

## ランチョンセミナー プログラム

※敬称略。発表日・会場順

9月16日（金） 11：50～12：40

株式会社 菱化システム  
(Ryoka Systems Inc.)

A会場（7号館 1階 7101）

株式会社 ニコンインステック  
(NIKON INSTECH CO., LTD.)

B会場（7号館 1階 7102）

PDBj:Protein Data Bank Japan

G会場（5号館 2階 5201）

日本エフィー・アイ株式会社  
(FEI Company)

H会場（5号館 2階 5202）

9月17日（土） 11：50～12：40

株式会社 キアゲン  
(QIAGEN K.K.)

A会場（7号館 1階 7101）

スペクトリス株式会社 マルバーン事業部  
(Malvern Japan, Division of Spectris Co., Ltd.)

G会場（5号館 2階 5201）

DKSHジャパン株式会社  
(DKSH Japan K. K.)

H会場（5号館 2階 5202）

9月18日（日） 12：10～13：00

WABIOS  
(WASEDA Bioscience Research Institutein Singapore)

H会場（5号館 2階 5202）

## 株式会社菱化システム ランチョンセミナー 受容体構造に基づく新規リガンド設計

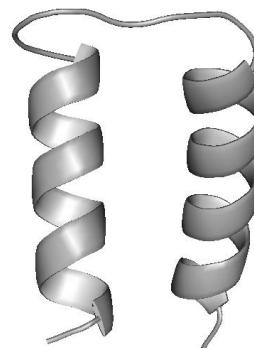
日時： 9月16日（金） 11:50～12:40

場所： A会場（7号館 1階 7101）

### 立体構造規制ペプチドライブラーを用いた分子標的ペプチドの創出

大阪府立大学大学院 理学研究科 藤原 大佑

タンパク質-タンパク質相互作用を特異的に制御する標的分子リガンドは、生物学研究用の分子ツールとして、また医薬品リード分子として大変注目されています。立体構造規制されたペプチドは標的分子結合時のエントロピーコストが抑えられ、結合親和力の向上が期待されます。また血清中での安定性向上が期待されます。講演では、*De Novo* 設計した独自の立体構造規制ペプチドを土台としたファージ表層提示ペプチドライブラー及びそれを用いた分子標的ペプチド獲得研究についてご紹介します。



立体構造規制ペプチド

### MOE-ASEDockによるドッキングシミュレーション

株式会社菱化システム 計算科学部 東田 欣也

統合計算化学システム MOE に搭載されている ASEDock は、タンパク質とリガンドの結合状態を高精度に予測します。独自の ASE スコアを用いてタンパク質のポケット形状とリガンド原子配置の適合性を評価し、妥当なドッキングの候補配座を高速に探索します。さらに段階的な構造最適化計算により、安定なドッキング構造を予測します。セミナーでは ASEDock を中心に、MOE に搭載されているタンパク質-リガンド複合体の相互作用解析機能について紹介します。

株式会社菱化システム 科学技術システム事業部

〒104-0033 東京都中央区新川 1-28-38 東京ダイヤビル 3号館 3階

TEL: 03-3553-9206 FAX: 03-3553-9207

E-mail: support@rsi.co.jp URL: <http://www.rsi.co.jp/>

# 日本生物物理学会第49回年会 ランチョンセミナー

9月16日(金) 11:50～12:40  
B会場(7号館 1階 7102)

蛍光タンパク質を利用した分子動態計測と  
化学発光タンパク質による次世代バイオイメージング

永井 健治 先生 (北海道大学電子科学研究所 教授)

細胞の中で起こる様々な現象を生きた状態でリアルタイムに可視化して理解するアプローチは生命現象解明の大きな流れとなっており、蛍光タンパク質を用いたバイオイメージングがキーテクノロジーとして広く用いられています。本ランチョンセミナーでは、フェルスター共鳴エネルギー移動(FRET)を原理とする様々な蛍光プローブとそれらを用いた生理機能イメージングや細胞・分子動態イメージングの先端テクノロジーについて議論するとともに、今後の展望として蛍光イメージングに潜む問題点を克服する方法の一つである超高輝度化学発光タンパク質についても触れ、自由行動下の動物個体内から自動的に発する光シグナルを実時間で捉える次世代イメージング法などについてお話しします。



