

## ニュースレター 2026 Spring

2025年度も医学域、生命環境学域より、多くのご相談や分析依頼をいただきました。研究者みなさまの実験データ取得、研究デザイン立案に少しでもお役立ていただけるよう、いくつかのご利用事例と、当センターでの分析方法に関する最新トピックをご紹介します。

### 2025年度実績報告

2025年度は、28件のご相談をいただき、258サンプルの分析を実施いたしました。網羅的代謝産物の分析、質量分析データ解析、遺伝子データ解析、多変量解析がその内訳でした。その結果を踏まえた関連論文の発表につながっています。また、微量血液の生化学検査項目の受託分析も開始いたしました。

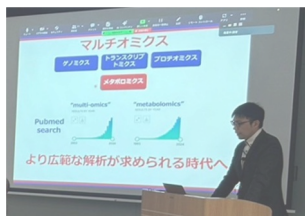
### ● セミナー報告 ●

2025/11/27に学術セミナーを開催しました。

外科学講座第1教室中山裕子先生より、乳がん診断研究に関して、血清中の代謝産物プロファイルに基づく、リンパ節転移の診断法開発の成果をご発表いただきました。（次項詳細）

また、株式会社島津製作所大塚諭様より、技術講演として、質量分析装置の特徴や応用法について、ご発表いただきました。

最後に、当センターでの各種分析・解析の内容について、ご案内いたしました。




当日資料をお求めの際は、下記までご連絡ください。

**統合オミクス研究センター  
分析応用学術  
セミナー**

2025年  
**11月27日(木)**  
18:30~20:00  
シミックホール  
(オンライン同時配信予定)

参加登録  
フォーム




**研究講演**  
質量分析ならびに機械学習を用いた  
乳がん診断システムの開発とその有用性検証  
演者：中山 裕子 先生  
山梨大学医学部外科学講座第1教室  
乳がんのリキッドバイオプシーに関して、臨床的背景と  
質量分析を用いた最新の研究成果をご発表いただきます

**技術講演**  
診断マーカー探索から創薬研究開発における  
質量分析技術の応用とその発展  
演者：大塚 諭  
株式会社島津製作所 東京支社 官庁大学営業部  
診断マーカー探索や創薬研究で大きく貢献する分析装置の  
最新技術および戦略的応用についてご講演いただきます

講演後、センターでの分析解析の概要と具体例について紹介いたします

主催 山梨大学大学院医学域附属 統合オミクス研究センター  
お問い合わせ analysis-info-tr@yamanashi.ac.jp



# 解析レポート ①

## メタボロームデータの応用活用

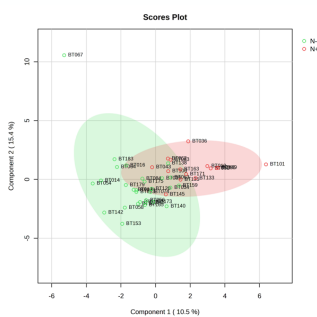
### 血清リキッドバイオプシーによる乳がん診断法開発

外科学講座第1教室 中山 裕子 先生

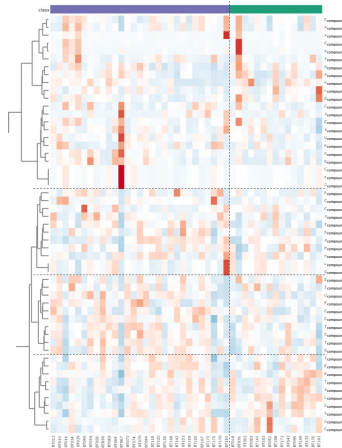
目的：血清メタボロームによる機械学習乳がん診断開発  
試料：乳がん患者血清 [リンパ節転移に基づく群分け]  
分析：LC-MS/MS (網羅的二次代謝物解析)  
解析：統計解析、機械学習、判別アルゴリズム構築

