

共同利用・共同研究拠点

「マルチオミックスによる遺伝子発現制御の  
先端的医学共同研究拠点」

## News Letter

Vol. 07

2025.03

横浜市立大学先端医科学研究センターは2018年4月1日より共同利用・共同研究拠点「マルチオミックスによる遺伝子発現制御の先端的医学共同研究拠点」として文部科学省に認定されています。

これまでに横浜市立大学が整備・蓄積してきた各種オミックス（マルチオミックス）やバイオインフォマティクスの解析技術と設備を他大学・研究所・企業等に関くことにより、日本有数の医学共同利用・共同研究拠点の形成を目指しています。

## Contents

- 1 | 先端医科学研究センター長挨拶  
／拠点運営委員長挨拶
- 2 | 期末評価と拠点再認定のご報告
- 3 | 2024年度共同研究採択課題
- 4 | 論文紹介
- 5 | 新規導入機器の紹介
- 6 | 共同研究者からのご寄稿
- 7 | 人材育成（セミナー・各種講習会）
  - 拠点主催・共催セミナー
  - バイオインフォマティクス実習・実践
  - バイオインフォマティクス特講
  - バイオインフォマティクス解析集中トレーニングコース
  - 空間的遺伝子発現解析セミナー
  - プロテオミクス講習会
- 8 | 特任教員着任挨拶

## 認定概要

## 大学・研究施設名

横浜市立大学先端医科学研究センター

## 代表者

山口 由衣（先端医科学研究センター長）

## 運営委員長

田村 智彦（免疫学 教授）

## 拠点名称

マルチオミックスによる  
遺伝子発現制御の  
先端的医学共同研究拠点

## 研究分野

医学・生物系

## 認定期間

2018年4月1日～  
2031年3月31日

# 1 | 先端医科学研究センター長／拠点運営委員長挨拶

横浜市立大学 先端医科学研究センターは、文部科学省による「マルチオミックスによる遺伝子発現制御の先端的医学共同研究拠点」に2018年度より認定され、今年度より新たに拠点の継続（7年間）が決定しました。これまでの活動に対し、最高の「S評価」をいただき、ひとえに田村智彦 拠点運営委員長の強いリーダーシップ、多くの拠点メンバー、共同研究者、事務方の皆様が尽力された賜物であります。

生命現象および疾患病態の理解には、重要な遺伝子発現制御に関する解析が必須の時代となりました。これまで当拠点で整備・蓄積してきた各種オミックスやバイオインフォマティクス解析の“ノウハウ”が、大学の基礎研究者だけではなく、Physician Scientist、企業研究者などに開かれることで、多くの研究成果につながってきました。公募により採択された「共同研究」課題や、「共同利用」

の依頼に対しては、西山 晃 実行部会長が中心となって技術サポートを提供しているほか、今年にはさらに空間的遺伝子発現解析における透過処理アシスト装置「Visium CytAssist」も加わりましたので、今後の研究にさらなる幅と深さを提供できると思います。また、本拠点の重要な活動目標の一つとして、「人材育成」があります。Prof. Ramilowskiの尽力によるバイオインフォマティクス教育プログラムの提供は、オンラインやオンデマンドを駆使し、日本語翻訳も可能となり、常にアップデートすることで多くの研究者の教育を可能にしています。

拠点認定の更新による新たな局面を迎えました。今後は、若手研究者育成やグローバル化をさらに意識し、さらなる外部連携・交流から研究の発展につなげるべく、本拠点を皆様と盛り上げていきたいと夢を膨らませています。益々のご支援を宜しくお願い申し上げます。



先端医科学研究センター長  
山口 由衣

横浜市立大学  
医学研究科環境免疫病態皮膚科学  
教授



運営委員長 田村 智彦

横浜市立大学  
医学研究科免疫学 教授  
先端医科学研究センター  
エピゲノム解析センター長  
バイオインフォマティクス  
解析センター長

2018年度から文部科学省に認定されている「マルチオミックスによる遺伝子発現制御の先端的医学共同研究拠点」は最初の認定期間6年間を終え、期末評価はSでした。これも拠点を利用くださった皆様や支えてくださった皆様のおかげであり、心から感謝申し上げます。そして無事、今年度からの7年間の再認定と3年間の機能強化支援の採択に至りました。

