

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. 08

2026.03

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 | 拠点運営メンバー挨拶
- 2 | 運営委員会からのご寄稿
- 3 | 2025年度共同研究採択課題
- 4 | 論文紹介
- 5 | 共同研究者からのご寄稿
- 6 | NUSシンポジウム開催報告
- 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 | バイオインフォマティクス講習会  
講師からのご挨拶

## 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 | 拠点運営メンバー挨拶

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医学共同研究拠点」は、早いもので今年度通算8年目でした。単一細胞RNA-seq、空間的遺伝子発現解析、プロテオミックスを始めとしたオミックスを用いた共同研究やバイオインフォマティクス教育プログラムを行う中で、皆様自身がオミックス解析を行えるようになる、人材育成の場を目指してきました。

今年度は腎臓内科医でもある田口慎也特任助教が着任し、12月にはシンガポール国立大学・神奈川県立がんセンター・本学による第二

回NUS-Kanagawa Cancer Symposiumが福浦キャンパスで開催され、本拠点での研究成果も多く紹介されました。

来年度は、空間的遺伝子発現解析をより身近なものとするための取り組みを行うとともに、通算三回目になる本拠点主催シンポジウムの開催を予定しています。これまでに拠点活動に参加され現在も種々の情報を共有している方々は現在510人の上っています。皆様にこのコミュニティを一層活用していただける様に引き続き尽力して参りますので、今後ともどうぞよろしくお願ひ致します。



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

# 2 | 運営委員からのご寄稿



運営委員 **山口 雄輝**  
東京科学大学  
生命理工学院 生命理工学系  
教授

私は本拠点の第1期立ち上げ時より、学外の運営委員として微力ながら運営の一端を担っています。普段は東京科学大学のすずかけ台キャンパス（2026年4月より横浜キャンパスに名称変更）で勤務していますが、同じ市内に居を構える横浜市立大学には、研究分野が近く共同研究を行ったり学会等でご一緒する機会の多い先生方が、福浦キャンパスのみならず鶴見キャンパスにも大勢いらっしゃいます。そういった縁に支えられて運営委員を現在まで務めています。運営委員の主な業務は、運営に関わる方針や導入する機器の承認、共同研究課題の審査等です。本拠点の中核を担う横浜市立大学の教職員の皆様がしっかり舵取りをしてセミナーや講習会を頻繁に開催したり、最先端機器をいち早く導入して新たな共同研究に繋げていく様はとても参考になりますし、共同研究課題の研究進捗報告会で新たな成果を拝聴する機会は勉強になり、毎回楽しみにしています。

ところで東京科学大学は2024年10月、東京工業大学と東京医科歯科大学が統合して誕

生しました。統合を期に両大学の研究インフラは再編され、リサーチインフラ・マネジメント機構の下にコアファシリティセンター、バイオサイエンスセンターを含む5つのセンターが設置され、学内の研究支援や研究機器設備の外部利用に対応しています。また難治疾患共同研究拠点など4つの共同利用・共同研究拠点が現在走っており、学学ならびに産学の共同研究を推進しています。さらに最近、東京科学大学は国際卓越研究大学として認定・認可され、体制強化を進めているところです。

研究インフラの高度化とオープン化を進めるうえで、個々の大学単位にとどまらない連携は今後ますます重要になります。本拠点が培ってきたマルチオミックス研究の知見と運営ノウハウは、横浜という地に集積する研究者コミュニティ全体にとって大きな財産です。学外の運営委員として、また近隣大学の研究者として、本拠点が先端的なマルチオミックス研究を軸に共同利用・共同研究の中核として一層発展し、連携を広げていくことを心より期待しています。

# 3 | 2025年度共同研究採択課題

今年度は2025年2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    | BACH2欠損B細胞におけるIRF4蓄積制御機構の解明                      | 先端医科学研究センター |
| 02 | 熊本大学国際先端医学研究機構   | 脳—腸管連関の制御による新たな骨髄移植法の確立                          | 免疫学         |
| 03 | 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         |
| 04 | 群馬大学未来先端研究機構     | RNAポリメラーゼII変異に依存した<br>クロマチン構造変換による腫瘍増悪化機序の解明     | 分子生物学       |
| 05 | 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        |
| 06 | 東北大学大学院医学系研究科    | 転写因子BACH1による膵臓癌微小環境制御の解明                         | 免疫学         |
| 07 | 東京薬科大学生命科学部      | 転写因子C/EBP $\beta$ による単球・樹状細胞系統の分化制御機構の解明         | 免疫学         |
| 08 | 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      |
| 09 | 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<br>空間的トランスクリプトーム解析             | 脳神経外科学      |
| 10 | 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<br>がん脂肪相互作用の解明と新規治療標的の探索       | 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序の解析研究                  | 泌尿器科学       |
| 12 | 北里大学医学部          | 転写因子IRF5活性化を指標とした<br>全身性エリテマトーデス患者の遺伝子発現プロファイル解析 | 幹細胞免疫制御内科学  |

