

## 会 誌 賞

吉野 健一 氏 [神戸大学バイオシグナル研究センター, 博士(理学)]

大城 紀子 氏 [神戸大学バイオシグナル研究センター, 博士(医学)]

徳永 千春 氏 [神戸大学バイオシグナル研究センター,  
現所属 大阪市立大学大学院医学研究科, 博士(医学)]

米澤 一仁 氏 [神戸大学バイオシグナル研究センター\*, 医学博士]



吉野健一氏

〔対象論文〕 質量分析法と配列データベースを利用するタンパク質同定法

[吉野健一, 大城紀子, 徳永千春, 米澤一仁, *J. Mass Spectrom. Soc. Jpn.*, **52**, 106-129 (2004)]

筆頭著者の吉野健一氏は 1992 年 3 月, 金沢大学大学院自然科学研究科を修了, 「精子活性化ペプチドの構造に関する研究」により博士(理学) の学位を取得した. 1992 年 4 月より日本学術振興会特別研究員 PD (化学系) に就き, 大阪大学蛋白質研究所蛋白質有機化学部門の博士研究員としてタンパク質や糖質などの生体機能高分子を対象とする質量分析学の研究を行った. その後, 国立小児病院小児医療研究センター (現 国立成育医療センター研究所) 感染症研究部, 博士研究員および研究員, Medizinische Hochschule Hannover (ハノーファー医科大学) 生化学研究部客員研究員 (アレキサンダー・フォン・フンボルト財団奨励研究員) を歴任しながら, 主として病原細菌が産生する毒素タンパク質の構造解析に関する研究を行った. 1999 年 9 月, 現職である神戸大学バイオシグナル研究センター助手に着任, 質量分析法を利用したタンパク質およびその翻訳後修飾基の構造解析に関する研究を行い, 主としてラパマイシン標的タンパク質が司る細胞成長制御機構を担うタンパク質の探索やその構造解析, 機能解析に関する研究に応用している. 2002 年 4 月より神戸松蔭女子学院大学講師 (非常勤) を兼任している.

大城紀子氏は, 1996 年 3 月東京大学農学部を卒業. 1999 年 3 月奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科, 博士前期課程を修了. 2003 年 3 月神戸大学大学院医学研究科, 単位取得退学, 2004 年 3 月博士 (医学) の学位を取得した. 日本学術振興会特別研究員 (DC1), 神戸大学 21 世紀 COE 研究員を経て, 2005 年 4 月より神戸大学バイオシグナル研究センター助手.

徳永千春氏は, 1992 年 3 月神戸大学医学部を卒業. 1998 年 3 月同学大学院医学研究科を修了, 博士 (医学) の学位を取得した. 神戸大学バイオシグナル研究センター研究員を経て, 2001 年 5 月より同センター助手, 2005 年 3 月より大阪市立大学大学院医学研究科後期臨床研究医.

米澤一仁氏は, 1981 年 3 月神戸大学医学部を卒業. 1987 年 3 月同学大学院医学研究科を修了, 医学博士の学位を取得した. スタンフォード大学医学部研究員, ハーバード大学医学部研究員等を経て, 1996 年 9 月より神戸大学バイオシグナル研究センター教授.

ヒトゲノムを構成する全 DNA 塩基配列読み取りプロジェクトの完了を受け, この情報を有効に利用することによって生体機能を包括的に理解することに加え, 疾患の診断や治療に利用するための研究が盛んに行われている. このような研究を効率よく進めるうえで質量分析法は極めて有用であることから, 生命科学領域における質量分析法の利用が急激に増加している. 生体機能の大部分を担っている分子がタンパク質であり, 質量分析法によって試料からタンパク質の構造情報を取得し, 配列データベース検索を利用することによってタンパク質やその翻訳後修飾基を同定するなどの一連の構造解析が行われている. しかしながら, これらの解析工程における自動化, 電算化が進む一方で, 利用する方法の原理や意義, その方法論としての限界に対する理解が伴っていない現状が表面化している. 方法論に対する正しい理解を抜きにしては科学的に有効な意義のある結果を得ることはできない. 加えて, すでに定義されている学術用語の明らかな誤用や, 原著

\* 2005 年 7 月 8 日逝去

の内容を正確に理解していないゆえに起こる不適切な記述など、急速に発達したがために、この解析工程の利用者には誤解を含めた若干の混乱がみられる。これらの問題は、質量分析学が他の多くの学問分野、研究領域と融合しながら発展していく現在の状況と深く関連している。

このような背景を鑑みて本解説論文は執筆された。冒頭の「はじめに」では、ゲノム配列情報を基盤とした生命科学研究の方向性ととともに、質量分析法を利用したペプチド・タンパク質の構造解析の歴史が述べられている。つづく「概要」では、試料の前処理法と代表的な装置および配列データベース検索に関する方法論がまとめられている。そして本解説の核をなしているのが各種データベース検索法に関する17ページにわたる詳細な記述である。著者らが学生実習の副読本を意図しているだけあって、専門家でも間違いやすく込み入った内容が、単純明快な図表とともに、平易かつ丁寧に解説されている。2種類の主要な検索方法であるPeptide Mass Fingerprinting (PMF) 法とProduct Ion Mass Fingerprinting 法の説明は、原著を正確に理解した記述がなされ、著者らによる研究成果の実例も交えており、説得力のある優れた解説である。PMF法やプロテオームの概念が誕生して10年以上の年月が経過し、質量分析の経験が浅いユーザーも増加しているなか、質量分析の初心者に対しても、真の理解が得られるような配慮が随所にみられる記述がなされている。

特筆すべきは、「Product Ion Mass Fingerprinting」という総称の命名が著者らによってなされている点である。方法論として確立していながら、ソフトウェアの固有名詞や方法論的な誤解を内包した命名など、この方法を的確に表現した総称はこれまで提案されていなかった。著者らは的確な総称が存在しないことがこの方法論の原理に対する誤解を生じさせている一つの要因であると考え、Product Ion Mass Fingerprinting という総称を提案している。

最後の「おわりに」の項で、装置使用を含めた実験・検索部分のブラックボックス化に対する注意の喚起と、プロテオミクスに代表される新しい学問を支えた研究成果の概観によって総括としている。

以上のとおり、本著は、質量分析学がこれまで重要な貢献をしてきた配列データベースを利用するタンパク質同定法の方法論に関する筋の通った一級の論説である。また、その内容が多く原著論文や総説を入念に調査した著者らの努力に裏打ちされていることも明らかである。本著によって、プロテオミクス領域における質量分析の経験が浅い読者のみならず、ある程度経験を積んでいる読者にとっても、配列データベース検索における質量分析的な方法論を正しく理解することが可能となり、質量分析学の普及と発展に大きく貢献した著作である。これからも長く読み継がれることが期待できる解説であり、日本質量分析学会誌賞に相応しいと認められた。