

日本プロテオーム学会 2023 年大会

JPrOS2023 (21st JHUPO)

～ プロテオミクスの現在と未来 ～

2023年 7月 24日(月) ～ 26日(水)

大会長：松本 雅記 (新潟大学)

会場：朱鷺メッセ新潟コンベンションセンター

〒950-0078 新潟市中央区万代島 6 番 1 号

■ 特別講演 ■

アントニー・パーセル 教授

Prof. Dr. Anthony Purcell

Monash Univ.

寺崎 哲也 教授

Prof. Tetsuya Terasaki

University of Eastern Finland / 東北大学

中山 敬一 教授

Prof. Keiichi I Nakayama

東京医科歯科大学 / 九州大学

タンパク質・プロテオミクス研究用試薬



タンパク質質量分析にソリューションを提供する

プロメガの トリプシン



アプリケーションに応じた高品質のトリプシン各種

	new Trypsin Platinum	Trypsin Gold	Sequencing Grade Trypsin	Trypsin/Lys-C	Rapid Trypsin	Rapid Trypsin/Lys-C	AccuMap™
切断特異性	◎	○	○	○	○	○	○
消化効率	○	○	○	◎	○	◎	○
自己消化耐性	◎	◎	○	○	○	○	○
純度	◎	◎	○	○	○	○	○
消化スピード					◎	◎	
人為的翻訳後修飾の抑制							◎
阻害剤耐性				◎		◎	
カスタマイズ		◎	◎	◎			
アプリケーション	バイオ治療用タンパク質のペプチドマッピング。抗体の特性解析	プロテオミクス	プロテオミクス (ゲル内消化 & 溶液中消化)	プロテオミクス および定量解析。消化困難なタンパク質	プロテオミクス および定量解析。	プロテオミクス および定量解析。	バイオ治療用タンパク質のペプチドマッピング。抗体の特性解析
特長	動物由来混入物なし	高純度および高活性	凍結乾燥品または凍結溶液として供給	強化された切断効率。阻害剤耐性	迅速に結果取得。多検体処理・自動化に最適	迅速に結果取得。多検体処理・自動化に最適	人為的翻訳後修飾の抑制

タンパク質質量分析用プロテアーゼ



本社 〒103-0001
東京都中央区日本橋小伝馬町1-5
Tel. 03-3669-7981

テクニカルサービス
Tel. 03-3669-7980
e-mail: prometec@jp.promega.com

プロメガ株式会社
URL: www.promega.co.jp

日本プロテオーム学会 2023 年大会

JPrOS2023 (21st JHUPPO)

プログラム集

会 期 2023 年 7 月 24 日 (月) ~26 日 (水)
会 場 朱鷺メッセ新潟コンベンションセンター
大会長 松本 雅記 (新潟大学)
主 催 日本プロテオーム学会 (JPrOS)

日本プロテオーム学会 2023 年大会 JPrOS2023 (21st JHUPO)

大会長挨拶

～プロテオミクスの現在と未来～



日本プロテオーム学会 2023 年大会 大会長
松本 雅記 (新潟大学)

日本プロテオーム学会 (JPrOS) 2023 年大会 (JHUPO 第 21 回大会) を 2023 年 7 月 24 日から 26 日の日程で開催いたします。今回は、約 10 年ぶり 2 度目となる新潟の地 (朱鷺メッセ) にて対面にて開催することを目指しております。

近年、プロテオームに関わる技術の発展はめざましく、基礎生物学はもとより、医学や農学、さらには食品科学に至るまで、欠かすことのできない重要な研究手法となってきました。また、プロテオミクスにおける人工知能技術の応用、構造生物学との融合、さらにはシングルセルプロテオミクスの実現など、着実に次のフェーズに向かいつつあります。

2023 年度大会では、このように発展著しいプロテオーム研究成果を持ち寄り、発表・議論の場を設けることで、今後の日本のプロテオーム研究をさらに活性化するための起爆剤としたいと思います。是非、ご参加いただきますよう、心よりお待ちしております。

日本プロテオーム学会 2023 年大会 JPrOS2023 (21st JHUPO)

大会組織委員会

大会長 : 松本 雅記 (新潟大学)
副大会長 : 大槻 純男 (熊本大学)
紀藤 圭治 (明治大学)

実行委員会 (50 音順)

足立 淳 (医薬基盤栄養・健康研究所)
荒川 憲昭 (国立医薬品食品衛生研究所)
奥田 修二郎 (新潟大学)
押川 清孝 (新潟大学)
川島 祐介 (かずさ DNA 研究所)
木村 弥生 (横浜市立大学)
小林 大樹 (新潟大学)
近藤 格 (国立がん研究センター研究所)
武森 信暁 (愛媛大学)
幡野 敦 (新潟大学)
本多 敦子 (新潟大学)
増田 豪 (熊本大学)

プログラム委員会

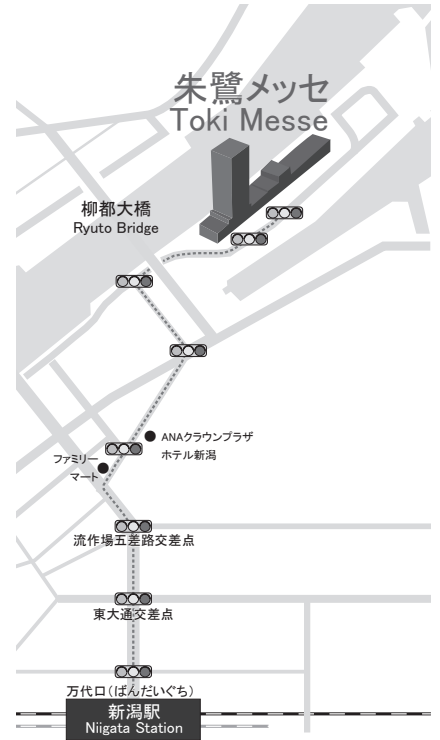
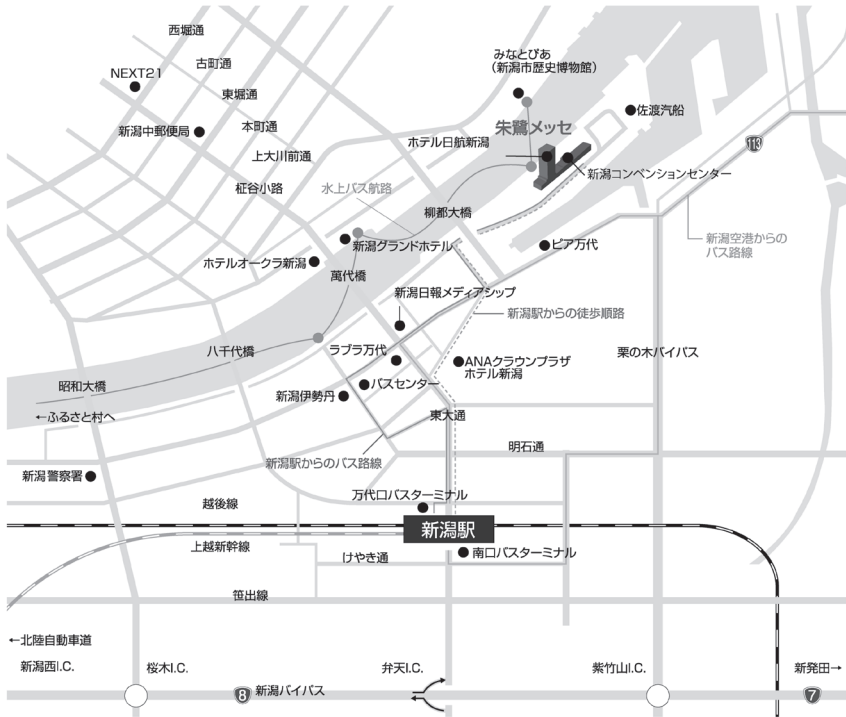
委員長 : 大槻 純男 (熊本大学)
委員 :

足達 俊吾 (産業技術総合研究所)
石濱 泰 (京都大学)
今見 考志 (理化学研究所)
岩崎 未央 (京都大学)
奥田 修二郎 (新潟大学)
川島 祐介 (かずさ DNA 研究所)
幡野 敦 (新潟大学)
増田 豪 (熊本大学)

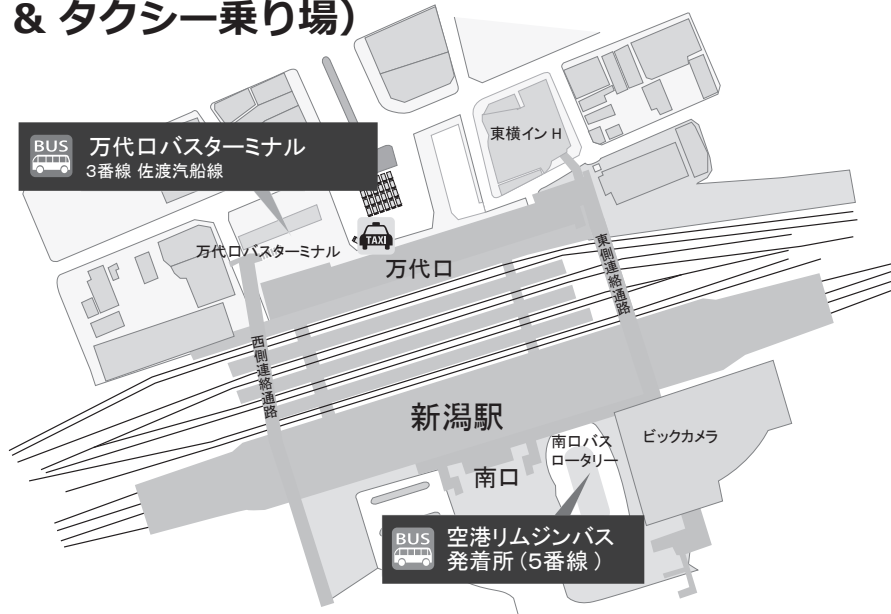
日本プロテオーム学会 2023 年大会
JPrOS2023 (21st JHUPO)

アクセス

JR新潟駅周辺地図



JR新潟駅(バス & タクシー乗り場)



万代口バスターミナル3番線乗り場より新潟交通 佐渡汽船線に乗り 朱鷺メッセバス下車

最寄り駅(JR新潟駅)からのアクセス

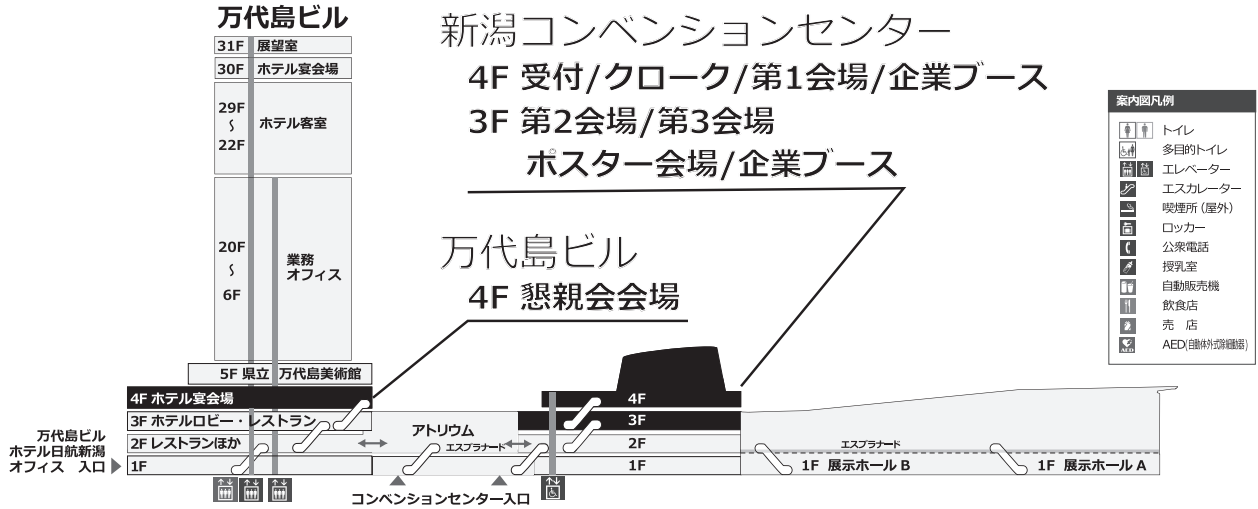
- ・路線バス：新潟駅万代口バスターミナル3番線佐渡汽船線→朱鷺メッセ停下車 約15分
- ・タクシー：約5分
- ・徒歩：約20分

新潟空港からのアクセス

- ・リムジンバス(ノンストップ)：
新潟空港→新潟駅南口 約25分→新潟駅万代口からバス、タクシー、徒歩にて朱鷺メッセへ
- ・タクシー：約20分

会場案内図

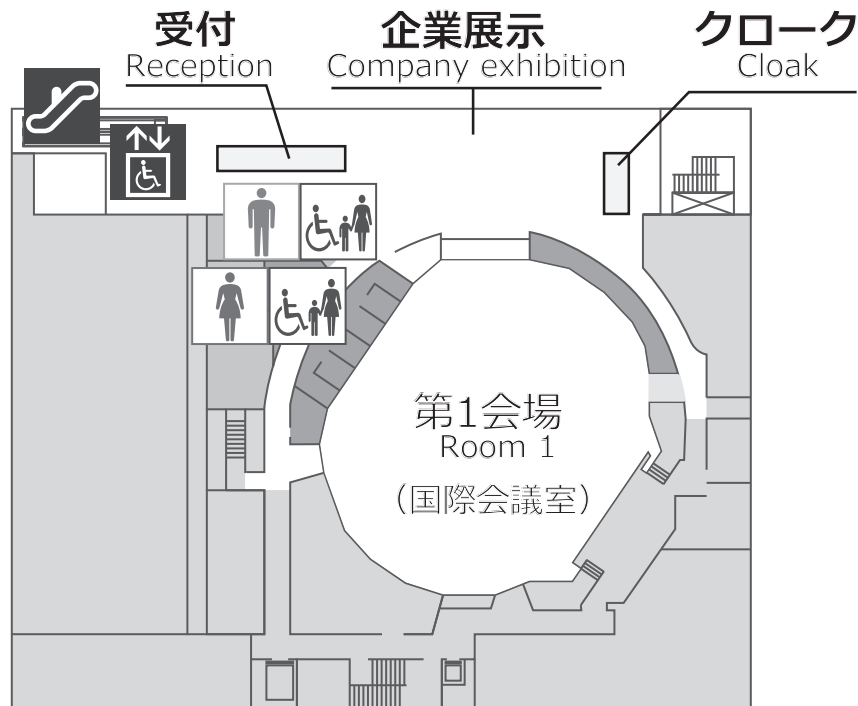
朱鷺メッセ



3F

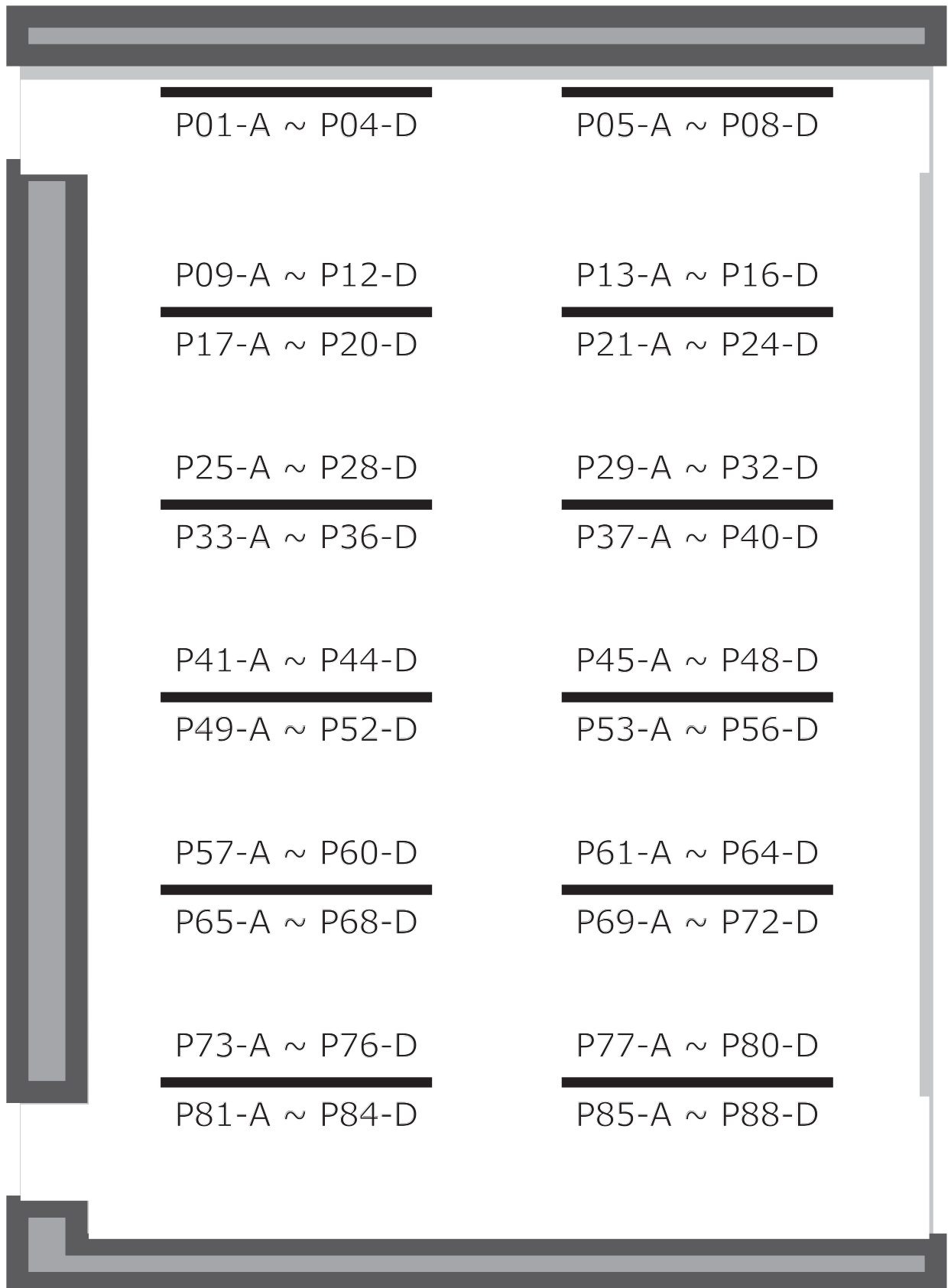


4F



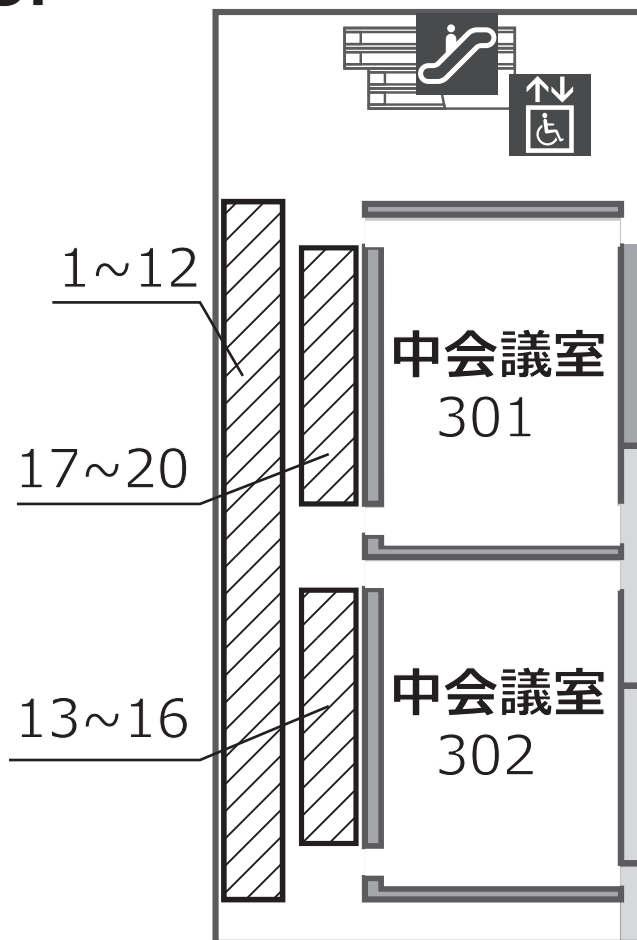
ポスター掲示案内図

3F ポスター会場（中会議室 301） Poster exhibition



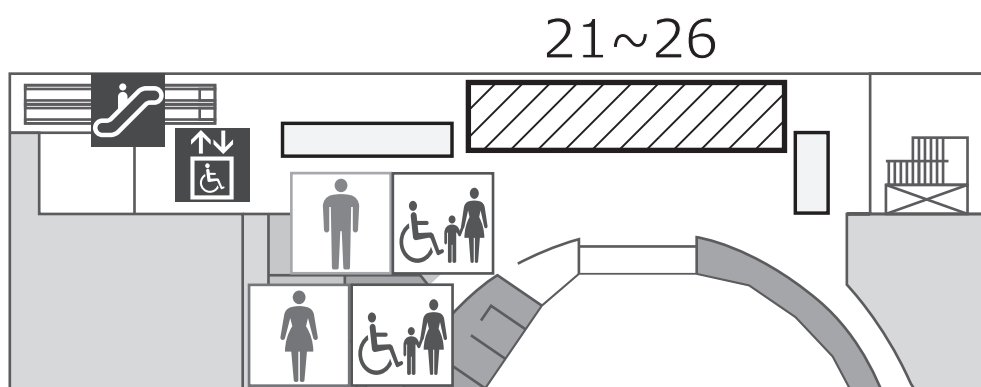
企業展示ブース案内図

3F



	企業名
1	株式会社ナード研究所
2	株式会社島津製作所
3	株式会社KMデータ
4	株式会社メディカルプロテオスコープ
5	大陽日酸株式会社
6	フナコシ株式会社
7	ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ株式会社
8	日京テクノス株式会社
9	一般財団法人化学物質評価研究機構
10	SomaLogic / フォーネスライフ株式会社
11	アジレント・テクノロジー株式会社
12	CEM Japan 株式会社
13	フィルジエン株式会社
14	キコーテック株式会社
15	日本カンタム・デザイン株式会社
16	旭ワークス株式会社
17	アプロサイエンス (株式会社 ファーマフーズ)
18	大塚製薬株式会社
19	インフォコム株式会社
20	マトリックスサイエンス株式会社

4F



	企業名
21	ブルカージャパン株式会社
22	エーエムアール株式会社
23	サーモフィッシャーサイエンティフィック株式会社
24	プロテインメトリックス
25	株式会社エービー・サイエックス
26	jPOST/JPDM

口頭発表について

演者の方へ

講演時間

- 特別講演: 50分 (質疑応答を含む)
- 受賞講演: 10-20分
- シンポジウム: 24-30分 (質疑応答を含む)
- 一般口頭発表: 15分 (質疑応答を含む)
- 一般口頭発表 (若手) : 12分 (質疑応答を含む)

