

第63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：2025年 9月 24日（水） 11:50-12:40

会場：奈良県コンベンションセンター F会場（202）

演題1 コンピュータショナル4Dイメージングによる 脳の情報処理機構の解明

演者 杉 拓磨 先生

広島大学 大学院統合生命科学研究科
超階層システム数理行動学研究室 准教授

セミナー内容

光工学と情報科学が融合したコンピュータショナルイメージングの1つのライトフィールドイメージングでは、空間スキャン無しにシングルショットで3D撮影できる。我々はこの技術の汎用化を妨げる低解像度の問題を解決し、ユーザーの顕微鏡にアドオンするだけで誰でも共焦点顕微鏡の100倍以上の速度で3D動態を計測可能な4Dイメージング技術を開発した。本発表ではこの4D技術と線虫やマウスの神経回路における情報処理機構の研究を紹介する。

演題2 浜松ホトニクスの最新イメージング技術

演者 豊田 浩

浜松ホトニクス株式会社 画像計測機器営業推進部

浜松ホトニクス株式会社
www.hamamatsu.com

□ 画像計測機器営業推進部 〒431-3196 静岡県浜松市中央区常光町812
TEL (053)431-0150 FAX (053)433-8031 E-Mail sales@sys.hpk.co.jp

島津製作所

バイオフィジックスセミナー2

日時 9月24日(水) 11:50~12:40

会場 I会場〈205〉

生体のナノ領域での組織構造や物理特性を解き明かす！
走査電子顕微鏡SUPERSCANシリーズの特長とSPM/AFMを用いた測定事例をご紹介します

セミナー内容

SUPERSCANシリーズは、操作性や観察能力、拡張性に優れた最新の走査電子顕微鏡です。生体組織の構造や働きを解明するのに役立つ、各種の拡張システムにも幅広く対応します。これらの特長について、動画や図説などを交えて詳しくご説明します。

また、SPM/AFMは、ナノ領域での形態観察に留まらず、様々な物理的特性を測ることもできます。様々な生体試料についてSPM/AFMを用いてナノ領域での力学特性を測定した例をご紹介します。幅広い倍率レンジでのイメージングが可能であるという、両者の特長を活かした複合的な解析方法についても考察します。

演者 坂前 浩 (株式会社 島津製作所)

司会 北村 孝平 (株式会社 島津製作所)

お問合せ | (株)島津製作所 分析計測事業部 営業企画部
〒604-8511 京都市中京区西ノ京桑原町1 メールアドレス: an_seminar@group.shimadzu.co.jp

第63回 日本生物物理学会年会 ランチョンセミナー BPセミナー3

2025年
日時 **9月24日 (水) 11:50-12:40**

会場 **J会場 (206)**
奈良コンベンションセンター



FRET、バイオセンサーから超解像顕微鏡までできる 蛍光寿命イメージング

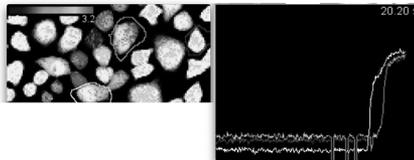
蛍光寿命は、励起スペクトルや蛍光のスペクトルと同様に、蛍光物質がもつ固有の物理特性の一つであり、輝度とは異なる情報を持っています。共焦点顕微鏡STELLARISを用いた蛍光寿命イメージング (Fluorescence Lifetime Imaging Microscopy, FLIM)により、これまでの輝度イメージングと全く異なる情報が得られ、より定量的なFRET効率の測定、カルシウムイオン濃度測定などバイオセンサーとしての利用、蛍光物質同士や蛍光物質と自家蛍光の分離、そして超解像顕微鏡STEDの分解能の向上などが可能となりました。本セミナーでは、新井 敏 先生 (金沢大学ナノ生命科学研究所) をお招きし、絶え間無く起こる細胞内での複雑な現象をとらえるバイオセンサー研究の最先端について、実例とともにご発表いただきます。またLeicaからは、STELLARISを用いた蛍光寿命イメージングの有用性について紹介します。

