

WEB(LIVE)配信
名古屋より講演

久留米大学 バイオ統計センター 公開セミナー

中朽 昌弘

名古屋大学 大学院医学系研究科
実社会情報健康医療学 准教授

「ゲノムビッグデータによる 体質の遺伝要因解明」

近年の測定技術の進歩は、ヒトのDNAから全ゲノム中の一塩基多型(Single nucleotide polymorphism, SNP)を容易かつ安価に測定できるようにした。それはゲノムデータの大規模化をもたらし、疾患・体質に寄与する(関連する)SNPの探索に目覚ましい成果をもたらしている。このような研究はゲノムワイド関連研究(Genome-wide association study, GWAS)と呼ばれ、最初期のGWASが始まってから、ゲノムデータの規模は年々増大し、近年の研究は数万～数十万例のスケールに及んでいる。研究規模の拡大に加えて、新たな遺伝統計学的手法も開発されてきた結果、体質関連SNPの探索以外にも、遺伝率の推定、メンデルランダム化による因果推論、遺伝子レベルにSNPを集約する解析(gene-based analysis)、遺伝相関(genetic correlation)等、従来のSNP研究の枠組みを超えたゲノムデータ解析が可能となり、ゲノム研究の更なる進展が期待されている。本講演では、演者が関与してきた尿酸や膀胱がんのゲノムワイド関連研究について最新の成果を紹介する。

2020年11月12日(木) 18:00 – 19:30

お申込み不要で、久留米大学バイオ統計センターコンピュータ室(医学部B棟7階)スクリーンで講師が行うセミナーへ対面形式同様に参加できます。

WEB(LIVE)配信申込方法

下記メールアドレスへ、件名「11/12公開セミナー受講希望」、メール内容に氏名、所属、職名をご記入の上、前日までにお申し込みください。お申込みメール返信でWEB配信URLをお送りします。ZOOMでLIVE配信のみ行います。入室の際、ZOOM表示名は、申込み氏名(漢字、ひらがな、カタカナ、ローマ字)と同一にしてください。お申込み者と確認できない場合、受講をご遠慮いただきます。

WEB配信お申込み
お問い合わせ

久留米大学バイオ統計センター公開セミナー係
✉ biostat_seminar@med.kurume-u.ac.jp