# 発現・機能解析ユニット

補助事業代表者（所属・職名）
大槻　純男（熊本大学大学院生命科学研究部・教授）

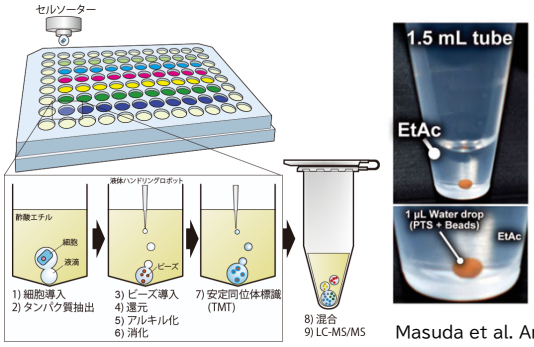
# 超微量・高深度な定量プロテオーム解析のワンストップ支援と高度化

## 高度化における研究背景・目的

タンパク質解析として質量分析を用いたプロテオーム解析は、「網羅性」だけではなく「高感度」、「高特異性」および「汎用性」の特徴を有しており、翻訳後修飾解析、相互作用解析、標的定量解析など多様な解析ニーズに対応できるタンパク質解析技術である。解析の多様性は、質量分析に持ち込むサンプルの多様な前処理に依存するところが大きい。本高度化においては、多様な支援ニーズに対応するために、1細胞プロテオミクス、ホルマリン固定パラフィン包埋（FFPE）組織切片プロテオテオミクス、タンパク質末端の網羅的解析（ターミノーム解析）の前処理技術開発に取り組んだ。

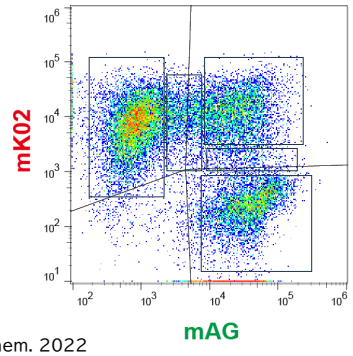
## 高度化の成果

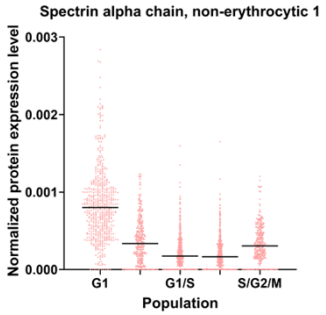
### ① 1細胞プロテオミクス前処理法（WinO法）の開発




Masuda et al. Anal Chem. 2022

2000細胞 scProteomics



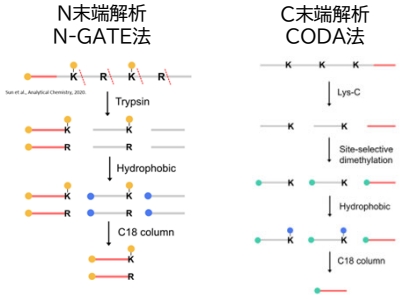




基盤特許：特願2018-139362

### ② FFPEプロテオミクスの前処理法の開発




### ③ タンパク質末端（ターミノーム）解析の開発

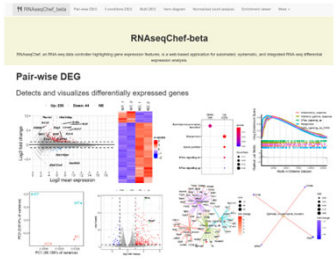



AMED次世代がん
がんマーカー探索に活用

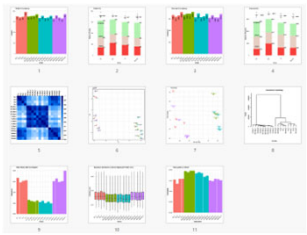
特願2026-165384

### ④ データ解析支援ツールの開発

オミクスデータ解析ツール：RNAseqChef




結果サマリー自動出力ツール



### プロテオミクス支援・高度化チーム




## 今後の発展

支援申請が激増している中で、限られた解析リソースおよび人的リソースで最大限の支援を実施するためには解析のスループットを向上させる必要がある。BINDS開始当初は質量分析がボトルネックとなっていたが、システムの最適化や改良により質量分析のスループットは大幅に改善した。その結果、現在は前処理がボトルネックとなっている。さらに、相互作用解析、特殊な修飾解析など前処理が複雑な支援依頼が増えてきている。このような前処理を可能な限り自動化することで、スループットを向上させるだけではなく、プロトコルの標準化や解析再現性の向上に取り組んでいる。また、空間情報が今後重要な情報となるため、空間情報を含むプロテオーム解析技術の開発にも取り組んでいる。