演者1 **新井 敏 先生**
金沢大学 ナノ生命科学研究所

演者2 **長利 卓**
ライカマイクロシステムズ株式会社



▲高速蛍光寿命イメージング顕微鏡 STELLARIS FALCON



▲イオノマイシンを添加したHeLa細胞のカルシウムレベルの変動。

共催：第63回 日本生物物理学会年会 / ライカマイクロシステムズ株式会社

隠れた生命現象を可視化する 蛍光偏光イメージング

講演者

東京科学大学 教授 寺田 純雄 先生

セミナー番号 BP セミナー 4

日時 9月25日(木) 11:45-12:35

会場 E会場(201)

● 関連製品



共焦点スキャナユニット CSU

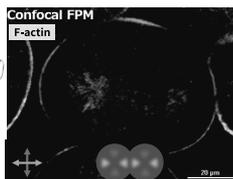
隠れた生命現象を可視化する蛍光偏光イメージング

蛍光偏光は利用の進んでいない蛍光の性質であるが、その観測により蛍光分子の向きを知ることができ、生体分子を蛍光分子により相互の分子の位置関係を固定した状態で標識すれば、蛍光偏光観測により標識された分子の位置と向きを同時観測が可能となる。進化分子工学的スクリーニング法を利用した組換えバインダを足場とした蛍光標識法 POLARIS 法の開発により、任意の生体分子につき蛍光偏光観測可能な標識が実現する (PNAS 118, e2019071118, 2021; BBRC 565:50-56, 2021)。超解像法を含め従来の蛍光イメージングはいわば蛍光輝点の位置情報の精密計測による「点描画」であり、1分子イメージングは蛍光輝点の並進運動の観測が大勢であった。しかし、POLARIS 法による蛍光偏光観測では分子の位置と向きの変化が同時かつ経時的に可視化される。ニポウディスク方式の共焦点スキャナユニットは褪色を抑えつつ高速なライブイメージングを可能とするが、蛍光偏光特性への攪乱が少ない点で、蛍光偏光イメージングにおいても優れた性能を発揮する。

本セミナーでは POLARIS 法開発とその発展の経緯、ニポウディスク方式の共焦点スキャナユニット利用による蛍光偏光イメージングを中心とする実験例を提示し、新しい手法により隠れた生命現象が可視化される様子を共有したい。



Crystal structure of POLARIS™



横河電機株式会社

〒180-8750 東京都武蔵野市中町 2-9-32

E-mail : CSU@CSV.yokogawa.co.jp

URL : <https://www.yokogawa.co.jp/solutions/products-and-services/life-science/spinning-disk-confocal/>



記載内容は、お断りなく変更することがありますのでご了承ください。
本文中に使用されている会社名、団体名、商品名およびロゴ等は、各社または各団体の登録商標または商標です。
All Rights Reserved. Copyright © 2025, Yokogawa Electric Corporation.

[Ed:01/4]

第63回 日本生物物理学会年会 ZEISS BPセミナーのご案内

「マルチモーダル共焦点レーザー顕微鏡 LSM 990 のご紹介」



Seeing beyond

森と木を見ることを可能にした革新的共焦点レーザー顕微鏡

新たに1分子レベルの拡散や濃度計測を可能とした様々な蛍光相関分光機能と
共にイメージング機器の新たな時代の幕を開く

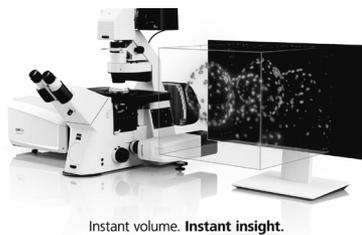
開催日時 **9月25日(木) 11:45-12:35**

開催会場 **F会場(部屋番号202)**

カールツァイス株式会社 プロダクト&アプリケーションセールス

座長 **滝口 正人** 光学顕微鏡スペシャリスト

演者 **佐藤 康彦** 光学顕微鏡エキスパート



Instant volume. Instant insight.

