

ヒト代謝酵素発現・定量解析 プロテオミクス受託解析サービス (iMPAQT 法)

タンパク質の質量分析を熟知したスタッフが、最新の質量分析計と MRMplus[®] Standard Mix を用いた LC-MS/MS 解析によるタンパク質の同時定量分析を承ります。

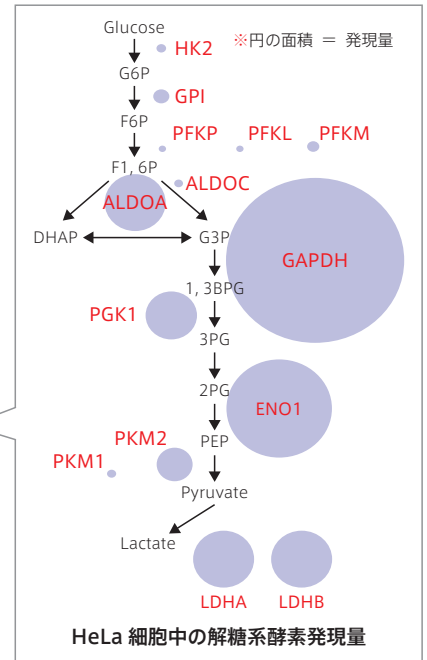
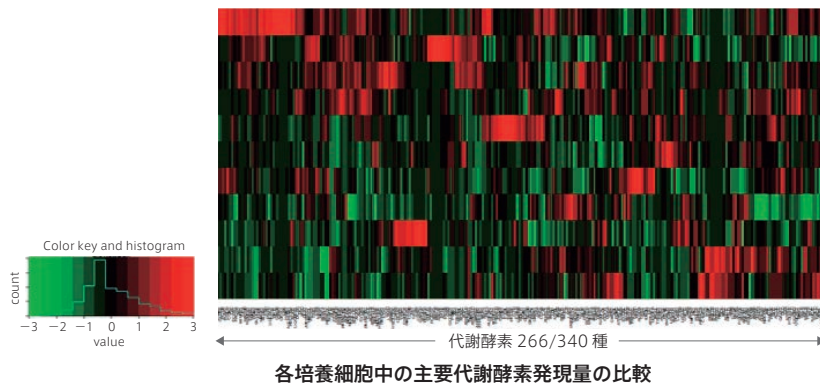
- ※測定するタンパク質パネルのリストは九州プロサーチ有限責任事業組合 (KPSL) ウェブサイト (<https://kpsl.jp/>) からダウンロード可能です。なお、パネル内容は予告無しに変更する場合があります。試料をお送りいただく前にご確認ください。
- ※MRMplus[®] Standard Mix についてはフナコシ Web (Web ページ番号: 65200) をご覧ください。

多数の代謝酵素・免疫応答関連タンパク質を一度に解析！

測定可能項目	①ヒト主要代謝酵素 約 340 種類 ②ヒト免疫応答関連タンパク質 約 370 種類
測定試料	ヒト培養細胞の凍結ペレットまたはヒト凍結組織、ゼノグラフト、白血球・赤血球などの血球成分、エクソソーム

分析例：がん細胞代謝酵素プロファイリング

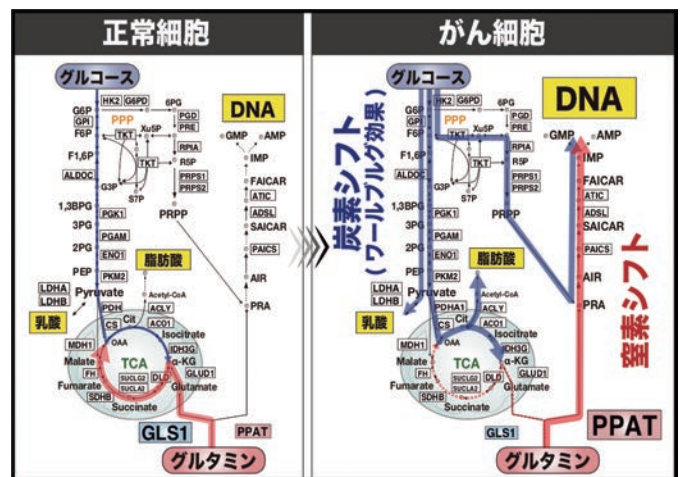
- ヒトがん細胞株 11 種を対象に、主要代謝酵素群約 340 種を一斉定量分析し、ヒートマップを作成した。各がん細胞は代謝酵素の特徴的な発現パターンを示し、各細胞が増殖するためにどの経路を活性化させているのかを可視化できた (下図ヒートマップ)。
- 従来のショットガン法に代表される相対定量分析とは異なり、各酵素の発現量を定量値として算出できるため、各パスウェイの中での重要な因子を把握できる。HeLa 細胞のグルコースの代謝に関わる解糖経路は、入り口が狭く出口が広い構造になっていることが明らかとなった (右図)。



iMPAQT 法を使った最新研究例 (がん悪性化で生じるグルタミン窒素代謝シフト)

Nature communications Article
A shift in glutamine nitrogen metabolism
Contributes to the malignant progression of cancer.
Kodama M. et al., Nat. Commun., 11 (1), 1320 (2020).
[PMID : 32184390]

本論文では、iMPAQT システムを用いてがん細胞の悪性化に伴う代謝酵素発現を網羅的に調べ、グルタミンの窒素を DNA の前駆体に転移する PPAT (phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase) という代謝酵素が高発現していることを発見し、この窒素代謝シフトが、がんの悪性化の過程に必須であることを突き止めました。さらに公共データベースから 11,000 人におよぶがん患者のメタアナリシスを行い、PPAT が 1,200 種のヒト代謝酵素の中で最もがん患者の死亡リスクを高める因子であることも明らかとなりました。タンパク質レベルでの網羅的な解析結果からメタアナリシスによる遺伝子発現レベルでのデータ検証、さらにはメタボロミクスによるフラックス解析を含めた、「トランスオミクス解析」を実現した研究事例です。



悪性化がんではグルタミン窒素代謝シフトが亢進しており、その代謝シフトを直接的に制御する PPAT が難治性の小細胞肺癌をはじめとした多くの悪性化がんの効果的な治療標的となる可能性が示されました。

ご注文方法/価格

ご依頼内容に応じて個別にお見積りいたします。詳細は、当社受託・特注品担当までお問い合わせ下さい。
[メーカー: KPS]

ご注意

本受託サービスでは、標準品として合成ペプチドを用いて分析を行うため、得られる定量値は合成ペプチド換算の値となります (前処理工程でのタンパク質の精製や、酵素消化効率は反映されておりません)。また、定量値は添加した内部標準ペプチド濃度から算出した (一点検量線での) 値となります。あらかじめご了承下さい。