

ランチョンセミナー / Luncheon Seminar

B 会場 (神戸国際会議場 3F 国際会議室) /

Room B (Kobe International Conference Center 3F International Conference Room)

6 月 24 日 (月) / June 24 (Mon) 11:50 ~ 12:40

1LSB マルバーン・パナリティカル (スペクトリス(株)) / Malvern Panalytical, A division of Spectris Co., Ltd.

治療用タンパク質の開発に向けた多角的物性解析技術の紹介

志波 公平 (Kohei Shiba)

マルバーン・パナリティカル (スペクトリス(株)) (Malvern Panalytical, A division of Spectris Co., Ltd.)

C 会場 (神戸国際会議場 3F レセプションホール) /

Room C (Kobe International Conference Center 3F Reception Hall)

6 月 24 日 (月) / June 24 (Mon) 11:50 ~ 12:40

1LSC オリンパス(株) / Olympus Corporation

シナプス分子間相互作用から捉える可塑性機構とその破綻

大塚 稔久 (Toshihisa Ohtsuka)

山梨大学 医学部 生化学講座第一教室

(Department of Biochemistry, Faculty of Medicine, University of Yamanashi)

D 会場 (神戸国際会議場 4F 401 + 402) /

Room D (Kobe International Conference Center 4F 401 + 402)

6 月 24 日 (月) / June 24 (Mon) 11:50 ~ 12:40

1LSD (株)セントラル科学貿易 / CENTRAL SCIENTIFIC COMMERCE, INC.

司会：大橋 拓弥 (株式会社セントラル科学貿易)

Chairperson: Takuya Ohashi (CENTRAL SCIENTIFIC COMMERCE, INC.)

Dianthus (MST) と Tycho (nanoDSF) による高速分子間相互作用スクリーニングと 生物医学的創薬プロジェクト

Fast molecular interaction screening and Kd determination in biophysical drug discovery projects with Dianthus (MST) and Tycho (nanoDSF)

Dr. アンドレアス ランガー (Dr. Andreas Langer)

ナノテンパーテクノロジー (NanoTemper Technologies)

E 会場（神戸国際会議場 5F 501） /
Room E (Kobe International Conference Center 5F 501)
6 月 24 日（月） / June 24 (Mon) 11:50 ~ 12:40

1LSE 沖縄プロテイントモグラフィー(株) & コスモ・バイオ(株) / Okinawa Protein Tomography Ltd. & Cosmo Bio Co., Ltd.

クライオ電子顕微鏡による受託構造解析サービスのご提案

Contract research service for structural analysis by cryo electron microscope

- ・ X 線結晶構造解析とクライオ電子顕微鏡解析の相関構造解析の有用性
—ヘモシアニン为例として—

Significance of combination of X-ray crystallography with cryo-EM analysis -structure analysis of hemocyanin-

田中 良和 (Yoshikazu Tanaka)

東北大学大学院 生命科学研究科 (Graduate School of Life Sciences, Tohoku University)

- ・ クライオ電子顕微鏡トータル解析サービスのご紹介

Introduction of total service for structural analysis by cryo electron microscope

前川 あゆ美 (Ayumi Maegawa)

沖縄プロテイントモグラフィー (株) (Okinawa Protein Tomography Ltd.)

F 会場（神戸国際会議場 5F 502） /
Room F (Kobe International Conference Center 5F 502)
6 月 24 日（月） / June 24 (Mon) 11:50 ~ 12:40

1LSF 東ソー(株) / Tosoh Corporation

司会：富澤 洋（東ソー株式会社）

Chairperson: Hiroshi Tomizawa (Tosoh corporation)

蛋白質医薬品における凝集体の分析と製剤

Biophysical characterizations of aggregates and formulation developments for therapeutic proteins

内山 進 (Susumu Uchiyama)

大阪大学大学院工学研究科生命先端工学専攻 / 自然科学研究機構生命創成探究センター (Department of Biotechnology, Graduate School of Engineering, Osaka University / Exploratory Research Center on Life and Living Systems (ExCELLS), National Institutes of Natural Sciences)

B 会場（神戸国際会議場 3F 国際会議室）/
Room B (Kobe International Conference Center 3F International Conference Room)
6 月 25 日（火）/ June 25 (Tue) 11:35 ~ 12:25

2LSB マルバーン・パナリティカル（スペクトリス(株)）/ Malvern Panalytical, A division of Spectris Co., Ltd.

