

日本プロテオーム学会 2025 年大会

JPrOS2025
(23rd JHUP0)

プログラム集

2025 8.6 水 - 8 金

大会長：小原 収 かずさ DNA 研究所

会場：かずさアカデミアホール

〒292-0818 千葉県木更津市かずさ鎌足2丁目3-9

主催：日本プロテオーム学会

共催：かずさ DNA 研究所

問い合わせ先：jpros2025@jhupo.org



今、プロテオミクスは越境する
（もう拡大と深化は止まらない）



研究機器 オンライン 受託 オンライン



研究のニーズにお応えして、サポートします！



✓ 予算申請に便利！

✓ 指定範囲の金額で検索可能！

✓ 気になるワードで検索！

✓ 充実の製品情報は随時追加・更新！

研究機器 オンライン



特徴

キャンペーン・セミナー情報の確認も可能

研究用途に合わせた検索もラクラク！

比較表がさらにバージョンアップ
性能キーワードで絞り込み可能

あのメーカーの製品を

フリーワード検索やメーカーの
絞り込み検索も可能！

受託 オンライン



特徴

キャンペーン・セミナー情報の確認も可能

遺伝子発現解析や抗体作製から
病理標本作製まで幅広い受託サービスを掲載！

研究用途から 遺伝子工学、シーケンス解析、
受託サービス検索 タンパク質工学などのカテゴリ検索！

あのメーカーの
受託サービスを

フリーワード検索やメーカーの
絞り込み検索も可能！



株式会社 薬 研 社
YAKUKENSHA CO., LTD.

薬研社の 研究機器オンライン 受託オンライン は、
PC、スマートフォンやタブレット端末からアクセス！
WEBサイト随時更新中 /
<https://www.yakukensha.co.jp>



日本プロテオーム学会 2025 年大会 JPrOS2025 (23rd JHUPPO)

プログラム集

会期 2025 年 8 月 6 日 (水) ～ 8 日 (金)

会場 かずさアカデミアホール

大会長 小原 収 (かずさ DNA 研究所)

主催 日本プロテオーム学会 (JPrOS)

共催 かずさ DNA 研究所

日本プロテオーム学会 2025 年大会 JPrOS2025 (23rd JHUPPO)

大会長挨拶

今、プロテオミクスは越境する
～もう拡大と深化を誰も止められない～



日本プロテオーム学会 2025 年大会 大会長
かずさ DNA 研究所 小原 収

この度、本学会は公益財団法人かずさ DNA 研究所との共催の下に、日本プロテオーム学会 2025 年大会（JHUPPO 第 23 回大会）を 2025 年 8 月 6 日から 8 日の日程でかずさアカデミアパーク（千葉県、木更津市）で開催する運びとなりました。

ヒトゲノムプロジェクトの開始に刺激され、「ゲノム」から「プロテオーム」という概念の提唱がなされてきてから、もう 30 年の時間が過ぎています。この間に、プロテオミクスはゲノム科学の重要な研究領域の一つとして、広範な研究分野が連携しながら発展してきました。しかし、プロテオミクス研究の重要性の認識はゲノム研究に比べると十分に深化されておらず、プロテオミクス研究の技術面での大きな進歩についてもまだまだ十分に認知されているとは私には思えません。

そこで、本大会では「今、プロテオミクスは越境する」というスローガンを掲げ、プロテオミクスが医療、環境問題、農業などの様々な研究分野に「越境」する動きが促進されることを目指したいと考えました。この動きがフィードバックされることで、プロテオミクス研究自体が、次のステージを迎えることを信じています。そのために、従来のプロテオーム学会の会員だけに留まらず、その可能性を信じる医科学や広く様々な生物学領域の研究者が一堂に会し、議論と連携を始める場になることを祈念しています。

是非、多くの方にご参加いただきますよう、かずさで皆様を心よりお待ちしております。

大会組織委員一覧

大会長 小原 収（かずさ DNA 研究所）
副大会長 小寺 義男（北里大学）

実行委員会（50 音順）

足立 淳 （医薬基盤・健康・栄養研究所）
石川 将己 （かずさ DNA 研究所）
小川 覚之 （獨協医科大学）
川島 祐介 （かずさ DNA 研究所）
木村 弥生 （横浜市立大学）
紺野 亮 （かずさ DNA 研究所）
中島 大輔 （かずさ DNA 研究所）
松井 崇 （北里大学）
松本 俊英 （北里大学）
三城 恵美 （名古屋大学）
渡辺 栄一郎 （北里大学）

プログラム委員会（50 音順）

阿部 雄一 （岐阜大学）
石川 将己 （かずさ DNA 研究所）
今見 考志 （理化学研究所）
岩崎 美央 （京都大学）
岡田 賢 （広島大学）
川島 祐介 （かずさ DNA 研究所）
西野 耕平 （徳島大学）
根岸 瑠美 （東京大学）
土方 敦司 （東京薬科大学）
松井 崇 （北里大学）
松本 俊英 （北里大学）
三城 恵美 （名古屋大学）
村田 武士 （千葉大学）
矢崎 潤史 （摂南大学）
吉川 治孝 （慶應義塾大学）

日本プロテオーム学会 2025 年大会 JPrOS2025 (23rd JHUP0)