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。

Tracking clusterin expression in hematopoietic stem cells reveals their heterogeneous composition across the life span.

Koide S, Oshima M, Kamiya T, Zheng Z, Liu Z, Rizq O, Nishiyama A, Murakami K, Yamada Y, Nakajima-Takagi Y, Rahmutulla B, Kaneda A, Yokoyama K, Yusa N, Imoto S, Miura F, Ito T, Tamura T, Nerlov C, Yamashita M, Iwama A.

Blood. 2025 Jul 3;146(1):62-75.



筆者

小出 周平 先生

東京大学  
医科学研究所  
附属幹細胞治療研究センター  
幹細胞分子医学分野  
特任助教

我々は血球細胞の幹細胞である造血幹細胞 (HSC) の加齢変容機序の解明に取り組んでおります。本研究は、本拠点の共同研究事業に採択いただき、横浜市立大学免疫学教室の田村先生、西山先生、村上先生との共同研究により若齢と老齢マウスHSCを用いたsingle cell RNA-seqを実施しました。その結果より、加齢HSCを機能的に分類可能な新規老化マーカー Clusterin (Clu) を同定しました。

若齢期のHSCはさまざまな血球に分化する能力を有していますが、加齢に伴い骨髄球系への分化に偏ったHSCが増加し、幹細胞としての機能的不均一性が拡大します。従来一般的なトランスクリプトーム解析であるBulk RNA-seqでは細胞を集団として解析することから、加齢変化を担う特定の細胞集団を捉えることは困難でした。本研究拠点の支援により、細胞集団ごとのトランスクリプトーム解析が可能となり、Cluが加齢HSC

の特徴的集団において高発現していることを明らかにしました。さらにCluレポーターマウスを用いた解析から、Clu陽性HSCは若齢期には少数であるものの、加齢に伴い顕著に増加し、HSCの加齢変化を規定する幹細胞であることが明らかになりました。一方、Clu陰性HSCは若齢HSCにおいて優位であり、加齢時には相対的に頻度が激減するものの、加齢を経ても若齢HSCに類似した機能性を維持することが明らかとなりました。本研究結果より、Clu陽性の加齢HSCを標的とすることで、老化関連疾患の新たな治療戦略につながる事が期待されます。

本研究成果は、本研究拠点の強みであるシングルセル解析基盤と共同研究体制を最大限に活かし、共同研究に基づく密接な研究支援体制によって実現した成果であります。

SDHAF1 confers metabolic resilience to aging hematopoietic stem cells by promoting mitochondrial ATP production.

Watanuki S, Kobayashi H, Sugiyama Y, Yamamoto M, Karigane D, Shiroshita K, Sorimachi Y, Morikawa T, Fujita S, Shide K, Haraguchi M, Tamaki S, Mikawa T, Kondoh H, Nakano H, Sumiyama K, Nagamatsu G, Goda N, Okamoto S, Nakamura-Ishizu A, Shimoda K, Suematsu M, Suda T, Takubo K.

Cell Stem Cell. 2024 Aug 1;31(8):1145-1161.e15.

幹細胞は加齢とともに減少・機能低下すると一般に考えられます。しかし、すべての血液細胞を生み出す造血幹細胞 (HSC) は加齢で数が増えるという逆説があり、その理由は十分に説明されていませんでした。私たちは加齢マウスHSCを解析し、老化に伴って、通常なら細胞死に至るような放射線・炎症性刺激・代謝阻害など多様な細胞傷害性ストレスに対する耐性が高まり、「生存優位性」を獲得することを見出しました。機序として、ミトコンドリア呼吸鎖 (複合体II) の活性化に関するSDHAF1が加齢HSCに蓄積し、酸化リン酸化によるATP産生を増強することでストレス耐性を底上げすることを示しました。ヒトHSCでも中年期からSDHAF1の蓄積開始を確認し、若齢HSCへの