本拠点は決して規模が大きくはないので、多量のサンプルを解析してデータをお返りする受託解析では限界があると考え、皆様自身でオミックス解析を行える様になる、いわば人材育成の場を目指してきました。象徴的なのが、オミックス解析のボトルネックとなりがちなバイオインフォマティクスの教育プログラム（実習・トレーニングコース・特講）です。オンデマンド視聴も取り入れ、2023年度は利用数が延1,397件でした。なお、本学の誇るプロテオーム解析件数も105件にまで伸びました。そしてバイオインフォマティクス解析センターのジョーダン・ラミロフスキー博士とプロテオーム解析センター

の木村弥生博士は、2024年度に准教授から教授に昇進となりました。本学外からの拠点参画者の多くも昇進され、継続して公募研究に採択されていた東京薬科大学の浅野謙一博士が、2024年4月に本学微生物学の教授として着任されました。こういったことも、拠点として大変嬉しいことと感じています。

さて、第二期の最初の大きな目標は、近年大きな注目を浴びている空間的遺伝子発現解析です。すでに解析機器の導入は完了し、2024年度の公募研究13件のうち4件が空間的遺伝子発現解析を行うこととなっています。本拠点が得意としてきたシングルセルRNA-seq解析では得られなかった空間的な情報が加わることは、組織・臓器や固形がんなどの理解に大きく貢献することは間違いありません。私たち自身も経験は浅いのですが、本拠点らしく、皆様と一緒に立ち上げていきたいと考えています。引き続き、日本ならびに世界の医学研究に貢献すべく尽力して参りますので、今後ともどうぞよろしく願いいたします。

## 2 | 期末評価と拠点再認定のご報告

2018年度に共同利用・共同研究拠点として認定された本拠点は、2023年度に認定期間の最終年度を迎えました。科学技術・学術審議会学術分科会研究環境基盤部会共同利用・共同研究拠点等に関する作業部会、ならびに特色ある共同利用・共同研究拠点に関する専門委員会による期末評価が行われ、S評価を得ることができました。

さらに、2024年度からの認定更新（認定期間7年間）および「共同利用・共同研究システム形成事業～特色ある共同利用・共同研究拠点支援プログラム～機能強化支援」に採択されました。

[https://www-user.yokohama-cu.ac.jp/~kyoudou/kyoudou\\_wp/?p=1783](https://www-user.yokohama-cu.ac.jp/~kyoudou/kyoudou_wp/?p=1783)

詳細は、こちらのwebサイトをご覧ください。



## 3 | 2024年度共同研究採択課題

今年度は2024年6月から公募を行い、運営委員会での審議を経て、以下の研究課題が採択されました。いずれの課題においても、本拠点が解析技術や設備などによる支援を行いました。

	共同研究者所属機関	研究課題名	本学受入研究者所属
01	東北大学大学院医学系研究科	転写因子BACH2欠損によるB細胞クロマチン構造異常の解明	先端医科学研究センター
02	東京大学医科学研究所	胃食道接合部癌の発生機序の解明	消化器内科学
03	東京薬科大学生命科学部	制御性単球の炎症抑制および組織修復機序の解析	微生物学
04	東京大学医科学研究所	造血幹細胞からの血小板バイパス分化を制御するカルシウムシグナル伝達の解明	免疫学
05	神戸大学大学院医学研究科	中枢神経系原発悪性リンパ腫に対する空間的トランスクリプトーム解析	脳神経外科学
06	国立循環器病研究センター研究所	難治性心疾患の病態進展および予後改善を規定する因子の探索的研究	薬理学
07	群馬大学未来先端研究機構	腫瘍増殖を抑制する転写ユニティ機構の解明	分子生物学
08	国立国際医療研究センター研究所	骨髄ニッチの修復過程を制御するメカニズムの解析	免疫学
09	神奈川県立がんセンター臨床研究所	がん播種巣の空間的遺伝子解析によるがん脂肪相互作用の解明と新規治療標的の探索	免疫学
10	東京大学定量生命科学研究所	免疫応答の強力な活性化を引き起こす新たな細胞ストレス/細胞死の機構解明を目的としたオミックス解析	免疫学
11	熊本大学大学院生命科学研究部	希少腎癌の細胞分化と細胞可塑性に着目した腎腫瘍化機構の解析研究	泌尿器科学
12	神戸大学大学院医学研究科	クロマチン動態が司る造血幹細胞の免疫応答と分化ポテンシャル	免疫学
13	東京薬科大学生命科学部	新規単球の分化制御機構の解明	免疫学

