

平成 27 年度 研究開発実施報告書

ライフサイエンスデータベース統合推進事業（統合化推進プログラム）
研究代表者

徳永 勝士

東京大学 大学院医学系研究科
教授

「個別化医療に向けたヒトゲノムバリエーションデー
タベース」



©2016 徳永 勝士(東京大学) licensed under CC表示2.1 日本

§1. 研究実施体制

(1) 徳永グループ

- ① 研究代表者: 徳永 勝士 (東京大学医学系研究科、教授)
- ② 研究項目: ヒト多型・変異 DB の機能拡張とデータ収集
 - 1) ゲノムワイド関連解析の DB の機能拡張とデータの収集
 - 2) Human genome variation DB, HLA DB の拡張構築

(2) 辻グループ

- ① 主たる共同研究者: 辻 省次 (東京大学医学部附属病院、教授)
- ② 研究項目: ヒト多型・変異データの体系化とデータ登録
 - 1) 新学術領域研究「パーソナルゲノム情報に基づく脳疾患メカニズムの解明」で産出した全ゲノム配列解析による神経変性疾患の新規変異の整理と登録
 - 2) 新学術領域研究の「ゲノム支援」で産出した変異データの整理と登録
 - 3) これまでの研究で収集してきている健常者の variation のデータの整理と登録

(3) 井ノ上グループ

- ① 主たる共同研究者: 井ノ上 逸朗 (国立遺伝学研究所 人類遺伝研究部門、教授)
- ② 研究項目: 遺伝統計学的計算手法の開発とデータ登録
 - 1) 新学術「ゲノム支援」で産出された変異データのクオリティコントロールを行うとともに登録を行う。
 - 2) 新学術以外で産出された変異データの収集と整理・登録
 - 3) HLA ハプロタイプの配列決定およびDB登録
 - 4) GWAS メタ解析手法の開発と適用
 - 5) NGSデータからの新規トランスポゾン挿入の探索手法の開発および登録

(4) 小池グループ

- ① 主たる共同研究者: 小池 麻子 (日立製作所 研究開発グループ、ストラテジースタッフ)
- ② 研究項目: 多型・変異関連の計算手法の開発
 - 1) 前プロジェクトから引き続き GWAS データの解析と運用預け入れ・データ再配布と解析・登録。
 - 2) 前年度から引き続き、Human genome variation DB への Omics データと連携させた知識型データとしての機能追加。
 - 3) 前年度から引き続き、文献から変異と表現型情報との関係性を抽出し、Human genome variation DB への登録実施。

§2. 研究実施内容

(1) 通期及び本年度の研究開発計画と達成目標

目的:

高速大容量の SNP タイピング技術の確立と低価格化により、ゲノムワイドな SNP の疾患関連解析(GWAS)が可能となり、ここ 10 年程は世界レベルでの大規模なプロジェクトも計画・実施され、多くの疾患関連候補 SNP が発見された。その一部は機能的な疾患関連性も明らかになりつつある。一方、ここ数年は、次世代シーケンサ(NGS)によるゲノムワイドな疾患関連変異の検出も可能となりつつあり、家族性の単一遺伝子疾患の難治性・希少疾患のみならず、徐々に多因子疾患にも適用され、多くの疾患関連候補新規変異が発見されつつある。また、癌に関しては ICGC(International cancer genome consortium)や TCGA(The cancer of genome atlas) などの大型プロジェクトの実施により、多様な癌細胞がシーケンシングされ、新規の体細胞変異が多く発見されるとともに、癌細胞の性質・悪性度に関係する変異も明らかになってきた。

これらのデータは膨大であることから散逸を防ぎ、研究者間で共有仕組みを作ることは重要である。この問題を解決するために NCBI では dbGAP が、EBI では EGA を構築し、phenotype と genotype の関係性を探索するための GWAS データ、及び NGS データをアーカイブする仕組みを作成している。しかし、集団によっても疾患関連変異が異なることもあり、アジア人の変異・表現型のアーカイブが必要である。また、疾患情報も複雑であることから、理解しやすいように体系化することも必要である。

概要:

