

課題名： 日本人大規模全ゲノム情報を基盤とした多因子疾患関連遺伝子の同定を加速する
情報解析技術の開発と応用

(代表者：徳永 勝士 国立大学法人東京大学 大学院医学系研究科・教授)

全体計画が合理的に設定され、設定課題全体が順調に推移している。特に HLA/KIR イン
ピューテーション系の確立や、NGS プラットフォームデータの均質化等について、着実に
研究が進捗しており、意欲的な国際協同研究の実施等も見えて取れるなど、今後も期待で
きる。また、開発された情報解析基盤プラットフォームや研究成果を小児ネフローゼ、
緑内障に代表される多くの疾患に適用し成果創出に繋がっており、本技術活用による医
療・医薬分野の進捗への波及効果が期待される。バイオインフォマティクス人材の創出
に対しても戦略的に取り組んでいる。

一方で、今回開発した技術が将来の多因子疾患関連研究においてどれだけの有効性、
インパクトを持っているものなのか、既存の解析技術と比較しての優越性がはっきり
示されていない印象があった。

今後のデータシェアリングを含めた展開が期待される。