SDHAF1過剰発現により、加齢HSC様の代謝特性和細胞死耐性が再現されました。すなわち加齢HSCは単なる「弱った細胞」ではなく、エネルギー代謝の再配線により「強い状態」の側面も同時に有していること、そしてその変化がHSC集団の加齢性増加を支える可能性が示唆されました。本研究はCell Stem Cellに掲載され、加齢に関連する血液異常の理解に加え、HSC代謝を標的とした新規介入法の創出につながることを期待しています。HSCの代謝研究を進める上で、横浜市立大学先端医科学研究センター共同利用・共同研究拠点には、これまで共同研究の機会や研究推進に資するご支援を賜ってまいりました。この場をお借りして、関係者の皆様に深く御礼申し上げます。



筆者

綿貫 慎太郎 先生

東北大学  
大学院医学系研究科  
幹細胞医学分野 助教

Imeglimin suppresses glucagon secretion and induces a loss of  $\alpha$  cell identity.

Tsuno T, Li J, Nishiyama K, Kawasaki YI, Inoue R, Ong Yajima E, Nishiyama A, Yabe SG, Kin T, Okochi H, Tamura T, Shapiro AMJ, Oyadomari S, Kitamura T, Terauchi Y, Shirakawa J.

Cell Rep Med. 2025 Aug 19;6(8):102254.



筆者

都野 貴寛 先生

群馬大学  
生体調節研究所  
代謝疾患医学分野  
助教

膵臓内の内分泌細胞の集塊である膵島内に存在する膵 $\alpha$ 細胞は、血糖値を上昇させるホルモンであるグルカゴンを分泌し、膵 $\beta$ 細胞は血糖値を低下させるインスリンを分泌します。糖尿病では、膵 $\beta$ 細胞だけでなく膵 $\alpha$ 細胞にも機能異常が生じ、グルカゴンの過剰分泌が血糖値を上昇させることが知られています。

小胞体における折りたたみ異常タンパク質の蓄積に対して、タンパク質恒常性の維持を担う機構である小胞体ストレス応答は糖尿病の病態にも深く関わっており、高血糖や炎症による膵 $\beta$ 細胞における小胞体ストレスの増大が、インスリン分泌の障害や細胞死 (アポトーシス) を招くことが報告されています。一方で、小胞体ストレス応答と膵 $\alpha$ 細胞機能の関係性については不明な点が多いのが現状です。

今回私たちは、膵島のsingle-cell RNA-sequencingにより、2型糖尿病の経口治療薬であるイメグリミンが膵 $\alpha$ 細胞において小胞体ストレス

応答関連分子の発現を上昇させることを見出し、FACSにより分取した膵 $\alpha$ 細胞の遺伝子発現でこれを確認しました。さらに膵 $\alpha$ 細胞特異的な細胞内カルシウムイメージングや系譜追跡解析 (lineage tracing) を組み合わせ、小胞体ストレス応答関連分子の発現上昇により膵 $\alpha$ 細胞のグルカゴン分泌が抑制されるとともに、膵 $\alpha$ 細胞の脱分化と膵 $\beta$ 細胞への分化転換が誘導されることも明らかにしました。一連の現象は、マウス膵島や糖尿病モデルマウスの生体内、およびヒト膵島やヒト多能性幹細胞 (ヒトiPS細胞) 由来のグルカゴン産生細胞においても再現されました。

本研究により、小胞体ストレス応答関連分子が膵 $\alpha$ 細胞のグルカゴン分泌や可塑性を制御することが明らかになり、膵 $\alpha$ 細胞を標的とした新たな糖尿病治療法の開発に寄与すると考えられます。末筆ながら、本研究に多大なるご支援を賜りました横浜市立大学先端医科学研究センターの皆様、ならびに共同利用・共同研究拠点事業に厚く御礼申し上げます。

