研究会・地域部会の報告書

提出者：鎌田 真由美 / 提出日：2023.8.11

研究会・地域部会名	関西地域部会
代表者(所属機関名)	鎌田　真由美（京都大学）
タイトル(イベント名)	第 34 回バイオメディカル研究会 「配列を超えたゲノム構造解析の最前線」
日時	2023 年 8 月 3 日　13:30～16:15
場所	Zoom ウェビナー
共催団体	公益財団法人都市活力研究所
後援団体	ＮＰＯ法人近畿バイオインダストリー振興会議、 ＮＰＯ法人バイオグリッドセンター関西
参加人数	登録 159 名・瞬間最大聴講 106 名

目的：

がんと難治性疾患を対象に全ゲノム解析等実行計画が進められるなど、これまで配列上の変化だけでは原因遺伝子がわからなかったような疾患の機序解明や新たな治療標的の創出に期待が高まっています。一方、構造解析ではその検出や解釈等で様々な課題があり、そして創薬との間にはギャップがあるのが現状です。そこで、第 34 回研究会では、「配列を超えたゲノム構造解析の最前線」をテーマに据え、ゲノム医学および全ゲノム解析の最新の状況と課題、そして期待される治療や創薬への応用について議論しました。

概要:

第 34 回研究会では、下記 4 題について、ご講演を頂いた。

詳細なプログラムは以下のリンク参照のこと。

https://www.urban-ii.or.jp/events/detail.php?event_id=535

＜演題＞

講演１「難病を対象とした全ゲノム解析の取り組みの現状 」河合 洋介 先生（国立国際医療研究センター ゲノム医科学プロジェクト 副プロジェクト長 ）

講演２「ヒト全ゲノムマッピングによるゲノム構造解析 」永井 健夫 先生（株式会社日立ハイテク アナリティカルソリューション事業統括本部）

講演３「ロングリードシークエンスを用いたがんゲノムの後天的構造異常検出 」白石 友一 先生 （国立がん研究センター 研究所 ゲノム解析基盤開発分野 分野長）

講演４「アンチセンス核酸による DMD 治療薬ビルトラルセンについて 」高垣 和史 先生（日本新薬株式会社 取締役 研究開発担当 兼 研究開発本部長）

Copyright © Japanese Society for Bioinformatics. All Rights Reserved.

成果および感想：

今回は「ゲノム構造解析」をテーマに、ゲノム構造解析が求められる「背景」と「方法」、そして創薬への「応用」について、4 名の講師からご講演をいただきました。

まず国立国際医療研究センターの河合先生より、ナショナルセンターでのバイオバンクの取り組みとそれを用いた解析に必要なコントロールデータの取得についてご説明をいただくとともに、全ゲノム等実行計画における難病研究の状況、今後必要となるデータ共有に関する課題と現状についてもご紹介をいただきました。そして、2 人目の講演者の永井先生からは、従来の技術では検出できないような大きな構造変化が検出可能なゲノムマップについて、原理と他手法との違い、全ゲノム解析における可能性についてご講演をいただきました。日本ではまだあまり目にすることのないゲノムマップという新たな解析技術について詳細に知ることができたのは、参加者にとっても大変良い機会であったと思います。国立がん研究センターの白石先生からは、がんゲノムに対する構造異常検出についてご講演をいただきました。がんにおける構造多型検出の意義と創薬への繋がりについてご説明いただき、ロングリードを用いることでこれまで明らかにされていなかった新たな構造多型検出が可能になったことについて、実際のご研究を通してご紹介いただきました。検出された結果の解釈に課題があることについても触れていただき、今後解釈のための研究開発の必要性も実感することができました。日本新薬の高垣先生からは「応用」の位置付けで、アンチセンス核酸による創薬について、国内で初めて開発・承認されたエクソンスキップ治療薬であるビルトラルセンを中心に創薬事例についてお話をいただきました。アンチセンス核酸によりエクソンのインクルージョンやスキッピングを操ることができることに驚くとともに、様々な疾患への創薬応用に期待を感じました。最後のディスカッションでは、講師陣から今後の期待や感想についてお聞きしました。構造変化検出においても様々な手法があり、それらを組み合わせる相乗効果でより精密な解析が行えるようになると感じるとともに、コミュニティとして今後も情報共有を続けていけたらと思いました。

終了後のアンケート結果も全て「満足した」「非常に満足した」であり、「最新のゲノムマップについて知れてよかった」「産学双方から登壇いただき、幅広い知見が得られた」「大変勉強になった」とのお声を多くいただきました。快くご講演を引き受けて下さった講師の皆様、参加者の皆様とこのプログラムの実現にご尽力いただいた関係者の方々に、心から感謝いたします。講師から講演資料もご提供をいただき、会員に共有させていただく予定です。運営に関して、今回は「学ぶ」側面が多いことから、幅広い方にご参加いただくためにも完全オンラインとさせていただきました。今後はオフラインでも交流の場を設け、関西地域のバイオインフォマティクスコミュニティとの交流を深めることも目指してまいります。

Copyright © Japanese Society for Bioinformatics. All Rights Reserved.