我々の研究グループは 2006-2010 年の統合データベースプロジェクト、2011-2013 年度の統合化推進プログラムにおいて、GWAS DB、SNP control DB、CNV DB、CNV association DB を構築し、GWAS データの登録・共有化を実施した。更に、GWAS-DB を拡張した human genome variation DB を構築し、GWAS に限らず変異の登録を可能とし、また、文献からの抽出した生殖細胞の変異の体系化を行ってきた。本 PJ においては、変異データの充実化及び体系化、変異と薬剤応答性との関係の充実化と、既存の体細胞変異データベースとの連携を図る。

進捗状況:

2015 年度は、主に human genome variation DB への文献から抽出する疾患・薬剤・変異データの登録を充実させると共に、HLA-DB とウィルス耐性の関係を登録できるように拡張した。また、既存のパスウェイデータ上でどのように疾患関連変異が報告されているのかの可視化を行った。

(2) 本年度の研究開発進捗状況

1) Human genome variation DB の充実化

Omics データと変異の連携の一環として、東大鈴木教授チームとの連携により、パスウェイデータ上に登録されている変異を表示するシステムを構築。パスウェイ上の遺伝子に(疾患関連候補)変異をもつ疾患を自動選択し表示。また、同じパスウェイ上に疾患遺伝子を有する疾患を検索可能とした。(図 1-1、図 1-2)

Human Variation DB

Filter by conditions

Disease check all[on/off]

- Adrenoleukodystrophy
- Alzheimer's disease
- Amyotrophic lateral sclerosis
- Arrhythmogenic right ventricular cardiomyopathy
- Bipolar disease
- Coronary artery disease
- Crohn's disease
- Hereditary spastic paraplegia
- Hypertension
- Limb-girdle muscular dystrophy 1A
- Limb-girdle muscular dystrophy 1B
- Limb-girdle muscular dystrophy 2A
- Limb-girdle muscular dystrophy 2B
- Limb-girdle muscular dystrophy 2C
- Muscular Dystrophy (Becker, Duchenne)
- Muscular Dystrophy (Emery-Dreifuss)
- Oculopharyngeal muscular dystrophy
- Parkinson's disease
- Primary failure of tooth eruption
- Progressive supranuclear palsy
- Rheumatoid arthritis
- Sickle Cell Anemia
- Spinocerebellar ataxia
- Type 1 diabetes
- Type 2 diabetes

Pathways [Map](#)

Pathways (List)

Show 25 entries Search:

Category	Title
Adhesion	Adherens Junction Dynamics
Angiogenesis	Angiogenesis
Apoptosis	Death Receptor Signaling
Apoptosis	Inhibition of Apoptosis
Apoptosis	Mitochondrial Control of Apoptosis
Apoptosis	Overview
Autophagy	Autophagy Signaling
Ca, cAMP & Lipid Signaling	Phospholipase Signaling
Ca, cAMP & Lipid Signaling	Protein Kinase C Signaling
Cancer cell	Pathway of lung cancer
Cell Cycle and Checkpoint Control	G1/S Checkpoint
Cell Cycle and Checkpoint Control	G2M/DNA Damage Checkpoint
Chromatin Regulation / Acetylation	Examples of Crosstalk Between Post-translational Modifications
Chromatin Regulation / Acetylation	Histone Methylation
Chromatin Regulation / Acetylation	Protein Acetylation
Cytoskeletal Signaling	Regulation of Actin Dynamics
Cytoskeletal Signaling	Regulation of Microtubule Dynamics

図 1-1 Pathway と疾患のリスト

MAPK/Erk in Growth and Differentiation

Tint control: light deep

Coloring: Mutation frequency: 0 1<

Transcription

Illustration reproduced courtesy of Cell Signaling Technology, Inc.

Genomic position	rs ID	NM change info	Amino acid change	Gene ID	Gene name	Hetero/Homo	Disease	V-ID
Chr1 p.571032194 +G	rs11206553	c.71>u7771A>G		GG5563	PRKGAA2		Type 2 cl sclerosis	
Chr1 p.57109622A +T	rs4562896	c.71>u1366A>T		GG5563	PRKGAA2		Type 2 cl sclerosis	
Chr1 p.57142755C +T	rs2051040	c.236>236C>T		GG5563	PRKGAA2		Type 2 cl sclerosis	
Chr1 p.57142755C +T, 57142970T>C, ...	rs2051040, rs2796495, rs2142375A, rs1415442, rs232447, rs2723355	c.236>236C>T, 236A		GG5563	PRKGAA2		Type 2 cl sclerosis	

