

(なんば しんいち)

難波 真一

Shinichi Namba, M.D., Ph.D.

東京大学大学院医学系研究科 遺伝情報学 助教

snamba@m.u-tokyo.ac.jp

〒113-0033 東京都文京区本郷 7-3-1



研究分野

遺伝統計学 / 集団遺伝学 / バイオインフォマティクス / がん / ゲノム個別化医療 / ゲノム創薬

研究概要

H30 年東京大学医学部医学科を卒業。大学在学時には自発的に同大学細胞情報学教室（間野博行教授）に参加し、がんのトランスクリプトーム及びメチローム異常を研究した。日本赤十字社医療センターにて初期臨床研修を修了後、R2 年大阪大学大学院医学系研究科博士課程に進学（指導教官：岡田随象教授）。R5 年 9 月早期修了、10 月より現職。研究テーマは遺伝統計学を駆使した疾患病態の解明と創薬。ゲノムワイド関連解析（GWAS）および全ゲノム解析（WGS）の国際共同研究に多数参加。特に国際バイオバンク連携において研究グループを主導し、疾患ゲノムのオミクス統合解析による創薬フレームワークの提案・実証を行った。バイオバンク・ジャパン（BBJ）のゲノムデータ管理実務を担当している。遺伝子-環境交互作用のバイオバンク横断解析や、がんの遺伝的リスクと体細胞変異の関連を網羅的に解明し、PRS の臨床応用における技術的・倫理的課題を明らかにする等、異分野融合研究を推進している。

職歴

2023/11 –	理化学研究所 生命医科学研究センター システム遺伝学研究チーム 客員研究員
2023/10 –	東京大学 大学院医学系研究科 遺伝情報学 助教
2023/10 – 2025/3	大阪大学 大学院医学系研究科 遺伝統計学 招へい教員
2018/4 – 2020/3	日本赤十字社医療センター 初期研修医

学歴

2020/4 – 2023/9	大阪大学 大学院医学系研究科 医学専攻 遺伝統計学 博士（医学） 指導教員：岡田 随象
2012/4 – 2018/3	東京大学 医学部医学科

受賞歴

2026/9/6	日本応用酵素協会 Cardiovascular Innovative Conference 第4回研究発表会優秀賞
2026/2/4	井上科学振興財団 井上研究奨励賞
2025/12/19	日本人類遺伝学会 第70回大会 大会最優秀口演賞
2024/10/10	日本人類遺伝学会 2024年ヨーロッパ人類遺伝学会 Annual Meeting トラベルアワード
2024/3/31	大阪大学大学院医学系研究科 博士課程優秀者
2020/10/27	アメリカ人類遺伝学会 2020年会 Reviewer's Choice Abstract Award

競争的資金

2026/4 -	日本学術振興会 科学研究費助成事業 若手研究「深層学習によるヒト脂質代謝の遺伝的基盤全体像の解明」(研究代表者)
2026/4 -	東京大学新世代感染症センター (UTOPIA) 若手研究プログラム「感染症の重症化・遷延化を標的とするゲノム創薬の実装」(研究代表者)
2025/10 -	日本医療研究開発機構 (AMED) 難治性疾患実用化研究事業「オールジャパン心筋症ゲノムオミックスデジタルコホート研究(代表: 野村征太郎)」(研究分担者)
2025/10 -	日本医療研究開発機構 (AMED) ゲノム創薬基盤推進研究事業「遺伝子変異の機能的スペクトラム統合的解析と次世代創薬連携による創薬シーズ導出」(研究代表者)
2025/10 -	日本医療研究開発機構 (AMED) 医学系研究支援プログラム「心代謝性疾患のゲノム解析・オミックス統合による疾患病態解明」(研究代表者)
2024/7 -	日本医療研究開発機構 (AMED) ゲノム医療実現推進プラットフォーム・先端ゲノム研究開発 (GRIFIN)「遺伝子-環境相互作用の学術・オミックス横断による個別化医療の実装」(研究代表者)
2024/6 -	日本応用酵素協会 Cardiovascular Innovative Conference に関する研究助成 (CVIC)「心血管疾患の遺伝子-環境相互作用解明によるゲノム個別化医療と創薬」(研究代表者)
2023/12 - 2026/3	日本医療研究開発機構 (AMED) ゲノム研究を創薬等出口に繋げる研究開発プログラム「脳血管のゲノム解析と血流解析の統合による脳血管障害発症に至る軌跡の解明と診療応用を目指す研究(代表: 鎌谷洋一郎)」(研究分担者)
2023/12 - 2026/3	日本医療研究開発機構 (AMED) ゲノム研究を創薬等出口に繋げる研究開発プログラム「デジタルオミックスによる心不全ストレス応答の機序解明と精密医療(代表: 野村征太郎)」(研究分担者)