会場アクセス

会場 かずさアカデミアホール

〒292-0818 千葉県木更津市かずさ鎌足2丁目3-9 TEL：0438-20-5555

◆ JR 木更津駅から無料シャトルバスをご利用の場合（約 25 分）

※シャトルバス時刻表は決まり次第大会 HP にて掲載します。

（木更津駅までは電車だけでなく、羽田空港、品川駅、東京駅、新宿駅、渋谷駅、横浜駅、川崎駅から高速バスをご利用頂けます）

無料シャトルバス乗り場



◆ JR 木更津駅から路線バスをご利用の場合

- ・ 木更津駅東口バス停 高倉アカデミア線 (5 番乗り場)→かずさアーク 下車
- ・ 木更津駅西口バス停 鴨川線 (3 番乗り場)→かずさアーク 下車

◆ 高速バスをご利用の場合（会場まで直通）

- ・ 東京駅 バスターミナル東京八重洲→かずさアーク 下車
- ※便数が少ないため時刻表を要確認

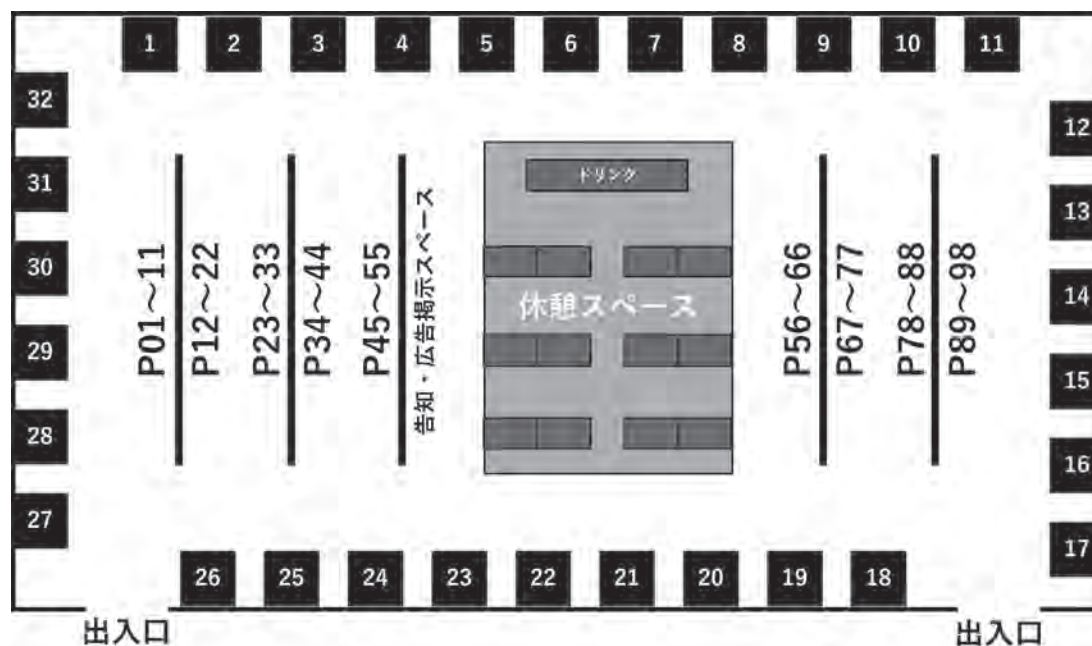
◆ 車またはタクシーをご利用の場合（無料駐車場 400 台完備）

- ・ 都心から東京湾アクアライン経由で約 50 分
- ・ 羽田空港から東京湾アクアライン経由で約 40 分
- ・ 成田空港から東関東自動車道 館山線経由で約 60 分
- ・ JR 木更津駅からタクシーまたは車で約 20 分
- ・ 館山自動車道「木更津北 IC」出口を右折、かずさアカデミアパーク方面へ約 15 分

会場案内図



ポスター掲示・企業展示案内



展示番号	企業名
1	かずさ DNA 研究所 / DNA Research
2	アプロサイエンス (株式会社ファーマフーズ)
3	ピークサイエンティフィックジャパン株式会社
4	テカンジャパン株式会社
5	サーモフィッシャーサイエンティフィック株式会社
6	富士フイルム和光純薬株式会社
7	トミーデジタルバイオロジー株式会社
8	ユーロフィンジェノミクス株式会社
9	日京テクノス株式会社
10	エムエス機器株式会社
11	アジレント・テクノロジー株式会社
12	フナコシ株式会社
13	株式会社 LaCAR MDx JAPAN / アクアス株式会社
14	マトリックスサイエンス株式会社
15	株式会社 エービー・サイエックス
16	フィンガルリンク株式会社
17	株式会社ナード研究所
18	ヨダカ技研株式会社
19	理科研株式会社
20	ブルカージャパン株式会社
21	株式会社ニコンソリューションズ / 株式会社ライブセルダイアグノシス
22	エーエムアール株式会社
23	TWIST BioScience / 株式会社 DNA チップ研究所
24	インフォコム株式会社
25	日本カンタム・デザイン株式会社
26	スタンダード・バイオツールズ株式会社
27	株式会社島津製作所
28	国立大学法人東海国立大学機構 名古屋大学・岐阜大学 糖鎖生命コア研究所
29	プロメガ株式会社
30, 31	株式会社スクラム
32	株式会社 KM データ

