APRO
アプロサイエンス

受託サービス
MS プロテオーム解析
キャンペーン

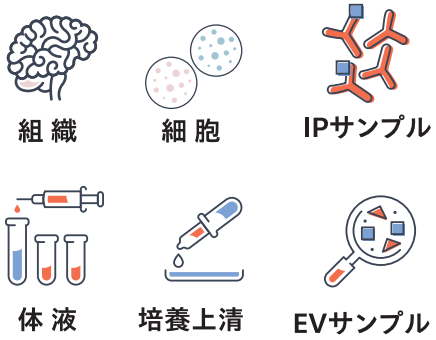
受付期間：2026 年 11 月 4 日～ 2027 年 1 月 29 日

状況に応じてカスタマイズ
「ちょうど良い」を提案します。

遺伝情報（DNA, RNA）の解析が進んだことで、生命現象の機能を担うタンパク質の重要性に再び注目されています。特に、質量分析（MS）と 解析ソフトウェアの高性能化により、環境や病態に応じて常に変化するタンパク質の動態を解析し、疾患の原因解明や薬剤の画期的な標的の探索が行われています。
アプロサイエンスでは、サンプル前処理（サンプル調製）、分析（質量分析）、データ解析（解析ソフトウェア）の３ステップを最適化し、さらに、その後のデータ解釈のサポートを強化することで、プロテオーム解析を様々な分野の幅広い目的に利用して頂けるサービスとして提供しています。

サンプル前処理

ご提供の検体から、タンパク質を抽出して、ペプチドに断片化し、分析を行える状態に整える重要な工程です。
細胞、組織、体液、FFPE、細胞外小胞、どのようなサンプルでも受け入れ可能です。ヒトやマウス、モデル生物はもちろん、植物（根、茎、葉、つぼみ、樹液）、微生物、昆虫など、あらゆる生物種での対応実績があります。



例えばこんなサンプルも‥！

免疫沈降サンプル
結合・洗浄・溶出の各ステップの最適化が必要です。
溶出において、ビーズから抗体が外れる場合があります。
調製したサンプルに抗体が大量に含まれていないか、電気泳動などで確認をして下さい。

細胞外小胞（EV、エクソソーム）
超遠心や精製キットを利用してサンプルを調製して下さい。必要サンプル量の目安は、粒子数 1×10 の 10 乗から 11 乗 です。初期サンプル量としては、培養上清の場合は 10mL、血清・血漿は 1mL 程度を目安にご準備ください。

LC-MS/MS 分析（質量分析）


Orbitrap Exploris 480
(Thermo Fisher Scientific)

最新の【DIA（Data Independent Acquisition）】
取得された全ての MS のピークについて、MS/MS を取得します。
DDA と比較して、より微量なペプチドの検出が可能な為、より多くのタンパク質が同定されます。また、MS/MS のピークを利用して定量値を算出する為、正確性の高い定量解析が可能です。網羅的なプロテオーム解析に最適な方法です。

従来法である【DDA（Data Dependent Acquisition）】
取得された MS において、強度の強いピークから順番に MS/MS を取得します。
データベースが未熟な生物種の解析や、粗精製された検体の解析、翻訳語修飾の解析などで、目的やケースによっては、まだまだ利用価値のある方法です。

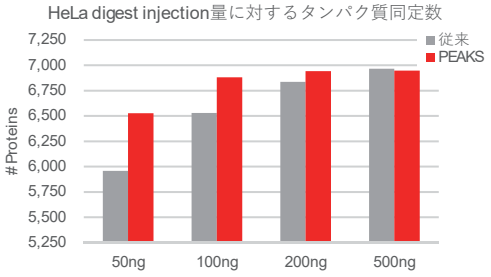
信頼できるデータをお届けするための鍵は、装置の「安定稼働」にあります。
非常にデリケートな質量分析計は、日々の細やかなメンテナンスがデータの品質に直結します。アプロサイエンスでは、熟練の技術者がチューニングと精度管理を日常的に実施。分析日やロットによるブレを排除し、「いつご依頼いただいても、大規模な検体数でも、変わらず高精度なデータ」を安定して出力し続ける体制を整えています!!