ラボにおける溶液散乱技術を用いたタンパク質のサイズ測定手法の紹介

志波 公平 (Kohei Shiba)

マルバーン・パナリティカル（スペクトリス(株)）(Malvern Panalytical, A division of Spectris Co., Ltd.)

D 会場（神戸国際会議場 4F 401 + 402）/
Room D (Kobe International Conference Center 4F 401 + 402)
6 月 25 日（火）/ June 25 (Tue) 11:35 ~ 12:25

2LSD サーモフィッシャーサイエンティフィック / Thermo Fisher Scientific

司会：甲斐 翼（サーモフィッシャーサイエンティフィック）

Chairperson: Tsubasa Kai (Thermo Fisher Scientific)

クライオ電子線トモグラフィー：

最新のイメージング技術が明らかにする細胞内の仕組み

Cryo-tomography:

a new imaging technique for cell biology to peer at the inner workings of cells

Alex Rigort

サーモフィッシャーサイエンティフィック (Thermo Fisher Scientific)

E 会場（神戸国際会議場 5F 501）/
Room E (Kobe International Conference Center 5F 501)
6 月 25 日（火）/ June 25 (Tue) 11:35 ~ 12:25

2LSE 日本電子(株) / JEOL Ltd.

司会：上野 秀哉（日本電子株式会社）

Chairperson: Hideya Ueno (JEOL Ltd.)

CRYO ARMTM を中心としたクライオ電子顕微鏡ワークフローの紹介

Introduction of a cryo TEM workflow with CRYOARMTM and other instruments

細木 直樹 (Naoki Hosogi)

日本電子株式会社 (JEOL Ltd.)

F 会場（神戸国際会議場 5F 502） /
Room F (Kobe International Conference Center 5F 502)
6 月 25 日（火） / June 25 (Tue) 11:35 ~ 12:25

2LSF 国立研究開発法人 宇宙航空研究開発機構 / Japan Aerospace Exploration Agency

司会：吉崎 泉（宇宙航空研究開発機構）

Chairperson: Izumi Yoshizaki (Japan Aerospace Exploration Agency)

宇宙実験へのお誘い～宇宙で高品質なタンパク質結晶を生成～ Growing high quality protein crystals in space

- ・ 高品質タンパク質結晶生成実験の紹介

Introduction of the Protein Crystal Growth project onboard the ISS

山田 貢 (Mitsugu Yamada)

宇宙航空研究開発機構 (Japan Aerospace Exploration Agency)

- ・ 宇宙製高品質蛋白質結晶の高分解能構造解析への利用と化合物デザインへの展望

The use of a high-quality space-grown protein crystal for a high-resolution structure analysis and a vision for the design of novel compounds

田中 信忠 (Tanaka Nobutada)

昭和大学・薬、昭和大学・分子分析センター (SHOWA University)

E 会場 (神戸国際会議場 5F 501) /
Room E (Kobe International Conference Center 5F 501)
6 月 26 日 (水) / June 26 (Wed) 12:55 ~ 13:45

3LSE 日本蛋白質構造データバンク (PDBj) / Protein Data Bank Japan

PDBj ランチョンセミナー

PDBj Luncheon Seminar

- **PDBj と wwPDB の今後の活動方針について**

Activity plan of PDBj and wwPDB

栗栖 源嗣 (Genji Kurisu)

大阪大学蛋白質研究所 (Institute for Protein Research, Osaka University)

- **wwPDB 検証レポートの利用法と PDB/BMRB 登録システムの紹介**

Introduction of PDB/BMRB deposition system along with usage of wwPDB validation reports

横地 政志 (Masashi Yokochi)

大阪大学蛋白質研究所 (Institute for Protein Research, Osaka University)