共催 株式会社ニコンインステック

バイオサイエンス営業本部

TEL 03-3216-9163

URL <http://www.nikon-instruments.jp/instech>

## PDBj(日本蛋白質構造データバンク)の活動と データベースおよびサービスの紹介

演者1: 「PDBjの活動とNBDCおよびwwPDBとの連携」

中村 春木（大阪大学蛋白質研究所）

PDBj(Protein Data Bank Japan, <http://www.pdbj.org/>)では、(独)科学技術振興機構(JST)による支援のもと、大阪大学蛋白質研究所にて、アジア・オセアニアを主とした地域の生体高分子立体構造データの登録・編集・公開を2000年から行っている。本年4月からはJSTのバイオサイエンスデータベースセンター(NBDC: National Bioscience Database Center)と、より強く連携したデータベース統合化も進めている。一方、PDBjは、米国・RCSB-PDB、欧州・PDBe-EBI、生体分子NMRデータベースであるBMRB(BioMagResBank)との国際協力によりwwPDB(worldwide PDB)としてPDBデータベースの維持・運営を行っている。本セミナーでは、PDBjが提供するサービスとその利用法およびwwPDBの活動について紹介し、利用者の皆様からのご意見やご質問を伺い、より良いデータベースにしていきたいと考えている。またwwPDBにて来年から公開予定の、新しいPDBフォーマットについても紹介し、利用者の皆様からのコメントを頂きたいと考えている。

---

演者2: 「PDBjのRESTfulウェブサービスとセマンティックウェブサービス」

金城 玲（大阪大学蛋白質研究所）

データベースが巨大になるに従って、大量のデータをプログラムで自動処理する必要がありますます高まっている。従来は、例えばPDBのエントリファイルを全てダウンロードした上でデータ処理をする必要があった。PDBjでは、ウェブ上でHTTPプロトコールを通してPDBの全データを検索し、その結果を取得出来るRESTfulなサービスを提供している。これを用いれば、全データを手元にダウンロードすることなく、必要な情報を整理した上で取得することが出来る（ただし原子座標は除く）。さらにPDBjでは、PDBのデータをUniProtなど他のデータベースとつなげて解析するのを支援するために、PDBデータをセマンティックウェブの標準フォーマットであるRDF(Resource Description Framework)形式で表現し、かつ各エントリの個々の要素に実際にHTTPで参照できるURLを与えた形で提供している。本セミナーでは、PDBjのRESTfulウェブサービスとPDBデータのRDF形式およびそのオントロジーについて解説する。

---

# イオンビームシリアルセクショニング法による 生物系試料の三次元構造解析

完山正林

日本エフイー・アイ株式会社

ナノポートジャパン アプリケーションラボラトリ

## 1. はじめに

1990年代半ばに同一チャンバー内に集束イオンビーム（FIB）装置と高分解能の走査型電子顕微鏡（SEM）を搭載した DualBeam<sup>TM</sup> 装置が開発された。イオンビームシリアルセクショニング（iSS）法による三次元構造解析技術とは、この DualBeam<sup>TM</sup> 装置を用いて試料の 3 次元構造を解析する手法である。

## 2. iSS 法による 3 次元構造解析の特長

具体的な手順は、断面スライス加工と作製直後のフレッシュな断面の観察を交互に行うことで得られる SEM 観察像群を、AVIZO<sup>TM</sup> 等の市販の可視化ソフトウェアを使って 3 次元再構築を行う。従来のシリアルセクショニング法 1), 2) と異なるのは、近年の FIB 鏡筒と SEM 鏡筒の進歩により、スライス幅が高精度で正確に行われること、および 1 スライスの加工が終わるごとに、高分解能 SEM 観察像が、常に注目領域が中心となるように自動的に取得、保存されていくことである。この手法だと原理的に観察像群の像質は何枚目であっても SEM の分解能と信号の励起体積(interaction volume)ではほぼ決まるため、3 次元再構築像のクオリティが試料厚を問わないという利点がある。