データ解析・統計解析　～解析ソフトウェア PEAKS 導入により、高精度データを分かりやすく。

取得した質量データとデータベースから計算された理論質量とを解析ソフトを利用して検索し、統計学的な処理により、有意と判定されたタンパク質が同定されます。アプロサイエンスでは、解析ソフトウェアとして「PEAKS」を新たに導入しました。

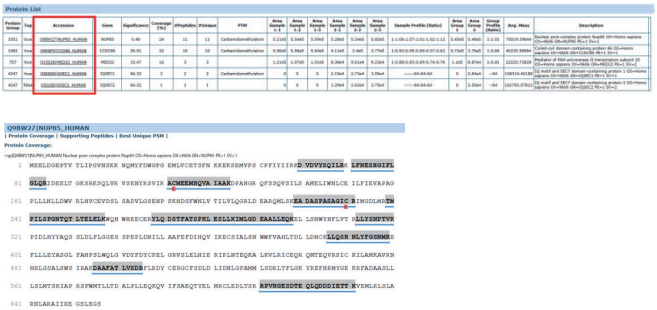
▶微量タンパク質の同定効率が良い！

高度なスペクトルマッチングアルゴリズムとノイズ最適化処理により、微量タンパク質の同定効率が大幅に改善しました。また、一般的にデータベースサーチでは、一度に多くの修飾を加味した解析を設定することができないため、設定しなかった修飾を持つペプチドは存在しても未同定になる場合があります。PEAKS では、未同定の MS/MS かつ同定済タンパク質に対して網羅的に翻訳後修飾を Variable で再解析を行うことができます。これにより、全体のカバレッジがアップします。



▶同定されたタンパク質の情報が分かりやすい！

同定されたタンパク / ペプチドの情報が分かりやすく整理され、また、グループタンパク（ファミリータンパク）がまとめて表示されるので、タンパク質としての検索スコアが非常に見やすくなっています。更に未同定の MS/MS に対しては、de novno 結果を参照し、一部配列がマッチしているスペクトルなどをチェックすることも可能です。



▶結果を「見る」から「理解する」へ！

PCA 解析・ヒートマップ・Volcano plot など、統計・可視化解析を網羅したグラフィカルレポートが示されます。群間差の評価や群間で発現差のあるタンパク質の抽出をサポートします。
膨大なプロテオーム解析データを前に「ここからどうしようか‥？？」と悩む事はありません。



「発現が変動したタンパク質は見つかったけれど、ここからどう解釈すればいい？」

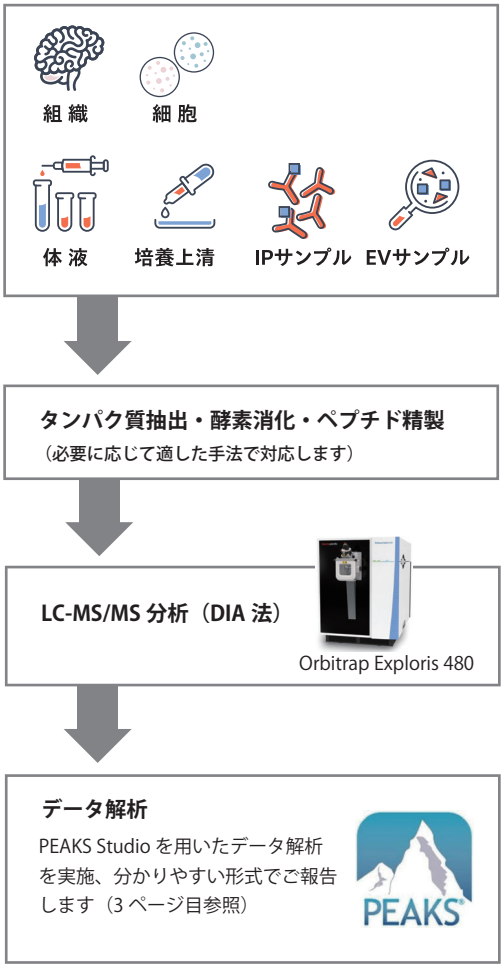
膨大なデータから生物学的な意味を見出すために、私たちは多角的なアプローチでデータ活用をサポートしています。
「どんな機能の集まりか？」
⇒ DAVID などの公開データベースを活用し、タンパク質群の共通機能（GO）やパスウェイ上の位置を明らかにします。
「どう繋がっているか？」
⇒ STRING を活用してタンパク質間の相互作用ネットワークを可視化し、複雑な生命現象を紐解く糸口を見つけます。

