

質が同定された。PVP を含まない PSF6 表面上では全ての蛋白質ともに濃縮現象が観察されなかったが、THRβ 及び FA10 を除くその他の蛋白質は PVP を含有する PSF1-5 表面上で顕著に濃縮されることが判明した。しかし、血液凝固カスケードの起点となる FA12 の AP/PP 比は PVP 含量の増加に伴って減少する傾向があり、PSF1 及び PSF2 の同比は 0.5 倍以下であった。また、PSF1 では FBLN1 の吸着も抑制されていた。

2-6-2. PHEMA/PMEA 材料

血液凝固因子群として、9 種類の蛋白質が同定された。FA9 は全ての材料上で濃縮されることが確認された。FA5 は PHEMA/PMEA 比 50:50 及び 25:75 表面上には AP/PP 比として 2 倍以上吸着したが、その他の材料の AP/PP 比は 2 倍未満であった。FA9 及び FA5 以外の蛋白質については、いずれの材料上でも顕著な濃縮現象が観察されなかった。

2-7. 補体因子群

2-7-1. PVP 含有 PSF 材料 (表 10)

PVP を含まない PSF6 表面上では補体、補助因子及び抗体ともに濃縮現象が観察されなかった。PSF1 及び PSF2 表面には、一部の補体 (C1RL, C4BPA, C4BPB, C08A)、補助因子 (FHR2-4)、抗体 (IGFS2) 及びマンナン結合因子関連蛋白質 (MASP2) が AP/PP 比として 2 倍以上吸着したが、その他の蛋白質については濃縮現象が観察されず、AP/PP 比が 0.5 倍未満である蛋白質が多数を占めた。一方、PSF3-5 表面には、比較的多くの補体 (C1, C2, C4, C6-9) 及び補助因子 (CFAH, FHR1-5) が AP/PP 比として 2 倍以上濃縮されることが確認

された。PSF4 表面では抗体の濃縮が認められなかった。PSF5 表面への抗体吸着も KV306, 308 及び 309 を除き抑制されていたが、PSF3 表面には、免疫グロブリン H 鎖 (HV209)、同 γ 鎖 (IGHG1, IGHG3)、同 κ 鎖 (KV114-117, 119, 125, 201, 204, 205, 301, 309) 及び同 λ 鎖 (LV102, 204, 206, 209) が AP/PP 比として 2 倍以上濃縮された。MASP1 及び MASP2 は PSF3-5 とともに AP/PP 比として 2 倍以上濃縮された。

2-7-2. PHEMA/PMEA 材料 (表 11)

PMEA 表面には、C1QC 及び C1RL が AP/PP 比=2 を越えて吸着したが、その他の補体及び補助因子の濃縮現象は観察されなかった。PMEA 表面は抗体吸着も抑制されており、AP/PP 比=2 を越えて吸着する抗体は HV105, KV106, KV111, LV204, LV206 及び LV209 のみであった。一方、PHEMA 及び PHEMA/PMEA ランダム共重合体表面では、ほぼ全ての補体 (C04A 及び C04B を除く)、補助因子及び抗体が有意に濃縮された。

2-8. 内因系血液凝固活性化リガンド群 (表 12)

2-8-1. PVP 含有 PSF 材料

C04A5 を除き、コラーゲン α 鎖は各材料上で濃縮される傾向を持つことが観察された。特に、C06A5 及び COGA1 は全材料、C05A3 及び C07A1 は PSF2-5 表面に AP/PP 比=2 を超えて吸着した。C03A1 は PSF1, PSF2 及び PSF6, C06A6 は PSF1 及び PSF2 表面で濃縮されることが確認されたが、全ての材料ともに C43BP の濃縮現象は観察されなかった。VTNC は全ての材料上で有意に濃縮されたが、FINC, VW5B1 及び VWA3A の濃縮は観察されなかった。

2-8-2. PHEMA/PMEA 材料

C04A1 は全ての材料上で濃縮された。VTNC も全ての材料に有意に吸着したが、PMEA 表面における VTNC の濃縮は、その他の材料と比較して低いことが判明した。VMA3A は PHEMA/PMEA 比=50 : 50 表面で AP/PP 比=2 を越えて吸着したが、その他の材料上での濃縮現象は観察されなかった。

2-9. リポ蛋白質群 (表 13)

2-9-1. PVP 含有 PSF 材料

APOA、APOB 及び APOL1 の濃縮現象は観察されなかったが、APOA4、APOC1-4、APOE、APOF 及び CLUS は全材料、APOA2 は PSF1-5、APOD は PSF1-4 表面上で顕著に濃縮された。その他、APOA1 は PSF1 及び PSF3、APOH は PSF3-5、APOM は PSF1、PSF2 及び PSF4 表面に有意に吸着したと共に、CETP は PSF3 及び PSF6 以外の材料上で濃縮されることが確認された。

2-9-2. PHEMA/PMEA 材料

APOA1、APOB、APOD 及び APOH の濃縮現象は観察されなかったが、APOA2、APOC1、APOC4、APOE 及び APOL1 は全ての材料上で有意に濃縮された。APOA4、APOC3 及び CLUS は PHEMA 表面上に AP/PP 比=2 を越えて吸着したが、その他の材料上では顕著な濃縮が観察されなかった。

2-10. サイトカイン群 (表 14)

2-10-1. PVP 含有 PSF 材料

インターフェロン関連蛋白質として、IFIT2、IFM5、IFN10、IRF1、IRF5 及び IRF7 が同定された。IFIT2 及び IRF7 の濃縮現象は観察されなかったが、IFN10、IRF1 及び IRF5 は全ての材料上、IFM5 は PSF2、

PSF4 及び PSF6 表面上で有意に濃縮された。インターロイキン関連蛋白質として同定された IL21R は、PSF6 以外の材料に AP/PP 比=2 を越えて吸着することが確認された。

2-10-2. PHEMA/PMEA 材料

インターフェロン関連蛋白質として同定された IRF7 の吸着は各材料ともに観察されなかった。インターロイキン関連蛋白質としては、I12R2、IL17C、IL21R 及び IL5 が同定された。IL5 の濃縮現象は認められなかったが、IL21R は全ての材料上、I12R2 及び IL17C は PMEA 以外の材料上に AP/PP 比=2 を越えて吸着した。

2-11. 抗凝固作用蛋白質群 (表 15)

PVP 含有 PSF 材料では、ANT3、HEP2、PLGA、PLGB 及び PLMN の 5 種類の蛋白質が同定された。HEP2 及び PLGA の濃縮現象は認められなかったが、ANT3 は PSF1、PLGB は PSF3、PLMN は PSF3-5 表面上で AP/PP 比=2 を越えて吸着することが確認された。

PHEMA/PMEA 材料では、ANT3、HEP2 及び PLMN が同定されたが、いずれの蛋白質ともに濃縮現象は観察されなかった。

2-12. その他の関連因子群 (表 16)

2-12-1. PVP 含有 PSF 材料

血小板凝集に関与するインテグリン関連蛋白質として、ITA11、ITA9 及び ITB6 が同定された。ITA9 の濃縮現象は観察されなかったが、ITB6 は全材料、ITA11 は PSF1-3 表面に AP/PP 比=2 を越えて吸着した。プロテアーゼ阻害作用を持つ蛋白質群として、A2AP、ITIH1-4 及び ZPI が同定された。各材料上での ITIH1 の濃縮は観察されなかったが、ITIH2 及び ITIH3 は PSF3 と PSF4、ITIH4 は PSF1-5、ZPI は PSF4

表面上で濃縮されることが判明した。

2-12-2. PHEMA/PMEA 材料

インテグリン関連蛋白質として同定された ITA8 と ITAX は全ての材料に有意に吸着する傾向が認められたが、PMEA 表面上での ITAX の濃縮は観察されなかった。プロテアーゼ阻害作用を持つ蛋白質群のうち、A2AP、ITIH1 及び ITIH2 の顕著な吸着は全材料ともに認められなかったが、ITIH4 は PHEMA/PMEA 比=50 : 50 表面、ZPI は PHEMA、PHEMA/PMEA 比=25 : 75 及び PMEA 表面上に有意に吸着することが確認された。ホスホリパーゼ関連蛋白質として同定された PLD5 は PMEA 表面を除く全ての材料上で AP/PP 比=5 を越えて濃縮されることが判明した。

D. 考 察

本研究では、高分子材料の血液適合性を蛋白質吸着特性から予測する評価系の確立を目指し、組成比の異なるPVP含有PSF及びPHEMA/PMEAランダム共重合体表面に吸着する血漿蛋白質の網羅的比較定量解析を行った。また、過去に行った対照材料の解析結果を含めて比較検討することにより、血液適合性評価に利用できるマーカー蛋白質の選定を試みた。

血液凝固¹⁻⁹⁾は内因系血液凝固と外因系血液凝固に大別される。血液凝固系は補体系や血管拡張、血管透過性亢進及び発痛を制御するカリクレイン・キニン系とも密接に関連している。これらの生体反応のメカニズムのほか、異物との接触により惹起される血液凝固及びエコノミークラス症候群の発症機序、リン脂質と血液凝固の相関性、細胞膜表面への組織因子の出現とサイトカイン刺激の相関性等

については、昨年度の報告書に詳細に記述した¹⁰⁾。また、昨年度の報告書には、血液凝固に関係する一連の蛋白質も取りまとめている。これらの知見は医用材料の血液適合性を理解するための基本となることから、本報告書と合わせて参照して頂きたい。

血液透析器は腎不全患者の治療に適用される医療機器である。血液濾過を行う中空糸の素材としては、酢酸セルロース系高分子、PSF及びその他の材料が利用されており、中でもPSF製中空糸は比較的大きなシェアを占めている。PSF製中空糸はポア構造を形成する目的のほか、疎水性材料であるPSFに親水性を付与して生体適合性を高めるためにPVPが添加されているが、PVP含量と血液適合性の相関性は詳細に検討されていない。本研究において、PVP含量の異なるPSF材料表面への血漿蛋白質の吸着挙動を解析した結果、PSF/PVP材料表面には、内因系血液凝固活性化リガンドであるVTNCや各種の血液凝固因子が有意に濃縮されたが、血液凝固因子XII、キニノゲン、C1RL及びC4系を除く補体、並びに抗体の吸着はPVP添加量を増加させることにより抑制されることが判明した。

