

科学研究費助成事業（科学研究費補助金）研究成果報告書

平成 24 年 5 月 10 日現在

機関番号：13101

研究種目：基盤研究(B)

研究期間：2009～2011

課題番号：21390262

研究課題名（和文）慢性腎臓病の糸球体マイクロプロテオーム解析による病因・病態の解明

研究課題名（英文）Analysis of pathogenesis and pathophysiology of chronic kidney disease glomerulus by microproteomics

研究代表者

山本 格 (YAMAMOTO TADASHI)

新潟大学・医歯学系・教授

研究者番号：30092737

研究成果の概要（和文）：

慢性腎臓病の多くは腎糸球体から発症する。この慢性腎臓病は進行すると腎臓機能を失い、透析や腎移植療法が必要になるため、注目されている。この疾患は病理学的検査で複数の疾患に分類されるが、その病因と病態の分子機構は不明で、そのため、根治的な治療も無い。

本研究の目的はこの慢性腎臓病患者の腎生検組織の糸球体をプロテオーム解析する手法を開発し、それを応用して、その患者さんの病気の病因や病態の分子機構を解明することである。

第一に、正常ヒト腎糸球体のプロテオームを質量分析計と抗体を用いたプロテオミクスによる解析が行われた。正常ヒト腎糸球体は腎癌のために摘出を余儀なくされた患者さんの腎臓から、メッシュ法で単離した。約 3000 遺伝子由来のタンパク質が同定され、その結果はヒト腎臓糸球体プロテオームデータベースとして、ウェブ上でも公開 (<http://www.hkupp.org>) されている。

次に、凍結およびホルマリン固定—パラフィン包埋のヒト腎生検試料の糸球体のプロテオーム解析することを目指した。ヒト腎生検試料の切片から、レーザーマイクロダイセクション法で切り出すことが可能な 50 枚の糸球体が解析試料となった。その切片から効率良く、有用なタンパク質あるいはペプチド約 1 μ g を抽出できる新しい手法（凍結試料に用いる Wash & Heat 法、ホルマリン固定—パラフィン包埋試料に用いる On-site direct digestion method）を開発した（マイクロプロテオミクス）。

最後に、この手法を慢性腎臓病の腎生検試料のプロテオミクス解析に応用し、得られた結果をバイオインフォマティクス解析し、慢性腎臓病の病因や病態に関連すると推定されるタンパク質が選定された。今後、その検証が行われることにより、慢性腎臓病の根治的治療を可能とする薬剤の開発につながると期待された。

研究成果の概要（英文）：

Primary pathological lesion of chronic kidney disease (CKD) is the glomerulus. The CKD is paid a serious attention in medicine as a part of CKD patients will lose their kidney function in the future and need dialysis treatment or kidney transplantation. This disease is classified into several diseases by pathological examination, however, the pathogenesis and pathophysiology are almost unknown, which make it difficult to develop curative treatments for CKD.

The current study was aimed to analyze glomerular tissue samples obtained by kidney biopsy from CKD patients to understand the pathogenesis and pathophysiology by bioinformatics.

At first, comprehensive proteome of normal human glomerulus was examined by proteomics using mass spectrometers (MS) and antibodies to know normal human glomerulus proteome.

The glomeruli were isolated by the sieving method from kidneys removed from patients with renal carcinomas. More than 3000- gene-derived proteins were identified in the glomerulus and the results are opened for public through a website as a Human Glomerulus Proteome Database (<http://www.hkupp.org>).

Secondary, MS proteomics was applied to frozen or formalin-fixed paraffin-embedded (FFPE) kidney biopsy samples. Fifty glomerular sections were practically collectable by a laser micro dissection method from each kidney biopsy specimen and the amount of proteins or peptides

was approximately 1 µg (microproteomics). New protocols and procedures (Wash & Heat method for frozen section, On-site direct digestion method for FFPE samples) have been developed to obtain peptides efficiently and effectively to analyze glomerular proteomes with a small amount of peptides.

Thirdly, the new methods are applied for human CKD kidney biopsy samples and bioinformatics elucidated several key proteins and molecular pathways, which may be involved in pathogenesis and pathophysiology of CKD.