アプロサイエンスなら、これらのデータ解釈・ディスカッションも「基本費用内」で対応いたします。ただデータをお返しするだけでなく、複数の情報ソースを組み合わせた多面的なご提案で、「どう判断すべきか？」を解決するお手伝いをさせていただきます。ぜひお気軽にご相談ください。

DIA プロテオーム解析

組織・細胞や培養上清などから LC-MS/MS（DIA法）を用いて 網羅的にタンパク質を同定、検体間比較

組織や細胞サンプルの場合、一度の解析で、～8,000程度のタンパク質が同定できます。従来のDDA (Data dependent acquisition) 法を用いたLC-MS/MSショットガン解析においては、存在量の多いペプチドから順に検出・同定がされたため、微量なタンパク質が同定されにくい特徴がありました。DIA (Data independent acquisition) 法では、存在量によらず全てのMS/MSスペクトルを取得し、事前に構築されたスペクトルライブラリーと照合することで、より高感度で定量性の高いプロテオーム解析が可能です。



▶ 推奨サンプル形態

組織、細胞、培養上清、抽出液 等

※ 組織片の場合は 数 mm角 程度、
培養細胞の場合は細胞数 10^6 個 程度を目安にご準備ください。

※ 溶液量は、数百 µL 以内を目安にご提供下さい。

▶ 必要サンプル量

タンパク質 10 µg 程度

※ 上記より少なくても対応できる場合がありますので、ご相談ください。

▶ 納期

サンプルをお受け取りした日から、1.5ヶ月程度

※ サンプルを受け取るタイミングによっては、前後する場合があります。

▶ サービス内容

- サンプル前処理
  - 組織等からのタンパク質抽出・精製
  - サンプルQC（タンパク質定量・SDS-PAGE）
  - 酵素消化・精製
- LC-MS/MS分析
- データ解析

▶ 使用する機器

- 質量分析装置
  - Orbitrap Exploris 480 (Thermo Fisher Scientific)
- HPLC
  - Vanquish Neo UHPLC (Thermo Fisher Scientific)
- 解析ソフトウェア
  - PEAKS Studio

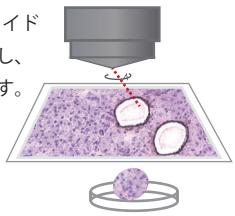
	定価（税別）	キャンペーン価格（税別）
DIAプロテオーム解析	~~¥160,000~~	**¥100,000** /検体

FFPE組織からのDIAプロテオーム解析

臨床現場等で採取された FFPE 組織は、サンプルが良好な状態で保存されており、また、疾患の進行度などの臨床的情報が付随しています。これらのプロテオーム解析を行うことで、新しいバイオマーカーの発見につながる可能性があるとして、注目されています。
アプロサイエンスでは、FFPE からのペプチド回収法を独自に確立しています。この方法により、ホルマリンによるクロスリンクを効率よく外し、ペプチドを高収率で回収します。また、FFPE サンプルでは、さまざまな修飾を受けている可能性があります。それらを考慮した解析を行う事で、貴重な検体から最大限の情報を引き出します。

レーザーマイクロダイセクション

LMD 専用メンブレンスライドを用いて切片作製・染色し、目的の領域を切り出します。



脱クロスリンク・酵素消化・ペプチド精製

最適化した手法で、分子間架橋を外しペプチド化します。

LC-MS/MS 分析（DIA 法）



Orbitrap Exploris 480

データ解析

PEAKS Studio を用いたデータ解析を実施、分かりやすい形式でご報告します（3 ページ目参照）

▶サンプルについて

・固定時間は72時間以内を推奨
・レーザーマイクロダイセクションからご依頼の場合、FFPE組織ブロックをご提供ください。
・ご自身でLMDを実施し提供頂く場合は、体積40 nL（例：厚さ 10 µm, 2 mm x 2 mm) 程度のFFPE組織切片。HE染色を推奨。その他の染色方法についてはご相談ください。

