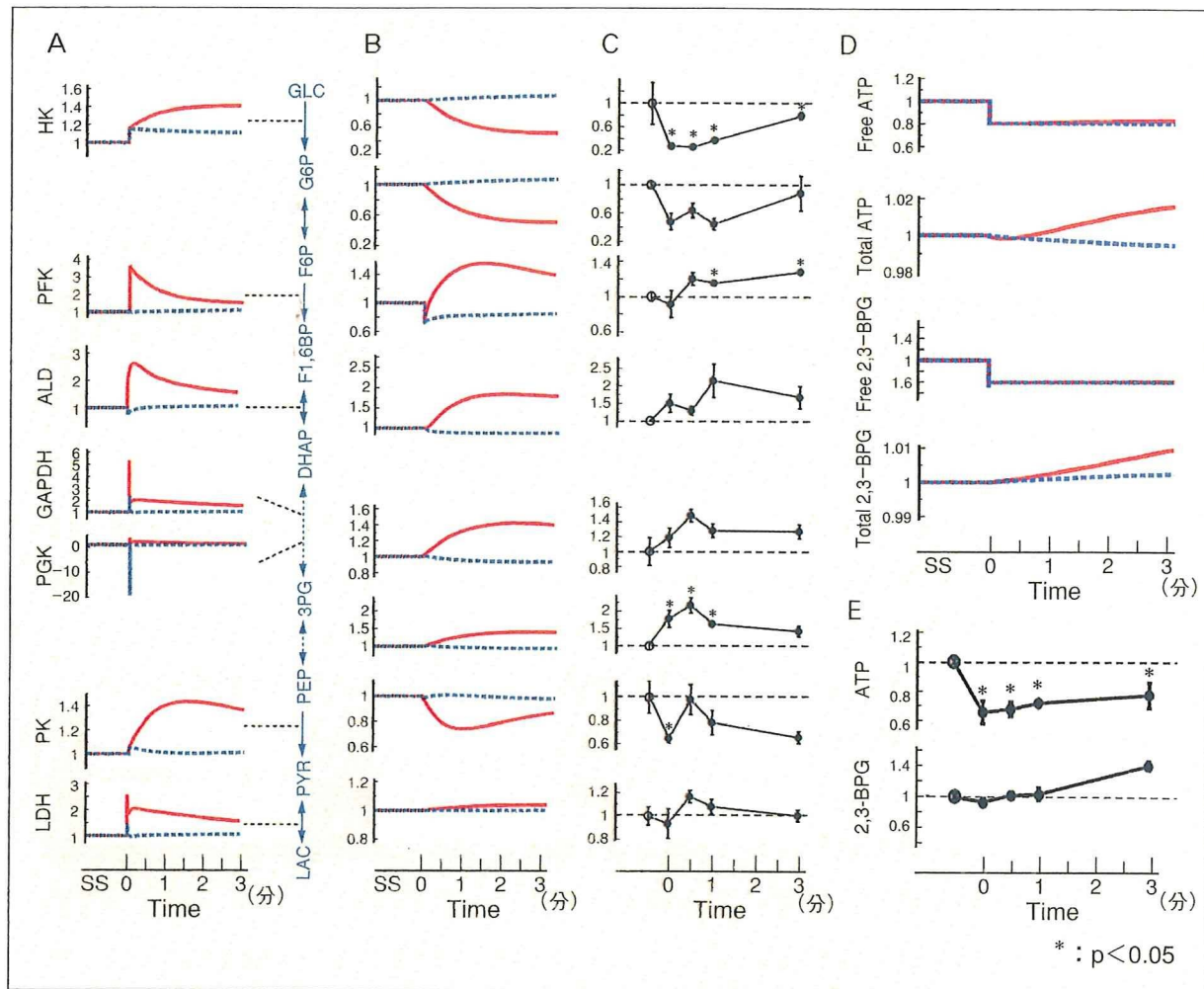


図2 低酸素状態での赤血球解糖系シミュレーションとCE-TOFMSによる実測データ



A：低酸素状態による解糖系の活性化シミュレーション。赤は BIII-Hb 相互作用を考慮した場合、青は考慮しない場合を示す。

B：解糖系中間体の蓄積シミュレーション。C：CE-TOFMS 測定による解糖系中間体の濃度変化。

D：2,3-BPG および ATP の蓄積シミュレーション。遊離しているもの、および全体の物質濃度変化を示した。

E：CE-TOFMS による 2,3-BPG および ATP の濃度変化。

略語：巻末の「今号の略語」参照

もないが、それはメタボロミクスに適した実験系をいかにうまく計画するかである。目的設定と結果の予想、技術に関する理解が重要である。オミクスですべてが分かるわけではない。実験系に関する深い洞察が今後のメタボロミクスの行方を左右するであろう。

文 献

1) Ishii N, et al: Multiple highthroughput analyses monitor the response of *E. coli* to perturbations. *Science* 316 (5824): 593-597, 2007.

- 2) Soga T, et al: Quantitative metabolome analysis using capillary electrophoresis mass spectrometry. *J Proteome Res* 2 (5): 488-494, 2003.
- 3) Soga T, et al: Analysis of nucleotides by pressure-assisted capillary electrophoresis-mass spectrometry using silanol mask technique. *J Chromatogr A* doi 10: 1016/j.chroma.2007.05.054, 2007.
- 4) Miyazato A, et al: Identification of myelodysplastic syndrome-specific genes by DNA microarray analysis with purified hematopoietic stem cell fraction. *Blood* 98 (2): 422-427, 2001.
- 5) Soga T, et al: Differential metabolomics reveals ophthalmic acid as an oxidative stress biomarker indicating hepatic glutathione consumption. *J Biol Chem* 281 (24): 16768-16776, 2006.
- 6) Baran R, et al: MathDAMP: a package for differential analysis of metabolome profiles. *BMC Bioinformatics* 7: 530, 2006.
- 7) Kinoshita A, et al: Roles of hemoglobin allostery in hypoxia-induced metabolic alterations in erythrocyte. *J Biol Chem* 282 (14): 10731-10741, 2007.
- 8) Tomita M, et al: E-CELL: software environment for whole-cell simulation. *Bioinformatics* 15 (1): 72-84, 1999.



