

The 23rd Annual Meeting of the Protein Science Society of Japan

第23回日本蛋白質科学会年会

Refeyn Japanランチョンセミナー

日時：2023年7月5日 12:00 – 12:50

場所：B会場

基調講演 ●

ご講演者：大阪大学大学院工学研究科生物工学専攻、
自然科学研究機構生命創成探究センター

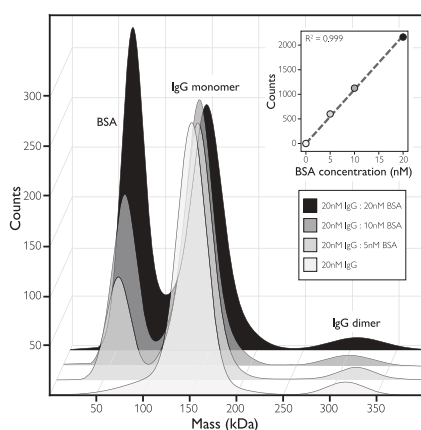
内山 進 先生

Mass photometry (MP) 法による蛋白質研究の実例

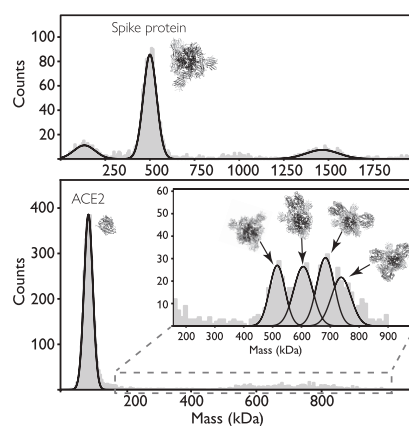
Mass photometry (MP) 法は、干渉散乱顕微鏡をベースにガラス表面に吸着した各分子の散乱光を検出することで溶液中の分子の分子量を推定する手法である。現在、Refeyn社のMP装置によるアプリケーションが急激に拡大している。

本講演では、アデノ随伴ウイルス(AAV)の測定における注意点とAAVのゲム放出機構に関する測定例、さらに、受容体-Fc融合蛋白質の多量体形成に関する測定例など、複数の実例を紹介しながら、特徴と利点について述べる。

Mass Photometryを用いたアプリケーション事例



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)

基調講演前に、弊社より取扱製品ならびにその特徴などを簡単にご紹介します。

RE•FEYN®
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/>

日本蛋白質科学会年会 ランチョンセミナー LS1C

日時：7月5日(水) 12:00 - 12:50

会場：C会場 (4号館 3F 431+432)

GCI・ITC 技術を基盤とした

植物ペプチドホルモンの同定と新規な結合様式の解明

－東京大学 大学院理学系研究科 奥田哲弘 先生－

本セミナーでは GCI、ITC による多角的解析方法と重要性について理解を深めていただくため、東京大学 奥田先生をお招きして、ご講演をいただきます。是非ご参加ください。

【ご講演内容要旨】

着生した環境に制限される植物は、独自の細胞膜受容体様タンパク質を数多く保持し、様々な外界のシグナルを受容することで環境に適応する。そして植物ペプチドホルモンは、シグナル因子の1つとして植物の発生、生長、生理を制御する。しかし受容体-ペプチドリガンドの組み合わせが同定され、その分子作用機序が明らかになっているものは多くない。植物の多くは進化の過程で、複数回の遺伝子重複・倍化したことによる遺伝的冗長性をもつことから、遺伝学的アプローチでは受容体-リガンドの同定は容易ではない。本講演では、GCI・ITC 技術と立体構造解析を基盤とした生化学的スクリーニングによるペプチドリガンドと共役受容体の同定と、新たに見いだされた受容体-ペプチドリガンドの結合様式について紹介する。

【ご略歴】

2020年5月 - 現在 東京大学 大学院理学系研究科 助教
 2019年5月 - 2020年4月 ジュネーブ大学 理学部 スタッフサイエンティスト
 2016年5月 - 2019年4月 ヒューマンフロンティアサイエンスプログラム 博士研究員
 2015年6月 - 2016年4月 ジュネーブ大学 理学部 博士研究員
 2013年4月 - 2015年5月 日本学術振興会 特別研究員 PD
 2010年4月 - 2013年3月 日本学術振興会 特別研究員
 2008年4月 - 2013年3月 名古屋大学 大学院理学研究科 生命理学専攻
 2004年4月 - 2008年3月 名古屋大学 理学部 生命理学科