口頭発表について

演者の方へ

講演時間

- 基調講演: 50 分（質疑応答を含む）
- 特別講演: 50 分（質疑応答を含む）
- 国際シンポジウム: 45 分（質疑応答を含む）
- 受賞講演: 30 分
- 教育講演: 18 分（質疑応答を含む）
- シンポジウム: 20-25 分（質疑応答を含む）
- ワークショップ: 8-12 分（質疑応答を含む）
- 一般口頭発表: 14 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 10 分前には会場にお集まりください。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）。
- 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。変換アダプターが必要となる場合は、忘れずにご持参ください。

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

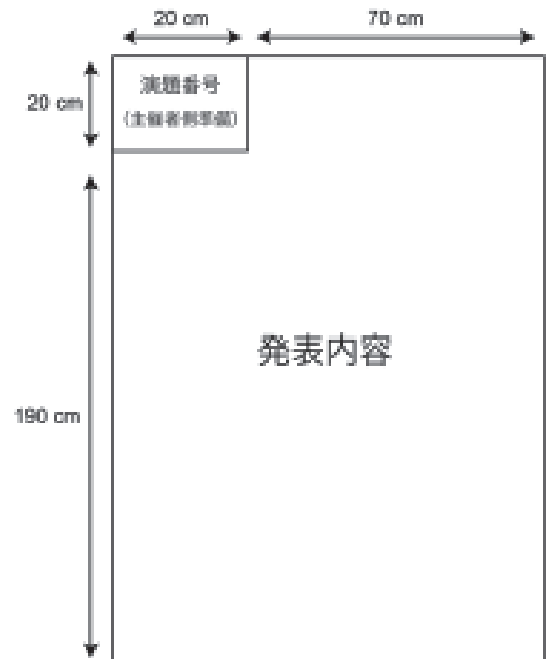
ご担当のシンポジウムが始まる 15 分前には、会場にお越しください。タイムキーパーは事務局側で用意いたします。スケジュールに余裕がありませんので、定時進行にご協力ください。写真撮影行為は、適切に制止してください。また、時間となりましたら座長の先生よりシンポジウムの開始をご案内いただき、進行くださいますようお願いいたします。

ポスター発表について

ポスター会場は会議室 202 です。

ポスターボードは幅 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

8月6日（水）15:30～8月8日（金）14:00

（8月6日 12 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： 8月7日（木）13:30～14:10
セッション B： 8月8日（金）12:30～13:10
セッション C： 8月7日（木）14:10～14:50
セッション D： 8月8日（金）13:10～13:50

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。

ポスター撤去日時

3日目 8月8 日（金）14:00～15:30

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。

Presentation Guidelines

Oral Presentations

Keynote Lecture: 50 minutes (including discussion)

Plenary lecture: 50 minutes (including discussion)

International Symposium: 45 minutes (including discussion)

Award Lecture: 30 minutes

Educational Lecture: 18 minutes (including discussion)

Symposium: 20-25 minutes (including discussion)

Workshop: 8-12 minutes (including discussion)

Oral session: 14 minutes (including discussion)

The organizing committee recommends that speakers use their own laptop computers with an HDMI connector for data projection to avoid problems due to incompatibility. Please bring an AC power adapter for your computer. An HDMI cable will be available. Please make sure to test your data projection setup at the PC desk before your session.

Disclosure of Conflicts of Interest

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

Guidelines for Poster Presenters

All posters will be displayed in the poster exhibition room (conference room 202). 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 your location.

Set-up Day Time/Tear-down Day Time

Each author is responsible for mounting the material using pushpins prior to the opening of the first hour of the poster session (1:30 PM on Thursday, August 7). You must remove your poster no later than 3:30 PM on Friday, August 8. Posters left in the exhibition room after that time will be discarded. All posters will be set up from 12:00 PM on Wednesday, August 6. Poster Presentation Information and Dates Authors must stand by their posters during their assigned 40-minute presentation times. The presentation times were assigned as follows: You are free to visit other posters during your free hours.

Poster No. Presentation Time

P01-A, P05-A, P09-A, ...	Thu. Aug. 7	1:30 PM-2:10 PM
P02-B, P06-B, P10-B, ...	Fri. Aug. 8	12:30 PM-1:10 PM
P03-C, P07-C, P11-C, ...	Thu. Aug. 7	2:10 PM-2:50 PM
P04-D, P08-D, P12-D, ...	Fri. Aug. 8	1:10 PM-1:50 PM

Format

Each poster board is 90 cm wide × 210 cm high.

All posters should feature titles, authors, and affiliations as appropriate.

Disclosure of Conflicts of Interest

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

日本プロテオーム学会 2025 年大会 JPrOS2025 (23rd JHUPPO)

日程表

2025年8月6日～2025年8月8日

[illegible]