奨学助成

2020/4 – 2023/9 武田科学振興財団 医学部博士課程奨学助成

教育歴

2026/4 – 医学に接する 東京大学 医学部

2025/4 – 生化学講義 東京大学 医学部

2024/4 – 遺伝情報学各論 東京大学 大学院医学系研究科

2023/10 – 生化学実習 東京大学 医学部

2020/4 – 2023/9 臨床遺伝学 大阪大学 医学部 Teaching Assistant

主要学術論文

* 共同筆頭著者、# 責任著者（共同責任著者を含む） ・ 査読付き論文 47 編のうち主要な 6 編。全リストは本 CV 末尾に記載。

1. **Namba S#**, Sonehara K, Koyanagi YN, Kikuchi T, Ojima T, Edahiro R *et al.* A cross-population compendium of gene–environment interactions. *Nature* **651**, 688–697 (2026).
2. Caro I*, Western D*, **Namba S***, Sun N, Kawaguchi S, He Y *et al.* Proteogenomics in cerebrospinal fluid and plasma reveals new biological fingerprint of cerebral small vessel disease. *Nature Aging* **5**, 2514–2531 (2025).
3. **Namba S#**, Akiyama M, Hamanoue H, Kato K, Kawashima M, Kushima I *et al.* Inconsistent embryo selection across polygenic score methods. *Nature Human Behaviour* **8**, 2264–2267 (2024).
4. **Namba S***, Saito Y*, Kogure Y, Masuda T, Bondy ML, Gharahkhani P *et al.* Common germline risk variants impact somatic alterations and clinical features across cancers. *Cancer Research* **83**, 20–27 (2022).
5. **Namba S***, Konuma T*, Wu KH, Zhou W & Okada Y. A practical guideline of genomics-driven drug discovery in the era of global biobank meta-analysis. *Cell Genomics* **2**, 100190 (2022).
6. Mishra A*, Malik R*, Hachiya T*, Jürgenson T*, **Namba S***, Posner DC* *et al.* Stroke genetics informs drug discovery and risk prediction across ancestries. *Nature* **611**, 115–123 (2022).

学術論文

* 共同筆頭著者、# 責任著者（共同責任著者を含む）

プレプリント

1. Wang C, Wu H, **Namba S**, Park JY, Matsuda K, Okada Y *et al.* Beyond point estimates: quantifying predictive uncertainty reveals hidden dimensions of biological age acceleration and improves risk interpretation. *bioRxiv* (2026).
2. Palmer DS, Hill B, Hodgson S, Jøeloo M, Kalantzis G, ..., **Namba S** *et al.* The Biobank Rare Variant consortium powers the discovery of rare genetic associations through global collaboration. *medRxiv* (2026).
3. Kyosaka T, Narita A, Kulski JK, Minn AKK, Miyake A, ..., **Namba S** *et al.* Genome-wide association and Mendelian randomization analyses link *Helicobacter pylori* infection to Human Leukocyte Antigen polymorphisms and autoimmune diseases. *medRxiv* (2026).
4. Verma S, Guare L, Das J, Caruth L, Rajagopalan A, ..., **Namba S** *et al.* Expanding the genetic landscape of endometriosis: Integrative -omics analyses implicate key genes and pathways in a multi-ancestry study of over one million women. *Res Sq* (2025).