治療用タンパク質の開発に向けた多角的物性解析技術の紹介

志波 公平

スペクトリス株式会社 マルバーン・パナリティカル事業部

Pharma&Food Sector 事業開発、North Pacific 地域

2018年ノーベル医学・生理学賞受賞でも一般的に話題になったオプジーボでも示されるように、近年抗体を中心とする治療用タンパク質が次々と上市されています。抗体医薬品は様々な形態をとりますが、近年高濃度化溶液製剤として販売されており、多くの抗体製剤が数10 mg/mL以上の濃度に調製されています。この環境はタンパク質にとって、特に分散性を保つにはかなり過酷な環境であることは容易に想像されますが、タンパク質製剤としては、単分散で存在することを求められています。そのため、タンパク質そのものだけでなく、分散方法一処方一の開発もまた重要な意味を持ちます。

特に処方開発において、その処方が正しく作用しているのかについては、様々な物性パラメータのモニタリングが必要となります。直接的なパラメータの代表としては、会合/凝集フラクションの定量化です。しかし、この定量化だけを取ってみても、そのすべてのダイナミックレンジをカバーするだけの分析装置は存在せず、現在のところ複数の装置を組み合わせる必要があります。また、薬剤開発の産業面から考えた場合、低コスト、短期間での開発・評価が求められ、そのためには分散性の予測試験もまた必要になってきます。

今回、治療用タンパク質のモノマー/会合体の定量評価および安定性予測の2つの観点から考えられるいくつかの物性解析方法を、アプリケーション事例も交えて紹介します。

6月24日(月)/June 24 (Mon) 11:50 ~ 12:40

C会場(神戸国際会議場 3F レセプションホール) / Room C (Kobe International Conference Center 3F Reception Hall)

1LSC オリンパス(株) / Olympus Corporation

第19回日本蛋白質科学会年会
第71回日本細胞生物学会大会 合同年次大会

プログラムNo: 1LSC

オリンパス株式会社ランチョンセミナー

シナプス分子間相互作用から捉える
可塑性機構とその破綻

日時 6月24日(月) 11:50~12:40

会場 神戸国際会議場 3F レセプションホール(C会場)

演者 大塚 稔久 先生 (Toshihisa Ohtsuka, MD; PhD)

山梨大学 医学部 生化学講座第一教室 教授

学習や記憶形成、情動などの高次脳機能は複雑な神経回路網が適切なシグナルのやり取りをすることで、正常に機能する。この神経回路網の基本ユニットがシナプスであり、シナプス可塑性の強弱とその変容が我々ヒトを含む動物の意識や行動の基盤となっている。本セミナーでは、我々の研究室が見出したプレシナプスタンパク質CAST/ELKSファミリーの機能解析と遺伝子改変マウスを用いた形態学・イメージング解析を中心に、シナプス可塑性研究に関する最近の話題を提供したい。また、ELKSは脳以外の様々な組織、特に内分泌組織・細胞にも発現しており、ELKS分子が司るインスリン分泌の作用機序についても紹介する。

近年の主な研究業績

ELKS/Voltage-dependent Ca²⁺ channel- β Subunit Module Regulates Polarized Ca²⁺ Influx in Pancreatic β -Cells.

Ohara-Imaizumi, M., Aoyagi, K., Hida, Y., Yoshida, M., Yamauchi, H., Ohkura, M., Abe, M., Akimoto, Y., Nakamichi, Y., Nishiwaki, C., Kawakami, H., Hara, K., Sakimura, K., Nakai, J., Kakei, M., Nagamatsu, S., [Ohtsuka, T.](#)
Cell Reports 26: 1213-1226.2019. doi.org/10.1016/j.celrep.2018.12.106

Cytomatrix proteins CAST and ELKS regulate retinal photoreceptor development and maintenance.

Hagiwara, A., Kitahara, Y., Grabner, C.P., Vogl, C., Abe, M., Kitta, R., Ohta, K., Nakamura, K., Sakimura, K., Moser, T., Nishi, A., [Ohtsuka, T.](#)
J. Cell Biol. 218 (1), 3993-4006, 2018. doi: 10.1083/jcb.201704076.

CAST/ELKS proteins control voltage-gated Ca²⁺ channel density and synaptic release probability at a mammalian central synapse.