In conclusion, the current study has achieved to develop the new protocols and procedures for proteomic analysis of small biopsy tissue samples. Further validation of the results will stimulate development of curative therapies by surveying drug candidates to interfere the pathways or remove the pathogens for CKD.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2009年度	4,500,000	1,350,000	5,850,000
2010年度	4,400,000	1,320,000	5,720,000
2011年度	4,200,000	1,260,000	5,460,000
総計	13,100,000	3,930,000	17,030,000

研究分野：医師薬学

科研費の分科・細目：□内科系臨床医学・腎臓内科学

キーワード：

(1) 慢性腎臓病、(2) 糸球体、(3) プロテオーム、(4) 質量分析計、(5) 抗体、(6) データベース

1. 研究開始当初の背景

慢性腎臓病の多くは腎糸球体から発症し、進行すると腎臓機能を失い、透析や腎移植療法が必要になるため、注目されている。この疾患は病理学的検査で複数の疾患に分類されるが、その病因と病態の分子機構はほとんど不明で、そのため、根治的な治療法も無い。

2. 研究の目的

慢性腎臓病患者の腎生検組織の糸球体をプロテオーム解析することにより、その糸球体で起きている病態や病因となる分子を解明する研究プラットフォームを構築し、それを応用して、慢性腎臓病の患者さんの病気の病因や病態の分子機構を解明することである。

3. 研究の方法

第一に、慢性腎臓病の糸球体プロテオームの特徴を知るためには、正常ヒト腎糸球体のプロテオームを知る必要がある。そのため、腎癌のために摘出を余儀なくされた患者さんの腎臓から、メッシュ法で正常糸球体を単離し、質量分析計と抗体を用いたプロテオミクスによる解析が行われた。

次に、凍結およびホルマリン固定—パラフィン包埋 (FFPE) で保存されているヒト

腎生検試料の糸球体のプロテオーム解析することを目指した。ヒト腎生検試料の切片から、レーザーマイクロダイセクション法で切り出すことが可能な50枚の糸球体切片が解析試料となった。その切片から効率良く、有用なタンパク質あるいはペプチドを抽出する新しい手法の開発を目指した (マイクロプロテオミクス)。

最後に、この手法で慢性腎臓病の腎生検試料の糸球体プロテオミクス、得られた結果をバイオフィオマティクス解析し、慢性腎臓病の病因や病態に関連すると推定されるタンパク質を選定した。

4. 研究成果

正常糸球体の質量分析計によるプロテオーム解析で約3000遺伝子由来のタンパク質が同定された。その結果は Human Protein Atlas グループとの共同研究により、抗体によるタンパク質の腎臓内局在情報を加えたヒト腎臓糸球体プロテオームデータベースとして、論文、ウェブ上で公開 (<http://www.hkupp.org>) した。

腎生検試料は凍結から得られた切片を洗浄することで、併存する血漿あるいは血球成分を除き、熱処理によりトリプシン消化効率を上げる方法を確立した (Wash & Heat)。ま

た、フォルマリン固定—パラフィン包埋 (FFPE) 試料から、効率よく、良質なペプチドを回収する手法を確立した (On-site direct digestion method)。これらの手法により、約 1・g のペプチドを質量分析計で解析し、1000 種類程度のタンパク質を同定することが可能になった (マイクロプロテオミクス)。

この手法で慢性腎臓病のうち、膜性腎症と IgA 腎症の腎生検試料の糸球体プロテオーム解析を開始した。その結果、1 例あたり約 1000 ~ 3000 種類のタンパク質が同定された。バイオインフォマティクスで正常ヒト糸球体プロテオームと比較し、疾患に関連すると考えられるタンパク質やパスウェイが推定された。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 24 件)

① "All and None" Refining Strategy; Fishing Your Correct Protein from Proteomics Ocean. Sameh Magdeldin, Yutaka Yoshida, Ying Zhang, Bo Xu, Eishin Yaoita, Tadashi Yamamoto. *J Proteomics Bioinformatics* 2011, 4:123-124. 査読あり.

② Comparison of human glomerulus proteomic profiles obtained from low quantities of samples by different mass spectrometry with the comprehensive database. Zhang Y, Yoshida Y, Xu B, Magdeldin S, Fujinaka H, Liu Z, Miyamoto M, Yaoita E, Yamamoto T. *Proteome Sci*. 2011 9(1):47. 査読あり.

