

メタボローム研究: CE-MSを用いた 細胞内代謝物質の大規模解析

近年、モデル生物でゲノムの全塩基配列を解読することに成功し、トランスクリプトーム、プロテオームの大規模研究が盛んである。研究の現場では遺伝子の発現からタンパク質、代謝物質までの網羅的な解析とシステム生物学が、生命現象の理解には不可欠であることが再認識されつつある。

そんな中代謝物質を網羅的に測定するメタボローム解析が注目を集めている。慶應義塾大学先端生命科学研究所は、世界に先駆けて大規模なメタボローム解析を行うだけでなく、大学発ベンチャー、HMT社を設立した。

今回はそのコア技術の開発者である、曾我先生をお迎えし、具体的な解析技術から最新の研究、ベンチャー企業の設立まで幅広く伺った。



曾我 朋義 そがともよし: 慶應義塾大学環境情報学部助教授

1984年慶應義塾大学工学部応用科学科卒業、工学博士(豊橋技術科学大学)。

横河電機(株)、横河アナリティカルシステムズ(株)を経て現職。ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ(株)取締役(兼任)。

PLANET 高橋政知写真事務所 ©

研究者への道のり

インタビュー

よろしくお願ひ致します。曾我先生は変わつたご経歴で研究の道に入られたと伺っています。もともと生物学の分野で研究者を目指してきたのではないそうですが?

曾我先生

私は慶應の工学部応用化学科で抗生物質の有機合成をやっていました。合成自体は面白く続けたかったのですが、緒事情により4年で就職することになりました。今も同じだと思いますが、化学系は修士を出てないと研究職に就けませんでした。会社でも研究開発をどうしてもやりたかったので探していたら、横河電機の先輩から、うちだったら学部卒でも研究開発がでけると言われ、入社を決めたのですが、何と営業に配属されちゃったのです! 失意のまま営業に行きました。営業畑で生きていくことも考えられましたが、人生は一度きりなので悩んだ末、上司に自分はどうしても研究開発をしたいので会社を辞めたいと伝えたら、一ヶ月後にいきなり技術部に異動になりました。それから現在まで分析法の開発に携わっています。熱意が伝わったのでしょうか、とあえず言ってみるものだなあと思いました(笑)。

インタビュー

なるほど、今のリストラ社会では怖くて言えないです(笑)。でもなぜアカデミックの領域にいらしたかったのですか?

曾我先生

大学で研究者になるなんて考えたこともありませんでした。実際、最初は普通に働いていました。ある時、部長に「曾我君、化学屋が評価されるのは論文だけだよ」と言われ、この言葉に触発されて、また失恋直後で暇だったので土日に実験し論文を書き始めたのです。

最初の論文は32歳の時でした。そのうち新たな分析法を開発して論文にすることが楽しくなり、5報くらい書いた頃、ある先生から論文博士の存在を知らされました。途中から博士論文に使えるようなテーマを選んで論文を集中して書きました。博士論文はそれらの論文をつなげるだけだったので一週間で完成しました。学位が取れると大学や研究所の研究職に応募することが可能になりました。その頃のバイオ市場は1兆円でしたが、10年後には25兆になると言われていました。ほとんどの産業が不況にあえいでいる中、10年で25倍の市場というのは衝撃でした。そのころ「精神と物質」という本に出会い、生命科学の面白さに取り憑かれてました。会社に頼み込んで一週間バイオの専門学校のトレーニングコースにも参加しました。自分の分析技術をバイオの世界で生かしたいと思うようになり、いろんな雑誌が届く度に研究者求人欄をチェックしていました。ところが、ほとんどの研究所は、バイオの実務経験があることを応募の条件としていました。これはやっぱり難しいかなあと思っていて、慶應大学先端生命科学の応募を見つけた。CE-MS、LC-MSが出来る人と書いてありました。当時世界中を見渡してもCE-MS法を開発している人は10人もいなかったと思います。母校でもあるし、これはひよっとするかもと思い応募しました。

