

令和 5 年 6 月 10 日現在

機関番号：13101

研究種目：挑戦的研究（萌芽）

研究期間：2020～2022

課題番号：20K21386

研究課題名（和文）情報/仮説駆動型プロテオゲノミクス戦略の構築

研究課題名（英文）Development of an information/hypothesis-driven proteogenomics strategy

研究代表者

松本 雅記（Matsumoto, Masaki）

新潟大学・医歯学系・教授

研究者番号：60380531

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 5,000,000円

研究成果の概要（和文）：本研究では、既存のプロテオゲノミクス研究と逆向きの戦略である「情報/仮説駆動型プロテオゲノミクス」によって核酸情報とプロテオーム情報を繋ぐ技術の開発を行った。大腸菌を用いた同位体標識内部標準作製システムの作製、ならびに大規模な絶対定量を行うための超多重定量タグシステムである QuantiCode および内々標準として機能する Quantimer を開発した。さらに、DIA と PRM と呼ばれる二つの質量分析技術をシームレスに連動させる新たな超高感度質量分析技術である SLiM 法を開発し、これを用いたプロテオゲノミクスの概念検証実験を行なった。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究によって、任意のペプチド配列の存在を確定的に検証することが可能となり、プロテオームに存在する多数の未確認タンパク質を同定あるいは定量が可能となった。これらの新規タンパク質の発見や機能解析は、ゲノム機能の注釈やタンパク質のミスセンス変異やスプライシング異常などがタンパク質発現への影響を知る手段となるため、学術的な意義はとて大きい。また、真のプロテオームの把握は、基礎生物学的な意義だけでなく、疾患研究や創薬における基盤的情報となるため、将来的に人類の健康等に貢献できると期待される。

研究成果の概要（英文）：In this study, we developed a technology to link nucleic acid information and proteome information through "information/hypothesis-driven proteogenomics," a strategy that is opposite to existing proteogenomics research. We created an isotope-labeled internal standard production system using *E. coli*, and developed QuantiCode, an ultra-multiplex quantitative tag system for large-scale absolute quantification, and Quantimer, which functions as an internal standard. Furthermore, we developed the SLiM method, a new ultra-sensitive mass spectrometry technique that seamlessly links two mass spectrometry techniques called DIA and PRM, and conducted a proof-of-concept experiment for proteogenomics using this method.

研究分野：機能ゲノミクス

キーワード：プロテオミクス プロテオゲノミクス 質量分析

1. 研究開始当初の背景

現在、質量分析計を用いたプロテオーム解析はMS データ依存MS/MSデータ取得 (DDA: data-dependent acquisition) と呼ばれる手法が圧倒的に主流である。DDAによる解析では、多数のペプチドを容易に同定できるため、プロテオームの全体を俯瞰するには極めて有効である。最近、DDAを用いて可能な限り大量に取得したMS/MSスペクトルを核酸情報から理論的に予測されるアミノ酸配列情報と照合し、変異を持つペプチドやスプライシング特異的なペプチドを探し出す、いわゆるプロテオゲノミクス解析が盛んに行われている。しかしながら、DDAを用いた解析では、プロテオームが有する複雑性に対して、質量分析計のデータ取得が追いつかないことから、どのようなペプチドが同定されるかは偶発的である。したがって、同定されたペプチドだけが議論の対象となり、検出されなかったペプチドに関しては、存在量が少なかったのか、偶然MS/MSスペクトル取得から逃れたのか不明である。

われわれは、定量的なプロテオーム解析を行うためには内部標準の添加が必須であるという信念の元に技術開発を展開しており、ゲノムワイドな組換えタンパク質を用いることで、大規模なタンパク質絶対定量を可能にするプラットフォームの構築に成功した【Matsumoto M. et al Nature Methods 2017】。本技術をさらに発展させれば、解析対象となったペプチドの存在の有無を定量的に議論することができるため、今後ますます研究が盛んになるとと思われるプロテオゲノミクスが抱える技術的課題を抜本的に解消できると考えた。