【ご専門分野】

植物生理学、細胞生物学、生化学、構造生物学

【Creoptix® WAVEsystem】

マルバーン・パナリティカルでは、ラベルフリーサンプルのリアルタイム・カイネティクス測定を高感度、高速で行うことのできる分子間相互作用解析システム Creoptix® WAVEsystem を取り扱っています。グレーティング結合干渉法 (GCI) 技術では、頑健なマイクロ流体工学および優れたソフトウェアにより、従来技術では測定が困難であったサンプルにおける課題を克服できます。

- GCI 技術による高感度測定：低分子のアナライト、解離速度が速い分子、低活性分子、センサー表面での低リガンド密度に対応
- 頑健なマイクロ流体工学：クルードサンプル、膜タンパク質、有機溶媒に対応
- 優れたソフトウェア：独自の解析手法による高速カイネティクススクリーニング法 waveRAPID®、AI による自動カーブフィッティング

Malvern
Panalytical

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

☎ 0120-57-17-14

**第 23 回日本蛋白質科学会年会ランチンセミナー LS1D****2023 年 7 月 5 日(水) 12:00~12:50****名古屋国際会議場 D 会場 (1 号館・3 階)****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,
Osaka University**

PDBj (<https://pdbj.org/>)は、worldwide PDB (wwPDB, <http://wwpdb.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、PDBj の最近の活動を報告するとともに、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します。また、PDBj が独自に始めた構造生物学実験の画像イメージ収集 (XRDa, MPIAR) や 相関構造解析への対応について紹介します。さらに 2022 年 wwPDB 運営諮問委員会で議論された今後の活用の方向性など、PDB に関する最近の状況を共有させていただきます。

2. OneDep における PDB 登録のポイント**Tips for PDB Deposition through OneDep System****丹羽智美 (大阪大学蛋白質研究所)****Satomi Niwa, Institute for Protein Research,
Osaka University**

OneDep は wwPDB における生体高分子の構造データの登録/アノテーション/検証システムです。登録は、ファイルのアップロードと必要情報入力だけで可能です。しかしながら、どこに何を書き込めばいいのかが分かりにくいという意見もしばしばいただきます。今回のセミナーでは、登録のポイントをアノータの目線で紹介します。また、この 3 月から ORCID ID を用いたログインおよび登録が可能となりました。このメリットやデメリットについても紹介します。

**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)

第23回日本蛋白質科学会年会

東ソー ランチョンセミナー



日時

7月5日(水) 12:00-12:50

会場

E会場

演者

根本 直人 先生

(埼玉大学理工学研究科/(株)Epsilon Molecular Engineering)

演題

ラクダ科由来抗体(VHH)の 試験管からの創出とその医薬応用 — cDNA display法を用いた高速スクリーニング —

抗体医薬分野ではラクダ科動物に由来する一本鎖重鎖抗体の抗原結合ドメイン(VHH抗体)の医薬応用が注目されている。110残基程度のためタンパク質工学的なデザインにも好適である。しかしながらラクダ科動物に免疫してVHH抗体を取得することはコスト的にも労力的にも多大な負担を伴うことが多い。我々は 10^{13} の膨大な蛋白質ライブラリを無細胞翻訳系で合成し、その中から最適な候補分子を迅速にスクリーニングする技術(cDNA display法)を開発した。これはPhage display法の1万倍以上の効率を持ち、無細胞翻訳系での合成のため合成する蛋白質にバイアスがない。進化分子工学は自然を模倣するだけでなく、人為的に天然を超える分子の創造を目指す。そこで、200種類以上のVHH抗体と抗原の共結晶構造データから、バイオインフォマティクス的な解析をもとに人工的なVHH抗体ライブラリを試みた。その有用性と医薬応用について議論する。



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/>

第23回日本蛋白質科学会年会ランチョンセミナー

日時 2023年7月6日(木) 11:50~12:40

会場 B会場(名古屋国際会議場)

Bruker Sierra SPR Pro シリーズによるアプリケーションと新たな試みのご紹介

ブルカージャパン株式会社

大城 理志

Bruker Sierra SPR Pro シリーズは 24 チャンネルまたは 32 チャンネルの測定スポット・8 ニードルから構成された表面プラズモン共鳴 (SPR) 測定装置であり、高感度かつハイスループットな SPR データの取得を実現します。また、個別ニードルコントロール (INC) の導入により、8 ニードルからサンプルを吸引するニードルを選択することが可能であるため、ハイスループットな測定だけではなく、測定条件の検討や小規模な検体数での SPR 測定にも柔軟に対応することが可能となります。