JPrOS2025 Schedule

August 6 (Wed)					August 7 (Thu)				August 8 (Fri)				Time			
Venue 1 (Main Hall)	Venue 2 (Room 201A)	Venue 3 (Room 201B)	Venue 4 (Room 101)	Poster Exhibit (Room 202)	Venue 1 (Main Hall)	Venue 2 (Room 201A)	Venue 3 (Room 201B)	Venue 4 (Room 101)	Poster Exhibit (Room 202)	Porsche Experience Center Tokyo	Venue 1 (Main Hall)	Venue 2 (Room 201A)	Venue 3 (Room 201B)	Venue 4 (Room 101)	Poster Exhibit (Room 202)	Time
9:00																9:00
9:10																9:10
9:20																9:20
9:30																9:30
9:40																9:40
9:50																9:50
10:00																10:00
10:10																10:10
10:20																10:20
10:30																10:30
10:40																10:40
10:50																10:50
11:00																11:00
11:10																11:10
11:20																11:20
11:30																11:30
11:40																11:40
11:50																11:50
12:00																12:00
12:10																12:10
12:20																12:20
12:30																12:30
12:40																12:40
12:50																12:50
13:00																13:00
13:10																13:10
13:20	Opening Ceremony 13:20~13:30															13:20
13:30																13:30
13:40																13:40
13:50																13:50
14:00																14:00
14:10																14:10
14:20																14:20
14:30																14:30
14:40																14:40
14:50																14:50
15:00																15:00
15:10																15:10
15:20																15:20
15:30																15:30
15:40																15:40
15:50																15:50
16:00																16:00
16:10																16:10
16:20																16:20
16:30																16:30
16:40																16:40
16:50																16:50
17:00																17:00
17:10																17:10
17:20																17:20
17:30																17:30
17:40																17:40
17:50																17:50
18:00																18:00
18:10																18:10
18:20																18:20
18:30																18:30
18:40																18:40
18:50																18:50
19:00																19:00
19:10																19:10
19:20																19:20

日本プロテオーム学会 2025 年大会 JPrOS2025 (23rd JHUPPO)

プログラム
(タイトル一覧)

基調講演

8 月 7 日 (木曜日) Aug 7 (Thu)

11:20:00 ~ 12:20:00 第 1 会場

基調講演 / Keynote Lecture

柳田 敏雄

座長 小原 収 (かずさ DNA 研究所)

1KL-1 脳や細胞は AI にくらべ 100 万倍省エネ、生物の神秘に迫る

11:20:00 ~ Approaching the mechanism by which brain and cell information

12:20:00 processing is millions of times more energy saving than AI

○ 柳田 敏雄^{1,2,3,4)}

1) 大阪大学情報科学研究科、2) 情報通信研究機構、3) 脳情報通信融合研究センター、4) NEC ブレインインスパイアードコンピューティング協働研究所

特別講演

8 月 6 日 (水曜日) Aug 6 (Wed)

16:10:00 ~ 17:00:00 第 1 会場

特別講演 / Plenary Lecture

山下 雅道

座長 石濱 泰 (京都大学)

1PL1-1 プロテオミクスをすすめた ESI-MS むかしがたり

16:10:00 ~ Old Tale of ESI-MS that has contributed to Proteomics

17:00:00 ○ 山下 雅道¹⁾

1) JAXA 宇宙科学研究所 (名誉教授)

国際シンポジウム

8 月 7 日 (木曜日) Aug 7 (Thu)

15:00:00 ~ 16:30:00 第1会場

国際シンポジウム (前半) / International Symposium (1st half)

Jesper Velgaard Olsen

座長 足立 淳 (医薬基盤・健康・栄養研究所)

2PL2-1

15:00:00 ~ Single-cell proteomics analysis of protein turnover and abundance

15:45:00 ○ Jesper Velgaard Olsen¹⁾

1) University of Copenhagen

Jae-Young Kim

座長 荒木 令江 (熊本大学)

2PL2-2

15:45:00 ~ Comprehensive Proteomic Characterization of MASTL Signaling in

16:30:00 Gastric Cancer

○ Jae-Young Kim¹⁾

1) Graduate School of Analytical Science and Technology, Chungnam
National University, Daejeon, Republic of Korea

16:50:00 ~ 18:20:00 第1会場

国際シンポジウム（後半） / International Symposium (2nd half)

Nichollas E Scott

座長 植田 幸嗣（がん研究会）

2PL2-3

16:50:00 ~ Development of monoclonal antibodies against Pseudaminic acid for

17:35:00 multi-pathogen glycoproteomics and passive immune therapies

○ Nichollas E Scott¹⁾

1) Department of Microbiology and Immunology, University of
Melbourne, Parkville, VIC, Australia

Tiannan Guo

座長 小形 公亮（京都大学）

2PL2-4

17:35:00 ~ Grow Virtual Cells with Perturbation Proteomics and AI

18:20:00 ○ Tiannan Guo ¹⁾

1) Westlake University

学会賞 受賞講演

8 月 6 日 (水曜日) Aug 6 (Wed)

17:10:00 ~ 17:30:00 第1会場

受賞講演 / Award Lecture

足立 淳

座長 朝長 毅 (医薬基盤・健康・栄養研究所)

1AW-1 がんプロテオミクス医療基盤の開発と応用

17:10:00 ~ Development and application of proteomic cancer medicine platform

17:40:00 ○ 足立 淳^{1,2,3)}

- 1) 医薬基盤・健康・栄養研究所 創薬標的プロテオミクスプロジェクト、
- 2) 京都大学大学院薬学研究科 創薬プロテオミクス分野、3) 大阪大学大学院医学系研究科 免疫・感染制御学講座

教育講演

8 月 6 日 (水曜日) Aug 6 (Wed)

13:40:00 ~ 15:40:00 第2会場

教育講演 1 / Educational Lecture 1

プロテオミクスでできることを分野横断的に考えてみる

座長 阿部 雄一 (岐阜大学)

松本 俊英 (北里大学)