※注意事項

ご発表には演者ご自身のPCを使用します。ご発表のセッションの開始15分前に、会場内のオペレーター席にお持ちください。万一のため、データをUSBメモリでもご持参ください。講演時間終了間近および終了時にベルが鳴ります。講演時間をお守りください。

*ご持参いただくノートPC については、以下の項目をご確認ください。

- スクリーンセーバー、省電力設定、パスワード等は必ず解除してください。
- 電源アダプターを必ずお持ちください (予備の電源アダプターの用意はございません)。
- **(注意!!)** 会場の液晶プロジェクターとの接続は、**HDMIでの接続**となります。一部の機種では、変換アダプターが必要となる場合がありますので、忘れずにご持参ください。D-sub15ピン(ミニ)での接続も可能です (**非推奨**)。
- 画面の解像度は1920 X 1080ピクセル (HD) まで対応可能となります。このサイズより大きい場合は、スライドが切れますので、ご注意ください。

HDMI (推奨)



D-sub15ピン (ミニ) (非推奨)



言語

講演スライドの表記は可能な限り英語でお願いいたします。発表言語は、日本語もしくは英語でお願いいたします。

利益相反に関して

利益相反に関する掲示を明記してください。(申告すべきCOIがない場合も、その旨を記載願います)

座長の方へ

ご担当のシンポジウムが始まる15分前には、会場にお越しください。タイムキーパーは事務局側で用意します。スケジュールに余裕がありませんので、定時進行にご協力ください。写真撮影行為は、適切に制止してください。また、時間となりましたら座長の先生よりシンポジウムの開始をご案内いただき、進行くださいますようお願いいたします。

ポスター発表について

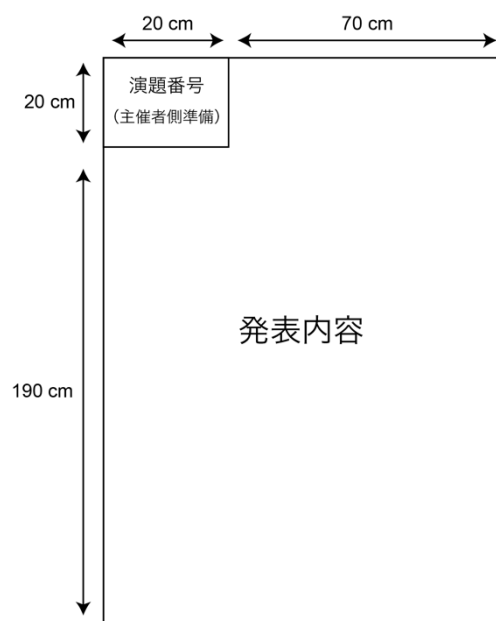
ポスター会場は**中会議室301**です。
ポスターボードの大きさは幅**90cm**、高さ**210cm**です。
画鋏での貼り付けになります。

ポスター掲示日時

7月24日（月）13：00～7月26日（水）16：00
（7月24日11時から貼ることができます）

ポスターセッション（コアタイム）

- ◆ ポスター説明時間を4つに分けます。
- ◆ 座長は設けませんので、代表発表者は、以下の時間にポスターの前に待機して自由討論してください。
- ◆ 開始5分前までにご自身のポスター前に待機してください。
- ◆ ポスター番号は通し番号の後ろにグループを示すA～Dのローマ字がついています。
例）P01-A, P02-B, P03-C, P04-D, P05-A, P06-B, P07-C
- ◆ 発表時間は以下の通りです
セッション A 7月25日（火）13:10～14:00
セッション B 7月25日（火）14:00～14:50
セッション C 7月26日（水）13:10～14:00
セッション D 7月26日（水）14:00～14:50



利益相反関して

発表される先生は、ポスターの最後に利益相反に関する掲示を必ず入れてください。
（右図：申告すべきCOI状態が無い場合の例）

日本プロテオーム学会 2023 年大会 COI 開示
筆頭発表者名：〇〇 〇〇

演題発表に関連し、開示すべき COI 関係にある
企業などはありません。

ポスター撤去日時

3日目 7月26日（水）16：00～17:00

撤去されないポスターは、事務局で処分いたしますので、予めご了承ください。

発表賞について

各発表賞の授賞式は7/26日(水)の17:10から開催される閉会式で執り行います。各賞に応募された方は参加をお願いいたします。

若手口頭発表賞

若手口頭発表賞は、第3会場（3F小会議室303-304）で行われる下記セッションより選出します。

- 7/25(火) 8:45-10:45 一般口頭発表（若手 1）
- 7/25(火) 15:00-17:00 一般口頭発表（若手 2）
- 7/26(水) 8:45-10:45 一般口頭発表（若手 3）

選出方法は、下記の通りです。

- 投票用GoogleFormより**7/26(水)正午**まで一般投票を受け付け
(GoogleFormへのリンク情報は当日会場にQRコードを掲示します)
- 一般投票のルール
 - ✓ 優秀と思う発表を最大3つまで選択
 - ✓ 参加登録ID（参加証右下に記載）を入力（必須）
 - ✓ 1回のみ投票有効（複数回入力した場合、無効）
- 一般投票結果をもとに座長で協議の上決定

ポスター賞

ポスター賞は、ポスター会場（3F中会議室301）にてポスター賞にエントリーしている演題（演題番号に印があります）から選出します。

- 7/25(火) 13:10-14:00 ポスターセッション A
- 7/25(火) 14:00-14:50 ポスターセッション B
- 7/26(水) 13:10-14:00 ポスターセッション C
- 7/26(水) 14:00-14:50 ポスターセッション D

選出方法は、下記の通りです。

- 投票用GoogleFormより**7/26(水)15:00**まで一般投票を受け付け
(GoogleFormへのリンク情報は当日会場にQRコードを掲示します)
- 一般投票のルール
 - ✓ 優秀と思うポスターを最大3つまで選択
 - ✓ 参加登録ID（参加証右下に記載）を入力（必須）
 - ✓ 1回のみ投票有効（複数回入力した場合、無効）
- 一般投票結果から決定

Presentation Guidelines

Oral Presentations

Plenary lecture: 50 min (incl. discussion)

Award lecture: 10–20 min

Symposium: 24–30 min (incl. discussion)

Oral session: 15 min (incl. discussion)

Oral session (Young): 12 min (incl. discussion)

The organizing committee recommends the speakers to use their own laptop computers with an HDMI connector for data projection, to avoid trouble due to incompatibility. Please bring the AC power adaptor for your computer. HDMI cable is prepared for use. Make sure to test your data projection at the PC desk before your session.

HDMI (recommend)



Dsub15pins (Not-recommend)



Disclosure of Conflicts of Interest

The committee require the speakers to disclose any conflicts of interest (COI) in relation to the work presented in the conference.

Guidelines for Poster Presenters

All posters are displayed and presented in the poster exhibition room (Conference room 301) during this conference. The poster numbers supplied by the organizing committee will be placed in the upper left-hand corner of each poster board. It is important that you do not move locations.

Set-up Day Time/Tear-down Day Time

Each author is responsible for mounting your material using pushpins prior to the opening of the first hour of the poster session (1:10 PM on Tuesday, July 25). You must remove your poster no later than 4:00 PM on Wednesday, July 26. Posters left in the exhibition rooms after that time may be discarded. All posters will be set-up from 11:00 AM on Monday, July 24. Poster Presentation Information and Dates Author must stand at your poster during your assigned 50-minute presentation time. The presentation time is assigned as below. You are free to visit other posters during your free hour.

Poster No. Presentation Time

P01-A, P05-A, P09-A, ... Tue. July. 25 1:10 PM–2:00 PM

P02-B, P06-B, P10-B, ... Tue. July. 25 2:00 PM–2:50 PM

P03-C, P07-C, P11-C, ... Wed. July. 26 1:10 PM–2:00 PM

P04-D, P08-D, P12-D, ... Wed. July. 26 2:00 PM–2:50 PM

Format

Each poster board measures 90 cm wide ~ 210 cm high.

All posters should feature a title, authors, and affiliations as appropriate.

Disclosure of Conflicts of Interest

The committee require the speakers to disclose any conflicts of interest (COI) in relation to the work presented in the conference.

Presentation Awards

The award ceremony for each presentation award will be held at the closing ceremony on July 26th at 17:10. All applicants for each award are requested to attend the ceremony.

Oral Presentation Award for Young Researchers

The oral presentation award for young researchers will be selected from the following sessions held in Room 3 (3F, Conference Room 303-304).

- 7/25(Tue.) 8:45-10:45 Oral session (young 1)
- 7/25(Tue.) 15:00-17:00 Oral session (young 2)
- 7/26(Wed.) 8:45-10:45 Oral session (young 3)

The selection process is as follows:

- Accepting public votes from GoogleForm for voting until **noon on 7/26(Wed.)**
(QR code for GoogleForm URL will be posted at the venue)
- Rules for public voting
 - ✓ Select up to 3 presentations that you think are outstanding
 - ✓ Enter your registration ID (found on the bottom right corner of your registration card) (required)
 - ✓ Voting is valid only once (invalid if entered more than once)
- Decided by the chairpersons based on the results of the public vote

Poster Awards

Poster Awards will be selected from the abstracts entered for the Poster Awards in the poster room (3F, Conference Room 301).

- 7/25(Tue.) 13:10-14:00 Poster session A
- 7/25(Tue.) 14:00-14:50 Poster session B
- 7/26(Wed.) 13:10-14:00 Poster session C
- 7/26(Wed.) 14:00-14:50 Poster session D

The selection process is as follows:

- Accepting public votes from GoogleForm for voting until **15:00 on 7/26(Wed.)**
(QR code for GoogleForm URL will be posted at the venue)
- Rules for public voting
 - ✓ Select up to 3 presentations that you think are outstanding
 - ✓ Enter your registration ID (found on the bottom right corner of your registration card) (required)
 - ✓ Voting is valid only once (invalid if entered more than once)
- Decided based on results of public voting

日本プロテオーム学会 2023 年大会 JPrOS2023 (21st JHUPO)

日程表

7月24日(月)～7月26日(水)

7/24
(月)

9

10

11

12

13

11:00-

13:40-13:55

<開場・受付開始>

※2日目、3日目は7:30より開場いたします

開会式

第1会場
(4F 国際会議室)

第2会場
(3F 中会議室 302)

ポスター会場
(3F 中会議室 301)
企業展示会場
(3F/4F ホワイエ)

13:00-18:00

企業展示
ポスター掲示

7/25
(火)

9

10

11

12

13

8:45-10:45

11:00-11:50

12:15-13:00

[2S3] プロテオーム研究の
ダイバーシティと臨床応用への可能性
座長：城野 博史, 内田 康雄

[2PL2] 特別講演
寺崎 哲也 教授
座長：大槻 純男

[L2] ランチョン
Bruker

第1会場
(4F 国際会議室)

[2S4] トランスオミクスで
明らかにする細胞応答
座長：岩崎 未央, 小林 大樹

[L3] ランチョン
AMR

第2会場
(3F 中会議室 302)

[2O1] 一般口頭発表 (若手1)
座長：堂前 直, 田中 恒平

第3会場
(3F 小会議室 303-304)

9:00-18:40

13:10-14:00

企業展示・ポスター掲示

ポスター
セッションA

ポスター会場
(3F 中会議室 301)
企業展示会場
(3F/4F ホワイエ)

懇親会場
(ホテル日航新潟 4F)

7/26
(水)

9

10

11

12

13

8:45-10:45

11:00-11:50

12:15-13:00

[3S7] 新技術とプロテオミクス
のインターフェース
座長：今見 考志, 吉川 治孝

[3PL3] 特別講演
中山 敬一 教授
座長：松本 雅記

[L4] ランチョン
Thermo Fisher
Scientific

第1会場
(4F 国際会議室)

[3O3] 一般口頭発表
座長：荒木 令江, 若林 真樹

第2会場
(3F 中会議室 302)

[L5] ランチョン
Protein Metrics

[3O4] 一般口頭発表 (若手3)
座長：荒川 憲昭, 増田 豪

第3会場
(3F 小会議室 303-304)

理事会

9:00-16:00

13:10-14:00

企業展示・ポスター掲示

ポスター
セッションC

ポスター会場
(3F 中会議室 301)
企業展示会場
(3F/4F ホワイエ)

14 15 16 17 18

14:00-16:00

[1S1]
オミクス研究を支える
新たな前処理・解析技術
座長：川島 祐介, 足立 淳

16:15-17:00

[L1]
スイーツ
SCIEEX

17:10-18:00

[1PL1]
特別講演
アントニー・パール教授
座長：小寺 義男

[1S2]
トップダウンプロテオーム
解析への挑戦
座長：武森 信暁, 杉山 直幸

企業展示・ポスター掲示

14 15 16 17 18 19 20 21

15:00-17:00

[2S5]
International Proteomics Session
座長：近藤 格

17:15-18:40

[2AW1]
受賞講演・授賞式

[2S6]
外からみたプロテオーム研究
の有用性と将来性
座長：大槻 純男, 山城 義人

[2O2]
一般口頭発表 (若手 2)
座長：川村 猛, 川上 隆雄

14:00-14:50

ポスター
セッション B 企業展示・ポスター掲示

19:00-21:00

懇親会

14 15 16 17 18

15:00-17:00

[3S8]
次世代型質量分析データ解析への挑戦
座長：奥田 修二郎, 三浦 信明

17:10-18:00

総会・発表賞
閉会式

[3S9]
プロテオミクスが牽引する基礎生物学
座長：足達 俊吾, 幡野 敦

14:00-14:50

ポスター
セッション D 企業展示・ポスター掲示

7/24
Mon.

9

10

11

12

13

Room 1
(4F International
Conference Hall)

11:00-

13:40-13:55

<Doors open, registration begins>

※Doors will open at 7:30 on the 2nd and 3rd days

Opening
Ceremony

Room 2
(3F Conference room
302)

Poster room
(3F Conference room 301)
Corporate Exhibition Hall
(3F/4F Foyer)

13:00-18:00

Poster / Corporate
Exhibition

7/25
Tue.

9

10

11

12

13

Room 1
(4F International
Conference Hall)

8:45-10:45

[2S3]
Diversity and clinical application
of proteome research
Chair: Hirofumi Jono, Yasuo Uchida

11:00-11:50

[2PL2]
Plenary Lecture
Prof.
Tetsuya Terasaki
Chair: Sumio Ohtsuki

12:15-13:00

[L2]
Lunchon
Bruker

Room 2
(3F Conference room
302)

[2S4]
Cellular responses revealed
by trans-omics
Chair: Mio Iwasaki, Daiki Kobayashi

[L3]
Lunchon
AMR

Room 3
(3F Conference room
303-304)

[2O1]
Oral Session (young 1)
Chair: Naoshi Dohmae, Kohei Tanaka

Poster room
(3F Conference room 301)
Corporate Exhibition Hall
(3F/4F Foyer)

9:00-18:40

Poster / Corporate Exhibition

13:10-14:00

Poster
Session A

Reception venue
(Hotel Nikko Niigata 4F)

7/26
Wed.

9

10

11

12

13

Room 1
(4F International
Conference Hall)

8:45-10:45

[3S7]
The interface between
new technologies and proteomics
Chair: Koshi Imami, Harunori Yoshikawa

11:00-11:50

[3PL3]
Plenary Lecture
Prof. Keiichi I
Nakayama
Chair: Masaki Matsumoto

12:15-13:00

[L4]
Lunchon
Thermo Fisher
Scientific

Room 2
(3F Conference room
302)

[3O3]
Oral Session
Chair: Norie Araki, Masaki Wakabayashi

[L5]
Lunchon
Protein Metrics

Room 3
(3F Conference room
303-304)

[3O4]
Oral Session (young 3)
Chair: Noriaki Arakawa, Takeshi Masuda

Board Meeting

Poster room
(3F Conference room 301)
Corporate Exhibition Hall
(3F/4F Foyer)

9:00-16:00

Poster / Corporate Exhibition

13:10-14:00

Poster
Session C

14 15 16 17 18

14:00-16:00

[1S1]
New sample preparation and analytical technologies for proteomics
Chair: Yusuke Kawashima, Jun Adachi

16:15-17:00

[L1]
Sweets
SCIEX

17:10-18:00

[1PL1]
Plenary Lecture
Prof. Dr. Anthony Purcell
Chair: Yoshio Kodera

[1S2]
In Pursuit of Top-Down Proteoform Analysis
Chair: Nobuaki Takemori, Naoyuki Sugiyama

Poster / Corporate Exhibition

14 15 16 17 18 19 20 21

15:00-17:00

[2S5]
International Proteomics Session
Chair: Tadashi Kondo

17:15-18:40

[2AW1]
Award Ceremony
Award Lecture

[2S6]
The usefulness and future of proteome research from the outside
Chair: Sumio Ohtsuki, Yoshito Yamashiro

[2O2]
Oral Session (young 2)
Chair: Takeshi Kawamura, Takao Kawakami

14:00-14:50

Poster Session B
Poster / Corporate Exhibition

19:00-21:00

Reception

14 15 16 17 18

15:00-17:00

[3S8]
Challenges in next-generation mass spectrometry data analysis
Chair: Shujiro Okuda, Nobuaki Miura

17:10-18:00

General Meeting
Presentation Awards
Closing Ceremony

[3S9]
Basic biology driven by proteomics
Chair: Shugo Adachi, Atsushi Hatano

14:00-14:50

Poster Session D
Poster / Corporate Exhibition

日本プロテオーム学会 2023 年大会 JPrOS2023 (21st JHUP0)

プログラム
(タイトル一覧)

特別講演

7月24日(月曜日) Jul 24 (Mon)

17:10 ~ 18:00 第1会場

特別講演 1 / Plenary Lecture 1

Anthony Purcell

座長 小寺 義男 (北里大学)

1PL1 Exploiting Zeno trap pulsing and EAD fragmentation technology for

17:10 ~ 18:00 immunopeptidomics

○ Anthony Purcell¹⁾

1) Department of Biochemistry and Immunity Program, Monash Biomedicine Discovery Institute, Monash University, Clayton, Victoria, AUSTRALIA

7月25日(火曜日) Jul 25 (Tue)

11:00 ~ 11:50 第1会場

特別講演 2 / Plenary Lecture 2

寺崎 哲也

座長 大槻 純男 (熊本大学)

2PL2 輸送担体のタンパク質定量に基づく薬物動態学の新天地

11:00 ~ 11:50 New Horizon of Pharmacokinetics based on Transporter Protein Quantification

○ 寺崎 哲也^{1,2)}

1) 東フィンランド大学、2) 東北大学

特別講演

7月26日(水曜日) Jul 26 (Wed)

11:00 ~ 11:50 第1会場

特別講演 3 / Plenary Lecture 3

中山 敬一

座長 松本 雅記 (新潟大学)

3PL3 次世代プロテオミクス×AI がもたらすがん治療革命

11:00 ~ 11:50 Next Generation Proteomics x Artificial Intelligence Brings Revolution
in Cancer Therapy

○ 中山 敬一^{1,2)}

1) 東京医科歯科大学・高等研究院、2) 九州大学・生体防御医学研究所

学会賞 受賞講演

7月25日(火曜日) Jul 25 (Tue)

17:15 ~ 18:40 第1会場

受賞講演 /Award Lecture

大槻 純男

座長 石濱 泰 (京都大学)

2AW1-1 定量プロテオミクスの開発と医学薬学研究への応用

17:30 ~ 17:50 Development of quantitative proteomics and its application to medical and pharmaceutical research

○ 大槻 純男¹⁾

1) 熊本大学大学院生命科学研究部 (薬)

小迫 英尊

座長 小寺 義男 (北里大学)

2AW1-2 先端プロテオミクスの開発・導入による細胞内シグナル伝達制御機構の解明

17:50 ~ 18:10 Elucidation of regulatory mechanisms of cell signaling by advanced proteomics

○ 小迫 英尊¹⁾

1) 徳島大学 先端酵素学研究所 藤井節郎記念医科学センター 細胞情報学分野

奨励賞 受賞講演

7月25日(火曜日) Jul 25 (Tue)

17:15 ~ 18:40 第1会場

受賞講演 /Award Lecture

松井 崇

座長 小寺 義男 (北里大学)

2AW1-3 構造生物学とプロテオミクスの融合による立体構造情報の取得を目指して

18:10 ~ 18:20 Integrating Structural Biology and Proteomics for Enhanced Structural Insights

○ 松井 崇^{1,2)}

1) 北里大学理学部、2) 北里大学理学部附属疾患プロテオミクスセンター

渡辺 栄一郎

座長 川島 祐介 (かずさDNA研究所)

2AW1-4 糞便中ホストタンパク質解析とその応用

18:20 ~ 18:30 Proteomic analysis for host-derived proteins in feces

○ 渡辺 栄一郎¹⁾

1) 群馬県立小児医療センター外科

シンポジウム

7月24日(月曜日) Jul 24 (Mon)

14:00 ~ 16:00 第1会場

シンポジウム 1 / Symposium 1

オミクス研究を支える新たな前処理・解析技術

座長 川島 祐介 (かずさ DNA 研究所)

足立 淳 (医薬基盤・健康・栄養研究所)

1S1-1 細胞老化の機能プロテオミクス

14:00 ~ 14:24 Functional proteomics of cellular senescence

○ 押川 清孝¹⁾、幡野 敦¹⁾、高見 知代¹⁾、松本 雅記¹⁾

1) 新潟大学医歯学系 (医) システム生化学分野

1S1-2 細胞外小胞の多検体精製、プロテオミクス前処理の自動化システムの開発

14:24 ~ 14:48 Automated proteomics sample preparation of extracellular vesicles from human body fluids

○ 村岡 賢¹⁾、足立 淳¹⁾

1) 国立研究開発法人医薬基盤・健康・栄養研究所、創薬デザインセンター、創薬標的プロテオミクスプロジェクト

1S1-3 ケミカルプロテオミクスによる脂質修飾の包括的解析

14:48 ~ 15:12 Comprehensive analysis of lipid modifications of proteins using chemical proteomics approaches

○ 磯部 洋輔^{1,2,3)}、津曲 和哉¹⁾、今見 考志¹⁾、有田 誠^{1,2,3)}

1) 理化学研究所、2) 慶應義塾大学、3) 横浜市立大学

1S1-4 ハイスループット GeLC-MS/MS によるタンパク質複合体解析システムの

15:12 ~ 15:36 開発

Development of high-throughput GeLC-MS/MS analysis system for protein complexes

○ 紺野 亮¹⁾、石川 将己¹⁾、中島 大輔¹⁾、小原 収¹⁾、川島 祐介¹⁾

1) かずさ DNA 研究所

1S1-5 腸内微生物叢のトランスオミクス解析

15:36 ~ 16:00 Transomics analysis for human gut microbiome

○ 柿原 知^{1,2)}、紺野 亮³⁾、木口 悠也⁴⁾、増岡 弘晃¹⁾、石川 将己³⁾、
黒川 李奈¹⁾、緒方 勇亮¹⁾、渡辺 栄一郎⁵⁾、藤代 準²⁾、川島 祐介³⁾、
須田 亘¹⁾