ZEISSは新しい共焦点レーザー顕微鏡 LSM 990を2025年3月に発表した。これまでの技術に更に磨きをかけた高度な共焦点技術として13色を超える多色イメージングを1スキャンで達成できるスペクトルマルチプレキシング技術を基軸に、高速広範囲マッピング画像の作成から共焦点超解像撮影までを誰もが手軽に操作できるように仕上げています。上位機種では最大分解能をXY軸80nm、Z軸200nmまで飛躍させ、超解像顕微鏡専用機とも言える分解能にまで進化をさせた。

そして革新的とも言える 1 volume / 1 Snap を実現する Lightfield 顕微鏡技術を加えることで3次元顕微鏡の新たな時代の幕を開いた。Lightfield 4D と名付けたこの技術は Widefield ベースの蛍光顕微鏡技術を応用。共焦点レーザー顕微鏡が苦手とする森をタイムラグなしに一気に見るような Volume イメージングをカバーできるようになった。

さらに木を見る、というより、木の間を縫って飛ぶ虫を見るかのような分子レベルの拡散挙動計測を2つも備えている。一つは分子の拡散情報や濃度だけではなく、液-液相分離にも見られる膜を持たない構造境界面での拡散非対称性や分子フローを解析できる技術。二つ目は、画像全体の分子の拡散挙動や近接蛍光によるクロストークの影響を除外した相互相関解析をヒートマップ化して客観的に捉える技術である。ZEISSは古くから分子蛍光相関解析を共焦点レーザー顕微鏡に取り入れてきたが、新たな2手法により、従来のFRAPなどの拡散計測手法と合わせて強力な細胞内分子挙動解析を後押しすることとなる。

本セミナーでは新たに加わったLightfield 4Dと合わせてユーザの期待する実験を包括的にサポートすることができる革新的なマルチモーダル共焦点レーザー顕微鏡LSM 990をご紹介します。

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
ZEISS Research Microscopy Solutions



SSBD: バイオイメージングデータのグローバルな共有



理化学研究所生命機能科学研究センター

大浪 修一・SSBD チーム



SSBDは、NBDC統合化推進プログラムの支援を受けて2013年より構築・運用を開始した、**バイオイメージングデータを共有・再利用するための公共リポジトリおよびデータベース**です。論文に基づいた多様な画像データを受け入れる**SSBD:repository**と、再利用性の高いキュレート済みデータを提供する**SSBD:database**の二階層で構成され、国際的なバイオイメージングデータ共有ネットワーク（GIDE）とも連携し、世界規模でのデータ公開・利活用を推進しています。

さらに、2025年度の科研費公募分からは、**論文発表時に根拠データの即時公開が義務化される**こととなっており、これまで以上にデータ公開と、信頼できる公開先の選定が求められています。**SSBD**は、こうした要請に応えることができる国内のデータ公開基盤のひとつとして活用されています。

本セミナーでは、バイオイメージングデータ共有に関する国際的な動向、**SSBD:repository**へのデータ登録方法、データ公開時に求められるメタデータやフォーマットの実際について、具体的な事例とともに紹介します。

論文データの公開対応に悩む方、これからバイオイメージングデータの共有を検討している方は、ぜひご参加ください。研究データ公開の第一歩をこの機会にサポートします。

プログラム番号 BPセミナー7 (E会場: 201)
開催日時 2025年9月26日 (金) 12:00 – 12:50

演題1：招待講演

タンパク質プロトタイピング技術に対する展望もしくは妄想

東京大学大学院 工学系研究科 応用化学専攻 教授

野地 博行 先生

近年、計算的なタンパク質モデリング技術や配列設計手法の進展により、in silico でタンパク質構造を合理的に設計することが可能となってきた。一方で、機能を持つタンパク質分子や分子システムの合理的設計は依然として大きな課題であり、実験的な検証を必要とする。こうした背景のもと、多数の候補タンパク質を迅速かつ低コストで合成・評価するためのプロトタイピング技術の刷新が求められている。特に、oligonucleotide library mix から目的配列を選択的に取得し、高効率にDNAを構築する分子操作技術の開発が重要である。一方、各種一分子計測技術の確立により、プロトタイピングに必要なDNAやタンパク質は微量で済むケースも増えている。本講演では、現行の設計・評価技術を俯瞰した上で、1分子スケールでの分子操作・分子評価を前提とした、将来的な超高効率プロトタイピング技術の可能性について展望（妄想）する。

