

生物学は曖昧になりうる、また医学は非常に複雑な分子混合を扱うことに関与する。ノースウエスタン大学で開発された新技術は、タンパク質をその原子まで精密計測することで、研究者にある程度の明快さを提供する。

強力な新しいアプローチは、個別イオン質量分析法(I2MS)と言い、膨大な範囲の完全なタンパク質の正確な質量を決定することができる。それは、個々の分子および全ての分子を個別に評価する。この機能は、病気や感染の理解に役立つと見られており、コロナウイルスのような致死性のウイルスのワクチン設計を促進する。

この根本的に新しい方法の詳細は、**Nature Methods** に発表された。同方法は、タンパク質の単一分子、あるいはウイルス全体などの集合体を評価するものである。

研究者によると、市販の **Orbitrap** 質量分析システムを使用するその方法は、完全なタンパク質の非常に複雑な混合に使用できる。また内部に多様なカーゴをもつウイルス粒子全体にも使用できる。この能力と多様性により、精度の高い分子の新しい波を多様な問題に持ち込み可能になる。ワクチン開発、ウイルス学、神経変性プラーク、生物に一般的な病気などである。

「ウイルスの質量やその感染カーゴを素早く明らかにすることは、起こりつつある変異を研究者が徐々に理解する上で役立つ」と研究リーダー、**Neil L. Kelleher** は話している。

「様々なウイルス株を直接明らかにするか、多様なワクチン製剤をプロファイリングするにしても、今日の最も緊要な問題を追及するためにわれわれの新技術は、これらタンパク質を含むサンプルに直接導入できる」。

Kelleher は、トップダウンプロテオミクスのパイオニア、完全なタンパク質を研究する世界の主要グループの一人。

同氏によると、その技術は、研究者がウイルスの外殻(カプシド)の組成および、カプシド内の感染カーゴの理解を深める際に役立つ。研究者は一度に少数のシングルウイルス粒子を分析できるので、各粒子の正確な変異について情報を引き出せる。

「多くの研究グループが、生命を救う薬剤を患者に提供する手段として、カーゴで満たされたウイルスカプシドの利用を研究している。われわれの技術は、カーゴが正しい薬剤を持っているかどうかを判断し、各ウイルス粒子内に実際に存在するものを見つけ出す実用的な方法を提供する」と論文の筆頭著者、Jared O. Kafader は説明している。

同氏は、ノースウエスタン Proteomics Center of Excellence のシニア研究助手(プロテミクスは、タンパク質構造と機能の研究と分析)。

Kelle Journal of Proteome Research に最近発表された同グループによる関連研究は、I2MS 分析を完全な種の分化に拡張している。完全なタンパク質を分解することで、タンパク質の変更または変異があるところについての重要な情報が特定できる。これらの変異は、ガン患者でたんぱく質がどのように変化し、変異するかを理解に密接な関係がある。

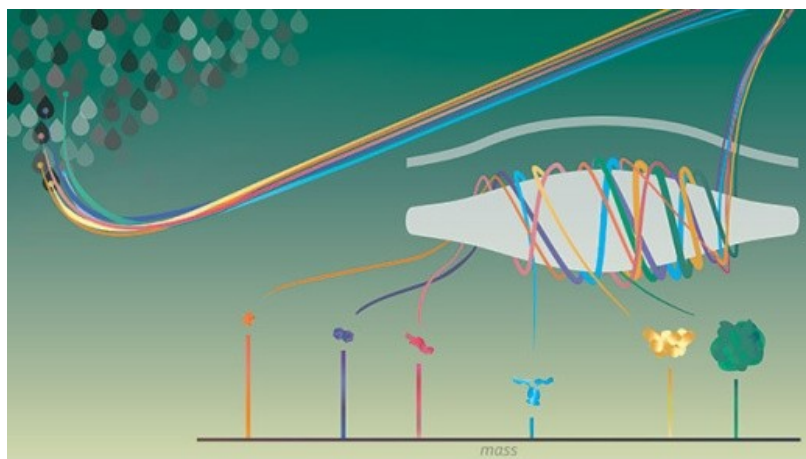


図 1 商用で利用できる Orbitrap アナライザの周りに回転するタンパク質またはウイルスのような粒子がその正確な質量を決める(Credit: Michael Mullowney)。