1EL-1 最新の血中プロテオームデータ解析のいろはと学際的研究支援

13:52:00 ~ How to analyze the latest blood proteome data analysis and

14:10:00 interdisciplinary research support

○ 中枿 昌弘¹⁾

1) 名古屋大学大学院 医学系研究科 実社会情報健康医療学講座

1EL-2 ビッグデータ時代のプロテオミクス: 分野横断で問い直すエビデンスと因

14:10:00 ~ 果推論

14:28:00 Proteomics in the BigData Era: Cross Disciplinary Perspectives on
Evidence and Causality

○ 松井 佑介¹⁾

1) 名古屋大学

1EL-3 「標的タンパク質をゲットしたい！」植物研究者によるプロテオーム解析

14:28:00 ~ 事始め

14:46:00 The Beginning of Proteomic Analysis by a Plant Biologist: Identifying
Drug Targets in Plant Cells

○ 相原 悠介¹⁾

1) 神戸大・院理

1EL-4 腫瘍組織の細胞表面タンパク質解析による新規抗体医薬品標的分子の同定

14:46:00 ~ Cell surface proteomics to identify novel therapeutic targets for

15:04:00 ovarian cancer

○ 小林 信¹⁾、杉本 幸太郎^{1,2)}、藤森 実杜³⁾、三城 恵美⁴⁾、田口 歩⁵⁾、
千葉 英樹¹⁾

1) 福島県立医科大学医学部基礎病理学、2) 札幌医科大学医学部病理学第
二講座、3) 福島県立医科大学医学部産科婦人科学、4) 名古屋大学
ITbM、5) 名古屋市立大学医学部分子腫瘍学

1EL-5 病理医の視点から拓く疾患プロテオミクスの可能性

15:04:00 ~ Unlocking the Potential of Disease Proteomics from a Pathologist

15:22:00 Perspective

○ 高澤 啓¹⁾

1) 旭川医科大学 病理学講座 腫瘍病理分野

1EL-6 シナプス分子多様性を捉える近接依存性ビオチン標識法を応用した空間プ

15:22:00 ~ ロテオーム解析

15:40:00 Uncovering Synaptic Molecular Diversity through Spatial Proteomics
with Proximity-Based Biotinylation

○ 高野 哲也¹⁾

1) 九州大学高等研究院・生体防御医学研究所 脳機能分子システム分野

シンポジウム

8 月 6 日 (水曜日) Aug 6 (Wed)

13:40:00 ~ 15:40:00 第1会場

シンポジウム 1 / Symposium1

新技術

座長 今見 考志 (理化学研究所)
岩崎 未央 (京都大学)

1S1-1 クロスリンク-質量分析法によるタンパク質複合体の高次構造解析

13:40:00 ~ Cross-linking mass spectrometry for structural analysis of protein
14:00:00 complex

○ 丹羽 達也 ¹⁾

1) 東京科学大学 総合研究院 細胞制御工学研究センター

1S1-2 AP-MS 法による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と

14:00:00 ~ 乾癬モデルマウスへの応用

14:20:00 Development of a Comprehensive Method for Analyzing
Glycosphingolipid-Binding Proteins and Its Application to a Psoriasis
Mouse Model

○ 石川 将己 ¹⁾、中島 大輔 ¹⁾、紺野 亮 ¹⁾、菅野 敏夫 ¹⁾、遠藤 裕介 ¹⁾、
宮下 靖臣 ^{1,2)}、小原 収 ¹⁾、川島 祐介 ¹⁾

1) かずさ DNA 研究所、2) 千葉大学

1S1-3 材料化学・分離科学で再考するボトムアッププロテオミクス

14:20:00 ~ Revisiting Bottom-up Proteomics from Materials Chemistry and
14:40:00 Separation Science

○ 金尾 英佑 ^{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

1S1-4 ヒト線維芽細胞 TIG3 の低酸素応答の多階層プロテオミクス

14:40:00 ~ Multi-layered proteomics of the hypoxic response in human

15:00:00 fibroblast TIG3 cells

○ 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

1S1-5 プロテオーム解析と補完的手法によるゴルジ体内糖転移酵素の空間的制御

15:00:00 ~ 機構の解明

15:20:00 Uncovering the Spatial Regulation of Golgi Glycosyltransferases
through Integrated Proteomic and Complementary Approaches

○ 矢木 宏和^{1,2)}

1) 名古屋市立大学大学院薬学研究科、2) 自然科学研究機構 生命創成探究センター

1S1-6 PEPPI-SP3: 高深度プロテオフォーミクスのための新規のゲルベースによ

15:20:00 ~ るサンプル前分画ワークフロー

15:40:00 PEPPI-SP3: A Novel Gel-Based Sample Prefractionation Workflow for
Deep Proteoformics

○ 武森 信暁¹⁾

1) 愛媛大学

シンポジウム

8 月 7 日 (木曜日) Aug 7 (Thu)

9:10:00 ~ 11:10:00 第1会場

シンポジウム 2 / Symposium2

日本蛋白質科学会合同シンポジウム

座長 村田 武士 (千葉大学)
松井 崇 (北里大学)

2S2-1 質量分析による立体構造状態の評価と構造生物学への活用

9:13:00 ~ Mass Spectrometry as a Tool for Optimizing CryoEM Sample

9:36:00 Conditions

○ 松井 崇^{1,2)}、須藤 愛莉咲¹⁾、麴谷 英嗣¹⁾、高澤 太一¹⁾、後藤 楓³⁾、
次田 篤史³⁾、横山 武司³⁾、田中 良和³⁾、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、3) 東北大学大学院生命科学研究科

