

ゲノムワイド関連研究支援

病気の発症や薬剤の有効性・安全性に関連する遺伝的要因を探る1つの方法であるゲノムワイド関連研究 (Genome-Wide Association Study, GWAS) は、2003年に日本で開発された遺伝統計学的手法です。数百万個のSNPの中から網羅的に探索するGWASは、HapMapプロジェクトによるSNPデータの整備, GWASチップ観測技術と情報技術の革新とともに、大学や研究機関だけでなく一般企業も導入できる技術となりました。一方でGWASは誤った結果を導きやすい研究でもあります。たとえばケース群の観測個体数が少ないGWASでは、データの背景を理解し、医学、遺伝統計学に精通した研究者集団で解析しなければ真の関連性を導くことは難しいでしょう。医学、遺伝学、統計学、情報学の専門家集団であるスタージェンは大学、製薬企業のGWAS業務受託を数多く行ってきました。今後はこれまで原因を特定することが難しかった希少疾患の遺伝的要因の探索、また創薬研究へとGWASは研究段階から実用段階へと移っていくことが予想されます。GWASは経験豊かなスタージェンにお任せください。

参考文献

1. 鎌谷直之(2007)遺伝統計学入門, 岩波書店。
2. 鎌谷直之(2009)全ゲノム関連解析(GWAS)の統計的手法, 日本統計学会誌, 38, 2, 189-198.
3. 上辻茂男(2009)遺伝統計学へようこそ! 総集編, 日経BTJジャーナル,
<http://www.stagen.co.jp/pdfs/btjj0905.pdf>
4. 梁祐誠, 上辻茂男(2012)ゲノムワイド関連研究に学ぶ遺伝統計学, 計算機統計学, 25, 1, 17-40.