

平成 30 年度 岡山大学質量分析講習会への参加報告（平成 30 年 12 月 4 日）

主催：岡山大学自然生命科学研究支援センター

ゲノム・プロテオーム解析部門、大学連携研究設備ネットワーク

共催：中国地方バイオネットワーク連絡会議

表記講習会に参加しましたので、簡単に報告をします。配布資料は遺伝子機能解析部門蜂谷が保管しています。

講習会タイトル「質量分析装置を用いて未知タンパク質を同定してみよう」

場所：岡山大学 自然生命科学研究支援センター

ゲノム・プロテオーム解析部門 1 階・2 階

講師：宮地孝明 准教授

プログラム： 11:00-12:00 導入講義とサンプル準備

13:00-16:00 実習

16:00-17:00 講習会の総括と質疑応答

環境変動や遺伝子変異にともなうタンパク質の発現や相互作用の変化を解析する上で、タンパク質を同定するテクニックは必要不可欠です。本講習会では、タンパク質の同定に有効な MALDI-TOFMS（マトリックス支援レーザー脱離イオン化飛行時間型質量分析計）を用いて、基本的な MS および MS/MS 解析を実施し、データベースサーチによってタンパク質を同定する一連のプロセスを学びました。まず、宮地先生から質量分析の原理とワークフローの解説がありました。多くのイラストを用いてビギナーにも分かりやすく説明いただきました。その後、実習に移り、参加者に組成の伏せられたタンパク質サンプル溶液が配布されました。サンプル溶液を規定のサンプルプレートに滴下し、乾燥後、質量分析計（Bruker 社製 UltrafleXtreme）にセットしました。単純な操作ですが、随所にコツがあり、技官さんが丁寧に教えてくださいました。質量分析後、データベースサーチによって、サンプル溶液に含まれるタンパク質候補を探索しました。フラグメントを利用した MS/MS 解析を実施することで、MS 解析と比べてタンパク質候補をより効率よく絞り込むことができました。最後にタンパク質サンプルの答え合わせを行いました。一種類のタンパク質のみを含むサンプル溶液では同定に成功しましたが、二種類の混合サンプル溶液では、一方しか同定できませんでした。宮地先生によると、イオン化度の異なるタンパク質の混合サンプルでは、MS・MS/MS 解析により全てを同定することは難しいそうです。講習会の総括では、事前に混合サンプルを LC によって分離した後に MS/MS 解析した結果が示されました。こちらでは二種類のタンパク質の同定に成功していました。サンプルの性質によって、MS/MS と LC-MS/MS を使いわける必要性を深く理解できました。本講習会では、質量分析のエッセンスを短時間に集中的に体験できるため、質量分析を開始したいビギナーにとって大変有益であると感じました。

（蜂谷記）