeasure.

In this project, we focus on a search for clinical human samples. For such occasions to escape for preliminary hypothesis, genome-wide association study to survey comprehensive genes consist as a basis. For bipolar disorder, which has strong genetic components, GWAS for large Japanese sample will be conducted to identify new 'disease gene'.

For depression, this has more interaction between gene and environment factor, genome survey cohort in occupational setting will be carried on for several years, then analyze 'statistical' gene-environmental interaction to reveal the core architecture of the disease.



図：遺伝環境相互作用解析による気分障害の病態解明

Fig. Breakthrough for pathophysiology of mood disorder by 'statistical' gene-environment analysis.