③ The human proteome project: Current state and future direction Pierre Legrain, Ruedi Aebersold, Alexander Archakov, Amos Bairoch, Kumar Bala, Laura Beretta, John Bergeron, Christoph Borchers, Garry L. Corthals, Catherine E. Costello, Eric W. Deutsch, Bruno Domon, William Hancock, Fuchu He, Denis Hochstrasser, Gyorgy Marko-Varga, Ghasem Hosseini Salekdeh, Salvatore Sechi, Michael Snyder, Sudhir Srivastava, Mathias Uhlen, Cathy H. Hu, Tadashi Yamamoto, Young-Ki Paik, and Gilbert S. Omenn. *Mol Cell Proteomics*. 2011 10(7):M111. 査読あり.

④ Injured kidney cells express SM22 α (transgelin): Unique features distinct from α -smooth muscle actin (α SMA). Sakamaki Y, Sakatsume M, Wang X, Inomata S, Yamamoto T, Gejyo F, Narita I. *Nephrology (Carlton)*. 2011 16(2):211-8. 査読あり.

⑤ Usage of electrostatic eliminator reduces human keratin contamination significantly in gel-based proteomics analysis. Xu B, Zhang Y, Zhao Z, Yoshida Y, Magdeldin S, Fujinaka H, Ismail TA, Yaoita E,

Yamamoto T. *J Proteomics*. 2011 74:1022-1029. 査読あり.

⑥ Novel expression of claudin-5 in glomerular podocytes.

Koda R, Zhao L, Yaoita E, Yoshida Y, Tsukita S, Tamura A, Nameta M, Zhang Y, Fujinaka H, Magdeldin S, Xu B, Narita I, Yamamoto T. *Cell Tissue Res*. 2011 343(3):637-48. 査読あり.

⑦ Proteomics database in chronic kidney disease.

Yamamoto T. *Adv Chronic Kidney Dis*. 2010 17(6):487-92. 査読あり.

⑧ Expression and localization of insulin-like growth factor binding proteins in normal and proteinuric kidney glomeruli.

Fujinaka H, Katsuyama K, Yamamoto K, Nameta M, Yoshida Y, Yaoita E, Tomizawa S, Yamamoto T. *Nephrology (Carlton)*. 2010 15(7):700-9. 査読あり.

⑨ Differential proteomic shotgun analysis elucidates involvement of water channel aquaporin 8 in presence of α -amylase in the colon.

Magdeldin S, Li H, Yoshida Y, Satokata I, Maeda Y, Yokoyama M, Enany S, Zhang Y, Xu B, Fujinaka H, Yaoita E, Yamamoto T. *J Proteome Res*. 2010 9(12):6635-46. 査読あり.

⑩ Expression of SM22 α (Transgelin) in Glomerular and Interstitial Renal Injury. Inomata S, Sakatsume M, Sakamaki Y, Wang X, Goto S, Yamamoto T, Gejyo F, Narita I. *Nephron Exp Nephrol*. 2010 117(4):e104-e113. 査読あり.

⑪ Comparison of two dimensional electrophoresis mouse colon proteomes before and after knocking out Aquaporin 8. Magdeldin S, Li H, Yoshida Y, Enany S, Zhang Y, Xu B, Fujinaka H, Yaoita E, Yamamoto T. *J Proteomics*. 2010 73(10):2031-40. 査読あり.

⑫ The 4th Human Kidney and Urine Proteome Project (HKUPP) workshop. Yamamoto T. *Proteomics*. 2010 10(11):2069-70. 査読あり.

⑬ Functional proteomic analysis of experimental autoimmune myocarditis-induced chronic heart failure in the rat. Sanzen Y, Ito M, Ohta Y, Yoshida Y, Kawada T, Sato H, Yamamoto T, Nakazawa M. *Biol Pharm Bull*. 2010;33(3):477-86. 査読あり.

⑭ Glomerular proteins related to slit diaphragm and matrix adhesion in the foot processes are highly tyrosine phosphorylated in the normal rat kidney. Zhang Y, Yoshida Y, Nameta M, Xu B, Taguchi I, Ikeda T, Fujinaka H, Mohamed SM, Tsukaguchi H, Harita Y, Yaoita E, Yamamoto T. *Nephrol Dial Transplant*. 2010. 25(6):1785-95. 査読あり.

