

ランチョンセミナー BP-1 Presented by ZEISS

## 超解像領域でのイメージングから一分子レベルの挙動を捉える New modified confocal based super resolution technique Airyscan 2 and Airyscan based FCS technology Dynamics Profilerのご紹介

ZEISS共焦点レーザ顕微鏡ベース超解像技術 Airyscan はその発表以来、誰もが気軽に使える超解像手法として、広がり進化を遂げてきました。Airyscan 2となり、新たなプロセス Joint Deconvolutionとのコンビネーションで最大分解能は90nm (XY) と大きく飛躍しました。

Airyscanの技術を次のステップ進めるDynamics Profilerがこの度登場しました。現在、Fluorescence Correlation Spectroscopy (FCS) は一分子の動態解析に広く用いられています。しかし、その概念やデリケートな設定などから嫌厭される方もいらっしゃるのではないのでしょうか？そこで、これまでの問題点を解決し、分子レベルの挙動解析を多くのイメージングユーザの方が利用できるように工夫したのがDynamics Profilerです。

さらに、Dynamics Profiler では、32 ch で構成された Airyscan 検出器の特性を活かし、分子の点領域内での動きまで導き出すことができます。これにより、近年話題の液-液層分離、膜構造のない境界面での拡散ダイナミクスの測定や分子のフロー解析など新たなソリューションをご提供します。

本セミナーでは超解像から分子動態解析まで可能になった Airyscan 2 Dynamics Profilerをご紹介します。

**日時：11月14日（火） 11:50-12:40**

**会場：D会場（部屋番号222&223）**

講演者：佐藤康彦 カールツァイス株式会社

リサーチマイクロスコピーソリューション

プロダクト&アプリケーションセールススペシャリスト



Seeing beyond

皆様のご来場をお待ち申し上げます。

カールツァイス株式会社 microscopy.ja@zeiss.com

# 第61回日本生物物理学会年会

## 浜松ホトニクス株式会社 BP セミナー

日時：2023年11月14日（火） 11：50～12：40

会場：名古屋国際会議場 E会場（部屋番号：224）

**演題1** qCMOSカメラを用いた蛍光1分子観察で、  
分子が働く仕組みを探る

**演者** 笠井 倫志 先生

国立研究開発法人国立がん研究センター研究所  
先端バイオイメージング研究分野

### セミナー内容

Gタンパク質共役型受容体（GPCR）は、ヒトでは約800種類もあることが知られており、機能も多岐にわたるため、生命現象を理解するうえでカギとなる分子の一つである。近年、GPCRは従来の知見と異なり、寿命約100ミリ秒の動的なダイマーを最小単位とする会合体を形成することが分かってきた。さらに、ダイマーがシグナル生成に関わる等、会合体形成によるシグナル制御の機構の一端も明らかになりつつある一方で、会合体形成の一般性や、生体内での実際の働きや意義については、未だ不明な点が多い。私たちは、qCMOSカメラをはじめとした様々な高感度カメラを用いた細胞内蛍光1分子観察技術によって、こうした疑問に答えようとするアプローチを続けており、本発表では最近の知見をご紹介します。

**演題2** 浜松ホトニクスの最新イメージング技術

**演者** 三浦 大輝

浜松ホトニクス株式会社 システム事業部 システム営業推進部

浜松ホトニクス株式会社 |  システム営業推進部 〒431-3196 静岡県浜松市東区常光町812  
www.hamamatsu.com | TEL (053)431-0150 FAX (053)433-8031 E-mail sales@sys.hpkk.co.jp

第61回日本生物物理学会年会  
HORIBA バイオフィジックスセミナーのご案内

## 「生命凝縮系の分光学」

国立研究開発法人理化学研究所

脳神経科学研究センター 細胞機能探索技術研究チーム  
光量子工学研究センター 生命光学技術研究チーム

宮脇敦史 先生

開催日時 11月15日（水） 11:40-12:30

会場 C会場（部屋番号：221）

1センチ角（光路長1センチ）の石英セルを用いる古典的分光装置は現行の生物蛍光スペクトル測定に妙な束縛をかけている。すなわち内部遮断効果の排除を理由に測定対象を希薄溶液に限定している。しかしながら細胞質をはじめ細胞内各コンパートメントの中味は理想溶液からほど遠い。molecular crowdingの名のとおり高濃度の生体高分子を含む濃厚水溶液であり、さらに必ずしも均一系ではなく、液-液相分離にもとづく混合系であり、凝集体（固体）を伴う液体としての凝縮系でもある。こうした生物の複雑万丈をなるべく反映した状況で蛍光標識分子の挙動を解析する方法として堀場製作所の蛍光吸光分光装置Duettaの活用を推奨してみたい。True FRET（無放射性）をTrivial FRET（放射性）から区別する目的でも使える。当該分光装置の吸光分光と蛍光分光は決して $1+1=2$ の関係にはない。



蛍光吸光分光装置  
Duetta



**HORIBA**

株式会社堀場製作所

〒601-8510 京都市南区吉祥院宮の東町2番地  
<https://www.horiba.co.jp>

●カスタマーサポートセンター  
フリーダイヤル 0120-37-6045

# 日本蛋白質構造データバンク(PDBj)BP セミナー

日時:2023年11月15日(2日目) 11:40-12:30

会場:D会場 (部屋番号:222+223)

## Protein Data Bank: From Two Epidemics to the Global Pandemic to mRNA Vaccines and Paxlovid

Stephen K. Burley, M.D., D.Phil.