Dong, W., Radulovic, T., Thomas, C., Montesinos, M.S., Goral, R.O., Given, D.G., Hagiwara, A., Putzke, T., Hida, Y., Abe, M., Sakimura, K., Kamasawa, N., Ohtsuka, T.*, Young, S.M*. Corresponding author*
Cell Reports. 24(2), 284-293.e6, 2018. doi: 10.1016/j.celrep.2018.06.024.

SAD-B Phosphorylation of CAST Controls Active Zone Vesicle Recycling for Synaptic Depression.

Mochida, S., Hida, Y., Tanifuji, S., Hagiwara, A., Hamada, S., Abe, M., Huan, M., Yasumura, M., Kitajima, I., Sakimura, K., [Ohtsuka, T.](#)
Cell Reports 16 (11): 2901-13, 2016.

セミナー前半はオリンパスによる製品紹介を実施します。

OLYMPUS®

Fast molecular interaction screening and K_d determination in biophysical drug discovery projects with Dianthus (MST) and Tycho (nanoDSF)

Dr. Andreas Langer, NanoTemper Technologies GmbH, Floessergasse 4, Munich, Germany

The inefficiency of the drug discovery process is a widely accepted problem by everyone in the pharmaceutical industry. Investment in pharmaceutical R&D continues to increase, while the number of new drugs approved by the US Food and Drug Administration remains low. One area that is crucial to making drug discovery more efficient is the screening process. Biophysical methods are becoming an integral part of the screening workflow as targets have become more diverse, the demand for screening libraries that are made up of more diverse molecules from large and new chemical spaces increases and the need to identify ligands with different mechanisms of action continues to rise. There is also a need for faster tools, as computer-aided iterative screening is becoming more popular as an alternative to high throughput screening.

Dianthus NT.23 swiftly detects and quantifies molecular interactions in solution, independent of the molecular mass of the two interacting molecules, making it a perfect match for fragment-based screening with compounds representing a large chemical space. Using proven MST technology, Dianthus measures directly in 384-well microplates. Here, we show data from single-dose screening of a fragment library with a broad molecular mass and complexity range against the target molecule histone methyltransferase (HMT) G9a, followed by affinity constant determination (K_a) for a selection of hit fragments. At the end of the study, we screened 5,784 data points including controls in less than 8 hours of instrument time, using less than 20 µg of target protein. Affinities were in the high micromolar range as expected from fragments, and in good agreement with published values for the positive control.

Easily integrated into screening and affinity determination workflows, Tycho NT.6 is all about quick and precise protein quality checks. The relative quality and stability of protein samples can be tested in the blink of an eye. Results are generated in three minutes, using a modified version of nanoDSF technology. The influences of buffer formulation and storage conditions on relative stability and similarity of either freshly prepared or batch-to-batch preparations are swiftly determined. Tycho automatically generates thermal unfolding profiles and can also analyze the effect of interactions on relative stability, providing keen insight on sample quality and possible functionality.



Dianthus NT.23



Monolith NT.115



Tycho NT.6

1LSE

沖縄プロテイントモグラフィー(株) & コスモ・バイオ(株) /
Okinawa Protein Tomography Ltd. & Cosmo Bio Co., Ltd.

第19回 日本蛋白質科学会年会
ランチョンセミナー 1LSE



Okinawa
Protein Tomography



コスモ・バイオ株式会社
COSMO BIO CO. LTD.

産業界・アカデミア研究者向け

クライオ電子顕微鏡による受託構造解析サービスのご提案

開催日: 6月24日(月) 11:50~12:40 会場: E会場(501)