⑮ Recommendations for biomarker identification and qualification in clinical proteomics.

Mischak H, Allmaier G, Apweiler R, Attwood T, Baumann M, Benigni A, Bennett SE, Bischoff R, Bongcam-Rudloff E, Capasso G, Coon JJ, D'Haese P, Dominiczak AF, Dakna M, Dihazi H, Ehrlich JH, Fernandez-Llama P, Fliser D,

Frokiaer J, Garin J, Girolami M, Hancock WS, Haubitz M, Hochstrasser D, Holman RR, Ioannidis JP, Jankowski J, Julian BA, Klein JB, Kolch W, Luider T, Massy Z, Mattes WB, Molina F, Monsarrat B, Novak J, Peter K, Rossing P, Sánchez-Carbayo M, Schanstra JP, Semmes OJ, Spasovski G, Theodorescu D, Thongboonkerd V, Vanholder R, Veenstra TD, Weissinger E, Yamamoto T, Vlahou A. *Sci Transl Med*. 2010 2(46):1-6. 査読あり.

⑮ Voltage-gated potassium channel Kv1.3 blocker as a potential treatment for rat anti-glomerular basement membrane glomerulonephritis. Hyodo T, Oda T, Kikuchi Y, Higashi K, Kushiyama T, Yamamoto K, Yamada M, Suzuki S, Hokari R, Kinoshita M, Seki S, Fujinaka H, Yamamoto T, Miura S, Kumagai H. *Am J Physiol Renal Physiol*. 299:F1258-1269, 2010 査読あり.

⑯ Dietary supplementation with arachidonic acid but not eicosapentaenoic or docosahexaenoic acids alter lipids metabolism in C57BL/6J mice. Magdeldin S, Elewa Y, Ikeda T, Ikei J, Zhang Y, Xu B, Nameta M, Fujinaka H, Yoshida Y, Yaoita E, Yamamoto T. *Gen Physiol Biophys*. 2009 28(3):266-75. 査読あり.

⑰ Expression of the chemokine fractalkine (FKN/CX3CL1) by podocytes in normal and proteinuric rat kidney glomerulus. Katsuyama K, Fujinaka H, Yamamoto K, Nameta M, Yaoita E, Yoshida Y, Tomizawa S, Uchiyama M, Yamamoto T. *Nephron Exp Nephrol*. 2009;113(2):e45-56. 査読あり.

⑱ Mesangial cells connected by the N-cadherin-catenin system in the rat kidney. Nameta M, Yaoita E, Kato N, Zhao L, Zhang Y, Fujinaka H, Xu B, Yoshida Y, Yamamoto T. *Nephron Exp Nephrol*. 2009;112(4):e92-8. 査読あり.

⑲ Gene expression profiling of advanced-stage serous ovarian cancers distinguishes novel subclasses and implicates ZEB2 in tumor progression and prognosis. Yoshihara K, Tajima A, Komata D, Yamamoto T, Kodama S, Fujiwara H, Suzuki M, Onishi Y, Hatae M, Sueyoshi K, Fujiwara H, Kudo Y, Inoue I, Tanaka K. *Cancer Sci*. 2009 100(8):1421-8. 査読あり.

⑳ Association of HTRA1 mutations and familial ischemic cerebral small-vessel disease. Hara K, Shiga A, Fukutake T, Nozaki H, Miyashita A, Yokoseki A, Kawata H, Koyama A, Arima K, Takahashi T, Ikeda M, Shiota H, Tamura M, Shimoe Y, Hirayama M, Arisato T, Yanagawa S, Tanaka A, Nakano I, Ikeda S, Yoshida Y, Yamamoto T, Ikeuchi T, Kuwano R, Nishizawa M, Tsuji S, Onodera O. *N Engl J Med*. 2009 360(17):1729-39. 査読あり.

㉑ Identification and characterization of major proteins carrying ABO blood group antigens in the human kidney. Tasaki M, Yoshida Y, Miyamoto M, Nameta M, Cuellar LM, Xu B, Zhang Y, Yaoita E, Nakagawa Y, Saito K, Yamamoto T, Takahashi K. *Transplantation*. 2009

87(8):1125-33. 査読あり.