リンパ節転移  
[N0] vs [N1以上]  
2群比較

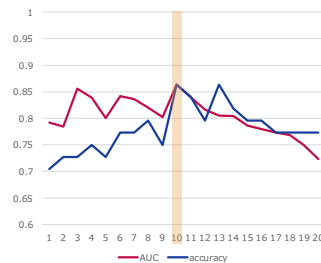
PLS plot



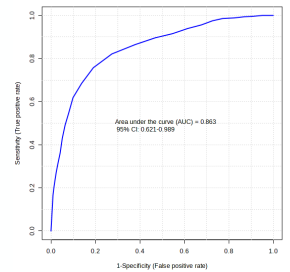
Heatmap解析



特徴量選択



ROC curve



特異度：13/15 = 86.7%  
感度：25/29 = 86.2%  
精度：38/44 = 86.4%

リンパ節転移有無に関連した代謝産物の差異が明らかになり、複数の成分に基づく判別アルゴリズムが構築された。これは85%以上の高い判別精度を持ち、血清分析によってリンパ節転移を判別する新しい方法論の可能性を示した。

※研究中のため、一部成分等は秘匿しております。

# 解析レポート ②

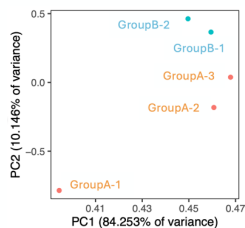
## 遺伝子発現データ解析

### 卵巣細胞RNA-seqデータ解析

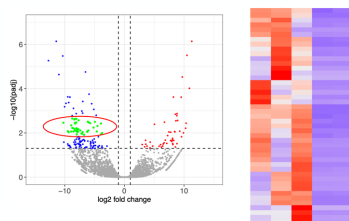
生命環境学域 永松 剛 先生

目的：成熟に伴う卵巣細胞の系譜追跡  
試料：マウス卵巣細胞  
分析：バルクRNA-seq, scRNA-seq  
解析：統計解析、クラスター解析、DEG解析、GO解析

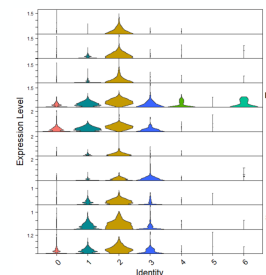
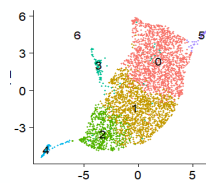
PCA plot



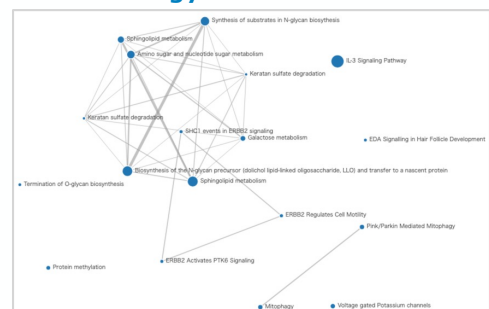
DEG解析



scRNA-seq  
UMAPクラスター解析



Gene Ontology, Gene network解析



卵巣の成熟に伴う細胞レベルでの遺伝子の差異が明らかになった。特定のタイプの細胞集団でも、成熟に伴いその数や細胞内遺伝子発現が変化する傾向が見られた。RNA-seqおよび組織染色のデータも統合し、細胞分化の制御過程の解明を目指す。

※研究中のため、一部成分等は秘匿しております。

# 統合オミクス研究センターの紹介

## センター方針

当センターでは、質量分析装置を用いたメタボロミクスをはじめ、トランスクリプトームなど他のオミクスデータを組み合わせた統合オミクス解析の方法論開発、それに基づく新規診断法の創出や分子メカニズムの解明を行っています。また、質量分析装置の有効活用を目的に、各種試料の受託分析も受け付けております。既存の遺伝子発現データについての解析を含めた統合解析も可能です。