2. 研究の目的

近年、質量分析計の高性能化によって細胞が発現するプロテオームの概要が把握できるようになった。その一方で、各遺伝子とそれがコードするタンパク質の関係性は未だ不明瞭である。例えば、エクソン-イントロン構造を有する遺伝子では多くのスプライシングバリエーションが生じるが、各バリエーションが実際にどの程度タンパク質として存在するのかはほとんど不明である。また、ゲノムに存在する様々な変異がプロテオームにどのような影響を与えているのかもほとんどわかっていない。このようなゲノム情報が内包している多様性とその機能的意義を理解する上で、核酸オミクス情報とプロテオームの照合 (= プロテオゲノミクス) は極めて重要な課題であり、がん研究をはじめとした幅広い医学/生物学領域で盛んに行われつつある。しかしながら、一般的なプロテオゲノミクスでは、ランダムに取得したMS/MSスペクトルをゲノム情報から推定されるタンパク質配列データベースに対して照合するため、偶然に任せたペプチド同定に終始してしまう。すなわち、同定されていないペプチドに関してはその発現が低かったのか、それとも偶然同定できなかったのか不明であり、定量的な議論ができない状況にある。本研究は、独自に構築した大規模絶対定量プロテオーム解析技術 iMPAQT 法を発展させ、既存のプロテオゲノミクス研究戦略と正反対の「情報/仮説駆動型プロテオゲノミクス」を確立し、核酸情報とプロテオーム情報の間に存在するブラックボックス解明に挑む。

3. 研究の方法

(1) 情報/仮説駆動型プロテオゲノミクス支援データベース構築

仮説駆動でプロテオゲノミクスを実施するために、公共データベースに蓄積しているゲノム情報やトランスクリプトーム情報を解析し整理したデータベースを構築する (= Peptide-centric Proteogenomics DataBase: PcPG-DB)

(2) ゲノム情報に基づく大規模精密定量システムの構築

同位体標識した組換えタンパク質を内部標準として使用することで、タンパク質の絶対量を算出することができる。われわれは、これまで組み換えタンパク質を酵素消化後に同位体標識試

薬で化学修飾する戦略をとっていたが、より効率よく任意の配列の同位体標識ペプチドを得るために、興味あるペプチドだけを選定し、これらを連結した人工遺伝子をデザインし、大腸菌で同位体標識アミノ酸存在下にて発現させるシステムを構築する。

高純度同位体標識タンパク質産生系の構築

野生型の大腸菌株で同位体標識アミノ酸を取り込ませ組み換えタンパク質を産生すると、大腸菌自身が合成する非標識アミノ酸が一部含まれてしまい、内部標準として利用できない。そこで、リジン/アルギニン合成に必須の酵素を欠失した変異株を作製する。

バーコード定量タグの開発

多数の連結体を作製し、試料中に加えるにはそれぞれの連結体を識別するためのタグの導入が必要である。ヒトプロテオームに存在しない人工配列をデザインし、合成ペプチドを作製し、質量分析計にて特異性やシグナル強度等を評価し、定量タグとして使用するペプチド配列を決定する(200種類を目標)。これらの配列をN末端およびC末端に付加できるようにデザインした大腸菌発現用 Gateway destination vector を作製する(96種類のベクターを作製予定)。

内々標準タンパク質のデザインと作製

試料に添加した連結体由来するタグペプチド(同位体標識)を定量するためには各タグペプチドに対する内々標準品タグ(非標識)を準備し濃度既知としておく必要がある。そのため、タグ配列自体を集約した人工タンパク質(Quantimer)をデザインし組み換えタンパク質を得る。

(3) 超高深度プロテオミクスの開発とプロテオゲノミクスの実証

ターゲットプロテオミクスで利用される Parallel reaction monitoring (PRM) 法は極めて高感度に特定タンパク質の検出・定量が可能であるが、事前に標的ペプチドを選定し、測定メソッドに入力しておく必要がある。そのため、一度に分析できるペプチドの本数は制限がある。一方、data independent acquisition (DIA)法は論理的には数万のペプチドを一度の分析で検出可能であるが、PRMと比較すると感度は低い。

そこで、DIA法で内在性ペプチドが未検出のものだけをPRMで解析する新規の手法、Sequentially Linked Mass-spectrometry (SLiM)を考案した。SLiMでは、DIAデータ解析とPRM測定メソッド作成を連動させる必要がある。独自ソフトウェア iMPAQT-Quant に DIA データ解析モード実装し、SLiMが実施可能なツールを開発する。