TOTAL : 67 rows

図 1-2 各 Pathway の図と Pathway 上の疾患関連候補変異のリスト

また、医学用文献から疾患関連変異、臨床情報等をマニュアルで取り出し、2000 エントリ以上を登録した。

2) GWAS-DB

内部用のデータ登録のデータ登録の簡易化などを行うと共に、公開しているデータのデータ登録を実施した。

3) HLA -DB

疾患情報関連の HLA 情報とともに、ウイルス耐性と HLA ハプロタイプとの関係を登録できるようにした。(図 2)

result	penet	tolerance evaluation	tolerance conclusion	sex	age onset	age at study	durat	clinical	Pubmed ID	comment	editor	exp kind	statistics kind
		not significant	HLA-DRB1*14 was possibly associated with protection against developing cervical cancer	F		40.3□11.2(n=172)		viral type (n=172): HPV-83 (38.1%), HPV-62 (23.8%), HPV-18 (19%)	24000898	cases: HPV-persistent; controls: cervical cancer;	Yukawa	PCR-SS OP	two-sided Fisher exact test, chi-square test
			HLA-DRB1*07 was associated with protection against viral persistence but with risk of being infected in some point of the life	F		40.3□11.2(n=172)		viral type (n=172): HPV-53 (38.1%), HPV-62 (23.8%), HPV-18 (19%)	24000898	cases: HPV-cleared; controls: healthy individuals;	Yukawa	PCR-SS OP	two-sided Fisher exact test, chi-square test
			HLA-DRB1*07 was associated with protection against viral persistence but with risk of being infected in some point of the life	F		40.3□11.2(n=172)		viral type (n=172): HPV-53 (38.1%), HPV-62 (23.8%), HPV-18 (19%)	24000898	cases: HPV-persistent + reinfectd + cleared; controls: healthy individuals;	Yukawa	PCR-SS OP	two-sided Fisher exact test, chi-square test
		not significant	HLA-DRB1*07 was associated with protection against viral persistence but with risk of being infected in some point of the life	F		40.3□11.2(n=172)		viral type (n=172): HPV-83 (38.1%), HPV-62 (23.8%), HPV-18 (19%)	24000898	cases: HPV-persistent + cervical cancer; controls: healthy individuals;	Yukawa	PCR-SS OP	two-sided Fisher exact test, chi-square test

図 2

NGS データからの新規トランスポゾン挿入の探索手法の開発として、既存の手法(Mobster)のアウトプットに対して、エクソン領域を抽出し、既知の挿入箇所を排除し、偽陽性を減らすプログラムを加えたパイプラインを構築した。このパイプラインを用いて卵巣がんのエクソームデータを解析し、エクソン領域への新規トランスポゾン挿入を高精度(87.5%, 7/8)で検出できることを実証した(Hayano T. et al., Hum Genome Var 2015)。新学術で産出された変異データの収集と整理として関節リウマチ(Mitsunaga S. et al., J Hum Genet 2015)で産出された変異データの収集と整理を行った。

HLA ハプロタイプの配列決定として、キャプチャー法を用いて、HLA 領域 33 遺伝子の配列を 96 検体同時に決定する手法を開発した(トーゴの日シンポジウム 2015 にて発表)。

今後の見通し:

更なる変異データの充実化を図る。

§3. 成果発表等

(3-1) 原著論文発表

- ① 発行済論文数 (国内 (和文) 0 件、国際 (欧文) 5 件)
- ② 未発行論文数 (国内 (和文) 0 件、国際 (欧文) 1 件)
- ③ 論文詳細情報

