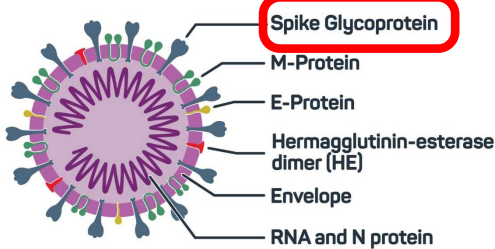


# 新型コロナウイルス変異株の スパイクタンパク質のLC/MS/MSによる解析

新型コロナウイルスの出現以来、デルタ株やオミクロン株等感染力の高い変異株が確認されている。そこで高性能質量分析計を用い、従来株、デルタ株、オミクロン株のスパイクタンパク質を解析した。プリカーサーイオンからはほぼ全アミノ酸配列の帰属が、MS/MSスペクトルからは各変異箇所の確認ができた。タンパク質の変異箇所を特定することで、医薬品開発やワクチン開発に活用が可能である。

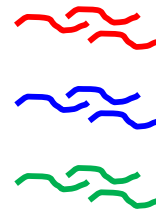
## 新型コロナウイルスタンパク質と分析の流れ



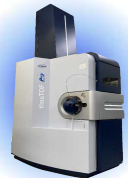
スパイクタンパク質



ペプチド断片化

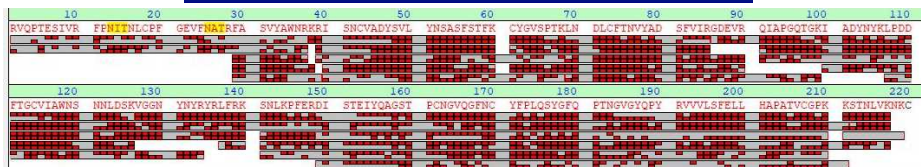


LC/MS/MS測定



高性能質量分析計  
timsTOF Pro (Bruker)

## 配列カバー率 (Delta株の例)

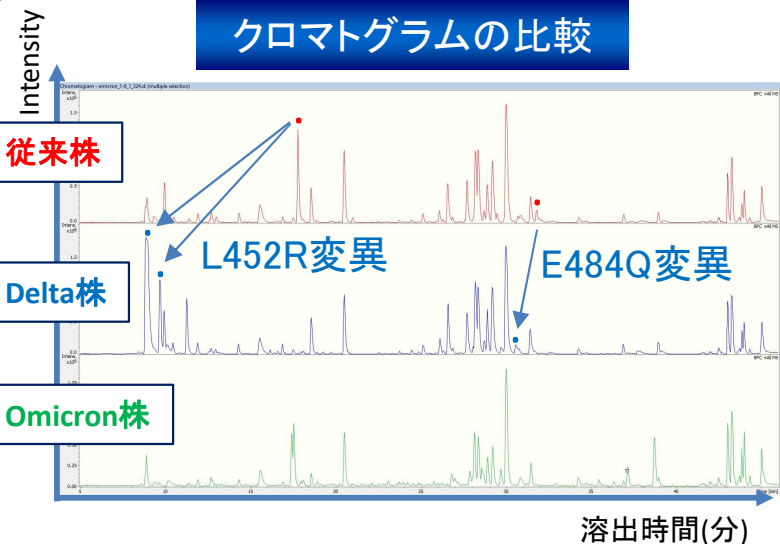


灰色のバー: MS測定で確認したペプチド配列 カバー率 98.2%  
赤いボックス: MS/MS測定で確認したアミノ酸残基 カバー率 96.0%

- ・測定パラメータの最適化
- ・グラジエント分離

- ・配列カバー率: ほぼ100%
- ・MS/MS測定: 一残基レベルでアミノ酸配列確認が可能

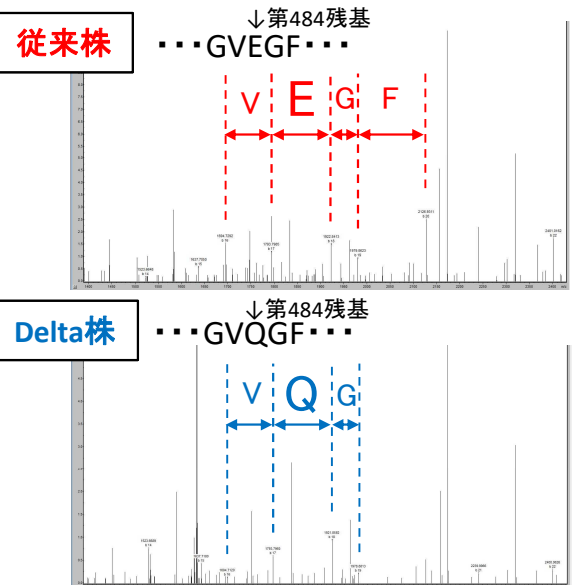
## クロマトグラムの比較



Delta株の2箇所の変異(L452R, E484Q)による、一部ピークの溶出時間の変化を観測。Omicron株は他の2種と比べ溶出パターンは異なる。

本分析系を他のタンパク質にも活用することで、変異を含めた様々なアミノ酸の変化を分析できる。

## E484Q変異の MS/MSスペクトル比較 (拡大)



E→Qの変化はわずか1Daの分子量変化であるが、高性能質量分析計により高精度な分析が可能。