2S2-2 マルチオミクスによるタンパク質複合体界面リン酸化修飾部位の包括的解

9:36:00 ~ 析

9:59:00 Multi-omics Characterization of Phosphorylation Sites at Protein
Complex Interfaces

○ 小形 公亮¹⁾、Janes Jurgen²⁾、Mataboro Emmanuel²⁾、石濱 泰^{1,3)}、
Beltrao Pedro²⁾

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) Institute of Molecular Systems
Biology, ETH Zurich、3) 医薬基盤・健康・栄養研究所

2S2-3 海洋構造生物学とプロテオミクス技術との融合研究

9:59:00 ~ Interdisciplinary research in marine structural biology and
10:22:00 proteomics

○ 田中 良和¹⁾

1) 東北大学大学院生命科学研究科

2S2-4 遺伝子治療用アデノ随伴ウイルスベクターの製造と品質分析

10:22:00 ～ Manufacturing and characterization of AAV vectors for gene therapy

10:45:00 ○ 内山 進¹⁾

1) 大阪大学大学院工学研究科生物工学専攻

2S2-5 クライオ電子線トモグラフィーによる「プロテオーム」

10:45:00 ～ Proteome by cryo-electron tomography

11:08:00 ○ 吉川 雅英¹⁾

1) 東京大学・大学院・医学系研究科・生体構造学分野

シンポジウム

8 月 7 日 (木曜日) Aug 7 (Thu)

9:10:00 ~ 11:10:00 第2会場

シンポジウム 3 / Symposium3

データを使いこなせ！

座長 川島 祐介 (かずさ DNA 研究所)
土方 敦司 (東京薬科大学)

2S3-1 細胞老化と 3D ゲノム再編をつなぐ鍵タンパク質の発見

9:10:00 ~ Proteomics analysis of chromatin dynamics during cellular
9:34:00 senescence

○ 太田 信哉¹⁾、谷澤 英樹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

2S3-2 ヒト胎便プロテオーム解析による在胎週数予測

9:34:00 ~ Prediction of Gestational Age by Human Neonatal Meconium
9:58:00 Proteome Analysis

○ 吉原 正仁¹⁾

1) 千葉大学大学院医学研究院 人工知能 (AI) 医学

2S3-3 バイオデータの異質性をつなぐ：ゲノム・構造・ネットワークから迫る疾

9:58:00 ~ 患病態と創薬標的探索

10:22:00 Bridging Heterogeneous Biodata: Genomes, Protein Structures, and
Networks for Disease Mechanisms and Drug Target Discovery

○ 土方 敦司¹⁾

1) 東薬大・生命

2S3-4 細胞画像/動画と遺伝子発現プロファイルを繋ぐ

10:22:00 ~ Linking cell images/movies and gene expression profiles

10:46:00 ○ 城口 克之¹⁾

1) 理化学研究所

2S3-5 メタゲノミクスを駆使した腸内細菌叢研究：プロテオーム解析との融合に

10:46:00 ~ 向けて

11:10:00 Decoding the Gut Microbiome through Metagenomics. Towards integration with proteome analysis.

○ 須田 亙¹⁾

1) 理化学研究所生命医科学研究センター

シンポジウム

8 月 8 日 (金曜日) Aug 8 (Fri)

9:10:00 ~ 11:10:00 第1会場

シンポジウム 4 / Symposium4

広がるインタラクティブ研究の最前線

座長 吉川 治孝 (慶応義塾大学)

矢崎 潤史 (摂南大学)

3S4-1 マウス生体内近位依存性標識法の開発

9:15:00 ~ Proximity dependent labeling in mice

9:38:00 ○ 谷内 一郎¹⁾

1) RIKEN

3S4-2 APEX-Ribo-Seq による局所翻訳アトラスの編纂

9:38:00 ~ Local translation atlas by APEX-Ribo-Seq

10:01:00 ○ 七野 悠一¹⁾

1) 理化学研究所 開拓研究所

3S4-3 RNA 全配列にわたる網羅的な RNA-タンパク質相互作用マッピング

10:01:00 ~ Comprehensive RNA-protein interactome mapping along the entire

10:24:00 RNA sequences

○ 小野口 真広¹⁾、足達 俊吾²⁾、浜田 道昭¹⁾

1) 早稲田大学 理工学術院、2) 国立がんセンター

3S4-4 ケミカルプロテオミクスによるコバレントリガンドのタンパク質反応性評

10:24:00 ~ 価

10:47:00 Chemical proteomics approach for evaluating protein reactivity
profile of covalent ligands

○ 王子田 彰夫¹⁾

1) 九州大学薬学研究院

3S4-5 脂質—膜タンパク質相互作用解析プラットフォームの構築

10:47:00 ~ Establishment of a Platform for Lipid-Membrane Protein Interaction

11:10:00 Analysis

○ 松森 信明 ¹⁾

1) 九州大学大学院理学研究院

シンポジウム

8 月 8 日 (金曜日) Aug 8 (Fri)

9:10:00 ~ 11:10:00 第2会場

シンポジウム 5 / Symposium5

難病診断：プロテオームファーストアプローチの実現

座長 小原 収 (かずさ DNA 研究所)

岡田 賢 (広島大学)

