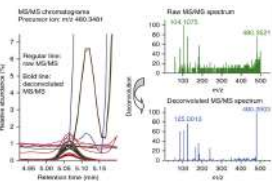


Networks that controls the metabolism in life / 生物の代謝を司るネットワーク

Metabolome is a research field that comprehensively analyzes metabolites (low molecular compounds) in cells. Arita (PI of the lab) also has a team at RIKEN Yokohama, where we perform metabolomics for plants and mice. He is also a key member of the International Metabolomics Society. Currently, we are conducting joint research on lipids with the Karolinska Institute and UC-Davis.

メタボロームとは、細胞の中にある代謝物（低分子化合物）を網羅的に解析する研究分野です。PIの有田は理研横浜にもチームを持っており、植物、マウス等のメタボロミクスを実施しています。国際メタボロミクス学会の主要メンバーでもあります。現在はカロリンスカ研究所、UC-Davisなどと脂質の共同研究をおこなっています。

Develop Bioinformatics Tools and Databases which relevant to Metabolome / メタボローム関連のツールやデータベースの開発



We have developed a method for identifying compounds by separating mass spectra from mass spectrometers.

これまでに、質量分析計からのマススペクトルをプログラムで分離、化合物を同定する手法を開発しました。理研の津川さんとの共同研究です [1]。

We are developing **MS-DIAL** and **PowerGetBatch** both of which is a universal program for untargeted metabolomics- and lipidomics collaborate with Riken (Yokoyama). It is supporting any type of chromatography/mass spectrometry methods (GC/MS, LC/MS, and LC-MS/MS etc.). Now, MS-DIAL is mainly working by I. Tada [2] collaborate with Tsugawa. PowerGet is lead by N. Sakurai [3].

メタボロームの解析環境として、**MS-DIAL**を開発しています (Rikenグループとの共同開発)。また**PowerGetBatch**を開発しています。これらのソフトウェアは、非標的メタボロミクスおよびリポミクスデータの解析を対象とし、幅広い種類のクロマトグラフおよびマスベクトロメトリー解析に対応しています (GC/MS, LC/MS, LC-MS/MS など)。現在MS-DIALは、主として学生の多田さんが理研の津川さんとともに、取り組んでいるものです。PowerGetは櫻井さんが中心となって開発しています。

We had been developing **Shoku-Repo** collaborate with Kazusa DNA Res. Inst. This is a database for the metabolomic data by using LC-MS for ingredients in typical foods eaten in Japan [3]. This is a product from the research project led by N. Sakurai.

我々は、かずさDNA研究所との共同で、**食品メタボロームレポジトリ**を開発してきました。主要な食品に含まれる成分を、液体クロマトグラフィー-質量分析 (LC-MS) によるメタボローム解析で分析したデータを集積・公開しているものです。准教授の櫻井が中心となって開発してきたものです。

We are developing **sensor devices** for detecting chemical components in soil in real time. This is the research project by Dr. A. Hosoki.

土中の化学成分をリアルタイムで検出するためのセンサデバイスの開発を進めています。研究員の細木さんの研究テーマです。

Books / 出版書籍等

Single, co-authored or co-edited books by lab-members.

有田による単著の他、ラボメンバーはいくつかの共著書籍や分担著書を出しています。



References / 引用文献等

- [1] Tsugawa et al. Nature Methods 12, 523 (2015)
- [2] Tada I. Correlation-based deconvolution (CorrDec) method for data-independent acquisition mass spectrometry. 15th Annual Conference of the Metabolomics Society, Metabolomics 2019, Hague.
- [3] Sakurai N, Shibata D (2017) Tools and databases for an integrated metabolite annotation environment for liquid chromatography-mass spectrometry-based untargeted metabolomics, *Carotenoid Science* 22: 16-22
- [4] Simakov O., Kawashima T., et al. Hemichordate genomes and deuterostome origins. Nature 527, 459-465
- [5] Sato M., Arita M., Kawashima T., Uncovering Ecdysozoa-specific Sphingomyelin Synthase by Phylogenetic Analysis of Metazoan Sequences. Zool. Sci., 36(4):316-321 (2019).

