

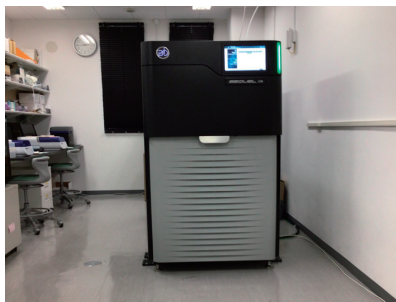
トランスオミクス解析室

<https://www.tof.nibb.ac.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 100 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。



次世代 DNA シーケンサー

2. プロテオミクス・メタボロミクス

質量分析はプロテオミクス・メタボロミクス解析の基盤技術である。トランスオミクス解析室では 3 台の質量分析装置、timsTOF fleX（ブルカー社）、Orbitrap Elite（サーモフィッシャーサイエンティフィック社）および TripleTOF 5600（サイエックス社）を運用し、タンパク質・ペプチド、低分子化合物、ホルモンなど生体分子に合わせて最適化された測定方法を提供している。また、質量分析イメージング技術や、目的別測定方法の共同開発を推進し、所内外の幅広い「統合ゲノミクス共同利用研究」課題に活用されている。

3. その他

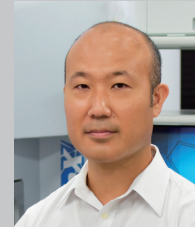
分光光度計、化学発光・蛍光画像解析装置、セルソーター、リアルタイム PCR、高速液体クロマトグラフ、ガスクロマトグラフ、超高速遠心機、プロテインシーケンサーなど、充実した分析機器を備えている。

主な機器：セルソーター (SONY SH800, BD FACSMelody); 画像解析装置 (GE FLA9000); レーザーマイクロダイセクションシステム (Applied Biosystems Arcturus XT); リアルタイム PCR (ABI7500, Thermo Fisher Scientific QuantStudio 3); 超遠心機 (Beckman XL-80XP)

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
中野 朱莉

参考文献：

- Potente, G., Yasui, Y., Shimokawa, E., Jenkins, J., Walstead, R. N., Grimwood, J., Schmutz, J., Leebens-Mack, J., Bruna, T., Kaur, N., Lee, R., Zama, S., Tanaka, T., Umeyama, Y., Kawamura, S., Yamato, K. T., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Shimamura, M., Kohchi, T., and Szövényi, P. (2025). Insights into convergent evolution of cosexuality in liverworts from the *Marchantia quadrata* genome. *Cell Rep.* 44, 115503.
- Fujino, T., Yamaguchi, K., Yokoyama, T. T., Hamanaka, T., Harazono, Y., Kamada, H., Kobayashi, W., Ujino-Ihara, T., Uchiyama, K., Matsumoto, A., Izuno, A., Tsumura, Y., Toyoda, A., Shigenobu, S., Moriguchi, Y., Ueno, S., and Kasahara, M. (2024). A chromosome-level genome assembly of a model conifer plant, the Japanese cedar, *Cryptomeria japonica* D. Don. *BMC Genom.* 25, 1039.
- Morita, S., Shibata, T. F., Nishiyama, T., Kobayashi, Y., Yamaguchi, K., Toga, K., Ohde, T., Gotoh, H., Kojima, T., Weber, J. N., Salvemini, M., Bino, T., Mase, M., Nakata, M., Mori, T., Mori, S., Cornette, R., Sakura, K., Lavigne, L. C., Emlen, D. J., Niimi, T., and Shigenobu, S. (2023). The draft genome sequence of the Japanese rhinoceros beetle *Trypoxylus dichotomus septentrionalis* towards an understanding of horn formation. *Sci. Rep.* 13, 8735.
- 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., Toyoda, A., Miura, T., and 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.
- 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., Larracuente, A. M., Oba, Y., and Weng, J.K. (2018). Firefly genomes illuminate parallel origins of bioluminescence in beetles. *eLife*, 7, e36495.

