

組織、細胞の蛋白質のアイソフォーム、バリエント、翻訳後修飾、膜たんぱく質解析における最新の前処理技術

板東泰彦

Yasuhiko BANDO

エーエムアール株式会社

株式会社バイオシス・テクノロジーズ

〒152-0031 東京都目黒区中根 2-13-18

TEL: 03-5731-2281

e-mail: y-bando@amr-inc.co.jp

質量分析装置を用いたプロテオミクス研究は基礎の生物学から臨床医学研究まで幅広く利用されている。LC/MS装置の前段に配備されたクロマトグラフィーは分離することによりその複雑性を少なくし且つナノ化することにより微量サンプルを濃縮し、検出器としての質量分析装置に送り込むことができる。質量分析装置の性能向上は微量に存在する蛋白質の同定や定量を可能にしたが、実際には血液（プラズマ）などのような多くの蛋白質が複合したサンプルを一度のLC/MSで解析して微量な蛋白質を同定、定量することはできない。それは質量分析装置のダイナミックレンジとサンプルのダイナミックレンジにはいまだに大きな差が存在するためである。また蛋白質のアイソフォームやバリエントは病態に対して重要な役割を持っていることが明らかになりその翻訳後修飾などの解析も重要になっている。それらを解析するにあたり、扱うサンプルにより前処理技術が異なり、その処理技術は研究戦略において重要な役割を演ずる。本講演では蛋白質解析におけるさまざまな前処理技術を紹介する。

講演内容

1. 組織サンプル中の蛋白質の翻訳後修飾を保存する新規処理法 Heat Stabilization
2. リン酸化ペプチド及びリン酸化蛋白質の溶液での Capture 法
3. 膜たんぱく質の可溶化法
4. 電気泳動後のサンプルを溶液で回収できる電気泳動装置 GELFREE8100