◇会社紹介 沖縄プロテイントモグラフィー株式会社
代表取締役社長 亀井 朗

◇特別講演 東北大学大学院 生命科学研究所
田中 良和 教授

X線結晶構造解析とクライオ電子顕微鏡解析の相関構造解析の有用性 ーヘモシアニンを例としてー

蛋白質会合体の中には、一つの分子中に対称な領域と非対称な領域が混在するものがある。このような分子の立体構造を決定する場合、対称性の高い部位の影響を受けて、あたかも対称性の低い領域も対称性を持っているかのように解釈されることがある。本セミナーでは、クライオ電顕とX線結晶構造解析を併用することによって、このような複雑な対称性の分子の構造を正確に理解できた事例を紹介する。スルメイカの酸素運搬蛋白ヘモシアニンは、分子量約380 kDaのサブユニットが10個会合した、総分子量約3.8 MDaの巨大な円筒状の蛋白質会合体である。各サブユニットには、約50 kDaの類似した機能ドメインが8個繰り返して存在しており、そのうち6つが円筒型の外壁領域を、残りの2つが内部ドメインを形成する。2015年に我々は、スルメイカヘモシアニンのX線結晶構造解析を行い、この分子がD₅の対称性を持つ外壁領域とC₅の対称性で配置した5つの内部ドメインから構成されると結論した。その後、我々は、正確な内部構造を明らかにするために、クライオ電顕単粒子解析法を用いてこの分子の構造解析を行った。その結果、真の構造は、外壁領域がD₅の対称性で会合している点では結晶構造と一致しているが、内部構造は結晶構造とは異なる非対称な構造であることがわかった。この結果は、複雑な対称性を持つ分子の構造解析において、それぞれの領域を別々に精密化できるクライオ電顕単粒子解析の有用性を示すものである。

◇新サービス: クライオ電子顕微鏡トータル解析サービスのご紹介

沖縄プロテイントモグラフィー株式会社 研究開発部 主任研究員
兼 営業戦略部 テクニカルサポートマネージャー 前川 あゆ美

受託解析サービスに関する問い合わせ

コスモ・バイオ株式会社 創薬・受託サービス部
〒135-0016 東京都江東区東陽2-2-20
TEL: 03-5632-9615
E-MAIL: jutaku_gr@cosmobio.co.jp
HP: <http://www.cosmobio.co.jp/index.asp>

技術・本セミナー内容に関する問い合わせ

沖縄プロテイントモグラフィー株式会社 営業戦略部
〒904-0495 沖縄県国頭郡恩納村字谷茶 1919-1
TEL: 098-982-3359
E-MAIL: sales@okinawa-pt.com
HP: <http://www.okinawa-pt.com>

6月24日(月) / June 24 (Mon) 11:50 ~ 12:40

F会場(神戸国際会議場 5F 502) / Room F (Kobe International Conference Center 5F 502)

1LSF 東ソー(株) / Tosoh Corporation

The 19th Annual Meeting of the Protein Science Society of Japan
The 71st Annual Meeting of Japan Society for Cell Biology



第19回日本蛋白質科学会年会 第71回日本細胞生物学会大会 合同年次大会

東ソー ランチョンセミナー

プログラム No: 1LSF

日時会場

6月24日(月) 11:50 - 12:40

F会場(神戸国際会議場 5F (502))

演題

蛋白質医薬品における 凝集体の分析と製剤

演者

内山 進 先生 (大阪大学大学院工学研究科生命先端工学専攻 /
自然科学研究機構生命創成探究センター)

抗体医薬などの蛋白質医薬品の製造や保存における課題として凝集体発生が懸念されており、特に、数十ナノメートルからサブミクロンサイズの凝集体は、免疫系を惹起する可能性があるため^[1,2]、適切な評価と低減が求められている。

そうした背景のもと、演者らは、凝集体の定量評価法の開発^[3]、抗体医薬における凝集体発生要因の特定^[4]、および、凝集体が発生しにくい溶媒組成や保管条件を短期間で探索するための手法開発^[5]、に取り組んできた。本講演では、抗体溶液の安定性を反映する物理化学パラメーターであるコロイド安定性と構造安定性の有用性を紹介した後、各種凝集体評価法の特長と課題について説明する。最後にサイズ排除クロマトグラフィーによる抗体医薬の凝集体評価を指標とした溶媒組成探索法を紹介し、蛋白質医薬品の分析と製剤における現状と課題について議論する。

1. Carpenter, J. et al., J. Pharm. Sci. (2008); FDA Guidance (2014)

2. Krayukhina, E. et al., J. Pharm. Sci. (2019)

3. Ishii-Watabe et al., J. Pharm. Sci. (2017); Yoneda et al., J. Pharm. Sci. (2018); Kiyoshi, M. et al., J. Pharm. Sci. (2019)

4. Krayukhina, E. et al., J. Pharm. Sci. (2015); Torisu T., et al., J. Pharm. Sci. (2017); Matuno T., et al., J. Pharm. Sci. (2018)