1) 理化学研究所 マイクロバイオーム研究チーム、2) 東京大学大学院
小児外科学講座、3) かずさDNA研究所 臨床オミクス解析グループ、
4) 東京大学大学院 メディカル情報生命専攻、5) 群馬県立小児医療セン
ター 小児外科

シンポジウム

7月24日(月曜日) Jul 24 (Mon)

14:00 ~ 16:00 第2会場

シンポジウム 2 / Symposium 2

トップダウンプロテオフォーム解析への挑戦

座長 武森 信暁 (愛媛大学)
杉山 直幸 (京都大学)

1S2-1 ポリアクリルアミドゲルにヒトプロテオフォームをマッピングする

14:00 ~ 14:30 Mapping of Human Proteoforms in a Polyacrylamide Gel

○ 武森 信暁¹⁾

1) 愛媛大学

1S2-2 ボトムアップ法によるリン酸化プロテオフォーム解析と課題

14:30 ~ 15:00 Phosphoproteoform analysis using bottom-up approach and its challenges

○ 杉山 直幸¹⁾

1) 京都大学大学院薬学研究科

1S2-3 ケミカルバイオロジー分野におけるプロテオフォーム解析の重要性

15:00 ~ 15:30 Importance of proteoform analysis in the field of chemical biology

○ 田村 朋則¹⁾

1) 京都大学大学院工学研究科合成・生物化学専攻

1S2-4 全自動2次元電気泳動装置(Auto-2D)の開発と腫瘍標的分子のプロテオ

15:30 ~ 16:00 フォームの解析

Development of a fully automated two-dimensional electrophoresis system (Auto-2D) and analysis of proteoforms of tumor target molecules

○ 荒木 令江¹⁾

1) 熊本大学大学院生命科学研究部腫瘍医学講座

シンポジウム

7月25日(火曜日) Jul 25 (Tue)

8:45 ~ 10:45 第1会場

シンポジウム3 / Symposium 3

プロテオーム研究のダイバーシティと臨床応用への可能性 (日本臨床化学会共催)

座長 城野 博史 (熊本大病院薬)

内田 康雄 (広島大学)

2S3-1 疾患バイオマーカー探索を指向した内因性代謝物のLC/MS/MS分析研究

8:45 ~ 9:09 Liquid chromatography/tandem mass spectrometry of various metabolites for disease biomarkers searching

○ 前川 正充¹⁾、眞野 成康¹⁾

1) 東北大学病院薬剤部

2S3-2 ヒト臨床検体を用いた中枢関門定量プロテオミクス

9:09 ~ 9:33 Central nervous system barrier quantitative proteomics using human clinical specimens

○ 内田 康雄¹⁾

1) 広島大学大学院医系科学研究科

2S3-3 アミロイドーシス診断において質量分析技術がもたらす好循環

9:33 ~ 9:57 A virtuous circle in the diagnosis of amyloidosis by mass spectrometry

○ 田崎 雅義^{1,2)}、植田 光晴²⁾

1) 熊本大学大学院生命科学研究部生体情報解析学講座、2) 熊本大学大学院生命科学研究部脳神経内科学講座

2S3-4 質量分析計による大規模バイオバンクを活用した疾患バイオマーカー探索

9:57 ~ 10:21 Exploration of biomarker for disease in large-scale biobanks using mass spectrometry

○ 菱沼 英史^{1,2)}

1) 東北大学未来型医療創成センター、2) 東北大学東北メディカル・メガバンク機構

2S3-5 臓器横断的プロテオーム解析による低体温が生体に及ぼす影響の解析～薬

10:21 ~ 10:45 物体内動態への影響から休眠維持機構まで～

Analysis of the effects of hypothermia on the biological system

○ 宮元 敬天¹⁾、大山 要^{2,3)}、西田 孝洋¹⁾

1) 長崎大学 生命医科学域（薬学系）薬剤学分野、2) 長崎大学病院 薬剤部、3) 長崎大学 生命医科学域（薬学系）分子病態化学分野

シンポジウム

7月25日(火曜日) Jul 25 (Tue)

8:45 ~ 10:45 第2会場

シンポジウム4 / Symposium 4

トランスオミクスで明らかにする細胞応答

座長 岩崎 未央 (京都大学 iPS 細胞研究所)
小林 大樹 (新潟大学)

2S4-1 網羅的情報の潜在表現による化合物に対する生体応答の記述

8:45 ~ 9:09 Representation of biological responses to compounds by latent representation of exhaustive information

○ 水野 忠快¹⁾

1) 東京大学大学院薬学系研究科

2S4-2 薬理作用のトランスオミクス解析

9:09 ~ 9:33 Trans-omics of pharmacological action mechanism

○ 柚木 克之¹⁾

1) 理化学研究所・生命医科学研究センター・統合細胞システム研究チーム

2S4-3 データベースからアプローチするトランスオミクス

9:33 ~ 9:57 Trans-omics to approach from databases

○ 奥田 修二郎¹⁾

1) 新潟大学医学部メディカル AI センター

2S4-4 がん培養細胞代謝応答の代謝フラックス解析

9:57 ~ 10:21 Metabolic flux analysis of the central carbon metabolism in cultured cancer cells

○ 松田 史生¹⁾

1) 大阪大学

2S4-5 mTORC1 は P-body に局在する mRNA の翻訳を制御する

10:21 ~ 10:45 Regulation of mRNA Translation in P-Bodies by mTORC1

○ 中津海 洋一¹⁾、溝尾 太佑²⁾、松本 有樹修²⁾、幡野 敦³⁾、
尾上 耕一⁴⁾、原 雄一郎⁵⁾、中山 敬一^{2,6)}、松本 雅記³⁾、白根 道子¹⁾

1) 名古屋市立大学、2) 九州大学、3) 新潟大学、4) 名古屋大学、
5) 東京都医学総合研究所、6) 東京医科歯科大学

シンポジウム

7月25日(火曜日) Jul 25 (Tue)

15:00 ~ 17:00 第1会場

シンポジウム 5 / Symposium 5

International Proteome Session

座長 近藤 格 (国立がん研究センター)

2S5-1 Proteogenomic analysis of longitudinal trajectory of glioblastoma

15:00 ~ 15:30 evolution

○ Jong Bae Park ¹⁾

1) Department of Cancer Biomedical Science, Graduate School of Cancer Science and Policy, National Cancer Center, Goyang, Korea

2S5-2 Going deep – complementing mass spectrometry-based methods

15:30 ~ 16:00 with affinity probing to enrich plasma proteome coverage.

○ Stefanie M Hauck ¹⁾

1) Metabolomics and Proteomics Core, Helmholtz Center Munich, Germany

2S5-3 Proteogenomic Approaches: Unveiling Cholangiocarcinoma Subtypes

16:00 ~ 16:30 and Discovering Therapeutic Targets

Soo Young Cho ^{1,2)}、Heeyoun Hwang ^{3,8)}、Yun-Hee Kim ^{1,4,9)}、
Byong Chul Yoo ^{1,4)}、Nayoung Han ⁵⁾、Sun-Young Kong ^{1,4,6)}、
Min-Jeong Baek ¹⁾、Kyung-Hee Kim ⁴⁾、MiRim Lee ⁴⁾、
Jae Gwang Park ¹⁾、Sung-Sik Han ⁷⁾、Woo Jin Lee ^{1,7)}、
Charny Park ¹⁾、Jong Bae Park ⁴⁾、○ Jin Young Kim ^{3,8)}、
Sang-Jae Park ^{1,7)}、Sang Myung Woo ^{1,4,7)}

1) Research Institute, National Cancer Center, Korea.
2) Department of Molecular and Life Science, Hanyang University, Ansan 15588, Republic of Korea. 3) Research Center for Bioconvergence Analysis, Korea Basic Science Institute, 28119, Republic of Korea. 4) Department of Cancer Biomedical Science, National Cancer Center Graduate School of Cancer Science and

Policy, Korea. 5) Department of Pathology, National Cancer Center, Korea. 6) Department of Laboratory Medicine, National Cancer Center, Korea. 7) Center for Liver and Pancreatobiliary Cancer, National Cancer Center, Korea. 8) Critical Diseases Diagnostics Convergence Research Center, Korea. 9) Research Institute of Bioscience and Biotechnology, 34141, Republic of Korea

2S5-4 Innovative proteomics technology with high multiplexing, high throughput, and high sensitivity.
16:30 ~ 17:00

○ Tala Khosroheidari ¹⁾

1) SomaLogic, Inc., Boulder, CO.

シンポジウム

7月25日(火曜日) Jul 25 (Tue)

15:00 ~ 17:00 第2会場

シンポジウム 6 / Symposium 6

外からみたプロテオーム研究の有用性と将来性

座長 大槻 純男 (熊本大学)
山城 義人 (国立循環器病研究センター)

2S6-1 プロテオーム解析で解き明かす、細胞外マトリクスを介した血管リモデリング
15:00 ~ 15:30

Extracellular Matrix-mediated Vessel Remodeling

- 山城 義人¹⁾
- 1) 国立循環器病研究センター

2S6-2 プロテオームデータに基づく Proteomic Correlation Profiling 法の新規代謝酵素同定への利用
15:30 ~ 16:00

Application of proteomic correlation profiling technique based on proteomic data to identify enzymes involved in metabolism of drugs

- 工藤 喬¹⁾、橋場 しおり²⁾、深見 達基²⁾、森永 学¹⁾、西山 浩太郎¹⁾、市田 裕之²⁾、廣澤 啓也²⁾、松井 明子¹⁾、石黒 直樹¹⁾、中島 美紀²⁾
- 1) 日本ベーリンガーインゲルハイム株式会社、2) 金沢大学

2S6-3 マウス生殖細胞における減数分裂開始タンパク質の同定
16:00 ~ 16:30 Identification of meiosis initiation factor in mouse germ cells

- 石黒 啓一郎¹⁾
- 1) Institute of Molecular Embryology and Genetics

2S6-4 プロテオーム解析が切り拓く合成生物学の未来
16:30 ~ 17:00 Proteome Analysis Opens the Way to the Future of Synthetic Biology

- 宮本 崇史¹⁾
- 1) 筑波大学

シンポジウム

7月26日(水曜日) Jul 26 (Wed)

8:45 ~ 10:45 第1会場

シンポジウム7 / Symposium 7

新技術とプロテオミクスのインターフェース

座長 今見 考志 (理化学研究所・生命医科学研究センター)

吉川 治孝 (徳島大学先端酵素学研究所藤井節郎記念医科学センター)

3S7-1 近接依存性標識法を用いた相分離構造体の新規構成因子の探索

8:45 ~ 9:09 Characterization of phase-separated structures by the proximity labeling approach

○ 萬年 太郎¹⁾

1) 立命館大学 生命科学部

3S7-2 Auxin-Inducible Degron (AID)法を用いた細胞内タンパク質分解コントロール

9:09 ~ 9:33 ー

Protein degradation control by Auxin-Inducible Degron (AID) system

○ 西村 浩平¹⁾

1) 東海国立大学機構名古屋大学大学院理学研究科理学専攻

3S7-3 天然タンパク素材のデザイン性理解に向けたマルチオミクス解析

9:33 ~ 9:57 Multiple omics approach reveals the design of protein-based materials

○ 河野 暢明¹⁾

1) 慶應義塾大学大学院政策・メディア研究科

3S7-4 ミクロ組織を踏まえた高深度空間トランスクリプトミクス

9:57 ~ 10:21 High-depth Spatial Transcriptomics Considering Microstructure

○ 本田 瑞季¹⁾

1) 京都大学大学院 医学研究科

3S7-5 ナノポアを用いたペプチド断片計測とプロテオームへの応用

10:21 ~ 10:45 Nanopore measurement for peptide fragments and its application to the proteome.

○ 川野 竜司¹⁾

1) 東京農工大学 工学研究院

シンポジウム

7月26日(水曜日) Jul 26 (Wed)

15:00 ~ 17:00 第1会場

シンポジウム 8 / Symposium 8

次世代型質量分析データ解析への挑戦

座長 奥田 修二郎 (新潟大学)

三浦 信明 (新潟大学)

3S8-1 スパースモデリングにもとづく質量分析データの解析

15:00 ~ 15:30 Mass-spectral data analysis based on sparse modeling

○ 田中 利幸¹⁾

1) 京都大学大学院情報学研究科

3S8-2 タンパク質質量分析への統計的アプローチ

15:30 ~ 16:00 A Statistical Approach to Proteomic Mass Spectrometry

○ 吉井 和佳^{1,2)}

1) 京都大学、2) 理化学研究所

3S8-3 メタプロテオミクスを指向した大規模データベース検索の眺望～配列デー

16:00 ~ 16:30 タベースと デコイフリー検索

A View of Large Database Search for Metaproteomics - Sequence Database and Decoy-free search

○ 三浦 信明¹⁾、田畑 剛²⁾、石濱 泰²⁾、奥田 修二郎^{1,3)}

1) 新潟大学大学院医歯学総合研究科、2) 京都大学大学院薬学研究科、

3) 新潟大学医学部

3S8-4 マルチモーダル質量分析データの情報解析基盤開発

16:30 ~ 17:00 A computational framework for multimodal mass spectrometry

○ 津川 裕司¹⁾

1) 東京農工大学

シンポジウム

7月26日(水曜日) Jul 26 (Wed)

15:00 ~ 17:00 第2会場

シンポジウム9 / Symposium 9

プロテオミクスが牽引する基礎生物学

座長 足達 俊吾 (国立がん研究センター研究所)
幡野 敦 (新潟大学)

3S9-1 フェノタイプとプロテオタイプをつなぐ新たなハイスループットプロテオ
15:00 ~ 15:24 ミクス基盤技術の開発

Development of technologies for phenotyping and proteotyping
optimized for high-throughput proteomics

○ 幡野 敦¹⁾、高見 知代¹⁾、松本 雅記¹⁾

1) 新潟大学大学院医歯学総合研究科

3S9-2 プロテオミクスからみた細胞外小胞の基礎生物学
15:24 ~ 15:48 Biology of the extracellular vesicles from a proteomic perspective

○ 今見 考志^{1,2)}

1) 理化学研究所 生命医科学研究センター、2) 京都大学大学院薬学研究科

3S9-3 プロテオミクスで明らかにする転写後制御と分化特異的な遺伝子群
15:48 ~ 16:12 Post-transcriptional regulation and differentiation-specific gene
clusters revealed by proteomics

○ 岩崎 未央¹⁾

1) 京大・iPS 研

3S9-4 定量プロテオミクスによる核小体リボソーム生合成過程の解明
16:12 ~ 16:36 Quantitative proteomics reveals dynamic changes in the pre-
ribosomal particles during human ribosome biogenesis

○ 吉川 治孝¹⁾

1) 徳島大学 先端酵素学研究所 藤井節郎記念医科学センター

3S9-5 BioID を用いた非膜性構造の体系的理解

16:36 ~ 17:00 Systematic Analysis of Non-membranous Structures Using BioID

○ 足達 俊吾¹⁾、小林 慎²⁾

1) 国立がん研究センター研究所 プロテオーム研究部門、2) 産業技術
総合研究所 細胞分子工学研究部門

一般口頭発表

7月25日(火曜日) Jul 25 (Tue)

8:45 ~ 10:45 第3会場

一般口頭発表 1 / Oral session 1

一般口頭発表 (若手 1)

座長 堂前 直 (理化学研究所環境資源科学研究センター)
田中 恒平 (田辺三菱製薬)

201-1(P06-B) プロテオーム計測の高速化・高感度化に向けたスポンジ状高分子基材の開発
8:45 ~ 8:57 発

Novel application of spongy-like polymers for sample pre-treatment
in shotgun proteome analysis

○ 金尾 英佑^{1,2)}、田中 俊輔¹⁾、富岡 郁那¹⁾、足立 淳^{1,2)}、石濱 泰^{1,2)}

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 医薬基盤・健康・栄養研究所

201-2(P07-C) タンパク質中のアミノ酸異性体解析技術の開発

8:57 ~ 9:09 Development of analytical methods for amino acid isomers in
proteins

○ 坂上 弘明¹⁾、久野 敦¹⁾

1) 産業技術総合研究所 細胞分子工学研究部門

201-3(P08-D) タンパク質ゲル内消化のための効率的ゲル破碎法「コンニャクチップ」の
9:09 ~ 9:21 開発

Centrifugal gel crushing for gel-based proteome analysis

○ 西田 紘士¹⁾、金尾 英佑^{1,2)}、石濱 泰^{1,2)}

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 国立研究開発法人医薬基盤・健康・
栄養研究所

201-4 システイン含有ペプチドの定量解析に向けた検討

9:21 ~ 9:33 Exploring quantitative analysis approaches for cysteine-containing
peptides

○ 須藤 愛莉咲¹⁾、松井 崇^{1,2)}、小寺 義男^{1,2)}

1) 北里大学大学院理学研究科、2) 北里大学理学部附属疾患プロテオミ
クスセンター

201-5(P09-A) キナーゼ選択的基質ペプチドを用いたキノーム活性プロファイリング法の
9:33 ~ 9:45 開発と最適化

Development and optimization of kinome activity profiling
approaches based on kinase-specific substrate peptides

○ Liang Junqi¹⁾、上原 茉緒¹⁾、中園 純菜¹⁾、坂本 大¹⁾、杉山 直幸¹⁾、
石濱 泰^{1,2)}

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 医薬基盤・健康・栄養研究所

201-6(P10-B) 全自動糖鎖プロファイリングシステムを使用したレクチン/抗体ドットコー
9:45 ~ 9:57 ディングによる新たな糖タンパク質評価方法

A new glyco-check method with lectin/antibody dotcoding using a
fully automated system

○ 布施谷 清香¹⁾、小野 綾香¹⁾、大谷 弘美¹⁾、水門 佐保¹⁾、
大林 知美²⁾、田中 ナナ²⁾、梶山 健次²⁾、安次富 萌²⁾、安田 しおり²⁾、
宮部 起徳²⁾、中村 和博²⁾、瀬川 修²⁾、澤上 一美²⁾、久野 敦¹⁾

1) 産業技術総合研究所 細胞分子工学研究部門 分子細胞マルチオミクス
研究グループ、2) プレシジョン・システム・サイエンス株式会社

201-7(P11-C) タンパク質末端ペプチド濃縮法を用いた非小細胞肺癌細胞株のプロテオ
9:57 ~ 10:09 フォーム解析

Proteoform analysis of non-small cell lung cancers by protein
terminomics

○ 谷口 優斗¹⁾、西田 紘士¹⁾、奥田 修二郎²⁾、石濱 泰¹⁾

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 新潟大学医学部

201-8(P12-D) Sel-TCP-MS 法による翻訳開始制御因子の同定
10:09 ~ 10:21 Identification of novel regulatory factors for translation initiation by
Sel-TCP-MS

○ 白石 千瑛^{1,2)}、木藤 有紀²⁾、市原 知哉¹⁾、中山 敬一²⁾、
松本 有樹修¹⁾

1) 名古屋大学理学部分子発現制御学、2) 九州大学生医研分子医科学分
野

201-9(P13-A) 液-液抽出法を用いた脂質修飾プロテオーム解析

10:21 ~ 10:33 Liquid-liquid extraction for proteomics of lipid-modified sites

○ 津曲 和哉¹⁾、磯部 洋輔^{1,2,5)}、石濱 泰^{3,4)}、清田 純¹⁾、
有田 誠^{1,2,5)}、今見 孝志¹⁾

1) 理化学研究所生命医科学研究センター、2) 慶應義塾大学薬学研究科、3) 京都大学薬学研究科、4) 医薬基盤・健康・栄養研究所、5) 横浜市立大学生命医科学研究科

201-10(P14-B) DIA プロテオミクスデータの階層クラスタリングに基づくタンパク質・ペ

10:33 ~ 10:45 プチド定量

Protein and peptide quantification based on hierarchical clustering of
DIA proteomics data

○ 町田 和典¹⁾、疋田 拓也¹⁾、木部 航希¹⁾、吉井 和佳²⁾、石濱 泰^{1,3)}

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 京都大学大学院情報学研究科、
3) 医薬基盤・健康・栄養研究所

一般口頭発表

7月25日(火曜日) Jul 25 (Tue)

15:00 ~ 17:00 第2会場

一般口頭発表 2 / Oral session 2

一般口頭発表 (若手 2)

座長 川村 猛 (東京大学)
川上 隆雄 (メディカル・プロテオスコープ)

202-1(P15-C) がん関連自己抗体の新規網羅的同定法

15:00 ~ 15:12 Comprehensive profiling of tumor-associated autoantibodies in patients with ovarian cancer

○ 小林 信¹⁾、杉本 幸太郎¹⁾、瓜生 開¹⁾、遠藤 雄大²⁾、小島 学²⁾、千葉 英樹¹⁾

1) 福島県立医科大学医学部基礎病理学講座、2) 福島県立医科大学医学部産科婦人科学講座

202-2(P16-D) HPV-18 産生 RNA によるがん原遺伝子の転写活性化機構の解明

15:12 ~ 15:24 Transcription activation of oncogenes by HPV-18 RNA

○ 古郡 華月¹⁾、鈴木 秀文¹⁾、阿部 竜太¹⁾、高橋 秀尚¹⁾

1) 横浜市立大学 大学院医学研究科 分子生物学分野

202-3(P17-A) 多検体自動化 SP3 法を用いた大腸癌手術検体のリン酸化プロテオミクス

15:24 ~ 15:36 Phosphoproteomics of surgically resected colorectal cancer using multi-sample automated SP3 method

○ 新藏 秋奈^{1,2)}、村岡 賢¹⁾、鷹合 成美¹⁾、池本 成美¹⁾、平野 雅代¹⁾、長山 聡³⁾、小濱 和貴²⁾、足立 淳¹⁾

1) 国立研究開発法人医薬基盤・健康・栄養研究所、2) 京都大学大学院医学研究科 消化管外科、3) 宇治徳洲会病院消化器外科

202-4 プロテオゲノミクス解析による粘液型脂肪肉腫の予後予測マーカーの探索
15:36 ~ 15:48 Proteogenomic analysis to explore prognostic biomarkers for Myxoid liposarcoma

○ 堀 公法^{1,2)}、小西 惇¹⁾、山下 万貴子³⁾、鎌谷 高志⁴⁾、山下 享子⁵⁾、船内 雄生⁶⁾、阿江 啓介⁷⁾、北野 滋久³⁾、松田 浩一⁸⁾、角田 達彦^{9,10)}、植田 幸嗣¹⁾

1) がん研・CPMセ、2) 東大・医、3) がん研有明病院・先端医療開発セ、4) 東京医歯大・M&D データ科学セ、5) がん研有明病院・病理部、6) 東京医歯大・整形外科、7) がん研有明病院・整形外科、8) 東大・新領域、9) 東大・理、10) 理研・生命医科学研究セ

202-5(P18-B) マルチオミックス解析を用いた骨巨細胞腫の治療薬探索：ゲノム情報・キナーゼ活性プロファイル・薬剤感受性試験データ・患者由来モデルを用いて
15:48 ~ 16:00

Multi-omics analysis of giant cell tumor of bone with genomic features, kinase activity profiles, and drug screening for drug discovery

○ 野口 玲¹⁾、大崎 珠理亜¹⁾、小野 拓也¹⁾、安達 雄輝¹⁾、柳原 五吉¹⁾、吉松 有紀²⁾、吉田 朗彦³⁾、川井 章⁴⁾、近藤 格^{1,5)}

1) 国立がん研究センター研究所希少がん研究分野、2) 栃木県立がんセンター研究所 患者由来がんデル研究分野、3) 国立がん研究センター中央病院 病理診断科、4) 国立がん研究センター中央病院 骨軟部腫瘍・リハビリテーション科、5) 栃木県立がんセンター研究所 腫瘍プロテオゲノミクス分野

202-6(P19-C) 定量プロテオミクスによる早期糖尿病性腎臓病の尿マーカーの探索
16:00 ~ 16:12 Discovery of early biomarkers for diabetic kidney disease in urine by quantitative proteomics

○ 柳田 憲吾¹⁾、山本 恵子¹⁾、Elguoshy Amr¹⁾、内許 智博¹⁾、平尾 嘉利²⁾、山本 格^{1,3)}

1) 新潟大学生体液バイオマーカーセンター、2) 沖縄科学技術大学院大学機器分析セクション、3) 信楽園病院検査科

202-7(P20-D) ヒト腎生検組織を用いたハイスループットプロテオミクス

16:12 ~ 16:24 High-throughput proteomics for human renal biopsy tissue samples

○ 山口 佐歩美^{1,4)}、瀬戸山 大樹²⁾、康 東天³⁾、國崎 祐哉^{2,4)}、
北園 孝成¹⁾、中野 敏昭^{1,5)}

1) 九州大学大学院医学研究院病態機能内科学、2) 九州大学病院検査部、3) 香椎丘リハビリテーション病院、4) 九州大学大学院医学研究院臨床検査医学、5) 九州大学大学院医学研究院附属総合コホートセンター

202-8(P21-A) 新型コロナウイルスを検出するためのモノクローナル抗体の開発と唾液検

16:24 ~ 16:36 体への適用

Development of monoclonal antibodies for the detection of SARS-CoV-2 and their application to saliva

○ 巳鼻 佑作^{1,2)}、山岡 悠太郎²⁾、木村 弥生¹⁾、梁 明秀^{3,4)}

1) 横浜市立大学 先端医科学研究センター、2) 関東化学株式会社 技術・開発本部 生命科学研究所、3) 横浜市立大学 医学部 微生物学、4) 国立感染症研究所 ウイルス第三部

202-9 定量プロテオミクスを利用した新生児マウス単離脳毛細血管の評価と血液

16:36 ~ 16:48 脳関門プロテオームの成長変化の解明

Proteomics evaluation of isolated neonatal brain capillaries and developmental changes in the blood-brain barrier proteins in mice.