5. Yang C, **Namba S**, Matsuda K, Okada Y, Moran L, Vincent A & Marques FZ. Acetate, a fibre-derived gut metabolite, is associated with reduced cardiovascular disease risk in females with early menopause. *medRxiv* (2026).
6. Uffelmann E, Wightman DP, Bahrami S, Shadrin AA, Fominykh V, ..., **Namba S et al.** Genomic analyses reveal new insights into Alzheimer's disease. *medRxiv* (2025).
7. Shiraishi Y, Ochi Y, Sugawa M, Sakamoto Y, Kimura K, ..., **Namba S et al.** Rare k-mers reveal centromere haplogroups underlying human diversity and cancer translocations. *bioRxiv* (2025).

査読付き学術論文

1. Taguchi M, Sato S, Nannya Y, Mishima H, Horai M, ..., **Namba S et al.** Clonal hematopoiesis related to ionizing radiation in atomic bomb survivors. *Leukemia* (2026).
2. Liu S, Zheng H, Gu Y, Yang Z, Zhen J, ..., **Namba S et al.** Genome-wide association analyses of gestational phenotypes identify context-specific genetic effects. *Nature Genetics* **58**, 1845–1854 (2026).
3. Liou L, García-González J, Wu HM, **Namba S**, Vaura F, Okada Y *et al.* Polygenic Prediction of Nongoal Response to Statin Therapy. *Circulation: Genomic and Precision Medicine* e005666 (2026).
4. Chaya R, Taguchi K, Hashimoto Y, Shirai Y, Eda Hiro R, ..., **Namba S et al.** Cross-Species Comparison between Mouse Kidney Multi-Omics and Human Genome-Wide Association Studies Highlights Molecular Features Associated with Oxalate Nephropathy. *Kidney360* (2026).
5. Lassen FH, Kalantzis G, Eoli A, Hill B, Sonehara K, **Namba S et al.** Meta-analysis across six global biobanks identifies recessive coding associations with complex traits and diseases. *The American Journal of Human Genetics* **113**, 1330–1346 (2026).
6. Hirano Y, Miyawaki S, Sonehara K, **Namba S**, Inoue H, Shirai Y *et al.* Integrative GWAS and snRNA-seq Reveal a Mesenchymal-Like Endothelial Signature in Moyamoya Disease. *Stroke* **57**, 1336–1348 (2026).
7. Ueda H, Kubota T, Goto R, Suzuki A, Ojima T, ..., **Namba S et al.** Elucidating genetic backgrounds of myasthenia gravis in Japanese by genome-wide association studies and multi-omics analyses of thymoma. *Nature Communications* **17**, 3830 (2026).
8. Sato G, Yamamoto Y, Sonehara K, Saiki R, Ojima T, ..., **Namba S et al.** Genetic regulation across germline and somatic variation on the Y chromosome contributes to type 2 diabetes. *Nature Medicine* **32**, 894–905 (2026).
9. Ishigami D*, **Namba S***, Miyawaki S, Mitsui J, Imai H, Shimizu M *et al.* Delineating the Genetic Basis of RNF213-related vasculopathies: The association of PKHD1 variants with bilateral cerebral vasculopathy. *European Journal of Human Genetics* **34**, 788–795 (2026).
10. White SL, Brasher MS, Pattee J, Zhou W, Chapman S, ..., **Namba S et al.** Global multi-ancestry genome-wide analyses identify genes and biological pathways associated with thyroid cancer and benign thyroid diseases. *Nature Genetics* **58**, 307–316 (2026).
11. **Namba S**#, Sonehara K, Koyanagi YN, Kikuchi T, Ojima T, Eda Hiro R *et al.* A cross-population compendium of gene–environment interactions. *Nature* **651**, 688–697 (2026).
12. Caro I*, Western D*, **Namba S***, Sun N, Kawaguchi S, He Y *et al.* Proteogenomics in cerebrospinal fluid and plasma reveals new biological fingerprint of cerebral small vessel disease. *Nature Aging* **5**, 2514–2531 (2025).
13. Eda Hiro R, Sato G, Naito T, Shirai Y, Saiki R, ..., **Namba S et al.** Deciphering state-dependent immune features from multi-layer omics data at single-cell resolution. *Nature Genetics* **57**, 1905–1921 (2025).
14. Sonehara K, Watanabe R, Matsumura Y, Mitsui Y, Ogawa Y, ..., **Namba S et al.** Whole-genome sequencing reveals rare and structural variants contributing to psoriasis and identifies CERCAM as a risk gene. *Cell Genomics* **5**, 100978 (2025).
15. Yamamoto Y, Shirai Y, Sonehara K, **Namba S**, Ojima T, Yamamoto K *et al.* Dissecting cross-population polygenic heterogeneity across respiratory and cardiometabolic diseases. *Nature Communications* **16**, 3765 (2025).
16. Yata T, Sato G, Ogawa K, Naito T, Sonehara K, ..., **Namba S et al.** Contribution of germline and somatic mutations to risk of neuromyelitis optica spectrum disorder. *Cell Genomics* **5**, 100776 (2025).

