

蛋白質同定受託解析

解析を行う蛋白質群をIn Solution digestion法や、In gel digestion法を用いて、断片化したペプチドを微量高速液体クロマトグラフィー（EASY-nLC 1000）に直結した質量分析機（Q-Exactive）に導入して解析を行い、発生するデータをProteome Discovererソフトウェアで試料中に含まれる蛋白質の同定（SEQUEST、MASCOT、ZCore）を行います。本解析システムでは、試料が微量であっても高感度で、複数の蛋白質から派生する多数のペプチドのMS/MSデータを同時検出するため、多数蛋白質混合物から含まれる個々の蛋白質を同定する信頼性は極めて高くなります。なお、トリプシン等タンパク質分解酵素処理済みのサンプルのみの受託となっていますので予めご了承下さい。なお、質量分析後データ解析を行います。その際にはできるだけ研究者の立会をお願いします。また、さらなる解析は研究者ご自身でお願いします。

受託方法	担当者にメールで依頼書を添付して依頼してください。	
担当者	田中敦	
解析利用料金	5,000円/サンプル（暫定適用）	
分析装置	EASY-nLC 1000/Q-Exactive (ThermoFisher Scientific)	
サンプル	凍結乾燥品（トリプシン等で溶液中またはゲル断片内蛋白質をペプチド消化した物）	
解析必要量	1µg程度（サンプルを可溶化後、定量し、300ng程度を解析する）	
分析例	BSA 20fmol	