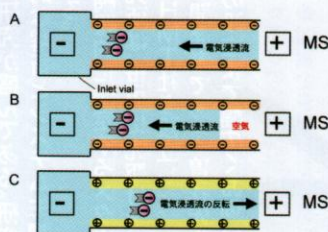
CE 代謝物質を分離



(図1) CE-MSによる代謝物質一斉分析法

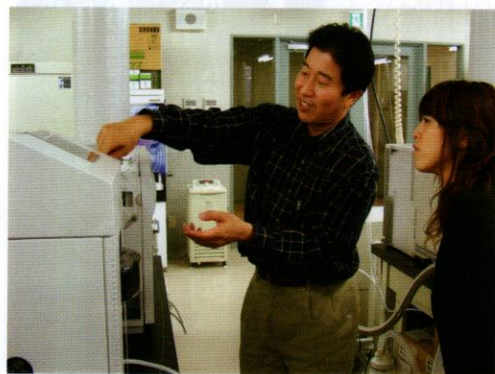
高電圧をキャピラリーに印加すると陽イオンは陰極へ、陰イオンは陽極へ移動しながら分離する。陰極および陽極に質量分析器(MS)を接続すれば、各イオンをその物質が固有に持つ質量数により選択的に検出することができる。NはNeutral(中性物質)、EOFはElectroosmotic Flow(電気浸透流)

S法の理



(図2) CE-MSによる陰イオン化合物の測定法

通常使用するフューズドシリカキャピラリーでは電気浸透流が陰極方向に発生し(A)キャピラリーの出口に空気が入るため、電流が流れなくなる(B)。これを解決するため、表面がプラスに帯電したSMILE(+)キャピラリーを用いて、電気浸透流を反転することにより、陰イオン性化合物の測定が可能になった(C)。



曾我先生
ではまず測定方法からお話します。はじめに細胞から代謝物質を抽出します。このサンプル調製の作業が、メタボロームの研究を行う上で極めて重要です。細胞はストレスを受けると瞬時に代謝が亢進してしまうからです。したがって代謝を瞬時に止める必要があります。我々は現在メタノールを用いて前処

理する方法を採用しています。その後、液々抽出、限外ろ過フィルターを用いて複雑成分除去し、凍結乾燥で代謝物質を濃縮後、CE-MSで測定します。メタボローム測定法の開発で苦労した点は、先ほど述べたようにCE-MSでは極めて困難であった陰イオン化合物の測定技術を開発したことです。具体的には、特殊な(表面に塩基性物質をコーティングした)キャピラリーに高電圧を印加したときに発生する電気浸透流を、陽極方向に反転することで、陰イオン性物質の測定を可能にしました。(3)CE-MSでは、陰イオンを測定する場合、電流値が流れなくなる現象が起きることが大きな問題となっていました。いろいろ試行錯誤した結果、CE-MSのように陽極側にバッファーバイアルがない場合に限り、電流が落ちる事に気付きました。電気浸透流は陽極から陰極方向に流れるため、陰イオ

曾我先生
そうですね。ではバイオは先端生命研にいらつやつから始めたということですか。そうなんです。でも未だにバイオは素人です(笑)。

曾我先生
メタボローム解析とは、様々な状態の細胞の代謝物質(メタボローム)を網羅的に測定し、細胞や環境によって代謝反応がどのようにおきているかを統合的に解析することです。細胞から代謝

物質を抽出し、分析装置を使って網羅的に代謝物質を測定します。代謝産物の数は大腸菌など微生物で数百以上、一番多い植物では数万と言われています。私は最大数万の代謝物質を一度に測定するには、キャピラリー電気泳動(CE)とMSを組み合わせたCE-MS法しかないと考えました。実際には、細胞から抽出した代謝物質を、内径が50μm、長さが1mの中空のキャピラリー(毛細管)の一端に注入し、数万ボルトの高電圧を両端の電極に加えます。陽イオン性代謝物質は陰極方向に泳動するので、陰極にMSを接続すれば、陽イオン性物質は全てMSに導入されます。MSでその代謝物質が固有にもつ質量数でモニターすることにより代謝物質を網羅的に検出することが可能になります。陰イオン性代謝物質は全て陽極方向に泳動されるので、陽極にMSを接