㉒ Identification and localization of novel genes preferentially expressed in human kidney glomerulus. Cuellar LM, Fujinaka H, Yamamoto K, Miyamoto M, Tasaki M, Zhao L, Tamer I, Yaoita E, Yoshida Y, Yamamoto T. *Nephrology (Carlton)*. 2009 14(1):94-104. 査読あり.

㉓ Molecular characterization of Panton-Valentine leukocidin-positive community-acquired methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates in Egypt. Enany S, Yaoita E, Yoshida Y, Enany M, Yamamoto T. *Microbiological Research* 165:152-162, 2009. 査読あり.

[学会発表] (計 45件)

1. Yamamoto T. Participation of Human Kidney and Urine Proteome Project (HKUPP) Initiative in Cross-Initiative Analysis and Human Proteome. HUPPO World Congress 2011 September 4-7, Genova, Swiss.
2. 山本 格. プロテオミクス. 第54回日本腎臓学会学術総会, 2011, 横浜, 6月15日-17日.
3. 矢尾板永信, 山本 格. 初代培養におけるポドサイトの性質. 第54回日本腎臓学会学術総会, 2011, 横浜, 6月15日-17日.
4. 吉田 豊, 張 螢, Enany S, 許 波, 渡邊更生, 矢尾板永信, 朝長 毅, 山本 格. 健常人尿プロテオームの特徴: AKI バイオマーカーの多項目同時測定のための基礎的検討. 第54回日本腎臓学会学術総会, 2011, 横浜, 6月15日-17日.
5. Liu Zan, Xu Bo, Zhang Ying, 吉田 豊, 藤中秀彦, 矢尾板永信, 高橋公太, 山本 格. Proteomic Profiling of Kidney and Glomerulus Endothelial Cell Plasma Membrane Proteins. 第54回日本腎臓学会学術総会, 2011, 横浜, 6月15日-17日.
6. 許 波, 嶋田修一郎, 張 螢, 吉田 豊, 矢尾板永信, 山本 格. On-site 酵素消化法と Laser Microdissection を用いてホルマリン固定ヒト糸球体標本のプロテオーム解析. 第54回日本腎臓学会学術総会, 2011, 横浜, 6月15日-17日.
7. 張エイ, 許 波, 吉田 豊, Beretta Laura, Omenn Gil, Deutsch Eric, 矢尾板永信, 山本 格. Comparative proteome analysis of human kidney, urine, liver and plasma. 第54回日本腎臓学会学術総会, 2011, 横浜, 6月15日-17日.
8. 藤中秀彦, 飯田知子, 吉田 豊, 矢尾板永信, 富沢修一, 山本 格. 健常および腎疾患患児における尿エキソソームの糸球体特異的遺伝子発現. 第54回日本腎臓学会学術総会, 2011, 横浜, 6月15日-17日.
9. 行田正晃, Mathias Uhlen, 吉田 豊, 矢尾板永信, 山本 格. 質量分析計と免疫組織化学によるヒト糸球体プロテオームデータベースの比較. 第54回日本腎臓学会学術総会, 2011, 横浜, 6月15日-17日.
10. Yamamoto T. Proteomics for Kidney Disease. Proteomic Forum 2011, April 3-7, Berlin, Germany.

