生体内のタンパク質を構成するアミノ酸の殆どがlアミノ酸であり, dアミノ酸はわずかにしか存在しない．しかし、数種のdアミノ酸は, 動物の毒素やシグナル伝達ペプチド1), ヒトでは凝集したαクリスタリンやアミロイドβから発見されており2), 生理活性や疾患への関与が報告されている．そのため, 生体内に存在するdアミノ酸含有ペプチド (dAACP) およびタンパク質の分析が重要視されている．しかし, ペプチド中のd/lアミノ酸の違いを認識し, 分離することは困難故に, 手法や測定可能範囲が限られている．

今回Francisら3) は, 高電場非対称波形イオン移動度分光分析 (FAIMS) を用いて, d/lAACPペアの分離を行った．FAIMSは, ヘリウムや窒素ガスを用いることでイオンを移動させる．次に, 上下の平行電極板に分散電圧 (DV) と補償電圧 (CV) を加える事で, 通過するイオンの種類とイオン電流の強度が変化し, その差で分離を行う．更に小型であるため, ESIイオン源と検出部にMSを搭載することが可能である (Fig. 1)．

これまでd/lAACPペアの分離は, traveling waveおよびtrapped (T) IMSによって, 4~29残基まで可能であったが, 高い電荷状態 (3~5価) の分離は困難であった4)．しかしFAIMSを用いる事で, 4~42残基まで可能になり, 電荷状態は1〜6価の状態で分離した．各ペプチドの電荷を最適化した結果, 10種中9種のd/lAACPペアで完全な分離が達成され, TIMSより分離度が平均2.5倍向上した．また, MS に対する直交性は, TIMSと比べFAIMSで6倍上回ったことも併せて報告している．彼らの結果は,分離できないペプチドが 1種類存在したが, dAACPの分離適応範囲を増加させた．FAIMSは, ペプチド中のアミノ酸1残基の違いを認識し, 分離できることから, 翻訳後修飾ペプチドの僅かな違いでも分離可能であることを示唆している．IMSは技術進歩の著しい領域であるため, 今後更なる装置の発展に期待したい．

1. D. H. Mast, J. W. Checco, J. V. Sweedler : *Biochim. Biophys. Acta, Proteins Proteomics,* **1869**, 140553 (2021).
2. M. Abdulbagi, L. Wang, O. Siddig, B. Di, B. Li : *Biomolucules,* **11**, 1716 (2021).
3. F. Berthias, M. A. Baird, A. A. Shvartsburg : *Anal. Chem.*, **93**, 4015 (2021).
4. K. J. D. Fouque, A. Garabedian, J. Porter, M. A. Baird, X. Pang, T. D. Williams, L. Li, A. Shvartsburg, F. Fernandez-Lima : *Anal. Chem.*, **89**, 11787 (2017).