



大学院医学研究科
分子病態解析学（医学部解剖学II）
教授
高橋 和男

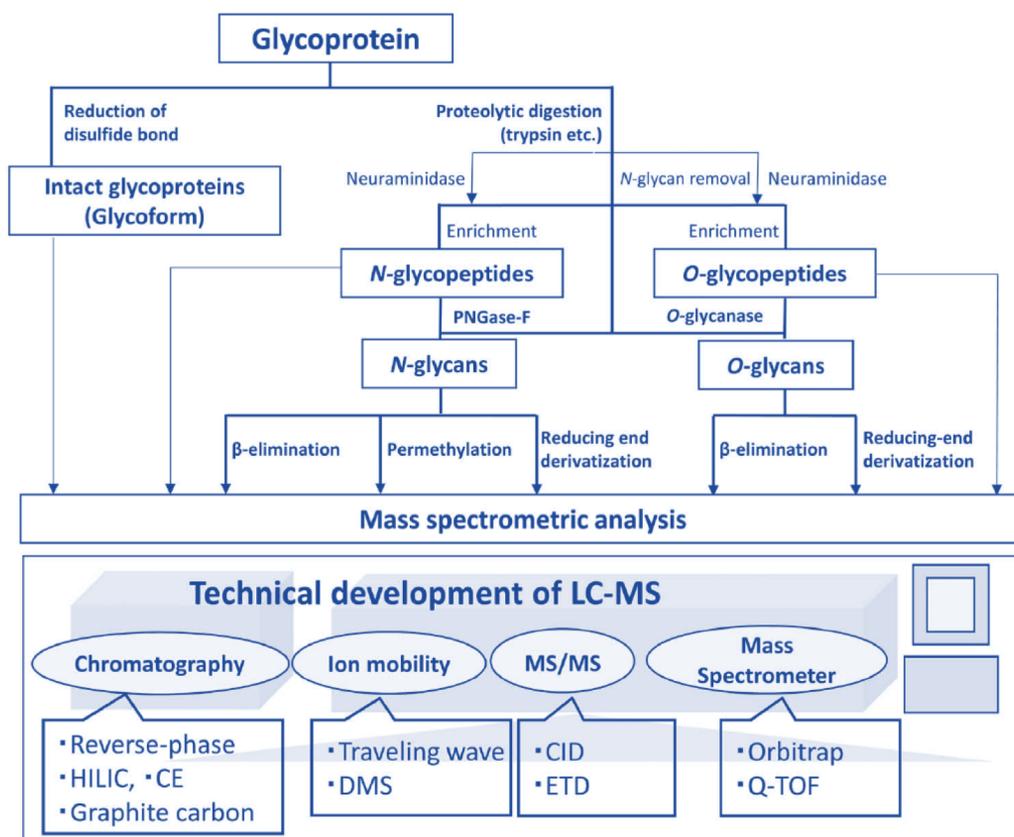


複数の糖鎖修飾部位を持つ糖タンパク質の解析基盤

【背景】 タンパク質の糖鎖化は、フォールディング、安定性、相互作用、溶解性など、その特性に影響を与えます。そのため、治療用タンパク質及び疾患関連タンパク質は、糖鎖の不均一性を修飾部位を含めて詳細に解析する必要があります。しかしながら、**複雑の糖鎖修飾部位を持つタンパク質の解析は依然として困難**であり、その機能や病態との関連についての理解は不十分です。

【提供するシリーズ】 分析法と機器の進歩により、複雑な糖タンパク質の解析が可能となりました。糖タンパク質の分析に関して、①サンプル前処置、②分離法、③質量分析（MS）、④断片化法、⑤データ解析法、を考慮する必要がありますが、我々は**複数の糖鎖修飾部位を持つ糖タンパク質の解析基盤を提供可能**です。

【研究のゴール】 再現性の高い堅牢な糖タンパク質解析基盤の確立を目指します。自動化されたハイスループットMS解析により、臨床研究への応用と精密医療への展開が可能となります。



PNGase-F: peptide N-glycosidase F; HILIC: Hydrophilic interaction chromatography; CE: capillary electrophoresis; DMS: differential ion mobility; CID: collision-induced dissociation; ETD: electron transfer dissociation; Q-TOF: Quadrupole time of flight.

【関連文献・知財等】 Ohyama Y, Nakajima K, Renfrow MB, Novak J, Takahashi K. Mass spectrometry for the identification and analysis of highly complex glycosylation of therapeutic or pathogenic proteins. *Expert Review of Proteomics*. 2020;17:275-296.