血液適合性材料として、超親水性表面、ミクロ相分離表面、細胞膜類似表面及び生理活性分子固定化表面等が開発され、その有効性が報告されて来たが、近年、材料表面の水和状態が血液適合性（抗血栓性）の要因である蛋白質吸着能や細胞接着能に深く関与することが明らかになりつつある。材料表面における水分子は存在様式により、超低温でも凍結しない不凍水、-50℃付近で低温結晶を形成する中間水及び 0℃で凍結する自由水に大別

される。不凍水と自由水は多くの材料に共通して存在する水分子であるが、血液適合性の高い材料は不凍水と自由水のほか、中間水を持つことが確認されている。細胞膜と類似したベタイン構造を持つポリ(2-メタクリロイルオキシエチルホスホリルコリン) (PMPC) は中間水を有する代表的な高分子材料の 1 つであり、蛋白質吸着能や細胞接着能が非常に低く、血栓が形成されない性質を持つことから、血液適合性が要求される医療機器や医用材料の表面加工に利用されている¹¹⁻¹⁴⁾。PVP 及び PMEA も中間水を有する代表的な高分子材料である。PMEA は、有機溶媒への易溶解性、非水溶性、透明性、粘着性を併せ持っていることから様々な基材へのコーティングが可能である¹⁵⁻²²⁾。また、PMEA 表面は、血漿蛋白質の吸着・変性が少なく、脱離速度も早い特徴を持つことが知られている。HEMA も蛋白質吸着が比較的少ない生体適合性材料であり、コンタクトレンズをはじめとした各種の医療機器に利用されているが、HEMA は中間水を持たない高分子であり、PMPC や PMEA と比較して血液適合性に劣る材料である。

本研究において、HEMA、PMEA 及び両者のランダム共重合体表面への血漿蛋白質の吸着挙動を解析した結果、第 IX 因子を除き、血液凝固因子は全ての材料上で濃縮されないことが判明した。VTNC は全ての材料上で濃縮されたが、最も良好な血液適合性を示す PMEA 表面への吸着量はその他の表面と比較して低い値を示した。補体、補助因子及び抗体は PMEA を除く全ての表面上で濃縮されたが、PMEA 表面では C1QC、C1RL 及び極一部の抗体を除き、これらの濃縮が起こらないことが確認された。血液凝固に関与しないと思われる

蛋白質群 (Peptide count > 2) の PHEMA/PMEA 材料への吸着挙動解析結果を表 17-19 に示した。PMEA 表面上で濃縮される蛋白質 (AP/PP 比 > 2) は一部の例外を除き、その他の材料上でも顕著に濃縮された (表 17)。PMEA 表面への吸着が抑制される蛋白質群 (AP/PP 比 < 0.5) は、その他の材料上でも同様な傾向を示した (表 18)。一方、表 19 に示したように、AP/PP 比として 0.5 以上 2.0 未満の割合で PMEA 表面に吸着する蛋白質群は、その他の材料上では有意に濃縮されることが確認されたことから、PMEA 表面では血液凝固関連蛋白質以外の蛋白質の濃縮も抑制されることが判明した。

PVP 含有 PSF 材料、HEMA/PMEA 材料及び 6 種類の対照材料への血漿蛋白質の吸着挙動を比較検討した結果、内因性血液凝固活性化リガンド群、補体群、血液凝固因子群及びその他の蛋白質群が血液適合性評価マーカーとして利用できることが示唆された。今回、マーカー候補として選定した蛋白質の各材料表面への吸着挙動を表 20 に示した。

内因系血液凝固活性化リガンドであるコラーゲン、FINC 及び VTNC は GPVI 受容体等を介して直接的に血小板を活性化する機能を持つため、血液凝固を引き起こす重要な因子の 1 となる。VTNC は、現在までに評価した全ての材料上で有意に濃縮されると共に、Mascot score 及び Peptide count とともに良好で、その同定精度も高いことから、血液適合性評価マーカーとして利用できる可能性が高い。各材料ともに FINC の濃縮現象は観察されなかったが、Mascot score から判断する限り、その吸着量は材料毎に異なる可能性が示唆されたため、FINC もマーカー候補蛋白質とし

て選定した。各材料には種々のコラーゲンが吸着したが、共通性が乏しく、且つ Mascot score 及び Peptide count とともに低いため、マーカー候補蛋白質から除外した。

補体系には古典経路、第 2 経路及びレクチン経路があり、古典経路では抗原に結合した IgG 又は IgM 抗体の Fc 部分 (H 鎖) に C1q が結合することが引き金となり、C1r 及び C1s を介して、C2 から C9 に至る一連の補体系が活性化される。第 2 経路では、抗体を介することなく C3 が直接結合し、幾つかの過程を経た後、C5 が活性化されて C6 から C9 補体の活性化が誘導される。レクチン経路では、菌体表層に存在するマンナンとレクチン等のマンナン結合蛋白質が結合することにより MASP が活性化される。MASP は C1s と類似した作用を持ち、C4 を活性化することにより C3 及び C5 から C9 補体を活性化する。すなわち、補体系においては C1 系、C3、C5 及び MASP が重要な役割を占める。現在までに評価した材料上には、C1r、C1s、C3 及び C5 が顕著に吸着した。PMEA 表面上では、これらの補体成分が濃縮される現象は観察されないが、水酸基を有する PHEMA 系材料や PVP 含量が比較的低い PSF 材料等では顕著に濃縮される。また、各補体因子の同定精度も高いことから、これら 4 種類の補体成分をマーカー候補蛋白質として選定した。MASP2 の吸着挙動についても興味ある結果が得られたが、MASP は酢酸セルロース等の糖質系材料との親和性が非常に高く、その他の材料への吸着量と比較することが難しいため、マーカー候補蛋白質から除外した。

補体系の活性化には種々の補助因子が必須である。各補助因子の吸着特性を解

析した結果、FHR1 が上記 4 種の補体成分と類似した挙動を示すことから、同因子もマーカー候補蛋白質として選定した。

外因系血液凝固は組織損傷時に放出される組織トロンボプラスチンが引き金となり、第 VII 因子 (FA7) が活性化されることにより一連の血液凝固カスケードが惹起される。また、血液が血管内皮細胞下の組織コラーゲンに接すると血液凝固カスケードの第 XII 因子 (FA12) が活性化され、最終的にフィブリンの重合に至る。すなわち、血液凝固カスケードにおいては、FA7 と FA12 が重要な役割を果たしている。両因子は PVP 含有 PSF 材料上で濃縮される傾向があるが、PHEMA/PMEA 材料では顕著な吸着が認められないことから、血液適合性評価マーカーとして利用できる可能性が高い。FIBB も同様な吸着挙動を示すことから、マーカー候補蛋白質として選定した。また、第 IX 因子 (FA9) は PVP 含有 PSF 及び PHEMA/PMEA 材料上で顕著に濃縮されたが、Mascot score から判断する限り、その吸着量は材料毎に異なる可能性が示唆されたため、FA9 もマーカー候補蛋白質として選定した。

ホスホリパーゼ群及びセロトニン受容体群は血液凝固に関与する主要な蛋白質の 1 つであるが、後述するサイトカイン類と同様、Mascot score と Peptide count の値を考慮して、マーカー候補蛋白質から除外した。しかし、PLD5 は PMEA 表面以外の多くの材料上で有意に濃縮されると共に、リン脂質をリン酸エステル部分で切断することにより、血液凝固に関与する陰性荷電リン脂質を遊離させる機能を持つ可能性があるため、マーカー候補蛋白質として選定した。

血液凝固に関与しないと思われる蛋白

質群であっても、最も優れた血液適合性を示す PMEA 表面への吸着量が少なく、その他の材料上で顕著に濃縮される蛋白質は血液適合性評価マーカーとして利用できる可能性が非常に高い。表 19 に示した各種蛋白質の吸着挙動を解析した結果、GPX3 は PHEMA/PMEA 材料への吸着量が少なく、PVP 含有 PSF 材料及び 6 種類の対照材料上で顕著に濃縮されることが判明したため、同蛋白質を有益なマーカー候補蛋白質として選定した。

PVP 含有 PSF 材料、PHEMA/PMEA 材料及び過去に測定した各種の対照材料には、多くのリポ蛋白質が吸着した。APOA 系蛋白質は線溶系蛋白質であるプラスミノゲンに類似した構造を持つため、プラスミノゲンに由来する線溶系の活性を低下させることが示唆されている。また、リポ蛋白質の主要構成糖脂質であるスルファチドは血液凝固阻害作用を持つことが報告されているが、リポ蛋白質と血液凝固の相関性には不明な点が多いため、マーカー候補蛋白質から除外した。IL-1 等の炎症性サイトカインは細胞膜表面に組織因子を出現させる機能を持つことが知られている。本研究において解析した各種材料上には、幾つかのインターフェロン及びインターロイキン群が有意に吸着したが、血液適合性との相関性が不明であると共に、いずれの蛋白質ともに Mascot score 及び Peptide count が低く、その同定が不確かなため、サイトカイン類もマーカー候補蛋白質から除外した。抗凝血作用蛋白質群中、ANT3、PLGB 及び PLMN は幾つかの PSF 材料上で濃縮されたが、これらの蛋白質は血液凝固を抑制する線溶系蛋白質であると共に、その他の多くの材料への顕著な吸着が認められなかった。

血小板 α 顆粒成分である A1AT は、Mascot score 及び Peptide count とともに高く、その同定は確かであるが、各材料上で濃縮されなかった。また、カリクレイン・キニン群として同定された KNG1 も、PSF3-5 を除き、対照材料を含めた多くの材料上で濃縮されなかったことから、これらの蛋白質もマーカー候補から除外した。

今後、血管ステントに利用されている金属製材料への蛋白質吸着挙動を解析し、データを更に蓄積すると共に、今回選定したマーカー候補蛋白質の絶対定量を行い、各種材料が示す血液適合性や中間水の存在の有無との相関性を検証することにより、蛋白質の吸着挙動から血液適合性を予測・評価する試験系を確立することを目指す。

E. 結論

PVP 含有 PSF 及び PHEMA/PMEA 材料への蛋白質吸着挙動を解析し、過去に実施した 6 種類の対照材料への蛋白質の吸着挙動を踏まえて比較検討した結果、1) 内因系血液凝固活性化リガンドとして VTNC 及び FINC、2) 補体及び補助因子として C1r、C1s、C3、C5 及び FHR1、3) 血液凝固因子として FA7、FA9、FA12 及び FIBB、4) その他の蛋白質として GPX3 及び PLD5 を血液適合性評価マーカーとして選定した。今後、これらのマーカー蛋白質の絶対定量を行い、各種材料が示す血液適合性との相関性を検証する。