1. Shimada-Sugimoto M, Otowa T, Miyagawa T, Khor SS, Kashiwase K, Sugaya N, Kawamura Y, Umekage T, Kojima H, Saji H, Miyashita A, Kuwano R, Kaiya H, Kasai K, Tani H, Tokunaga K, and Sasaki T. Immune-related pathways including *HLA-DRB1*13:02* are associated with panic disorder. *Brain Behav. Immun.* 46: 96-103, 2015. (DOI: 10.1016/j.bbi.2015.01.002.)
2. Tamura M, Isojima T, Kawashima M, Yoshida H, Yamamoto K, Kitaoka T, Namba N, Oka A, Ozono K, Tokunaga K, and Kitanaka S. Detection of hereditary 1,25-hydroxyvitamin D-resistant rickets caused by uniparental disomy of chromosome 12 using genome-wide single nucleotide polymorphism array. *PLoS ONE* 10(7): e0131157, 2015. (DOI: 10.1371/journal.pone.0131157.)
3. Toyoda H, Miyagawa T, Koike A, Kanbayashi T, Imanishi A, Sagawa Y, Kotorii N, Kotorii T, Hashizume Y, Ogi K, Hiejima H, Kamei Y, Hida A, Miyamoto M, Imai M, Fujimura Y, Tamura Y, Ikwgami A, Wada Y, Moriya S, Furuya H, Takeuchi M, Kirino Y, Meguro A, Remmers EF, Kawamura Y, Otowa T, Miyashita A, Kashiwase K, Khor SS, Yamasaki M, Kuwano R, Sasaki T, Ishigooka J, Kuroda K, Kume K, Chiba S, Yamada N, Okawa M, Hirata K, Mizuki N, Uchimura N, Shimizu T, Inoue Y, Honda Y, Mishima K, Honda M, and Tokunaga K. A polymorphism in *CCR1/CCR3* is associated with narcolepsy. *Brain Behav. Immun.* 49: 148-155, 2015. (DOI: 10.1016/j.bbi.2015.05.003.)
4. Liu X, Shimada T, Otowa T, Wu Y-Y, Kawamura Y, Tochigi M, Iwata Y, Umekage T, Toyota T, Maekawa M, Iwayama Y, Suzuki K, Kakiuchi C, Kuwabara H, Kano Y, Nishida H, Sugiyama T, Kato N, Chen CH, Mori N, Yamada K, Yoshikawa T, Kasai K, Tokunaga K, Sasaki T, and Gau SS-F. Genome-wide association study of autism spectrum disorder in the East Asian populations. *Autism Res.* 9(3): 340-349, 2016. (DOI: 10.1002/aur.1536.)
5. Nishida N, Ohashi J, Khor S-S, Sugiyama M, Tsuchiura T, Sawai H, Hino K, Honda M, Kaneko S, Yatsushashi H, Yokosuka O, Koike k, Kurosaki M, Izumi N, Korenaga M, Kang J-H, Tanaka E, Akinobu Taketomi A, Eguchi Y, Sakamoto N, Yamamoto K, Tamori A, Sakaida I, Hige S, Itoh Y, Mochida S, Mita E, Takikawa Y, Ide T, Hiasa Y, Hiroto Kojima H, Yamamoto K, Nakamura M, Saji H, Sasazuki T, Kanto T, Tokunaga K, and Mizokamoi M. Understanding of HLA-conferred

- susceptibility to chronic hepatitis B infection requires HLA genotyping-based association analysis. *Sci Rep* 6: 24767 Epub, 2016. (DOI: 10.1038/srep24767.)
6. Yamasaki M, Miyagawa T, Toyoda H, Khor S-S, Liu X, Kuwabara H, Kano Y, Shimada T, Sugiyama T, Nishida H, Sugaya N, Tochigi M, Otowa T, Okazaki Y, Kaiya H, Kawamura Y, Miyashita A, Kuwano R, Kasai K, Tani H, Honda Y, Honda M, and Tokunaga K. Evaluation of polygenic risks for narcolepsy and essential Hypersomnia. *J. Hum. Genet.* (in press)
 7. Hayano T, Yamada S, Hosomichi K, Nakaoka H, Yoshihara K, Adachi S, Kashima K, Tanaka K, Enomoto T, Inoue I. "Identification of novel exonic mobile element insertions in epithelial ovarian cancers." *Hum Genome Var.* 2: 15030, 2015 (DOI: 10.1038/hgv.2015.30)
 8. Mitsunaga S, Hosomichi K, Okudaira Y, Nakaoka H, Suzuki Y, Kuwana M, Sato S, Kaneko Y, Homma Y, Oka A, Shiina T, Inoko H, Inoue I. "Aggregation of rare/low-frequency variants of the mitochondria respiratory chain-related proteins in rheumatoid arthritis patients." *J Hum Genet.* 60(8): 449-454, 2015 (DOI: 10.1038/jhg.2015.50)
 9. Hosomichi K, Shiina T, Tajima A, Inoue I. "The impact of next-generation sequencing technologies on HLA research." *J Hum Genet.* 60(11): 665-673, 2015 (DOI: 10.1038/jhg.2015.102)

(3-2) データベースおよびウェブツール等の構築と公開

別紙1参照。

(3-3) その他の著作物(総説、書籍など)

該当無し

(3-4) 国際学会および国内学会発表

① 招待講演 (国内 2件、国際 6件)

〈国内〉

1. 徳永勝士: 特別講演: ヒトゲノム解析研究が目指す医療の革新、第63回日本輸血・細胞治療学会総会、東京、2015.5.29.
2. 徳永勝士: 学会賞受賞講演: ゲノム多様性、疾患感受性と薬剤応答性、第60回日本人類遺伝学会大会、東京、2015.10.16.

