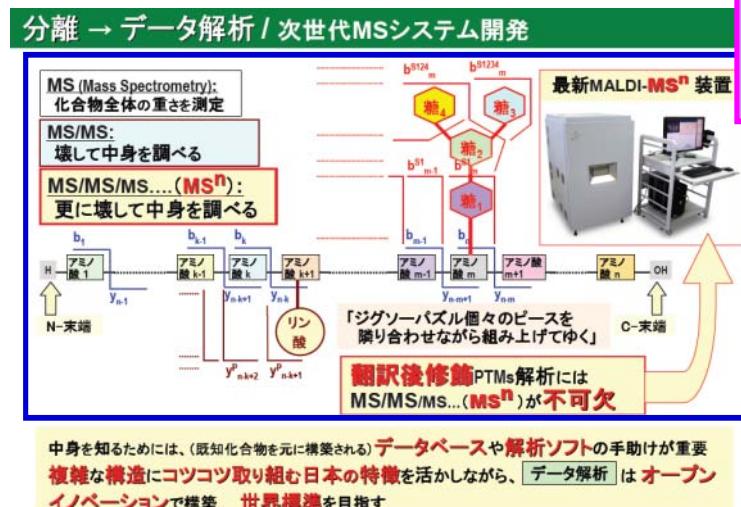
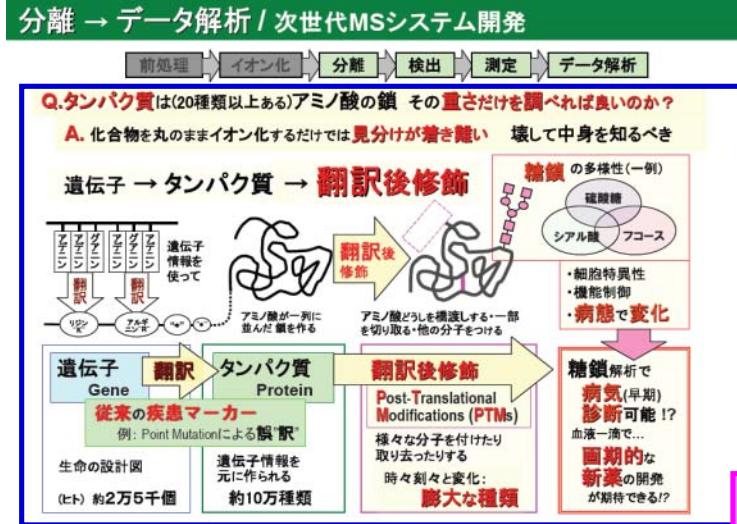
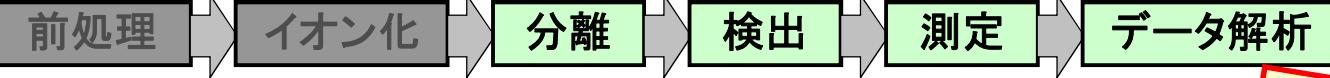


2009/8月 ヒアリング時計画 ↔ ~2012年6月 主な成果-5

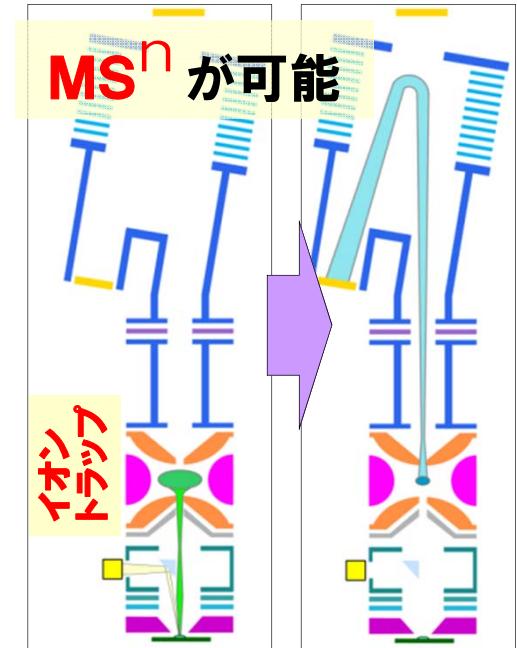
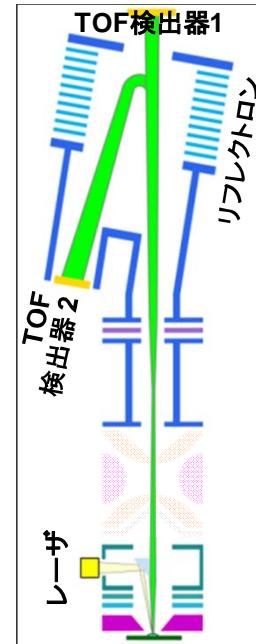
**島
津**