F. 健康危険情報

特になし。

G. 研究発表

1) Haishima Y, Isama K, Hasegawa C,

- Yuba T and Matsuoka A. A development and biological safety evaluation of novel PVC medical devices with surface structures modified by UV irradiation to suppress plasticizer migration. *J. Biomed. Mater. Res. Part A*, in press (2013).
- 2) Sawada R, Kono K, Isama K, Haishima Y and Matsuoka A. Calcium-incorporated titanium surface influence the osteogenic differentiation of human mesenchymal stem cells. *J. Biomed. Mater. Res. Part A*, in press (2013).
 - 3) Hoshino T, Narukawa Y, Haishima Y, Goda Y and Kiuchi F. Two new sulfated oleanan saponins from *Achyranthes* root. *J. Nat. Med.*, in press (2013).
 - 4) 齧島由二, 河上強志, 福井千恵, 田上昭人, 柚場俊康, 伊佐間和郎, 松岡厚子. DEHP 代替可塑剤を利用した新規血液バッグの開発: 可塑剤溶出量と溶血性の関係について. 日本薬学会第 133 年会 (2013 年 3 月・横浜).
 - 5) 齧島由二, 澤田留美, 福井千恵, 松岡厚子. 間葉系幹細胞の増殖に及ぼすエンドトキシンの影響について: 蛋白質発現の網羅的解析による検討. 第 12 回日本再生医療学会総会 (2013 年 3 月・横浜).
 - 6) 澤田留美, 齧島由二, 福井千恵, 河野健, 松岡厚子. 間葉系幹細胞の増殖に及ぼすエンドトキシンの影響について: 遺伝子発現の網羅的解析による検討. 第 12 回日本再生医療学会総会 (2013 年 3 月・横浜).
 - 7) 齧島由二, 福井千恵, 柚場俊康, 松岡厚子. 溶血性試験用陽性対照材料の開発と性能評価. 日本バイオマテリアル学会シンポジウム 2012 (2012 年 11 月・仙台).
 - 8) 齧島由二, 河上強志, 福井千恵, 田上昭人, 柚場俊康, 伊佐間和郎, 松岡厚子. DEHP 代替可塑剤を利用した新規血液バッグの開発: 可塑剤溶出量と溶血性の関係について. 日本バイオマテリアル学会シンポジウム 2012 (2012 年 11 月・仙台).
 - 9) 植松美幸, 齧島由二, 中岡竜介, 松岡厚子, 瀬川勝智, 中野達也. 医用高分子材料の表面近傍における水和状態のシミュレーション的評価. 日本バイオマテリアル学会シンポジウム 2012 (2012 年 11 月・仙台).
 - 10) 迫田秀行, 齧島由二, 松岡厚子. スクアレンによる超高分子量ポリエチレンの劣化機構に関する検討. 日本バイオマテリアル学会シンポジウム 2012 (2012 年 11 月・仙台).
 - 11) 河野 健, 澤田留美, 伊佐間和郎, 齧島由二, 松岡厚子. チタン表面の化学処理による間葉系幹細胞の骨分化誘導. 日本バイオマテリアル学会シンポジウム 2012 (2012 年 11 月・仙台).
 - 12) 齧島由二. 第 7 部: 発熱性物質試験: 各試験法の特徴と操作方法等について. 医療機器の生物学的安全性試験法講習会 (2012 年 9 月・東京).
 - 13) 齧島由二. 第 7 部: 発熱性物質試験. 説明会: 医療機器の生物学的安全性評価に関連する規格等の最近の改正について (2012 年 5 月・東京).

参照資料

- 1) 山本一彦, 他. カラー図解: 靱帯の正常構造と機能, IV. 血液・免疫・内分泌, 日本医事新報社, 2002年.
- 2) 森 亘, 桶田理喜. 基礎病理学 第7版(監訳: ロビンス), 廣川書店, 2004年.
- 3) 藤巻道男. 出血傾向のスクリーニング検査, 日本医師会雑誌, 109(2):220-224 (1993).
- 4) 鈴木宏治. 血液凝固と血小板, 日本医事新報, 4313:87-88 (2006).
- 5) 吉岡章, 杉本充彦. アンチトロンビン(AT)、プロテインC(PC)、プロテインS(PS):最新臨床検査のABC, 日本医師会雑誌, 135(2):S89-90 (2006).
- 6) 鈴木宏治. プロテインC、プロテインS、APCレジスタンス、トロンボモジュリン:臨床検査ガイド 1999-2000, 696-702頁、文光堂, 1999年.
- 7) 藤田稠清. 血小板凝集能亢進症:重要で新しい血管の危険因子, 日本医事新報 4238:26-32 (2005).
- 8) 高志昌宏, 大滝隆行, 小又理恵子. 5. 冠動脈血栓, Nikkei Medical, 2000年1月号:75頁.
- 9) 川合陽子. 偽血小板減少症を確認するための再採血, 日本医事新報, 4299:90-91 (2006).
- 10) 靱島由二. プロテオミクス解析を利用した医用材料の生体適合性・機能評価に関する研究. 平成23年度厚生科学研究費補助金(医薬品・医療機器等レギュラトリーサイエンス総合)研究事業. 「材料/細胞・組織界面特性に着目した医用材料の新規評価方法の開発に関する研究(H22-医薬一般-009)」分担研究報告書.
- 11) K. Ishihara, H. Nomura, T. Mihara, K. Kurita, Y. Iwasaki and N. Nakabayashi. *J. Biomed. Mater. Res.*, 39:323 (1998).
- 12) K. Ishihara, E. Ishikawa, T. Mihara, Y. Iwasaki and N. Nakabayashi. *J. Biomater. Sci. Polym. Ed.*, 10:1047 (1999).
- 13) H. Kitano, M. Imai, T. Mori, M. Genmei-Ide, Y. Yokoyama and K. Ishihara. *Langmuir*, 19:10266 (2003).
- 14) T. Hatakeyama, M. Tanaka and H. Hatakeyama. *Acta Biomaterialia.*, 3:6091 (2009).
- 15) M. Tanaka, T. Motomura, M. Kawada, T. Anzai, Y. Kasori, T. Shiroya, K. Shimura, M. Onishi and A. Mochizuki. *Biomaterials*, 21:1471 (2000).
- 16) M. Tanaka, T. Motomura, N. Ishii, K. Shimura, M. Onishi, A. Mochizuki and T. Hatakeyama. *Polym. Int.*, 49:1709 (2000).
- 17) M. Tanaka, A. Mochizuki, T. Motomura, K. Shimura, M. Ohnishi and Y. Okahata. *Colloids. Surf., A*, 193:145 (2001).
- 18) M. Tanaka, A. Mochizuki, T. Shiroya, T. Motomura, K. Shimura, M. Ohnishi and Y. Okahata. *Colloids. Surf., A*, 203:195 (2002).
- 19) T. Ansai, A. Okumura, M. Kawamura, K. Yokoyama, H. Oshiyama, T. Kido and C. Nojiri. *Jpn. J. Artif. Organs.*, 9:73 (2000).
- 20) N. Saito, S. Motoyama and J. Sawamoto. *Jpn. J. Artif. Organs.*, 24:547 (2000).
- 21) M. Tanaka and A. Mochizuki. *J. Biomed. Mater. Res., A*, 68:684 (2004).
- 22) M. Tanaka, A. Mochizuki, N. Ishii, T. Motomura and T. Hatakeyama. *Biomacromolecules*, 3:36 (2002).

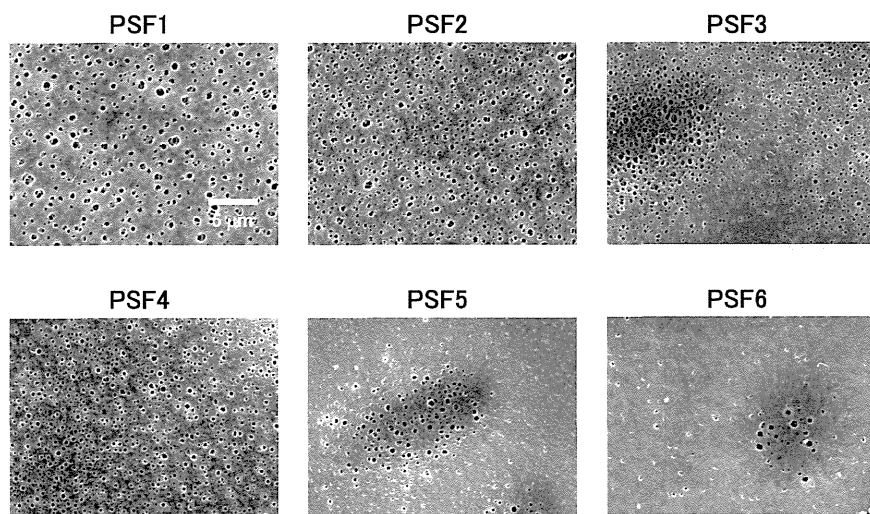


図1. PVP含有PSF材料の表面構造

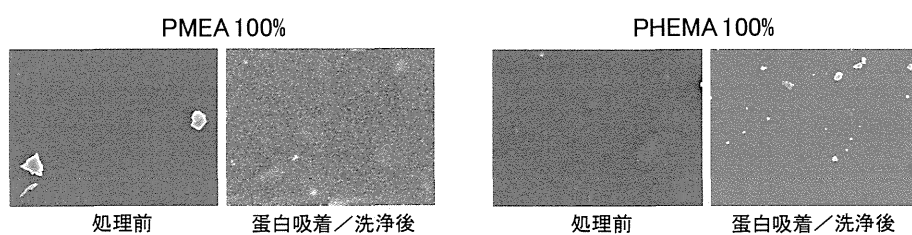


図2. 蛋白質吸着実験前後のPMEA及びPHEMAの表面構造

表1. PVP含有PSF材料の種類と吸着蛋白量

サンプル番号	PVP含量 (wt%)	PVP/PSF比 (wt%)	吸着蛋白量 ($\mu\text{g}/\text{cm}^2$)	備考
PSF1	33.0	50	10.38	人工腎臓ライク 人工腎臓ライク
PSF2	20.0	25	17.88	
PSF3	9.0	10	25.58	
PSF4	5.0	5	24.90	
PSF5	1.0	1	20.90	
PSF6	0	0	0.67	