演題2：企業講演

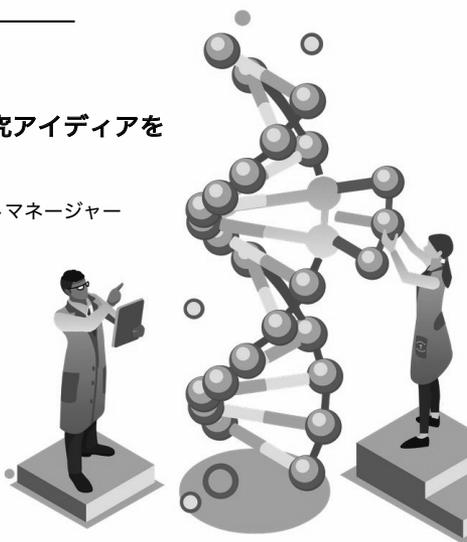
Writing the Future: あなたの最高の研究アイデアを実現するTwist人工遺伝子ツール

Twist Bioscienceシニアビジネスディベロップメントマネージャー
金城 一貴

【お問い合わせ先】

Twist Bioscience
Email: jsalescustomer@twistbioscience.com
Phone: 045-345-5840

または、こちらのフォームから→



第 63 回日本生物物理学会 BPセミナー

2025 年 9 月 26 日 (金)

BPセミナー-8 I会場 (205) 12:00-12:50

1. PDBj の最近の活動と wwPDB の今後の活動方針について Activity report of PDBj and activity plan of wwPDB

栗栖源嗣 (大阪大学蛋白質研究所)

Genji Kurisu, Institute for Protein Research

The University of Osaka

PDBj (<https://pdbj.org>) は、worldwide PDB (<https://www.pdb.org>) の設立メンバーとしてアジア・中東地区で決定された蛋白質等の生体高分子の構造をwwPDBが管理するコアアーカイブ (PDB, BMRB, EMDB) に登録処理し、国際的に協調して座標と実験データを全世界へ無償で公開しています。今回のセミナーでは、wwPDBが管理するコアアーカイブの今後の運営体制とデータ検証の方向性について説明いたします。さらに2024年PDBjが主催し日本で行ったwwPDB運営諮問委員会で議論されたPDB周辺の最近の状況を紹介します。PDBjの最近の活動として昨年10月に新しくスタートしたUniProtポータル機能を中心に複数の新サービスについて解説します。

2. 計算によって得られたデータと結晶回折像のPDBjへの登録 Deposition of computationally derived data and crystal diffraction images to PDBj

Gert-Jan Bekker (大阪大学蛋白質研究所)

Institute for Protein Research

The University of Osaka

PDBj has developed two novel archives for deposition of data beyond structures to the PDB. The Biological Structure Model Archive (BSMA or BSM-Arc, <https://bsma.pdbj.org/>) enables researchers to submit data derived from computational methods, such as molecular dynamics simulations. On the other hand, the Xtal Raw Data Archive (XRDa, <https://xrda.pdbj.org/>) enables researchers to submit raw crystal diffraction images to PDBj. For both archives, depositors login using their ORCID ID to submit or modify an entry. Data can either be uploaded via a web form, or via RSYNC/SFTP, and upon publication, the data becomes publicly available and can be downloaded via HTTPS or RSYNC. Each entry is also assigned a unique DOI for linking from publications. We invite researchers to submit their raw data to BSM-Arc and XRDa to publicly share the data in a similar manner as structural data is being shared via the PDB.

Protein Data Bank Japan
<https://pdbj.org>

日本蛋白質構造データバンク (PDBj) 事務局
〒565-0871 大阪府吹田市山田丘 3-2
大阪大学蛋白質研究所 蛋白質構造データバンク構築研究室
TEL: 06-6879-4311 (事務局) 8634 (登録事務局)