

「疾患ゲノム解析によるデータ駆動型創薬」

- 日 時 2017年11月28日(火) 10:00~15:40
 ■ 場 所 千里ライフサイエンスセンタービル 5階 山村雄一記念ライフホール
 (大阪府豊中市、地下鉄御堂筋線 千里中央駅北口すぐ、大阪モノレール 千里中央駅下車 徒歩約5分)

■ 趣 旨

ゲノム配列解読技術の著しい発達により、大容量のヒト疾患ゲノムデータが出力される時代が到来している。最新型の次世代シーケンサーでは、ヒトゲノム全配列の解読が1サンプルあたり1000ドルのコストで実施可能となり、ヒトゲノム解析が新たなステージへ進んだこと象徴している。ゲノム情報に基づく解釈結果を治療方針へと反映する、個別化医療の試みも広く開始されている。これまでは研究者のコミュニティーに閉ざされていたゲノム情報の、社会への還元が加速している。

一方で、一次的な解析処理を施され蓄積された大容量のゲノム配列情報を適切に解釈し、社会還元するためのデータ解析学問へのニーズが高まっている。特に、疾患ゲノムデータに基づき創薬を促進する「ゲノム創薬」の方向性については、見解が定まっていない。

本セミナーでは、最先端の疾患ゲノムデータを駆使した活動を進めている新進気鋭の研究者に集まって頂き、これからのゲノム創薬のありかたについて議論を深める場としたい。

■ コーディネーター

大阪大学大学院医学系研究科 遺伝統計学 教授 岡田 随象
 国立がん研究センター研究所 分子腫瘍学 分野長 片岡 圭亮

■ プログラム

- 10:05~10:20 はじめに 岡田 随象 (大阪大学大学院医学系研究科 遺伝統計学 教授)
- 10:20~11:00 遺伝統計学に基づく疾患病態解明とゲノム創薬
 岡田 随象 (大阪大学大学院医学系研究科 遺伝統計学 教授)
- 11:00~11:40 骨髄異形成症候群におけるゲノム異常の獲得パターンとその臨床的意義
 牧島 秀樹 (京都大学大学院医学研究科 腫瘍生物学講座 講師)
- 11:40~12:20 大規模メタボロミクスデータのゲノム解析による疾患バイオマーカー探索
 鎌谷 洋一郎 (京都大学大学院医学研究科附属ゲノム医学センター 准教授)
- (昼食休憩 12:20 ~ 13:30)
- 13:30~14:10 脳腫瘍のゲノム解析から端緒する創薬への道筋
 夏目 敦至 (名古屋大学大学院医学系研究科 脳神経外科 准教授)
- 14:10~14:50 Quantifying structural and functional convergence in B cell receptor repertoires.
 (英語講演: 通訳なし) Daron M Standley (大阪大学微生物病研究所 遺伝子情報実験センター ゲノム情報解析分野 教授)
- 14:50~15:30 様々な悪性腫瘍で認められるPD-L1 ゲノム異常とその治療標的としての可能性
 片岡 圭亮 (国立がん研究センター研究所 分子腫瘍学 分野長)
- 15:30~15:40 おわりに 片岡 圭亮 (国立がん研究センター研究所 分子腫瘍学 分野長)

- ◎ 定 員 200名(申込順)
 ◎ 参 加 費 無料(事前申込が必要です)
 ◎ 申 込 方 法 氏名、所属、〒住所(連絡先)、電話番号、E-メールアドレスを明記の上、E-メールで下記宛てお申込み下さい(FAX、郵便も可)。
 ◎ 申 込 先 公益財団法人 千里ライフサイエンス振興財団 セミナー L4 係
 E-mail: tnb@senri-life.or.jp FAX: 06-6873-2002

*個人情報の取り扱い。
 当財団が定める「個人情報保護規程」にて、適切に取扱います。ご記入いただいた個人情報は、法令等による場合を除いてご本人様の同意なしに第三者へ提供いたしません。上記にご同意いただいた上で、お申込みください。