表2. PHEMA/PMEA材料の種類、吸着蛋白量及び静的接触角

サンプル番号	サンプル記号	化学組成 PHEMA/PMEA	吸着蛋白量 ($\mu\text{g}/\text{cm}^2$)	接触角(度)	
				液適法	水中気泡法
1	PHEMA	100/0	0.27	43.6 \pm 0.89	26.8 \pm 2.68
2	75/25	75/25	0.56	31.6 \pm 1.52	24.4 \pm 1.67
3	50/50	50/50	0.36	29.2 \pm 1.10	27.6 \pm 2.19
4	25/75	25/75	0.33	29.6 \pm 0.55	31.6 \pm 2.61
5	PMEA	0/100	0.19	36.8 \pm 0.84	36.8 \pm 1.79

表3. PVP含有PSF材料の静的接触角

測定面	接触角(度)					
	PSF1	PSF2	PSF3	PSF4	PSF5	PSF6
非ガラス面	51.2 \pm 13.3	57.1 \pm 1.3	70.1 \pm 1.4	69.5 \pm 4.1	71.1 \pm 7.7	77.5 \pm 3.5
ガラス面	—	48.5 \pm 8.7	59.1 \pm 3.3	62.9 \pm 4.5	73.1 \pm 6.3	76.8 \pm 3.0

表4. アルブミンの吸着挙動

A) PVP含有PSF材料

Relative ration (sample/plasma)						
Plasma	PSF1	PSF2	PSF3	PSF4	PSF5	PSF6
1.00	0.12	0.05	0.22	0.21	0.26	0.07

Max Protein Score : 8906 Peptide Counts : 95

B) PHEMA/PMEA材料

Relative ration (sample/plasma)					
Plasma	PHEMA	75/25	50/50	25/75	PMEA
1.00	0.02	0.01	0.04	0.02	0.004

Max Protein Score : 4696 Peptide Counts : 83

表5. ホスホリパーゼ群の吸着挙動

A) PVP含有PSF材料

■ 5倍以上濃縮 ■ 2-5倍濃縮 ■ 1/2-1/5に減少 ■ 1/5以下に減少

Protein ID			Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)						
Code	Name	Score		Plasma	PSF1	PSF2	PSF3	PSF4	PSF5	PSF6
PHLD	Phosphatidylinositol-glycan-specific phospholipase D	54	2	1.00	0.62	0.76	1.42	2.76	0.79	0.10
PLCL2	Inactive phospholipase C-like protein 2	23	1	1.00	0.06	0.08	0.78	0.44	15.11	0.03
PLD1	Phospholipase D1	32	1	1.00	0.02	0.02	0.42	0.14	0.27	0.01
PA24F	Cytosolic phospholipase A2 zeta	22	1	1.00	4.20	3.15	2.53	3.52	1.99	0.48

B) PHEMA/PMEA材料

Protein ID			Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)					
Code	Name	Score		Plasma	PHEMA	75/25	50/50	25/75	PMEA
PHLD	Phosphatidylinositol-glycan-specific phospholipase D	23	1	0.00	∞	∞	∞	∞	∞
PLCH1	1-phosphatidylinositol-4,5-bisphosphate phosphodiesterase eta-1	21	1	1.00	10.26	12.62	9.19	9.29	0.91

表6. セロトニン受容体群の吸着挙動

PVP含有PSF材料

Protein ID			Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)						
Code	Name	Score		Plasma	PSF1	PSF2	PSF3	PSF4	PSF5	PSF6
ASML	N-acetylserotonin O-methyltransferase-like protein	25	1	1.00	6.05	2.86	1.04	1.69	1.88	0.65

表7. 血小板α顆粒成分群の吸着挙動

A) PVP含有PSF材料

Protein ID			Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)						
Code	Name	Score		Plasma	PSF1	PSF2	PSF3	PSF4	PSF5	PSF6
A1AT	Alpha-1-antitrypsin	765	32	1.00	0.15	0.09	0.65	0.11	0.08	0.07

B) PHEMA/PMEA材料

Protein ID			Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)					
Code	Name	Score		Plasma	PHEMA	75/25	50/50	25/75	PMEA
A1AT	Alpha-1-antitrypsin	566	21	1.00	0.02	0.02	0.03	0.02	0.01

表8. カリクレイン・キニン群の吸着挙動

A) PVP含有PSF材料

Protein ID			Peptide count	Relative ration (sample/plasma)						
Code	Name	Score		Plasma	PSF1	PSF2	PSF3	PSF4	PSF5	PSF6
KLKB1	Plasma kallikrein	247	17	1.00	1.05	1.38	1.60	1.82	1.93	0.11
KNG1	Kininogen-1	398	25	1.00	0.78	1.11	3.57	3.45	2.01	0.16

B) PHEMA/PMEA材料

Protein ID			Peptide count	Relative ration (sample/plasma)					
Code	Name	Score		Plasma	PHEMA	75/25	50/50	25/75	PMEA
KLKB1	Plasma kallikrein	42	1	1.00	0.16	0.08	0.02	0.06	0.14
KNG1	Kininogen-1	102	4	1.00	0.74	0.47	1.08	0.39	0.14

表9. 血液凝固因子群の吸着挙動

A) PVP含有PSF材料

Protein ID			Peptide count	Relative ration (sample/plasma)						
Code	Name	Score		Plasma	PSF1	PSF2	PSF3	PSF4	PSF5	PSF6
A2AP	Alpha-2-antiplasmin	283	15	1.00	1.01	0.84	3.60	3.71	2.04	0.15
ITA11	Integrin alpha-11	19	1	1.00	3.09	2.26	2.17	1.00	1.01	2.62
ITA9	Integrin alpha-9	25	1	1.00	0.02	0.03	0.67	0.23	0.47	0.00
ITB6	Integrin beta-6	33	1	1.00	8.72	4.56	2.17	3.23	3.37	2.06
ITIH1	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H1	677	20	1.00	0.24	0.51	1.73	1.69	0.90	0.09
ITIH2	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H2	735	33	1.00	0.98	0.94	2.56	2.45	1.30	0.17
ITIH3	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H3	127	5	1.00	0.71	1.00	2.86	3.26	0.95	0.28
ITIH4	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H4	1744	56	1.00	7.38	5.13	4.63	8.22	9.30	1.68
ZPI	Protein Z-dependent protease inhibitor	116	4	1.00	1.12	1.93	1.90	3.42	1.54	0.24

B) PHEMA/PMEA材料

Protein ID			Peptide count	Relative ration (sample/plasma)					
Code	Name	Score		Plasma	PHEMA	75/25	50/50	25/75	PMEA
FA12	Coagulation factor XII	21	2	1.00	0.33	0.03	0.06	0.08	0.01
FA5	Coagulation factor V	78	7	1.00	1.61	1.99	4.83	2.18	0.42
FA9	Coagulation factor IX	40	1	1.00	20.11	22.70	38.68	17.55	7.26
FIBA	Fibrinogen alpha chain	86	10	1.00	0.34	0.07	0.12	0.13	0.05
FIBB	Fibrinogen beta chain	254	10	1.00	0.08	0.03	0.06	0.03	0.02
FIBG	Fibrinogen gamma chain	82	8	1.00	0.09	0.07	0.05	0.05	0.05
THRB	Prothrombin	113	8	1.00	0.46	0.72	0.70	0.42	0.10