曾我先生
基礎研究レベルでのCE-MSの論文は幾つか発表されていきました。しかし測定対象はせいぜい10成分くらいでした。またCE-MSによる陰イオン性の化合物の測定はまだ誰も成功していませんでした。CE-MSによる陰イオンの測定法を開発し、微生物から一度に数千個の代謝物質の分析を可能にしたのは、私たちのグループが世界ではじめてです。

メタボローム測定法の開発で苦労した点は、先ほど述べたようにCE-MSでは極めて困難であった陰イオン化合物の測定技術を開発したことです。具体的には、特殊な(表面に塩基性物質をコーティングした)キャピラリーに高電圧を印加したときに発生する電気浸透流を、陽極方向に反転することで、陰イオン性物質の測定を可能にしました。(3)CE-MSでは、陰イオンを測定する場合、電流値が流れなくなる現象が起きることが大きな問題となっていました。いろいろ試行錯誤した結果、CE-MSのように陽極側にバッファーバイアルがない場合に限り、電流が落ちる事に気付きました。電気浸透流は陽極から陰極方向に流れるため、陰イオ

曾我先生
そうですね。でもこの話にはオチがあるんです。富田所長、西岡教授は私を採用候補にあげてくれたそうです。それでわざわざ私を誘いに來られたそうです。運悪くお会いできなかったのですが。そうこうしているうちに私が応募してきちゃったみたいです(笑)。

曾我先生
話は核心に入ります。最近メタボロームという言葉をよく聞くようになりました。しかし、具体的にメタボロームを解析すると何が分かるようになるのか、実際にどのような研究を展開するのか、何が今後の課題で面白いのかなど、まだ知られていない部分も多いと思います。メタボローム研究の醍醐味についてお話を伺えればと考えています。

物質を抽出し、分析装置を使って網羅的に代謝物質を測定します。代謝産物の数は大腸菌など微生物で数百以上、一番多い植物では数万と言われています。私は最大数万の代謝物質を一度に測定するには、キャピラリー電気泳動(CE)とMSを組み合わせたCE-MS法しかないと考えました。実際には、細胞から抽出した代謝物質を、内径が50μm、長さが1mの中空のキャピラリー(毛細管)の一端に注入し、数万ボルトの高電圧を両端の電極に加えます。陽イオン性代謝物質は陰極方向に泳動するので、陰極にMSを接続すれば、陽イオン性物質は全てMSに導入されます。MSでその代謝物質が固有にもつ質量数でモニターすることにより代謝物質を網羅的に検出することが可能になります。陰イオン性代謝物質は全て陽極方向に泳動されるので、陽極にMSを接

曾我先生
基礎研究レベルでのCE-MSの論文は幾つか発表されていきました。しかし測定対象はせいぜい10成分くらいでした。またCE-MSによる陰イオン性の化合物の測定はまだ誰も成功していませんでした。CE-MSによる陰イオンの測定法を開発し、微生物から一度に数千個の代謝物質の分析を可能にしたのは、私たちのグループが世界ではじめてです。

メタボローム測定法の開発で苦労した点は、先ほど述べたようにCE-MSでは極めて困難であった陰イオン化合物の測定技術を開発したことです。具体的には、特殊な(表面に塩基性物質をコーティングした)キャピラリーに高電圧を印加したときに発生する電気浸透流を、陽極方向に反転することで、陰イオン性物質の測定を可能にしました。(3)CE-MSでは、陰イオンを測定する場合、電流値が流れなくなる現象が起きることが大きな問題となっていました。いろいろ試行錯誤した結果、CE-MSのように陽極側にバッファーバイアルがない場合に限り、電流が落ちる事に気付きました。電気浸透流は陽極から陰極方向に流れるため、陰イオ

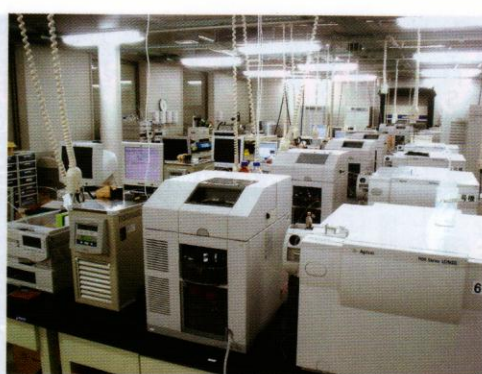
曾我先生
そうですね。でもこの話にはオチがあるんです。富田所長、西岡教授は私を採用候補にあげてくれたそうです。それでわざわざ私を誘いに來られたそうです。運悪くお会いできなかったのですが。そうこうしているうちに私が応募してきちゃったみたいです(笑)。