5. Saito S. et al., Pharm Res. (2013); Uchiyama, S Biochim Biophys Acta. (2014)



東ソー株式会社
バイオサイエンス事業部

本社 / 〒105-8623 東京都港区芝3-8-2 芝公園ファーストビル
TEL 03-5427-5180 FAX 03-5427-5220

大阪支店 ☎ (06) 6209-1948 名古屋支店 ☎ (052) 211-5730

福岡支店 ☎ (092) 781-0481 仙台支店 ☎ (022) 266-2341

<https://www.separations.asia.tosohbioscience.com/>

M1904GD.A

ラボにおける溶液散乱技術を用いたタンパク質のサイズ測定手法の紹介

志波 公平

スペクトリス株式会社 マルバーン・パナリティカル事業部
Pharma&Food Sector 事業開発、North Pacific 地域

タンパク質は生体内においてその特性を司る重要な分子のひとつであることから、分子生物学的観点の中心物質として、研究対象とされてきました。リコンビナント技術による、タンパク質材料の大量生産が可能になったからは、X線を中心とした立体構造解析にフォーカスされ、より詳細な構造と機能との関係を導こうとする流れとなり、近年はより実際の環境下でのタンパク質の働きに着目されるようになっていきます。

溶液散乱法は、可視光やX線などの光を溶液に照射し、高分子のサイズなど物理特性を解明することができる技術として研究がされてきています。共通した特徴として、精製された条件にはなりますが、溶液そのものがあれば解析できる点、pHなど溶液の環境変化に伴う情報を取り出ことが可能な点があげられます。最近では装置技術の向上により、簡便性や感度などが向上し、少し前までは特殊な環境でのみ実施可能であった実験も、比較的簡単に実験ができるようになっていきます。

今回は、バッチ式光散乱法、フロー式光散乱法およびX線小角散乱法の3原理を紹介し、そのアプリケーション事例を紹介します。また、それぞれの原理から求められた値が、どのようにに関わりあっているのかについてもご紹介します。

6月25日 (火) / June 25 (Tue) 11:35 ~ 12:25

D会場 (神戸国際会議場 4F 401 + 402) / Room D (Kobe International Conference Center 4F 401 + 402)

2LSD サーマフィッシャーサイエンティフィック / Thermo Fisher Scientific

Joint Annual Meeting of 71st JSCB & 19th PSSJ – Kobe

Thermo Fisher Scientific Luncheon

Time: Tuesday, June 25, 2019

Speaker: Alex Rigort

Title & Abstract:

Cryo-tomography: a new imaging technique for cell biology to peer at the inner workings of cells

Studying the molecular machinery of cells from atomic detail to the cellular context and beyond is a great challenge for cell biology. This luncheon will highlight how cryo-electron tomography allows to peer inside cells and see proteins *in situ* – in their unperturbed functional environments – at high resolution and in 3D.

The best possible structure preservation is guaranteed by sample vitrification, a freezing process so fast that it preserves structural integrity and functional interactions. Introducing innovative and user-friendly instrumentation makes this cutting-edge technology more applicable for cell biology. This lecture will introduce the suite of instruments that enable Thermo Fisher Scientific's cryo-electron tomography workflow as well as application examples from the recent literature.



日本電子株式会社 ランチョンセミナー

CRYO ARM™を中心としたクライオ電子顕微鏡ワークフローの紹介

Introduction of a cryo TEM workflow with CRYOARM™ and other instruments

クライオ透過電子顕微鏡(TEM)法とは、急速凍結した生体試料を極低温下で溶液中の分子形態のまま観察することができる手法です。近年、単粒子解析法やトモグラフィといった3次元再構成法と組み合わせることにより、蛋白質といった生体高分子の構造が高い分解能で次々と解析されています。2017年には、クライオ電子顕微鏡の開発による分子構造解析の礎を築かれた3名の先生方へノーベル化学賞が授与されました。このようなクライオTEM法発展の背景には、電子線直接露光検出器による高感度・高速画像取り込みや、データ取得のオートメーション化によるスループットの向上といったものがあります。