表10. PVP含有PSF材料への補体因子群の吸着挙動

Protein ID		Score	Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)						
Code	Name			Plasma	PSF1	PSF2	PSF3	PSF4	PSF5	PSF6
C1QA	Complement C1q subcomponent subunit A	136	3	1.00	0.31	0.25	1.44	0.76	0.87	1.65
C1QB	Complement C1q subcomponent subunit B	72	6	1.00	0.40	0.31	1.11	0.71	0.77	0.89
C1QC	Complement C1q subcomponent subunit C	83	5	1.00	0.32	0.19	1.10	0.54	0.67	0.74
C1R	Complement C1r subcomponent	196	12	1.00	1.95	1.97	2.42	2.04	1.93	0.66
C1RL	Complement C1r subcomponent-like protein	33	2	1.00	2.29	2.02	2.43	2.14	2.12	0.93
C1S	Complement C1s subcomponent	267	15	1.00	1.43	1.61	3.41	3.56	2.01	0.71
C4BPA	C4b-binding protein alpha chain	366	18	1.00	3.35	4.88	3.20	2.35	1.92	0.16
C4BPB	C4b-binding protein beta chain	79	3	1.00	3.30	5.29	2.64	2.07	1.73	0.20
CFAB	Complement factor B	290	22	1.00	0.07	0.12	1.70	0.55	0.54	0.08
CFAH	Complement factor H	902	56	1.00	0.73	1.61	4.19	5.60	1.60	0.10
CFAI	Complement factor I	132	8	1.00	0.14	0.11	1.52	0.81	0.44	0.06
CO2	Complement C2	161	11	1.00	0.69	0.87	3.70	5.74	1.06	0.14
CO3	Complement C3	1807	113	1.00	0.13	0.18	1.02	0.47	0.34	0.05
CO4A	Complement C4-A	585	38	1.00	0.39	0.48	1.16	0.79	1.35	0.15
CO4B	Complement C4-B	585	38	1.00	0.39	0.48	1.16	0.79	1.35	0.15
CO5	Complement C5	504	34	1.00	0.16	0.20	1.62	1.78	0.97	0.06
CO6	Complement component C6	174	8	1.00	0.25	0.69	3.29	3.38	1.08	0.14
CO7	Complement component C7	83	6	1.00	0.71	0.56	3.37	2.83	0.88	0.10
CO8A	Complement component C8 alpha chain	51	5	1.00	1.39	2.81	2.19	2.36	1.72	0.26
CO8B	Complement component C8 beta chain	26	1	1.00	0.08	0.07	3.70	0.94	0.84	0.00
CO8G	Complement component C8 gamma chain	54	5	1.00	0.24	0.42	2.03	1.34	0.84	0.12
CO9	Complement component C9	165	7	1.00	0.34	0.38	2.34	2.05	1.51	0.22
FHR1	Complement factor H-related protein 1	143	8	1.00	0.72	1.27	4.37	5.54	3.57	0.22
FHR2	Complement factor H-related protein 2	82	5	1.00	1.69	2.87	8.36	11.53	6.74	0.25
FHR3	Complement factor H-related protein 3	110	6	1.00	1.92	2.04	4.01	6.94	1.40	0.06
FHR4	Complement factor H-related protein 4	79	4	1.00	2.64	1.77	3.75	6.81	1.25	0.02
FHR5	Complement factor H-related protein 5	60	3	1.00	0.46	1.63	4.25	4.88	6.17	0.22
HV102	Ig heavy chain V-I region HG3	61	1	1.00	0.32	0.34	1.35	0.62	0.40	0.45
HV201	Ig heavy chain V-II region OU	28	1	1.00	0.83	1.46	1.06	1.28	1.04	1.20
HV207	Ig heavy chain V-II region NEWM	68	3	1.00	1.04	0.73	1.56	1.15	0.80	0.67
HV208	Ig heavy chain V-II region SESS	28	1	1.00	0.83	1.46	1.06	1.28	1.04	1.20
HV209	Ig heavy chain V-II region ARH-77	68	3	1.00	1.05	0.76	2.04	1.22	0.83	0.72
HV301	Ig heavy chain V-III region TRO	29	1	1.00	0.26	0.27	0.82	0.59	0.53	0.29
HV302	Ig heavy chain V-III region WEA	61	2	1.00	0.31	0.30	1.07	0.59	0.47	0.29
HV303	Ig heavy chain V-III region VH26	125	3	1.00	0.36	0.36	1.03	0.54	0.43	0.37
HV304	Ig heavy chain V-III region TIL	127	4	1.00	0.34	0.36	1.64	0.67	0.47	0.45
HV305	Ig heavy chain V-III region BRO	137	5	1.00	0.35	0.36	1.36	0.61	0.42	0.40
HV306	Ig heavy chain V-III region BUT	101	4	1.00	0.40	0.41	0.86	0.49	0.44	0.33
HV307	Ig heavy chain V-III region CAM	115	3	1.00	0.40	0.38	0.99	0.54	0.44	0.38
HV308	Ig heavy chain V-III region GA	29	2	1.00	0.21	0.17	1.93	0.40	0.38	0.20
HV309	Ig heavy chain V-III region NIE	29	1	1.00	0.26	0.27	0.82	0.59	0.53	0.29
HV310	Ig heavy chain V-III region HIL	40	2	1.00	0.25	0.28	0.95	0.55	0.38	0.18
HV311	Ig heavy chain V-III region KOL	29	1	1.00	0.26	0.27	0.82	0.59	0.53	0.29
HV312	Ig heavy chain V-III region BUR	29	1	1.00	0.26	0.27	0.82	0.59	0.53	0.29
HV313	Ig heavy chain V-III region POM	75	3	1.00	0.38	0.40	1.71	0.71	0.51	0.52
HV314	Ig heavy chain V-III region LAY	29	1	1.00	0.26	0.27	0.82	0.59	0.53	0.29
HV315	Ig heavy chain V-III region WAS	75	3	1.00	0.38	0.40	1.71	0.71	0.51	0.52
HV316	Ig heavy chain V-III region TEI	100	3	1.00	0.38	0.38	1.50	0.67	0.45	0.40
HV317	Ig heavy chain V-III region ZAP	29	1	1.00	0.26	0.27	0.82	0.59	0.53	0.29
HV318	Ig heavy chain V-III region TUR	75	3	1.00	0.38	0.40	1.71	0.71	0.51	0.52
HV319	Ig heavy chain V-III region JON	29	1	1.00	0.26	0.27	0.82	0.59	0.53	0.29
HV320	Ig heavy chain V-III region GAL	110	4	1.00	0.37	0.39	0.99	0.49	0.37	0.30
HV322	Ig heavy chain V-III region GAR	36	1	1.00	0.22	0.29	0.90	0.43	0.35	0.26
IGHA1	Ig alpha-1 chain C region	291	15	1.00	0.06	0.05	1.17	0.36	0.23	0.02
IGHA2	Ig alpha-2 chain C region	211	11	1.00	0.07	0.05	1.10	0.34	0.23	0.02
IGHG1	Ig gamma-1 chain C region	1142	28	1.00	0.64	0.64	2.46	1.07	0.60	0.94
IGHG2	Ig gamma-2 chain C region	493	15	1.00	0.34	0.32	1.86	0.66	0.36	0.20
IGHG3	Ig gamma-3 chain C region	689	19	1.00	0.73	0.80	2.44	1.39	0.73	0.93
IGHG4	Ig gamma-4 chain C region	481	14	1.00	0.35	0.32	1.47	0.54	0.34	0.55
IGHM	Ig mu chain C region	253	16	1.00	1.30	0.47	1.01	0.40	0.46	0.08
IGJ	Immunoglobulin J chain	59	2	1.00	0.29	0.13	0.64	0.38	0.29	0.03

表10. PVP含有PSF材料への補体因子群の吸着挙動(続き)

Protein ID			Peptide count	Relative ration (sample/plasma)						
Code	Name	Score		Plasma	PSF1	PSF2	PSF3	PSF4	PSF5	PSF6
IGKC	Ig kappa chain C region	617	11	1.00	0.44	0.40	1.79	0.64	0.41	0.95
IGSF2	Immunoglobulin superfamily member 2	27	1	1.00	5.74	2.10	2.18	1.44	1.50	0.49
KV101	Ig kappa chain V-I region AG	98	3	1.00	0.33	0.37	1.93	0.69	0.42	0.65
KV102	Ig kappa chain V-I region AU	98	2	1.00	0.46	0.58	2.78	1.03	0.58	1.20
KV104	Ig kappa chain V-I region CAR	115	2	1.00	0.42	0.52	2.53	0.83	0.50	1.24
KV105	Ig kappa chain V-I region DEE	98	3	1.00	0.39	0.48	2.20	0.96	0.57	1.00
KV106	Ig kappa chain V-I region EU	127	4	1.00	0.33	0.41	1.92	0.80	0.53	0.93
KV107	Ig kappa chain V-I region Gal	98	2	1.00	0.46	0.58	2.78	1.03	0.58	1.20
KV108	Ig kappa chain V-I region Hau	98	3	1.00	0.39	0.48	2.20	0.96	0.57	1.00
KV109	Ig kappa chain V-I region HK101 (Fragment)	31	1	1.00	0.30	0.35	1.41	0.86	0.56	0.74
KV110	Ig kappa chain V-I region HK102 (Fragment)	31	1	1.00	0.30	0.35	1.41	0.86	0.56	0.74
KV112	Ig kappa chain V-I region Kue	41	2	1.00	0.37	0.46	1.27	0.88	0.65	0.61
KV113	Ig kappa chain V-I region Lay	72	1	1.00	0.72	0.77	1.61	1.17	0.78	0.69
KV114	Ig kappa chain V-I region OU	98	4	1.00	0.42	0.50	2.25	0.95	0.56	1.04
KV115	Ig kappa chain V-I region Rei	98	2	1.00	0.46	0.58	2.78	1.03	0.58	1.20
KV116	Ig kappa chain V-I region Roy	98	2	1.00	0.46	0.58	2.78	1.03	0.58	1.20
KV117	Ig kappa chain V-I region Scw	98	3	1.00	0.30	0.35	2.11	0.69	0.41	0.71
KV118	Ig kappa chain V-I region WEA	98	4	1.00	0.33	0.41	2.00	0.83	0.50	0.71
KV119	Ig kappa chain V-I region Wes	70	2	1.00	0.40	0.48	2.13	0.96	0.61	1.00
KV120	Ig kappa chain V-I region Mev	38	1	1.00	0.21	0.25	1.20	0.74	0.59	0.39
KV121	Ig kappa chain V-I region Ni	58	2	1.00	0.26	0.29	1.68	0.53	0.36	0.48
KV122	Ig kappa chain V-I region BAN	78	2	1.00	0.33	0.37	1.73	0.70	0.49	0.80
KV123	Ig kappa chain V-I region Walker	31	1	1.00	0.30	0.35	1.41	0.86	0.56	0.74
KV124	Ig kappa chain V-I region Daudi	31	1	1.00	0.30	0.35	1.41	0.86	0.56	0.74
KV125	Ig kappa chain V-I region WAT	98	3	1.00	0.39	0.48	2.20	0.96	0.57	1.00
KV201	Ig kappa chain V-II region Cum	56	2	1.00	0.80	0.43	2.12	1.01	0.56	0.60
KV203	Ig kappa chain V-II region MIL	52	1	1.00	0.75	0.43	1.84	0.80	0.42	0.40
KV204	Ig kappa chain V-II region TEW	83	3	1.00	0.89	0.53	2.35	1.02	0.54	0.59
KV205	Ig kappa chain V-II region GM607 (Fragment)	56	2	1.00	0.80	0.43	2.12	1.01	0.56	0.60
KV206	Ig kappa chain V-II region RPMI 6410	52	1	1.00	0.75	0.43	1.84	0.80	0.42	0.40
KV301	Ig kappa chain V-III region B6	95	4	1.00	0.49	0.52	2.31	0.87	0.36	0.80
KV302	Ig kappa chain V-III region SIE	184	4	1.00	0.36	0.40	1.35	0.62	0.40	0.48
KV303	Ig kappa chain V-III region NG9 (Fragment)	61	2	1.00	0.42	0.47	1.47	0.89	0.56	0.61
KV304	Ig kappa chain V-III region Ti	156	3	1.00	0.42	0.42	1.71	0.75	0.41	0.65
KV305	Ig kappa chain V-III region WOL	184	4	1.00	0.36	0.40	1.35	0.62	0.40	0.48
KV306	Ig kappa chain V-III region POM	72	2	1.00	0.59	0.73	1.77	1.24	4.98	0.72
KV307	Ig kappa chain V-III region GOL	156	3	1.00	0.42	0.42	1.71	0.75	0.41	0.65
KV308	Ig kappa chain V-III region CLL	72	2	1.00	0.59	0.73	1.77	1.24	4.98	0.72
KV309	Ig kappa chain V-III region VG (Fragment)	60	4	1.00	0.46	0.47	2.26	0.91	2.13	0.91
KV310	Ig kappa chain V-III region VH (Fragment)	72	1	1.00	0.72	0.77	1.61	1.17	0.78	0.69
KV312	Ig kappa chain V-III region HAH	113	3	1.00	0.31	0.35	1.13	0.56	0.41	0.40
KV313	Ig kappa chain V-III region HIC	113	3	1.00	0.31	0.35	1.13	0.56	0.41	0.40
KV401	Ig kappa chain V-IV region (Fragment)	96	3	1.00	0.42	0.36	1.21	0.51	0.48	0.50
KV402	Ig kappa chain V-IV region Len	149	4	1.00	0.48	0.48	1.71	0.80	0.53	0.58
KV403	Ig kappa chain V-IV region JI	96	3	1.00	0.42	0.36	1.21	0.51	0.48	0.50
KV404	Ig kappa chain V-IV region B17	95	2	1.00	0.50	0.46	1.30	0.63	0.45	0.61
KV405	Ig kappa chain V-IV region STH (Fragment)	34	1	1.00	0.30	0.21	1.07	0.33	0.52	0.33
LAC	Ig lambda chain C regions	652	11	1.00	0.36	0.43	1.93	0.84	0.47	0.37
LV102	Ig lambda chain V-I region HA	79	3	1.00	0.48	0.44	2.04	0.94	0.58	0.70
LV106	Ig lambda chain V-I region WAH	84	2	1.00	0.47	0.57	1.56	0.93	0.69	0.66
LV204	Ig lambda chain V-II region TRO	0	1	1.00	0.68	0.17	4.62	1.41	0.58	1.30
LV206	Ig lambda chain V-II region MGC	0	1	1.00	0.68	0.17	4.62	1.41	0.58	1.30
LV209	Ig lambda chain V-II region WIN	0	1	1.00	0.68	0.17	4.62	1.41	0.58	1.30
LV301	Ig lambda chain V-III region SH	70	2	1.00	0.21	0.26	1.57	0.56	0.34	0.36
LV302	Ig lambda chain V-III region LOI	88	1	1.00	0.15	0.16	1.72	0.44	0.27	0.48
LV403	Ig lambda chain V-IV region Hil	55	1	1.00	0.15	0.12	1.62	0.39	0.14	0.18
MASP1	Mannan-binding lectin serine protease 1	32	1	1.00	1.18	1.58	5.86	5.72	2.61	0.00
MASP2	Mannan-binding lectin serine protease 2	41	3	1.00	15.25	7.25	4.33	4.12	3.72	1.58
MUCB	Ig mu heavy chain disease protein	182	13	1.00	1.61	0.49	1.14	0.42	0.51	0.08

