

第74回 質量分析総合討論会
[3B-SW] スイーツセミナー

高深度で網羅的なLC-MS血漿プロテオミクス

Deep and Unbiased Plasma Proteomics at Scale with LC-MS

日時: 2026年 6月12日(金) 14:00~14:30

会場: パシフィコ横浜 会議センター
B会場 (4F 411+412)

Presented by:



Max Kosok, PhD
Field Application Scientist at Seer

※発表言語は英語です。

質量分析ベースのプロテオミクスは急速に進展していますが、大規模にサンプルを解析することと各サンプルを高深度に解析することを両立させるのは難しく依然として大きな課題です。既存の多くの手法は、あらかじめ定められたターゲットに依存するか、大量サンプルへの適用において実用的な制約があり、高深度かつ網羅的なプロテオーム解析を大規模に実現することは困難でした。

本セミナーでは、ナノ粒子による濃縮とLC-MSを統合した自動化ワークフロー「Proteograph ONE」をご紹介します。本手法により、複雑な生体液をペプチドレベルで高精度にプロファイリングすることが可能になります。従来の前処理法と比較して、測定可能なプロテオームのダイナミックレンジを拡張し、MSワークフローを変更することなく、カバレッジ深度を6~11倍向上させます。

また、専用分注機を組み込んだ本ワークフローはハイスループット運用を前提に設計されており、サンプル前処理の標準化と大規模コホートにおける高い再現性を実現します。さらに、生物種に依存しないという特性と既存の質量分析プラットフォームとの互換性により、容易に導入することが可能です。

本講演では、さまざまな研究分野における実際の事例をもとに、Proteograph ONEがプロテオミクス研究の拡張を効率的に実現しつつ、高深度で網羅性のあるデータ取得を可能にすることをご紹介します。

本セミナーはチケット制です。ご希望の方はセミナー当日の9:00より、受付付近の配布カウンターにてチケットをお受け取りください。(先着100名様)

※ 競合他社様のご参加はお断りさせていただく場合がございます。
※ プログラムはやむなく変更になる場合があります。予めご了承ください。



お問合せ先: キコーテック株式会社
kiko_bizdev_marketing@kiko-tech.co.jp