

研究者の自由な光学系構築を支援する 「コアユニット顕微鏡」

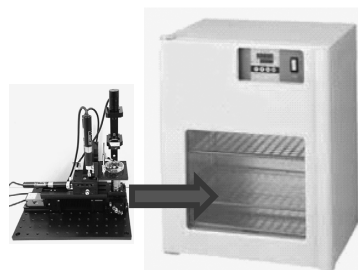
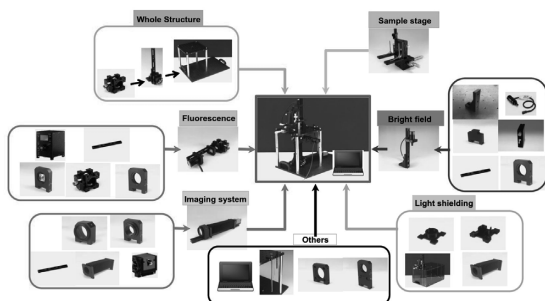
発表日：9月15日(土) 11:45 - 12:35 会場：D会場(A棟3階A36)
シグマ光機株式会社 開発部 井上 裕一

シグマ光機株式会社が初めてのランチョンセミナーを開催します。

著名な先生のご講演はありません。最新の科学知見も恐らくありません。
それよりも今、ご自身の研究現場に必要なものは何でしょうか。

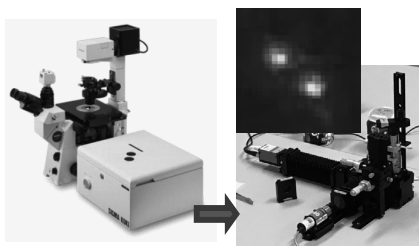
- ・光学顕微鏡をお使いの方は、思い通りの実験ができていますか？
- ・予算不足で諦めた光学系はありませんか？
- ・若手研究者や学生が MY 顕微鏡を持つことは無理なのでしょうか？

そんなことを考えながら生物物理会員自身が開発した新製品をご紹介します。

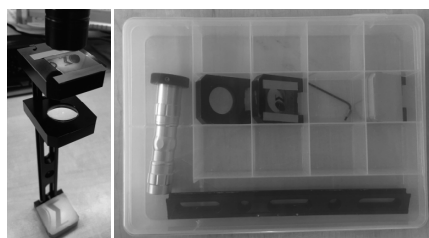


1) 「コアユニット顕微鏡」とは何か

2) 培養細胞の長期間観察は
いくらかから始められるか



3) レーザートラップや1分子蛍光
観察に必要な初期費用は



4) 教育実習から最先端研究まで
使える MY 顕微鏡を学生にも



シグマ光機株式会社

〒130-0021 東京都墨田区緑 1-19-9

Tel: 03-5638-6551

E-mail: sales@sigma-koki.com URL: <https://www.global-optosigma.com/jp/>

細胞内 1 分子イメージングの 自動化とシグナル伝達への適用

上田 昌宏 先生

(理化学研究所・生命機能科学研究センター、大阪大学大学院・生命機能研究科)

日時

2018 年 9 月 15 日 (土) 11:45~12:35

会場

E 会場 (A 棟 3 階 A37)

講演者はこれまで佐甲靖志(理研)らと共に、シグナル伝達に関わる分子の動態を細胞内で1分子計測し定量解析するという方法論を確立してきた。最近、ニコン全反射照明蛍光顕微鏡をベースに、画像取得から解析までの1分子計測の全行程を自動化する顕微鏡システム(AiSIS)の開発に成功した(Yasui, Hiroshima et al., 2018)。機械学習を用いた自動細胞認識や自動フォーカス、自動オイル供給などの自動化の要素技術の紹介と共に、シグナル伝達解析への適用例について紹介する。



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 営業推進部

E-mail : Nit.Biomarketing@nikon.com

電話 : (03)6433-3982

See The Hidden/See More

未知のプロセスを可視化するイノベーション

新製品 TCS SP8 FALCON (Fast Lifetime Contrast)

蛍光寿命イメージング技術のブレークスルー

演者 **Giulia Ossato** Leica Microsystems CMS GmbH (Language: English)

蛍光分子固有の蛍光寿命にもとづいて新たな生体情報を得ることができる蛍光寿命イメージングは、細胞内の代謝、微小環境、分子間相互作用などの機能解析、アンミキシングや無染色イメージングなど、幅広いアプリケーションに対応する、たいへん有用なイメージング技術です。一方で、画像取得に時間を要する、システムやソフトウェア取り扱いの煩雑さなどの理由から、これまでは一部の研究者のみが扱う、限られた技術でした。このたびライカが発表した TCS SP8 FALCON は、ライカ先進の光学技術、新開発のソフトウェアアルゴリズムにより、これまで困難とされていた高速の蛍光寿命イメージングを実現しました。本セミナーでは、機能解析イメージングの新たなステージを提供する FALCON の最新技術について紹介します。

