

プロテオミクス

研究検査

iMPAQT version 2

2025年4月現在

検査概要

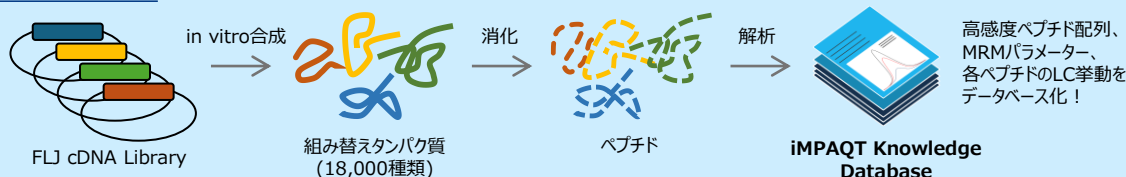
検査法	LC-MS/MS
検査項目	ヒト及びマウスの主要代謝酵素 (約1100種)
材料	培養細胞、凍結組織、PBMC、エクソソームなど
必要量	培養細胞：1×10 ⁶ cells程度、凍結組織：50 mg程度
前処理法	培養細胞：培地を取り除き、PBSで洗った後、-80℃以下で凍結保存 組織：PBSで血液を洗い、-80℃以下で凍結保存
最低出検数	6検体以上 ※パイロット的に少数サンプルでの分析も受け付けておりますので、ご相談ください
納期	検体受領後4～8週間
報告物	最終報告書、エクセルファイルおよびraw dataを記録したCD-R

iMPAQT とは

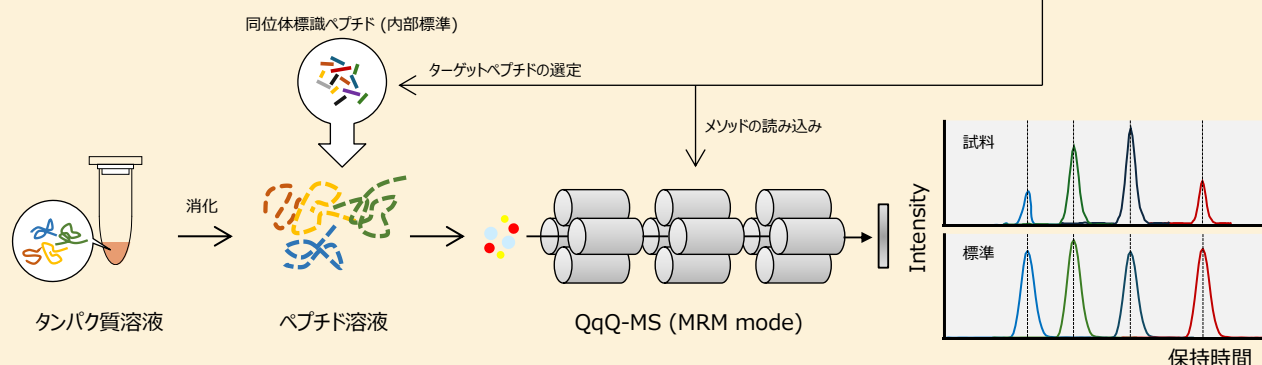
『iMPAQT (in vitro proteome-assisted MRM for Protein Absolute Quantification)』は、東京科学大学 中山敬一 先生、新潟大学 松本雅記 先生らによって開発された次世代のターゲット定量プロテオミクス技術です¹⁾。本技術では約18000種の組換えタンパク質から質量分析計で測定するためのメソッドデータベースを構築しており、数百種のタンパク質の同時定量メソッドを迅速に構築することが可能です。特定のpathwayのタンパク質を一度に定量分析したい場合や、抗体では分離の難しいサブタイプの分析をされたい方にお勧めです。

1) A large-scale targeted proteomics assay resource based on an in vitro human proteome.,
Matsumoto M, et al., *Nat Methods*., 2017 Mar;14(3):251-258.