本セミナーではクライオ電子顕微鏡の概要および新開発のクライオTEM(CRYO ARM™)を御紹介いたします。CRYO ARM™は高分解能なデータ取得が期待できる冷陰極電界放出形電子銃、高コントラストなデータ取得が可能なインカム形エネルギーフィルター(オメガフィルター)およびホールフリー位相板、試料を氷汚染から保護する液体窒素冷却ステージ、ならびに汎用性の高い自動試料交換機構を装備した電子顕微鏡です。本装置を主軸としたクライオTEMのワークフローについても併せて御紹介します。

Cryo transmission electron microscopy (TEM) provides structural information of a specimen close to its natural state without any artifacts due to the specimen preparation process. Recently, the cryo TEM produces exciting results in structural biology by a method of single particle analysis or tomography, so the 2017 Nobel Prize in Chemistry has been awarded for work in developing cryo TEM. This progress of the cryo TEM for high data throughput is realized by a highly sensitive and fast image capturing camera made of direct electron sensor and a wealth of easy-to-use automated functions of the camera and the TEM.

We introduce the overview of cryo TEM and a newly developed dedicated cryo microscope named as CRYO ARM™. CRYO ARM™ is equipped with an improved cold field emission gun, a dedicated cryo-stage, a multiple-specimen autoloader, a liquid-nitrogen auto-refill system, automatic image acquisition software, an omega filter and a hole-free phase plate. We also introduce cryo TEM workflow with some applications of this machine and other machine.



CRYO ARM™ 300



CRYO ARM™ 200

お問い合わせは ...

日本電子株式会社 東京事務所 科学・計測機器営業本部

〒100-0004 東京都千代田区大手町2-1-1 大手町野村ビル 13階

TEL: 03-6262-3567

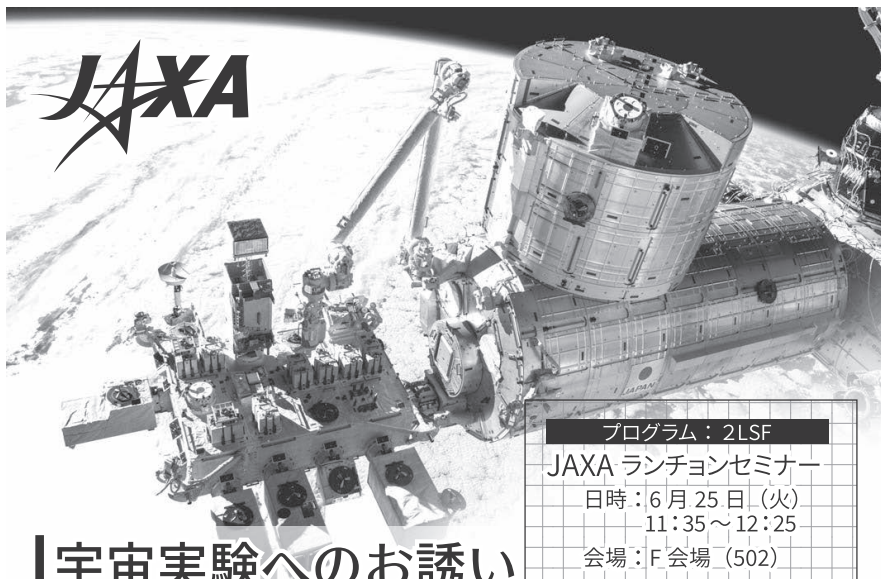
またはお客様最寄りの弊社支店までお問い合わせください。

弊社国内支店→www.jeol.co.jp/corporate/outline/branch.html

6月25日(火) / June 25 (Tue) 11:35 ~ 12:25

F会場(神戸国際会議場 5F 502) / Room F (Kobe International Conference Center 5F 502)

2LSF 国立研究開発法人 宇宙航空研究開発機構 / Japan Aerospace Exploration Agency



宇宙実験へのお誘い ～宇宙で高品質なタンパク質結晶を生成～

講演1 山田 貢 主任研究開発員
国立研究開発法人 宇宙航空研究開発機構
きぼう利用センター

高品質タンパク質結晶生成実験の紹介

運用開始から10周年を迎えた「きぼう」と共にスタートした、宇宙での高品質なタンパク質結晶生成実験。現在までに運用方法・体制・適用技術を大きく進展させ、さまざまな成果を挙げてきた。JAXAがご提供できるサービス、宇宙実験の実際、今後の可能性、展望についてご紹介する。