ヒトがん細胞を対象に DIA や PRM を用いた情報/仮説駆動型プロテオゲノミクスを実施する。いくつかの細胞に関しては各種分画法などを併用することでより高深度なデータの取得を行う。得られたデータは様々を用いて、プロテオームにおける特徴抽出やゲノム情報との統合などを行う。

4. 研究成果

(1) 情報/仮説駆動型プロテオゲノミクス支援データベース構築

ヒト完全超 cDNA ライブラリーをもとに作製した組み換えタンパク質リソースを用いて DDA あるいは DIA 法による MS/MS データ取得を実施し、Peptide-centric ProteoGenomics DataBase: PcPG-DB に格納した。本データベースは、RefSeq 等の isoform 情報を含むタンパク質配列情報を用いて、各ペプチドを isoform 特異性に基づきアノテーションする機能を実装した(図1)。

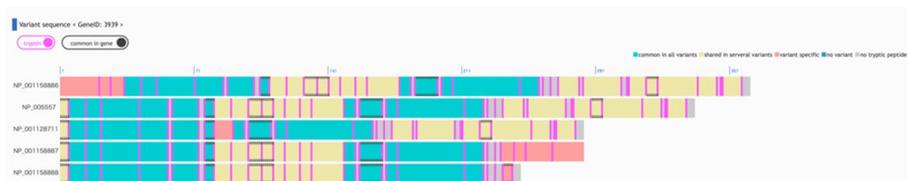


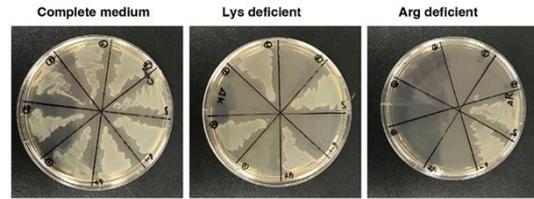
図1 | PcPG-DB での検索結果の一例

(2) ゲノム情報に基づく大規模精密定量システムの構築

人工タンパク質産生系の構築

タンパク質発現に適した大腸菌株である BL21(DE3) に P1 トランスダクション法を用いて、リジンならびにアルギニン合成酵素の 2 重欠失を導入した (図 2A)。本株および野生型株を用いて、組み換えタンパク質を同位体標識リジンおよびアルギニン存在下で産生し、質量分析計による同位体標識率の比較を行なった (図 2B)。

A



B

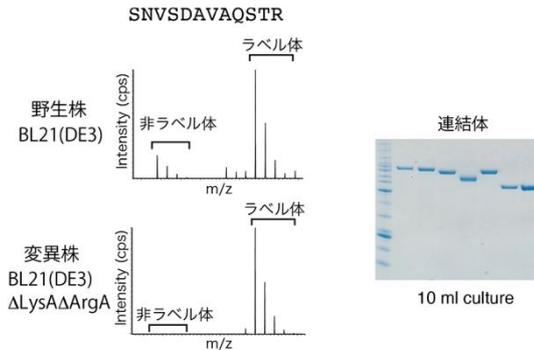
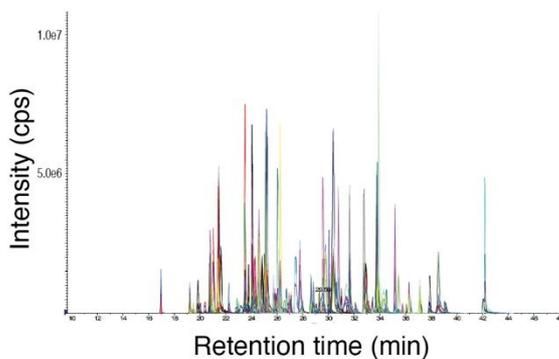


図 2 | リジン・アルギニン合成経路欠失株における同位体標識タンパク質作製
A. 作製した変異株のリジンおよびアルギニン要求性の確認。
B. 質量分析計による同位体標識効率の確認と、電気泳動によるタンパク質精製度の確認。

② 定量タグ(QuantiTag)の選出とベクターシステムの構築

既存の質量分析計で高感度に検出されるペプチド配列を種配列として 1 アミノ酸置換や挿入などを繰り返し、300 種類のペプチド配列を発生させた。これらをヒトプロテオーム情報と照らし合わせることで、ヒトに存在しない配列を選定した (図 3A)。これらの配列を化学合成し、LC-MS による測定を行い、プリカーサーイオンの m/z、フラグメントイオンの m/z、リテンションタイムの情報で互いに区別できるものを選出した。得られたタグペプチド情報を DNA 配列情報に変換し、これを大腸菌用タンパク質発現ベクターである pET21b に Gateway カセットと共に挿入した。最終的に 100 種類のベクターを作成し、QuantiCode システムと名付けた (図 3A)。

