

# 「大規模ゲノムタイピングと情報解析による気分障害の病態メカニズムの解明」

Study of Mechanism of Mood Disorder by Large-scale Genotyping and Informatics

発達障害

うつ病等

脳老化

うつ病等研究チーム



## 高橋 篤

理化学研究所 ゲノム医科学研究センター 統計解析研究チーム  
チームリーダー，理学博士

1996 年東京工業大学理学部卒業。2002 年東京工業大学大学院理工学研究科修了。(PhD, 理学)。2002 年理化学研究所研究員，2005 年理化学研究所上級研究員を経て，2010 年 12 月より現職。

## TAKAHASHI, Atsushi, PhD

Laboratory Head, Laboratory for Statistical Analysis, Center for Genomic Medicine, The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)

1996 Graduated from Tokyo Institute of Technology. 2002 Ph.D. degree from Tokyo Institute of Technology. 2002 Research Scientist in RIKEN. 2005 Senior Scientist in Riken. Laboratory Head, Laboratory for Statistical Analysis in RIKEN from 2010.

## ■ 研究内容

うつ病，双極性障害などの気分障害が大きな社会問題となっている。気分障害には，環境要因や遺伝要因などが関与していると考えられる。そのため，早期診断，治療，予防法の開発のためには，疾患に関連する遺伝子を同定することが重要な問題の一つである。一塩基多型 (Single Nucleotide Polymorphism: SNP) をマーカーとしたゲノムワイド関連解析 (Genome Wide Association Study: GWAS) は，最近急速に発展した解析方法で，疾患感受性遺伝子探索の有力な方法の一つとして確立された。これまでに我々は，ゲノムワイド関連解析により，糖尿病などのありふれた疾患に関連する多くの疾患感受性遺伝子を同定してきた。脳科学研究戦略推進プログラム課題 F の中で，我々は藤田保健衛生大学と連携して，ゲノムワイド関連解析を主な方法として，以下の研究を実施している。

- 1) 大規模ゲノムタイピング
- 2) ケースコントロールゲノムワイド関連解析の実施
- 3) 遺伝要因と環境要因を考慮した統合的な情報解析を実施

気分障害患者集団の数十万箇所の SNPs の遺伝子型を測定，ゲノムワイド関連解析を実施し，気分障害に関連する遺伝子の同定を行う。遺伝要因と環境要

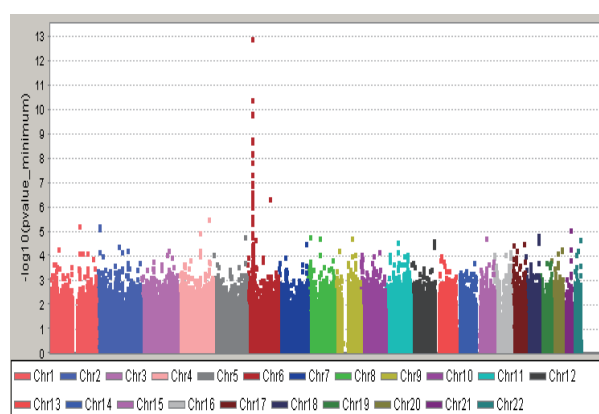
因の情報を基に適切な統計学的手法による統合的な情報解析を実施し，気分障害の病態メカニズムの解明を目指す。

## ■ Research works

Mood disorder such as bipolar disorder/depression, is one of the social problem. It is considered that mood disorder has environmental and genetic factors. Therefore for early diagnosis, treatment and prevention, one of the important things is to identify the genes associated with disease. Genome wide association study (GWAS) which uses single nucleotide polymorphism (SNP) as marker has been rapidly developed for last decade, and established as one of the powerful method to identify genes associated with disease. We have identified many genes associated with common diseases such as type II diabetes by genome wide association study, until now. In the theme F of the SRPBS, we are doing the following research in collaboration with Fujita Health University.

- 1) Large-scale genotyping
- 2) Case-control association study
- 3) Integrative informatics analysis which consider genetic and environmental factors

Our aim is to identify the genes associated with mood disorder. We genotype hundreds of thousands SNPs and perform genome wide association study. We perform suitable statistical analysis by using genetic and environmental factors, and aim at the understanding of the mechanism of mood disorder.



図：ゲノムワイド関連解析のマンハッタンプロット  
Fig. Manhattan Plot in GWAS.