11. Yamamoto T. The Human Proteome Project & Human Kidney and Urine Proteome Project. EUROKUP conference, 2010 November 6, Pissouri, Cyprus.
12. Yamamoto T. Origin of Urine Proteins. HUPO World Congress 2010, 9/19-23, Sydney, Australia.
13. Yoshida Y., Kohda R, Nameta M, Igashima M, Kamiyo Y, Yamamoto T. Verification and Standardization of Comparative Proteomic Analysis of Human Glomeruli Prepared by Laser Microdissection from Frozen Block. HUPO World Congress 2010, 9/19-23, Sydney, Australia.
14. Xu B, Shimada S, Zhang Y, Magdaldin S, ujinaka H, Yoshida Y., Yaoita E., Yamamoto T. On-site Proteomics Study on Laser Microdissected Rat Renal Cortex and Human Glomerulus Tissues. HUPO World Congress 2010, 9/19-23, Sydney, Australia.
15. Magdeldin S, Yoshida Y., Li H, Enany S, Yokoyama, Xu B, Fujinaka H, Zhang Y, Yaoita E., Yamamoto T. In-Depth Analysis of Aquaporin 8 Knockout Mice Colon Using Tandem Mass Spectrometry. HUPO World Congress 2010, 9/19-23, Sydney, Australia.
16. 趙琳寧、行田正晃、矢尾板永信、河内裕、山本 格、西村宏子. 腎系球体の成熟は細胞間接着分子の発現と相関するか? 一鳥モデルによる検討. 第19回発達腎研究会、2010、新宿、9月18日.
17. 山本 格 (シンポジウム). Human Proteome Project. 日本ヒトプロテオーム機構第8回大会. 2010、浦安、7月26日-27日.
18. 張 莹、吉田 豊、許 波、Abdelgawad Sameh、矢尾板永信、山本 格. High Confidence proteomic profile of minute amount of human kidney glomeruli. 日本ヒトプロテオーム機構第8回大会. 2010、浦安、7月26日-27日.
19. 吉田 豊、甲田 亮、行田正晃、五十島美千子、上條祐衣、山本 格. Laser microdissection と LC-MS を用いた腎生検試料の糸球体プロテオーム解析. 日本ヒトプロテオーム機構第8回大会. 2010、浦安、7月26日-27日.
20. 許 波、嶋田修一郎、張 莹、五十島美千子、吉田 豊、矢尾板 永信、森田俊、山本 格. Laser microdissection 法を用いたホルマリン固定標本の on-site プロテオーム解析. 日本ヒトプロテオーム機構第8回大会. 2010、浦安、7月26日-27日.
21. Abdelgawad Sameh、吉田 豊、エナニーシャイマ、横山峯介、許 波、藤中秀彦、張 莹、矢尾板永信、山本 格. Proteomic profiling of aquaporin 8 knockout mice reveals its involvement in alpha amylase regulation. 日本ヒトプロテオーム機構第8回大会. 2010、浦安、7月26日-27日.
22. 山本 格. Human kidney and urine proteome project. 第53回日本腎臓学会学術総会、2010、神戸 6月16日-18日.
23. 矢尾板永信. 糸球体培養. 第53回日本腎臓学会学術総会、2010、神戸 6月16日-18日.
24. 吉田 豊、甲田 亮、行田正晃、五十島美千子、上條祐衣、山本 格. Laser microdissection と LC-MS を用いた腎生検試料の糸球体プロテオーム解析. 第53回日本腎臓学会学術総会、2010、神戸 6月16日-18日.
25. 許 波、嶋田修一郎、張 莹、五十島美千子、吉田 豊、矢尾板永信、山本 格. ホルマリン固定標本と Laser Microdissection 法を用いた on-site プロテオーム解析. 第53回日本腎臓学会学術総会、2010、神戸 6月16日-18日.
26. 藤中秀彦、矢尾板永信、吉田 豊、富沢修一、山本 格. 尿中インスリン様成長因子結合蛋白 (IGFBP) の意義. 第53回日本腎臓学会学術総会、2010、神戸 6月16日-18日.
27. Zhang Ying、吉田 豊、許 波、矢尾板永信、山本 格. High confident proteomic profile of minute amount of human kidney glomeruli. 第53回日本腎臓学会学術総会、2010、神戸 6月16日-18日.
28. Abdelgawad Sameh、吉田 豊、矢尾板永信、山本 格. Proteomic analysis elucidate development of water channel aquaporin 8 in alpha amylase regulation. 第53回日本腎臓学会学術総会、2010、神戸 6月16日-18日.
29. Yamamoto T. Proteomics for understanding of kidney functions and diseases. KHUPO 10th Annual International Proteomics Conference. 2010 March 31-April 2, Seoul, Korea.
30. Yamamoto T. Notes for proteomics analysis of microdissected kidney glomerulus sections. 6th International Barbados Proteomics Conference, 2010 January 8-15, Holetown, Barbados.
31. Yamamoto T. Human Kidney and Urine Proteome Project. HUPO World Congress 2009, 9/26-30, Toronto, Canada.
32. Nameta M, Uhlen M, Yoshida Y., Xu B, Zhang, Yaoita E., Yamamoto T. Comparison of Human Glomerulus Proteome using Antibody-based and Mass Spectrometry-based Proteomics. HUPO World Congress 2009, 9/26-30, Toronto, Canada.
33. Xu B, Shimada S, Zhang Y, Magdaldin S, Fujinaka H, Yoshida Y., Yaoita E., Yamamoto T. Efficient Methods for Avoiding Human Keratin Contaminations during Gel-Based Proteomics Analysis. HUPO World Congress 2009, 9/26-30, Toronto, Canada.
34. Tasaki M, Yoshida Y., Zhang Y, Yaoita E., Nakagawa Y, Saito K, Takahashi K, Yamamoto T. Identification and Characterization of Major ABO Blood Group-Carrying Proteins in Human Kidney. HUPO World Congress 2009, 9/26-30, Toronto, Canada.
35. Magdeldin S, Yoshida Y., Li H, Yokoyama M, Xu B, Fujinaka H, Zhang Y, Yaoita E., Yamamoto T. Comprehensive Analysis of Wild and AQP 8 Knockout Mouse Colon by Nanoflow LC-MS/MS. HUPO World Congress 2009, 9/26-30, Toronto, Canada.
36. Yoshida Y. Final standard protocol for non proteinuric urine proteomics 4th HKUP Workshop in HUPO 2009 Annual Congress "Proteomics for discovery of urine biomarkers" HUPO World Congress 2009, 9/26-30, Toronto, Canada.
37. Yamamoto T. News and action plans from HKUPP. 4th HKUPP Workshop in HUPO 2009