RCSB Protein Data Bank, Institute for Quantitative Biomedicine, Department of Chemistry and Chemical Biology, Rutgers, The State University of New Jersey and  
RCSB Protein Data Bank, San Diego Super Computer Center, University of California, San Diego

Structural biologists and the Protein Data Bank (PDB) played decisive roles in combatting the COVID-19 pandemic. This talk will explain how global three-dimensional (3D) biostructure data was turned into global knowledge, allowing scientists and engineers around the world to understand the inner workings of coronaviruses and develop effective countermeasures against SARS-CoV-2.

State-of-the-art mRNA vaccines, initially designed with guidance from single-particle cryo-electron microscopy structures of the SARS-CoV and MERS Spike Proteins, benefited more than five billion individuals around the world by preventing viral infections entirely or significantly reducing morbidity and mortality. Structure-guided drug discovery efforts at Pfizer, first initiated in the 2000s in response to the SARS-CoV epidemic and reactivated in 2020 early in the global pandemic, yielded nirmatrelvir - a potent, orally-bioavailable, covalently-acting, peptidomimetic inhibitor of the SARS-CoV-2 Main Protease. This targeted anti-viral drug received Emergency Use Authorization from the United States Food and Drug Administration in December 2021, less than two years following public release of the viral genome sequence. It is used clinically for the treatment of acute SARS-CoV-2 infections in a fixed dose combination with ritonavir and sold under the brand name Paxlovid.



Biomedicine and biotechnology delivered! Bolstered by open access to research data generated with public and private monies, particularly 3D structures of coronavirus proteins and their complexes with one another, with antibodies, and with small-molecule inhibitors archived in the PDB, basic and applied researchers made a difference that made a difference when the world desperately needed them to succeed. To underscore the importance of these contributions, I quote Dr. Anthony Fauci, former head of the National Institute of Allergy and Infectious Disease, "Show me a person who's vaccinated, got infected, took Paxlovid and died. I can't find anybody."

Chaired by Genji Kurisu, Head, Protein Data bank Japan,  
Professor, Institute for Protein Research, Osaka University

The 61<sup>st</sup> Annual Meeting of Biophysical Society of Japan

第61回日本生物物理学会大会

## Refeyn Japan BPセミナー

日時：2023年11月15日 11:40 – 12:30

場所：E会場（部屋番号：224）

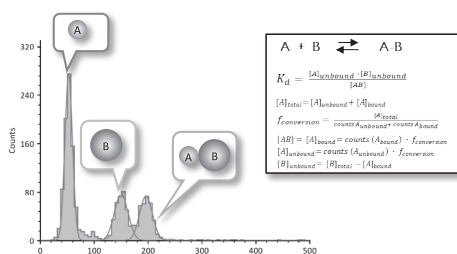
# 高効率の蛋白質Dynamics解析に向けた Mass photometry

レフェイン・ジャパン株式会社 志波公平

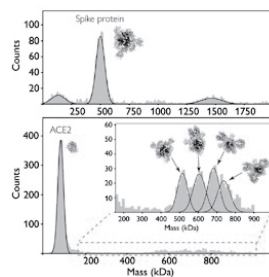
近年より蛋白質の立体構造の重要性が議論され出し、CryoEMなどの解析ツールが実際に蛋白質研究に活用され出して、蛋白質のDynamics解析への注目がさらに高まっている。Dynamics解析を行う上で、解析される対象試料調製などの精度向上が要求される。このことは、例えば実際に複合体解析を行う場合、用いる試料が正しく複合体を形成しているかどうかを知ったうえで測定するのかどうかということとなり、仮にわからない状況で解析を行うことで多くの工数を無駄にしてしまうことにつながる。

Mass photometry法（以下、MP法）は、英国のOxford大学で開発された手法で、極微量の試料量で分子量分布を獲得することができる技術である。当社ではMP法を用いた分析装置の開発・製造・販売・サポートを行っている。今回の発表では、MP法を用いた蛋白質の溶液中Dynamicsに向けたアプリケーション事例を紹介するとともに、実際の研究においてどの程度効率化が図れるのかについても触れる予定である。また、複合体解析に欠かせない分子間相互作用解析についても、その定量評価手法（ $K_D$ 算出）を交えて紹介したい。

### Mass Photometryを用いたアプリケーション事例



MP法を用いた蛋白質Aと蛋白質Bの分子間相互作用解析  
20 nM IgG存在下における、BSAのタイトレーション結果



新型コロナウイルス(SARS-CoV2)  
スパイク蛋白質の分子量分布(上)と、  
ACE2との相互作用による複合体分布(下)