質量分析MSとは、見たい化合物を選び出してイオン化し、分離・検出・測定・データ解析する



MALDI-DIT-TOFMS **世界初**
1台でTOF(高速解析)とトラップ(詳細解析)
従来装置より1ケタ高感度・高速

2台製作

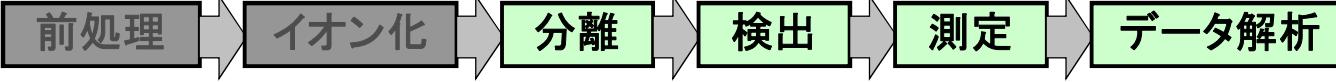


京都大学に2011年10月据付 乳がん・前立腺がん研究に活用中 → 京大成果19,20/46参照

2009/8月 ヒアリング時計画 ↔ ~2012年6月 主な成果-6

**島
津**

質量分析MSとは、見たい化合物を選び出してイオン化し、分離・検出・測定・データ解析する

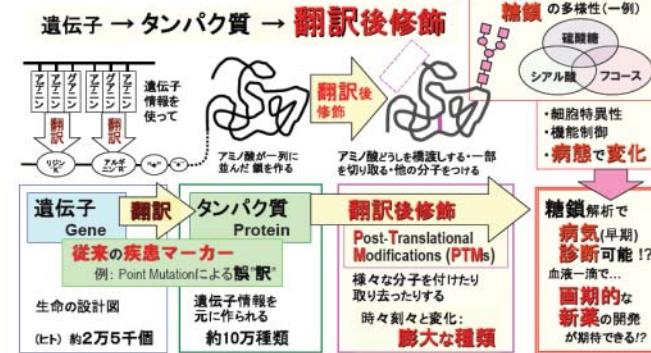


分離 → データ解析 / 次世代MSシステム開発

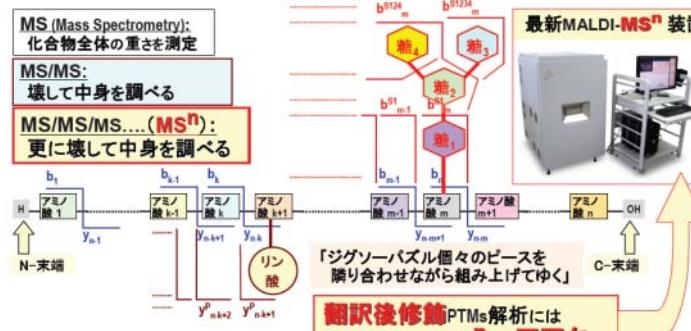


Q.タンパク質は(20種類以上ある)アミノ酸の鎖 その重さだけを調べれば良いのか?

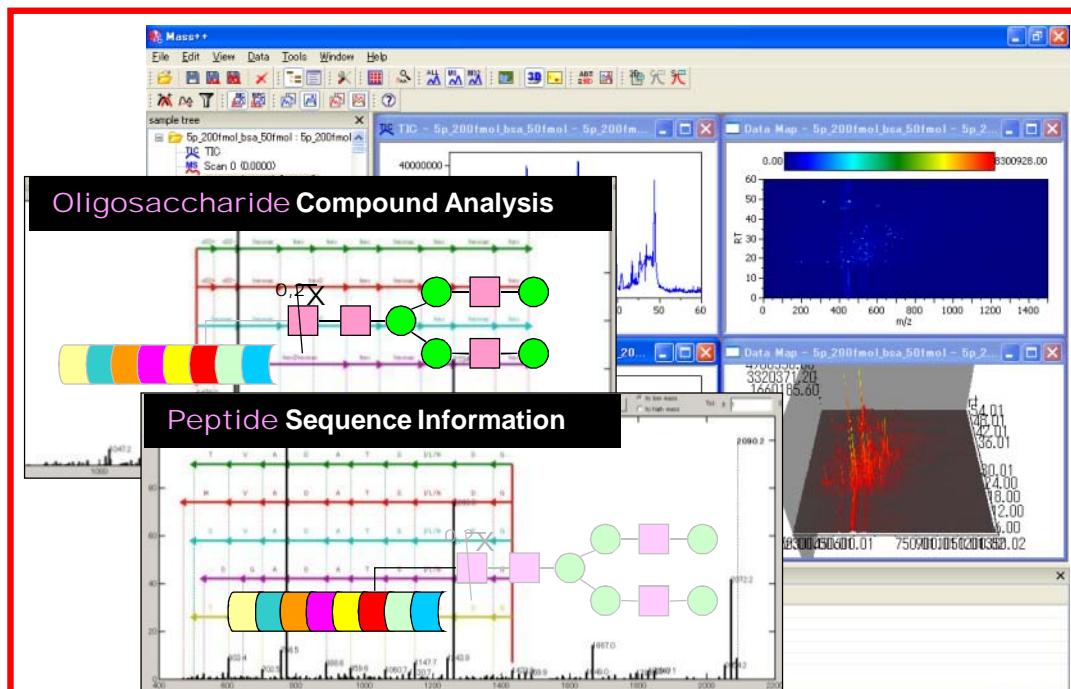
A. 化合物を丸のままイオン化するだけでは見分けが着き難い 壊して中身を知るべき



分離 → データ解析 / 次世代MSシステム開発



中身を知るために、(既知化合物を元に構築される)データベースや解析ソフトの手助けが重要
複雑な構造にこすこす取り組む日本の特徴を活かしながら、データ解析はオープン
イノベーションで構築 世界標準を目指す



既存ソフトの性能評価・学会動向調査を行い、世界の技術水準を把握したうえで、より具体的でかつ実用的な成果を得るような目標を設定しながら研究進行

主要メーカーのデータ解析可能(世界標準を目指す)

フリーソフトMass++ 2.0 H23/9公開
済み