3S5-1 先天性免疫不全症の診断困難例に対するマルチオミックス解析の試み

9:15:00 ~ Multiomics analysis for Inborn Errors of Immunity cases

9:40:00 undiagnosed by comprehensive genomic analysis

○ 岡田 賢 ¹⁾

1) 広島大学大学院医系科学研究科 小児科学

3S5-2 プロテオーム解析による遺伝性疾患新生児スクリーニング法開発

9:40:00 ~ A Non-targeted Proteomics Platform for Newborn Screening of

10:05:00 Genetic Disorders

○ 八角 高裕 ¹⁾、川島 祐介 ²⁾、小原 収 ²⁾

1) 京都大学大学院医学研究科エコチル調査京都ユニットセンター、2) か
ずさ DNA 研究所ゲノム事業推進部

3S5-3 日本での LDT (Laboratory-developed test) の法規制の現状と今後

10:05:00 ~ The current legal regulations and future outlook for LDTs

10:30:00 (Laboratory-Developed Tests) in Japan

○ 堤 正好 ¹⁾

1) 一般社団法人 日本衛生検査所協会

3S5-4 Emerging Technologies を用いた検査診断サービス実用化へ向けて

10:30:00 ～ Toward Practical Application of Diagnostic Services Using Emerging

10:55:00 Technologies

○ 的場 亮¹⁾

1) 株式会社DNAチップ研究所

JPrOS セッション

8 月 8 日 (金曜日) Aug 8 (Fri)

14:00:00 ~ 15:30:00 第1会場

JPrOS セッション / JPrOS Session

JPrOS イニシアチブ活動のこれから

座長 松本 雅記 (新潟大学)

武森 信暁 (愛媛大学)

3JS-1 jPOST の 10 年と今後の展開 : レポジトリからデータ駆動型解析基盤へ

14:00:00 ~ A Decade of jPOST: Toward a Data-Driven Proteomics Infrastructure

14:20:00 ○ 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

3JS-2 jPOST 連携プライムの紹介とペプチドミクス

14:20:00 ~ Introduction to jPOST Collaboration Prime and Peptideomics

14:40:00 ○ 小寺 義男 ^{1,2)}

1) 北里大学理学部生命物理学講座、2) 北里大学理学部附属疾患プロテオミクスセンター

3JS-3 トップダウンプロテオミクス入門 : プロテオフォーム中心の新たなプロテ

14:40:00 ~ オミクス研究への誘い

15:00:00 Enter Top-Down Proteomics: An Introduction to Proteoform-Centric Proteomics

○ 武森 信暁 ¹⁾

1) 愛媛大学

3JS-4 プロテオーム解析の診断応用の実現に向けて

15:00:00 ~ Toward the Realization of Diagnostic Applications of Proteome

15:20:00 Analysis

○ 小原 収 ¹⁾

1) かずさ DNA 研究所

ワークショップ

8 月 8 日 (金曜日) Aug 8 (Fri)

14:00:00 ~ 15:30:00 第2会場

ワークショップ 1 / Workshop 1

企業におけるプロテオミクスの動向

座長 石川 将己 (かずさ DNA 研究所)
三城 恵美 (名古屋大学)

3W1-1 プロテオミクスによって切り開くこれからの創薬研究

14:03:00 ~ Proteomics opens new avenues for future pharmaceutical research

14:15:00 ○ 田中 恒平¹⁾

1) 田辺三菱製薬

3W1-2 テルモの医療機器開発におけるプロテオーム解析の実装と今後の展望

14:15:00 ~ Implementation of proteome analysis in medical device development

14:27:00 at Terumo and future prospect.

○ 松田 崇斗¹⁾、萩原 仁美¹⁾、金木 淳史¹⁾

1) Terumo Corporation

3W1-3 プロテオミクス研究を活用した深化と進化

14:39:00 ~ Deepening and Evolution through Proteomics Research

14:51:00 ○ 山下 頌平¹⁾

1) ホーユー株式会社

3W1-4 CDMO・素材メーカーにおけるプロテオミクス

14:51:00 ~ Proteomics in CDMO and Materials Manufacturing Companies

15:03:00 ○ 長尾 信義¹⁾

1) AGC 株式会社 先端基盤研究所 共通基盤技術部 分析科学チーム

3W1-5 メニコンにおける Proteomics 研究のご紹介

15:03:00 ～ Introduction to Proteomics Research at Menicon

15:15:00 ○ 角出 泰造¹⁾、吉満 円香¹⁾、佐々木 理衣¹⁾、長屋 大地¹⁾、河原 由衣¹⁾

1) (株) メニコン 総合研究所

ワークショップ

8 月 8 日 (金曜日) Aug 8 (Fri)

14:00:00 ~ 15:30:00 第3会場

ワークショップ 2 / Workshop 2

プロテオミクスプロトコル討論会

座長 西野 耕平 (徳島大学)

根岸 瑠美 (東京大学)