表11. PHEMA/PMEA材料への補体因子群の吸着挙動

Protein ID		Score	Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)					
Code	Name			Plasma	PHEMA	75/25	50/50	25/75	PMEA
C1QA	Complement C1q subcomponent subunit A	25	1	1.00	2.71	3.34	7.49	1.92	0.55
C1QB	Complement C1q subcomponent subunit B	131	5	1.00	2.20	2.21	6.02	1.49	0.46
C1QC	Complement C1q subcomponent subunit C	64	3	1.00	4.58	4.49	12.33	3.41	2.49
C1R	Complement C1r subcomponent	192	10	1.00	1.32	2.13	7.34	1.01	0.55
C1RL	Complement C1r subcomponent-like protein	32	1	1.00	0.95	2.31	8.32	0.99	2.14
C1S	Complement C1s subcomponent	108	7	1.00	1.14	1.54	4.56	0.78	0.21
CFAB	Complement factor B	147	5	1.00	0.39	0.12	0.22	0.22	0.05
CFAH	Complement factor H	739	35	1.00	6.90	1.15	2.40	2.25	0.46
CFAI	Complement factor I	28	1	1.00	0.39	0.07	0.15	0.05	0.05
CO2	Complement C2	81	2	1.00	2.80	2.06	5.37	2.82	0.87
CO3	Complement C3	4282	155	1.00	8.88	3.40	5.98	4.08	1.56
CO4A	Complement C4-A	615	44	1.00	1.65	0.89	1.41	1.10	0.39
CO4B	Complement C4-B	659	45	1.00	1.68	0.90	1.43	1.11	0.41
CO5	Complement C5	390	26	1.00	2.35	2.79	6.15	4.56	1.03
CO6	Complement component C6	42	3	1.00	2.49	1.35	3.78	3.19	0.66
CO7	Complement component C7	55	3	1.00	1.46	1.57	3.05	2.01	0.46
CO8A	Complement component C8 alpha chain	99	5	1.00	3.96	5.18	10.28	8.05	1.44
CO8G	Complement component C8 gamma chain	50	2	1.00	5.04	4.09	8.69	7.25	0.55
CO9	Complement component C9	171	10	1.00	2.83	3.69	6.31	4.66	1.39
FHR1	Complement factor H-related protein 1	133	7	1.00	26.43	6.89	11.94	10.05	1.56
FHR2	Complement factor H-related protein 2	58	4	1.00	21.23	4.68	9.50	7.09	0.82
FHR3	Complement factor H-related protein 3	46	2	1.00	6.22	1.53	3.28	2.42	0.84
FHR5	Complement factor H-related protein 5	57	2	1.00	22.04	2.29	9.27	7.59	1.57
HV102	Ig heavy chain V-I region HG3	69	1	1.00	3.82	5.54	5.60	5.60	0.94
HV103	Ig heavy chain V-I region V35	45	2	1.00	1.62	2.81	4.41	3.88	0.98
HV105	Ig heavy chain V-I region WOL	24	1	1.00	9.83	7.26	17.78	22.26	4.36
HV201	Ig heavy chain V-II region OU	37	2	1.00	3.06	4.49	4.56	4.70	0.47
HV206	Ig heavy chain V-II region WAH	37	2	1.00	2.87	2.67	5.59	5.05	0.72
HV207	Ig heavy chain V-II region NEWM	91	2	1.00	4.50	5.10	6.57	6.25	0.93
HV208	Ig heavy chain V-II region SESS	37	1	1.00	2.83	3.56	4.12	4.41	0.46
HV209	Ig heavy chain V-II region ARH-77	111	3	1.00	4.06	5.63	6.20	6.35	0.95
HV301	Ig heavy chain V-III region TRO	33	3	1.00	3.16	4.75	5.19	4.81	0.76
HV302	Ig heavy chain V-III region WEA	108	4	1.00	2.99	5.02	5.33	5.51	0.92
HV303	Ig heavy chain V-III region VH26	194	6	1.00	3.62	2.87	4.46	4.38	1.03
HV304	Ig heavy chain V-III region TIL	157	6	1.00	2.33	5.15	5.77	5.51	0.88
HV305	Ig heavy chain V-III region BRO	196	5	1.00	3.05	5.25	5.59	6.29	1.12
HV306	Ig heavy chain V-III region BUT	211	6	1.00	2.72	4.42	5.07	5.30	0.79
HV307	Ig heavy chain V-III region CAM	145	6	1.00	4.17	3.88	4.68	5.02	1.09
HV308	Ig heavy chain V-III region GA	29	1	1.00	2.69	4.76	4.54	4.89	0.70
HV309	Ig heavy chain V-III region NIE	69	2	1.00	3.58	6.08	5.43	5.97	0.82
HV310	Ig heavy chain V-III region HIL	43	2	1.00	3.33	5.78	5.50	6.36	0.72
HV311	Ig heavy chain V-III region KOL	29	1	1.00	2.69	4.76	4.54	4.89	0.70
HV312	Ig heavy chain V-III region BUR	37	2	1.00	3.19	5.41	4.45	5.08	1.06
HV313	Ig heavy chain V-III region POM	111	3	1.00	2.30	5.36	4.80	5.40	0.60
HV314	Ig heavy chain V-III region LAY	29	1	1.00	2.69	4.76	4.54	4.89	0.70
HV315	Ig heavy chain V-III region WAS	111	3	1.00	2.30	5.36	4.80	5.40	0.60
HV316	Ig heavy chain V-III region TEI	139	3	1.00	2.87	5.47	5.66	6.48	1.17
HV317	Ig heavy chain V-III region ZAP	29	1	1.00	2.69	4.76	4.54	4.89	0.70
HV318	Ig heavy chain V-III region TUR	138	4	1.00	2.78	5.87	5.17	5.81	0.67
HV319	Ig heavy chain V-III region JON	29	1	1.00	2.69	4.76	4.54	4.89	0.70
HV320	Ig heavy chain V-III region GAL	181	4	1.00	3.68	4.50	4.23	4.65	0.56
IGHA1	Ig alpha-1 chain C region	230	12	1.00	0.11	0.08	0.15	0.10	0.04
IGHA2	Ig alpha-2 chain C region	155	9	1.00	0.11	0.08	0.14	0.10	0.05
IGHG1	Ig gamma-1 chain C region	1385	25	1.00	2.24	4.37	3.69	3.73	1.60
IGHG2	Ig gamma-2 chain C region	542	19	1.00	1.68	4.06	2.84	3.35	0.89
IGHG3	Ig gamma-3 chain C region	804	20	1.00	2.79	5.74	5.87	5.09	1.96
IGHG4	Ig gamma-4 chain C region	526	14	1.00	1.18	2.18	1.71	2.09	0.66
IGHM	Ig mu chain C region	280	18	1.00	2.01	3.11	4.74	2.58	1.10
IGJ	Immunoglobulin J chain	37	2	1.00	1.67	1.81	2.92	2.12	0.42
IGKC	Ig kappa chain C region	1128	15	1.00	2.37	3.91	4.38	3.96	2.42
ISLR2	Immunoglobulin superfamily containing leucine-rich repeat protein 2	28	1	1.00	3.01	5.22	5.02	5.02	0.57
KV101	Ig kappa chain V-I region AG	115	3	1.00	2.34	4.45	3.49	4.71	0.61
KV102	Ig kappa chain V-I region AU	115	2	1.00	3.34	5.20	5.03	5.87	1.12
KV104	Ig kappa chain V-I region CAR	119	4	1.00	4.40	6.84	7.97	8.09	2.02

表11. PHEMA/PMEA材料への補体因子群の吸着挙動(続き)

