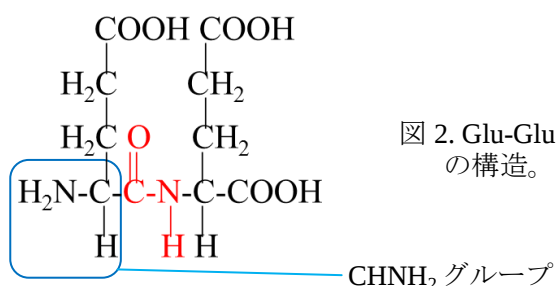
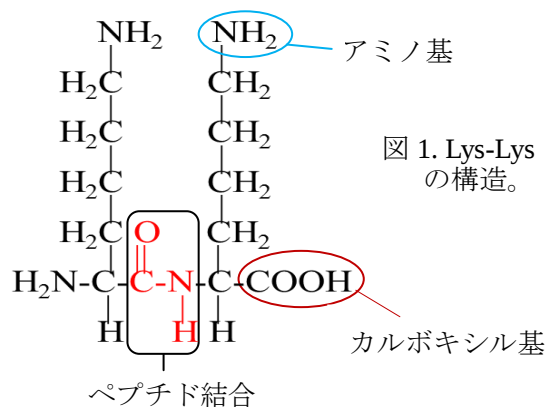


走査型アトムプローブによるペプチドの原子レベルでの定性・定量解析

Atomic Level Qualitative and Quantitative Analysis of Peptides by the Scanning Atom Probe

金沢工大¹ ○西川 治¹, 谷口 昌宏¹Kanazawa Inst. Technol.¹ ○Osamu Nishikawa¹, Masahiro Taniguchi¹E-mail: nisikawa@neptune.kanazawa-it.ac.jp

2011 年の春の講演会では、走査型アトムプローブ(SAP) の特性を生かしてアミノ酸分子を分析すると、これらの分子は原子間の結合力を反映するクラスターイオンとして検出されると共に、検出イオン数が定量的であると報告した。そこで、構造が簡単なペプチドの分析を試みた。試料は Glu-Glu と略称される α -L-glutamyl-L-glutamicacid と Lys-Lys (α -L-Lysyl-L-lysine)である。両者は類似の構造を持ち、Lys-Lys のアミノ基の位置にカルボキシル基が入るというのが大きな違いである(図 1, 2)。従って、両者のマスペクトルを比較すると、質量数が 100 以下の領域では、Glu-Glu ではアミノ基を含むイオン種は検出されないで、両者の判別は容易である。また、100



以上の領域でも、図 3 の Lys-Lys のマスペクトルに見られるように固有のマスピーークが得られ、両者の判別は容易である。しかし、全てのマスピーークを同定して定量解析することは容易ではない。そこで、アミノ基、カルボキシル基、ペプチド結合、CHNH₂ グループを含むマスピーークに注目し、これらをカウントすると、Lys-Lys では、ほぼ 2: 1: 1: 1、Glu-Glu では、0: 3: 1: 1 となり、ペプチドの定量解析が可能である事を示す結果が得られたので報告する。

