

第33回 分子生物学セミナー

高深度・ハイスループットプロテオミクス

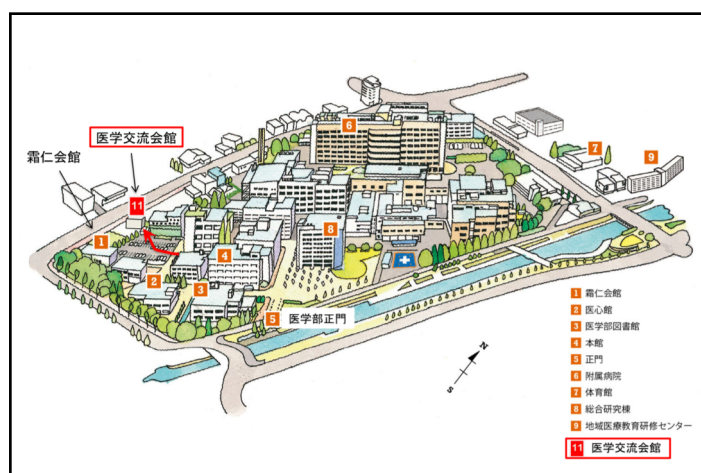
新潟大学大学院医歯学総合研究科
オミクス生物学

教授 松本 雅記 先生

日時：2022年10月28日（金）18:30 ～19:30

場所：医学交流会館3階会議室

生命システムは核酸やタンパク質，さらには代謝物よりなる極めて複雑な分子ネットワーク構造の上に成り立っている。特にタンパク質は生体内分子ネットワークの主要構成因子であり、その量や状態を正確に計測することは分子ネットワークの性質を理解する上で極めて有効である。しかしながら、タンパク質の網羅的解析法である質量分析計を用いたプロテオミクスにおいて、その網羅性やスループットの低さが大きな課題となっていた。しかしながら、近年、急速に普及した新たな質量分析の手法であるdata-independent acquisition (DIA)はこの状況を一変しつつある。



現在、われわれは、DIAを中心とした高深度かつハイスループットなプロテオーム解析基盤の構築に向けさまざまな技術開発に取り組んでいる。例えば、DIA測定パラメーターの最適化によって多検体の計測(5000 proteins/10 min, 6000 proteins/20 min)を実現した。また、プロテオミクスにおける試料調製法を抜本的に見直し、大幅な試料調製工程の削減に成功した。また、これらの手法をさらに発展させて、顕微鏡観察による細胞表現型解析とプロテオーム発現型解析を同一試料で実施可能な、Phenotype-Proteotype Co-Analysis (P2CoA)基盤の開発を進めている。本セミナーでは、これらの技術の原理や応用例について紹介したい。

問い合わせ先：医化学講座（2215）