

第4回 難治性疾患トランスレーションセミナー

次世代定量プロテオミクス基盤 iMPAQT を用いた生命科学研究

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



2017年5月22日(月) 18:00 - 19:00
山口大学医学部総合研究棟8階多目的室

近年の質量分析計の著しい高性能化と種々の定量技術の開発によってプロテオーム解析技術は成熟し、一度に数千のタンパク質の同定や定量が可能となり、様々な生物学領域の発展に大いに貢献している。その一方で、現在普及している手法では定量性や再現性の問題に直面しており、新たな方法論の構築が望まれてきた。われわれは、大規模な組み換えタンパク質ライブラリーと質量分析計による定量法であるMRM(multiple-reaction monitoring)法を組み合わせ、新規タンパク質定量解析法解析プラットフォームである iMPAQT (in vitro proteome-assisted Multiple reaction monitoring for Protein Absolute QuantiTication) を開発した。既に約18000種類以上の組み換えタンパク質(ヒトゲノムにおけるタンパク質コード遺伝子の約9割をカバー)を作製し、これらを用いてMRM法による定量に利用可能なペプチド情報取得を完了してデータベース化しており、任意のタンパク質の絶対定量が容易に可能なシステムを構築している。本セミナーでは iMPAQT の原理を解説し、タンパク質レベルでのシステム変遷のプロテオーム解析ががん化や老化研究に応用できるかを紹介したい。