本セミナーでは、Bruker Sierra SPR Pro シリーズの特徴を活かした、以下のアプリケーション事例についてご紹介する予定です。

1. 8 ニードルの測定システムを活かした測定手法 (MICK, SICK, TCK の使い分け)
8 ニードルのシステムでどのような測定ができるのか、場面ごとに有効な使い方を紹介します。
2. 個別ニードルコントロールシステムの使用事例
アッセイセットアップの効率化・センサーチップのランニングコストを抑えることのできる事例について紹介します。
3. 分子間相互作用の熱力学的パラメータ算出の高速化の試み
分子間相互作用における熱力学的パラメータは、相互作用の質を区別・評価する上で有用ですが、パラメータ算出のための測定は一般的にスループット面で課題が残ります。その課題に対し Sierra SPR Pro シリーズがどのように対応するか、その試みを紹介します。

また、SPR Pro シリーズ専用のデータ解析ソフトウェアについて、アプリケーションごとに想定される使用方法、ハイスループット測定で得られる大量のデータの解析方法も紹介させていただきます。

<https://www.bruker.com/ja/products-and-solutions/surface-plasmon-resonance.html>



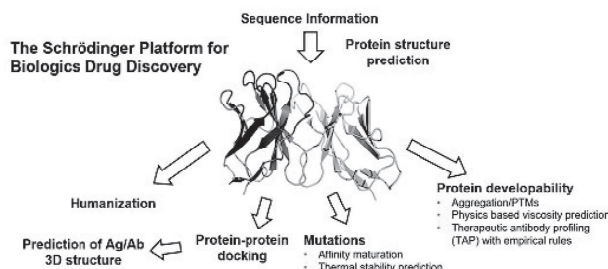
第23回日本蛋白質科学会年会 シュレーディンガー ランチョンセミナー

7月6日(木) 11:50 - 12:40 C会場

Schrödinger's approach to physics-based antibody analysis and design:
dealing with disordered epitopes and very long CDR H3 loop

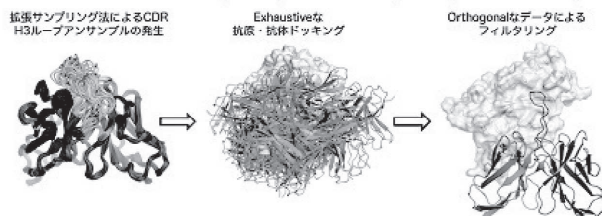
シュレーディンガー株式会社
Senior Principal Scientist 市原収

シュレーディンガーの創薬プラットフォームは、物理学の第一原理に基づいた計算化学技術を駆使することで、タンパク質立体構造情報に基づく高度な薬物設計を可能とし、そのソフトウェアは、世界中の主要製薬企業で活用されています。本セミナーでは、シュレーディンガーのBiologics Modeling Suite: BioLuminateを用いた一般的な抗体の3Dモデリング技術に加えて、タンパク・タンパク・ドッキングを用いた抗原抗体複合体構造の予測や、自由エネルギー摂動法 (FEP) によるアフィニティ・安定性予測などについて解説します。



また、単独では特定の安定コンフォメーションを持たないDisorderedエピトープを有する抗原について、MDシミュレーションとOrthogonalな実験データを活用した、抗原・抗体複合体構造推定の可能性について議論します。さらに最近、我々はこの手法が20アミノ酸残基を超えるような長いCDR H3ループを持つ抗体と抗原の複合体構造の予測に対して非常に有効であり、AlphaFold2を凌駕する精度でH3ループの構造と抗体・抗原の複合体構造を同時に決定できることを明らかにしました。また、このような20アミノ酸残基を超えるような長いH3ループは抗体単体では一定の安定構造を持たないことが多く、複合体形成時に見られるコンフォメーションが抗体単体での最安定コンフォメーションと一致するかどうかについては、大きな興味を持たれます。本セミナーではこの問題について、自由エネルギー摂動法を用いた最近の研究結果についてもご報告する予定です。

Structure Prediction of Ab/Ag Complex with Very Long CDR H3 Loop



お問い合わせは info-japan@schrodinger.com
詳細は www.schrodinger.com



Schrödinger
シュレーディンガー株式会社

Copyright © 2022 Schrödinger, Inc.