図 1 はマウス小腸上皮組織の三次元再構築結果である。約  $30 \mu\text{m} \times 40 \mu\text{m} \times 8 \mu\text{m}$  のボリュームを 50nm のスライス幅でデータ取得を行った。腸絨毛や組織の内部構造が見事に再現されていることがわかる。

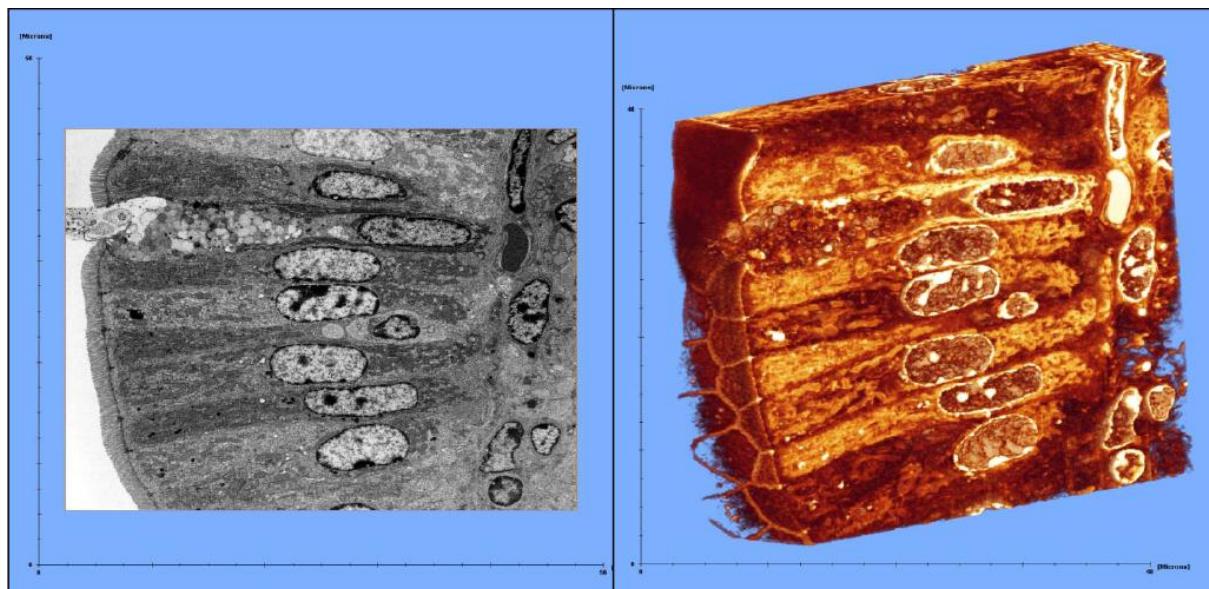


図 1 マウス小腸上皮組織の三次元再構築結果

## 参考文献

- 1) D. N. Dunn, et al, Appl. Phys. Lett., volume 75 21 (1999) 3414
- 2) M. Li, et al, Mater. Charact., 41 (1996) 81

# 第49回日本生物物理学会年会 QIAGEN ランチョンセミナー

## 膜タンパク質結晶化に貢献する QIAGEN テクノロジー

近年、X線結晶構造解析によるタンパク質の詳細な3次元構造から様々な生命現象を鮮明に解釈できる例が報告されています。しかしながら全タンパク質の約1/3を占める膜タンパク質に関しては、その物性のため結晶化の成功例は現在でも非常に限られています。

本セミナーでは、膜タンパク質結晶化手法の中でも特にGPCR型タンパク質で威力を発揮するといわれているLCP法を、簡便かつハイスループットに行なえるQIAGENテクノロジーについてご紹介します。QIAGENは本テクノロジーを通して膜タンパク質が関わる生命現象の解明ばかりでなく、創薬などの分野においても貢献できればと考えております。