▶納期

LMDからご依頼の場合：2〜3 ヶ月程度
タンパク質抽出以降をご依頼の場合：1.5ヶ月程度

▶サービス内容

・サンプル前処理
・ LC-MS/MS分析
・ データ解析

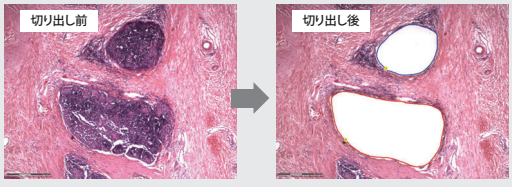
▶使用する機器

・ 質量分析装置
　└ Orbitrap Exploris 480 (Thermo Fisher Scientific)
・ HPLC
　└ Vanquish Neo UHPLC (Thermo Fisher Scientific)
・ 解析ソフトウェア
　└ PEAKS Studio

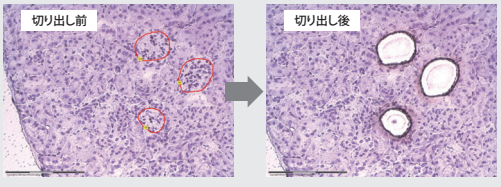
	定価（税別）	キャンペーン価格（税別）
レーザーマイクロダイセクション	お問い合わせください	
FFPE組織からのDIAプロテオーム解析	~~￥160,000~~	**￥100,000** /検体

【レーザーマイクロダイセクションの実施例】 各種実績がございますので、まずはお気軽にご相談ください。

実施例①　がん組織切片から腫瘍部位を回収

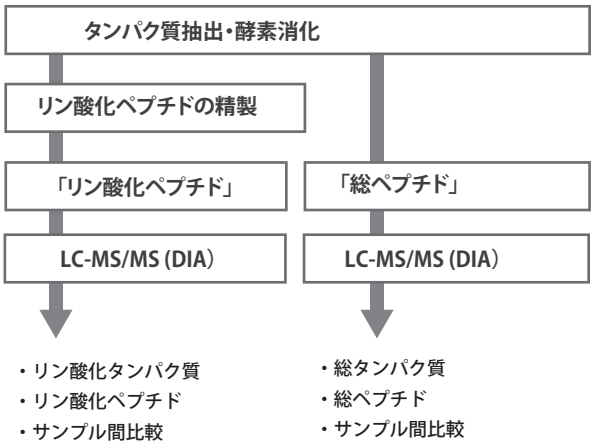


実施例②　腎臓組織切片から糸球体を回収



リン酸化 DIA プロテオーム解析

生体内で生成されたタンパク質は、リン酸化修飾を受け、その機能や局在が調整されていると考えられています。そのためタンパク質の機能を解明する上で、リン酸化修飾の解析は不可欠です。しかし、リン酸化ペプチドはイオン化されにくい上に存在量も微量であるため、通常の LC-MS/MS 解析では十分なリン酸化ペプチドの情報を得ることは容易ではありません。
本分析では、リン酸化ペプチドを濃縮・精製し、LC-MS/MS 分析に供することで、一度の分析で数百～数千のリン酸化ペプチドを同定することできます。



※ 総ペプチドも分析した方がよい理由

例えば・・・
リン酸化ペプチドの解析結果から、Protein X のリン酸化が検体間で差があると判断できた場合。
リン酸化ペプチドの情報のみからは、「Protein X の発現量が変動したのか」or「ProteinX の発現量は変わらないがリン酸化率が変動したのか」の判別はできません。
そのため、総ペプチド（リン酸化ペプチド ＆非リン酸化ペプチド）の分析結果から、“タンパク質発現変動”も確認した方が望ましいと考えられます。

