プロテオミクス技術紹介セミナー

～次世代定量プロテオミクス『iMPAQT法』による代謝解析～

iMPAQT法では，1時間に約400種ものタンパク質を同時に絶対定量分析することが可能です。本技術を用いて代謝酵素の一斉定量分析を行い，がん代謝を中心とした増殖メカニズムの解明に成功しており(A),(B)，他の疾患への応用も期待されています。

(A) Matsumoto M, *et al*., A large-scale targeted proteomics assay resource based on an in vitro human proteome., *Nat. Methods*.,2017,Mar;**14**(3):251-258
(B) Morita M, *et al*., PKM1 Confers Metabolic Advantages and Promotes Cell-Autonomous Tumor Cell Growth., *Cancer Cell*. 2018 Mar 12;**33**(3):355-367.

本セミナーでは，プロテオミクスに関する基本的な説明から当該技術を使った代謝酵素の大規模解析と受託サービス，メタボロミクスとのトランスオミクス解析への展望についてご紹介します。

「これからプロテオミクスを利用したい」,「自分の研究にプロテオミクスが活用できるか相談したい」等タンパク質の網羅解析でのご要望や相談がございましたら，是非この機会をご利用ください。

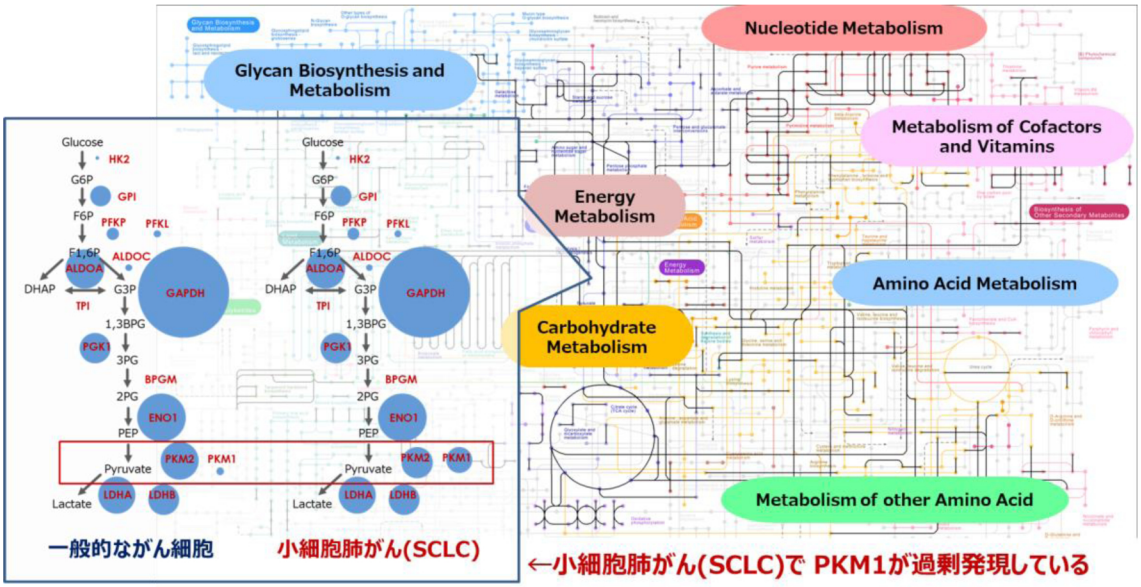

Fig. 肺がん細胞の代謝酵素一斉分析の例

記

日　時　　：2019年12月19日（木）18：00～19：00
場　所　　：A棟 5F カンファレンスルーム
演　者　　：九州プロサーチ株式会社　吉岡 進様（フナコシ株式会社 共催）
講演内容　：① メタボロミクスについて　　③ 従来のプロテオミクス技術
　　② 質量分析について　　④ 次世代プロテオミクス「iMPAQT」と分析事例

※ 資料の用意の関係がございますので、参加希望の方は前日(12/18)までにメールでお申込をお願いします。
申込先アドレス：seitai@juntendo.ac.jp
件名を「12/19プロテオミクスセミナー申込」とし、所属・氏名をご連絡ください。
※ 当日の飛び入り参加も可能です。

問い合わせ先　：研究基盤センター生体分子研究室 内線3628　seitai@juntendo.ac.jp（担当：三浦・吉川）