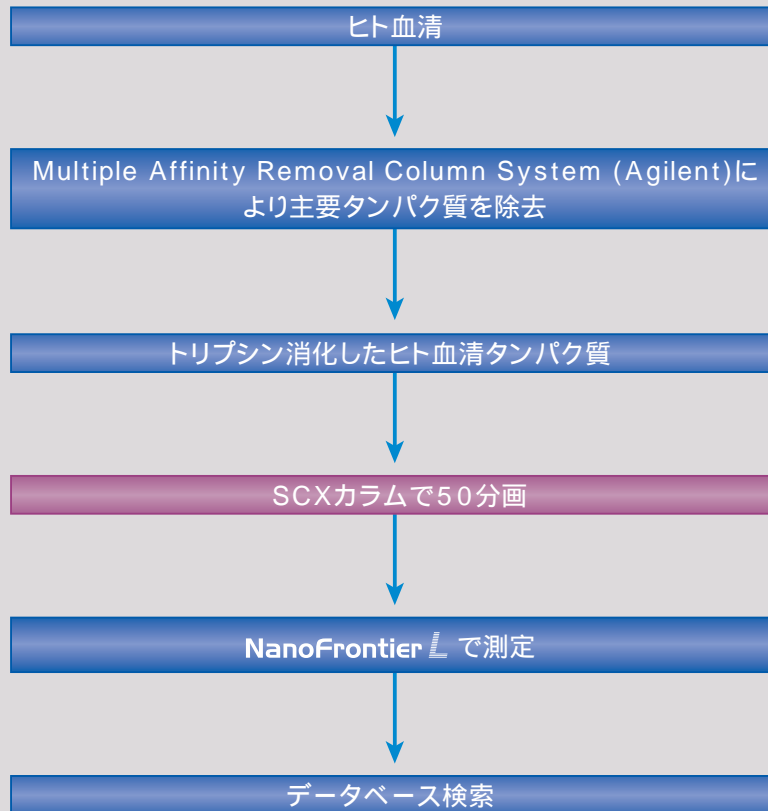


ヒト血清中タンパク質の網羅的解析を行なうことを目的とし、アルブミン等の高濃度に含まれる主要タンパク質除去後、トリプシン消化したヒト血清タンパク質を、強陽イオン交換( SCX )カラムで分画後、NanoFrontier Lで分析した結果、2347種類のタンパク質がヒットしました。

### 分析フローチャート



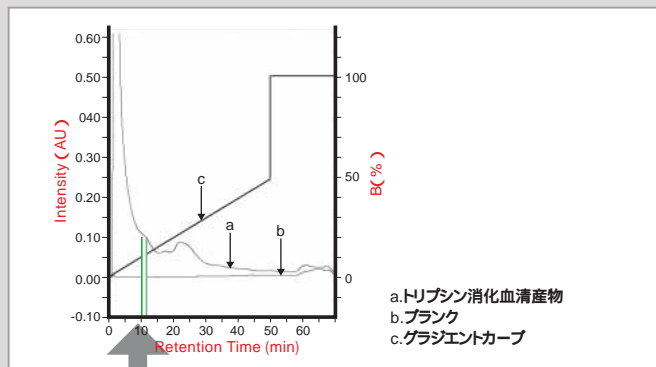
### オフラインSCXカラムクロマトグラフィーによる分離条件

機種: L-2100形 低圧グラジエントポンプ、L-2400形 UV検出器 (日立)、フラクションコレクター (Bio-Rad)  
 分離カラム: BioX-SCX (90 μm、粒径5 μm、1.0 mm ID × 150 mm L、LC Packings)  
 移動相: A; 20% CH<sub>3</sub>CNを含む10mM NaH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>溶液 (pH 3.0)、B液; 500mM NaClを含むA液  
 グラジエント: B比率; 2% (0 min) 50% (50 min) 100% (50-70 min)  
 流量: 100 μL/min  
 サンプル注入量: 150 μg  
 分画方法: 1分ごとに50分画

### NanoFrontier L 測定条件

分離カラム: MonoCap for nanoflow (0.05 mm ID × 150 mm L、GL Science)  
 移動相: A; 0.1% HCOOHを含む2% CH<sub>3</sub>CN溶液 B; 0.1% HCOOH を含む98% CH<sub>3</sub>CN溶液  
 グラジエント: B比率; 2% (0 min) 45% (120 min) 100% (120-140 min)  
 流量: 100 nL/min、サンプル注入量: 2 μL  
 スプレー電圧: 1400 V、AP1温度: 140  
 カーテンガス流量: 1.0 L/min、スキャン範囲: m/z 100-2000  
 検出器電圧: 2250 V

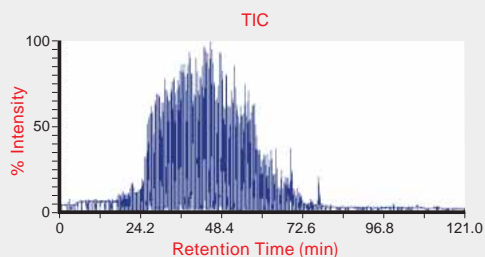
## SCX カラムによるサンプルの分離



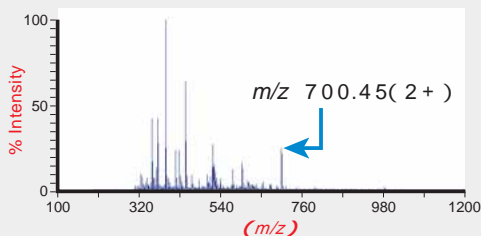
LC/MS/MS分析

0分～50分までを50分画

トータルイオンクロマトグラム(分取開始から10番目の画分)



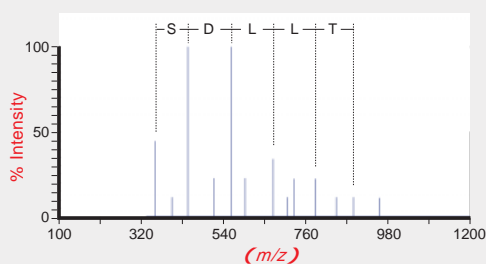
MSスペクトル (RT 73.3 min)



MS/MSスペクトル (Target Ion  $m/z$  700.45)

gi 62630102

ペプチド配列: TLADLTLLDSPIK



データベース 検索

50画分すべてについて同様に解析を行った。

## 結果

\*SCXカラムを用いたオフラインLC法を用いてヒト血清を網羅的に解析することにより2347種類のタンパク質がヒットしました。

データベース検索条件  
( $m/z$  値誤差範囲  $\pm 0.3$  Da、プロテインスコア値 30)