<Biologics Suiteのご体験>

本セミナーで紹介しますBiologics Suiteは、展示ブースにて実際に触れていただけます。研究内容に合わせたご相談も承りますので、これから計算化学に取り組みたい方や、すでにお取り組みの方も、ぜひお立ち寄りください。

〒100-0005東京都千代田区丸の内1-8-1 丸の内トラストタワーN館13階
電話: 03-4520-7090

第23回日本蛋白質科学会年会 HORIBAランチョンセミナーのご案内

『ライフサイエンス研究支援における単ドメイン抗体の物理化学解析』

東京大学大学院工学系研究科

長門石 暁 先生

単ドメイン抗体は、バイオテクノロジーや医薬品における魅力的なバイオ分子素材の1つとして注目されています。しかし単ドメイン抗体は従来のIgG型およびFab型抗体と比較すると分子サイズが小さく、かつ1つのドメイン構造から構成されているため、その機能や物性を合理的にコントロールすることは容易ではないのが現状であります。たとえば単ドメイン抗体を用いてセンシングを行う場合、検出基板への安定な固定化技術が必要であります。従来の抗体よりも不活化しやすい傾向にあると言われております。また単ドメイン抗体の改変においても、わずかなアミノ酸変異によって安定性や結合活性が劇的に変化してしまうこともしばしば起こります。このように物性変化および機能変化に敏感な単ドメイン抗体は、工学的アプローチによる目的に応じた精密な蛋白質解析が求められます。本講演では、最近の我々の単ドメイン抗体に関する物性・機能解析についてご紹介します。

日時 7月6日(木) 11:50~12:40

会場 D会場 (名古屋国際会議場 1号館3階)

セッションID LS2D



顕微レーザーラマン分光測定装置
LabRAM HR Evolution



ナノ粒子径分布・濃度測定装置
ViewSizer 3000



ラベルフリー生体分子間相互作用解析装置
OpenPlex

HORIBA
Scientific

株式会社 堀場製作所

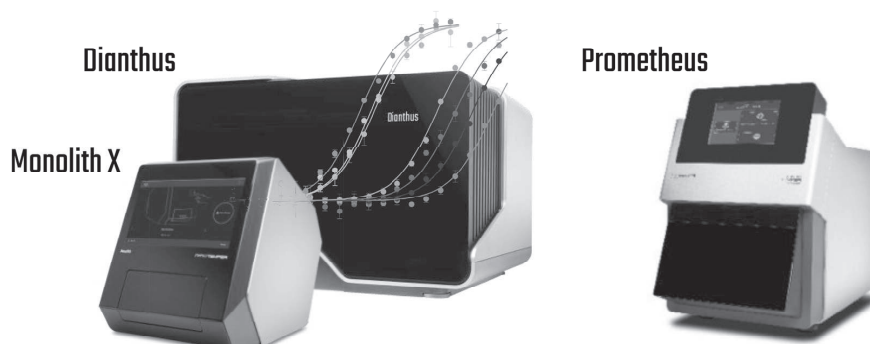
〒601-8510 京都市南区吉祥院宮の東町2番地 (075)313-8121 (代)
<https://www.horiba.com/jpn/>

●製品の技術的なご相談をお受けします。カスタマーサポートセンター
フリーダイヤル 0120-37-6045

わずかなサンプルから大きな成果 : NanoTemper の Spectral Shift が、 分子間相互作用解析競争にどのように革新をもたらしているか。

Dr. Andreas Langer – Principal Scientist - R&D - NanoTemper Technologies - Munich / Germany

NanoTemper Technologies は、分子間相互作用の特性解析のため、Spectral Shift と呼ばれる画期的な新技術を開発しました。確立された技術である MST/TRIC と組み合わせて、Spectral Shift は最新世代の Dianthus と Monolith X に搭載されており、幅広い生体分子の相互作用を溶液内で正確に測定することができます。Dianthus と Monolith X は他の生物物理学的手法の結果の検証に用いるだけでなく、膜タンパク質、ディスプレイしているタンパク質、PROTAC などの、よりチャレンジングな相互作用を特徴づけることにも利用できます。最小限のサンプル消費量で、凝集がある場合にも測定が可能です。親和性 (Kd) 測定に加え、この機器はターナリー複合体やフック効果、および共有結合剤を解析できます。補完的な技術として、Prometheus はサーマルシフトアッセイによって、ターゲットの構造的完全性と結合を確認するために使用できます。本公演では、これらの画期的な生物物理アッセイ技術に関する重要な知見を発表致します。



