

質量分析センター
メタボロミクス分野

Mass Spectrometry Center,
Division of Metabolomics

教授
馬場 健史

Professor : Takeshi Bamba, Ph.D.

E-mail : bamba@bioreg.kyushu-u.ac.jp

Profile

- 1994年、岡山大学農学部卒業
 - 1996年、岡山大学大学院農学研究科修士課程修了
 - 株式会社日本生物科学研究所・研究員
 - 1997年、株式会社JBDL・主任研究員
 - 2001年、大阪大学大学院工学研究科博士後期課程単位取得退学、博士(工学)、日立造船株式会社・主任研究員(NEDOプロジェクト博士研究員)
 - 2006年、大阪大学大学院薬学研究科・助手(2007年同助教)
 - 2008年、大阪大学大学院工学研究科・准教授
 - 2015年、九州大学生体防御医学研究所メタボロミクス分野・教授
- 2010年、生物工学奨励賞(斎藤賞)受賞
 - 2015年、日本質量分析学会奨励賞受賞
 - SFC研究会・代表幹事



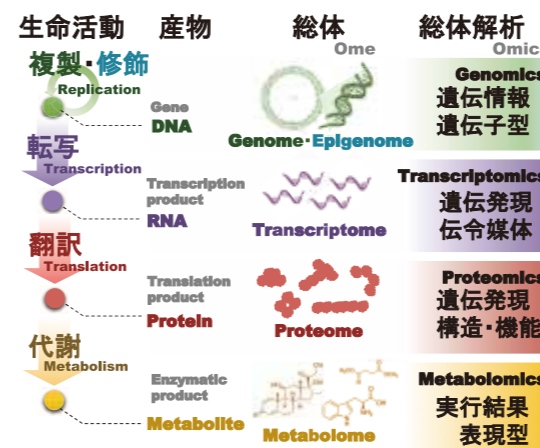
代謝物の総体解析により生体内の複雑な代謝制御のメカニズムを理解する

■Research Projects

Metabolomics, a field of research aimed at the comprehensive analysis of whole metabolites, is currently attracting substantial attention as an effective approach for high-resolution biochemical phenotyping. This attention comes because metabolomics can be used not only to identify simple metabolic variation but also to detect almost imperceptible changes in the living body, which would be difficult to recognize as a common phenotype by simultaneously expressing the relative proportions of multiple metabolites. Our group works on the development of various metabolomics technologies (e.g., sample preparation, instrumental analysis, and data mining) and the application of metabolomics research in a variety of fields, concentrating particularly on its use in medicine. Additionally, we energetically conduct transomics (also known as "multi-omics") research, which involves integrated analysis of data from metabolomics and other omics research, including genomics and proteomics.

■Major Recent Publications:

1. Takahashi M., Izumi Y., Bamba T., et al. Highly accurate detection and identification methodology of xenobiotic metabolites using stable isotope labeling, data mining techniques, and time-dependent profiling based on LC/HRMS/MS. *Anal. Chem.* 90 (15): 9068-76, 2018.
2. Hata K., Izumi Y., Bamba T., et al. In-line sample processing system with an immobilized trypsin-packed fused-silica capillary tube for proteomic analysis of a small number of mammalian cells. *Anal. Chem.* 92(4): 2997-3005, 2020.
3. Nakatani K., Izumi Y., Bamba T., et al. Unified-hydrophilic-interaction/anion-exchange liquid chromatography mass spectrometry (unified-HILIC/AEX/MS): A single-run method for comprehensive and simultaneous analysis of polar metabolome. *Anal. Chem.* 94(48): 16877-886, 2022.
4. Si-Hung, L., Izumi Y., Bamba T., et al. First proof-of-concept of UC/HILIC for extending the versatility of the current art of supercritical fluid separation. *Anal. Chim. Acta* 1240: 340741, 2023.



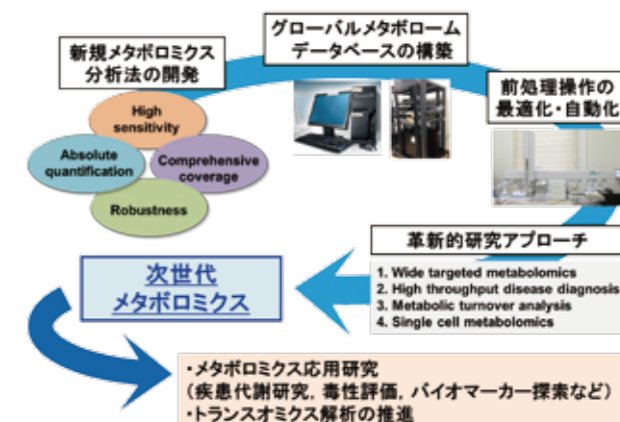
■研究概要

代謝物の網羅的な解析に基づくメタボロミクスは、多成分による精密な表現型・性質解析手段として幅広い分野での利用が期待されるオーム科学である。メタボロミクスが解析の対象とする『メタボローム(代謝物総体)』は、ゲノム上にコードされた遺伝情報が転写・翻訳等を経て実行された結果として現れる表現型の一部と捉えることができる。すなわち、ゲノム情報から表現型の発現に至る過程を媒体するトランスクリプトームやプロテオームなどと比べると、メタボロームは、より表現型に近接した階層に位置しており、これまでトランスクリプトミクスやプロテオミクスのみでは捉えることが難しかった生体反応機構の理解に寄与する有望技術の1つとして活用されている。また、遺伝子発現変動や生体内の環境変動などの様々な摂動下において、その影響がはっきりと表現型に現れにくい場合であっても、メタボロームデータを活用することで生体内の変化を代謝物の変動(プロファイル)として詳細に表現することが可能である。そのため、メタボローム解析によってゲノム情報の実行結果や各種摂動の影響を詳細に理解できれば、病気の診断や病態発症メカニズムの解析、医薬品の薬効・毒性評価など、幅広い分野での応用が期待でき

る。一方で、メタボロームとは、物理化学的性質の大きく異なる多種多様な低分子化合物の集合であり、個々の化合物は酵素反応によってその存在量と性質が複合的かつ連続的に変化するため、これらの同時一斉分析を実現することは決して容易ではない。

メタボロミクスは主に、サンプル調製、機器分析、データ解析の3つの行程に分けられるが、それぞれの行程において種々の特異的な技術があり、実際にメタボロミクスを実施するためには目的に応じて好適な技術を選択する必要がある。また、信頼性の高い解析を行うためには、それぞれの技術を良く理解して、最適な形で組み合わせたシステムを構成することが非常に重要になる。そこで、当分野では豊富な分析科学の知識・経験をもとに、最新の分析技術を取り入れた各種メタボロミクスの技術開発に取り組んでいる。また、構築した次世代のメタボロミクス技術を効果的に適用した応用研究についても医学分野を中心に国内外の大学あるいは民間企業と連携しながら展開している。さらに、トランスオミクス研究にも積極的に取り組み、ゲノミクスやプロテオミクスといった他のオミクスとの統合解析を推進している。

確かな技術を
ベースに、自分の
出すデータで
勝負ができる
一流の研究者を
育成します



Teaching Staff



准教授
和泉 自泰
Associate Professor :
Yoshihiro Izumi, Ph.D.



助教
高橋 政友
Assistant Professor :
Masatomo Takahashi, Ph.D.



助教
中谷 航太
Assistant Professor :
Kohta Nakatani, Ph.D.

特任助教
秦 康祐
Research Assistant Professor :
Kosuke Hata, Ph.D.