

## 【JHUPO 通信 No. 12】2009. 6. 15

## 【研究室便り-5】 大阪大学蛋白質研究所 高尾研究室

大阪大学蛋白質研究所附属プロテオミクス総合研究センターの《高尾 敏文》 先生の研究室を高尾先生ご自身に紹介していただきます。

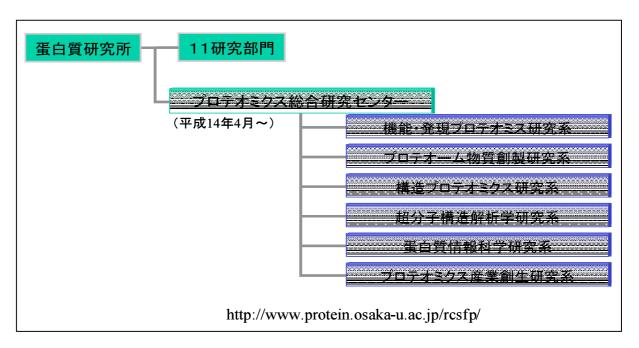
大阪大学 蛋白質研究所 附属プロテオミクス総合研究センター 高尾 敏文(機能・発現プロテオミクス研究系、教授)

E-mail: tak@protein.osaka-u.ac.jp

蛋白質研究所は、全国共同利用研究所として大阪大学に附置されており、全国の研究者との共同研究により蛋白質科学の基礎研究を推進する我が国の拠点として活動すべく、1958年に創設された。この間、蛋白質構造解析法、遺伝子操作技術、蛋白質化学合成法などの蛋白質研究手法の開発、高度化や様々な蛋白質の構造と機能の解明などに努め、細胞や組織を構築する蛋白質の役割を明らかにしてきた。近年、ゲノム科学の進歩により大腸菌からヒトにいたるまでの様々な生物種のゲノム塩基配列が明らかにされ、ヒトゲノム情報の全貌も解明されつつある。このポストゲノムシークエンス時代に、発現蛋白質の総体に焦点をあて様々な生命現象を理解しようとするプロテオミクス研究が盛んに行われるようになった。生体内蛋白質は、生理的状態や環境要因の変化により、時間・空間軸で量的に変動し、さらに、翻訳後修飾による化学構造変化や立体構造変化を起こし、その結果、様々な分子との多様な相互作用により機能を発揮している。これらの情報はゲノムにはなく、遺伝子発現産物である蛋白質を直接解析することではじめて得ることができる。

蛋白質研究所は、プロテオミクス研究において世界をリードし、そして蛋白質科学を一層推進するために、2002 年 4 月に「附属プロテオミクス総合研究センター」を設置した(下図)。当センターでは、ポストゲノムシークエンス時代の新たな蛋白質研究を展開するために、プロテオミクスに関わる様々な研究手法、並びに、バイオインフォーマティクスや網羅的解析技術の開発を行うと

ともに、蛋白質立体構造データベースの構築 (http://www.pdbj.org/index\_j.html) や網羅的に産出される実験結果の体系化、そして、人材の育成や様々なプロジェクト研究を実施している。また、産業創生に向けて企業(島津製作所、タカラバイオ、協和発酵キリン等)との共同研究も推進している。



私が担当する研究室では、質量分析によるペプチド・蛋白質の一次構造解析のための化学・分析的手法やそれに関連する装置、そして、質量スペクトルを確度よく解析するためのソフトウェアの開発、整備を行っている。また、それらを用いて新規蛋白質の同定や種々の蛋白質翻訳後修飾の構造解析にも取り組んでいる。具体的な研究テーマと代表的な研究成果を以下に記す。

1) 質量分析による蛋白質一次構造解析のための化学的手法、及び、解析ソフトウェア(以下のソフトウェアを公開)の開発



http://www.protein.osaka-u.ac.jp/rcsfp/profiling

## 2) 質量分析による蛋白質翻訳後修飾の構造解析

- 3) プロテオミクス研究のための分析的手法や尿等の生体試料の前処理、同定法の開発
  - → "バイオマーカー探索"
- 4) 質量分析におけるペプチド、糖鎖のフラグメンテーションに関する研究

5) 高感度/高精度質量分析のためのハードウェアの開発

お願い: 会員の皆様の研究室をご紹介下さい。

400~800 字の原稿を平野 (hirano@yokohama-cu.ac.jp) 宛お送り下さい。

【JHUPO 通信】は JHUPO 会員の皆様に送付しています。

【アドレス変更/配信中止】【ご質問・お問合せ】は、

JHUPO 事務局 (cljhupo@secretariat.ne.jp) にお願いいたします。