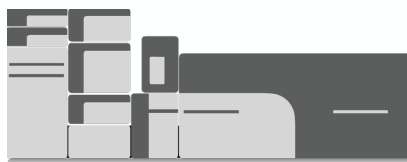
## メタボローム受託分析

### ■ 一次代謝物分析 LC-MS/MS

- ・ アミノ酸、アミノ酸関連化合物
- ・ TCA回路、メチオニン回路代謝物
- ・ 核酸関連化合物
- ・ 神経伝達物質
- ・ ビタミン、補酵素

### ■ ノンターゲット分析 (スキャン分析)

$m/z$ : 10-2000 の化合物



### ■ 生化学検査項目

栄養: TP, ALB, pre-ALB

肝機能: AST, ALT, GGT, T/D-BIL

肝・骨: ALP

脂質: TG, TC, HDL, LDL, ApoB, Lp(a)

腎機能: BUN, CRE, UA

炎症: CRP

鉄代謝: FE, FER, UIBC

乳酸: LAC

筋障害: CK, MB

ケトン: TKB

血糖: HbA1c, 1,5-AG

微量元素: Mg, Zn

ヒトサンプルだけでなく、マウス等の実験動物からの微量サンプルでも分析が可能です。

## オミクスデータ解析

### ■ 多変量解析、統合解析 (代謝産物・遺伝子データ)

- ・ メタボローム 質量分析データ解析
- ・ バルク/シングルセルRNA-seqデータ 遺伝子解析
- ・ PCA、PLS、統計解析、統合オミクス解析、等

### ■ 機械学習、診断法開発

- ・ 機械学習(LR,SVM) を用いた判別アルゴリズム構築
- ・ 疾患マーカーの探索
- ・ オミクス研究相談



詳細・ご相談は下記メールアドレスにてお問い合わせください

analysis-info-tr@yamanashi.ac.jp

Center for integrative omics analysis, University of Yamanashi

## ■ 遺伝子発現とは

遺伝子解析とは、DNAやRNAの塩基配列・発現量・修飾状態などを調べる方法です。次世代シーケンサーの普及により、低コスト・高スループットな網羅的解析が可能となり、基礎研究から創薬・臨床応用まで幅広く活用されています。更に、詳しい分子機序の解明には、対象遺伝子に対する従来の分子生物学実験が必要です。

## ■ 遺伝子発現解析の分類と展開

**組織・細胞塊（バルク解析）**：なるべく均質な集団であることが望ましい

- ・ 発現量の比較： RNA-seq
  - ・ ゲノム変異の調査： 全ゲノムseq (WGS)、エクソームseq (WES)
  - ・ 制御機構の解明： ChIP-seq、ATAC-seq、WGB-seq
- [解析例] ・マウスの組織 (WT vs KO) で発現変動遺伝子DEGの探索  
・ 希少遺伝性疾患の原因変異探索 → WES → ChIP-seq

**細胞ごと（シングルセル解析）**：高い生存率、新鮮な細胞（凍結でも可）

- ・ 発現量の比較： scRNA-seq
  - ・ 制御機構の解明： scATAC-seq
  - ・ 細胞表面抗原と遺伝子発現： CITE-seq
- [解析例] ・細胞の分化過程での発現変化を細胞集団内の時系列で追跡する  
・ 刺激応答における細胞種に応じた特異的な遺伝子発現を調べる

さらに近年では、切片画像上の位置情報との統合、表現型や異なる階層のデータとを統合したマルチオミクス解析、AIを活用したビッグデータ解析が進んでいます。

## ■ 統合オミクス研究センターでのデータ解析の流れ

当センターでは、網羅的代謝産物は分析・解析の両方、遺伝子発現データに関しては解析のみの(再解析含む)ご支援を行っています。遺伝子データは外部委託による分析をお願いしております。事前にお問い合わせいただければ、詳細を説明致します。

### メタボローム解析

当センターで  
分析

当センターで  
解析

センター内の装置で分析から  
多変量解析まで連続して支援

### 遺伝子解析

外部委託で  
分析

当センターで  
解析

持ち込みデータの再解析や、  
高度な統計・機能解析に対応

分析解析のご依頼だけでなく、研究計画や方法論などのご相談も受付ております。是非ご利用ください。