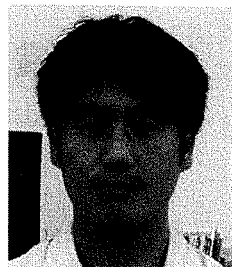


会誌賞

山田尚之氏 (味の素株式会社 ライフサイエンス研究所)



〔対象記事〕 MSによるアミノ酸配列解析の最前線—微量化と自動化—

[*J. Mass Spectrom. Soc. Jpn.*, 48, 187-192 (2000)]

山田尚之氏は、1990年に千葉大学大学院理学研究科有機化学専攻修士課程を終了後、味の素株式会社ファイン研究所に配属となり、医薬品遺伝子組換えタンパク質の発現・リフォールディング・精製および一次構造解析、翻訳後修飾、安定性などの研究を行った。その後、1995年に同・中央研究所 分析研究部 (現ライフサイエンス研究所) に配属となり、質量分析を用いたタンパク質の構造研究を開始した。翌1996年にイオントラップ型質量分析計と同時に、タンパク質同定プログラム SEQUEST を導入し、さらにこれを、ナノ-LCと接続することにより、LC/MS/MSによる微量タンパク質同定システムの構築を行った。また、このナノ-LC/MS/MSを用いて、生体内の重要な免疫関連ペプチドであるMHC分子結合ペプチドの同定や抗体の全アミノ酸配列解析および糖鎖構造解析、プロテオミクスへの展開を行ってきた。このように世界でも早期に、現在のプロテオーム解析の基盤技術である微量のタンパク質同定システムを自前で作り上げたことにより、1999年の第26回BMSコンファレンスで、「MSによるアミノ酸配列解析の最前線—微量化と自動化—」というタイトルで講演を行った。

今回の受賞対象は、この講演の内容をまとめ、日本質量分析学会誌に寄稿されたものである。日進月歩のプロテオーム解析の分野におけるMSを用いたタンパク質同定に関して、微量化と自動化という観点で、現状と今後の期待について、わかりやすくまとめた解説である。また、同氏は、1998年に開催された質量分析講習会アドバンストコース (日本質量分析学会主催) にて、「蛋白質の構造解析とプロテオーム解析」の講師を務めており、プロテオミクスに関するMSの重要性を早い時期から日本の研究者に紹介してきた。本記事は、近年、わが国で突如起こったプロテオーム解析熱に侵された専門の異なる研究者に対し、たいへんわかりやすく、タイムリーな解説であることから、2002年度日本質量分析学会会誌賞に相応しいと認められた。

関連論文等

- 1) H. Tomiyama, N. Yamada, H. Komatsu, H. Hirayama, and M. Takiguchi, A single CTL clone can recognize a naturally processed HIV-1 epitope presented by two different HLA class I molecules. *Eur. J. Immunol.*, **30**, 2521-2530 (2000).
- 2) K. Hirayama, R. Yuji, N. Yamada, K. Kato, Y. Arata, I. Shimada, Complete and rapid peptide and glycopeptide mapping of mouse monoclonal antibody by LC/MS/MS using ion trap mass spectrometry. *Anal. Chem.*, **70**, 2718-2725 (1998).
- 3) 山田尚之, 蛋白質の構造解析とプロテオーム解析 日本質量分析学会主催 質量分析講習会アドバンストコース 1998年12月.
- 4) 山田尚之, ナノ-LC/MS/MS法を用いた, MHC分子が提示する抗原ペプチドの構造解析 第46回質量分析総合討論会 シンポジウム「基礎医学領域におけるMS応用の状と成果」1998年5月.