Protein ID		Score	Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)					
Code	Name			Plasma	PHEMA	75/25	50/50	25/75	PMEA
KV105	Ig kappa chain V-I region DEE	115	5	1.00	3.41	5.39	5.34	6.00	1.19
KV106	Ig kappa chain V-I region EU	119	4	1.00	5.18	8.23	8.54	9.02	2.03
KV107	Ig kappa chain V-I region Gal	115	2	1.00	3.34	5.20	5.03	5.87	1.12
KV108	Ig kappa chain V-I region Hau	115	3	1.00	3.47	5.52	5.56	6.09	1.24
KV109	Ig kappa chain V-I region HK101 (Fragment)	27	1	1.00	3.78	6.29	6.85	6.62	1.54
KV110	Ig kappa chain V-I region HK102 (Fragment)	36	2	1.00	2.38	5.24	5.53	4.84	1.52
KV111	Ig kappa chain V-I region Ka	27	1	1.00	2.30	3.73	7.77	6.32	3.01
KV112	Ig kappa chain V-I region Kue	32	2	1.00	4.03	5.86	6.37	6.45	1.22
KV113	Ig kappa chain V-I region Lay	49	1	1.00	3.88	7.01	7.99	8.25	1.26
KV114	Ig kappa chain V-I region OU	115	4	1.00	3.35	5.34	5.35	5.89	1.20
KV115	Ig kappa chain V-I region Rei	115	2	1.00	3.34	5.20	5.03	5.87	1.12
KV116	Ig kappa chain V-I region Roy	115	3	1.00	3.67	6.32	3.67	6.24	0.75
KV117	Ig kappa chain V-I region Scw	115	3	1.00	3.62	6.41	6.03	7.42	0.96
KV118	Ig kappa chain V-I region WEA	115	3	1.00	3.47	5.52	5.56	6.09	1.24
KV119	Ig kappa chain V-I region Wes	81	3	1.00	5.32	8.21	9.10	9.98	1.67
KV121	Ig kappa chain V-I region Ni	86	1	1.00	1.28	3.66	1.87	3.49	0.07
KV122	Ig kappa chain V-I region BAN	33	2	1.00	4.90	7.66	9.97	9.11	1.18
KV123	Ig kappa chain V-I region Walker	27	1	1.00	3.78	6.29	6.85	6.62	1.54
KV124	Ig kappa chain V-I region Daudi	27	1	1.00	3.78	6.29	6.85	6.62	1.54
KV125	Ig kappa chain V-I region WAT	115	4	1.00	3.19	5.09	6.09	6.14	1.67
KV201	Ig kappa chain V-II region Cum	72	2	1.00	2.54	4.20	3.97	4.42	0.70
KV202	Ig kappa chain V-II region FR	31	1	1.00	5.94	10.38	9.01	10.25	0.78
KV203	Ig kappa chain V-II region MIL	72	1	1.00	2.95	4.96	4.58	4.96	0.71
KV204	Ig kappa chain V-II region TEW	97	3	1.00	2.43	4.07	4.01	4.46	0.70
KV205	Ig kappa chain V-II region GM607 (Fragment)	72	2	1.00	2.54	4.20	3.97	4.42	0.70
KV206	Ig kappa chain V-II region RPMI 6410	72	1	1.00	2.95	4.96	4.58	4.96	0.71
KV301	Ig kappa chain V-III region B6	117	6	1.00	3.51	6.59	5.96	5.68	1.10
KV302	Ig kappa chain V-III region SIE	211	6	1.00	3.62	6.41	6.24	6.14	1.18
KV303	Ig kappa chain V-III region NG9 (Fragment)	100	5	1.00	3.78	7.07	7.68	7.49	1.74
KV304	Ig kappa chain V-III region Ti	185	6	1.00	4.04	5.64	6.74	6.45	1.20
KV305	Ig kappa chain V-III region WOL	211	6	1.00	3.62	6.41	6.24	6.14	1.18
KV306	Ig kappa chain V-III region POM	50	3	1.00	3.66	5.74	6.38	6.57	1.40
KV307	Ig kappa chain V-III region GOL	185	5	1.00	3.55	6.27	6.02	5.80	1.21
KV308	Ig kappa chain V-III region CLL	50	3	1.00	3.66	5.74	6.38	6.57	1.40
KV309	Ig kappa chain V-III region VG (Fragment)	88	4	1.00	3.43	7.47	6.84	6.48	1.14
KV310	Ig kappa chain V-III region VH (Fragment)	49	2	1.00	4.17	7.31	8.37	7.50	1.47
KV312	Ig kappa chain V-III region HAH	183	5	1.00	3.70	6.72	6.94	7.06	1.74
KV313	Ig kappa chain V-III region HIC	183	5	1.00	3.70	6.72	6.94	7.06	1.74
KV401	Ig kappa chain V-IV region (Fragment)	178	4	1.00	2.44	4.46	4.61	4.23	1.15
KV402	Ig kappa chain V-IV region Len	238	4	1.00	2.30	4.60	4.01	4.01	0.76
KV403	Ig kappa chain V-IV region JI	178	4	1.00	2.44	4.46	4.61	4.23	1.15
KV404	Ig kappa chain V-IV region B17	178	3	1.00	2.16	4.12	4.01	3.78	0.81
KV405	Ig kappa chain V-IV region STH (Fragment)	34	2	1.00	3.38	5.41	6.13	5.73	1.75
LAC	Ig lambda chain C regions	538	11	1.00	1.94	3.59	3.32	3.72	0.72
LV001	Ig lambda chain V region 4A	29	1	1.00	5.55	8.79	8.04	9.04	1.34
LV101	Ig lambda chain V-I region VOR	30	1	1.00	3.11	6.27	5.61	6.26	0.67
LV102	Ig lambda chain V-I region HA	66	3	1.00	4.19	7.65	7.60	7.16	1.45
LV103	Ig lambda chain V-I region NEW	36	1	1.00	0.80	6.17	1.06	0.57	1.21
LV104	Ig lambda chain V-I region NIG-64	23	1	1.00	6.40	15.66	10.51	11.31	0.88
LV105	Ig lambda chain V-I region NEWM	28	1	1.00	3.01	5.22	5.02	5.02	0.57
LV106	Ig lambda chain V-I region WAH	70	2	1.00	4.26	6.27	5.93	6.43	1.01
LV107	Ig lambda chain V-I region BL2	23	1	1.00	6.40	15.66	10.51	11.31	0.88
LV204	Ig lambda chain V-II region TRO	24	1	1.00	4.17	12.90	10.06	8.74	2.94
LV206	Ig lambda chain V-II region MGC	24	1	1.00	4.17	12.90	10.06	8.74	2.94
LV207	Ig lambda chain V-II region BO	28	1	1.00	3.01	5.22	5.02	5.02	0.57
LV209	Ig lambda chain V-II region WIN	24	1	1.00	4.17	12.90	10.06	8.74	2.94
LV210	Ig lambda chain V-II region NIG-58	28	1	1.00	3.01	5.22	5.02	5.02	0.57
LV301	Ig lambda chain V-III region SH	98	3	1.00	4.45	8.27	6.56	7.58	0.84
LV302	Ig lambda chain V-III region LOI	74	2	1.00	2.28	4.42	3.60	4.49	0.64
LV401	Ig lambda chain V-IV region Bau	25	1	1.00	2.30	9.74	6.13	5.36	0.50
LV403	Ig lambda chain V-IV region Hil	55	2	1.00	2.36	6.36	3.84	6.62	0.37
LV405	Ig lambda chain V-IV region MOL	25	1	1.00	2.30	9.74	6.13	5.36	0.50
MUCB	Ig mu heavy chain disease protein	238	13	1.00	1.63	2.90	4.21	2.39	0.86

表12. 内因系血液凝固活性化リガンドの吸着挙動

A) PVP含有PSF材料

Protein ID			Peptide count	Relative ration (sample/plasma)						
Code	Name	Score		Plasma	PSF1	PSF2	PSF3	PSF4	PSF5	PSF6
C43BP	Collagen type IV alpha-3-binding protein	24	1	1.00	0.02	0.03	0.34	0.19	0.35	0.00
CO3A1	Collagen alpha-1(III) chain	26	1	1.00	4.63	6.00	0.35	0.40	0.90	3.03
CO4A5	Collagen alpha-5(IV) chain	31	2	1.00	0.06	0.04	0.28	0.08	0.32	0.16
CO5A3	Collagen alpha-3(V) chain	30	1	1.00	1.33	7.62	2.77	15.27	10.76	0.00
CO6A5	Collagen alpha-5(VI) chain	28	1	1.00	131.25	52.30	80.51	115.74	64.30	33.37
CO6A6	Collagen alpha-6(VI) chain	34	1	1.00	15.90	2.12	0.11	0.08	0.00	1.25
CO7A1	Collagen alpha-1(VII) chain	26	1	1.00	1.33	7.62	2.77	15.27	10.76	0.00
COGA1	Collagen alpha-1(XVI) chain	29	1	1.00	117.87	44.30	66.83	43.26	42.84	196.73
FINC	Fibronectin	800	48	1.00	1.31	1.97	1.76	0.82	0.67	0.12
VTNC	Vitronectin	1099	23	1.00	55.69	32.43	11.38	29.28	26.57	7.54
VW5B1	von Willebrand factor A domain-containing protein 5B1	15	1	1.00	0.04	0.00	0.11	0.01	0.00	0.01
VWA3A	von Willebrand factor A domain-containing protein 3A	34	2	1.00	0.61	0.73	1.55	1.03	1.48	0.37

B) PHEMA/PMEA材料

Protein ID			Peptide count	Relative ration (sample/plasma)					
Code	Name	Score		Plasma	PHEMA	75/25	50/50	25/75	PMEA
CO4A1	Collagen alpha-1(IV) chain	14	1	1.00	3.93	5.47	8.49	5.12	3.34
VTNC	Vitronectin	513	13	1.00	12.41	11.00	22.31	12.84	3.91
VWA3A	von Willebrand factor A domain-containing protein 3A	32	1	1.00	1.98	1.80	2.70	0.06	0.83