○ 濱田 祐大¹⁾、緒方 星陵²⁾、増田 豪³⁾、伊藤 慎吾^{4,5)}、大槻 純男^{4,5)}

1) 熊本大薬、2) 東北大院医学系研、3) 慶應大先端研、4) 熊本大院薬、5) 熊本大院生命科学

202-10(P22-B) SWATH 質量分析法によるマンゴー葉抽出物の抗炎症作用の分子機構の解

16:48 ~ 17:00 明 - オートファジー を介した炎症抑制の可能性

Elucidation of mechanism of anti-inflammatory effect of mango leaf extract by SWATH - Possibility of autophagy-mediated inflammation suppression

○ 橋本 潤¹⁾、山崎 愛莉¹⁾、中野 蒼太¹⁾、吉元 健人²⁾、黒川 萌音¹⁾、
近江 響¹⁾、永井 宏平^{1,2)}

1) 近畿大学生物理工学部遺伝子工学科、2) 近畿大学大学院生物工学専攻

一般口頭発表

7月26日(水曜日) Jul 26 (Wed)

8:45 ~ 10:45 第2会場

一般口頭発表 3 / Oral session 3

一般口頭発表

座長 荒木 令江 (熊本大学)
若林 真樹 (国立循環器病研究センター)

303-1 拡大プロテオミクス

8:45 ~ 9:00 Extended Proteomics

- 堂前 直¹⁾
- 1) 理化学研究所環境資源科学研究センター

303-2(P01-A) 生体組織の高分離分画によるサイズ定量プロテオミクスの創生

9:00 ~ 9:15 Development of High-Resolution Size Proteomics of Biological Tissues

- 小川 寛之¹⁾、川島 祐介²⁾、藤森 英治³⁾、石川 将己²⁾、梅村 知也³⁾
- 1) 獨協医科大学、2) かずさ DNA 研究所、3) 東京薬科大学

303-3(P02-B) 細胞周期可視化プローブ Fucci3.2 を用いた 1 細胞プロテオーム/メタボロ

9:15 ~ 9:30 ーム解析

Single-cell proteome/metabolome analysis based on the cell cycle visualization probe Fucci3.2

- 和泉 自泰¹⁾、秦 康祐¹⁾、沢野 朝子²⁾、高橋 政友¹⁾、中谷 航太¹⁾、池田 和輝¹⁾、平藤 衛³⁾、松本 雅記⁴⁾、宮脇 敦史^{2,5)}、馬場 健史¹⁾
- 1) 九州大学生体防御医学研究所、2) 理化学研究所脳神経科学研究センター、3) ヨダカ技研株式会社、4) 新潟大学大学院医歯学総合研究科、5) 理化学研究所光量子工学研究センター

303-4 細胞老化に伴うゲノム構造の再編成メカニズムをプロテオミクスで明らか
9:30 ~ 9:45 にする

Proteomics analysis of chromatin dynamics during cellular senescence

○ 太田 信哉¹⁾、谷澤 英樹¹⁾、王 雪冰¹⁾、鍾 奕洛¹⁾、小迫 英尊²⁾、野間 健一^{1,3)}

1) 北海道大学 遺伝子病制御研究所、2) 徳島大学 先端酵素学研究所、3) Institute of Molecular Biology, University of Oregon

303-5(P03-C) ヒト正常線維芽細胞株 TIG-1 を用いたユビキトーム解析による細胞老化機構の解析
9:45 ~ 10:00

Investigation of the molecular mechanisms of cellular senescence by ubiquitome profiling using a human normal fibroblast strain, TIG-1

○ 木村 鮎子¹⁾、岩野 かおり¹⁾

1) 群馬パース大学大学院保健科学研究科

303-6 再発卵巣明細胞癌における EBP50/PARP1 系は化学療法耐性能と予後に寄
10:00 ~ 10:15 与する

EBP50 and elevated PARP1 are unfavorable prognostic factors in ovarian clear cell carcinoma

○ 松本 俊英¹⁾、横井 愛香²⁾、紺野 亮³⁾、小栗 康子²⁾、橋村 美紀²⁾、中川 茉祐²⁾、小寺 義男⁴⁾、三枝 信²⁾

1) 北里大学医療衛生学部病理学、2) 北里大学医学部病理学、3) かずさ DNA 研究所ゲノム事業推進部、4) 北里大学理学部附属疾患プロテオミクスセンター

303-7(P04-D) 免疫グロブリン結合抗原の高深度プロテオーム解析による新規がんバイオ
10:15 ~ 10:30 マーカー探索

In-depth proteomic analysis of immunoglobulin-bound antigens to explore biomarkers of cancer humoral immunity.

○ 阿部 雄一¹⁾、磯村 久徳¹⁾、田口 歩^{1,2)}

1) 愛知県がんセンター, 分子診断トランスレーショナルリサーチ分野、2) 名古屋大学大学院医学系研究科, 先端がん診断学

一般口頭発表

7月26日(水曜日) Jul 26 (Wed)

8:45 ~ 10:45 第3会場

一般口頭発表 4 / Oral session 4

一般口頭発表 (若手 3)

座長 荒川 憲昭 (国立医薬品食品衛生研究所)
増田 豪 (慶應義塾大学)

304-1(P23-C) 質量分析によるプロテオーム立体構造解析のための酵素反応の開拓

8:45 ~ 8:57 Exploring mass spectrometry-based proteome structural mapping using enzymatic reactions

○ 小形 公亮¹⁾、前田 朝登¹⁾、村松 邑香¹⁾、杉山 直幸¹⁾、石濱 泰^{1,2)}
1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 医薬基盤・健康・栄養研究所

304-2(P24-D) Non-AUG 開始コドンによるプロテオームの拡大とそれらタンパク質の機能

8:57 ~ 9:09 Expansion of proteome world by Non-AUG initiations and their protein functions

○ 白石 大智^{1,2)}、市原 知哉¹⁾、溝尾 太佑²⁾、鈴木 健夫³⁾、鈴木 勉³⁾、中山 敬一²⁾、松本 有樹修¹⁾

1) 名古屋大学 理学部 分子発現制御学分野、2) 九州大学 生医研 分子医科学分野、3) 東京大学 大学院工学系研究科 化学生命工学専攻

304-3(P25-A) リン酸化プロテオーム解析及びインタラクトーム解析による BRAF V600E

9:09 ~ 9:21 基質探索

Exploration of BRAF V600E Substrates by Phosphoproteome and Interactome Analysis

○ 花田 毅己¹⁾、金尾 英佑^{1,2)}、村岡 賢²⁾、今見 考志³⁾、杉山 直幸¹⁾、足立 淳^{1,2)}、石濱 泰^{1,2)}

1) 京都大学、2) 医薬基盤・健康・栄養研究所、3) 理化学研究所

304-4(P26-B) 新規細胞表面タンパク質解析技術「CS-PeARL 法」の開発とタンパク質構造解析への応用
9:21 ~ 9:33

Development of a novel cell surface labeling method termed as CS-PeARL and its application to protein conformational analysis

○ 出口 あゆか¹⁾、長袋 昭¹⁾、酒井 康次²⁾、西川 雄貴²⁾、上島 珠美¹⁾、田中 正貴¹⁾、林 隆史¹⁾

1) 大塚製薬株式会社 創薬基盤研究所、2) 大塚製薬株式会社 創薬化学研究所

304-5(P27-C) 超高速 LC/MS/MS による血清マシンガンプロテオミクス

9:33 ~ 9:45 Serum machine-gun proteomics by ultra-fast LC/MS/MS

○ 富岡 郁那¹⁾、富岡 亮太¹⁾、小形 公亮¹⁾、金尾 英佑^{1,2)}、石濱 泰^{1,2)}

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 医薬基盤・健康・栄養研究所

304-6(P28-D) Proteomic mass spectrogram decomposition of DIA datasets for identification and quantitation with high coverage
9:45 ~ 9:57

○ Jherico Geronca¹⁾、Ayana Tomioka¹⁾、Kosuke Ogata¹⁾、Toshiyuki Tanaka²⁾、Kazuyoshi Yoshii^{2,3)}、Yasushi Ishihama^{1,4)}

1) Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Kyoto University、2) Graduate School of Informatics, Kyoto University、3) RIKEN Center for Advanced Intelligence Project、4) National Institute of Biomedical Innovation, Health, and Nutrition

304-7(P29-A) トランスオミックネットワーク作成による分子制御機構の可視化

9:57 ~ 10:09 Trans-omic network illustrating prominent regulatory mechanisms

○ 松崎 芙美子¹⁾、湯通堂 紀子¹⁾、山内 幸代¹⁾、宇田 新介¹⁾、松本 雅記²⁾、中山 敬一¹⁾、久保田 浩行¹⁾

1) 九大・生医研、2) 新潟大・院医歯

304-8(P30-B) DIA 定量プロテオミクスによる健康者尿プロテオームの性差と年齢差
10:09 ~ 10:21 DIA-MS analysis for gender- and age-difference in proteome of healthy volunteer urine

○ 内許 智博¹⁾、山本 恵子¹⁾、柳田 憲吾¹⁾、Elguoshy Amr¹⁾、
山本 格^{1,2)}

1) 新潟大学 生体液バイオマーカーセンター、2) 信楽園病院

304-9(P31-C) 気孔開口を抑制する新分子の開発に成功 ~新たな気孔運動制御因子の発見~
10:21 ~ 10:33 Discovery of 2,6-Dihalopurines as Stomata Opening Inhibitors:

Implication of an LRX-Mediated H⁺-ATPase Phosphorylation Pathway

上田 彩果¹⁾、相原 悠介^{1,2)}、佐藤 伸哉²⁾、加納 圭子²⁾、○三城 恵美²⁾、
北野 浩之¹⁾、佐藤 綾人²⁾、藤本 和宏^{1,2)}、柳井 毅^{1,2)}、天池 一真¹⁾、
木下 俊則^{1,2)}、伊丹 健一郎^{1,2)}

1) 名古屋大学大学院 理学部、2) 名古屋大学 ITbM

日本プロテオーム学会 2023 年大会 JPrOS2023 (21st JHUPPO)

スイーツ／ランチョンセミナー

■ 7月 24 日 (16:15~17:00)

L1 (第 1 会場) エービー・サイエックス (SCIEX)

■ 7月 25 日 (12:15~13:00)

L2 (第 1 会場) ブルカー・ジャパン (Bruker Japan)

L3 (第 2 会場) エーエムアール (AMR)

■ 7月 26 日 (12:15~13:00)

L4 (第 1 会場) サーモフィッシャーサイエンティフィック
(Thermo Fisher Scientific)

L5 (第 2 会場) プロテインメトリクス (Protein Metrics)

[L1]

Ultra-high throughput with high proteome coverage leveraging Zeno SWATH data-independent acquisition in both in-vitro and in-vivo biological systems.

○ Patrick Pribil¹⁾, Ihor Batruch¹⁾, Jose Castro-Perez²⁾

1) SCIEX, 71 Four Valley Dr, Concord, ON, L4K 4V8, Canada, 2) SCIEX, 500 Old Connecticut Path, Framingham, MA 01701, USA

The ability to analyze more samples per unit time is highly desirable as scientists have more samples to analyze for any given project and as such more biological questions arise which in turns leads to a higher need for faster time to decision and optimization of studies. Furthermore, another important aspect of the desire to 'go faster' is not to lose sight of the need for higher proteome coverage as a result of speed of analysis.

In this work, we will present how we can leverage the use of Zeno SWATH DIA on the ZenoTOF 7600 system coupled with the Evosep One system to generate high qualitative quantitative proteome data at different samples per day (SPD) using both HeLa cell lysates and non-depleted human plasma digests.

The sensitivity of the ZenoTOF 7600 system is demonstrated at different throughput levels as determined by the pre-set gradients conditions on the Evosep One system. >7,800 protein groups (>73,000 precursors) were identified from 50 ng HeLa cell digest, and >8,000 protein groups (>83,000 precursors) were identified from 200 ng HeLa cell digest using the 30 SPD method on the Evosep One system. > 270 protein groups were identified from 50 ng of non-depleted human plasma digest using the 500 SPD method on the Evosep One system. Zeno trapping provided MS/MS with industry-leading sensitivity for qualitative and quantitative protein characterization using simple Zeno SWATH DIA methods. The Evosep One system allowed for robust and sensitive chromatographic separation of peptides using standardized methods ranging in throughput from 500 SPD (2.9 minutes) to 30 SPD (48 minutes).

[L2]

最新の timsTOF シリーズによる 4D-プロテオミクスソリューションのご紹介

○ 荒井 大河¹⁾

1) ブルカージャパン株式会社

4D-Proteomics Solution with the latest timsTOF series

○ Taiga Arai¹⁾

1) Bruker Japan K.K.

Short Abstract: Short Abstract: timsTOF is the QTOF mass spectrometer equipped with TIMS device which enables separation by ion mobility in addition to retention time and m/z . PASEF is a measurement method that satisfies high resolution, high sensitivity, and high-speed MS/MS, which are important in shotgun proteomics. In this seminar, we will present the latest timsTOF series and 4D-Proteomics solutions and related application software.

Keywords: TIMS, 4D-Proteomics, PASEF, PaSER

timsTOF は、QTOF 型質量分析計の前段にイオンモビリティデバイスである Trapped Ion Mobility Spectrometry (TIMS) を配置しており、保持時間ならびに m/z による分離に加え、イオンモビリティでの分離が可能となります。TIMS の特徴を最大限に活かす MS/MS 測定である Parallel Accumulation Serial Fragmentation (PASEF) は、ショットガンプロテオミクス測定において重要である高分解能・高感度・高速 MS/MS をすべて満足させる測定手法です。その適応範囲は広く、DDA 解析のみならず DIA や PRM 解析にも適応可能です。また、測定後のデータ処理においても、GPU を活用したリアルタイムデータベース検索プラットフォームである Parallel Database Search Engine in Real-Time (PaSER) を用いることで、測定が終了すると同時にデータベース検索結果を得ることが可能となります。



本セミナーでは、timsTOF HT や timsTOF SCP など最新の timsTOF シリーズを紹介させて頂くとともに、4D-プロテオミクス解析の測定手法とその利点、対応するソフトウェアを含めた具体的なソリューションについてご紹介致します。

[L3]

Enabling high-throughput, standardised proteomics using Evosep One, Sample Prep Automation, Single Cell proteome analysis and Targeted Drug Monitoring.

○ Erik Verschuuren¹⁾, Yasuhiko Bando²⁾

1) EVOSEP, 2) AMR,Inc.

Short Abstract: Proteomics has evolved at a rapid pace with recent advances relating to liquid chromatography mass spectrometry (LCMS) sensitivity, robustness and throughput enabling the transition from basic to clinical research. The application of standardized Evosep One methods have been instrumental in this shift due to the ability to routinely process hundreds of samples per day in a robust and reproducible manner. The emphasis is thus on automated sample preparation to facilitate standardization and reproducibility. At the same time the field of Single Cell Proteomics has evolved rapidly, enabling true single cell proteome analysis at increasing speed and automation.

Keywords: Proteomics, High Throughput, Sample Prep, Single Cell, Bio drug monitoring.

Proteomics becomes the powerful analytical tool in biology and clinical fields by gaining the sensitivity, robustness and throughput due to the advance of nano LC/MS and software. In addition of CRISPR Cas9 technology enables the researchers to gain functional information with proteomics.

We'll present an end-to-end pipeline that enables sample processing from protein lysate to loaded Evotip in a fully automated manner. The workflow, implemented on an open-source and cost-effective Opentrons OT2-2 liquid handling system. Peptides are seamlessly loaded on Evotips in a fully automated manner and can be further stored for weeks bypassing the requirement for additional transfer and storage in tubes or vials that typically leads to increased sample loss.

Secondly we'll present the use of Evosep One in Single Cell Analysis workflows. The use of Evotips as sample input devices allows for a seamless transfer of peptides from an automated cell selection and preparation device like the Cellenion CellenONE. Transferring these minute amounts of peptides onto Evotips will prevent loss of valuable peptides in the workflow, resulting in more peptides that remain available for analysis.

Finally we'll present an example of a clinical application where we have developed a method to monitor the concentration of Infliximab, a therapeutic Antibody, in serum using labelled internal standards. It is well known that a substantial number of patients do not respond to these therapeutic antibodies. Monitoring drug levels would therefore allow for better patient outcomes and more effective use of these therapies.

[L4]

新世代の Thermo Scientific™ Orbitrap™ 質量分析計が切り開く高深度・ハイスループットプロテオミクス分析

○ 渡邊 史生¹⁾

1) サーマフィッシャーサイエンティフィック株式会社

High depth/throughput proteomics by new generation Thermo Scientific™ Orbitrap™ mass spectrometer.

○ Shio Watanabe¹⁾

1) Thermo Fisher Scientific K.K

Short Abstract: We introduce our new Orbitrap instrument and solution for high throughput proteomics based on data-independent acquisition (DIA) method.

Keywords: Orbitrap, Data-Independent Acquisition (DIA), High Throughput

網羅的なタンパク質解析を目指すプロテオミクス研究において、タンパク質同定だけに留まらず比較定量までを可能とする定量プロテオミクスの手法はこれまで数多く開発されており、現在では一般的な手法となっている。特にここ数年では、Data-Independent Acquisition(DIA)法の発展が著しい。従来、広く使用されていた Data-dependent Acquisition(DDA)法が、検出されたシグナルに対して強度依存的にトリガーをかけて MS/MS を取得するのに対して、DIA 法では一定の質量範囲を細かく区切りながら連続的かつ周期的に MS/MS を取得していくため、全ての検出成分の Fragment ion 情報を取り漏らすことなく取得できることに加えて、より選択性の高い MS/MS レベルでのラベルフリー定量が可能となる。その反面、DIA はその複雑なデータを解釈するためにライブラリー検索を始めとする特殊な解析手法を必要とするが、昨今では AI 技術の発展に伴ってさまざまな解析環境が整備されたことで、DDA 同様に汎用的に使用できる手法として注目を集めている。さらには、もとより共溶出成分を前提としたデータ取得法であるため、より短時間の分離を前提とした、いわゆるハイスループットな分析とも相性が良い。

本発表では、新世代の Orbitrap 質量分析計を用いた、高深度・ハイスループットを共に実現する最新 DIA アプリケーションについて紹介する。

[L5]

ベンダーフリー質量分析データ解析システム Byos/Byosphere を使ったバイオ医薬品解析のご紹介

○ 宇佐 明人¹⁾、栗本 綾子¹⁾

1) プロテインメトリックス

Introduction of Byos/Byosphere, vendor free MS Spec data process system for biopharma.

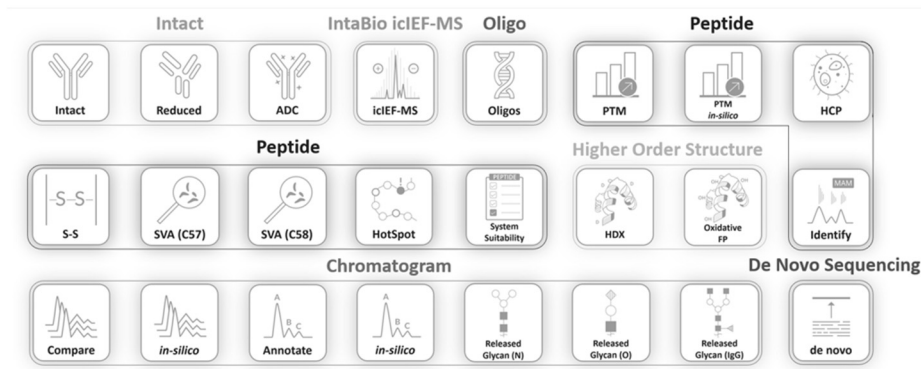
○ Akihito Usa¹⁾, Ayako Kurimoto¹⁾

1) Protein Metrics Inc.

Short Abstract: Byos/Byosphere provides a one touch platform to launch multiple workflows across protein and oligonucleotide characterization and move from raw file to report in minutes for analysis and inspection.