17. Sonehara K, Uwamino Y, Saiki R, Takeshita M, **Namba S**, Uno S *et al.* Germline variants and mosaic chromosomal alterations affect COVID-19 vaccine immunogenicity. *Cell Genomics* **5**, 100783 (2025).
18. Sasa N, Kojima S, Koide R, Hasegawa T, Namkoong H, ..., **Namba S** *et al.* Blood DNA virome associates with autoimmune diseases and COVID-19. *Nature Genetics* **57**, 65–79 (2025).
19. Kato C, Morimoto S, Takahashi S, **Namba S**, Wang QS, Okada Y & Okano H. Spinal cord motor neuron phenotypes and polygenic risk scores in sporadic amyotrophic lateral sclerosis: deciphering the disease pathology and therapeutic potential of ropinirole hydrochloride. *Journal of Neurology, Neurosurgery & Psychiatry* **96**, 199–201 (2025).
20. Yamamoto K, **Namba S**, Sonehara K, Suzuki K, Sakaue S, Cooke NP *et al.* Genetic legacy of ancient hunter-gatherer Jomon in Japanese populations. *Nature Communications* **15**, 9780 (2024).
21. **Namba S**, Akiyama M, Hamanoue H, Kato K, Kawashima M, Kushima I *et al.* Inconsistent embryo selection across polygenic score methods. *Nature Human Behaviour* **8**, 2264–2267 (2024).
22. Wang QS, Hasegawa T, Namkoong H, Saiki R, Edahiro R, ..., **Namba S** *et al.* Statistically and functionally fine-mapped blood eQTLs and pQTLs from 1,405 humans reveal distinct regulation patterns and disease relevance. *Nature Genetics* **56**, 2054–2067 (2024).
23. Naito T, Inoue K, **Namba S**, Sonehara K, Suzuki K, Matsuda K *et al.* Machine learning reveals heterogeneous associations between environmental factors and cardiometabolic diseases across polygenic risk scores. *Communications Medicine* **4**, 181 (2024).
24. Tomofuji Y, Edahiro R, Sonehara K, Shirai Y, Kock KH, ..., **Namba S** *et al.* Quantification of escape from X chromosome inactivation with single-cell omics data reveals heterogeneity across cell types and tissues. *Cell Genomics* **4**, 100625 (2024).
25. Ojima T, **Namba S**, Suzuki K, Yamamoto K, Sonehara K, Narita A *et al.* Body mass index stratification optimizes polygenic prediction of type 2 diabetes in cross-biobank analyses. *Nature Genetics* **56**, 1100–1109 (2024).
26. De Vincentis A, Tavaglione F, **Namba S**, Kanai M, Okada Y, Kamatani Y *et al.* Poor accuracy and sustainability of the first-step FIB4 EASL pathway for stratifying steatotic liver disease risk in the general population. *Alimentary Pharmacology & Therapeutics* **59**, 1402–1412 (2024).
27. Lo Faro V, Bhattacharya A, Zhou W, Zhou D, Wang Y, ..., **Namba S** *et al.* Novel ancestry-specific primary open-angle glaucoma loci and shared biology with vascular mechanisms and cell proliferation. *Cell Reports Medicine* **5**, 101430 (2024).
28. Suzuki K, Hatzikotoulas K, Southam L, Taylor HJ, Yin X, ..., **Namba S** *et al.* Genetic drivers of heterogeneity in type 2 diabetes pathophysiology. *Nature* **627**, 347–357 (2024).
29. Koyanagi YN, Nakatochi M, **Namba S**, Oze I, Charvat H, Narita A *et al.* Genetic architecture of alcohol consumption identified by a genotype-stratified GWAS and impact on esophageal cancer risk in Japanese people. *Science Advances* **10**, eade2780 (2024).
30. Campos AI, **Namba S**, Lin SC, Nam K, Sidorenko J, Wang H *et al.* Boosting the power of genome-wide association studies within and across ancestries by using polygenic scores. *Nature Genetics* **55**, 1769–1776 (2023).
31. Sato G, Shirai Y, **Namba S**, Edahiro R, Sonehara K, Hata T *et al.* Pan-cancer and cross-population genome-wide association studies dissect shared genetic backgrounds underlying carcinogenesis. *Nature Communications* **14**, 3671 (2023).
32. Tanaka H, Okada Y, Nakayamada S, Miyazaki Y, Sonehara K, **Namba S** *et al.* Extracting immunological and clinical heterogeneity across autoimmune rheumatic diseases by cohort-wide immunophenotyping. *Annals of the Rheumatic Diseases* **83**, 242–252 (2023).
33. Sekita A, Kawasaki H, Fukushima-Nomura A, Yashiro K, Tanese K, ..., **Namba S** *et al.* Multifaceted analysis of cross-tissue transcriptomes reveals phenotype–endotype associations in atopic dermatitis. *Nature Communications* **14**, 6133 (2023).
34. Edahiro R, Shirai Y, Takeshima Y, Sakakibara S, Yamaguchi Y, ..., **Namba S** *et al.* Single-cell analyses and host genetics highlight the role of innate immune cells in COVID-19 severity. *Nature Genetics* **55**, 753–767 (2023).