# 4

## 論文紹介

本拠点での共同研究ならびに本拠点の支援において発表された論文を紹介します。

### Comparative analyses define differences between BHD-associated renal tumour and sporadic chromophobe renal cell carcinoma

Jikuya R, Johnson TA, Maejima K, An J, Ju YS, Lee H, Ha K, Song W, Kim Y, Okawa Y, Sasagawa S, Kanazashi Y, Fujita M, Imoto S, Mitome T, Ohtake S, Noguchi G, Kawaura S, Iribe Y, Aomori K, Tatenuma T, Komeya M, Ito H, Ito Y, Muraoka K, Furuya M, Kato I, Fujii S, Hamanoue H, Tamura T, Baba M, Suda T, Kodama T, Makiyama K, Yao M, Shuch BM, Ricketts CJ, Schmidt LS, Linehan WM, Nakagawa H, Hasumi H. *EBioMedicine* 92: 104596, 2023



筆者

軸屋 良介 先生

横浜市立大学  
医学研究科泌尿器科学 助教

横浜市立大学大学院医学研究科 泌尿器科学 軸屋良介 助教、蓮見壽史 准教授、同大学先端医学科学研究センター 田村智彦 教授（免疫学）、同大学 藤井誠志 教授（分子病理学）、理化学研究所生命医学研究センター 中川英刀 チームリーダーらの研究グループは、腎癌の統合的マルチオミクス解析により、「腎癌の自然史」、すなわち腎癌がどの腎臓細胞から発生し、いつ癌化したか、そしてどのように増殖し不均一性を獲得したかを明らかにしました。

本研究では、遺伝性と散発性（非遺伝性）腎癌の多数検体に全ゲノム解析、RNAシーケンス解析、シングルセル遺伝子発現解析を施行し、様々な知見が得られました。まず遺伝性と散発性の腎癌では起源となる正常腎臓細胞が異なり、それにより腫瘍特性が異なることがわかりました。また遺伝性のBHD腎癌

では診断の約30年前の20歳頃に原因遺伝子*FLCN*の完全欠損が生じ、そこから直線的に緩徐な増殖を示すことがわかりました。さらに腎癌では正常の腎臓の発生・分化機構の一部を利用して増殖し、癌の組織内あるいは組織間での不均一性を形成していることが明らかになりました。本研究により、個々の腎癌の時間軸を遡り、その発生と成長過程を推測することができ、それぞれの腎癌が今後どのような経過を辿っていくかを予測して最適なアプローチ方法を選択することが可能となります。

今回の研究成果は、腎腫瘍化機構に基づく精密医療の開発および、腎癌の適切な検診法や治療介入時期の決定に大きく役立ちます。本研究成果は拠点の持つマルチオミクス解析の技術や、拠点主催のバイオインフォマティクス実習の賜物と言えます。

### STING/RANTES Pathway in Airway Epithelium Enhances *Der p1*-induced Airway Inflammation

Tsuji M, Kondo M, Nishiyama A, Tamura T, Nakamura-Ishizu A, Koizumi M, Honda H, Tagaya E. *Allergy* 79(7): 2008-2011, 2024

我々は、ウイルスDNAやRNAをリガンドとするパターン認識受容体の一つ、STING による気道炎症に着目して研究を進めてまいりました。本拠点の共同研究事業に採択していただき、横浜市立大学免疫学教室の西山先生、田村先生との共同研究により、STINGで刺激した気道上皮のRNA-seqを行いました。また事業の一つである先端医学科学研究センターバイオインフォマティクス解析センター Jordan Ramilowski先生によるバイオインフォマティクス特講を受講しました。そこで習得いたしました手法を用いて、NCBIのGene expression omnibusに公開されている気管支鏡による気道粘膜生検検体のデータの