annual Congress " Proteomics for discovery of urine Biomarkers". HUPO World Congress 2009, 9/26-30, Toronto, Canada.

38. Tasaki M, Yoshida Y, Zhang Y, Yaoita E, Nakagawa Y, Saito K, Takahashi K, Yamamoto T. Identification and characterization of major ABO blood group-carrying proteins in human kidney. 第15回分子腎臓研究会、2009、京都 9月5日

39. Yamamoto T. Proteomics strategy for human glomerular disease. 10th Annual Congress of China Nephrology Society of Integrative Medicine. 2009 June 12, Xian, China.

40. 甲田 亮、矢尾板永信、趙 琳寧、行田正晃、許 波、吉田 豊、成田一衛、下条文武、山本 格. ポドサイトの主要な claudin(cldn)は cldn-5 である. 第52回日本腎臓学会学術総会、2009、横浜 6月3日-5日.

41. 藤中秀彦、勝山幸一、富沢修一、山本 格. 統合型ヒト糸球体遺伝子データベースの作成と応用. 第52回日本腎臓学会学術総会、2009、横浜 6月3日-5日.

42. 田口いづみ、吉田 豊、許 波、張 莹、サマー モハメド、矢尾板 永信、山本 格. ヒト腎糸球体プロテオームの網羅的解析：問題点の検証と解決策の提案. 第52回日本腎臓学会学術総会、2009、横浜 6月3日-5日.

43. 吉田 豊、山本 格. 尿プロテオーム解析標準化のためのガイドライン：HKUPPからの提案. 第52回日本腎臓学会学術総会、2009、横浜 6月3日-5日.

44. 田崎正行、吉田 豊、田口いづみ、張 莹、行田正晃、中川由紀、齋藤和英、高橋公太、山本 格. ヒト腎組織に発現するABO血液型をもつタンパク質の解析と特性～プロテオミクスを用いて. 第52回日本腎臓学会学術総会、2009、横浜 6月3日-5日.

45. Yamamoto T. Laser microdissection and proteomics. World Congress of Nephrology 2009 May 25, Milan, Italy.

6. 研究組織

(1) 研究代表者

山本 格 (YAMAMOTO TADASHI)
新潟大学・医歯学系・教授
研究者番号：30092737

(2) 研究分担者

矢尾板 永信 (YAOITA EISHIN)
新潟大学・医歯学系・准教授
研究者番号：00157950

吉田 豊 (YOSHIDA YUTAKA)
新潟大学・医歯学系・講師
研究者番号：40182795

田中 憲一 (TANAKA KENICHI)
新潟大学・医歯学系・教授
研究者番号：10126427

小原 令子 (OHARA REIKO)

かずさDNA研究所・ゲノム医学研究室・
特定研究支援者

研究者番号：20392235

(3) 連携研究者

なし