Keywords: Mass Spectrometry, Biopharma, CQA, Protein characterization, Antibody

Byos/Byosphere は、機器ベンダーフリーシステムでバイオ医薬品の解析ワークフローをサポートしており、その操作性、柔軟なレポート作成機能、解析精度には定評がある。本セミナーではシステムの概要と実際の解析データをデモ交えて紹介する。



- 各モジュールの対象分野 -

Intact : Native MS、DAR

IntaBio icIEF-MS : 画像キャピラリー電気泳動

Oligo : MS2による構造解析・不純物分析

Peptide : 糖ペプチド、脱アミドの定量比較、MAM、プロテオミクス、sulfide, disulfide, trisulfide、クロスリンの定性・定量

Chromatogram : 遊離糖鎖の定量・構造解析 (MS1)

↓ 1タッチでワークフロー実行

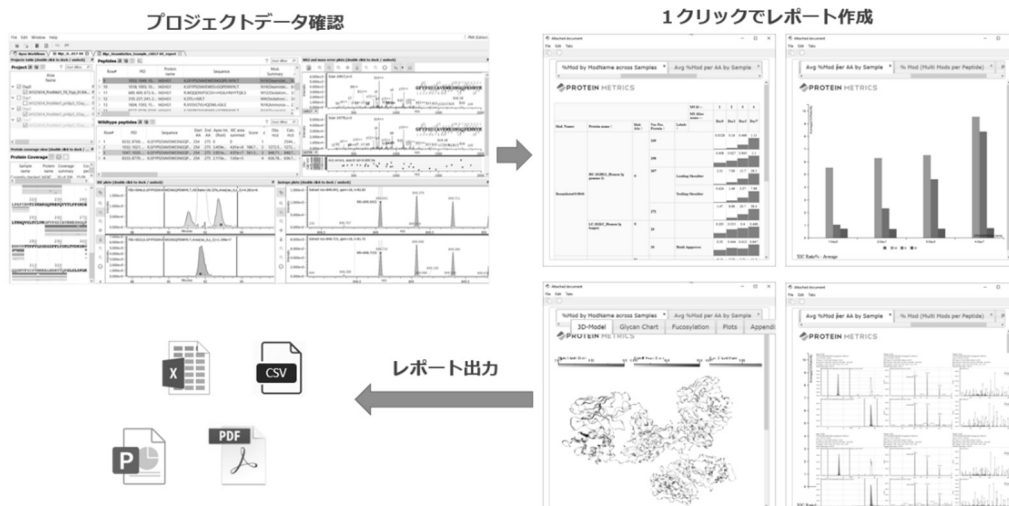


Fig.1 Screenshots of Byos/Byosphere

日本プロテオーム学会 2023 年大会
JPrOS2023 (21st JHUPO)

ポスターセッション

ポスター

- P01-A** 生体組織の高分離分画によるサイズ定量プロテオミクスの創生
(303-2) Development of High-Resolution Size Proteomics of Biological Tissues
○ 小川 覚之¹⁾、川島 祐介²⁾、藤森 英治³⁾、石川 将己²⁾、梅村 知也³⁾
1) 獨協医科大学、2) かずさ DNA 研究所、3) 東京薬科大学
- P02-B** 細胞周期可視化プローブ Fucci3.2 を用いた 1 細胞プロテオーム/メタボローム解析
(303-3) Single-cell proteome/metabolome analysis based on the cell cycle visualization probe Fucci3.2
○ 和泉 自泰¹⁾、秦 康祐¹⁾、沢野 朝子²⁾、高橋 政友¹⁾、中谷 航太¹⁾、池田 和輝¹⁾、平藤 衛³⁾、松本 雅記⁴⁾、宮脇 敦史^{2,5)}、馬場 健史¹⁾
1) 九州大学生体防御医学研究所、2) 理化学研究所脳神経科学研究センター、
3) ヨダカ技研株式会社、4) 新潟大学大学院医歯学総合研究科、5) 理化学研究所光量子工学研究センター
- P03-C** ヒト正常線維芽細胞株 TIG-1 を用いたユビキトーム解析による細胞老化機構の解析
(303-5) Investigation of the molecular mechanisms of cellular senescence by ubiquitome profiling using a human normal fibroblast strain, TIG-1
○ 木村 鮎子¹⁾、岩野 かおり¹⁾
1) 群馬パース大学大学院保健科学研究科
- P04-D** 免疫グロブリン結合抗原の高深度プロテオーム解析による新規がんバイオマーカー探索
(303-7) In-depth proteomic analysis of immunoglobulin-bound antigens to explore biomarkers of cancer humoral immunity.
○ 阿部 雄一¹⁾、磯村 久徳¹⁾、田口 歩^{1,2)}
1) 愛知県がんセンター、分子診断トランスレーショナルリサーチ分野、2) 名古屋大学大学院医学系研究科、先端がん診断学

P05-A 「新薬創出を加速する人工知能の開発」 - 特発性肺線維症臨床情報収集と創薬標的探索手法の構築 -

Drug target discovery by medical information and serum proteome data of idiopathic pulmonary fibrosis patients

○ 武田 吉人¹⁾、伊藤 真里²⁾、足立 淳²⁾、夏目 やよい²⁾、熊ノ郷 淳¹⁾

1) Osaka University Graduate School of Medicine、2) National Institutes of Biomedical Innovation, Health and Nutrition

P06-B プロテオーム計測の高速化・高感度化に向けたスポンジ状高分子基材の開発

(201-1) Novel application of spongy-like polymers for sample pre-treatment in shotgun proteome analysis

○ 金尾 英佑^{1,2)}、田中 俊輔¹⁾、富岡 郁那¹⁾、足立 淳^{1,2)}、石濱 泰^{1,2)}

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 医薬基盤・健康・栄養研究所

P07-C タンパク質中のアミノ酸異性体解析技術の開発

(201-2) Development of analytical methods for amino acid isomers in proteins

○ 坂上 弘明¹⁾、久野 敦¹⁾

1) 産業技術総合研究所 細胞分子工学研究部門

P08-D タンパク質ゲル内消化のための効率的ゲル破砕法「コンニャクチップ」の開発

(201-3) Centrifugal gel crushing for gel-based proteome analysis

○ 西田 紘士¹⁾、金尾 英佑^{1,2)}、石濱 泰^{1,2)}

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 国立研究開発法人医薬基盤・健康・栄養研究所

P09-A キナーゼ選択的基質ペプチドを用いたキノーム活性プロファイリング法の開発と最適化

Development and optimization of kinome activity profiling approaches based on kinase-specific substrate peptides

○ Liang Junqi¹⁾、上原 茉緒¹⁾、中園 純菜¹⁾、坂本 大¹⁾、杉山 直幸¹⁾、石濱 泰^{1,2)}

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 医薬基盤・健康・栄養研究所

P10-B 全自動糖鎖プロファイリングシステムを使用したレクチン/抗体ドットコーディングによる新たな糖タンパク質評価方法
(201-6)

A new glyco-check method with lectin/antibody dotcoding using a fully automated system

○ 布施谷 清香¹⁾、小野 綾香¹⁾、大谷 弘美¹⁾、水門 佐保¹⁾、大林 知美²⁾、田中 ナナ²⁾、梶山 健次²⁾、安次富 萌²⁾、安田 しおり²⁾、宮部 起徳²⁾、中村 和博²⁾、瀬川 修²⁾、澤上 一美²⁾、久野 敦¹⁾

1) 産業技術総合研究所 細胞分子工学研究部門 分子細胞マルチオミクス研究グループ、2) プレシジョン・システム・サイエンス株式会社

P11-C タンパク質末端ペプチド濃縮法を用いた非小細胞肺癌細胞株のプロテオフォーム解析
(201-7)

Proteoform analysis of non-small cell lung cancers by protein terminomics

○ 谷口 優斗¹⁾、西田 紘士¹⁾、奥田 修二郎²⁾、石濱 泰¹⁾

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 新潟大学医学部

P12-D Sel-TCP-MS 法による翻訳開始制御因子の同定
(201-8) Identification of novel regulatory factors for translation initiation by Sel-TCP-MS

○ 白石 千瑛^{1,2)}、木藤 有紀²⁾、市原 知哉¹⁾、中山 敬一²⁾、松本 有樹修¹⁾

1) 名古屋大学理学部分子発現制御学、2) 九州大学生医研分子医科学分野

P13-A 液-液抽出法を用いた脂質修飾プロテオーム解析
(201-9) Liquid-liquid extraction for proteomics of lipid-modified sites

○ 津曲 和哉¹⁾、磯部 洋輔^{1,2,5)}、石濱 泰^{3,4)}、清田 純¹⁾、有田 誠^{1,2,5)}、今見 孝志¹⁾

1) 理化学研究所生命医科学研究センター、2) 慶應義塾大学薬学研究科、3) 京都大学薬学研究科、4) 医薬基盤・健康・栄養研究所、5) 横浜市立大学生命医科学研究科

P14-B DIA プロテオミクスデータの階層クラスタリングに基づくタンパク質・ペプチド定量
(201-10)

Protein and peptide quantification based on hierarchical clustering of DIA proteomics data

○ 町田 和典¹⁾、疋田 拓也¹⁾、木部 航希¹⁾、吉井 和佳²⁾、石濱 泰^{1,3)}

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 京都大学大学院情報学研究科、3) 医薬基盤・健康・栄養研究所

P15-C がん関連自己抗体の新規網羅的同定法

(202-1) Comprehensive profiling of tumor-associated autoantibodies in patients with ovarian cancer

○ 小林 信¹⁾、杉本 幸太郎¹⁾、瓜生 開¹⁾、遠藤 雄大²⁾、小島 学²⁾、千葉 英樹¹⁾

1) 福島県立医科大学医学部基礎病理学講座、2) 福島県立医科大学医学部産科婦人科学講座

P16-D HPV-18 産生 RNA によるがん原遺伝子の転写活性化機構の解明

(202-2) Transcription activation of oncogenes by HPV-18 RNA

○ 古郡 華月¹⁾、鈴木 秀文¹⁾、阿部 竜太¹⁾、高橋 秀尚¹⁾

1) 横浜市立大学 大学院医学研究科 分子生物学分野

P17-A 多検体自動化 SP3 法を用いた大腸癌手術検体のリン酸化プロテオミクス

(202-3) Phosphoproteomics of surgically resected colorectal cancer using multi-sample automated SP3 method

○ 新藏 秋奈^{1,2)}、村岡 賢¹⁾、鷹合 成美¹⁾、池本 成美¹⁾、平野 雅代¹⁾、長山 聡³⁾、小濱 和貴²⁾、足立 淳¹⁾

1) 国立研究開発法人医薬基盤・健康・栄養研究所、2) 京都大学大学院医学研究科消化管外科、3) 宇治徳洲会病院消化器外科

P18-B マルチオミックス解析を用いた骨巨細胞腫の治療薬探索：ゲノム情報・キナーゼ活性プロファイル・薬剤感受性試験データ・患者由来モデルを用いて

Multi-omics analysis of giant cell tumor of bone with genomic features, kinase activity profiles, and drug screening for drug discovery

○ 野口 玲¹⁾、大崎 珠理亜¹⁾、小野 拓也¹⁾、安達 雄輝¹⁾、柳原 五吉¹⁾、吉松 有紀²⁾、吉田 朗彦³⁾、川井 章⁴⁾、近藤 格^{1,5)}

1) 国立がん研究センター研究所希少がん研究分野、2) 栃木県立がんセンター研究所 患者由来がんデル研究分野、3) 国立がん研究センター中央病院 病理診断科、4) 国立がん研究センター中央病院 骨軟部腫瘍・リハビリテーション科、5) 栃木県立がんセンター研究所 腫瘍プロテオゲノミクス分野

P19-C 定量プロテオミクスによる早期糖尿病性腎臓病の尿マーカーの探索

(202-6) Discovery of early biomarkers for diabetic kidney disease in urine by quantitative proteomics

○ 柳田 憲吾¹⁾、山本 恵子¹⁾、Elguoshy Amr¹⁾、内許 智博¹⁾、平尾 嘉利²⁾、山本 格^{1,3)}

1) 新潟大学生体液バイオマーカーセンター、2) 沖縄科学技術大学院大学機器分析セクション、3) 信楽園病院検査科

P20-D ヒト腎生検組織を用いたハイスループットプロテオミクス

(202-7) High-throughput proteomics for human renal biopsy tissue samples

○ 山口 佐歩美^{1,4)}、瀬戸山 大樹²⁾、康 東天³⁾、國崎 祐哉^{2,4)}、北園 孝成¹⁾、中野 敏昭^{1,5)}

1) 九州大学大学院医学研究院病態機能内科学、2) 九州大学病院検査部、3) 香椎丘リハビリテーション病院、4) 九州大学大学院医学研究院臨床検査医学、5) 九州大学大学院医学研究院附属総合コホートセンター

P21-A 新型コロナウイルスを検出するためのモノクローナル抗体の開発と唾液検体への適用

Development of monoclonal antibodies for the detection of SARS-CoV-2 and their application to saliva

○ 巳鼻 佑作^{1,2)}、山岡 悠太郎²⁾、木村 弥生¹⁾、梁 明秀^{3,4)}

1) 横浜市立大学 先端医科学研究センター、2) 関東化学株式会社 技術・開発本部 生命科学研究所、3) 横浜市立大学 医学部 微生物学、4) 国立感染症研究所 ウイルス第三部

P22-B SWATH 質量分析法によるマンゴー葉抽出物の抗炎症作用の分子機構の解明 – オ
(202-10) ートファジー を介した炎症抑制の可能性

Elucidation of mechanism of anti-inflammatory effect of mango leaf extract
by SWATH - Possibility of autophagy-mediated inflammation suppression

○ 橋本 潤¹⁾、山崎 愛莉¹⁾、中野 蒼太¹⁾、吉元 健人²⁾、黒川 萌音¹⁾、近江 響¹⁾、
永井 宏平^{1,2)}

1) 近畿大学生物理工学部遺伝子工学科、2) 近畿大学大学院生物工学専攻

P23-C 質量分析によるプロテオーム立体構造解析のための酵素反応の開拓

(304-1) Exploring mass spectrometry-based proteome structural mapping using
enzymatic reactions

○ 小形 公亮¹⁾、前田 朝登¹⁾、村松 邑香¹⁾、杉山 直幸¹⁾、石濱 泰^{1,2)}

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 医薬基盤・健康・栄養研究所

P24-D Non-AUG 開始コドンによるプロテオームの拡大とそれらタンパク質の機能

(304-2) Expansion of proteome world by Non-AUG initiations and their protein
functions

○ 白石 大智^{1,2)}、市原 知哉¹⁾、溝尾 太佑²⁾、鈴木 健夫³⁾、鈴木 勉³⁾、
中山 敬一²⁾、松本 有樹修¹⁾

1) 名古屋大学 理学部 分子発現制御学分野、2) 九州大学 生医研 分子医科学分野、
3) 東京大学 大学院工学系研究科 化学生命工学専攻

P25-A リン酸化プロテオーム解析及びインタラクトーム解析による BRAF V600E 基質探
(304-3) 索

Exploration of BRAF V600E Substrates by Phosphoproteome and Interactome
Analysis

○ 花田 毅己¹⁾、金尾 英佑^{1,2)}、村岡 賢²⁾、今見 考志³⁾、杉山 直幸¹⁾、
足立 淳^{1,2)}、石濱 泰^{1,2)}

1) 京都大学、2) 医薬基盤・健康・栄養研究所、3) 理化学研究所

P26-B 新規細胞表面タンパク質解析技術「CS-PeARL 法」の開発とタンパク質構造解析への応用
(304-4)

Development of a novel cell surface labeling method termed as CS-PeARL and its application to protein conformational analysis

○ 出口 あゆか¹⁾、長袋 昭¹⁾、酒井 康次²⁾、西川 雄貴²⁾、上島 珠美¹⁾、田中 正貴¹⁾、林 隆史¹⁾

1) 大塚製薬株式会社 創薬基盤研究所、2) 大塚製薬株式会社 創薬化学研究所

P27-C 超高速 LC/MS/MS による血清マシンガンプロテオミクス

(304-5) Serum machine-gun proteomics by ultra-fast LC/MS/MS

○ 富岡 郁那¹⁾、富岡 亮太¹⁾、小形 公亮¹⁾、金尾 英佑^{1,2)}、石濱 泰^{1,2)}

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 医薬基盤・健康・栄養研究所

P28-D Proteomic mass spectrogram decomposition of DIA datasets for identification and quantitation with high coverage
(304-6)

○ Jherico Geronca¹⁾、Ayana Tomioka¹⁾、Kosuke Ogata¹⁾、Toshiyuki Tanaka²⁾、Kazuyoshi Yoshii^{2,3)}、Yasushi Ishihama^{1,4)}

1) Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Kyoto University、

2) Graduate School of Informatics, Kyoto University、3) RIKEN Center for Advanced Intelligence Project、4) National Institute of Biomedical Innovation, Health, and Nutrition

P29-A トランスオミックネットワーク作成による分子制御機構の可視化

(304-7) Trans-omic network illustrating prominent regulatory mechanisms

○ 松崎 芙美子¹⁾、湯通堂 紀子¹⁾、山内 幸代¹⁾、宇田 新介¹⁾、松本 雅記²⁾、中山 敬一¹⁾、久保田 浩行¹⁾

1) 九大・生医研、2) 新潟大・院医歯

P30-B DIA 定量プロテオミクスによる健常者尿プロテオームの性差と年齢差

(304-8) DIA-MS analysis for gender- and age-difference in proteome of healthy volunteer urine

○ 内許 智博¹⁾、山本 恵子¹⁾、柳田 憲吾¹⁾、Elguoshy Amr¹⁾、山本 格^{1,2)}

1) 新潟大学 生体液バイオマーカーセンター、2) 信楽園病院

- P31-C** 気孔開口を抑制する新分子の開発に成功 ～新たな気孔運動制御因子の発見～
(304-9) Discovery of 2,6-Dihalopurines as Stomata Opening Inhibitors: Implication of an LRX-Mediated H⁺-ATPase Phosphorylation Pathway
上田 彩果¹⁾、相原 悠介^{1,2)}、佐藤 伸哉²⁾、加納 圭子²⁾、○ 三城 恵美²⁾、
北野 浩之¹⁾、佐藤 綾人²⁾、藤本 和宏^{1,2)}、柳井 毅^{1,2)}、天池 一真¹⁾、
木下 俊則^{1,2)}、伊丹 健一郎^{1,2)}
1) 名古屋大学大学院 理学部、2) 名古屋大学 ITbM
- P32-D** Fatty Acid-Binding Protein 5 を標的とした肝細胞癌の新規治療薬 SBF1-26 : プロテオーム解析を用いた分子薬理メカニズムの解明
Novel therapeutic drug SBF1-26 for HCC targeting FABP5 : Elucidation of the molecular pharmacological mechanism using proteome analysis
○ 安達 雄輝^{1,2)}、野口 玲¹⁾、小野 拓也¹⁾、大崎 珠理亜¹⁾、柳原 五吉¹⁾、
吉松 有紀³⁾、横尾 英樹²⁾、小寺 義男⁴⁾、近藤 格^{1,5)}
1) 国立がん研究センター研究所 希少がん研究分野、2) 旭川医科大学 外科学講座 肝胆膵・移植外科学分野、3) 栃木県立がん研究センター研究所 患者由来がん研究分野、4) 北里大学理学部附属疾患プロテオミクスセンター、5) 栃木県立がん研究センター研究所 腫瘍プロテオゲノミクス研究分野
- P33-A** アンジオテンシン変換酵素 2 のチロシン硫酸化に関する研究
Tyrosine sulfation of the angiotensin-converting enzyme 2
○ 出向 みほ¹⁾、黒木 勝久¹⁾、寺本 岳大²⁾、角田 佳充²⁾、Ming-Cheh Liu³⁾、
水光 正仁¹⁾、榊原 陽一¹⁾
1) 宮崎大学大学院農学研究科、2) 九州大学大学院農学研究院、3) トレド大学薬学部
- P34-B** 植物由来煙水処理した作物における塩害耐性に関するプロテオミクス解析
Proteomic analysis of salinity tolerance in crop grown under plant-derived smoke solution
○ ディニヤ アッザラ¹⁾、木村 泰基¹⁾、山口 央輝²⁾、常陸 圭介³⁾、土田 邦博³⁾、
小松 節子¹⁾
1) 福井工業大学 環境情報学部、2) 四日市看護医療大学 看護医療学部、
3) 藤田医科大学 医科学研究センター

- P35-C** Profiling of Urine Peptidome of Healthy Volunteers by clustering peptide variants for Biomarker discovery.
○ Elguoshy Amr¹⁾、Yamamoto Keiko¹⁾、Hirao Yoshitoshi¹⁾、Uchimoto Tomohiro¹⁾、Yanagita Kengo¹⁾、Shimada Shuichiro¹⁾、Yamamoto Tadashi¹⁾
1) 生体液バイオマーカーセンター
- P36-D** ペプチドタグ挿入酵母を利用した重複遺伝子の進化的意義の探索
The use of peptide-tags integrated yeast to understand the significance of remaining duplicated genes.
○ 藤原 稜斗¹⁾、紀藤 圭治¹⁾
1) 明治大学大学院・農学研究科
- P37-A** ヒューマングライコムプロジェクト：糖ペプチド精密地図の作成と糖ペプチド参照同定法(MAGIC)の確立
Human Glycome Atlas Project: Construction of precise glycopeptide map and establishment of the reference map-aided glycopeptide identification method
○ 郷 詩織¹⁾、荒川 広夢¹⁾、中嶋 和紀²⁾、門松 健治¹⁾、梶 裕之¹⁾
1) 東海国立機構名古屋大学 糖鎖生命コア研究所、2) 東海国立機構岐阜大学 糖鎖生命コア研究所
- P38-B** MPT 依存的免疫反応の解明に向けた NAFLD ミトコンドリアのプロテオーム解析
Proteomic analysis of NAFLD mitochondria to elucidate MPT-dependent immune responses
○ 濱田 和真¹⁾、水間 俊¹⁾
1) 帝京平成大学薬学部 薬物動態学ユニット
- P39-C** 1 細胞定量プロテオーム解析に向けた半自動前処理システムの開発
Development of a semi-automatic sample pretreatment system to single-cell quantitative proteome analysis
○ 秦 康祐¹⁾、平藤 衛²⁾、馬場 健史¹⁾、松本 雅記³⁾、和泉 自泰¹⁾
1) 九州大学生体防御医学研究所、2) ヨダカ技研株式会社、3) 新潟大学大学院 歯学総合研究科

P40-D ケミカルプローブによる細胞表面タンパク質の網羅的解析法「CS-PeARL」の開発
CS-PeARL: Development of a cell surface labeling method using chemical probes

○ 林 隆史¹⁾、出口 あゆか¹⁾、長袋 昭¹⁾、酒井 康次²⁾、西川 雄貴²⁾、
上島 珠美¹⁾、田中 正貴¹⁾

1) 大塚製薬株式会社 創薬基盤研究所、2) 大塚製薬株式会社 創薬化学研究所

P41-A 蛍光標識電気泳動法を用いたタンパク質パーサルフイドの網羅的検出法の検討
Investigation of Comprehensive Detection for Protein Persulfides Using
Fluorescence Labeling Electrophoresis

○ 日恵井 由依¹⁾、黒木 勝久¹⁾、榊原 陽一¹⁾

1) 宮崎大学大学院農学研究科

P42-B LRRK2 は FAK のリン酸化を介して肺腺がん細胞の遊走能を調節する
LRRK2 regulates the migratory ability of lung adenocarcinoma cells via
phosphorylation of FAK