## 5

## 共同研究者からのご寄稿



落合 恭子 先生

東北大学  
大学院医学系研究科 生物化学分野  
准教授

平素より貴共同拠点運営委員長・田村智彦教授、免疫学教室・西山晃准教授をはじめ、関係者の方より多角的視点からの専門的アドバイスをいただき、心より感謝申し上げます。

私は、免疫細胞であるB細胞の形質細胞（抗体産生細胞ともいう）への分化制御について、転写因子機能を中心としたエピゲノム制御機構解明の研究を行っています。ウイルスなどの病原体による感染症の罹患や重症化を防ぐには、“生体に侵入した病原体に対する特異的抗体を獲得し生体からの迅速な排除を促す”ことが重要です。B細胞は生体内で唯一抗体産生を担う免疫細胞で、サイトカインや抗原によって活性化されると抗体成熟反応が生じて抗体の病原体特異性と親和性が向上したあと形質細胞に分化し、一連のB細胞分化は複数の転写因子によって制御されます。私たちは抗体成熟反応に不可欠な2転写因子の詳細な解析を行い、各々の転写因子による遺伝子発現制御、転写因子の機能制御機構、

そして両転写因子が協調的に抗体成熟反応を制御する仕組みを明らかにしてきました。

一方、正常なB細胞分化が制御不能になると、自己反応性抗体を産生したり、リンパ腫や形質細胞種などの腫瘍性疾患を発症するおそれがあります。これら疾患の予防や治療の新規ターゲット分子機構を探るため、貴拠点プロテオーム解析センター長・木村弥生教授、木村研究室所属の先生方に疾患関連細胞を用いた質量分析を行っていただいています。木村教授との共同研究では、当初の目的である異常なB細胞分化制御機構の糸口を掴んだだけでなく、エピゲノム制御の新たな分子機構の可能性を見出すことができました。そして、現在は本共同研究成果の論文文化に向け注力するとともに、臨床応用と先に見据える創薬への発展を目指しています。今後とも皆様からのご指導ご鞭撻のほど何卒よろしくお願い致します。

このたびは、貴拠点のNewsLetterに寄稿させていただく機会を賜り、誠にありがとうございます。これまで貴拠点の多大なるご支援のもと、共同研究を進めてまいりましたことに、心より御礼申し上げます。

私は東京薬科大学生命科学部免疫制御学研究室において、自然免疫細胞、とりわけ単球・マクロファージの機能制御機構の解明に取り組んでおります。単球やマクロファージは、感染や組織傷害時には炎症を惹起して生体防御に寄与する一方、異物排除後には抑制型の形質へと転換し、炎症の収束や組織修復を担う可塑性の高い細胞群です。私たちはこれまでに、組織傷害時の回復期に新たに出現する「制御性単球」を発見し、その分化機構や免疫抑制機能の解析を進めてきました。特に、炎症性腸疾患（IBD）患者およびモデルマウスの解析から、制御性単球が炎症抑制や組織修復に関与している可能性を見出していますが、その分子基盤は十分に解明されていません。

これまで、貴拠点の支援のもと、RNA-seq解析およびプロテオミクス解析を組み合わせることで、制御性単球の機能に関する可能性のある分子群を同定してきました。遺伝子発現情報とタンパク質発現情報を統合的に解析することで、制御性単球による炎症制御に関する分子プログラムの一端が明らかになりつつあります。

今後は、炎症性腸疾患に加えて、その他の組織傷害モデルマウスの解析を行い、制御性単球が関与する炎症制御ネットワークの全体像を明らかにすることを目指しています。特に、炎症の誘導から収束に至る過程において、制御性単球が炎症応答および組織修復をどのように制御しているのかを分子レベルで解明することで、組織修復機構の新たな理解や治療戦略の創出につなげたいと考えております。今後とも、貴拠点の充実した解析基盤と手厚いご支援を賜りながら、炎症の収束と組織修復を支える免疫制御機構の解明に向けた研究を推進してまいります。引き続きご指導ご支援のほど、何卒よろしくお願い申し上げます。



池田 直輝 先生

東京薬科大学  
生命科学部 生命医科学科  
免疫制御学研究室  
助教

6

## 第2回 NUS-Kanagawa Cancer Symposium 開催のご報告



2025年12月1日（月）、横浜市立大学福浦キャンパス（ヘボンホールおよびオープンイノベーションラボ）において、「第2回 NUS-Kanagawa Cancer Symposium」を開催しました。本学血液・免疫・感染症内科学教室の中島秀明 主任教授、神奈川県立がんセンター臨床研究所の宮城洋平所長、ならびに本拠点の運営委員長を務める本学免疫学教室の田村智彦主任教授がオーガナイザーを務め、当日は110人が参加しました。