解析もいたしました。その結果、STINGはヒトの気道上皮での発現が他のパターン認識受容体と比較して最も高発現であること、またSTINGを活性化するとサイトカインの中で唯一、*CCL5/RANTES*の発現が亢進することがわかりました。本研究は *Allergy* に掲載されました。

この拠点事業は共同研究としてのみならず、私自身にとっても成長の機会となり、非常に貴重な経験でした。皆様には多大なご協力をいただき、心から感謝申し上げます。



筆者

辻 真世子 先生

東京女子医科大学  
医学部呼吸器内科学 助教

### Physical and functional interaction among *Irf8* enhancers during dendritic cell differentiation

Yamasaki T, Nishiyama A, Kurogi N, Nishimura K, Nishida S, Kurotaki D, Ban T, Ramilowski JA, Ozato K, Toyoda A, Tamura T. *Cell Reports* 43(4): 114107, 2024



筆者

山崎 貴弥 さん

横浜市立大学  
医学研究科免疫学  
大学院生

横浜市立大学大学院医学研究科免疫学 山崎貴弥 大学院生、西山晃准教授、田村智彦教授らの研究グループは、樹状細胞の分化に必要な転写因子IRF8の発現を制御するエンハンサー群の相互作用メカニズムを明らかにしました。樹状細胞分化において、これまで上流の分化段階にて機能するとされてきた *Irf8* 遺伝子のエンハンサーは、複数の転写因子ネットワークを介して他の *Irf8* エンハンサーに作用していました。一方で、下流の分化段階にて機能するとされてきたエンハンサーは、転写因子のネットワークを介さず、直接的にその他のエンハンサーに作用することがわかりました。このように、複数の細胞種への分化能を持つ前駆細胞と、運命がすでに決定された細

胞とでは、様式の異なるエンハンサー相互作用によって樹状細胞分化が調節されていることを示しました。このような複数のエンハンサーによる単一遺伝子発現量の調節は、細胞分化を制御する遺伝子発現調節における普遍的な仕組みである可能性があり、更なる研究でそれが明らかになることが期待されます。本研究は、希少細胞のクロマチン高次構造解析によって細胞分化段階における *Irf8* 遺伝子座のエンハンサー群を含めた物理的な相互作用を明らかにし、さらにヒストン修飾解析を用いたエンハンサー活性の評価によって機能的な相互作用を明らかにしました。これらの結果は、本拠点の持つ技術を最大限に活用した研究であると言えます。

## 5 | 新規導入機器の紹介

### 10x Genomics社 Visium CytAssist



ヒトを含む多細胞生物の組織は、多様な種類の細胞によって構成されています。組織内の個々の細胞での遺伝子発現を調べることは、組織内での細胞機能を深く理解できるだけでなく、さまざまな疾患における病態理解に大きな貢献をもたらすことができます。組織内の遺伝子発現の解析法には、組織切片を用いての in situ ハイブリダイゼーション法などがありますが、ごく少数の遺伝子しか解析できませんでした。一方、個々の細胞の遺伝子発現を調べる優れた方法としてシングルセルRNA-seq解析があります。しかし、この方法では組織から単細胞懸濁液を調製することが必要であり、この過程で組織内での細胞の位置情報が失われてしまいます。このため、シングルセルRNA-seq解析で興味深い細胞集団が見つかって、それらが組織のどこに存在しているか、どのような遺伝子発現を持つ細胞と近接しているか、わからないという問題がありました。近年、空間的遺伝子発現解析という技術が急速に発展しています。空間的遺伝子発現解析では、組織切片の遺伝子発現を位置情報を保ったまま網羅的に解析することが可能です。さらに、ヘマトキシリン・エオジン染色や蛍光免疫染色の顕微鏡像と統合することで、組織の形態学的特徴を加えた解析が可能になります。

