基盤研セミナー

日時：平成28年10月21日（金） 10:00 ～11:00

場所：医薬基盤・健康・栄養研究所　大会議室

（大阪府茨木市彩都あさぎ７－６－８）

【講演1】

糖タンパク質の質量分析：CDGの分子診断とジストログリカンの未知糖鎖構造解明

演者　和田 芳直 先生

（大阪府立母子保健総合医療センター

母性内科 （前同センター研究所長））

【講演要旨】

糖鎖はその構造不均一性のゆえに構造解析が容易でない。また、疾患との関連あるいはバイオマーカーとしては、特定の糖鎖よりむしろ糖鎖の不均一性（多様性）の表現であるプロファイルの変化が重要である場合が多く、そこでは「定量」の問題を避けて通ることができない。質量分析は糖鎖解析の切り札であるが、糖鎖プロファイル測定において糖鎖それぞれに内部標準を置くことは現実的でなく、イオン強度（縦軸）をもって相対定量するのが一般的である。これらを踏まえて行っている先天性糖タンパク質糖鎖合成異常症CDGの分子診断支援活動、そして、福山型などの先天性筋ジストロフィーに関連するジストログリカン異常症（ジストログリカノパチー）に残されていた未知の糖鎖構造課題を解明した共同研究を紹介する。

【講演2】

DECIPHERING PTM CROSS-TALK BY MIDDLE-DOWN PROTEIN ANALYSIS USING ETD MS/MS

演者　Prof. Ole Jensen

Department of Biochemistry and Molecular Biology,

University of Southern Denmark

【Summary】

Dynamic and reversible post-translational modification (PTM) of protein is an important mechanism for regulation of protein structure, activity, interaction and localization. We are using advanced tandem mass spectrometry to identify and localize PTMs within proteins. We apply quantitative mass spectrometry analysis to investigate the relationships between co-existing PTMs in proteins. I will describe how we characterize histone proteins and their many PTMs, including site-specific methylation and acetylation events and the interplay and cross-talk between such PTMs within histone molecules. We apply HILIC separations interfaced to ESI MS/MS using ETD fragmentation to investigate large multiply-charged histone peptide ions (5-7 kDa peptides).

I will describe the analytical setup and the associated computational tools that enable identification of PTM features that exhibit cross-talk. These methods are applied to various biological systems, from nematode (Caenorhabditis elegans) to mouse tissues and human cells.

Proteomics. 2014 Oct;14(19):2200-11.Mol Cell Proteomics. 2015 Dec;14(12):3142-53.
Proteomics. 2016 Feb;16(3):459-64.Mol Cell Proteomics. 2016 Aug;15(8):2715-29.

参加申込：不要　　**参加費：無料**

連絡先：プロテオームリサーチプロジェクト
朝長(ともなが)（TEL 072-641-9820）