

iMPAQT ver. 2.0: 高出力かつフレキシブルな タンパク質絶対定量プラットフォーム

講師： 松本 雅記 教授

新潟大学 医歯学系システム生化学分野

大学院医歯学総合研究科オミクス生物学分野

システム生物学は様々な構成要素からなる分子ネットワークの解析を通して生命システムを理解することを目的としている。一般的に、ネットワークモデルは複数の研究成果を要約して作成されるため、これらが必ずしも実世界の状態を反映しているわけではない。真のネットワーク構造を決定するにはそれを構成するタンパク質を様々な条件下で正確に定量することが重要であり、ターゲットプロテオミクスは、その高い信頼性や定量性から理想的なツールの一つである。

われわれはターゲットプロテオミクスを大規模に実施することを可能にする新規プラットフォーム *in vitro* proteome-assisted MRM for protein absolute quantification (iMPAQT) を構築した (Matsumoto et al., Nature Methods, 2017, Matsumoto and Nakayama, Curr. Opin. Biotechnol. 2018)。最近、iMPAQTにおけるいくつかの問題点を解消するため、様々な新技術を取り込んだ新たなバージョンである iMPAQT 2.0 を開発している。本セミナーでは iMPAQT 2.0 の原理について解説し、その応用法を紹介する。

日時： 1月10日 (金) 16:00-17:30

場所： 理学部 E 館 131 室

世話人： 嘉村 巧 (内線 5546)