

# 第51回 生体制御学セミナー

## 精密質量分析器を用いた ノンターゲット化合物分析

岡崎 孝映 博士

かずさ DNA 研究所

場所：理学部講義実習棟 1階 1番教室

日時：12月26日、15:00～16:00

### 概要：

複数サンプルの比較で特異性を指標に物探し(スクリーニング)する技術は、研究・開発の初期において重要なステップであることが多い。比較対象となるのは mRNA や蛋白質であるのが一般的であり、それらについてはゲノム情報を駆使した完成度の高い様々な方法が確立している。一方、化合物を比較対象として特異性を見出すことは様々な分野・目的で要望されるが、そのための技術は遅れている。その理由には以下の事情が挙げられる。

- 1、mRNA や蛋白質における「正解」はゲノム情報で規定された「有限」の中から探すことができるのに対し、化合物における「正解」は「有限」の中に収まらない。それは化合物が外界から生体内に取り込まれること、自然界に存在する化合物の大半が未知であることによる。
- 2、mRNA や蛋白質の構造は遺伝子の一次配列から容易に推定できるのに対し、化合物の構造はそうでない。
- 3、mRNA や蛋白質は、塩基配列、アミノ酸配列、というデジタル情報として検出できるが、化合物は従来標準物質の測定データというアナログ情報を対照に検出されていた。
- 4、化合物の多様な物性に対応するために個別の技術・機械が必要である。したがって成分分析というと、果実中のビタミン含有量、土壌中のダイオキシン濃度、といった測定対象が限定されたものが一般的で、サンプル中の化合物をノンターゲットで検出し比較するという方向に進みにくかった。

以上のハンディキャップは、近年、化合物を検出する質量分析器の精度が高まり、検出質量値から化合物の分子式を演算できるようになって軽減された。精密質量分析器を用いたノンターゲット化合物分析によるスクリーニングの例を紹介し、近未来に可能となる技術について議論したい。

☆本セミナーは集中講義「遺伝学 II」の一部として開催されます。

理学部遺伝学研究室 田中 秀逸 (内線：4345、Email：[shtanaka@mail.saitama-u.ac.jp](mailto:shtanaka@mail.saitama-u.ac.jp))