〈国際〉

1. Tokunaga K : Genome-wide search for disease-related genes with special reference to HLA-disease associations – Towards clinical application、Yarsi Genomic Medicine Conference 2015, Jakarta, 2015.5.7.
2. Tokunaga K and Ueta M : Diversity of drug hypersensitivity genes with special

reference to cold medicine-related Stevens-Johnson syndrome, 75th
International Congress of FIP (International Pharmaceutical Federation),
Dusseldorf, 2015.10.1.

3. Tokunaga K: Revisiting HLA polymorphisms and disease associations,
Asia-Pacific Histocompatibility and Immunogenetics Association Conference
2015, Bangkok, 2015.10.13.
4. Tokunaga K: Utilization of biobank and database in genome medicine, 15th
FERCAP International Conference, Nagasaki, 2015.11.24.
5. Tokunaga K: Genome-wide search for disease-related genes: Strategy and
practice, 1st International Stevens-Johnson Syndrome Symposium, Kyoto,
2016.1.24.
6. Tokunaga K: HLA associations with disease susceptibility and drug
hypersensitivity - recent advances, Advanced HLA Technical Workshop, Palm
Springs, 2016.3.2.

② 口頭講演 (国内 4件、国際 0件)

〈国内〉

1. 西田奈央、澤井裕美、山本健、馬渡頼子、杉山真也、笹月健彦、徳永勝士、溝上
雅史、日本人における B 型慢性肝炎と HLA-DPB1 の関連 (口頭発表)、第 51 回 日
本肝臓学会総会 2015. 05. 21-22.
2. 澤井裕美、溝上雅史、徳永勝士、ゲノムワイド関連解析による B 型肝炎の癌化に関連す
る新規遺伝要因の同定 第 51 回 日本肝臓学会総会 2015. 05. 21
3. 宮川卓 他、HLA-DQB1*06:02 陰性の真性過眠症候群を対象としたゲノムワイド関連解
析、第 24 回日本組織適合性学会大会、茨城県、2015 年 9 月 10 日
4. 早野崇英、井ノ上逸朗 et al. NGS データを用いた上皮性卵巣癌のトランスポゾン挿入
解析、人類遺伝学会、東京、10 月 16 日

〈国際〉

該当なし

③ ポスター発表 (国内 7件、国際 3件)

〈国内〉

1. 早野崇英、澤井裕美、小池麻子、井ノ上逸朗、辻省次、徳永勝士 統合化推進プログラ
ムにおけるヒトゲノムバリエーションデータベース 日本分子生物学会 第 37 回大会、神
奈川、2015 年 12 月 1 日
2. 西田奈央、大橋順、杉山真也、土浦貴代、石井真由美、山本健、笹月健彦、徳永
勝士、溝上雅史：日本人における B 型慢性肝炎と HLA-DPB1 遺伝子型の関連 (ポス
ター発表) 第 38 回日本分子生物学会 2015. 12. 01-04.
3. 澤井裕美、上田真由美、齋藤るみ子、新垣隆生、人見祐基、外園千恵、木下茂、徳
永勝士 感冒薬関連スティーブンス・ジョンソン症候群の GWAS 検体を用いたジ

ャポニカアレイ®の精度検証 日本人類遺伝学会第60回大会、2015年10月15日

4. 豊田裕美、宮川卓、Seik-Soon Khor、小池麻子、本多真、徳永勝士、A polymorphism in CCR1/CCR3 is associated with narcolepsy. 第27回日本神経免疫学会学術集会、岐阜県、2015年9月15日
5. 豊田裕美、宮川卓、Seik-Soon Khor、小池麻子、本多真、徳永勝士、新規ナルコレプシー感受性遺伝子 CCR1/CCR3 の同定 日本人類遺伝学会第60回大会、東京都、2015年10月16日
6. 宮川卓、Seik-Soon Khor、豊田裕美、小島裕人、二神貴臣、山崎茉莉亜、佐治博夫、三島和夫、本多裕、本多真、徳永勝士、HLA-DQB1*06:02 陰性の真性過眠症候群を対象としたゲノムワイド関連解析、日本人類遺伝学会第60回大会、東京都、2015年10月16日
7. 早野崇英、井ノ上逸朗 et al. HLA 遺伝子完全配列決定パイプラインの構築、トーゴーの日シンポジウム2015、東京、10月5日

