

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 質量分析と統計解析の融合によるメタプロテオミクス

2. 研究代表者名及び主たる研究参加者名（研究機関名・職名は評価時点）

研究代表者

石濱 泰 （京都大学大学院薬学研究科 教授）

主たる共同研究者

田中 利幸 （京都大学大学院情報学研究科 教授）

奥田 修二郎（新潟大学医学部 教授）

3. 事後評価結果

○評点：

A+ 特に優れている

○総合評価コメント：

本研究課題では、質量分析技術と統計的信号解析技術を融合させることにより、プロテオームの計測・解析技術を深化させ、次世代プロテオーム解析技術を開拓することを目標とした。具体的には、液体クロマトグラフィータンデム質量分析(LC/MS/MS)法を用いるプロテオーム解析に関わる連続した複数のステップを、確率モデルの推定という立場から再解釈・統合することで、統一的な階層モデルを構築し、LC/MS/MS測定からタンパク質同定に至る情報処理(Computational Proteomics)と、下流解析で利用されてきた情報処理(Proteome Informatics)を融合した同時解析手法を構築することを目指した。

計測技術を自ら改良することにより現時点で世界最速のシステムを達成し、計測データの高速獲得に道をつけた。具体的には、一日1000検体の処理速度を有し、100ngから3000ヒトタンパク質を同定定量可能な計測システムの開発に成功した。また、LC/ESI/MS/MSデータに対して非負値行列分解法(NMF)を適用して従来法を超える大腸菌プロテオーム解析に成功した。さらに、世界的に発展したData-Independent Acquisition(DIA)技術を取り入れることにより、プロテオーム解析の性能が向上することを示した。四重極マスアナライザーのイオン透過特性を制御して、スパース推定により、感度と質量分解能を同時に向上させる手法を開発し、実測定データでその有用性を確認することに成功した。

以上のように、種々の情動的アプローチに取り組み、計測・情報の双方向から融合し着実にバランスよく研究を進めた。本領域の趣旨にもよく合致している。

今後は、最終目標とする「未知成分のプロテオームプロファイリング」や「メタプロテオームプロファイリング」に向けた研究開発を推進して頂きたい。