本学は長年にわたり、アジア屈指の名門校であるシンガポール国立大学（National University of Singapore : NUS）と、学生交流や共同研究を通じて連携を深めてきました。また、神奈川県および神奈川県立がんセンターにおいても、がん対策や予防医学分野を中心に、NUSと強固なパートナーシップを築いています。こうした背景のもと、2023年にシンガポールで開催された第1回シンポジウムに続き、今回はNUS医学部教員を招聘する「NUS Week」に合わせ、横浜での開催が実現しました。当日は、NUSおよび神奈川県内の大学・研究機関から、基礎・臨床を問わず多くのがん研究者が一堂に会しました。

ヘボンホールでは冒頭各施設からのご挨拶に加え、黒岩神奈川県知事からのビデオメッセージや山中横浜市長からのメッセージが紹介されました。続いて行われた口演セッションでは、ゲノム解析、腫瘍微小環境の解明など、多岐にわたるトピックについて、各施設の研究者が最新の研究成果を発表しました。すべての発表および質疑応答は英語で行われ、国境を越えた「がん克服」という共通目標に向け、会場では活発かつ熱のこもった議論が展開されました。

また、オープンイノベーションラボで実施されたポスターセッションも、本シンポジウムの大きな見どころの一つとなりました。「Cancer Research」をテーマに公募された演題に対し、若手研究者や大学院生を中心に活発なディスカッションが行われました。THE世界大学ランキング上位校であるNUSの研究者に自身の研究

成果を直接紹介し、フィードバックを得られる貴重な機会となり、会場の随所で議論の輪が広がるなどサイエンスを通じた国際交流が自然な形で実践されている様子が印象的でした。

本シンポジウムは、研究成果の発表にとどまらず、横浜市立大学、神奈川県立がんセンター、NUSの三機関の連携を一層強化する機会となりました。特に、次世代を担う若手研究者が国際的な視野を養い、新たな共同研究の芽を育むプラットフォームとして、大きな意義を有するものとなりました。

ご参加いただいた皆様、ならびに運営にご尽力いただいた関係者の皆様に、心より御礼申し上げます。本拠点は今後も、このような国際的な学術交流を積極的に推進し、世界レベルの研究成果の創出と人材育成に貢献してまいります。



# 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 | 永江 玄太 先生（東京大学）               | 疾患病態解明に向けた先進的ゲノム機能解析                                   |
| 第2回 | 有田 恭平 先生（横浜市立大学）             | DNA維持メチル化の構造生物学  |
| 第3回 | 浅野 謙一 先生（横浜市立大学）             | 単球の分類、発生とその役割について                                      |
| 第4回 | 山口 良文 先生（北海道大学）              | 冬眠の分子機構解明に向けて～ヒトは冬眠する哺乳類から何を学べるか？                      |
| 第5回 | Jordan Ramilowski 先生（横浜市立大学） | Long Non-Coding RNAs: a Frontier in Genomic Regulation |
| 第6回 | 木村 弥生先生（横浜市立大学）              | プロテオーム解析技術の最新動向と臨床検体解析の実際                              |

## 【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 & R/RStudio Installation | 第5回 | Gene Expression Data & Annotations          |
| 第2回 | Introduction to R Project and to R Packages  | 第6回 | Differential Gene Expression Analysis       |
| 第3回 | Basic Data Analysis Workflows in R           | 第7回 | Gene Pathway Enrichment Analysis            |
| 第4回 | Biological Data Visualization                | 第8回 | Basics of Single Cell RNA-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 | Jordan Ramilowski先生& Sakura Maezono先生（横浜市立大学） | New Era of Digital Biology and its Impact on Biol. & Med. Research                                  |
| 第2回 | 鈴木 貴紘 先生（理化学研究所）                              | Introduction & Advances in the NGS and OMICS Data Analysis  |
| 第3回 | 粕川 雄也 先生（理化学研究所）                              | Use of Public Resources for the Omics Studies   |
| 第4回 | Charles Plessy 先生（沖縄科学技術大学院大学）                | Automation, containerisation and pipelisation for bioinformatics: easier to run it and to reproduce |
| 第5回 | TANG & VILLA 先生（KOTAIバイオテクノロジー株式会社）           | Single Cell and Spatial Transcriptomics   |
| 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 | 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  |     | タイトル  |
|-----|---|-----|---|
| 第1回 | Special Bioinformatics Course Introduction and Software Preparation | 第4回 | Trajectory Analysis & Cell-Cell Communication in scRNA-seq Data |
| 第2回 | Introduction to Cancer Genomics & scRNA-seq Data Preparation        | 第5回 | Result Validation at Tissue-level using TCGA Public Resource    |
| 第3回 | scRNA-seq Data Clustering & Cell Type Identification                |     |   |