- 開催日時：2011年9月17日（土）11:50～12:40
- 会場名：A会場（7号館1階7101）
- 演題：**Automated high-throughput crystallization of membrane proteins in lipidic cubic phase**  
(脂質キュービック相を利用した膜タンパク質のハイスループット自動結晶化技術)
- 演者：Jan Kubicek, Research & Development, QIAGEN GmbH, Qiagen Strasse 1, 40724 Hilden, Germany
- 要旨：

Crystallization of membrane proteins is one of the most demanding biological applications to date, which is reflected by the small number of membrane protein structures disposed in the protein database. On the other hand, 30% of all known proteins are located in the membrane, and many of them are druggable targets (like G protein coupled receptors). Therefore, the importance of membrane protein crystallization for structure-based drug design cannot be overestimated.

We present CubicPhase, a new protein crystallization method based on vapor diffusion for high-throughput, automated crystallization setup of membrane proteins using standard nanoliter dispensing robots and ready-to-use micro plates pre-coated with lipid. Crystallization of the membrane proteins occurs in meso using Lipidic Cubic Phase (LCP) technology. New screening suites have been developed for in meso applications.

We will provide data on crystallization of human and bacterial membrane proteins and highlight the advantages of the combination of in meso crystallization with vapor diffusion along these projects with respect to success rate, experimental flexibility and automation. Several of the features of our LCP technology will be demonstrated in a time lapse movie showing the formation of crystals of a colored membrane protein in a real experiment.

The structure of a novel 7-transmembrane domain protein, Sensory Rhodopsin II, has been solved at 2.7 Å resolution using CubicPhase and will be presented in brief.



Trademarks: QIAGEN® (QIAGEN Group).

本文に記載の会社名および商品名は、各社の商標または登録商標です。 crystallization\_Seminar0611XZJ ©2011 QIAGEN, all rights reserved.

Sample & Assay Technologies

Invitation



# マルバーンランチョンセミナー

## 題目

### 粒子径分析技術を応用した タンパク質科学へのアプリケーション

日時 : 2011年9月17日(土曜日) 11:50~12:40  
日本生物物理学会第49回大会ランチョンセミナー

会場 : G会場(5号館2階5201)

講演者 : スペクトリス株式会社マルバーン事業部  
志波 公平

## 発表内容:

生体内では、タンパク質を中心としたさまざまな物質が作用を起こしており、その結果、細胞はその生命活動を行っている。タンパク質は生体内において直接的な機能をもたらす生体高分子である。従って、高分子としての側面も持ち合わせており、溶液中ではコンフォメーションを形成する。近年、X線結晶構造解析を中心とした、構造生物学的なアプローチがより重要視されている。

一方、世の中には動的光散乱法を始め、さまざまな粒子径分析技術が存在する。ここで示す粒子とは、例えばタンパク質分子や細胞や脂質2分子膜などを指す。特にタンパク質分子に言及すると、分子サイズを議論することは、構造生物学のアプローチに深く関連すると考えられる。その他には、タンパク質分子が作用することによって変化する細胞や脂質2分子膜のサイズ変化は、タンパク質の機能を示すことが考えられ、それらの結果が異なる視点での生化学的アプローチに寄与すると考えられる。

そこで今回、いくつかの粒子径分析技術を用いたタンパク質科学のアプリケーション例を紹介し、その有用性について述べる。

スペクトリス株式会社 マルバーン事業部

神戸事業本部

650-0047 兵庫県神戸市中央区港島南町5-5-2 神戸国際ビジネスセンター北館511

電話 : +81-(0)78-306-3806(代表) ファックス : +81-(0)78-306-3807

東京営業所

101-0048 東京都千代田区神田司町2-6 司町ビル5F

電話 : +81-(0)3-5207-3461(代表) ファックス : +81-(0)3-3258-1160

フリーダイアル : 0120-57-17-14

マルバーンウェブサイト : [www.malvern.jp](http://www.malvern.jp)