① データベースの構築



② データベースを利用したターゲットプロテオーム解析 (iMPAQT)

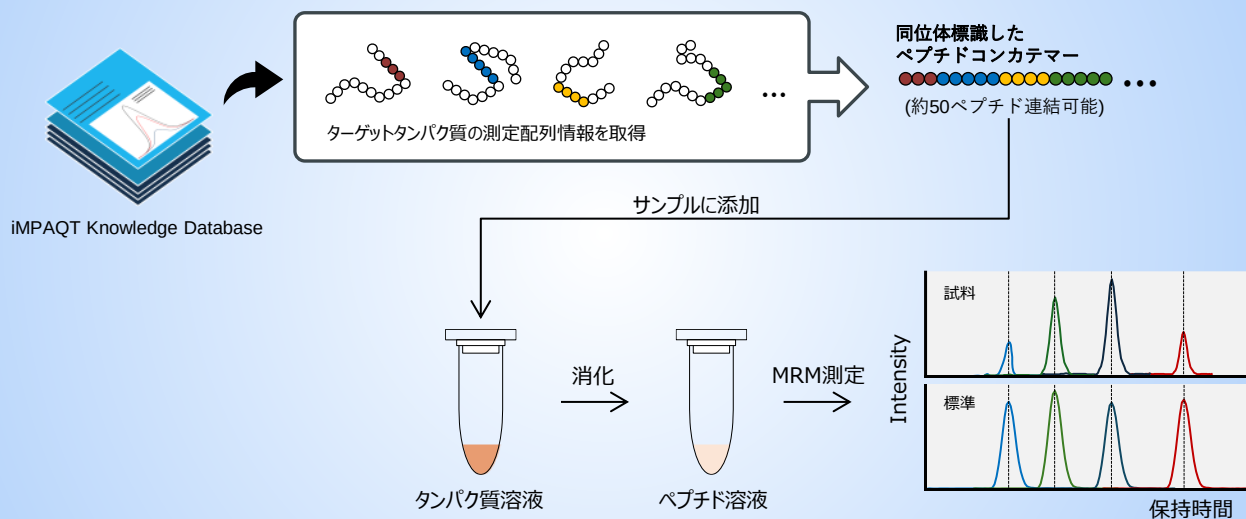


iMPAQT Version 2 とは

従来のiMPAQTでは内部標準物質に同位体標識したペプチドを使用していました。しかし、合成ペプチドは比較的高価であるため、受託分析のメニューとしては約350種類の同時定量にとどまっていた。この課題に対処するため、新たにペプチドコンカテマーの技術を導入しました。

ペプチドコンカテマーとは、測定対象のペプチド配列を連結させた人工タンパク質です。同位体標識したペプチドコンカテマーをトリプシン消化することで、大量の同位体標識ペプチドを一度に調製できるため、コスト効率の高い内部標準物質として活用できます。

コンカテマーを活用したiMPAQT (iMPAQT Version 2)



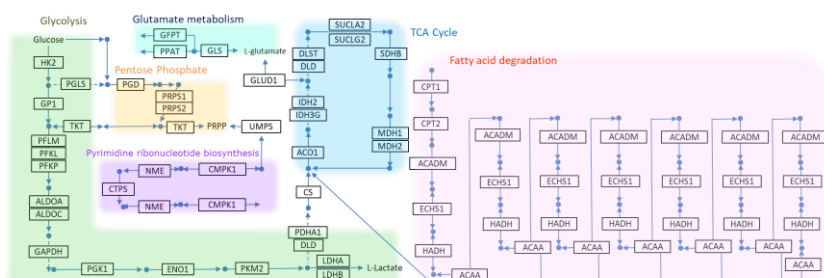
分析メニュー

ヒト・マウス主要代謝酵素(約1100種)

従来の「ヒト主要代謝酵素(約340種)」を1100種類に拡張した新メニューです。ヒトとマウスの共通配列をターゲットペプチドに選んであるため、マウスサンプルにも対応可能です。



ヒトとマウス両方に適応可能



約1100種類の代謝酵素を解析可能

お問い合わせ



KPSL
九州プロサーチLLP

〒819-0388

福岡県福岡市西区九大新町4-1
九州プロサーチ有責任事業組合
<https://kpsl.jp/>