新製品 DMi8S (Widefield Photo Stimulation)& LAS X Navigator

隠れた細胞プロセスを見つけ出す

演者 **柴田 加苗** ライカマイクロシステムズ株式会社 (発表言語：日本語)

細胞観察から細胞間相互作用などのハイエンドイメージングに至るまで、倒立顕微鏡ライカ DMi8 は1つのプラットフォームをベースに、ニーズの変化、高度化に合わせて成長します。See The Hidden では2本のインフィニティポートを統合し、追加光源やレーザーシステムの組み込みを可能にした結果、光刺激と画像取得を同時進行し、刺激直後の細胞プロセスを確実に画像取得します。See More では、新感覚の操作で今までにない画像タイリングを可能にします。本セミナーでは、これらの高度な研究をパワフルにサポートするライカの革新的なアップグレードツール DMi8 S & LAS X Navigator の有効性について実例を交えてお伝えします。



Luncheon Seminar at the 56th Annual Meeting of Biophysical Society of Japan

September 16 (Sun), 11:45 ~ 12:35, D site (Room A36, Bldg. A)

1. Making full use of the wwPDB validation reports

wwPDB 検証レポートの活用法

Masashi Yokochi
Institute for Protein Research, Osaka University

wwPDB validation reports provide an assessment of structure quality which shows that obtained structure model is consistent with experimental data and how the model agrees to the widely accepted criteria at atomic level. It is essential resource not only for structural interpretation of original publication, but also development of bioinformatics, and drug discovery. In order to improve accessibility and usability, we developed two semantic versions of the wwPDB validation reports, PDBx/mmCIF compatible XML and RDF, respectively. I will outline the basic concepts of the new archives and explain the effective way to use them through case-study.

2. Introduction to NIG Supercomputer and DDBJ

遺伝研スパコンと DDBJ の紹介

Masanori Arita
National Institute of Genetics

DDBJ is a part of International Nucleotide Sequence Database (INSD) in collaboration with NCBI and ENA/EBI since 1987. Our service includes next-generation sequence data in Sequence Read Archive, research projects in BioProject, biological sources and materials in BioSample, and personal genomes in JGA. More than half of our computing resource is open to domestic researchers (and foreign collaborators), and > 500 registered users from > 120 institutions perform their own research free of charge. Modern research requires a complicated software environment and we keep providing the up-to-date system for all scientists in Japan.

Taylor分散法による 溶液中の蛋白質のサイズ解析

マルバーン・パナリティカル事業部 (スペクトリス株式会社)

バイオサイエンス スペシャリスト アジア パシフィック地域 志波 公平

蛋白質はそれぞれユニークな構造を持ち、その構造を保つことによって機能を示すことは広く知られています。そのため、溶液中における蛋白質の情報は、機能との関連性を考える際に重要な情報となります。その中でもサイズ情報は、高次構造の変化を直接的に結びつけることが期待されます。また、溶液中の物性解析の多くは蛋白質間に生じる相互作用の情報を含んでいます。この情報を応用し、産業的、具体的には蛋白質医薬品などには、これらのパラメータを分散安定性の予測に活用したりするケースも増えています。

Taylor分散 (Taylor Dispersion) 法は1950年代にG. I. Taylorらによって提唱され、1980年代にH. Brennerらによって確立された手法で、キャピラリー内に生じる流体速度分布によって高分子の拡散係数を導く手法です。この手法の特徴はUVによる検出が可能であり、ごく微量で計測できる点にあります。再現性に優れており、1 nm以下のサイズ変化の議論も可能になります。

本発表では、Taylor分散法によるいくつかのサイズ測定のアプリケーションの紹介と、以下の表にあるDLS、GPC-LS、TDAおよびSAXSについて、それぞれからどのような情報が得られるのかについて、アプリケーション事例を通じて紹介します。

各装置の原理と特徴

	動的光散乱法 (DLS)	ゲルろ過光散乱法 (GPC-LS)	Taylor分散法 (TDA)	X線小角散乱法 (SAXS)
主な獲得パラメータ	Rh 拡散係数	絶対分子量 Rg	Rh 拡散係数	Rg, Dmax 絶対分子量
推奨対象粒子サイズ (半径)	1 - 1,000 nm	1 - 1,000 nm (使用カラムに依存)	0.2 - 50 nm	0.1 - 10 nm
特徴	広く全般が見渡せる 簡便、濃度範囲が広い、短時間測定	分離直後の 詳細な解析ができる	サブナノ・シングル ナノサイズの分解 能が高い、再現性よい 短時間測定	形状がわかる
制限項目	粗大粒子 存在下の再現性	カラム依存的、 Running Bufferを 多く使用	大きな粒子への対応 分布が出せない	濃度、サンプル量が 必要、測定時間が長い



