

ヒト集団ゲノム研究室(河合研究室)

教授 河合 洋介 / 助教 藤原 一道

ヒト集団ゲノム研究室では、「ヒトはどのように多様化し、進化してきたのか」という問いを、ゲノム情報から明らかにする研究を行っています。

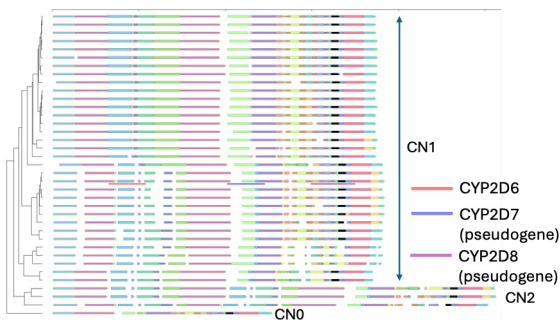
私たち一人ひとりのゲノムには、人類がたどってきた移住や集団形成の歴史、環境への適応、そして疾患へのかかりやすさなど、さまざまな情報が刻まれています。私たちの研究室では、大規模な全ゲノムシーケンシングデータと集団遺伝学・統計遺伝学・バイオインフォマティクスの手法を組み合わせ、日本人を含む東アジア集団を中心に、ヒトゲノムの多様性と人類の進化史を研究しています。

さらに、集団ゲノム研究で得られた知見を疾患研究やゲノム医療へつなげることも重要な研究テーマです。疾患感受性に関わる遺伝的変異の探索に加え、大規模ゲノムデータベースの構築、ジェノタイピングアレイやインプューションサーバーなど、ゲノム研究を支える情報基盤・解析技術の開発にも取り組んでいます。つまり、私たちの研究室が目指しているのは、「人類の過去をゲノムから読み解き、その知識を未来の医学へつなげること」です。

ゲノム科学、進化、集団遺伝学、医学、データサイエンスなど、さまざまなバックグラウンドを持つ学生・研究者とともに、新しいヒトゲノム研究を切り拓いていきたいと考えています。研究室では総合研究大学院大学の大学院生を受け入れており、国内外の研究者との共同研究も積極的に進めています。

ゲノムの多様性

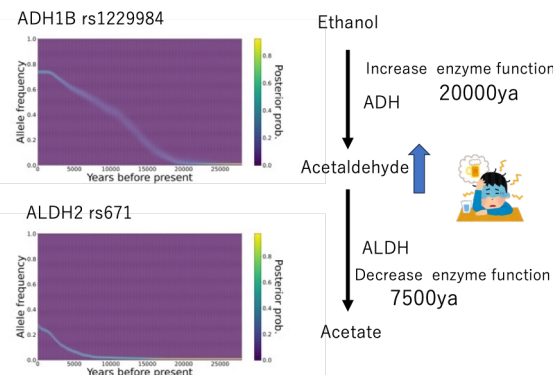
T2Tゲノム解析やロングリードシーケンスなどの最新技術を用いて、従来の解析では捉えることが難しかった複雑な遺伝子領域の構造や多型を明らかにしています。



薬剤などの代謝に関わるCYP2D6遺伝子のコピー数の多様性
Kulmanov, Ashouri et al. Scientific Data, 2025

人類の進化・集団史

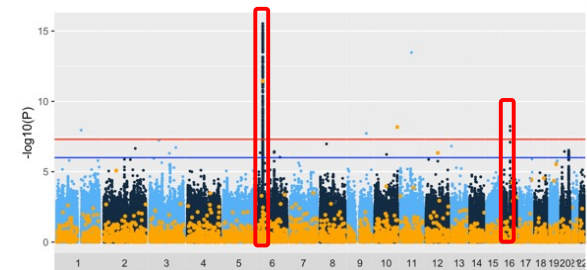
現代人や古代人のゲノムをの集団遺伝学解析を行い、人類がどのように移動し、交流しながら多様な集団を形成してきたのかを明らかにします。



アルコール代謝に関わる遺伝子の起源と遺伝子頻度の推定
Kawai et al. PLOS Genetics, 2023

ゲノム医学

大規模なゲノム解析と臨床情報を組み合わせ、病気の発症や重症化に関わる遺伝的要因を明らかにします。希少疾患から多因子疾患まで幅広い病を対象にゲノム医療への応用を目指しています。

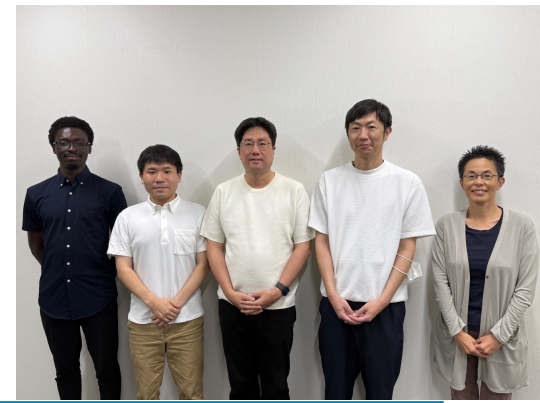


スティーブンス・ジョンソン症候群の発症に関連する遺伝子の探索 (ゲノムワイド関連解析)

Kawai et al. NPJ genomic medicine, 2021

この研究室で学べること・研究環境

集団遺伝学とバイオインフォマティクスを駆使して、
ヒトの多様性・進化・疾患の理解を目指します。



研究を通じて身につける力

大規模なデータを自分で解析する

DNAデータの解析、解析プログラムの作成、
結果の可視化まで、一連の解析に取り組みます。

データから仮説を検証する

集団遺伝学や統計解析を使い、進化や病気について
の問いを検証。結果を生物学的に解釈する力を養います。

研究室ならではの環境

1万人超のゲノムデータと計算基盤

大規模なヒトゲノムデータと遺伝研の
スーパーコンピュータを活用して研究します。

基礎研究と医学をつなぐ共同研究

臨床・医学研究者や国内外の研究者と連携。
人類の進化を調べる研究から、疾患の解明に
向けた研究まで、幅広いテーマがあります。

生命科学・医学・情報系など、さまざまな専攻の学生を歓迎

プログラミング経験は問いません。研究への興味がある方は、見学・進学をご相談ください。

見学・相談 : ykawai@nig.ac.jp <https://www.human-popgen.jp>