

CAMD セミナー

(Center for Development of Advanced Medicine for Dementia)

遺伝統計学で迫る 疾患病態解明とゲノム創薬

大阪大学大学院医学系研究科 遺伝統計学 教授

岡田随象 先生

平成 29 年 7 月 20 日(木) 午後 4 時 00 分～

第 1 研究棟 2 階大会議室

岡田随象先生は遺伝統計学の手法により疾患病態解明の研究を一貫して行われて来ました。これまでに日本人やアジア人における肥満、腎機能やリウマチと遺伝子の相関（1、2、3）の発見など新しい学問領域の発展に寄与されています。さらにバイオインフォマティクスと遺伝学を組み合わせた画期的なコンピュータ解析法を開発され、国際的な共同研究により、新たなリウマチの候補遺伝子を同定され、これに基づくゲノム創薬を提唱されています（4）。この度、最近の知見を含めましてご講演を拝聴すべく招聘致しましたので皆様のご参集をよろしくお願い致します。

- 1) **Okada Y**, et al. Common variants at CDKAL1 and KLF9 are associated with body mass index in east Asian populations. **Nat Genet.** 2012, 44(3):302-6.
- 2) **Okada Y**, et al. Meta-analysis identifies multiple loci associated with kidney function-related traits in east Asian populations. **Nat Genet.** 2012, 44(8):904-9.
- 3) **Okada Y**, et al. Meta-analysis identifies nine new loci associated with rheumatoid arthritis in the Japanese population. **Nat Genet.** 2012, 44(5):511-6.
- 4) **Okada Y**, et al. Genetics of rheumatoid arthritis contributes to biology and drug discovery. **Nature.** 2014, 506(7488):376-81.

連絡先：認知症先進医療開発センター
分子基盤研究部 里 直行（内線 6331）