曾我先生
話は核心に入ります。最近メタボロームという言葉をよく聞くようになりました。しかし、具体的にメタボロームを解析すると何が分かるようになるのか、実際にどのような研究を展開するのか、何が今後の課題で面白いのかなど、まだ知られていない部分も多いと思います。メタボローム研究の醍醐味についてお話を伺えればと考えています。

物質を抽出し、分析装置を使って網羅的に代謝物質を測定します。代謝産物の数は大腸菌など微生物で数百以上、一番多い植物では数万と言われています。私は最大数万の代謝物質を一度に測定するには、キャピラリー電気泳動(CE)とMSを組み合わせたCE-MS法しかないと考えました。実際には、細胞から抽出した代謝物質を、内径が50μm、長さが1mの中空のキャピラリー(毛細管)の一端に注入し、数万ボルトの高電圧を両端の電極に加えます。陽イオン性代謝物質は陰極方向に泳動するので、陰極にMSを接続すれば、陽イオン性物質は全てMSに導入されます。MSでその代謝物質が固有にもつ質量数でモニターすることにより代謝物質を網羅的に検出することが可能になります。陰イオン性代謝物質は全て陽極方向に泳動されるので、陽極にMSを接

曾我先生
基礎研究レベルでのCE-MSの論文は幾つか発表されていきました。しかし測定対象はせいぜい10成分くらいでした。またCE-MSによる陰イオン性の化合物の測定はまだ誰も成功していませんでした。CE-MSによる陰イオンの測定法を開発し、微生物から一度に数千個の代謝物質の分析を可能にしたのは、私たちのグループが世界ではじめてです。

メタボローム測定法の開発で苦労した点は、先ほど述べたようにCE-MSでは極めて困難であった陰イオン化合物の測定技術を開発したことです。具体的には、特殊な(表面に塩基性物質をコーティングした)キャピラリーに高電圧を印加したときに発生する電気浸透流を、陽極方向に反転することで、陰イオン性物質の測定を可能にしました。(3)CE-MSでは、陰イオンを測定する場合、電流値が流れなくなる現象が起きることが大きな問題となっていました。いろいろ試行錯誤した結果、CE-MSのように陽極側にバッファーバイアルがない場合に限り、電流が落ちる事に気付きました。電気浸透流は陽極から陰極方向に流れるため、陰イオ



私は最大数万の代謝物質を一度に測定するには、キャピラリー電気泳動(CE)とMSを組み合わせたCE-MS法しかないと考えました。(談)

メタボローム研究とは？ (日本発の新技术の開発)

インタビュー

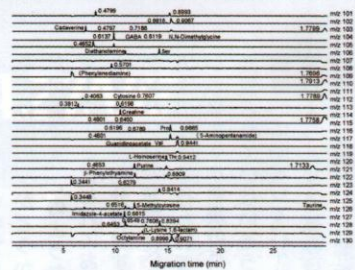
話は核心に入ります。最近メタボロームという言葉をよく聞くようになりました。しかし、具体的にメタボロームを解析すると何が分かるようになるのか、実際にどのような研究を展開するのか、何が今後の課題で面白いのかなど、まだ知られていない部分も多いと思います。メタボローム研究の醍醐味についてお話を伺えればと考えています。

インタビュー

基礎研究レベルでのCE-MSの論文は幾つか発表されていきました。しかし測定対象はせいぜい10成分くらいでした。またCE-MSによる陰イオン性の化合物の測定はまだ誰も成功していませんでした。CE-MSによる陰イオンの測定法を開発し、微生物から一度に数千個の代謝物質の分析を可能にしたのは、私たちのグループが世界ではじめてです。

