



紫陽花が鮮やかに咲く季節となりました。
共通施設棟前のガクアジサイは今年も綺麗に咲きはじめています。



NIBB-Princeton Joint Proteomics Training Course 2024

薫風さわやかな5月(5/15-5/17)、実に7年ぶりにプリンストン大学と合同でプロテオーム解析の国際トレーニングコースがここ岡崎で開催されました。自然科学研究機構(上野先生)の強力なサポートの下、プリンストン大学からIleana Cristea教授、Todd Greco博士を講師として招聘し、さらに連携機関である徳島大学先端酵素学研究所から小迫英尊教授をお迎えして、基礎生物学研究所を含む4機関が緊密に協同しコースの運営にあたりました。なるべく多くの受講生が参加できるプログラムを組み、応募者総数38名から最終的に29名が参加しました。惜しくも選に漏れてしまった方には、ぜひ次の機会にまた応募いただきたいと思えます。国外機関からは1名(カタール)、国内機関からは4名の外国籍の受講生が参加し、全体の男女比はおおよそ6:4でした。

コースは3日間、座学と実習を組み合わせた形でおこなわれました。開会にあたり、阿形所長から現代の生物学研究におけるプロテオーム解析の重要性についてコメントがあり、受講生を激励していただきました。コースはCristea教授の講義からスタートし、イントロとして質量分析装置を用いたプロテオーム解析とは何か、そしてタンパク質定量の原理について概説いただきました。続いで講義では、Todd博士から質量分析装置の機器としての原理についてさらに詳細な説明がなされました。

今回「近接依存性標識法を用いたプロテオーム解析」をテーマに、サンプル調製の手順を一通り学ぶことに焦点を絞り、1日目午後から実験室での実習がスタートしました。



はじめに小迫先生から原理について解説があり、その後、6班に分かれてサンプル調製をおこないました。実習中、受講生から講師陣に対し活発に質問があり、配布したプロトコルに書き込まれた多数のメモから、積極的に学んでいる様子が窺えました。タンパク

質試料をオーバーナイトで酵素消化する工程を開始した所で1日目の実習が終了し、場所を職員会館(1F)に移して懇親会がおこなわれました。リノベートされた職員会館は清潔で懇親会をするのにとっても便利で、(おススメです!)受講生と講師陣が打ち解けた様子で会話を弾ませていました。



2日目は、実習パートではサンプル調製の続きの工程をおこない、座学パートではタンパク質間相互作用やデータ解析について講義がありました。ハイライトは、受講生が調製したサンプルを質量分析装置にかける工程で、トランスオミクス解析室に移動して実物の質量分析装置の前で牧野技術職員から説明がありました。

3日目は、Cristea教授の講義に加え、多くの時間をバイオインフォマティクス実習に費やしました。Todd博士の解説に従って、班ごとに解析用PCを用いてデータ解析から結果を図にして示す所まで一通り実習をおこないました。

本コースでは目玉企画として、3日間毎日特別講義(Scientific Lectures)をハイブリッドでおこない、オンラインの受講生に加え、所内、先端酵素研に対してライブ配信をおこないました。オンライン参加者が、期待より少なかったのは残念でしたが、次回があれば宣伝を工夫したいと思います。



コース最後には、パネルディスカッションの形でまと

NIBB-Princeton Joint Proteomics Training Course 2024

めのセッションをおこないました。上野先生が司会となり、講師陣がコースの感想を述べ、プロテオーム解析の現状と未来について語り合いました(パネルディスカッションの様子は、近日何かしらの形で公開される予定です)。撮影の都合で、受講生は隣室にて画面越しで視聴する形となりましたが、講師陣の所感や展望から何かし得るものがあったとしたら幸いです。上野先生から、各機関、及び、運営スタッフへの謝辞があり閉会となりました。

本コースの開催にあたり多くの方々へ支援いただきました。特に、実験室実習や質量分析装置による解析などテクニカルな部分で、技術職員の西野耕平博士(先端酵素研)、牧野さん、森さんのサポートが不可欠であったことを、御礼の意味を込めてここに書き記しておきます。

全長cDNA配列を網羅的にシーケンス

全長cDNAを連結してpacbioのシーケンサーで高精度に解読、結果として網羅的なbase補正不要なcDNA配列が得られる。2021年10月にBioRxivに出て、今年4月についてNat Biotechnolに出た「High-throughput RNA isoform sequencing using programmed cDNA concatenation」の方法をベースにpacbioがさらに改良し、kit販売しています。全長cDNAを読むISO-Seq法は、short readシーケンサーでの欠点であったアセンブルミスを排除し、スプライシングパターンの正確な区分が可能という利点があるものの、pacbioのシーケンサーで単に1つのcDNAの長さだけを読むのは勿体ないものでした(本来20kbaseが読めるのに1-3k程度読むだけなので)。連結というアイデアとしては自分を含め多くの人が考えていたでしょうが、kit化された製品はとて精練されている印象です。

お試しシーケンスをしましたが、多数のcDNA配列を得ることができています。解析ツールも用意されており、その特性から12サンプルのRNA(12indexまで対応できる)から個別のindex配列を付加したcDNAライブラリーを作成し、それを1セットとするのがお勧めです。この1セットは同一生物種であることが解析ツールの前提です。もちろん複数生物種合わせることも実験上可能ですが、その場合は自分で解析系を改変する必要があります。

今回「kinnex」のブランド名で、上記のfull-length RNA kitの他、single-cell RNA kit、16S rRNA ampliconsの合計3種類が発売され、いずれも個々のライブラリーに固有ののりしろ配列を付けて、連結すること



(吉田拓也)

を特徴としています。

16S rRNA ampliconsの手法は間にオリジナル配列のアダプターを入れることで、自分が増やしたい領域を解析するamplicon-seqにも広く応用できそうに思います。

今後、このkitの動向をサーベイしていきたいと思えます。

(山口)



あとがき

2030年へ向けて大きく変貌を遂げようとしている東岡崎駅。その第一弾として、4月にオープンしたばかりの商業施設「SWING MALL」に行ってきました。沖縄グルメでおなじみの「BLUE SEAL」も出店。紅いアイスクリューで南国気分を味わってきました。本屋やカフェがあればさらに充実した施設になると思うのですが、今後の東岡崎駅周辺の発展が楽しみです。(池田)

国際トレーニングコースではスタッフとして実験サポートや運営等を担当しました。Cristea先生、Todd先生、小迫先生との交流に加え、徳島大学の西野技術員との交流もさらに深められました。予備実験、修了証、名札の作成などに追われる日々でしたが、無事に終了しホッとしました。(牧野)

