

トランスオミクス解析室

<https://www.nibb.ac.jp/analyses/jp/>

トランスオミクス解析室は、遺伝子・タンパク質解析の共同研究拠点として分析機器の管理・運用を行っている。超遠心機のような汎用機器から次世代 DNA シーケンサーのような先端機器に至るまで、70 種類 90 台にのぼる機器を備えている。特に、機能ゲノミクスに力を入れており、次世代 DNA シーケンサーと質量分析装置を利用した「統合ゲノミクス共同利用研究」を公募し、これらを用いた次世代ゲノム研究を所内外の研究者とともに推進している。また、ゲノムインフォマティクス・トレーニングコースを年数回開催し、実験生物学者のバイオインフォマティクスのリテラシー向上にも貢献している。

1. ゲノミクス

超高速並列 DNA シーケンサーによる次世代 DNA シーケンシング技術の登場は、現代の生物学に革命的な変化をもたらした。トランスオミクス解析室では、GridION (オックスフォード・ナノポア社)、Sequel IIe (パシフィックバイオサイエンス社)、NextSeq および MiSeq システム (イルミナ社) などの次世代シーケンサーを共通機器として運用し、ライブラリ調製やデータ解析のための設備も整備している。共同利用研究の一環として「統合ゲノミクス共同利用研究」を毎年公募し、これらを用いた次世代ゲノム研究を所内外の研究者とともに推進している。

2. プロテオミクス・メタボロミクス

トランスオミクス解析室では以下の3台の質量分析装置と2台のプロテインシーケンサーを保有し、プロテオーム解析とメタボローム解析にも活用されている。

- 質量分析装置 (Bruker timsTOF fleX, Thermo Fisher Scientific Orbitrap Elite, SCIEX TripleTOF 5600)

- プロテインシーケンサー (ABI Procise 494 HT/ 492 cLC)

3. その他

分光光度計、化学発光・蛍光画像解析装置、セルソーター、リアルタイム PCR、高速液体クロマトグラフ、ガスクロマトグラフ、超高速遠心機など、充実した分析機器を備えている。

主な機器：セルソーター (SONY SH 800); 画像解析装置 (GE FLA 9000); レーザーマイクロダイセクションシステム (Arcturus XT); リアルタイム PCR (ABI7500, Thermo Fisher Scientific QuantStudio 3); デジタル PCR (Thermo Fisher Scientific QuantStudio 3D); 超遠心機 (Beckman XL-80XP)

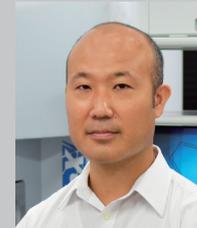


次世代 DNA シーケンサー

室長
教授
重信 秀治



特任准教授
吉田 拓也



技術課技術職員
森 友子
牧野 由美子
山口 勝司

参考文献：

- Shigenobu, S., Hayashi, Y., Watanabe, D., Tokuda, G., Hojo, M. Y., Toga, K., Saiki, R., Yaguchi, H., Masuoka, Y., Suzuki, R., Suzuki, S., Kimura, M., Matsunami, M., Sugime, Y., Oguchi, K., Niimi, T., Gotoh, H., Hojo, M. K., Miyazaki, S., ... Maekawa, K. (2022). Genomic and transcriptomic analyses of the subterranean termite *Reticulitermes speratus*: Gene duplication facilitates social evolution. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* *119*, e2110361119.
- Matsunami, M., Suzuki, M., Haramoto, Y., Fukui, A., Inoue, T., Yamaguchi, K., Uchiyama, I., Mori, K., Tashiro, K., Ito, Y., Takeuchi, T., Suzuki, K. T., Agata, K., Shigenobu, S., & Hayashi, T. (2019). A comprehensive reference transcriptome resource for the Iberian ribbed newt *Pleurodeles waltl*, an emerging model for developmental and regeneration biology. *DNA Res.* *26*, 217–229.
- Fallon, T. R., Lower, S. E., Chang, C.-H., Bessho-Uehara, M., Martin, G. J., Bewick, A. J., Behringer, M., Debat, H. J., Wong, I., Day, J. C., Suvorov, A., Silva, C. J., Stanger-Hall, K. F., Hall, D. W., Schmitz, R. J., Nelson, D. R., Lewis, S. M., Shigenobu, S., Bybee, S. M., ... Weng, J.-K. (2018). Firefly genomes illuminate parallel origins of bioluminescence in beetles. *eLife*, *7*, e36495.
- Yamaoka, S., Nishihama, R., Yoshitake, Y., Ishida, S., Inoue, K., Saito, M., Okahashi, K., Bao, H., Nishida, H., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Ishizaki, K., Yamato, K. T., & Kohchi, T. (2018). Generative Cell Specification Requires Transcription Factors Evolutionarily Conserved in Land Plants. *Curr. Biol.* *28*, 479-486.e5.
- Maeda, T., Kobayashi, Y., Kameoka, H., Okuma, N., Takeda, N., Yamaguchi, K., Bino, T., Shigenobu, S., & Kawaguchi, M. (2018). Evidence of non-tandemly repeated rDNAs and their intragenomic heterogeneity in *Rhizophagus irregularis*. *Commun. Biol.* *1*, 87.
- Ando, T., Matsuda, T., Goto, K., Hara, K., Ito, A., Hirata, J., Yatomi, J., Kajitani, R., Okuno, M., Yamaguchi, K., Kobayashi, M., Takano, T., Minakuchi, Y., Seki, M., Suzuki, Y., Yano, K., Itoh, T., Shigenobu, S., Toyoda, A., & Niimi, T. (2018). Repeated inversions within a *pannier* intron drive diversification of intraspecific colour patterns of ladybird beetles. *Nat. Commun.* *9*, 3843.