**REFEYN**<sup>®</sup>  
WEIGHING MOLECULES WITH LIGHT

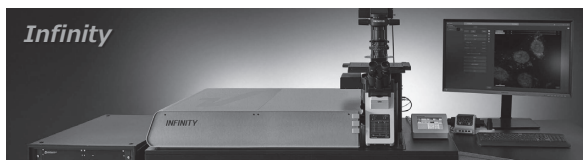
レフェインジャパン株式会社  
657-0036 神戸市灘区桜口町1-1-14  
<https://www.refeyn.co.jp/>

日本カンタム・デザイン株式会社

# abberior instruments STED超解像顕微鏡 ランチョンセミナー

## プログラム

- ◆ 日時: 11月15日(水) 11:40-12:30
- ◆ 会場: J会場
- ◆ 演題: State-of-the-art super-resolution fluorescence imaging seminar and online demonstration by Abberior Instruments
- ◆ 演者: 石原 あゆみ (日本カンタム・デザイン)  
Dr. Dirk Luchtman (Abberior Instruments GmbH ※オンライン講演)



## STEDデモンストレーション

- ◆ 小間番号: 2
- ◆ 展示内容: abberior instruments STED超解像顕微鏡STEDYCON
- ◆ お問い合わせ: 日本カンタム・デザイン株式会社 第2事業本部  
URL: <https://www.qd-japan.com/>  
〒171-0042 東京都豊島区高松1-11-16 西池袋フジタビル2階  
TEL: 03-5964-6624 E-mail: [info@qd-japan.com](mailto:info@qd-japan.com)



日本カンタム・デザイン株式会社

# Prof. Stefan Hell from Max Planck Institute スペシャルトーク

## プログラム

- ◆ 日時: 11月16日(木) 12:00-12:50   ◆ 会場: J会場
- ◆ 演題: Molecule-scale resolution and dynamics in fluorescence microscopy
- ◆ 座長: 岡田 康志先生  
理化学研究所・生命機能科学研究センター チームリーダー  
東京大学・大学院医学系研究科・分子細胞生物学専攻 教授  
東京大学・大学院理学系研究科・物理学専攻 教授
- ◆ 演者: Prof. Dr. Stefan W Hell (オンライン講演)  
Max Planck Institute for Multidisciplinary Sciences, Göttingen &  
Max Planck Institute for Medical Research, Heidelberg

I will show how an in-depth description of the basic principles of diffraction-unlimited fluorescence microscopy has spawned MINFLUX [1-4], a recent super resolution method that has reached the resolution of the size of a fluorophore molecule. Providing 1–3 nanometer resolution in fixed and living cells, as well as localization precisions in the Angström range, MINFLUX and the related MINSTED concept [5,6] are being established for routine applications in the biomedical sciences [4]. Relying on fewer fluorescence photons than other methods, these techniques are also poised to characterize dynamic processes at the single protein level, as already demonstrated by tracking sub(nanometer) details of the unhindered stepping of the motor protein kinesin-1 on microtubules at up to physiological ATP concentrations [7].

- [1] Balzarotti, F., Eilers, Y., Gwosch, K. C., Gynná, A. H., Westphal, V., Stefani, F. D., Elf, J., Hell, S.W. Nanometer resolution imaging and tracking of fluorescent molecules with minimal photon fluxes. *Science* 355, 606-612 (2017).
- [2] Eilers, Y., Ta, H., Gwosch, K. C., Balzarotti, F., Hell, S. W. MINFLUX monitors rapid molecular jumps with superior spatiotemporal resolution. *PNAS* 115, 6117-6122 (2018).
- [3] Gwosch, K. C., Pape, J. K., Balzarotti, F., Hoess, P., Ellenberg, J., Ries, J., Hell, S. W. MINFLUX nanoscopy delivers 3D multicolor nanometer resolution in cells. *Nat. Methods* 17, 217–224 (2020).
- [4] Schmidt, R., Weihs, T., Wurm, C. A., Jansen, I., Rehman, J., Sahl, S. J., Hell, S. W. (2021) MINFLUX nanometer-scale 3D imaging and microsecond-range tracking on a common fluorescence microscope. *Nat. Commun.* 12:1478.
- [5] Weber, M., Leutenegger, M., Stoldt, S., Jakobs, S., Mihaila, T. S., Butkevich, A. N., Hell, S. W. MINSTED fluorescence localization and nanoscopy. *Nat. Photon.* 15, 361-366 (2021).
- [6] Weber, M., von der Emde, H., Leutenegger, M., Gunkel, P., Sambandan, S., Khan, T. A., Keller-Findeisen, J., Cordes, V. C., Hell, S.W. MINSTED nanoscopy enters the Angström localization range. *Nat. Biotechnol.*, 41, 569-576 (2023).
- [7] Wolff, J.O., Scheiderer, L., Engehard, T., Engelhardt, J., Matthias, J., Hell, S.W. MINFLUX dissects the unimpeded walking of kinesin-1. *Science*, 379, 1004-1010 (2023).