〈国際〉

1. Asako Koike, Katsushi Tokunaga, Ituro Inoue, Shoji Tsuji, Human Genome Variation Database in Japanese Database Integration Project HGV 2015, SanFrancisco Nov. 11th, 2015.
2. Nishida N, Ohashi J, Sugiyama M, Tsuchiura T, Yamamoto K, Hino K, Honda M, Kaneko S, Yatsuhashi H, Koike K, Yokosuka O, Tanaka E, Taketomi A, Kurosaki M, Izumi N, Sakamoto N, Eguchi Y, Kanto T, Sasazuki T, Tokunaga K, and Mizokami: Effects of HLA-DPB1 genotypes on chronic hepatitis B infection in Japanese (ポスター発表). American Association for the study of Liver Diseases The Liver Meeting 2015, (サンフランシスコ) 2015.11.13-17
3. 宮川卓 他、Association analysis of narcolepsy without cataplexy and idiopathic hypersomnia、The European Human Genetics Conference 2015、ボルチモア、アメリカ、2015年6月7日

(3-5) 知的財産権の出願

該当無し

(3-6) 受賞・報道等

① 受賞

1. 日本人類遺伝学会賞、徳永勝士、2015年10月16日

§4. 研究開発期間中に主催した活動(主催したワークショップ等)

該当無し

以上

別紙1 既公開のデータベース・ウェブツール等

No.	状態	研究開発課題名	データベース、ウェブツール等の名称	概要 (150字程度)	URL	公開開始日	関連論文 (論文リストに記載があれば、その番号でも可)
1	継続	個別化医療に向けたヒトゲノムバリエーションデータベース	Human genome variation database	ヒトゲノムのゲノムワイド関連解析に関するポータルサイトです。「ヒトゲノムバリエーションデータベース共有方針」と、下述のCNV association DB、CNV control DB、GWAS-DB、HLA DB、Human Variation DB、SNP-DB、およびRe-Sequencing DBへのリンクと関連組織へのリンクが記述されています。	https://gwas.biosciencedbc.jp/index.Japanese.html		
2	継続	個別化医療に向けたヒトゲノムバリエーションデータベース	copy number variation association database (CNV association DB)	健常者の数十万から数百万のSNPチップデータから検出したCNVのケースコントロール解析の結果を登録し、GUIにより結果を閲覧できるようにしています。	http://gwas.biosciencedbc.jp/cgi-bin/cccdb/cc_top.cgi		
3	継続	個別化医療に向けたヒトゲノムバリエーションデータベース	CNV control DB	健常者の数十万から数百万のSNPチップデータから検出したCNVを登録し、GUIにより結果を閲覧できるようにしています。	http://gwas.biosciencedbc.jp/cgi-bin/cnvdb/cnv_top.cgi		
4	継続	個別化医療に向けたヒトゲノムバリエーションデータベース	Genome wide association database (GWAS DB)	数十万から数百万のSNPチップによる疾患関連解析の頻度情報と遺伝統計解析の結果を登録し、GUIにより結果を閲覧できるようにしています。	http://gwas.biosciencedbc.jp/cgi-bin/gwasdb/gwas_top.cgi		
5	継続	個別化医療に向けたヒトゲノムバリエーションデータベース	HLA database (HLA DB)	次世代シーケンサーによって検出されたHLA領域における健常者変異、疾患関連変異、及び、文献に発表されている疾患関連変異を抽出・登録し、GUIにより閲覧できるようにしています。	http://gwas.biosciencedbc.jp/cgi-bin/hldb/hla_top.cgi		
6	継続	個別化医療に向けたヒトゲノムバリエーションデータベース	SNP Control DB (SNP DB)	数十万から数百万のSNPチップを用いて解析した健常者のアリル・遺伝子型頻度の情報とハーディーワインバーグ平衡検定値を登録し、GUIにより結果を閲覧できるようにしています。	http://gwas.biosciencedbc.jp/snpdb/snp_top.php		