▶必要サンプル量
タンパク質　300ug 以上を目安にご準備ください。

▶納期
サンプルをお受け取りした日から、1.5ヶ月程度

▶サービス内容
- サンプル前処理
  - 組織・細胞等からのタンパク質抽出・精製
  - 酵素消化・リン酸化ペプチド濃縮
- LC-MS/MS分析
- データ解析

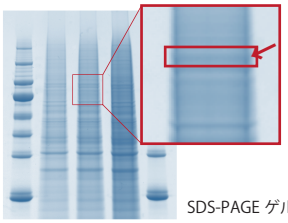
▶使用する機器
- 質量分析装置
  - Orbitrap Exploris 480 (Thermo Fisher Scientific)
- HPLC
  - Vanquish Neo UHPLC (Thermo Fisher Scientific)
- 解析ソフトウェア
  - PEAKS Studio

PEAKS Studio を用いたデータ解析を実施、分かりやすい形式でご報告します（3 ページ目参照）

	定価（税別）	キャンペーン価格（税別）
リン酸化 DIAプロテオーム解析 (リン酸化ペプチド＆総ペプチド)	~~￥270,000~~	**￥180,000** /検体

LC-MS/MSによるゲル内タンパク質同定

電気泳動で分離したタンパク質を同定する分析サービスです。SDS-PAGEゲル内のタンパク質をプロテアーゼ処理し、得られたペプチドを質量分析計で検出します。質量分析計により得られたペプチドの質量、およびフラグメントイオンのスペクトル（MS/MSデータ）をデータベース検索することによりタンパク質を同定します。



SDS-PAGE ゲル片

酵素消化

LC-MS/MS 分析

・同定タンパク質リスト

▶必要サンプル量

ゲル片（タンパク質 25 fmol 以上）

・ゲル片量の目安：5,6 レーン以下（12ウェルのミニゲルの場合）

・推奨染色法：CBB染色、銀染色（質量分析用）、蛍光染色

▶納期

サンプルをお受け取りした日から、3〜4週間程度

※ サンプルを受け取るタイミングによっては、前後する場合があります。

▶サービス内容

・サンプル前処理

　└酵素消化・精製

・LC-MS/MS分析

・データ解析

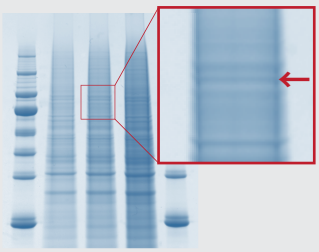
　└同定タンパク質リスト

	定価（税別）	キャンペーン価格（税別）	
LC-MS/MSによるゲル内タンパク質同定	~~¥110,000~~	1 〜 5 検体	**¥99,000** /検体
		6 検体以上	**¥88,000** /検体

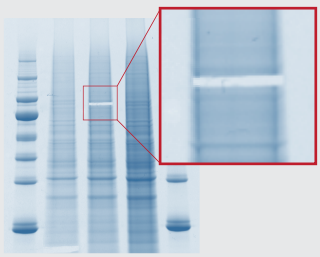
サンプル調製について

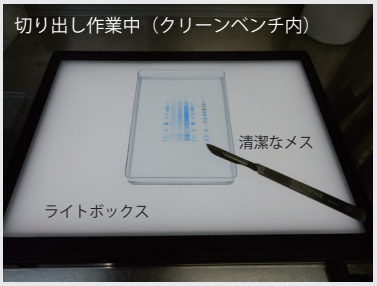
レーン幅 4mm 程度、切り出すバンドの高さ 1 〜 2mm 程度とした場合に、ゲル片 5 個以内を目安にしてください。ただし、ゲルの量は少なければ少ないほど良好な結果が得られる可能性が高くなります。『余分なゲル』が酵素消化の効率を下げ、また、ゲル由来の夾雑物の影響により解析が難しくなるからです。余分なゲルが出来る限り含まれないように、切り出してください。どうしてもバンドが薄い場合、同じバンドを複数集める事でサンプル量の確保はできますが、可能であれば、サンプルを濃縮して電気泳動に供する等の工夫をし、酵素消化に供するゲルの量をできる限り少なくしてください。