テクノロジー :	Spectral Shift, MST/TRIC	nanoDSF, Backreflection, DLS, SLS
アプリケーション:	アフィニティー決定	タンパク質安定性評価, 凝集性, 粒子径分布
	ロー & ハイスループット	ロー & ハイスループット
	10 分で Kd 測定 (Monolith)	Tm, Ton, Tturbidity, Tscattering, Tsize,
	30 分で 384 データポイント (Dianthus)	PDI, rH, 品質, %-正しい構造を有する割合、 類似度-%、KD、B22、MW、Ea、ΔG、 明るさ、変性の可逆性、。。。。
優れた利点:	固定化不要	テクノロジーに挙げた 4 つを同時に測定できる
	サンプルへのストレスなし	超高解像度データポイント
	チャレンジングなサンプルにも対応	0.5nm-1μm の粒子サイズ測定
	非常に少ないサンプル消費量	ラベルフリー測定
	あらゆるバッファー、ライセート、血清が使用可能	あらゆるバッファーに対応
	質量に依存しない	スクリーニング対応力(測定の自動化可能)

お知らせ : **NANOTEMPER**

〒220-0012 神奈川県横浜市西区みなとみらい3-6-1 みなとみらいセンタービル19階エグゼクティブセンター

e-mail: info-japan@nanotemper-technologies.com; URL: <https://nanotempertech.com/ja/>

E 会場 (133 + 134) / Room E (133 + 134)
7 月 7 日 (金) / July 7 (Fri.) 11:15 ~ 12:05

LS3E 若手育成・男女共同参画合同ワークショップ / Luncheon WS on Gender Equality & Career Plan

世話人：若手育成・男女共同参画理事、男女共同参画ワーキンググループ
司会：谷中 冴子 (九大)

アカデミアの研究者以外から見る博士の魅力について

・10 年越しの再挑戦

三田村 圭祐

協和キリン

・Doctor of philosophy を取るということは

中山 典子

大阪大学蛋白質研究所・特任講師 /URA

若手育成・男女共同参画合同ワークショップ

日 時：7月7日（金）年会3日目 11：15-12：05

会 場：E会場（133+134）

世話人：若手育成・男女共同参画理事、男女共同参画ワーキンググループ

司 会：谷中冴子（九大）

アカデミアの研究者以外から見る博士の魅力について

「博士へ進学し、アカデミアで研究者になる」という博士号取得後の既定路線のイメージは急速に崩れつつあり、多くの博士号取得者が様々なキャリアパスにて活躍している現状があります。企業に在籍しながら博士後期課程へ進学し学位取得する等、博士号取得のためのルートも多様化しています。その一方で、日々の研究生生活の中では、こうしたキャリアパスの話を聞く機械が少ないのが実情です。学会に参加したときこそ、様々な人と出会い、話を聞くチャンスです。

本ワークショップでは、以下のお二方から博士進学に至る道のりやこれまでのキャリアについて話題提供していただきます。学部、修士、博士課程の学生さんや若手研究者の今後のキャリア形成の参考になればと思います。また、グループのPIの方にもご参加いただき、是非アドバイスを頂ければと思います。

話題提供1（15分）：「10年越しの再挑戦」

三田村圭祐（協和キリン）

博士課程単位取得退学後、現職。大学院時代に海外短期留学や生化学若手の会活動（夏の学校実行委員、実験医学コラムなど共同執筆）を経験。入社後は抗体医薬品の研究開発に従事しながら、現在学位取得に挑戦中。企業での研究生生活や博士号を持つ意義について私見も交えながらご紹介いたします。

話題提供2（15分）：「Doctor of philosophy を取るということは」

中山典子（大阪大学蛋白質研究所・特任講師 /URA）

2002年、北海道大学にて海洋化学研究で博士（地球環境学）を取得。学振特別研究員PD、東京大学大気海洋研究所、大阪大学大学院理学研究科助教等を経て、2022年より現職。地球科学者からリサーチ・アドミニストレーター（URA）へシフトチェンジした背景や経緯、研究力を促進させるという仕事において、博士としての研究経験がいかに重要ななどについてお話しします。

質疑応答・総合討論（話題提供の後、お話の内容に関する質疑応答、総合討論を行います。）