日本生物物理学会 第49回年会  
DKSHジャパン株式会社 ランチョンセミナー

## タンパク質研究を加速させる新ツールとアプリケーションのご紹介

日時：9月17日（土） 11:50 – 12:40  
会場：H会場（5号館 2階 5202）

坂口安史 DKSH ジャパン株式会社 科学機器部

### 1. 新しい結晶化スクリーニング・アプローチ Microseed matrix-screening と Douglas Instruments 社結晶化ロボット Oryx のご紹介

結晶化ドロップに種結晶（シード）を添加するマイクロシーディングは結晶成長を促進させる手法として最適化実験でしばしば用いられますが、このシーディングの手法をより拡張した考え方で活用する結晶化のアプローチ方法がマイクロシード・マトリックス・スクリーニング（MMS）です。この新しい結晶化スクリーニングのアプローチと、Douglas Instruments 社結晶化ロボット Oryx の概要をご紹介します。



Oryx8

### 2. タンパク質のアンフォールディングと凝集をハイスループット同時解析する新テクノロジー Avacta Analytical 社 Optim1000 のご紹介

抗体医薬などタンパク質製剤の開発では、本来的にタンパク質が物理的化学的に不安定である点を克服しなければなりません。タンパク質に内在する不安定性は、アンフォールディングや凝集を起こす原因となり、薬効の低下や患者の安全を危険にさらすことにつながります。Avacta Analytical 社の Optim1000 はタンパク質の安定性評価を、微量で迅速に解析することを目的開発された新しいタンパク質物性解析システムです。今回のセミナーでは、この Optim1000 の概要をご紹介します。



Optim1000

※2009年4月より「日本シイベルヘグナー株式会社」は「DKSH ジャパン株式会社」に社名を変更いたしました。



DKSH ジャパン株式会社  
テクノロジー事業部門科学機器部ショールーム  
Tel 03-3767-4510 Fax 03-3767-4569  
<http://www.microcal.jp> e-mail: tp.labtyo@dksh.com



# WASEDA Bioscience Research Institute in Singapore (WABIOS)

## 早稲田大学バイオサイエンス シンガポール研究所

洋の東西を結ぶ航路の要衝として、シンガポールは歴史的にも欧州、日本をはじめとするアジア諸国、インド、中東との関係が強く、政治、経済、思想、宗教、人種が交差・共存・融合する独特な情報集積地となっている。国民一人当たりのGDPは日本を超え、先進国の仲間入りを果たしている。そして世界中から一流の生命科学者を集め、海外の研究・教育機関 (Duke大、Yale大、MIT、理研) や関連企業の誘致を進めるなど、国を挙げてバイオ立国を目指している。

早稲田大学は2009年9月に、戦略的な研究拠点として「早稲田大学バイオサイエンスシンガポール研究所（WABIOS）」をシンガポールに設置した。幅広く研究を推進するため、物理学、化学、情報科学、医学を融合した生命科学の学際研究（フィジカルバイオロジー、ナノバイオテクノロジー、バイオイメージング、ケミカルバイオロジー）に範囲を広めている。そして、シンガポールの研究機関〔シンガポール科学技術庁(A\*STAR)傘下の研究機関、シンガポール国立大学(NUS)、南洋工科大学(NTU)など〕との国際共同研究体制を構築し、研究を推進している。

本セミナーではWABIOSにおける研究の内容と、バイオメディカルサイエンスに対するシンガポール政府の取り組みについてご紹介する。

演者1：「WABIOS・早稲田・シンガポール」

石渡 信一 (WABIOS所長)

演者2：「シンガポールのバイオメディカルサイエンス事情」

椿 雅行 (WABIOSコーディネーター)

演者3：「シンガポールにおける人工赤血球の研究」

酒井 宏水 (WABIOS主任研究員)

演者4：「シンガポールにおける生物物理研究」

鈴木 団 (WABIOS主任研究員)

WASEDA Bioscience Research Institute in Singapore (WABIOS)

11 Biopolis Way, #05-01/02 Helios, Singapore 138667

<http://www.waseda.jp/WABIOS/index.html>

Tel: +65 6478 9721 Fax: +65 6478 9416