本拠点では、この空間的遺伝子発現解析を行うために、10x Genomics社 Visium CytAssistを2024年度に導入いたしました。このVisium CytAssistは、10x Genomics社が開発したVisium空間的遺伝子発現解析技術を円滑に、かつ簡略化して行うことができる装置です。Visiumは最も早く実用化された空間的遺伝子発現解析技術で、2024年には解像度が2 μmへと大幅に改良され、シングルセルレベルでの解析が可能になりました。また、Visiumは他の空間的遺伝子発現解析技術とは異なり、次世代シーケンス解析と組み合わせることでゲノム全体にわたる網羅的な遺伝子発現を解析することが実現されています。本拠点では、公募研究をはじめ学内外の研究者に広く活用していただけることを目指して、VisiumとVisium CytAssistを用いた空間的遺伝子発現解析技術の導入を進めております。

### ソニー社 セルソーター MA900

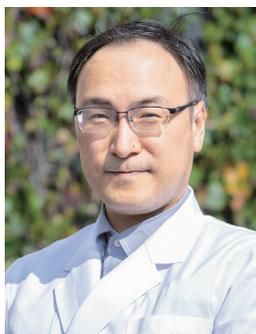


セルソーターは、解析対象の細胞集団を高純度で分取する装置です。特に貴重な臨床検体やマウス生体などに含まれるごく少数の細胞を解析するためには、無くてはならない装置です。これまでも、本拠点ではセルソーターで分取した微量サンプルのChIP-seq解析やATAC-seq解析、RNA-seq解析などを行ってきました。また、シングルセルRNA-seq解析においても、これまで均一と考えられてきた細胞集団での遺伝子発現の不均一性の検出などにおいて、活用されてきました。2024年に新しいセルソーターとしてソニー社MA900が導入されましたので、ご紹介いたします。

導入されたMA900は、照射レーザーを3種類持ち、最大で12色の同時検出が可能です。この多色の同時検出によって、複雑な染色パネルやゲーティングストラテジーを用いることが可能になり、解析対象の細胞を容易に分離することができます。加えて、従来の装置と比較して、短い時間でソートが可能であり、細胞へのダメージも少ないため、微量サンプルの解析に適しています。また、ソーターのセットアップを全自動で行う機能や、交換式マイクロ流路チップが採用されていることで、初心者でも使いやすく、さらにメンテナンスしやすい装置となっています。

本ソーターは医学部免疫学教室の帰属となりますが、本拠点の共同研究をはじめとする研究活動に活用していきます。

## 6 | 共同研究者からのご寄稿



### 佐藤 慎哉 先生

神奈川県立がんセンター臨床研究所  
形態情報解析室室長  
がん分子病態学部医長  
神奈川県立がんセンター  
病理診断科医長  
生体試料センター運営委員・  
副センター長

この度は、貴学先端医科学研究センター「マルチオミックスによる遺伝子発現制御の先端的医学共同研究」に採択頂き、誠に有難うございます。拠点運営委員長の田村智彦教授をはじめ、関係者の方々に深く御礼申し上げます。

私は神奈川県立がんセンター臨床研究所・形態情報解析室において、病理学のバックグラウンドを活用した組織形態解析を元に、脂肪とがんの相互作用を研究しております。脂肪組織は脳を除く全身に分布し、あらゆるがんと相互作用を形成します。近年アディポカイン等の脂肪分泌因子ががん増殖に影響を与えること、腫瘍免疫やcancer associated fibroblast (CAF)の誘導にも関与することが明らかとなり、がん領域での脂肪研究も盛んになりつつあります。私達は骨髄脂肪細胞が、骨転移がん周囲CD8陽性リンパ球やCAFの誘導に関与する可能性を示し、脂肪の豊富な骨髄に転移したがん細胞が、原発巣と比較し治療抵抗性や腫瘍免疫回避に寄与する遺伝子発現パターンを有すること、また脂

