

プロテオミクス分野

Division of Proteomics

准教授
松本 雅記

Associate Professor : Masaki Matsumoto, Ph.D.

E-mail : masakim@bioreg.kyushu-u.ac.jp

大学院
医学系
学府
担当



Profile

- 1998年、福岡大学大学院理学研究科博士課程終了
- 1998年、九州大学生体防御医学研究所・博士研究員
- 2000-2003年、学術振興会・特別研究員
- 2004年、生体防御医学研究所・特任助手
- 2007年、生体防御医学研究所・助教
- 2009年、生体防御医学研究所・准教授

プロテオミクス分野

Division of Proteomics

主幹教授(兼任)

中山 敬一

Distinguished Professor :
Keiichi Nakayama, M.D., Ph.D.

E-mail : nakayak1@bioreg.kyushu-u.ac.jp

大学院
医学系
学府
担当



タンパク質の大規模情報から新たな生物学を切り開く

■研究概要

プロテオミクス分野では、タンパク質の総体であるプロテオームを解析するための技術開発とその応用を目指すと共に、多くの研究者に対して最先端技術の提供を行っている。

基本技術としては精密質量分析によるショットガン・プロテオミクス、ターゲット・プロテオミクス、ペプチドマスフィンガープリンティング等を用い、さらにICAT, iTRAQ, SILAC, mTRAQ等の安定同位体標識を用いた定量情報付加による高度のプロテオミクス技術を擁している。さらに従来個別解析のための技術であったMultiple Reaction Monitoring (MRM)技術を改変して、全く新しい技術を発明し、大規模データ取得を目指す次世代プロテオミクス技術の開発を行っている。

現在、16台の質量分析計を有し、幅広いプロテオミクス技術への要請に対応が可能となっている。

■Research Projects

We are developing new proteomic technologies to analyze proteome, a word for the entire set of proteins, and applying these methods to biological and medical researches. We are also providing our new technologies for many researcher as a service department. Our technologies are based on the accurate mass measurement of proteins or peptides such as shot-gun proteomics, targeted proteomics, and peptide mass fingerprinting. We also combine stable isotope labeling including iCAT, iTRAQ, SILAC, or mTRAQ with our proteomic methods to obtain the quantitative information in addition to protein identification. Furthermore, we have invented a new method to acquire large-scale dataset by modifying Multiple Reaction Monitoring (MRM), a method used for individual analysis. We now have sixteen mass spectrometers to fulfill the wide requests from the researchers to the proteomic technology (Figure).

■Major Recent Publications:

1. Nakatsumi Y., Matsumoto M., Nakayama K.I. Noncanonical Pathway for Regulation of CCL2 Expression by an mTORC1-FOXK1 Axis Promotes Recruitment of Tumor-Associated Macrophages. **Cell Rep.** 21: 2471-86, 2017.
2. Yachie N., Robotic Biology Consortium (include M.M. and K.I.N.), Natsume T. Robotic crowd biology with Maholo LabDroids. **Nat. Biotechnol.** 35: 310-2, 2017.
3. Matsumoto M., Matsuzaki F., Oshikawa K., et al. A large-scale targeted proteomics assay resource based on an in vitro human proteome. **Nat. Methods** 14: 251-8, 2017.
4. Matsumoto A., Pasut A., Matsumoto M., et al. mTORC1 and muscle regeneration are regulated by the LINC00961-encoded SPAR polypeptide. **Nature** 541: 228-32, 2017.
5. Okuda S., Watanabe Y., Moriya Y., et al. jPOSTrepo: an international standard data repository for proteomes. **Nucleic Acids Research** 45: D1107-11, 2017.