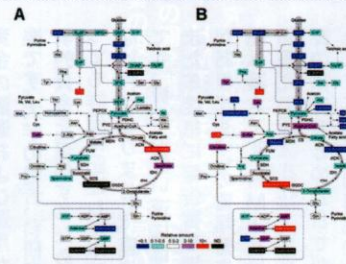
インタビュー

基礎研究レベルでのCE-MSの論文は幾つか発表されていきました。しかし測定対象はせいぜい10成分くらいでした。またCE-MSによる陰イオン性の化合物の測定はまだ誰も成功していませんでした。CE-MSによる陰イオンの測定法を開発し、微生物から一度に数千個の代謝物質の分析を可能にしたのは、私たちのグループが世界ではじめてです。



(図3) CE-MSによる枯草菌168株のT_{0.5}(対数増殖期)の陽イオン性代謝物質の測定結果

101から130までの各m/zで検出している。この方法を用いて、70から1000までの全m/zでモニターする事により、イオン性代謝物質の網羅的な測定が可能になった。Soga T, et al: J Proteome Res (2003) 2: 488-494より改変して引用。



(図4) 枯草菌の胞子形成期における主要代謝物質の変化量

A: T_{0.5}(対数増殖期)に対するT₀(胞子形成初期)の代謝物質の変化量。
B: T_{0.5}(対数増殖期)に対するT₂(胞子形成初期T₀から2時間後)の代謝物質の変化量。各色は代謝物質の変化量を示している。青は0.1倍以下、水色は0.1~0.5倍に減少量は0.5~2倍の増加、マゼンタは2~10倍、赤は10倍以上の増加を表している。ND; not detected. Soga T, et al: J Proteome Res (2003) 2: 488-494より引用。

CE-MS
原

のような結果が得られていますか。また現在の課題について教えてください。

曾我先生

最初の実験では枯草菌を用いました。枯草菌の胞子形成時の解糖系、TCA、ペントースリン酸回路の遺伝子発現のマイクロアレイデータはすでに論文発表されており、遺伝子の発現レベルだけ見た場合、胞子形成期には関係する全ての遺伝子の発現が抑制されていることが分かっています。ところがこの経路の代謝物質を実際に測った結果、一部の代謝物質は逆に増えていることが確認されたのです(4)。従ってメタボローム解析によって遺伝子発現だけ見ても全てが分からないことが実証されました。(図3・4)

測定という観点では、様々な生物の細胞内に存在する低分子のイオン性物質をほとんど全て検出することは可能です。しかし解決すべき問題もたくさんあります。例えば枯草菌の場合、検出されたピーク数は一六九二成分で、そのうち物質名が特定できたのは一七〇成分です。約10%しか成分名が特定されていないのです。残りの90%は未知成分です。今はこの未知成分が何であるかを特定する同定方法の開発にチャレンジしています。

インタビュー

具体的にはどのような切り口で考えているのですか？例えばMSの技術開発とか？

曾我先生

物質が特定できない最大の問題はほとんどの代謝物の標準物質が市販され

ていないことです。KEGGに登録されている約一万種類の代謝化合物のうち約80%の代謝物は標準物質が入手できません。したがってこれらの代謝物質を同定することができないのです。ただ質量数は分かっているので、2種類のMSを組み合わせて化合物名が未知の物質を特定する方法を検討しています。

(5) 1つはCE-TOFMSの採用です。理由はTOFMSは精密質量(ミリMS)まで測定できるからです。質量数120のものも120.215とか120.092まで測れる。するとその物質の組成式を決定することができます。つまり水素の場合、精密質量は1.0078、炭素は基準元素で12.0000ですが、酸素は15.9949で窒素は14.0031です。TOFMSだと、小数点以下3桁まで正確に測定できるので、元素の質量数の組み合わせから未知成分の組成式を特定することができるのです。炭素が6個で水素が11個のように、次にKEGGに登録されている化合物群の中から、組成式が同じ物質を選択します。この組成式による選択で、うまくいけば候補が一種類に特定できます。特定できなくても多くて10種類くらいに候補化合物を絞ることができます。ここで更にもうの1つ違うMS、CE-MS/MSを使うのです。