肪由来アディポネクチンの血中濃度が、がんの転移や治療抵抗性の強力な予測因子であることを見出しました。

脂肪細胞のがんに対する役割を明らかにするツールとして、空間的遺伝子解析の手法は非常に有用です。本共同研究において、がんと直接接する脂肪細胞、またがんと離れた脂肪細胞の遺伝子発現解析を介して、がんと脂肪の直接的・間接的な相互作用メカニズムを明らかにし、脂肪を標的とするがん治療法の可能性を探りたいと考えております。

採択直後より、免疫学西山准教授を筆頭に、拠点関係者様には手厚いサポートを頂いており、安心して共同研究を進めさせて頂いております。ここに深く御礼申し上げますとともに、本共同研究から脂肪を標的とする革新的ながん治療につながる研究成果を挙げていきたいと思っております。引き続きご指導ご支援の程、何卒宜しくお願いいたします。

このたびは貴拠点のNewsLetterに寄稿させていただき機会を賜り、誠にありがとうございます。これまで貴拠点のご支援のもと、貴学泌尿器科学講座の蓮見壽史先生・軸屋良介先生と共同研究を数年間にわたり進めてまいりました。私どもは主に遺伝性腎癌の研究に取り組んでおり、とりわけ貴拠点が提供するシングルセル遺伝子発現解析技術を活用し、3種類の遺伝性腎癌における腫瘍内の不均一性や腫瘍微小環境の多様性を明らかにしてきました。

シングルセル解析では、単一細胞レベルの高精度な遺伝子発現データが得られる一方、細胞が腫瘍組織内のどの位置に存在するのかという空間情報が失われてしまうという課題があります。このたび貴拠点に導入された高解像度の空間的トランスクリプトーム解析技術 (Visium HD) を活用させていただけることになり、腫瘍

内の各細胞の空間的分布や相互作用を可視化しながら、その遺伝子発現を包括的に解析できることとなりました。特に、先行研究でシングルセル解析を行った同一患者の検体を対象とすることで、単一細胞レベルの詳細な遺伝子発現データと空間情報を統合し、より高解像度の解析が可能になります。

この研究によって、腫瘍細胞の不均一な分布パターンや免疫細胞の位置・機能の変化、さらには前癌病変・正常部・腫瘍部間の遺伝子発現プロファイルの違いを明らかにし、腎癌の発生メカニズムや治療標的の探索に寄与できると考えております。今後とも、貴拠点のご支援をいただきながら、世界に先駆けた遺伝性腎癌研究の発展と新たな治療戦略の確立を目指してまいります。



### 馬場 理也 先生

熊本大学  
生命科学研究所泌尿器科学講座  
診療講師

# 7 | 人材育成（セミナー・各種技術講習会）

## 【拠点主催・共催セミナー】

	講師	タイトル
第1回	徳留 健 先生（横浜市立大学）	ペプチドホルモンのトランスレシヨナルリサーチ
第2回	後藤 由季子 先生（東京大学）	細胞の運命選択メカニズム
第3回	岩間 厚志 先生（東京大学）	造血幹細胞の加齢変化とクローン性造血
第4回	Juha Kere 先生（カロリンスカ研究所）	How can we use genomics to prevent complex disorders?
第5回	Alistair Forrest 先生 （ハーリー・パーキンス医学研究所）	Studying tumour subclones and the tumour microenvironment using spatial transcriptomics

## 【バイオインフォマティクス実習・実践】

	タイトル		タイトル
第1回	Course introduction	第5回	Public genomic databases
第2回	Basics of R/RStudio	第6回	Differential gene expression
第3回	R analysis workflows	第7回	Gene pathway enrichment
第4回	Elegant data visualization	第8回	scRNA-seq data analysis

## 【バイオインフォマティクス特講】

	講師	タイトル
第1回	鈴木 貴紘 先生（理化学研究所）	Introduction & advances in the NGS and OMICS data analysis
第2回	Charles Plessy 先生（沖縄科学技術大学院大学）	Automation, containerisation and pipeliniisation for bioinformatics: easier for you to run it, easier for others to reproduce it
第3回	Jordan Ramilowski 先生（横浜市立大学）	The more the merrier: multi-omics approaches in biological data analysis
第4回	有井 栞 先生（株式会社AIメディカルサービス）	A computer aided supporting system with AI in endoscopic image
第5回	Sakura Maezono 先生（横浜市立大学）	Transforming healthcare diagnostics by leveraging bioinformatics tools
第6回	瀬々 潤 先生（株式会社ヒューマノーム研究所）	AI in biological research
第7回	粕川 雄也 先生（理化学研究所）	Use of public resources for the omics studies
第8回	清水 沙友里 先生（横浜市立大学）	Application of machine learning to healthcare