A MRM chromatogram of tag peptides



B

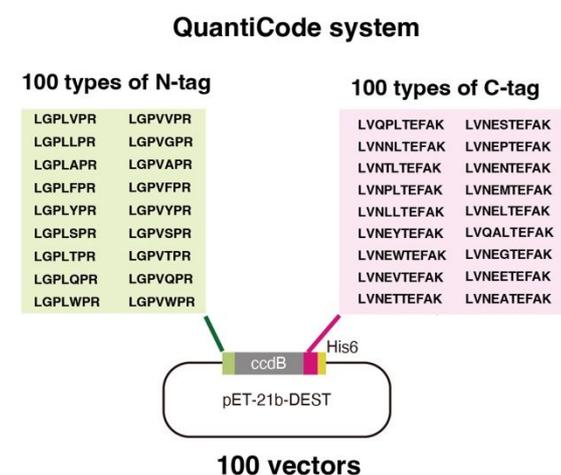


図 3 | QuantiCode システムの構築

A: 合成ペプチドを用いたペプチド選出、B: QuantiCode ベクター

内々標準タンパク質のデザインと作製

さらに、これらの QuantiTag のみで構成される人工タンパク質 "Quantimer" をデザインした。合計約 200 種類のタグを QuantimerA~E の 5 つの組み換えタンパク質に集約した。

通常培地中で産生させた各 Quantimer は SDS-PAGE 後 PEPMI 法(Takemori A. et al. J. Proteome Res. 2020)にて目的分子量バンドを抽出・精製した(図 4A)。次に、試料(HeLa 細胞抽出液)に連結体タンパク質と濃度既知の Quantimer を添加し、アセトン沈殿後、酵素消化を行い、MRM 法にてタグペプチドの定量を行なった(図 4B および C)。添加した全ての連結体の、N 末端と C 末端タグの定量が可能であった。

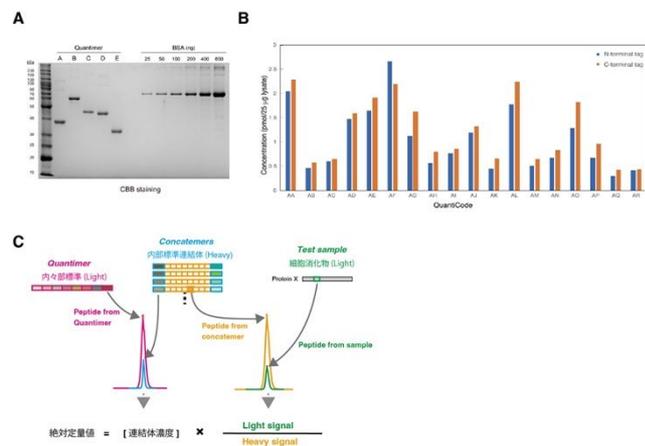


図 4 | QuantiCode/Quantimer を用いたタンパク質絶対定量系
A: 精製した Quantimer, B: QuantiTag による連結体の定量値の測定、C: ワンステップ絶対定量システムの概要

3) 超高深度プロテオミクスの開発とプロテオゲノミクスの実証

SLiM 法を実施できるソフトウェアを開発し(図 5A) これを用いて検証実験を行なった。HeLa 細胞に 830 種類のペプチドを連結体として添加し、DIA 解析を行った。添加した内部標準ペプチド(heavy 体)はほぼ全て検出できたが、内在性ペプチドに由来するシグナルは 380 ペプチド程度しか検出できなかった。これらのペプチド配列を PRM メソッドとしてエキスポートして、PRM 測定を実施したところ、総計 630 種類程度のペプチド検出することができた(図 5B)。

