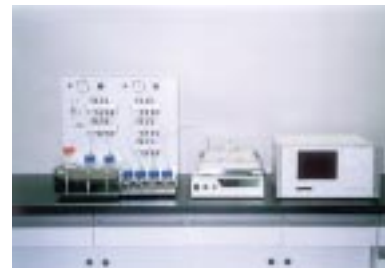


プロテオームにおけるN末端ブロックのタンパク質を自動的に同定する方法

企業 / 東京理化学器械（株）

研究者 / 次田 皓（東京理科大学生命科学研究so教授）

プロテオーム解析技術は、遺伝子情報によって発現する蛋白質の解析技術で、創薬をはじめとしたバイオ産業に急速に広がりつつあり、近年多くのバイオ系企業がプロテオーム解析を目指した部門を整備する状況が生まれている。今のところ、遺伝子の機能は蛋白質を研究することからしか得られないため、大量の遺伝子データに対応した蛋白質の解析技術・方法論の創出は緊急の課題であり、そのためには多種類の蛋白質の迅速同定方法の確立が欠かせず今後の課題となっている。我々は、蛋白質の構造解析の新しい前処理技術として一度に多種類の蛋白質のN末端状況を瞬時に検定し、蛋白質を迅速同定できる前処理装置の開発・試作を行なった。試作した装置は、電気泳動ゲルで分離後に特殊なフィルター上に吸着された多種類の蛋白質スポットの中からN末端がブロックされていないものだけを一度に選定し蛍光標識することで検定を行なうものである。蛍光標識された蛋白質はブロックがないためそのままN末端からアミノ酸配列分析が可能で、従来の作業時間が約半分に短縮される。もう一つの装置は、そこでN末端がブロックされていた蛋白質に、ある特殊な化学的前処理を多種類同時に行ない、別な分析手段である質量分析により解析することができるものである。マススペクトルの結果から蛋白質を同定することができる。前記装置は完全な自動反応処理系になっていて、10ピコモル(100億分の1モル)の蛋白質の蛍光検出、及び500フェムトモル 1兆分の5モル)の蛋白質の化学処理が可能であった。



蛋白質迅速同定用前処理装置