

2003年にヒトゲノムシーケンス(全遺伝情報の塩基配列)解読の完了が宣言され、既に11年目を迎えた。松本直通教授の研究チームは、全遺伝子解析手法を用いて、難治性てんかん性脳症、コファイン・サイリス症候群、ネマリンミオパチーなどさまざまな遺伝性難病の原因解明を行ってきた。

その成果は米国の科学雑誌「ネイチャー・ジエネティック」や「アメリカン・ジャーナル・オブ・ヒューマン・ジエネティック」などに掲載。松本教授は「これら

の開発へとつなげていきた
い」との考えを示す。

研究チームは11~13年
度、次世代シーケンサー
(全遺伝子解析装置)を使
法開発の研究拠点の一つ

ゲノム解析

子情報から確実な診断法を確立し、遺伝子異常が引き起こと病態を解明すること

で、疾病的予防法や治療法の開発へとつなげていきた

た。

子情報から確実な診断法を確立し、遺伝子異常が引き起こと病態を解明すること

で、疾病的予防法や治療法の開発へとつなげていきた

の違いを正確に判定する技術)は、病気の原因遺伝子マッピング(原因遺伝子が存在するゲノム上の位置を特定すること)を飛躍的に効率化。

また、全遺伝子・全ゲノ

ムを一気に解析する次世代シーケンス技術の登場によつて、ヒト全遺伝子(2・2万個)を2週間程度で解析できるようになつた。松本教

授は「これらの新技術の登場により、長らく難攻不落であつた希少難病の原因解

明がようやく実現化しつつある」と期待を込めている。

（遺伝学）

未来医療への懸け橋

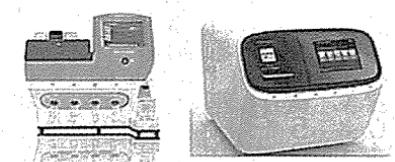
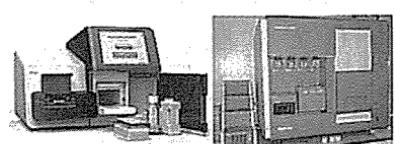
市大先端研究

■11■



松本 教授

横浜市大が有する次世代シーケンサー
ヒト全遺伝子・全ゲノムを2週間で解読



（隔週掲載）