Evolutionary networks governing the background of biological diversity / 生物の多様性を担う進化的ネットワーク

Since all living things have a common ancestor, they can be regarded as an evolutionary network. We study biodiversity as a complex network through comparative genomics and comparative metabolomics.

全ての生物は共通祖先を持つことから、進化的なネットワークとして捉えることができます。比較ゲノムや比較メタボロームを通して、一つの複雑なネットワークである生物多様性を研究しています。

Analyses for the Bacterial Genome and development for tools for those analyses / バクテリアゲノムの解析とその解析のためのツールの開発



We are performing the genome wide comparative analysis of the probiotic genus **Bifidobacterium** to investigate the role of different species in their host. We want to characterize the bifidobacterial species with respect to their host's dietary habits. This theme is mainly working by S. Maria.

機能性細菌である**ビフィドバクテリウム**の全ゲノム比較によって、宿主における様々な種の役割を調べています。宿主の食環境と関連するビフィドバクテリウム種の特性を明らかにしたいと考えています。学生のマリアさんが取り組んでいます。

We are conducting comparative genome research of **H. pylori** that is famous for causing stomach cancer. By comparing the *H. pylori* genomes around the world, we are trying to clarify the characteristics and functions of each geographic region. This theme is mainly working by N. Mehwish.

胃がんで有名な**ピロリ菌**のゲノム比較研究を実施しています。世界中のピロリ菌ゲノムを比較し、地域毎の特徴や機能を明らかにしようとしています。主として学生のメウィッシュさんが取り組んでいます。

We are studying the evolutionary functions of **horizontal transmission genes** found in the lactic acid bacteria genome. This theme is mainly working by S. Takenaka.

乳酸菌ゲノムに見出される水平伝播遺伝子がこの生物にもたらす進化的な機能を研究しています。学生の竹中さんが取り組んでいます。

Research for evolution of metabolic systems on animals. / 動物の代謝系の進化に関する研究



We are investigating **how animal metabolic systems have evolved** over the last 500 million years using comparative genomics and comparative metabolomic techniques. Kawashima and Satou conducting this project [4, 5].

動物の代謝系が過去5億年の間にどのように進化したか、比較ゲノムと比較メタボロームによって調査しています。川島と佐藤がこのプロジェクトを進めています。

Lab Members / 研究室メンバー

(List only research Members. In addition, secretaries and technical assistants support our daily research life.) (研究関連メンバーのみ記載。他に秘書や技術補佐の方々が日々の研究生生活をサポートしてくれています。)

—Staffs	—スタッフ
Masanori Arita (PI, Professor)	有田 正規 (研究室主催者 教授)
Nozomu Sakurai (DDBJ Associate Prof.)	櫻井 望 (DDBJ 特任准教授)
Takeshi Kawashima (Assistant Prof.)	川島 武士 (助教)
Ai Hosoki (Postdoc.)	細木 藍 (研究員)
Toshiaki Tokimatsu (Postdoc.)	時松 敏明 (研究員)
—Graduate Students and Internship	—大学院生及び他の受け入れ学生
Maria Satti	サッティ マリア
Mehwish Nourreen	ノーリーン メウィッシュ
Shinkurou Takenaka	竹中 伸巧郎
Douaa Zakaria	ドゥア サカリヤ
Soichiro Inaba (Internship from NIT-Numazu)	稲葉蒼一郎 (沼津高専)

acknowledgement / 謝辞

We thank to all the collaborators for the above researches. We would like to thank all members of DDBJ for their cooperation in research. This study is supported by the Integrated Database Project by the National Bioscience Database Center (NBDC) (Arita: J180100346). Kaken-hi Grant (Kiban A, Wada: 18H04004) by MEXT.