

第7回 難治性疾患トランスレーションセミナー

次世代ターゲットプロテオミクスを用いた 大規模仮説駆動型研究

九州大学・生体防御医学研究所
トランスオミクス医学研究センター・プロテオミクス分野

准教授 松本 雅記 先生



2018年4月26日(木) 18:00 - 19:00
山口大学医学部総合研究棟8階多目的室

近年の質量分析を基盤とするプロテオミクスはタンパク質の発現プロファイリング、タンパク質あるいは他の分子種との相互作用解析、さらには翻訳後修飾の同定などを介して生物学的に重要なタンパク質発見のための有効なツールとなっている。このようなプロテオミクスの発見的・探索的利用に加えて、近年、ターゲットプロテオミクス技術の開発によって、興味ある生命現象や疾患に関わるタンパク質の変化を定量的に計測することが可能になりつつある。高い再現性と感度で任意のタンパク質の精密定量の実施は、複雑な分子ネットワークの動態と生命現象の関係性を明らかにする手段として極めて重要であるが、多数のタンパク質を対象としたターゲットプロテオミクスの実施には、いくつかの時間と労力を要するステップが必要であり、その技術的重要性は明確であるにも関わらず、広く普及するに至っていない。

われわれはこれまで、ゲノムワイドなヒト組換えタンパク質ライブラリー(18000以上)を利用したターゲットプロテオミクス解析のプラットフォームである iMPAQT (in vitro proteome assisted MRM for protein absolute quantification)を開発してきた (Matsumoto et al., Nature Methods, 2017)。iMPAQT法を用いることで精密に多数のタンパク質の絶対定量が容易に実現可能である。本セミナーではパスウェイ構成要素の精密定量を通して見えてきた、がんや老化における代謝経路再編成の実態について紹介したい。また、最近取り組んでいる iMPAQT の利便性向上のための技術開発の現状を報告し、自由度や堅牢性の高いタンパク質定量法による大規模な仮説駆動型研究法の可能性について議論したい。

すべての研究者、大学院生、学部学生のご参加と活発な議論を歓迎いたします！

山口大学先進科学・イノベーションセンター: <http://rcasi.kenkyu.yamaguchi-u.ac.jp/>

連絡先: 山口大学大学院医学系研究科医化学講座 中井 彰 (2215)