## 【バイオインフォマティクス解析集中トレーニングコース】

	タイトル
第1回	Special bioinformatics course introduction and software preparation
第2回	Introduction to cancer genomics & scRNA-seq data preparation
第3回	scRNA-seq data clustering & cell type identification
第4回	Trajectory analysis & cell-cell communication in scRNA-seq data
第5回	Result validation at tissue-level using TCGA public resource

## 【空間的遺伝子発現解析セミナー】

	タイトル
第1回	Visium CytAssistセミナー ～空間的遺伝子発現解析～
第2回	空間的遺伝子発現解析（1）サンプル準備編
第3回	空間的遺伝子発現解析（2）実地トレーニング編

## 【プロテオミクス講習会】

	講師	タイトル
第1回	松本 俊英 先生（北里大学）	臨床応用に向けたプロテオーム解析のすゝめ
第2回	福田 佳奈 先生（株式会社ファーマフーズ）	Olink プラットフォームが切り開くプロテオミクスの新時代

## 8

## 着任のご挨拶



田口 慎也 先生

横浜市立大学  
先端医科学研究センター  
特任助教

2025年4月より本学先端医科学研究センター特任助教に就任いたします田口慎也と申します。このたびはこのような貴重な機会をいただき、大変光栄に存じます。

私は2014年に本学医学部を卒業後、腎臓内科医として臨床経験を重ねてまいりました。その後、2020年に横浜市立大学大学院博士課程（循環器・腎臓・高血圧内科学）に進学し、2024年3月に修了いたしました。大学院では、組織レニン・アンジオテンシン系の過剰活性化と生活習慣病（高血圧、慢性腎臓病、糖尿病など）の発症や進展に与える影響をテーマに研究を進めてまいりました。特に、皮膚組織による血圧制御のメカニズムに着目し、皮膚組織レニン・アンジオテンシン系の過剰活性化が高血圧の進展に寄与することを明らかにいたしました。この研究は現在も継続して取り組んでおります。また、本学免疫学教室との共同研究においては、臨床検体を用いたシングルセル解析を通じて常染色体多発性嚢胞腎（ADPKD）の進展機序の解明を目指すプロジェクトに参加させていただきました。この研究を通じ、オミクス解析の持つ大きな可能性を肌で感じ、今後の研究を進めるうえで欠かせない手法であると実感しております。さらに、日本腎臓学会が主導するバイオバンク事業（J-Kidney-Biobank）にも参画し、ゲノムおよび臨床情報を活用したpost-GWAS解析を進めております。ゲノムデータが様々なオミクス情報と統合され、ゲノム情報の臨床応用が垣間見える段階になってきたことを強く感じております。このような解析技術をさらに深めることで新たな知見を創出し、医学研究に貢献したいと考えております。

共同利用・共同研究拠点では、多様なバックグラウンドを持つ先生方や研究者の皆様から多くを学ばせていただきながら、共同研究を通じて少しでも貢献できるよう尽力してまいります。何卒ご指導ご鞭撻のほど、よろしくお願い申し上げます。

## 問い合わせ先

Yokohama City University  
先端研  
SENTANKEN  
Advanced Medical Research Center

〒236-0004

横浜市金沢区福浦3-9

公立大学法人横浜市立大学 先端医科学研究センター  
共同利用・共同研究拠点事務局

E-mail: kyoudou@yokohama-cu.ac.jp

Webサイト:

[https://www-user.yokohama-cu.ac.jp/~kyoudou/kyoudou\\_wp/](https://www-user.yokohama-cu.ac.jp/~kyoudou/kyoudou_wp/)

拠点Webサイト