○ 今井 基貴^{1,2,3)}、川上 文貴^{2,4)}、川島 麗^{2,4)}、朽津 有紀^{1,2,3)}、西原 奈菜枝³⁾、
田村 慶介³⁾、一戸 昌明⁵⁾、村雲 芳樹⁵⁾、長塩 亮^{1,2,3)}

1) 北里大・医療・臨床検査、2) 北里大・医療・再生医療・細胞デザイン、3) 北里
大・院・応用腫瘍病理、4) 北里大・院・生体制御生化学、5) 北里大・医・病理

P43-C 新規タンデムアフィニティー精製システム (HiP4 タグシステム) の開発と応用
Integrated Tandem Affinity Protein Purification Using the Polyhistidine Plus
Extra 4 Amino Acids (HiP4) Tag System

○ 井野 洋子¹⁾、山岡 悠太郎²⁾、西 真由子³⁾、木村 弥生¹⁾、梁 明秀³⁾

1) 横浜市立大学 先端医科学研究センター、2) 関東化学株式会社 技術・開発本部
生命科学研究所、3) 国立感染症研究所 ウイルス第三部

P44-D プルダウン法を用いたスフィンゴ糖脂質結合タンパク質の包括的解析法の構築
Glycosphingolipid-Binding Proteome Analysis by Affinity Purification-Mass
Spectrometry

○ 石川 将己¹⁾、中島 大輔¹⁾、紺野 亮¹⁾、小原 収¹⁾、川島 祐介¹⁾

1) かずさ DNA 研究所

- P45-A** コンドロイチン硫酸（CS）合成低下マウスの老化に関する肝臓のプロテオーム解析
Pathology and proteomics of liver in the aged CSGalNAcT1-KO mice
○ 伊藤 泰行¹⁾、熊谷 優²⁾、土屋 淳紀²⁾、寺井 崇二²⁾、武内 恒成³⁾、
五十嵐 道弘¹⁾
1) 新潟大・医歯学（医）・神経生化学、2) 新潟大・医歯学（医）・消化器内科学、
3) 愛知医科大・医・生物学
- P46-B** 胃癌におけるフィブリノゲン発現は腫瘍細胞の遊走能を促進し癌の悪性化に関与する
Fibrinogen is associated with aggressive phenotypic characteristics of gastric cancer
○ 伊東 由夏¹⁾、松本 俊英²⁾、新治 涼太¹⁾、井上 明美¹⁾、草深 桃子¹⁾、
長瀬 華那¹⁾、三枝 信³⁾、高橋 博之¹⁾
1) 北里大学大学院医療系細胞組織病理学、2) 北里大学医療衛生学部病理学、
3) 北里大学医学部病理学
- P47-C** マウス受精卵における雌雄前核のプロテオーム解析
Proteome analysis of male and female pronuclei of mouse zygotes.
○ 柿原 礼佳¹⁾、東田 裕一²⁾、松本 雅記¹⁾
1) 新潟大学医歯学系システム生化学分野、2) 九州大学プラズマナノ界面工学センター
- P48-D** Hive:質量分析データの解析を支援する新たな汎用形式と読込用 API
Hive: A new standard format and reader API for mass spectrometry data analysis
多田 一風太¹⁾、萬年 一斗¹⁾、○ 金澤 光洋¹⁾、荻原 淳¹⁾
1) ライフィクス株式会社
- P49-A** アトピー性皮膚炎における皮膚細菌叢と血清細胞外小胞に含有される細菌成分の網羅的な解析
Comprehensive proteomic identification and quantification of skin microbiota and serum extracellular vesicles in atopic dermatitis.
○ 河合 亨¹⁾、村岡 賢²⁾、足立 淳²⁾、朝長 毅²⁾、阿部 理一郎¹⁾
1) 新潟大学医歯学総合病院皮膚科、2) 医薬基盤・健康・栄養研究所

P50-B Phos-tag 技術を用いた新型コロナウイルスヌcleoカプシドタンパク質 (NP) の機能的リン酸化部位の同定

Phosphopeptide enrichment using Phos-tag technology reveals functional phosphorylation of the nucleocapsid protein of SARS-CoV-2

井野 洋子¹⁾、西 真由子²⁾、山岡 悠太郎^{2,3)}、宮川 敬²⁾、梁 明秀^{1,2)}、

○ 木村 弥生¹⁾

1) 横浜市立大学 先端医科学研究センター、2) 横浜市立大学医学部 微生物学教室、
3) 関東化学株式会社 技術・開発本部 生命科学研究所

P51-C 質量分析による過酸化水素処理した血清アルブミンの酸化修飾の定量と、酸化アルブミンの免疫による自己抗体の産生

Production of autoantibodies by immunization with hydrogen peroxide-treated oxidized serum albumin.

高林 直紀¹⁾、山路 晃誠¹⁾、○ 衣川 千晴¹⁾、山根 沙都¹⁾、吉元 瞭²⁾、

永井 宏平^{1,2)}

1) 近畿大学生物理工学部遺伝子工学科、2) 近畿大学大学院生物工学専攻

P52-D iMPAQT プラットフォームによる代謝酵素の包括的定量分析

—安定同位体標識 QconCAT を用いた新メソッドとトランスジェニックマウスへのアプリケーション—

Comprehensive Quantitative Analysis of Metabolic Enzymes Using iMPAQT platform: Application to Transgenic Mice with Stable Isotope-labeled QconCAT

○ 橋高 宏貴^{1,2)}、伊神 恒^{1,2)}、新田 真一郎^{1,2)}、八木 美佳子³⁾、瀬戸山 大樹⁴⁾、早川 真奈美¹⁾、康 東天⁵⁾、内海 健³⁾、松本 雅記⁶⁾、中山 敬一⁷⁾

1) 九州プロサーチ有限責任事業組合、2) 株式会社 LSI メディエンス、3) 九州大学大学院 医学研究院 保健学部門、4) 九州大学病院 検査部、5) 九州大学大学院 医学研究院 臨床検査医学分野、6) 新潟大学大学院 医歯学総合研究科 オミクス生物学分野、7) 九州大学 生体防御医学研究所 分子医科学分野

P53-A チオレドキシシステムを介した前立腺がん細胞内レドックス制御のプロテオーム解析

Proteome analysis of redox regulation through thioredoxin system in prostate cancer cells.

○ 小林 大樹¹⁾、高見 知代¹⁾、松本 雅記¹⁾

1) 新潟大学大学院医歯学総合研究科オミクス生物学分野

- P54-B** タンパク質切断状態の詳細分析を目指した GeLC-MS/MS 法の高感度化
Enhanced sensitivity of GeLC-MS/MS for detailed analysis of protein cleavage states.
○ 小寺 義男^{1,2)}、龍門 代里子¹⁾、奥田 悠世¹⁾、芦田 甲斐^{1,3)}、須藤 愛莉咲¹⁾、松井 崇^{1,2)}
1) 北里大学大学院理学研究科、2) 北里大学理学部附属疾患プロテオミクスセンター、3) 北里大学大学院医療系研究科
- P55-C** 安定同位体標識法を用いたタンパク半減期の臓器差比較
Comparison of protein half-lives in multi-tissues using stable isotope labelling kinetics (SILK)
○ 小杉 洋平¹⁾、佐藤 翔¹⁾、松本 真一¹⁾、岩崎 慎治¹⁾、成田 直浩²⁾
1) 武田薬品工業株式会社 薬物動態研究所、2) 武田薬品工業株式会社 ニューロサイエンス創薬ユニット
- P56-D** ショットガン解析により獲得した GPC1 の肺腺がん診断マーカーとしての可能性
Investigation of the utility of GPC1 obtained by shotgun analysis as a diagnostic marker for lung adenocarcinoma
○ 朽津 有紀^{1,2,3)}、西原 奈菜枝²⁾、田村 慶介²⁾、溜 亜海⁵⁾、今井 基貴^{1,2,3)}、村雲 芳樹⁴⁾、三枝 信⁴⁾、小寺 義男⁵⁾、長塩 亮^{1,2,3)}
1) 北里大学 医療衛生学部 臨床検査学、2) 北里大学大学院 医療系研究科 応用腫瘍病理学、3) 北里大学 医療衛生学部附属再生医療・細胞デザイン研究施設、4) 北里大学 医学部 病理学、5) 北里大学 理学部 生命物理学
- P57-A** 高深度プロテオミクスを用いた血液脳関門の種差の解明
Deep proteomic analysis of species differences in the blood-brain barrier between mice and humans
○ 隈部 遥香¹⁾、増田 豪²⁾、降幡 知巳³⁾、伊藤 慎悟^{1,4)}、荒木 令江⁴⁾、大槻 純男^{1,4)}
1) 熊本大院薬、2) 慶應大先端研、3) 東京薬科大薬、4) 熊本大院生命科学
- P58-B** ストレスのホルミーシス効果に関わるプロテオームの機能的変化の解析
Proteomic analysis for hermetic response induced by oxidative stress
○ 久野 敦也¹⁾、紀藤 圭治¹⁾
1) 明治大学大学院・農学研究科

- P59-C** 標的タンパク質同定に向けたヒスチジン重水素置換質量分析法の検討
Histidine hydrogen-deuterium exchange (His-HDX) approach for identifying protein-ligand interactions by monitoring the thermal stability of proteins
田中 恒平¹⁾、岸本 太郎¹⁾、渡辺 心子¹⁾、光井 かおり¹⁾、奥村 千英子¹⁾、
村崎 広太¹⁾、宮城 大²⁾、○ 栗本 綾子³⁾、Sen Ilker³⁾
1) 田辺三菱製薬、2) ケース・ウェスタン・リザーブ大学、3) プロテインメトリック
クス
- P60-D** 卵巣明細胞癌における LRRK2 発現は抗腫瘍作用として機能する
A functional role of LRRK2 for a favorable prognostic factor in ovarian clear cell carcinoma
○草深 桃子¹⁾、松本 俊英¹⁾、長瀬 華那¹⁾、伊東 由夏¹⁾、三枝 信²⁾、高橋 博之¹⁾
1) 北里大学医療衛生学部病理学、2) 北里大学医学部病理学
- P61-A** ハイスループット 1 細胞プロテオミクスシステムの構築
Water droplet in oil digestion method-aided high-throughput single-cell proteomics
○ 増田 豪¹⁾、山廣 万貴²⁾、伊藤 慎悟^{2,3)}、大槻 純男^{2,3)}
1) 慶應義塾大学 先端生命科学研究所、2) 熊本大学薬学部、3) 熊本大学大学院生命科学研究部
- P62-B** GRable Version 1.0 : Glyco-RIDGE 法による部位特異的グリコフォーム解析自動化ソフトウェアの開発
GRable Version 1.0: A software tool for an MS1-based site-specific glycoform analysis by a Glyco-RIDGE method
○ 岡谷 千晶¹⁾、富永 大介¹⁾、富岡 あづさ¹⁾、坂上 弘明¹⁾、合田 徳夫²⁾、
洪 繁²⁾、久野 敦¹⁾、梶 裕之^{1,3)}
1) 産業技術総合研究所 細胞分子工学研究部門、2) 慶應義塾大学医学部、
3) 名古屋大学 糖鎖生命コア研究所

- P63-C** 卵巣明細胞癌における MAP4 発現解析とその臨床病理学的因子との相関性
MAP4 overexpression is a poor prognostic factor in ovarian clear cell carcinoma
○長瀬 華那¹⁾、松本 俊英¹⁾、草深 桃子¹⁾、紺野 亮²⁾、小寺 義男³⁾、伊東 由夏¹⁾、三枝 信⁴⁾、高橋 博之¹⁾
1) 北里大学医療衛生学部病理学、2) かずさ DNA 研究所ゲノム事業推進部、
3) 北里大学理学部附属疾患プロテオミクスセンター、4) 北里大学医学部病理学
- P64-D** 新世代 Thermo Scientific™ Orbitrap™質量分析計と新たな解析プラットフォームを用いたハイスループット DIA ワークフロー
High-throughput DIA workflow using a new generation Orbitrap mass spectrometer and a new processing platform
○ 永島 良樹¹⁾
1) サーモフィッシャーサイエンティフィック株式会社
- P65-A** 肺腺がんにおける CD46 発現の診断的有用性について
Diagnostic utility of CD46 for lung adenocarcinoma
○ 長塩 亮^{1,2,3)}、朽津 有紀^{1,2,3)}、西原 奈菜枝²⁾、田村 慶介²⁾、今井 基貴^{1,2,3)}、須藤 愛莉咲⁴⁾、村雲 芳樹⁵⁾、三枝 信⁵⁾、小寺 義男⁴⁾
1) 北里大学医療衛生学部臨床検査学、2) 北里大学大学院 医療系研究科 応用腫瘍病理学、3) 北里大学 医療衛生学部附属再生医療・細胞デザイン研究施設、
4) 北里大学 理学部 生命物理学、5) 北里大学 医学部 病理学
- P66-B** Unified-HILIC/AEX/MS/MS による極性メタボロームとリピドームの同時分析
Simultaneous analysis of polar metabolome and lipidome by unified-HILIC/AEX/MS/MS
○ 中谷 航太¹⁾、池田 和輝¹⁾、高橋 政友¹⁾、馬場 健史¹⁾、和泉 自泰¹⁾
1) 九州大学生体防御医学研究所

- P67-C** 肺腺がんの早期診断マーカーとしての ABCC3 の有用性について
Usefulness of ABCC3 as a diagnostic marker for early stage of lung adenocarcinoma
○ 西原 奈菜枝¹⁾、朽津 有紀^{1,2,3)}、田村 慶介¹⁾、今井 基貴^{1,2,3)}、小寺 義男⁴⁾、溜 亜海⁴⁾、長塩 亮^{1,2,3)}
1) 北里大学大学院 医療系研究科 応用腫瘍病理学、2) 北里大学 医療衛生学部 臨床検査学、3) 北里大学 医療衛生学部附属再生医療・細胞デザイン研究施設、4) 北里大学 理学部 生命物理学
- P68-D** 藍染の伝統技術の解明に向けた藍甕付着物のメタプロテオーム解析
Proteomics Approach to the Biomolecule Degradation of Indigo Dyeing Vessel Deposits
○ 西内 巧¹⁾、齋藤 秀樹²⁾、村上 夏希³⁾、中野 正貴¹⁾、中山 誠二⁴⁾、庄田 慎矢¹⁾
1) 金沢大学、2) 南アルプス市教育委員会、3) 奈良文化財研究所、4) 帝京大学
- P69-A** プロテオミクス解析によるサル脳海馬 CA1 と DG の酸化ストレス耐性機構の解明
Proteomic analysis of oxidative stress resistance mechanisms in hippocampus CA1 and DG of monkeys after ischemia-reperfusion
森 有利絵¹⁾、山嶋 哲盛²⁾、小林 果¹⁾、村田 真理子¹⁾、○ 及川 伸二¹⁾
1) 三重大学大学院医学系研究科 環境分子医学、2) 金沢大学大学院医学系研究科 脳機能制御学
- P70-B** プロテオーム解析を用いた隆起性皮膚線維肉腫および線維肉腫所見を伴う隆起性皮膚線維肉腫の分子的な差異の探索
Proteomic analysis to identify the molecular differences between dermatofibrosarcoma protuberans and fibrosarcomatous dermatofibrosarcoma protuberans
○ 小野 拓也^{1,2)}、野口 玲¹⁾、大崎 珠理亜¹⁾、安達 雄輝¹⁾、秋山 太郎¹⁾、吉松 有紀³⁾、近藤 格^{1,4)}
1) 国立がん研究センター研究所 希少がん研究分野、2) 長崎大学大学院医歯薬学総合研究科 医療科学専攻、3) 栃木県立がんセンター研究所 患者由来がんモデル研究分野、4) 栃木県立がんセンター研究所 腫瘍プロテオゲノミクス研究分野

P71-C CIC-rearranged sarcoma の治療法の開発：患者由来がんモデルを用いた抗がん剤スクリーニングとキナーゼ活性解析

Development of treatments for CIC-rearranged sarcomas: Multiplex kinase activity analysis and drug screening using patient-derived cancer models

○ 大崎 珠理亜¹⁾、野口 玲¹⁾、小野 拓也¹⁾、安達 雄輝¹⁾、柳原 五吉¹⁾、吉松 有紀²⁾、太田 力³⁾、近藤 格^{1,4)}

1) 国立がん研究センター研究所 希少がん研究分野、2) 栃木県立がんセンター研究所 患者由来がんモデル研究分野、3) 常葉大学 保健医療学部、4) 栃木県立がんセンター研究所 腫瘍プロテオゲノミクス研究分野

P72-D 出芽酵母近縁種間比較解析によるプロテオームバランスと細胞増殖能の関係性の解析

Interspecies comparative proteomic analysis to reveal involvement of proteome balance of each functional group in yeast cell growth

○ 佐々木 慎¹⁾、紀藤 圭治¹⁾

1) 明治大学大学院・農学研究科

P73-A ハイブリッド四重極飛行時間型システムにおける data-independent acquisition (DIA) を使用して、マイクロフローLC グラジエント 1 分あたり 1000 個のタンパク質を定量化する

Quantifying 1000 protein groups per minute of gradient using data-independent acquisition (DIA) on a hybrid quadrupole time-of-flight system

○ 柴田 猛¹⁾、建田 潮¹⁾、モリス ニック²⁾、バトラーフ イホル³⁾、プリビル パトリック³⁾

1) 株式会社エービー・サイエックス、2) SCIEX UK、3) SCIEX Canada

P74-B 同重体標識アフィニティー精製-質量分析法を用いた抗 HCP 抗体の免疫反応プロファイリング

Immunoreactivity Profiling of Anti-Chinese Hamster Ovarian Host Cell Protein Antibodies by Isobaric Labeled Affinity Purification-Mass Spectrometry

○ 高木 俊輔^{1,2)}、柴田 真吉²⁾、鈴木 信幸²⁾、石濱 泰^{1,3)}

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 第一三共株式会社、

3) 医薬基盤・健康・栄養研究所

- P75-C** Pulsed SILAC データに特化した解析ソフトウェアの開発
Development of analysis software specialized for pulsed SILAC data
○ 高見 知代¹⁾、幡野 敦¹⁾、松本 雅記¹⁾
1) 新潟大学大学院医歯学総合研究科
- P76-D** プロテオーム解析により見出した claudin-1 の新規役割
Regulatory roles of claudin-1 in cell adhesion and microvilli formation discovered by a shotgun proteome analysis
○ 高澤 久美¹⁾、高澤 啓¹⁾、秋元 太志^{1,2)}、真柄 和史¹⁾、青山 智志¹⁾、村上 太郎¹⁾、及能 大輔¹⁾、小野 佑輔¹⁾、村田 雅樹¹⁾、小山内 誠¹⁾
1) 札幌医科大学 医学部 病理学第2講座、2) 札幌医科大学 医学部 産婦人科学講座
- P77-A** 便プロテオーム解析を用いた短腸症候群患児特異的ヒト由来タンパク質の探索
Investigation of human-derived proteins specific to children with short bowel syndrome using stool proteome analysis
○ 高澤 慎也^{1,2)}、渡辺 栄一郎^{1,2)}、川島 祐介³⁾、紺野 亮³⁾、石川 将己³⁾、柿原 知^{1,4)}、吉田 真理子¹⁾、森田 香織¹⁾、一瀬 諒紀¹⁾、泊 卓志¹⁾、松田 理奈¹⁾、西 明²⁾、小原 収³⁾、藤代 準¹⁾
1) 東京大学医学系研究科 小児外科学、2) 群馬県立小児医療センター 外科、3) かずさ DNA 研究所、4) 理化学研究所 生命医科学研究センター マイクロバイオーム研究チーム
- P78-B** がん幹細胞様細胞の膜タンパク質に着目した新規バイオマーカーの探索
Search for novel biomarkers focused on plasma membrane proteins of cancer stem cell-like cells
○ 田村 慶介¹⁾、朽津 有紀^{1,2)}、今井 基貴^{1,2)}、須藤 愛莉咲³⁾、奥田 悠世³⁾、小寺 義男³⁾、西原 奈菜枝¹⁾、村雲 芳樹⁴⁾、三枝 信⁴⁾、長塩 亮^{1,2)}
1) 北里大学大学院 医療系研究科 応用腫瘍病理学、2) 北里大学 医療衛生学部附属 再生医療・細胞デザイン研究施設、3) 北里大学 理学部 生命物理学、4) 北里大学 医学部 病理学

- P79-C** 疾患マルチオミクスデータ解釈を支援する KeyMolnet 分子ネットワーク解析
Molecular network analysis of multi-omics data.
○ 谷口 理恵¹⁾、重高 美紀¹⁾、井上 陽子¹⁾、岩崎 奈可子¹⁾、太田 美枝子¹⁾、
増野 和子¹⁾、宮原 静¹⁾、重高 誠¹⁾
1) 株式会社 KM データ
- P80-D** Chemical digestion-assisted extracellular matrix profiling of human
periodontal ligament
○ Thant Lay^{1,2)}、Kaku Masaru³⁾、Dobashi Azusa³⁾、Kakihara Yoshito²⁾、
Matsumoto Masaki⁴⁾、Saito Isao¹⁾、Uoshima Katsumi³⁾
1) Division of Orthodontics, Faculty of Dentistry and Graduate School of
Medical and Dental Sciences, Niigata University、2) Division of Dental
Pharmacology, Faculty of Dentistry and Graduate School of Medical and
Dental Sciences, Niigata University、3) Division of Bio-prostodontics, Faculty
of Dentistry and Graduate School of Medical and Dental Sciences, Niigata
University、4) Department of Omics and Systems Biology, Graduate School
of Medical and Dental Sciences, Niigata University
- P81-A** オートファジーにより生じたアミノ酸のタンパク質合成への再利用の解析
Analysis of the reusing of amino acids generated via autophagy for protein
synthesis
○ 富尾 英司¹⁾、紀藤 圭治¹⁾
1) 明治大学大学院・農学研究科
- P82-B** ゼブラフィッシュの個体発生過程において変動するリボソームのユビキチン化
Analysis of ribosome ubiquitination during zebrafish development
○ 宇賀神 希¹⁾、今見 考志²⁾、高田 啓¹⁾、千葉 志信¹⁾、三嶋 雄一郎¹⁾
1) 京都産業大学大学院 生命科学研究科、2) 理化学研究所 IMS
- P83-C** スクシニル化タンパク質の網羅的解析を可能とする新規タグ分子の開発
Proteomic analysis of protein succinylation enabled by new chemical tags
○ 梅澤 啓太郎¹⁾、津元 裕樹¹⁾、川上 恭司郎¹⁾、三浦 ゆり¹⁾
1) 東京都健康長寿医療センター研究所