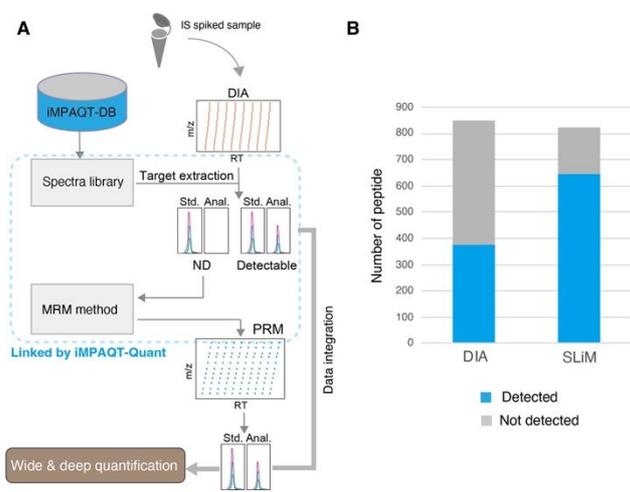


図 5 | SLiM 法を用いた超高感度プロテオゲノミクス
A: SLiM 法の概要、B: SLiM 法による情報・仮説駆動型プロテオゲノミクスの実施例

このように SLiM 法では、DIA の感度不足を補うことができ、かつ煩わしい PRM 測定メソッドを DIA 解析データから自動生成させることが可能であり、任意のペプチド配列を超高感度にその存在量の有無を確認できる手法を確立し、仮説・情報駆動型のプロテオゲノミクスが実施可能であることを示すことができた。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計12件（うち査読付論文 12件／うち国際共著 0件／うちオープンアクセス 5件）

| | |
|---|-------------------------------|
| 1. 著者名 2. Kato T, Manabe RI, Igarashi H, Kametani F, Hirokawa S, Sekine Y, Fujita N, Saito S, Kawashima Y, Hatano Y, Ando S, Nozaki H, Sugai A, Uemura M, Fukunaga M, Sato T, Koyama A, Saito R, Sugie A, Toyoshima Y, Kawata H, Murayama S, Matsumoto M, Kakita A, Hasegawa M, Ihara M, Kanazawa M, Nishizawa M, Tsuji S, Onodera O | 4. 巻 131 |
| 2. 論文標題 Candesartan prevents arteriopathy progression in cerebral autosomal recessive arteriopathy with subcortical infarcts and leukoencephalopathy model | 5. 発行年 2021年 |
| 3. 雑誌名 Journal of Clinical Investigation | 6. 最初と最後の頁 e140555 |
| 掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1172/JCI140555 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難 | 国際共著 - |
| 1. 著者名 Nii Takenobu, Konno Katsuhiko, Matsumoto Masaki, Bhukhai Kanit, Borwornpinyo Suparerk, Sakai Kazuhiro, Hongeng Suradej, Sugiyama Daisuke | 4. 巻 26 |
| 2. 論文標題 The Bioactive Peptide SL-13R Expands Human Umbilical Cord Blood Hematopoietic Stem and Progenitor Cells In Vitro | 5. 発行年 2021年 |
| 3. 雑誌名 Molecules | 6. 最初と最後の頁 1995 ~ 1995 |
| 掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/molecules26071995 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である） | 国際共著 - |
| 1. 著者名 Matsuzaki Fumiko, Uda Shinsuke, Yamauchi Yukiyo, Matsumoto Masaki, Soga Tomoyoshi, Maehara Kazumitsu, Ohkawa Yasuyuki, Nakayama Keiichi I., Kuroda Shinya, Kubota Hiroyuki | 4. 巻 36 |
| 2. 論文標題 An extensive and dynamic trans-omic network illustrating prominent regulatory mechanisms in response to insulin in the liver | 5. 発行年 2021年 |
| 3. 雑誌名 Cell Reports | 6. 最初と最後の頁 109569 ~ 109569 |
| 掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.celrep.2021.109569 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である） | 国際共著 - |
| 1. 著者名 Nita Akihiro, Matsumoto Akinobu, Tang Ronghao, Shiraishi Chisa, Ichihara Kazuya, Saito Daisuke, Suyama Mikita, Yasuda Tomoharu, Tsuji Gaku, Furue Masataka, Katayama Bumpei, Ozawa Toshiyuki, Murata Teruasa, Dainichi Teruki, Kabashima Kenji, Hatano Atsushi, Matsumoto Masaki, Nakayama Keiichi I. | 4. 巻 17 |
| 2. 論文標題 A ubiquitin-like protein encoded by the “noncoding” RNA TINCR promotes keratinocyte proliferation and wound healing | 5. 発行年 2021年 |
| 3. 雑誌名 PLOS Genetics | 6. 最初と最後の頁 e1009686 |
| 掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1371/journal.pgen.1009686 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である） | 国際共著 - |