表13. リポ蛋白質群の吸着挙動

A) PVP含有PSF材料

Protein ID			Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)						
Code	Name	Score		Plasma	PSF1	PSF2	PSF3	PSF4	PSF5	PSF6
APOA	Apolipoprotein(a)	48	2	1.00	0.13	0.41	0.24	0.10	0.10	0.02
APOA1	Apolipoprotein A-I	3681	41	1.00	5.01	1.94	2.03	1.52	1.87	1.53
APOA2	Apolipoprotein A-II	426	13	1.00	8.40	4.04	6.25	5.13	4.22	1.06
APOA4	Apolipoprotein A-IV	1229	40	1.00	26.55	11.57	7.74	17.39	12.58	2.37
APOB	Apolipoprotein B-100	1090	73	1.00	0.39	0.97	0.43	0.17	0.15	0.04
APOC1	Apolipoprotein C-I	78	9	1.00	60.67	30.14	12.27	24.12	17.63	30.75
APOC2	Apolipoprotein C-II	460	10	1.00	101.49	43.34	16.95	20.02	15.92	15.40
APOC3	Apolipoprotein C-III	1941	9	1.00	101.88	37.83	19.04	19.43	23.10	81.10
APOC4	Apolipoprotein C-IV	49	3	1.00	56.20	51.19	4.41	19.97	28.32	25.81
APOD	Apolipoprotein D	180	7	1.00	5.21	3.55	5.44	8.01	1.81	0.29
APOE	Apolipoprotein E	525	23	1.00	12.82	6.31	2.95	4.88	5.28	3.35
APOF	Apolipoprotein F	270	6	1.00	49.15	29.58	8.13	14.89	9.95	2.39
APOH	Beta-2-glycoprotein 1	305	17	1.00	0.46	0.65	5.83	5.75	4.51	0.22
APOL1	Apolipoprotein L1	91	4	1.00	0.60	0.69	1.40	1.37	0.65	0.10
APOM	Apolipoprotein M	45	2	1.00	3.15	2.57	1.40	3.40	0.93	0.14
CETP	Cholesteryl ester transfer protein	53	2	1.00	6.09	3.73	1.30	3.08	4.68	0.52
CLUS	Clusterin	1028	27	1.00	29.50	13.60	6.75	13.57	15.77	7.04

B) PHEMA/PMEA材料

Protein ID			Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)					
Code	Name	Score		Plasma	PHEMA	75/25	50/50	25/75	PMEA
APOA1	Apolipoprotein A-I	1004	38	1.00	1.48	1.04	1.94	1.26	0.21
APOA2	Apolipoprotein A-II	142	9	1.00	3.28	7.67	10.36	8.83	2.31
APOA4	Apolipoprotein A-IV	196	9	1.00	3.63	0.31	0.23	0.30	0.17
APOB	Apolipoprotein B-100	402	25	1.00	0.20	0.16	0.43	0.20	0.17
APOC1	Apolipoprotein C-I	56	5	1.00	4.95	3.93	12.32	9.82	3.34
APOC3	Apolipoprotein C-III	139	3	1.00	2.38	0.08	0.22	0.29	0.07
APOC4	Apolipoprotein C-IV	292	14	1.00	96.20	156.57	260.98	180.23	75.10
APOD	Apolipoprotein D	56	3	1.00	0.67	0.50	1.13	0.88	0.16
APOE	Apolipoprotein E	7991	65	1.00	75.14	110.51	179.83	141.49	84.50
APOH	Beta-2-glycoprotein 1	41	3	1.00	1.88	0.09	0.14	0.17	0.06
APOL1	Apolipoprotein L1	112	4	1.00	12.79	22.73	34.49	23.71	7.02
CLUS	Clusterin	134	7	1.00	3.35	1.69	1.87	1.49	1.25

表14. サイトカイン群の吸着挙動

A) PVP含有PSF材料

Protein ID			Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)						
Code	Name	Score		Plasma	PSF1	PSF2	PSF3	PSF4	PSF5	PSF6
IFIT2	Interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 2	30	1	1.00	0.19	0.32	1.95	0.93	0.47	0.50
IFM5	Interferon-induced transmembrane protein 5	31	1	1.00	0.13	2.05	0.25	28.46	1.54	81.66
IFN10	Interferon alpha-10	15	1	0.00	∞	∞	∞	∞	∞	∞
IL21R	Interleukin-21 receptor	29	1	1.00	2.24	2.17	4.59	8.83	5.11	0.37
IRF1	Interferon regulatory factor 1	27	1	1.00	23.86	25.26	14.77	7.78	7.04	16.44
IRF5	Interferon regulatory factor 5	26	1	0.00	∞	∞	∞	∞	∞	∞
IRF7	Interferon regulatory factor 7	48	1	1.00	0.07	0.04	0.42	0.14	0.21	0.04

B) PHEMA/PMEA材料

Protein ID			Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)					
Code	Name	Score		Plasma	PHEMA	75/25	50/50	25/75	PMEA
I12R2	Interleukin-12 receptor beta-2 chain	27	1	1.00	4.25	5.46	5.93	6.29	0.93
IL17C	Interleukin-17C	17	1	1.00	2.26	3.55	5.36	4.24	0.73
IL21R	Interleukin-21 receptor	32	1	1.00	105.00	137.15	243.44	164.05	25.03
IL5	Interleukin-5	32	1	1.00	0.32	0.00	0.08	0.09	0.03
IRF7	Interferon regulatory factor 7	25	1	1.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

表15. 抗凝固作用蛋白質群の吸着挙動

A) PVP含有PSF材料

Protein ID			Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)						
Code	Name	Score		Plasma	PSF1	PSF2	PSF3	PSF4	PSF5	PSF6
ANT3	Antithrombin-III	352	24	1.00	2.42	0.74	1.17	0.09	0.09	0.03
HEP2	Heparin cofactor 2	265	18	1.00	0.56	0.90	1.43	1.17	1.70	0.11
PLGA	Plasminogen-related protein A	44	2	1.00	0.20	0.37	1.64	1.45	1.69	0.11
PLGB	Plasminogen-related protein B	75	2	1.00	0.18	0.35	2.33	2.00	1.88	0.08
PLMN	Plasminogen	432	33	1.00	0.37	0.53	3.63	2.45	2.26	0.09

B) PHEMA/PMEA材料

Protein ID			Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)					
Code	Name	Score		Plasma	PHEMA	75/25	50/50	25/75	PMEA
ANT3	Antithrombin-III	141	7	1.00	0.08	0.22	0.11	0.07	0.05
HEP2	Heparin cofactor 2	49	2	1.00	0.17	0.01	0.14	0.06	0.02
PLMN	Plasminogen	121	5	1.00	1.51	0.93	0.21	0.31	0.07

表16. その他の関連因子群の吸着挙動

A) PVP含有PSF材料

Protein ID			Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)						
Code	Name	Score		Plasma	PSF1	PSF2	PSF3	PSF4	PSF5	PSF6
A2AP	Alpha-2-antiplasmin	283	15	1.00	1.01	0.84	3.60	3.71	2.04	0.15
ITA11	Integrin alpha-11	19	1	1.00	3.09	2.26	2.17	1.00	1.01	2.62
ITA9	Integrin alpha-9	25	1	1.00	0.02	0.03	0.67	0.23	0.47	0.00
ITB6	Integrin beta-6	33	1	1.00	8.72	4.56	2.17	3.23	3.37	2.06
ITIH1	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H1	677	20	1.00	0.24	0.51	1.73	1.69	0.90	0.09
ITIH2	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H2	735	33	1.00	0.98	0.94	2.56	2.45	1.30	0.17
ITIH3	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H3	127	5	1.00	0.71	1.00	2.86	3.26	0.95	0.28
ITIH4	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H4	1744	56	1.00	7.38	5.13	4.63	8.22	9.30	1.68
ZPI	Protein Z-dependent protease inhibitor	116	4	1.00	1.12	1.93	1.90	3.42	1.54	0.24

B) PHEMA/PMEA材料

Protein ID			Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)					
Code	Name	Score		Plasma	PHEMA	75/25	50/50	25/75	PMEA
A2AP	Alpha-2-antiplasmin	44	1	1.00	0.01	0.05	0.07	0.05	0.04
ITA8	Integrin alpha-8	29	1	1.00	12.27	9.49	12.51	8.59	5.00
ITAX	Integrin alpha-X	20	1	1.00	4.10	7.69	6.97	7.54	0.91
ITIH1	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain	124	6	1.00	0.05	0.15	0.14	0.15	0.05
ITIH2	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain	161	4	1.00	0.05	0.05	0.06	0.13	0.05
ITIH4	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain	415	21	1.00	1.31	1.94	2.68	1.53	0.35
PLD5	Inactive phospholipase D5	26	1	1.00	5.80	9.12	8.86	9.50	0.83
ZPI	Protein Z-dependent protease inhibitor	15	1	1.00	73.65	0.99	0.00	2.38	2.81

表17. PMEA表面上で濃縮(AP/PP比>2)される血液凝固非関連蛋白質の吸着挙動

Protein ID			Peptide count	Relative ratio (sample/plasma)					
Code	Name	Score		Plasma	PHEMA	75/25	50/50	25/75	PMEA
ALS	Insulin-like growth factor-binding protein complex acid labile chain	61	3	1.00	9.04	10.55	12.96	10.47	3.46
CADH1	Cadherin-1	81	3	1.00	103.58	297.07	129.55	105.97	15.00
CC147	Coiled-coil domain-containing protein 147	28	2	1.00	14.20	7.05	10.64	7.50	2.82
CENPF	Centromere protein F	23	2	1.00	17.27	8.28	17.47	11.54	17.06
CRP	C-reactive protein	102	4	1.00	8.89	14.76	27.53	20.45	3.26
DCD	Dermcidin	38	2	1.00	10.28	37.04	7.91	7.71	5.52
FCN2	Ficolin-2	61	3	1.00	30.10	23.32	4.46	3.55	2.48
HYDIN	Hydrocephalus-inducing protein homolog	36	2	1.00	7.75	4.99	7.75	6.57	2.56
MA1A1	Mannosyl-oligosaccharide 1,2-alpha-mannosidase IA	61	3	1.00	0.51	0.92	0.34	1.25	22.81
MFAP4	Microfibril-associated glycoprotein 4	94	4	1.00	153.19	3.58	6.97	9.83	58.81
MGP	Matrix Gla protein	79	2	1.00	307.88	346.45	961.67	651.05	112.90
NMDE2	Glutamate [NMDA] receptor subunit epsilon-2	24	2	1.00	23.84	40.00	63.35	34.40	9.09
PIBF1	Progesterone-induced-blocking factor 1	30	2	1.00	3.21	1.30	3.43	2.41	6.05
PROP	Properdin	31	3	1.00	281.53	33.01	46.35	51.76	10.08
SAA4	Serum amyloid A-4 protein	377	16	1.00	48.79	70.70	121.86	72.82	38.89