- P84-D** 約 5 年間に認知機能が低下した高齢者と認知機能を維持した高齢者の尿プロテオームの比較
Comparison of urinary proteomes of cognitively impaired and cognitively maintained elderly over a period of approximately 5 years; a pilot study
○ 渡邊 裕美¹⁾、平尾 嘉利^{2,3)}、春日 健作⁴⁾、北村 香織¹⁾、中村 和利¹⁾、山本 格²⁾
1) 新潟大学大学院社会・環境医学分野、2) 新潟大学生体液バイオマーカーセンター、3) 沖縄科学技術大学院大学機器分析センター、4) 新潟大学脳研究所遺伝子機能解析学分野
- P85-A** 独立成分分析を用いた MS/MS デコンボリューション
MS/MS deconvolution by Independent Component Analysis
○ 山本 博之¹⁾
1) 質量分析インフォマティクス研究会
- P86-B** 糖尿病の HbA1c と相関する尿中タンパク質の定量プロテオミクスによる探索
Discovery of urinary proteins correlating with HbA1c by quantitative proteomics
○ 山本 恵子¹⁾、柳田 憲吾¹⁾、Elguoshy Amr¹⁾、内許 智博¹⁾、山本 格^{1,2)}
1) 新潟大学生体液バイオマーカーセンター、2) 信楽園病院検査科
- P87-C** クモ網設計図の理解に向けた糸プロテオーム解析
Spider silk proteome analysis for understanding web blueprints
○ 山本 フィリップ^{1,2)}、森 大^{1,2,3)}、増田 豪^{1,2)}、河野 暢明^{1,2,4)}
1) 慶大・先端生命研、2) 慶大院・政策メディア・先端生命、
3) Current Address, 名大・未来社会、4) 慶大・環境情報
- P88-D** 抗体医薬品の NG 配列における脱アミド化反応の解析
Analysis of deamidation reactions in NG sequences of antibody drugs
○ 山中 結子¹⁾、鎌田 春彦¹⁾
1) 国立研究開発法人 医薬基盤・健康・栄養研究所

日本プロテオーム学会 2023 年大会 JPrOS2023 (21st JHUPO)

広告



Phos-tag technology

Phos-tag(フォスタグ)とは、 広島大学の医薬分子機能科学研究所が開発したリン酸モノエステルアニオン (R-OPO₃²⁻) を中性 pH(生理的 pH) において捕捉する機能性分子です

Phos-tag Acrylamide 電気泳動によるリン酸化状態解析

Phos-tag 分子にアクリルアミドを結合させた製品です。

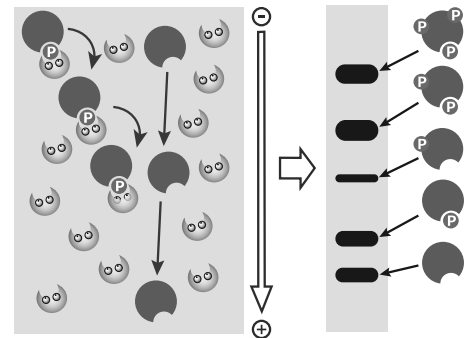
電気泳動用のゲルに共重合させ、錯体化 (Mn²⁺ or Zn²⁺) することで Phos-tag 電気泳動用のゲルを作成します。

Phos-tag 電気泳動では目的タンパク質のリン酸化状態に応じて分離することができます。

泳動後は各種染色の他、ウエスタンブロットングや質量分析にも使用可能です。

リン酸化タンパク質は、ゲルに固定された Phos-tag と可逆的な結合を繰り返しながら泳動されるため、相当する非リン酸化タンパク質よりも異動が遅れ、泳動像としては非リン酸化タンパク質よりもシフトアップします。

一つのタンパク質分子内に複数のリン酸化部位が存在して、様々なリン酸化状態が混在するタンパク質についてその状態の違いを移動度の異なるバンドとして分離可能です。さらには、同一タンパク質においてリン酸化アミノ酸残基数が同じであってもその部位が異なる場合には、移動度の異なるバンドとして検出される特徴があるため、リン酸化状態の違いを高精度かつ高感度に分析することができます。



Phos-tag TM Acrylamide	Pkg. Size	Amount of ligand (Form)	希望小売価格(税込)
AAL-107 (wako cat# 304-93521)	10mg	Phos-tag /Acrylamide=1/1 (Mn ²⁺ -unbound ligand)	¥66,000
AAL-107M (wako cat# 300-93523)	2mg	Phos-tag /Acrylamide=1/1 (Mn ²⁺ -unbound ligand)	¥27,500
5mM水溶液 AAL-107S1 (wako cat# 304-93526)	0.3mL	Phos-tag /Acrylamide=1/1 (Mn ²⁺ -unbound ligand)	¥16,500

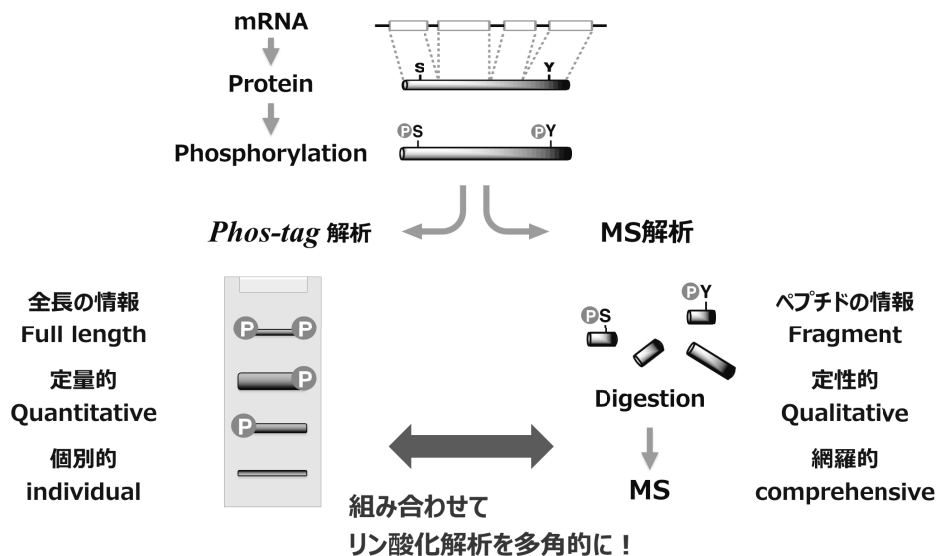
弊社にご注文いただくか、富士フイルム和光純薬株式会社またはその代理店にお問合せください。

質量分析と組み合わせるとより多角的なリン酸化プロテオミクスが実現できます

Phos-tag 解析ではタンパク質の全長を保ったままリン酸化状態の違う分子種を分離し、それぞれがどのくらいの割合で存在したのかを可視化できます。

MS 解析の場合は、酵素によってペプチドへと断片化してからリン酸化アミノ酸残基を同定します。

両者を組み合わせることにより、異なる観点からリン酸化タンパク質の解析が可能になります。



株式会社ナード研究所 神戸研究所 コーポレート研究部



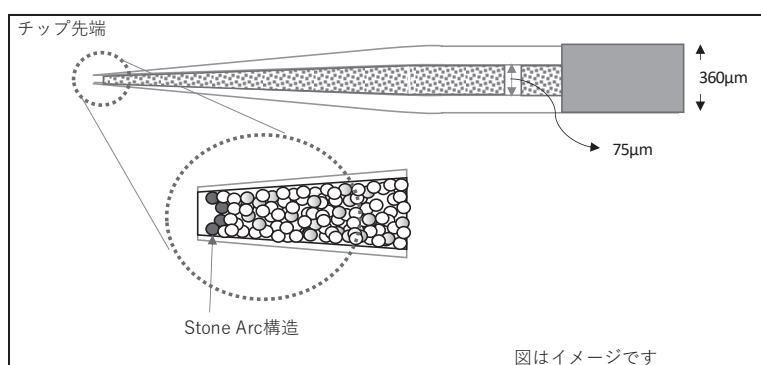
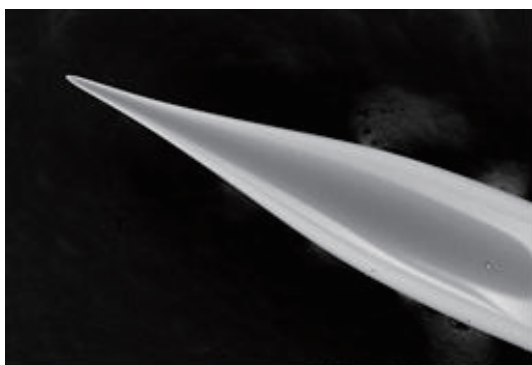
<https://www.nard.co.jp>

〒650-0047 神戸市中央区港島南町 5-4-1
TEL:078-958-7026 FAX:078-958-8026
E-mail:corporate@nard.co.jp

NANO HPLC CAPILLARY COLUMN

充填長 25 cm 以上のロングタイプ

弊社で製造販売しております、カラム・チップ一体型の NANO HPLC CAPILLARY COLUMN は現在質量分析装置 (MS) を用いた分析で広くご使用いただいておりますが、樹脂の充填の難しさから通常 15 cm 位までを充填長として販売をして参りました。その後さまざまなテストを繰り返し更にお客様にも評価していただき、現在充填長 25 cm を超える Long Type をご提供できるようになりました。これにより理論段数が増え、より分析精度を上げることが可能になりました。



- **弊社独自の Stone-Arch 方式を採用**

最小 1.9 μm の粒子がアーチ状にキャッピングする構造

- **カラムとチップが一体構造**

デッドボリュームほぼゼロ。微量サンプルに最適

- **独自開発の充填技術によりロングカラムを実現**

高感度化に最適

- **30 cm、40 cm 充填のロングタイプも製造可能**

サンプルによりましてカラムヒーターをお使いください

Mascot Server 蛋白質ペプチド配列検索同定

The leading software package for protein identification and characterisation using mass spectrometry data

Mascot Daemon 検索自動化

The client application for automating the submission of data files to Mascot Server

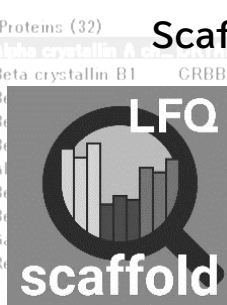
Mascot Distiller ピーク抽出、*de novo*、定量解析

The single, intuitive interface to a wide range of mass spectrometry data files

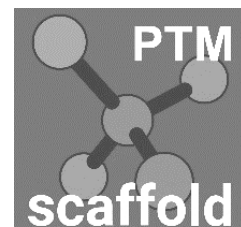
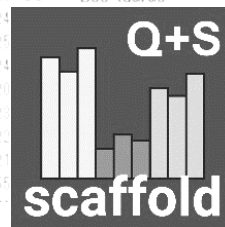
<DDA 解析ワークフロー>



Scaffold5, LFQ 同定タンパク質サンプル間比較

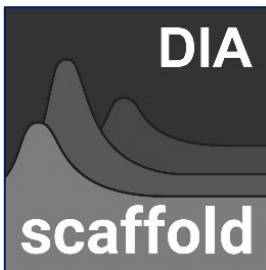


Scaffold Q+S 定量解析グラフィカル表示



Scaffold PTM 翻訳後修飾解析

<DIA 定性/定量プロテオーム解析>



DIA 解析において、RAW データから定性・定量解析、統計解析とその結果表示までの一連作業がワンパッケージで行えるソフトウェアです

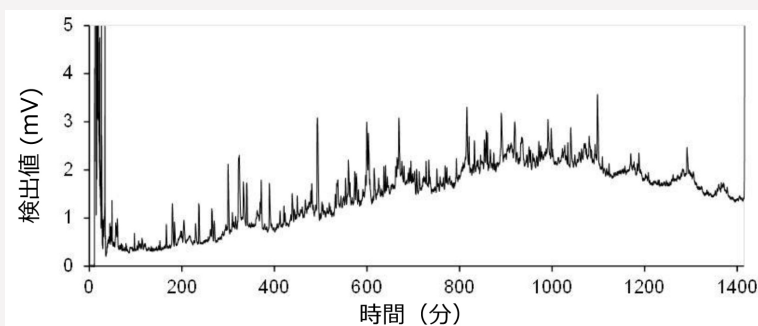
#	>	Protein Name	<	Σ	Σ	Σ	Σ	
1	<input checked="" type="checkbox"/>	AQ UA4SWATH_HMLangeB	AQU_	38 kDa	30	261.355	3.84	3.55
2	<input checked="" type="checkbox"/>	AQ UA4SWATH_MycoplasmaSch...	AQU_	36 kDa	28	217.993	3.68	3.13
3	<input checked="" type="checkbox"/>	AQ UA4SWATH_HMLangeE	AQU_	31 kDa	23	205.007	3.65	3.30
4	<input checked="" type="checkbox"/>	AQ UA4SWATH_PombeSchmidt	AQU_	31 kDa	22	203.837	3.32	3.14
5	<input checked="" type="checkbox"/>	AQ UA4SWATH_Spyo	AQU_	29 kDa	23	201.845	3.69	3.06
6	<input checked="" type="checkbox"/>	AQ UA4SWATH_Tuberculosis	AQU_	28 kDa	24	198.694	3.62	3.18
7	<input checked="" type="checkbox"/>	AQ UA4SWATH_MouseSabido	AQU_	28 kDa	24	194.299	3.80	3.24

ULTRON HF-Phenyl

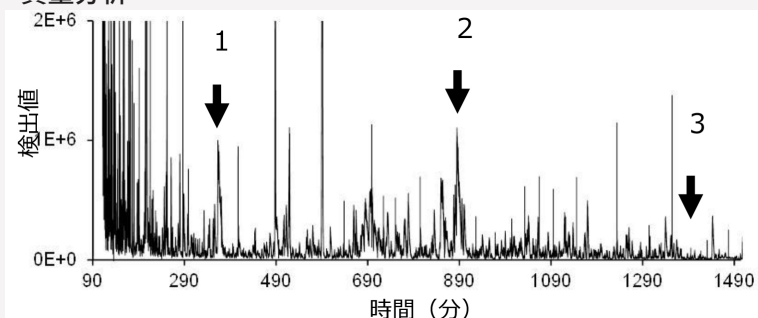
- インタクトタンパク質の精密分離ができます。
- カラム温度 50 ~ 60°Cでも良質なタンパク質ピークを得ることができます。
- 250mm と 700mm の 2 種類のカラム長をご用意しています。
- モノリス型シリカを基材としているため目詰まりが生じにくいです。
- π 電子相互作用が働くため ODS カラムや C4 カラムと異なる分離パターンが得られます。
- 低圧分析が可能のためタンパク質に温和な条件で分析が可能です。
- 高分解能を有しているため、未知成分の探索や多種のタンパク質一斉分析が期待できます。

蛍光誘導体化ヒト細胞 (K562) タンパク質の一斉分離

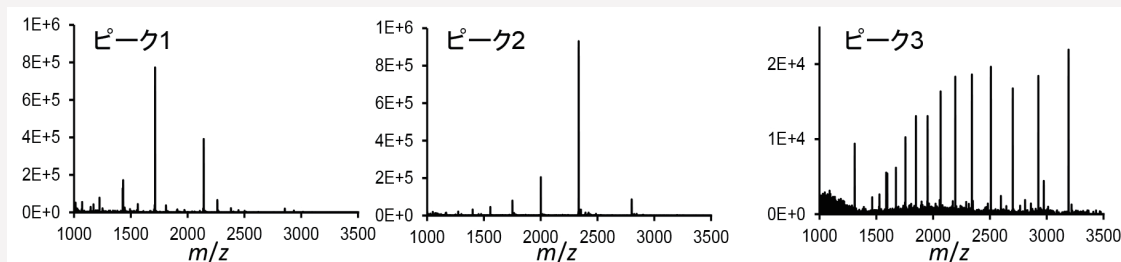
- クロマトグラム (蛍光検出器)



- 質量分析



- マススペクトル



[装置]
 Ultimate 3000 nanoRSLC (ThermoFisher)
 FP-4020 fluorescence detector (JASCO)
 Exactive plus (ThermoFisher)
 [クロマトグラフィ条件]
 Mobile phase A: 0.1%TFA-H₂O
 Mobile phase B: 0.1%TFA-CH₃CN
 Flow rate: 0.5 μ L/min
 Column temperature: 60°C
 Column: ULTRON HF-Phenyl
 (0.1 mm I.D. \times 700 mm, Shinwa Chemical)
 Sample; 1mg/ml human and yeast protein
 (Promega); 蛍光処理を実施
 Injection: 2.0 μ L (human)
 FD detection: 505 nm (ex; 395 nm)
 Capillary temperature: 295 °C
 Spray voltage: 2.15 kV
 CID: 60 eV
 Resolution: 17,500
 m/z range: 1000–3500
 Microscans: 3

H. Kobayashi and K. Imai, *Front. Chem.* (2021), 9,640336.

生命を科学する 明日の医療を切り拓く

実験医学

月刊 毎月1日発行 B5判
定価 2,530円 (本体 2,300円+税10%)

増刊 年8回発行 B5判
定価 6,160円 (本体 5,600円+税10%)

<定期購読のご案内>

冊子のみ	■通常号(月刊)	→ 30,360円
	■通常号(月刊)+増刊	→ 79,640円
冊子+WEB版	■通常号(月刊)+WEB版(月刊)	→ 35,640円
	■通常号(月刊)+増刊+WEB版(月刊)	→ 84,920円

※表示価格は税10%込みです

スマホで読める 実験医学

「実験医学」を記事ごとに購入できる!



2023年
5月号

Aging Clock 生物学的年齢を測る

加齢性疾患を予測・予防し、健康寿命の延伸へ
早野元詞, 寺尾知可史/企画

Vol.41
No.10

健康と疾患を制御する精密栄養学

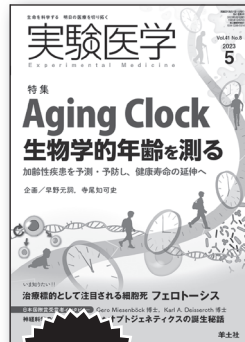
「何を、いつ、どう食べるか?」に、食品機能の解析と個人差を生む分子メカニズムの解明から迫る
國澤 純/編

7月発行!

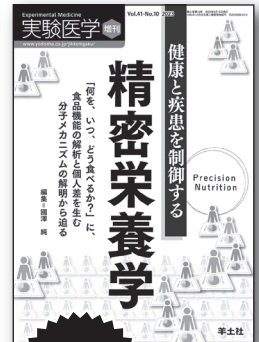
Vol.41
No.13

いま新薬で加速する神経変性疾患研究

異常タンパク質の構造、凝集のしくみから根本治療の真の標的に迫る
小野賢二郎/編



新刊



新刊

決定版 質量分析活用スタンダード

代謝物からタンパク質、食品・環境の分析まで
質量分析のポテンシャルを活かす戦略とプロトコール

馬場健史, 松本雅記, 松田史生, 山本敦史/編

■定価 7,920円 (本体 7,200円+税10%) ■B5判 ■約350頁 ■ISBN 978-4-7581-2264-1

大会長
松本雅記先生
ら編集

生命科学・医学研究におけるメタボロミクスやプロテオミクスから、食品・環境の検査まで、幅広い活用例を収載しているから、比較しながら最適な活用法を選択できる! 質量分析の活用の幅がもっと広がる! ラボ新入生の教育にも使える1冊です。



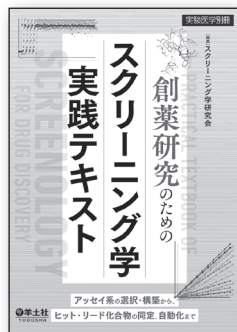
新刊

創薬研究のためのスクリーニング学 実践テキスト

アッセイ系の選択・構築から、ヒット・リード化合物の同定、自動化まで

スクリーニング学研究会/編

■定価 9,900円 (本体 9,000円+税10%)
■B5判 ■374頁
■ISBN 978-4-7581-2258-0



創薬研究のための相互作用解析 パーフェクト

低中分子・抗体創薬におけるスクリーニング戦略と実例、in silico解析、一歩進んだ分析技術まで

津本浩平, 前仲勝実/編

■定価 9,900円 (本体 9,000円+税10%)
■B5判 ■368頁
■ISBN 978-4-7581-2256-6

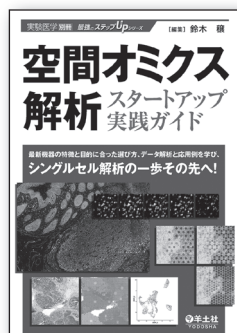


空間オミクス解析 スタートアップ実践ガイド

最新機器の特徴と目的に合った選び方、データ解析と応用例を学び、シングルセル解析の一步その先へ!