| | |
|--|-------------------------------|
| 1. 著者名 Uematsu Saori, Ohno Satoshi, Tanaka Kaori Y., Hatano Atsushi, Kokaji Toshiya, Ito Yuki, Kubota Hiroyuki, Hironaka Ken-ichi, Suzuki Yutaka, Matsumoto Masaki, Nakayama Keiichi I., Hirayama Akiyoshi, Soga Tomoyoshi, Kuroda Shinya | 4. 巻 25 |
| 2. 論文標題 Multi-omics-based label-free metabolic flux inference reveals obesity-associated dysregulatory mechanisms in liver glucose metabolism | 5. 発行年 2022年 |
| 3. 雑誌名 iScience | 6. 最初と最後の頁 103787 ~ 103787 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.isci.2022.103787 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である) | 国際共著 - |

| | |
|--|-------------------------------|
| 1. 著者名 Egami R, Kokaji T, Hatano A, Yugi K, Eto M, Morita K, Ohno S, Fujii M, Hironaka K, Uematsu S, Terakawa A, Bai Y, Pan Y, Tsuchiya T, Ozaki H, Inoue H, Uda S, Kubota H, Suzuki Y, Matsumoto M, Nakayama KI, Hirayama A, Soga T, Kuroda S. | 4. 巻 24 |
| 2. 論文標題 Trans-omic analysis reveals obesity-associated dysregulation of inter-organ metabolic cycles between the liver and skeletal muscle | 5. 発行年 2021年 |
| 3. 雑誌名 iScience | 6. 最初と最後の頁 102217 ~ 102217 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.isci.2021.102217 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である) | 国際共著 - |

| | |
|---|------------------------|
| 1. 著者名 Johmura Y, Yamanaka T, Omori S, Wang T, Sugiura Y, Matsumoto M, Suzuki N, Kumamoto S, Yamaguchi K, Hatakeyama S, Takami T, Yamaguchi R, Shimizu E, Ikeda K, Okahashi N, Mikawa R, Suematsu M, Arita M, Sugimoto M, Nakayama KI, Furukawa Y, Imoto S, Nakanishi M. | 4. 巻 371 |
| 2. 論文標題 Senolysis by glutaminolysis inhibition ameliorates various age-associated disorders. | 5. 発行年 2021年 |
| 3. 雑誌名 Science | 6. 最初と最後の頁 265- 270 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1126/science.abb5916 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難 | 国際共著 - |

| | |
|--|------------------------|
| 1. 著者名 Kokaji K, Hatano A, Ito Y, Yugi K, Eto M, Morita K, Ohno S, Fujii M, Hironaka K, Egami R, Terakawa A, Tsuchiya T, Ozaki H, Inoue H, Uda S, Kubota H, Suzuki Y, Ikeda K, Arita M, Matsumoto M, Nakayama K.I, Hirayama A, Soga T, Kuroda S | 4. 巻 13 |
| 2. 論文標題 Transomics analysis reveals allosteric and gene regulation axes for altered hepatic glucose-responsive metabolism in obesity | 5. 発行年 2020年 |
| 3. 雑誌名 Science Signaling | 6. 最初と最後の頁 eaaz1236 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1126/scisignal.aaz1236 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難 | 国際共著 - |

| | |
|---|--------------------|
| 1. 著者名 Tsukiya Tadasuke, Zou Juqi, Kim Jihoon, Ogamino Shohei, Shino Yuki, Masuda Takamasa, Merenda Alessandra, Matsumoto Masaki, Fujioka Yoichiro, Hirose Tomonori, Terai Sayuri, Takahashi Hidehisa, Ishitani Tohru, Nakayama Keiichi I., Ohba Yusuke, Koo Bon-Kyoung, Hatakeyama Shigetsugu | 4. 巻 11 |
| 2. 論文標題 A phospho-switch controls RNF43-mediated degradation of Wnt receptors to suppress tumorigenesis | 5. 発行年 2020年 |
| 3. 雑誌名 Nature Communications | 6. 最初と最後の頁 4586 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-020-18257-3 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難 | 国際共著 - |