切り出し前の SDS-PAGE ゲル



切り出し後の SDS-PAGE ゲル





ゲルの切り出し作業中の様子です。
ライトボックスの上で作業すると、細いバンドまで視認しやすくなります。

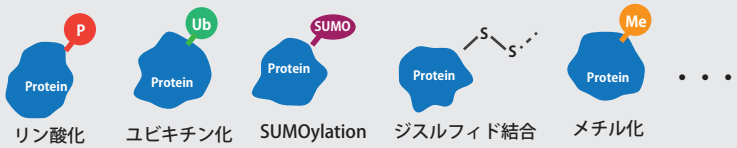
必要なサンプル量ですが、タンパク質同定を目的とした場合、必要なタンパク質サンプルの量の目安として 25fmol と規定していますが、細胞や組織のライセート、粗精製タンパク質などのクルードなサンプルを電気泳動した場合、1 本のバンドに見えても、そのバンドに複数のタンパク質が含まれている可能性が高いです。複数のタンパク質を合わせて 25fmol だった場合、各タンパク質は最低量に満たず、十分な解析が行えない可能性があります。クルードなサンプル由来の場合、100fmol 以上を目安にご準備ください。

プロテオーム解析で何ができる・・？！

タンパク質の網羅的発現変動解析

サンプル中に含まれるタンパク質の網羅的な同定を行うと同時に、比較定量データを取得。薬剤投与からのタイムコースや病態変化に伴うタンパク質の発現変動解析などに様々なサンプル・目的に向けて応用することが可能です。

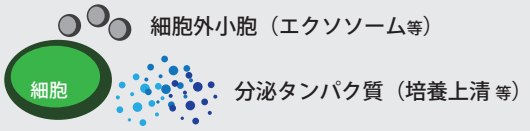
PTM 解析 Post-Translational Modification



リン酸化　ユビキチン化　SUMOylation　ジスルフィド結合　メチル化

生体内で生成されたタンパク質は、リン酸化など多様な翻訳後修飾（Post-Translational Modification：PTM）を受け、その機能や局在が調整されていると考えられています。このような PTM による質量変化を網羅的に検出する事が可能です。

セクレトーム解析



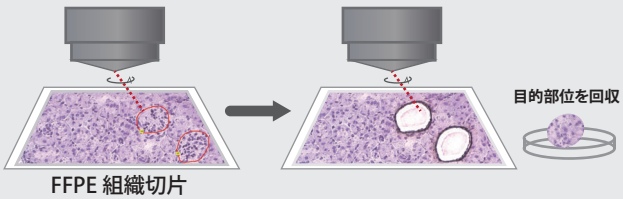
セクレトームとは、細胞より分泌される全てのタンパク質を指します。細胞培養上清のセクレトーム解析による疾患バイオマーカー探索等の利用が考えれらます。
また、細胞から放出される細胞外小胞（エクソソーム）には多種のタンパク質が内包され運搬されます。これらの解析にも質量分析は最適です。

インタラクトーム解析

（例）近接依存性ビオチン標識法によるタンパク質相互作用解析
共免疫沈降法（Co-IP）によるタンパク質相互作用解析

インターラクトーム解析の目的は、『interaction (相互作用) + ome (網羅的な) = 生体分子の相互作用を網羅的に理解する』事です。単純に網羅的タンパク質同定を行うだけでは得られないようなタンパク質 - タンパク質相互作用の情報も、前処理の工夫によって得られる可能性があります。

空間プロテオーム解析



組織切片からレーザーマイクロダイセクション（LMD）によって微細な目的領域を切り出し、プロテオーム解析を実施します。このような領域特異的な解析によって、どの部位でどのようなタンパク質が発現変動しているのかを掴み、新しいバイオマーカー探索等に繋がる可能性があります。

『プロテオーム解析個別オンラインセミナー』

実際に分析・解析を行う技術担当者から、個別対話型でご説明いたしますので、ご研究内容に必要な情報を効率よく収集して頂けます。ぜひご活用ください！

株式会社ファーマフーズ
アプロサイエンスグループ
■Url：https://apro-s.com/
■Tel：088-678-6372
■Mail：bio@apro-s.com