鈴木 穰/編

■定価 8,580円 (本体 7,800円+税10%)
■B5判 ■244頁
■ISBN 978-4-7581-2261-0

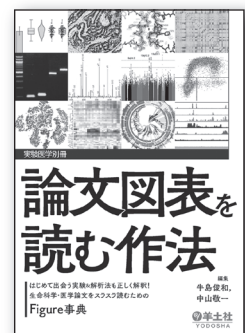


論文図表を読む作法

はじめて出会う実験&解析法も正しく解釈! 生命科学・医学論文をスラスラ読むためのFigure事典

牛島俊和, 中山敬一/編

■定価 4,950円 (本体 4,500円+税10%)
■A5判 ■288頁
■ISBN 978-4-7581-2260-3



発 行 **羊土社**
YODOSHA

〒101-0052 東京都千代田区神田小川町2-5-1 TEL 03(5282)1211 FAX 03(5282)1212

E-mail: eigyo@yodosha.co.jp

URL: www.yodosha.co.jp

ご注文は最寄りの書店、または小社営業部まで

次世代定量プロテオミクス受託解析 iMPAQT法

in vitro proteome-assisted MRM for Protein Absolute Quantification



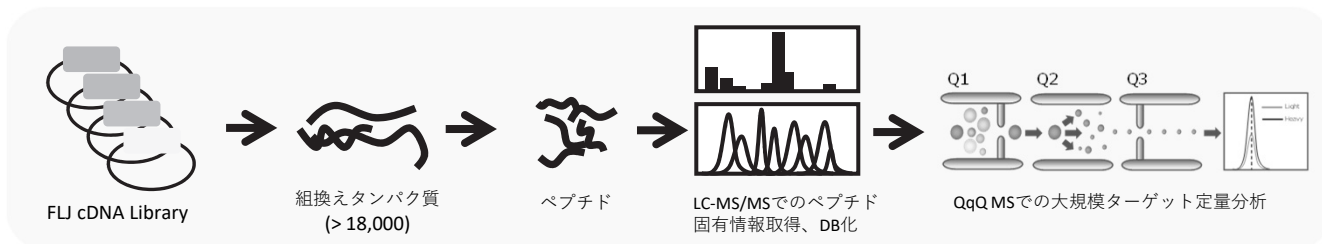
KPSL

九州プロサーチLLP

MRM技術を発展させた、大規模ターゲット定量分析技術

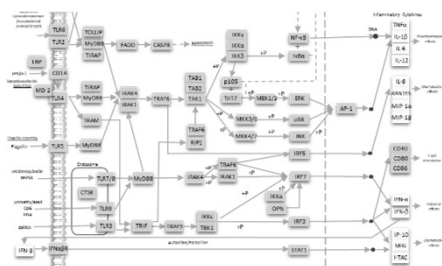
iMPAQT (in vitro proteome-assisted MRM for Protein Absolute Quantification) とは、18,000種以上の組換えタンパク質から構築したLC-MS/MSメソッドライブラリーを使用してタンパク質を測定する技術です。短時間に大規模な定量分析ができるため、医学・生命科学研究分野での活躍が期待されています。

iMPAQT概要

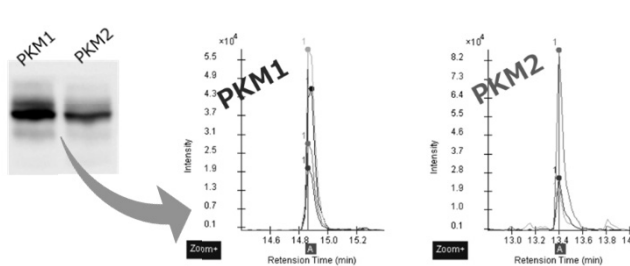


本法の特徴

パルスエイタンパク質の同時定量分析



抗体での分離が困難なアイソフォームの分析



サービス概要

測定メニュー	代謝酵素 (ヒトまたはマウス、1100種類) 代謝酵素 (ヒト、約340種類) 免疫応答タンパク質 (ヒト、約370種類)
材料	培養細胞、凍結組織、血球成分、エクソソーム等
報告内容	各タンパクの定量値 (〇〇 fmol / μg total protein) ヒートマップ、PCA等の解析結果、各種統計解析の結果
納期	サンプル受領後4~8週間

上記の測定メニュー外のカスタムタンパク質定量解析、メタボロミクスやリポドミクス、遺伝子発現解析などの各種オミクス解析、免疫アッセイ等の受託分析も行っております。

<お問い合わせ先>

九州プロサーチ有限責任事業組合



〒819-0388 福岡県福岡市西区九大新町4-1
TEL:092-805-3239 FAX:092-805-3239
MAIL: info@kpsl.jp
URL: <https://www.kpsl.jp>



安定同位体標識化合物

Stable Isotope for Structural Biology

大腸菌は多次元NMRでの構造解析に必須な安定同位体標識化合物を高品質・お求めやすい価格で販売しております。

無細胞タンパク質受託合成

細胞内タンパク質、分泌系タンパク質、膜タンパク質合成を承ります。
弊社HPの専用フォームより簡単にご依頼いただけます。

- 鋳型DNA設計・作製
- 条件検討試験
- 発現・可溶性確認試験
- 大スケール合成



無細胞くん®

理化学研究所の高度な無細胞タンパク質合成技術をキット化したしました。大腸菌抽出液を用いており、抗体や膜タンパク質などをはじめ各種タンパク質を迅速・簡便に大量合成し、高効率に安定同位体標識できます。



■ 無細胞くんStart特徴

無細胞タンパク質合成をお手軽にお試いただけます。小スケール(0.1mL)反応を付属の微量透析カップで6回実施できます。発現量や可溶性の確認および条件検討用に最適です。

製品番号	製品名	数量	保存温度	希望納入価格(円)
A183-0242	無細胞くんStart	1キット (0.1mL反応×6回分)	-80℃	28,000
A89-0126	無細胞くんSI SS	1キット (1mL反応×1回分)	-80℃	65,000
A29-0059	無細胞くんSI	1キット (1mL反応×1回分)	-80℃	55,000

◎ PCRで調製した直鎖状DNAもご使用いただけます。

国立研究開発法人 科学技術振興機構「産学共同シーズイノベーション化事業」の支援を受け、開発された製品です。

無細胞くん用 安定同位体標識アミノ酸・膜タンパク質合成用試薬

■ SAIL メチル・芳香族選択標識

製品番号	製品名	数量	希望納入価格(円)
SAT2001	SAIL アミノ酸混合物水溶液	1mL	220,000
G07-0226	[δ 2- $^{13}\text{C}_3$, ^2H]Leu + [γ 1- $^{13}\text{C}_3$, ^2H]Val + 18種重水素標識アミノ酸	1mL	120,000

■ 各種安定同位体標識アミノ酸

製品番号	製品名	数量	希望納入価格(円)
A107-0144	アミノ酸混合物水溶液-UL-d	1mL	25,000
A39-0072	アミノ酸混合物水溶液-UL- ^{15}N	1mL	15,000
A41-0074	アミノ酸混合物水溶液-UL- ^{15}N ,d	1mL	18,000
A40-0073	アミノ酸混合物水溶液-UL- ^{13}C , ^{15}N	1mL	30,000
A42-0075	アミノ酸混合物水溶液-UL- ^{13}C , ^{15}N ,d	1mL	35,000
A91-0128	アミノ酸混合物水溶液-Lys,Arg-UL- ^{13}C , ^{15}N	1mL	20,000
A92-0129	アミノ酸混合物水溶液-Lys,Leu-UL- ^{13}C , ^{15}N	1mL	20,000
A108-0145	アミノ酸混合物水溶液-SeMet	1mL	12,000

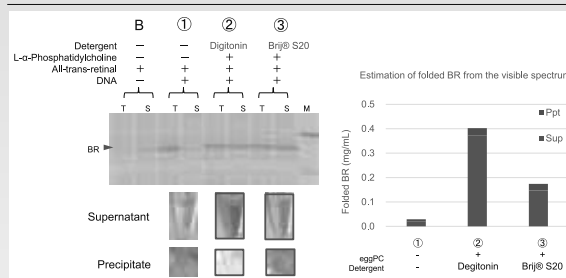
20種類のアミノ酸を含有しております。

■ 膜タンパク質合成用試薬

製品番号	製品名	数量	希望納入価格(円)
A226-0290	膜タンパク質合成用添加剤 Set A	1キット	20,000

膜タンパク質 発現例

Bacteriorhodopsin



Purplish brown color represents proper folding of Bacteriorhodopsin.

用途例

- ◎ スクリーニング用多検体発現、細胞毒性タンパク質発現、変異体発現
- ◎ 多次元NMR、クライオ電子顕微鏡、X線回折、中性子線回折等による構造解析用タンパク質発現
- ◎ 質量分析用安定同位体標識タンパク質発現

核酸

- 10%, 20% Phosphoramidites (^{13}C , ^{15}N , d)
- NTPs / NMPs (^{13}C , ^{15}N , d) ● RNA-DNAオリゴマ合成

培地

- D-Glucose (^{13}C , d) ● Salts (^{15}N , d)
- Deuterium Oxide 99.9atom%

アミノ酸・ケト酸

- L-Amino Acids (^{13}C , ^{15}N , d) ● Algal Amino Acids (^{13}C , ^{15}N , d)
- α -Keto Acids (^{13}C , d)

その他

- Deuterated NDSB
- Lanthanide Tag
- Water- ^{17}O (10-90atom%) ● Pf1 NMR Cosolvent

※Biomolecular NMR専門カタログをご用意しておりますのでお気軽にお問い合わせください。

製造・総販売元 **大陽日酸株式会社** イノベーションユニット SI事業部

〒108-0014 東京都港区芝 5-30-9 藤ビル
TEL.03-5439-5897 Fax.03-5439-5883
メールアドレス Isotope.TNS@tn-sanso.co.jp
ホームページアドレス <https://stableisotope.tn-sanso.co.jp>
●資料のご請求は、大陽日酸までお気軽にご用命ください。



バイオ・ラッドの 蛍光ウェスタンブロッティング

- 独自開発の新規蛍光色素 StarBright Blue による高感度検出
- 5 波長の蛍光検出に対応した ChemiDoc Touch MP による高い定量性と高解像度検出
- Stain-Free 技術による総タンパク質ノーマライズに対応

デモ受付中！
お気軽にご依頼ください。



<https://info.bio-rad.com/cdtmp-demo-jp.html>



バイオ・ラッド ラボラトリーズ株式会社

〒140-0002 東京都品川区東品川 2-2-24

<https://www.bio-rad.com>

* 本製品は研究用であり、診断目的にはご利用いただけません。

BIO-RAD

XV PANTERA LL Gel series

高分解能のまま長期保存を可能にした

Long Life Gel です!

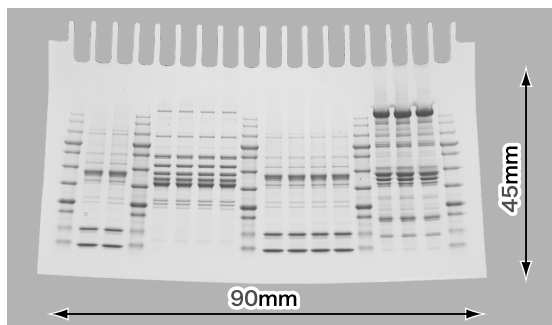
- 長期保存OK! (保存期間は製造後1年間)
- XV PANTERA Gel series のパフォーマンスはそのまま長期保存を可能にしました!
- サンプルバッファー、泳動バッファーは、XV PANTERA Gel series 用でOK!

Specifications (各サイズ共通)

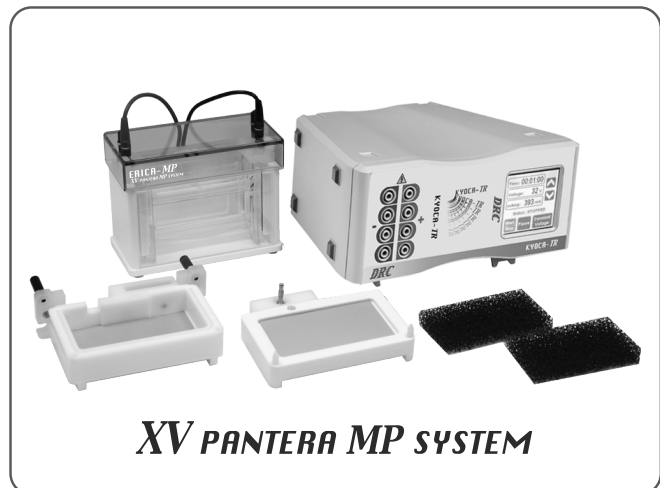
ゲルタイプ: タンパク質分析用 (Tris-HCL中性ゲル)

ゲル濃度: 5%、7.5%、10%、12.5%、15%、5-10%、5-12.5%、5-15%、5-20%、7.5-15%、10-20%、特注濃度

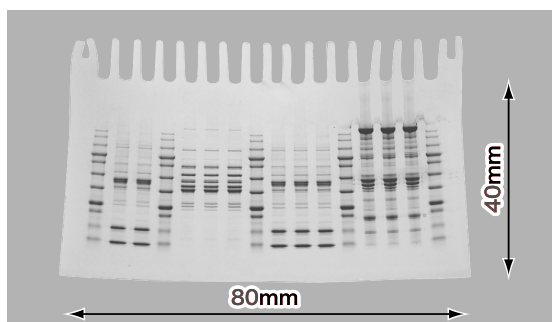
XV PANTERA MP LL Gel



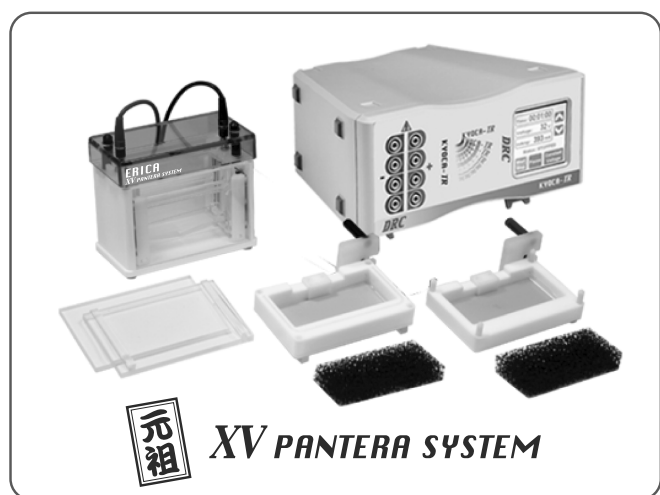
- ゲルサイズ: 90W×45H×1.0Tmm
- カセットサイズ: 110W×65Hmm
- コームタイプ: 9well、12well、18well、20well、2-D



XV PANTERA LL Gel



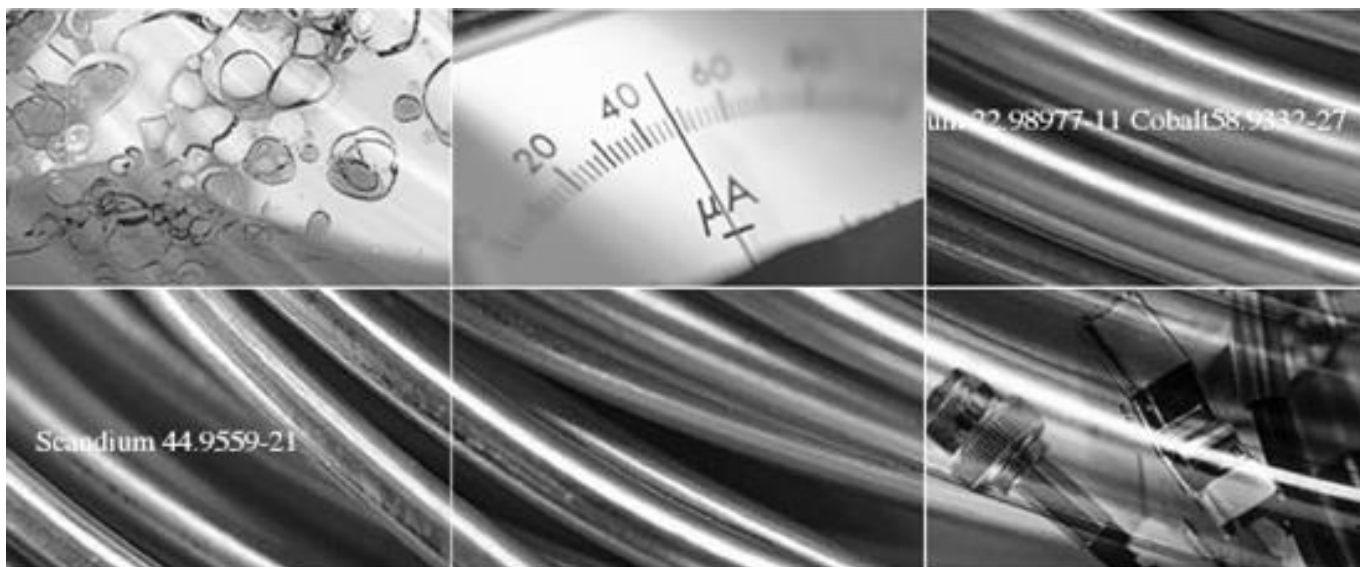
- ゲルサイズ: 80W×40H×1.0Tmm
- カセットサイズ: 100W×60Hmm
- コームタイプ: 7well、10well、12well、16well、20well、2-D



DRC

ディー・アール・シー株式会社
<http://www.drc2002.com>

〒206-0033 東京都多摩市落合1-6-2サンライズ増田ビル
Tel:042-310-1331 / Fax:042-310-1332



研究者様へ 徹底したサポートを追及

株式会社ウインクスは、おかげさまで創立 32 周年を迎えることが出来ました。

今後もバイオ・ライフサイエンス研究や科学技術研究のお客様に最先端の機器、ソフトウェア、消耗品、試薬、技術サポート等をご提供して参ります。

お客様のニーズにお応えできるよう、国内外のメーカーの製品を幅広く取り扱い、最先端の情報提供、最適な製品販売と迅速なサービス・サポートを追求いたします。

winX

株式会社ウインクス

お問い合わせはこちら

TEL.072-631-8810 FAX.072-631-8820

〒567-0037 大阪府茨木市上穂東町 4-24

<http://www.winx-inc.co.jp>

主要取扱メーカー



エーエムアール株式会社

ThermoFisher
SCIENTIFIC



CYPRESS
INTERNATIONAL LIMITED

biochemistry

physiological chemistry

Winx

Alto

デジタルハイスループトベンチトップSPR分子間相互作用解析システム Accelerate your drug discovery with Alto

INDUSTRY-LEADING DATA QUALITY

分子間相互作用を正確に測定および分析します。デジタルマイクロ流体ディスク(DMF)により、ノイズを最小化し、精度を最大化します。リードタイムは、業界最速0.1秒未満です。

HIGH-THROUGHPUT POWERED BY AUTOMATION

インテリジェントアッセイの設計/最適化、オンチップ液体処理、自動連続希釈、リキッドハンドリングロボットオプションの4つの機能を備えているのはAltoのみです。面倒なメンテナンス作業をなくし、実験間のダウンタイムをなくすことで、時間と費用を節約します。

SAMPLE FRIENDLY

完全なカイネティック解析がわずか2 μ Lで計測可能で、貴重なサンプルを節約します。従来のSPRに必要なサンプル量よりも500倍程度少ないサンプル量です。センサーチップや流路はすべて使い捨てのカートリッジ内にあり、今まで面倒だった洗浄サイクルを不要としました。

USER FRIENDLY

始めてSPR実験を行う初心者の方も上級者と同じように分析できます。カスタマイズ可能な優れたソフトウェアで高度なデータ分析が可能です。高価な保守契約や導入トレーニングは必須ではありません。Altoはメンテナンスの多い溶液構成や従来の難しいソフトウェアではありません。

APPEARANCE OF ALTO



ALTO CARTRIDGE



LIQUID HANDLING ROBOT



TECHNICAL SPECIFICATIONS

サンプル容量	2 μ L
ライズタイム	<0.1s
結合速度定数(k_{on})	< 1 e ⁹ 1/(M*s)
解離速度定数(k_{off})	1e ⁻⁵ to 1.0(1/s)
アフィニティ計測範囲(K_D)	1e ⁻¹² ~1e ⁻⁴ (M)
自動化対応	24/7 オートメーションロボット対応
法規制対応	GXP and 21 CFR Part 11
設置環境	15-25°C, 相対湿度(RH) 20-60% 結露しないこと
チャンネル数	独立16チャンネル
リガンド	48種類迄
アナライト	48種類迄/カートリッジ
サンプル希釈	自動連続希釈
未精製サンプル対応	Yes
ハンズオンタイム	<30分
温調モジュール制御	解析: 室温~25 °C、 サンプル: 冷却
本体外寸	35cmW x 51cmD x 46cmH
本体重量	23kg



株式会社レスターコミュニケーションズ

メディカル営業部 ライフサイエンス営業課
〒141-0001 東京都品川区北品川5-9-11 大崎MTビル
TEL: 03-3445-2078

E-mail: lifescience@restarcc.com
URL: <https://www.restarcc.com/solution/lifesci.html>



日本プロテオーム学会2023年大会 JPrOS2023 (21st JHUPO)

謝辞

大会開催にあたり、ご支援をいただきました。厚く御礼申し上げます。

協賛企業

旭ワークス株式会社
アジレント・テクノロジー株式会社
アトー株式会社
アプロサイエンス（株式会社 ファーマフーズ）
一般財団法人化学物質評価研究機構
インフォコム株式会社
エーエムアール株式会社
エッペンドルフ株式会社
大塚製薬株式会社
株式会社 ウィンクス
株式会社 エービー・サイエックス
株式会社 KM データ
株式会社 島津製作所
株式会社セルフリーサイエンス
株式会社 ナード研究所
株式会社 日伸理化
株式会社 メディカル・プロテオスコープ
株式会社 レスターコミュニケーションズ
キコーテック株式会社
九州プロサーチ有限責任事業組合
サーモフィッシャーサイエンティフィック株式会社
CEM Japan 株式会社
ジーエルサイエンス株式会社
信和化工株式会社
SomaLogic / フォーネスライフ株式会社
大陽日酸株式会社
ディー・アール・シー株式会社
日京テクノス株式会社
日本カンタム・デザイン株式会社
バイオ・ラッド・ラボラトリーズ株式会社
ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ株式会社
フィルジェン株式会社
フナコシ株式会社
ブルカージャパン株式会社
プロテインメトリックス
プロメガ株式会社
マトリックスサイエンス株式会社
羊土社
(50音順)

コムギ無細胞タンパク質合成システム

プロテオーム研究用

安定同位体ラベルタンパク質合成用キット

ENDEXT[®] Technology

Premium PLUS Expression Kit for MS

ウィルスからヒト由来のタンパク質を迅速かつ簡便に合成するコムギ無細胞タンパク質合成法により、目的タンパク質の合成すると同時に 99% 以上の高効率で Lys 残基と Arg 残基に ¹³C, ¹⁵N ラベルを導入するためのキットです。質量分析計によるタンパク質定量 (SRM/MRM) に用いる内部標準用安定同位体ラベルタンパク質の合成に最適です。

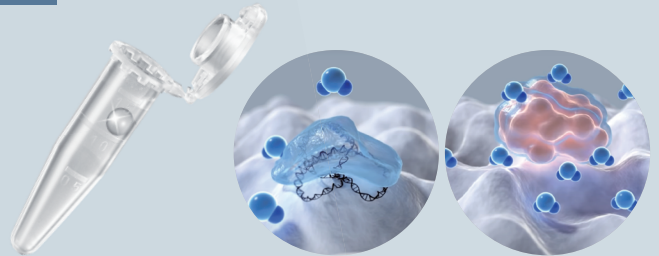
¥ 190,000.- (税別)



エッペンドルフのプラスチック消耗品

DNA/Protein 低吸着チューブ/プレート

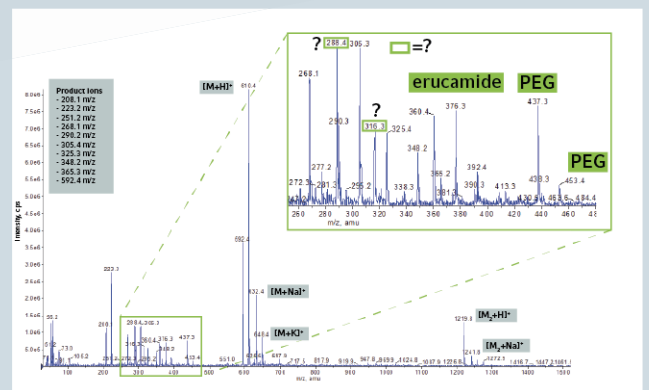
核酸やタンパク質、特にこれらが低濃度のサンプルを扱う場合、容器の内面への吸着を無視できません。エッペンドルフの低吸着チューブ/プレートは、核酸またはタンパク質と容器内壁との結合を大幅に低減し、サンプル回収率を向上させます。



質量分析における溶出物の影響

エッペンドルフのプラスチック製品は、生物学的アッセイの阻害が報告されている可塑剤、殺生物剤、スリップ剤を使用しておらず、安心してご使用いただけます。

(右グラフ) 標準物質として 1 ppm のエルゴクリスチンを添加したメタノールをチューブに入れてボルトテックス後、質量分析に供した結果。可塑剤 (PEG)、スリップ剤 (エルカ酸アミド)、その他未知物質のピークが検出されるチューブがある中、エッペンドルフのチューブからは検出されませんでした。



Source: Application Note No.282



製品カタログ

恒温振とう機 サーモミキサー C

チューブ・プレートでの反応にはこれ

- > 水を介さないドライバスシェーカー
- コンタミネーションリスクを低減
- > 多彩なブロックで PCR チューブ、マイクロチューブ、遠沈管やプレートにも対応



製品カタログ

New! 自動分注機 epMotion

パワーアップした自動分注システム

- > ドロワーが増設され、収納スペースの確保やチップ・液体などの廃棄が容易になりました
- > システムの状態が一目瞭然の LED バー



製品カタログ