

質量分析センター
プロテオミクス分野

Mass Spectrometry Center,
Division of Proteomics

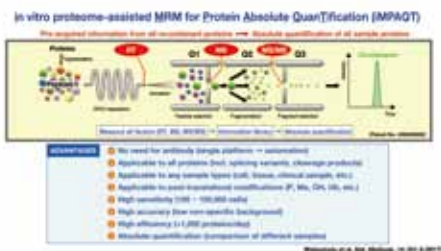
主幹教授(兼任)

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(iPAQTシステム)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, termed iPAQT, 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:

- Shiraishi C., Matsumoto A., Ichihara K., et al. RPL3L-containing ribosomes determine translation elongation dynamics required for cardiac function. **Nature Commun.** 2023. (in press)
- Yumimoto K., Sugiyama S., Motomura S., et al. Molecular evolution of Keap1 was essential for adaptation of vertebrates to terrestrial life. **Sci. Adv.** 2023. (in press)
- Kito Y., Matsumoto A., Ichihara K., et al. The ASC-1 complex promotes translation initiation by scanning ribosomes. **EMBO J.** 2023. (in press)
- Fujinuma S., Nakatsumi H., Shimizu H., et al. FOXK1 promotes nonalcoholic fatty liver disease by mediating mTORC1-dependent inhibition of hepatic fatty acid oxidation. **Cell Rep.** 2023. (in press)
- Oka T., Higa T., Sugahara O., et al. Ablation of p57+ quiescent cancer stem cells suppresses recurrence after chemotherapy of intestinal tumors. **Cancer Res.** 2023. (in press)