## 【空間的遺伝子発現解析セミナー】

|     | タイトル   |
|-----|--|
| 第1回 | Visium Spatial / Xenium In Situによる空間的遺伝子発現解析セミナー |

## 【プロテオミクス講習会】

|     | 講師                | タイトル                            |
|-----|-------------------|---------------------------------|
| 第1回 | 相良 聡 先生（株式会社スクラム） | 細胞内タンパク質の局在解析                   |
| 第2回 | 渡辺 栄一郎 先生（北里大学）   | プロテオミクスの新たな扉を開ける ～非侵襲的採取可能な便検体～ |

## 8

## バイオインフォマティクス講習会 講師からのご挨拶



**Sakura Maezono**

Yokohama City University  
Advanced Medical  
Research Center  
Assistant Professor

### Perspective: Education, Research, and the Future of Bioinformatics

Bioinformatics has become foundational to how modern biological and medical research is conducted and it remains crucial for medical discovery and progress. As a co-lecturer, together with Prof. Jordan Ramilowski, in

Bioinformatics Education and as a member of the Bioinformatics Laboratory (<https://www-user.yokohama-cu.ac.jp/~bioinfo/hp/>),

I see education and research as inseparable.

One of the most profound changes in the field today is the rapid development of AI-based tools that enable computational analyses. These advances have significantly lowered technical barriers and helped more researchers to engage in data-driven research. At the same time, they underscore the growing importance of sound analytical practice: large-scale analyses require a careful understanding of the data, underlying methods, and core assumptions to ensure robust and biologically meaningful conclusions. I think it is therefore essential to train future data analysts not only to use widely available AI tools, but also to understand fundamental data analysis principles and to think critically about data quality, methodology, and limitations in order to correctly interpret results.

To address this need, the Bioinformatics Laboratory offers integrated educational activities that link training with practice. Our Practical Courses in Bioinformatics and Single-cell Analysis teach R programming and data analysis while emphasizing reproducibility, data reasoning, and interpretation beyond workflow execution. In addition, the lecture seminar Current Trends in Bioinformatics invites experts from academia and Japanese industry to illustrate how bioinformatics and AI research contribute to medical discoveries. Together, these activities promote best practices in data analysis, foster strong scientific reasoning, and deepen understanding of how computational methods are applied in biology. Our educational efforts are partially supported by KYOTEN. We welcome both

students and faculty across career stages from Yokohama City and other universities, especially our KYOTEN collaborators. Our courses are designed with students in mind— on-demand and supported in both English and Japanese. More information is available at <https://edu.med.yokohama-cu.ac.jp/portal/courses>.

In parallel, our research efforts focus on understanding gene regulation in cancer and other diseases, as well as on building reliable and accurate resources that can be broadly used by the scientific community. A recent example is our curated database, ConnectomeDB (<https://connectomedb.org/>), for cell–cell communication, published in *Nucleic Acids Research* (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/41171146/>). This work builds on our pioneering research and aims to further improve data quality and evidence standards in ligand–receptor analyses. Such projects reflect the laboratory’s broader philosophy of prioritizing rigor, transparency, and long-term usefulness over short-term results.

For prospective graduate students interested in joining the Bioinformatics Laboratory, we offer an environment where learning extends beyond coursework. Prior computational expertise is less important than curiosity and a willingness to think critically and tackle important biological questions. Our students are encouraged to engage with both methodological questions—how analyses are performed—and conceptual questions—what the results mean biologically. We have many exciting projects for you that address pressing biological challenges and help to advance understanding and eventually contribute to the treatment and diagnosis of various diseases. For those who would like to know more, visit us at <https://www-user.yokohama-cu.ac.jp/~bioinfo/hp/recruitment/graduate-jp/>.

In summary, bioinformatics will continue to grow in scope and influence. Its ultimate impact, however, will depend on how thoughtfully it is practiced. Through integrated education and research, our laboratory aims to help shape a more rigorous and sustainable future for the field. We welcome you to become part of it!

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](mailto: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