| | |
|--|------------------------|
| 1. 著者名 Fang Yuan, Akimoto Masaru, Mayanagi Kouta, Hatano Atsushi, Matsumoto Masaki, Matsuda Shigeru, Yasukawa Takehiro, Kang Dongchon | 4. 巻 53 |
| 2. 論文標題 Chemical acetylation of mitochondrial transcription factor A occurs on specific lysine residues and affects its ability to change global DNA topology | 5. 発行年 2020年 |
| 3. 雑誌名 Mitochondrion | 6. 最初と最後の頁 99 ~ 108 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.mito.2020.05.003 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難 | 国際共著 - |

| | |
|--|-------------------------------|
| 1. 著者名 Nakagawa Tadashi, Hattori Satoko, Nobuta Risa, Kimura Ryuichi, Nakagawa Makiko, Matsumoto Masaki, Nagasawa Yuko, Funayama Ryo, Miyakawa Tsuyoshi, Inada Toshifumi, Osumi Noriko, Nakayama Keiichi I., Nakayama Keiko | 4. 巻 23 |
| 2. 論文標題 The Autism-Related Protein SETD5 Controls Neural Cell Proliferation through Epigenetic Regulation of rDNA Expression | 5. 発行年 2020年 |
| 3. 雑誌名 iScience | 6. 最初と最後の頁 101030 ~ 101030 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.isci.2020.101030 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難 | 国際共著 - |

| | |
|---|--------------------|
| 1. 著者名 Kito Yuki, Matsumoto Masaki, Hatano Atsushi, Takami Tomoyo, Oshikawa Kiyotaka, Matsumoto Akinobu, Nakayama Keiichi I. | 4. 巻 10 |
| 2. 論文標題 Cell cycle-dependent localization of the proteasome to chromatin | 5. 発行年 2020年 |
| 3. 雑誌名 Scientific Reports | 6. 最初と最後の頁 5801 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-020-62697-2 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難 | 国際共著 - |

〔学会発表〕 計8件（うち招待講演 7件 / うち国際学会 1件）

| |
|------------------------------------|
| 1. 発表者名 松本 雅記 |
| 2. 発表標題 質量分析計を基盤とするがんのマルチオミクス解析 |
| 3. 学会等名 第80回日本癌学会学術総会（招待講演） |
| 4. 発表年 2021年 |

| |
|------------------------------------|
| 1. 発表者名 松本 雅記 |
| 2. 発表標題 定量プロテオミクスを用いたがん研究 |
| 3. 学会等名 第17回日本病理学会カンファレンス（招待講演） |
| 4. 発表年 2021年 |

| |
|-----------------------------------|
| 1. 発表者名 松本 雅記 |
| 2. 発表標題 質量分析計を用いた未開拓プロテオームへの挑戦 |
| 3. 学会等名 日本プロテオーム学会2021年大会 |
| 4. 発表年 2021年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 Masaki Matsumoto |
| 2. 発表標題 iMPAQT ver. 2: New platform for absolute quantification of proteins of interest |
| 3. 学会等名 10th AOHUPO（招待講演）（国際学会） |
| 4. 発表年 2021年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 松本 雅記 |
| 2. 発表標題 高感度・ハイスループットプロテオミクスによるがん代謝研究 |
| 3. 学会等名 第39回日本内分泌学会 内分泌代謝学サマーセミナー（招待講演） |
| 4. 発表年 2021年 |

| |
|---|
| 1. 発表者名 松本 雅記 |
| 2. 発表標題 ペプチドセントリックな定量プロテオミクスを用いた未開拓プロテオームの実体解明への挑戦 |
| 3. 学会等名 第94回日本生化学会大会（招待講演） |
| 4. 発表年 2021年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 松本雅記 |
| 2. 発表標題 ペプチド先導型プロテオミクス-精密で信頼性の高いタンパク質量技術- |
| 3. 学会等名 CBI学会2020（招待講演） |
| 4. 発表年 2020年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 松本雅記 |
| 2. 発表標題 多重ターゲットプロテオミクスを用いたタンパク質動態解析 |
| 3. 学会等名 第93回日本生化学会大会（招待講演） |
| 4. 発表年 2020年 |

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

| | 氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号) | 所属研究機関・部局・職 (機関番号) | 備考 |
|--|---------------------------|-----------------------|----|
|--|---------------------------|-----------------------|----|

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

| 共同研究相手国 | 相手方研究機関 |
|---------|---------|
|---------|---------|