35. Wang Y, **Namba S**, Lopera E, Kerminen S, Tsuo K, Läll K *et al.* Global Biobank analyses provide lessons for developing polygenic risk scores across diverse cohorts. *Cell Genomics* **3**, 100241 (2023).
36. Tsuo K, Zhou W, Wang Y, Kanai M, **Namba S**, Gupta R *et al.* Multi-ancestry meta-analysis of asthma identifies novel associations and highlights the value of increased power and diversity. *Cell Genomics* **2**, 100212 (2022).
37. **Namba S***, Saito Y*, Kogure Y, Masuda T, Bondy ML, Gharahkhani P *et al.* Common germline risk variants impact somatic alterations and clinical features across cancers. *Cancer Research* **83**, 20–27 (2022).
38. Zhou W, Kanai M, Wu KHH, Rasheed H, Tsuo K, ..., **Namba S et al.** Global Biobank Meta-analysis Initiative: Powering genetic discovery across human disease. *Cell Genomics* **2**, 100192 (2022).
39. **Namba S***, Konuma T*, Wu KH, Zhou W & Okada Y. A practical guideline of genomics-driven drug discovery in the era of global biobank meta-analysis. *Cell Genomics* **2**, 100190 (2022).
40. Mishra A*, Malik R*, Hachiya T*, Jürgenson T*, **Namba S***, Posner DC* *et al.* Stroke genetics informs drug discovery and risk prediction across ancestries. *Nature* **611**, 115–123 (2022).
41. Yamamoto K, Sonehara K, **Namba S**, Konuma T, Masuko H, Miyawaki S *et al.* Genetic footprints of assortative mating in the Japanese population. *Nature human behaviour* **7**, 65–73 (2022).
42. Wang QS, Eda Hiro R, Namkoong H, Hasegawa T, Shirai Y, ..., **Namba S et al.** The whole blood transcriptional regulation landscape in 465 COVID-19 infected samples from Japan COVID-19 Task Force. *Nature communications* **13**, 4830 (2022).
43. Namkoong H, Eda Hiro R, Takano T, Nishihara H, Shirai Y, ..., **Namba S et al.** DOCK2 is involved in the host genetics and biology of severe COVID-19. *Nature* **609**, 754–760 (2022).
44. Shirai Y, Nakanishi Y, Suzuki A, Konaka H, Nishikawa R, ..., **Namba S et al.** Multi-trait and cross-population genome-wide association studies across autoimmune and allergic diseases identify shared and distinct genetic component. *Annals of the rheumatic diseases* **81**, 1301–1312 (2022).
45. Ho WK, Tai MC, Dennis J, Shu X, Li J, ..., **Namba S et al.** Polygenic risk scores for prediction of breast cancer risk in Asian populations. *Genetics in medicine* **24**, 586–600 (2022).
46. **Namba S**, Ueno T, Kojima S, Kobayashi K, Kawase K, Tanaka Y *et al.* Transcript-targeted analysis reveals isoform alterations and double-hop fusions in breast cancer. *Communications biology* **4**, 1320 (2021).
47. **Namba S**, Sato K, Kojima S, Ueno T, Yamamoto Y, Tanaka Y *et al.* Differential regulation of CpG island methylation within divergent and unidirectional promoters in colorectal cancer. *Cancer science* **110**, 1096–1104 (2019).