講演2 田中 信忠 先生
昭和大学 薬学部
昭和大学 分子分析センター

宇宙製高品質蛋白質結晶の高分解能構造解析への利用と化合物デザインへの展望

創薬分野において、がんなどを対象とした画期的な抗体医薬品が次々と開発されている一方で、抗生物質開発に関しては耐性菌出現により開発コストを回収できない等の理由から大手製薬企業が次々と撤退している。従って、抗生物質開発を志向した基礎研究は、アカデミア研究者が担うべき社会的責務であると言って過言ではない。

本講演では、演者らが展開している新規抗生物質開発を目的とした微生物特有のペプチダーゼ類を標的とした阻害剤開発研究において、高品質蛋白質結晶を用いた高分解能X線結晶構造解析によって得られた詳細な活性部位構造情報が *in silico* 阻害剤探索に役立った例を紹介したい。

国立研究開発法人

宇宙航空研究開発機構

有人宇宙技術部門 きぼう利用センター

〒305-8505 茨城県つくば市千環 2-1-1 筑波宇宙センター

✉ z-kibo-promotion@ml.jaxa.jp

タンパク質結晶生成宇宙実験ホームページ
<http://iss.jaxa.jp/kiboexp/theme/first/protein/>



Day 2 (June 25)
Luncheon Seminar



<https://pdbj.org/>



Protein Data Bank Japan
(日本蛋白質構造データバンク)

第19回日本蛋白質科学会年会ランチョンセミナー

日時 2019年6月26日(水) 12:55 ~ 13:45

会場 神戸国際会議場 E会場(会議室 501)

1. PDBj と wwPDB の今後の活動方針について

Activity plan of PDBj and wwPDB

栗栖 源嗣 (大阪大学蛋白質研究所)

Genji KURISU, Institute for Protein Research, Osaka University

PDBj (<https://pdbj.org/>) は、worldwide PDB (wwPDB, <http://wwpdb.org/>) の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登録し、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、1) wwPDB が管理するコアアーカイブ (PDB, BMRB, EMDB) の今後の運営体制 (RCSB-PDB, PDBe, PDBj, BMRB, EMDB) とデータ検証について、2) PDBx/mmCIF フォーマットを登録時の必須フォーマットとする方針変更、3) OneDep 登録サーバー利用時の注意点について紹介します。さらに 2018 年 wwPDB 運営諮問委員会で議論された ORCID の今後の活用の方向性など、最近の活動を紹介します。

2. wwPDB 検証レポートの利用法と PDB/BMRB 登録システムの紹介

Introduction of PDB/BMRB deposition system

along with usage of wwPDB validation reports

横地 政志 (大阪大学蛋白質研究所)

Masashi YOKOCHI, Institute for Protein Research, Osaka University

PDB アーカイブの検証レポート (wwPDB validation reports) は、X 線回折、核磁気共鳴、Cryo 電子顕微鏡による構造決定法の各専門委員会 (Validation Task Force) の意見に基づき、広く受け入れられている評価基準を使って、PDB 登録された立体構造モデルの品質を評価する文書です。wwPDB は、新しい立体構造を扱う論文の投稿・査読過程において、検証レポートの利用を推奨しています。

PDBj では、検証レポートに含まれる評価指標の検索を容易にするため、機械処理しやすい検証レポートの代替フォーマットによるアーカイブ (PDBx/mmCIF と高い互換性のある XML 版と RDF 版) を開発しました。生成したアーカイブを利用して、検証レポートのリレーショナルデータベースおよび SPARQL エンドポイントを公開しています。

PDB 登録システム (OneDep) と検証レポートは深く結びついており、検証項目の拡充が予定されています。また、従来の ADIT-NMR を代替する新 BMRB 登録システム (BMRBDep) の開発も進んでいます。検証レポートの利用法を中心にして、PDB 及び BMRB の登録システムの進展について紹介します。

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

PDBj 事務局

PDBj データベース登録事務局

TEL: (06) 6879-4311

TEL: (06) 6879-8634