

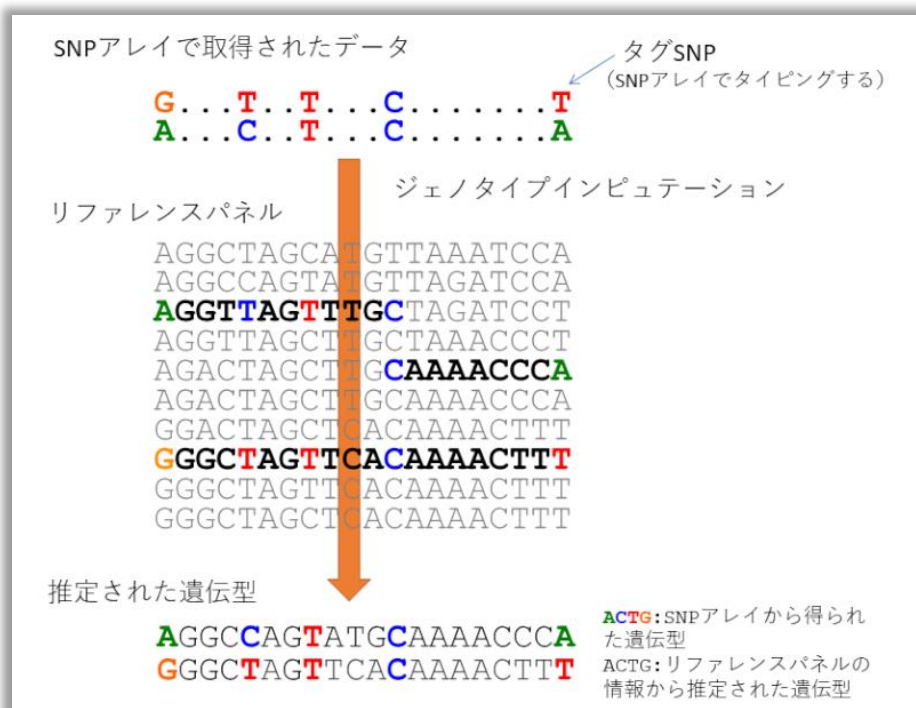
第12回

東京大学大学院医学系研究科人類遺伝学分野

河合 洋介 先生

全ゲノム配列解析を基盤とした多因子疾患・形質研究

疾患を含むヒトの形質(complex disease/trait)の多様性の研究にはゲノム解析が必要不可欠である。多数のサンプルの解析が必要なゲノムワイド関連解析(GWAS)には安価かつ高スループットなSNPアレイが使われてきたが、レアバリエントや構造多型など解析が困難な多型が「失われた遺伝率」の原因のひとつである可能性も指摘されている。本セミナーでは次世代シーケンサーによって発見されるさまざまな多型をSNPアレイデータから推定するジェノタイプインピュテーションとそのGWASへの応用の取り組みを紹介する。



2月26日 (火) 17:00-18:00

琉球大学 亜熱帯島嶼科学拠点研究棟 3F セミナー室

※ ご参加・聴講は自由です (事前申し込み不要)

お問い合わせ先: 熱帯生物圏研究センター 矢口甫 hjiroo@gmail.com

主催: 戦略的研究プロジェクトセンター ゲノミクス解析支援チーム