

CAMD セミナー

(Center for Development of Advanced Medicine for Dementia)

認知症遺伝子研究の歴史と課題

社会福祉法人旭川荘 旭川荘総合研究所 特任研究員
新潟大学 脳研究所 フェロー

桑野 良三 先生

平成 29 年 6 月 9 日 (金) 午後 4 時 00 分～

第 1 研究棟 2 階大会議室

超高齢社会を背景に認知症は、世界規模で 3 秒に一人が発症すると推計され、加齢が最大のリスクである。大多数を占める孤発性認知症と同じ臨床病型を示す多発家系が存在し、認知症も遺伝情報の表現型と捉えることができる。1990 年代のアルツハイマー病多発家系を対象に病因遺伝子が同定されて以来、ゲノム研究は 10 年ごとの画期的な新技術の開発と臨床診断法の向上が交互に牽引しながら進んできた。キャピラリー電気泳動-マイクロサテライト連鎖解析、フォトリソグラフィによる高密度 DNA chip-大規模 GWAS、次世代シーケンシング-全エクソーム/全ゲノム情報解析と広がった。大規模検体によるリスク遺伝子探索は病態解明に大きく貢献した。最近の次世代シーケンシングは、個人ゲノムと病気の考え方に新しい局面をもたらしている。配列異常のない遺伝子コピー数多型、de novo 変異、somatic mutation、遺伝子相互作用、非翻訳 RNA などの課題を提供し、健常超高齢者や未発症のハイリスク者の防護・発症遅延因子を考える。

連絡先：アルツハイマー病研究部 発症機序解析研究室
飯島浩一 (内線 6403)