CE-MS/MSは、検出された分子イオンにガスを衝突させて分子をさらに断片化し、その断片を検出することができます。測定対象となる化合物(分子量120)は例えば2つに断片化されて、103と17の断片化合物が検出されたとしても、分子量120との差を見ると、差が17なのでアミノ基が取れたとか、差が103なのでカルボキシル基が取れたことがわかります。つまりこの物質はアミノ基

やカルボキシル基を持つことが分かるのです。そうやって各未同定物質の組成式と官能基情報をCE-TOFMSとCE-MS/MSで採取し、代謝データベースにある化合物の中からその未知物質を特定しようと思っています。

大学発ベンチャー
ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ
(HMT)社について

インタビュー

慶應で開発された技術をもとに、二〇〇三年七月には大学発ベンチャー企業ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ(株)(HMT社)が設立されたと聞いています。その狙いはどこにあるのでしょうか？



未同定物質の組成式と官能基情報をCE-TOFMSとCE-MS/MSで採取し、代謝データベースにある化合物の中からその未知物質を特定しようと思っています。(談)

曾我先生

HMT社は現在、ミツカングループ本社、味の素、発酵研究所と微生物発酵に関する共同研究を行っています。発酵過程の微生物をメタボローム解析することで今までフラクショナル解析できなかった細胞内の各代謝物質の濃度が測定され、この経路にどれだけの物質が出来ているか網羅的に測定することができるようになりました。余計な経路に代謝が流れないように微生物を改造することで、目的物質の生産性の向上を図ることが可能です。またメタボローム解析により、これまで見落としていた抗生物質等の新規有用物質を発見できるのではないかと期待されています。

微生物への応用も重要で大変興味がありますが、HMTはヒューマンメタボロームテクノロジーの各社の名前通り、最終的にはヒトに行きたい。狙いは病気の診断や創薬です。現在ガンの診断は、その組織を摘出し、見てみないと正確にガンかどうか分からないのです。しかし仮に、血中とか尿中にガン患者には必ず検出され、健康人には見つからない物質が存在すれば、尿検査を行いその物質の有無を測定するだけでガンかどうか診断することが可能です。このような物質はバイオマーカーと言われており、現在非常にホットな研究分野です。主に遺伝子やタンパク質の発現レベルでバイオマーカーの探索は行われています。しかしなかなか新規のバイオマーカーは発見されていないそうです。代謝物を網羅的に測定してバイオマーカーを探索しようとする試みは新しい切り口です。メタボローム解析でバイオマーカーを発見して特許を取得し、将来的には国内外の大手製薬会社と共同研

究をして薬を上市するのがHMT社のビジネスプランです。現在すでにHMT社ではバイオマーカーの探索も開始しています。ガン細胞と正常細胞は、代謝物レベルでみればなんらかの差が出てくる可能性が極めて高いと考えています。まあ期待していただく(笑)。

インタビュー

ベンチャーの設立の経緯や、実際に作られてどのように感じてらっしゃるか教えてください。

曾我先生

HMT社ができたのは二〇〇三年七月です。以前、民間企業にいましたから、また民間企業へのついでという印象はありました。企業は利益が全てというところも実感していたので、別にベンチャー化しなくてもこのまま研究できればいいやとも思っていました。ただ時代は波というか、産学官連携の重要性が最近高まっているので設立を決意しました。

実際にベンチャーを設立してみると良いことづくめです(笑)。まず研究資金の調達および運用ががはるかに楽です。大学の場合、科研費のような競争的資金を獲得するために、小額であっても詳細に記述した申請書を提出しなければなりません。連立採択されても、資金の使い道には制限が多く、また年度毎に報告書を提出する必要があります。この書類書きに費やす時間は莫大です。HMT社は企業との共同研究で運営されているため、一流企業の研究者との打合せが活発に行われます。この共同研究からこれまで知ることができなかった、最先端の知見を多く得ることが出来ます。個人的に

は大学の研究者はほとんどベンチャー企業を作ったほうが良いと思います。視野が広がりますし、世の中のニーズがわかります。また先ほど述べたように高額な研究資金の調達が可能になります。