総説 (日本語)

1. **Namba S** & Okada Y. [CURRENT PIPELINES FOR WHOLE-GENOME SEQUENCING ANALYSES]. *Arerugi* **72**, 1110–1112 (2023).
2. **Namba S** & Okada Y. [UTILIZING GENOMIC INFORMATION FOR BIOMARKER IDENTIFICATION AND GENOMIC DRUG DISCOVERY]. *Arerugi* **69**, 952–957 (2020).

学会招待講演

2026/1/29	SCARDA 第 6 回 京都大学・理化学研究所・東京大学サポート機関合同シンポジウム (日本) 「複数人種集団における遺伝子-環境相互作用アトラスは遺伝的構造の動的な 変動を明らかにする」
2025/11/5	2025 East Asia Biobank Symposium (中国) 「Cross-biobank studies」
2025/9/3	FinnGen Face-to-Face Helsinki 2025 (フィンランド) 「Biobank Japan」
2025/7/2	第 15 回国際ゲノム会議 (日本) 「Gene-environment interactions underlying the dynamics of genetic architecture」

2024/10/17	World Congress of Psychiatric Genetics 2024 (シンガポール) 「Genome and omics data with rich disease phenotypes in BioBank Japan provide insights into disease biology and personalized medicine」
2024/10/12	日本人類遺伝学会第 69 回大会 (日本) 「生殖細胞・体細胞変異・遺伝-環境相互作用の統合解析」
2023/10/12	日本人類遺伝学会第 68 回大会 (日本) 「Polygenic germline effects on cancer somatic alterations」

招待研究セミナー

2026/4/29	Psychiatric Genetics Consortium Cross-population Working Group (オンライン) 「A Cross-population Compendium of Gene-Environment Interactions」
2026/2/17	東京大学糖尿病代謝内科 (日本 (オンライン)) 「ヒト疾患形質の遺伝的構造の動的な変動の解明」
2026/1/13	東京大学腎臓内科 (日本) 「ヒト疾患形質の遺伝的構造の動的な変動の解明」
2023/12/19	Prof. Alisa Manning Lab, Massachusetts General Hospital and Broad Institute (アメリカ (オンライン)) 「A cross-population atlas of genome-wide gene-environment interactions between the East Asian and European populations」

公開プロフィール

ウェブサイト: <https://shinichinamba.github.io/>

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7486-3146>

researchmap: <https://researchmap.jp/shinichinamba>