

# 第28回 分子生物学セミナー

## iMPAQT ver. 2.0: 高出力かつフレキシブルなタンパク質 絶対定量プラットフォーム

新潟大学大学院 医歯学総合研究科  
オミクス生物学分野(医学部生化学第一講座)  
教授 松本 雅記 先生

日時:2019年10月29日(木)18:30 ~19:30  
場所:医修館5階セミナー室

真核システム生物学は様々な構成要素からなる分子ネットワークの解析を通して生命システムを理解することを目的としている。一般的に、ネットワークモデルは複数の研究成果を要約して作成されるため、これらが必ずしも実世界の状態を反映しているわけではない。真のネットワーク構造を決定するにはそれを構成するタンパク質を様々な条件下で正確に定量することが重要であり、ターゲットプロテオミクスは、その高い信頼性や定量性から理想的なツールの一つである。

われわれはターゲットプロテオミクスを大規模に実施することを可能にする新規プラットフォーム *in vitro* proteome-assisted MRM for protein absolute quantification (iMPAQT)を構築した (Matsumoto et al., *Nature Methods*, 2017, Matsumoto and Nakayama, *Curr. Opin. Biotechnol.* 2018)。最近、iMPAQTにおけるいくつかの問題点を解消するため、様々な新技術を取り込んだ新たなバージョンであるiMPAQT 2.0を開発している。本セミナーではiMPAQT 2.0の原理について解説し、その応用法を紹介する。

連絡先:医化学講座 中井 彰(2214)