Malvern
Analytical

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56回 日本生物物理学会年会

浜松ホトニクス株式会社 ランチョンセミナー

- ◇ プログラムNo. 2LSG
- ◇ 日時:2018年9月16日(日) 11:45 ~ 12:35
- ◇ 会場:G会場(B棟3階 B33)

演題1

「蛍光、偏光、顕微鏡」

"Fluorescence, Polarization, Microscope"

谷 知己 先生

Associate Scientist

Marine Biological Laboratory, Woods Hole,
Massachusetts, USA

演題2

「浜松ホトニクスの最新イメージング技術」

- 焦点深度伸長デバイスと最新イメージング技術 -

"The latest imaging technology of Hamamatsu Photonics"
- Extended Focus Device and the latest imaging technologies -

伊東 克秀

浜松ホトニクス株式会社 システム事業部

浜松ホトニクス株式会社 URL: www.hamamatsu.com

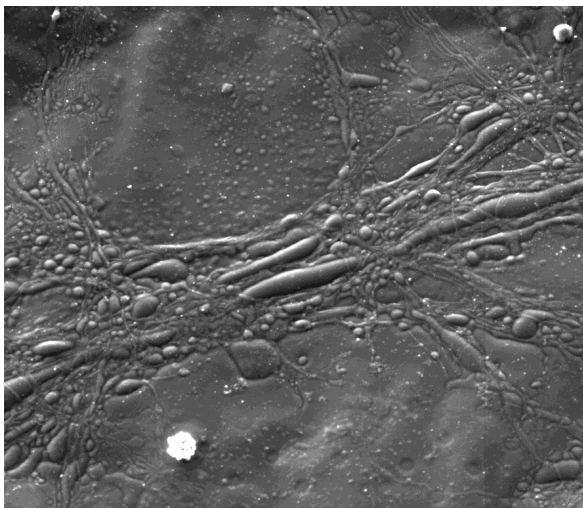
システム事業部 システム営業推進部

〒431-3196 静岡県浜松市東区常光町812

TEL:(053)431-0150 FAX:(053)433-8031

E-mail: sales@sys.hpk.co.jp

Thermo Fisher Scientific & Leica Microsystems 共催ランチョンセミナー 細胞生物学に向けたCryo Tomography Workflow



画像提供: 福田 善之 博士 (東京大学大学院医学系研究科) 初代培養神経細胞由来の神経突起

- 日時: 9月17日(月)11:45 - 12:35
- 会場: G会場 (B棟3階 B33)
- 演者: 福田 善之 先生 (東京大学大学院医学系研究科)
石原 あゆみ (ライカマイクロシステムズ株式会社)
葦原 雅道 (サーモフィッシャーサイエンティフィック 日本エフイー・アイ株式会社)
- 演題: 細胞生物学に向けたCryo Tomography Workflow
- 要旨:

近年、クライオ電子顕微鏡法は著しく発展を遂げ、特に単粒子解析法 (Single Particle Analysis) は、これまで結晶化の難しさからX線結晶構造解析法での着手が困難であったタンパク質複合体の構造決定に大きく貢献しはじめました。そのため、単粒子解析法は構造解析手法のメインストリームの一つになりつつあります。その一方で、生命をより深く理解するためには、タンパク質が細胞の中でどのようなふるまいをするかの解明が必要となります。したがって、構造解析の次のターゲットとして、細胞やオルガネラにおける超分子複合体に関心が集まっています。そして、これら複合体を細胞から単離することなく、*In situ* (その場)での構造解析を可能とするのがクライオ電子線トモグラフィー法です。しかしながら、細胞は数-数十 μm の大きさをもつことから透過型電子顕微鏡での観察が困難です。細胞試料のクライオ電子線トモグラフィーを行うために、2つの技術が開発されました。1つは、凍結した細胞試料を物理的応力無く薄膜加工し "Cryo lamella" を作製するために考案されたのがAquilosに代表されるCryo-FIBシステムです。もう1つは、光学顕微鏡と電子顕微鏡の視野のギャップを埋め、細胞内の目的タンパク質の位置情報を共有するために考案されたCLEM (Correlative Light and Electron Microscopy) 技術です。ライカ社による最新のCLEMシステムであるEM Cryo CLEMは、電子顕微鏡との位置相関を取るために必要な光学分解能を有し、クライオ電子顕微鏡用試料のスクリーニングに最適化されています。これら全てのソリューションを実現することで、細胞内の目的タンパク質の3次元構造を電子線トモグラフィーにより解明することが可能となります。

本セミナーでは、凍結試料作製からEM Cryo CLEMによる細胞の標的化、Aquilosによる切削加工、クライオ電子線トモグラフィーにいたるまでの一連のワークフローをご紹介します。

お問い合わせ先:
日本エフイー・アイ株式会社
〒140-0002 東京都品川区東品川4-12-2
品川シーサイドウエストタワー1F
Tel 03-3740-0970 Fax 03-3740-0975

Leica
MICROSYSTEMS

ThermoFisher
SCIENTIFIC