次世代研究者へのメッセージ

インタビュー

タイテックマガジンでは次世代研究者へのメッセージをお願いしています。曾我先生からはどのようなメッセージを頂けますか。

曾我先生

いつも学生に言っていることは、実験して運良く成功しても得るものは満足感しかないということです。実験が成功すると考えることはあまりありません。失敗するからです。実験仮説が間違っていたのか、実験条件や手順が悪かったのか、等々。もし失敗の原因が究明し、解決できれば、それは自分だけの知識になります。うまくいけば論文にも特許にもなる。自分の経験を振りかえると、自然界は偉大なもので、その実験結果はそうなるべくしてなっています。だから実験が思い通りにならないことは、初めに立てた仮定が間違っている場合が多い。自然界の偉大さに比べたら自分はなんて浅薄だろうと思ひ知られることの連続です(笑)。私も実験をしていて何でこうなるのだろってわからない事がたくさんあります。でもそうやってくよくよ悩んでいる時間が楽しい。原因がわかってその問題が解決できた時の爽快感、充実感は何ものにも変えがたいものです。

研究者冥利につきます。

だから若い研究者はたくさん失敗し、論理的に考える力を養う。その方が将来伸びると思います。あとは一定のレベルで満足したらその人は終わりです(笑)。常に高い野心(目標)をもって挑戦し続けることが大事では。皆さんの健闘をお祈りします。

インタビュー

自分の専門分野では誰にも負けな知識や経験をもとに、新しい分野にチャレンジする、そんな曾我先生がとても印象的でした。今日は忙しい中、ありがとうございました。

編集後記

タイテックマガジンの「HMTメタボローム研究はいかがでしたでしょうか？」本号からサイエンスライティングに興味を持つ大学院生に協力して頂く体制をNPO法人サイエンスコミュニケーションの協力の下、実現することが出来ました。こうした支援態勢を受けて、更に新しい分野の取材に挑戦したいと考えています。今後ともよろしくお願ひ致します。

参考文献

- (1) 富田 悟志 著「メタボローム研究の最前線」、ミタボローム研究の最前線、東京110011。
- (2) シンブリンガー、フエラー、東京110011。
- (3) 曾我 悟志、佐藤 孝、富田 悟志、タイテックマガジン「メタボローム解析技術」、第21巻、111111-111111。
- (4) T. Soga, Y. Ueno, H. Narokita, Y. Ohashi, M. Tomita and T. Nishiohara, "Simultaneous Determination of Anionic Intermediates for Bacillus subtilis Metabolic Pathways by Capillary Electrophoresis-Electrospray Ionization Mass Spectrometry", Anal. Chem., 74, 2233-2239, 2002.
- (5) T. Soga, Y. Ueno, H. Narokita, M. Tomita and T. Nishiohara, "Quantitative Metabolite Analysis Using Capillary Electrophoresis Mass Spectrometry", J. Proteome Res., 2, 488-494, 2003.
- (6) T. Soga, Y. Kakazu, M. Tomita and T. Nishiohara, "Qualitative and Quantitative Analysis of Amino Acids by Capillary Electrophoresis-Electrospray Ionization Tandem Mass Spectrometry", Electrophoresis 25, 1964-1972, 2004.

WWW.TAITEC.ne.jp

これからも先駆的な研究やそれらの社会利用の可能性についての情報を発信してまいります。取材テーマのご提供、記事を読んだ感想、などがございましたらメールでお寄せください。お待ちしております。 ●富田悟志宛→tomita@taitec.org
また、タイテックマガジンは下のウェブサイトでもご覧頂けます。



編集者: 富田 悟志
博士(工学)
NPO法人サイエンス
コミュニケーション理事

培養.jp [http://www.baiyou.jp/]

NPO法人サイコムによる
培養総合情報サイト

タイテック株式会社

〒343-0822 埼玉県越谷市西方2693-1 TEL0489-88-8361(直) FAX0489-88-8363

ISO9001registered

タイテック株式会社は1997年11月にISO9001認証を取得しました。
(財)日本品質保証機構 登録番号JQA-1954



インタビュー: 黒木あづさ
慶應義塾大学大学院
政策・メディア研究科
バイオインフォマティクス専攻
後期博士課程1年