



【日本プロテオーム学会通信No. 81】

2011. 9. 26

【日本プロテオーム学会通信】は、日本プロテオーム学会会員の皆様に配信しています。

【研究室便り-36】

名古屋大学大学院医学系研究科・神経情報薬理学講座 貝淵(天野)研究室

今回は、名古屋大学大学院医学系研究科・神経情報薬理学講座を天野先生に紹介していただきます。

<http://www.med.nagoya-u.ac.jp/Yakuri/index.htm>

私共の研究室は、貝淵弘三教授のもと、細胞の形態、運動、接着、極性形成を制御する細胞内シグナルネットワークを解明すること、またその延長線上として精神・神経疾患や循環器疾患の病態を細胞レベルから解き明かすことを目標としています。

当研究室では元々は生化学的なアプローチを得意としており、蛋白質間相互作用や蛋白質のリン酸化を中心に、細胞内シグナルネットワークの解析を行ってきました。解析手法の一つとして長らくアフィニティカラムクロマトグラフィーによる相互作用蛋白質の探索や、組織・細胞からのキナーゼ基質の探索とリン酸化部位の同定を行ってきましたが、その検出・同定方法はペプチドシーケンス、MALDI/TOF-MS、LC-MS/MSと変遷してきました。ペプチドシーケンスやMALDI/TOF-MSによる解析の大部分は共同研究や外部委託でお願いしておりましたが、名古屋大学大学院医学系研究科の共同利用施設（医学教育研究支援センター・分析機器部門）においてLC-MS/MSの利用環境が整ってきたことから自分達自身で解析を行うようになり、2009年3月 共同利用施設にThermoFisher Scientific社のLTQ Orbitrap XLが導入されたことで本格的にプロテオミクス解析を行うようになりました。とはいえ、現在研究室の中で実質的にプロテオミクス解析を行っているのは私と 西岡朋生助教の二人で、JHUPO会員の諸先生方に教えを請いながら、何とか新しい技術をフォローしようと務めています。アフィニティカラムを中心とした インタラクトーム解析は試料調製のノウハウが蓄積されていたこともあり、LTQ Orbitrap導入後は相互作用蛋白質の同定数、同定精度共に大きく向上しました。もう一方でリン酸化プロテオミクスに取り組んでおり、こちらはまだまだ改善の余地が残っておりますが、私共ならではのアプローチで研究を進めていきたいと考えています。

(天野 睦紀)

【日本プロテオーム学会通信】に対するご意見をメールにてお寄せ下さい。ご意見を【日本プロテオーム学会通信】に掲載希望の場合はその旨お知らせ下さい。

【アドレス変更/配信中止】【ご質問・お問合せ】は、日本プロテオーム学会事務局 (cljhupo@secretariat.ne.jp) をお願いいたします。