3W2-1 血清中の多様な修飾を捉える：PTM プロテオーム解析の新展開

14:03:00 ~ Uncovering diversified protein modifications in serum: Recent

14:11:00 advances in PTM proteomics

○ 秦 裕子¹⁾、北村 亜矢¹⁾、廣木 朋子¹⁾、宮村 尚明¹⁾、津本 浩平^{1,2)}、
尾山 大明¹⁾

1) 東京大学医科学研究所疾患プロテオミクスラボラトリー、2) 東京大学
大学院工学系研究科バイオエンジニアリング専攻

3W2-2 非モデル生物のプロテオーム解析 ～石灰化生物のバイオミネラリゼーショ

14:11:00 ~ ン研究の紹介～

14:19:00 Proteome of non-model animals -examples of biomineralization
research-

○ 鈴木 道生¹⁾、大嶋 啓介¹⁾

1) 東京大学大学院農学生命科学研究科

3W2-3 大規模な疾患プロテオーム解析を可能にする前処理自動化システムの開発

14:19:00 ~ Development of automated proteomic sample preparation methods

14:27:00 to enable large-scale clinical proteomics

○ 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

3W2-4 プロテオミクス解析における手法選択

14:27:00 ～ Optimizing Proteomics Workflows: Method Selection Considerations

14:35:00 ○ 鳴海 良平¹⁾、加藤 寛子¹⁾

1) 大阪大学 微生物病研究所 中央実験室

14:40:00 ～ 総合討論

15:30:00

一般口頭発表

8 月 6 日 (水曜日) Aug 6 (Wed)

13:40:00 ~ 15:40:00 第3会場

一般口頭発表 1 / Oral Session 1

若手優秀口頭発表賞選考

座長 小寺 義男 (北里大学)
木村 弥生 (横浜市立大学)

101-1(P89-A) SEC-MS を用いた細胞内におけるタンパク質の相互作用状態と寿命の関係

13:40:00 ~ 性の解明

13:55:00 Comprehensive analysis of protein interaction states and turnover in cells using SEC-MS

○ 阿部 藤吉郎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 オミクス生物学分野

101-2(P43-C) 逆相 StageTip を用いた nanoHILIC/MS/MS 用ペプチド試料の調製

13:55:00 ~ Peptide Sample Preparation for nanoHILIC/MS/MS Using Reversed-

14:10:00 Phase StageTip

○ 赤松 幸真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

101-3(P15-C) 大腸菌における未開拓小型タンパク質の探索

14:10:00 ~ Identification of unexplored small proteins in Escherichia coli

14:25:00 ○ シン チエ¹⁾、花市 龍世¹⁾、田口 英樹¹⁾

1) 東京科学大学

101-4(P79-C) Claudin-5 の発現量を低減させる一塩基多型は RNA 結合タンパク質

14:25:00 ~ pumilio-1 への結合性を変える

14:40:00 Rs10314: a single nucleotide polymorphism in CLDN5 gene attenuates the binding ability to Pumilio RNA-binding protein

○ 橋本 洋佑^{1,2)}、Greene Chris^{2,3)}、Hanley Nicole²⁾、Hudson Natalie²⁾、Henshall David³⁾、Sweeney Kieron J.⁴⁾、O'Brien Donncha F.⁴⁾、Campbell Matthew²⁾

1) 広島大学 大学院医系科学研究科、2) Smurfit Institute of Genetics, Trinity College Dublin、3) Department of Physiology and Medical Physics, RCSI University of Medicine and Health Sciences、4) Department of Neurosurgery, Beaumont Hospital

101-5(P73-A) 定量データに基づく貝殻タンパク質の分類と構造間比較

14:40:00 ~ Classification and Inter-Structural Comparison of Shell Matrix

14:55:00 Proteins Based on Quantitative Proteomics

○ 大嶋 啓介¹⁾、根岸 瑠美²⁾、胡桃坂 仁志²⁾、鈴木 道生¹⁾

1) 東京大学大学院農学生命科学研究科、2) 東京大学定量生命科学研究科

101-6(P57-A) トリプシン固定化スピンカラムを用いた迅速 LiP-MS 手法の開発

14:55:00 ~ Development of a Rapid LiP-MS Method Using Trypsin Spin Column

15:10:00 ○ 宮下 靖臣^{1,2)}、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、2) 千葉大学医学薬学府

101-7(P59-C) 網羅性とハイスループット性を実現するグライコプロテオミクス戦略

15:10:00 ~ An Integrated and High-Throughput Strategy for Glycopeptide

15:25:00 Enrichment and Identification

○ 坂上 弘明¹⁾、富岡 あづさ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

101-8(P55-C) リアルタイム蛍光イメージングによる 1 細胞セクレトームの時空間動態解

15:25:00 ~ 析

15:40:00 Quantitative Spatiotemporal Analysis of Single-Cell Secretome

Dynamics Using Real-Time Fluorescence Imaging

○ 楊 倬皓¹⁾、山岸 舞²⁾、鈴木 信勇¹⁾、足立 匠³⁾、長岡 孝治⁴⁾、四元 聡⁵⁾、田中 正人⁵⁾、茂呂 和世⁶⁾、垣見 和宏⁴⁾、黒田 悦史³⁾、船津 高志⁷⁾、鎌谷 高志⁸⁾、白崎 善隆¹⁾

1) 東京大学 先端科学技術研究センター、2) 株式会社ライブセルダイアグノシス、3) 兵庫医科大学 医学部、4) 近畿大学 医学研究科、5) 東京薬科大学 生命科学部、6) 大阪大学 医学系研究科、7) 広島大学 大学院統合生命科学研究科、8) 東京科学大学 総合研究院

一般口頭発表

8 月 7 日 (木曜日) Aug 7 (Thu)

9:10:00 ~ 11:10:00 第3会場

一般口頭発表 2 / Oral Session 2

一般口頭発表 (クリニカル)

座長 渡辺 栄一郎 (北里大学)
野口 玲 (東京女子医科大学)

202-1(P27-C) オートファジー不全による肝障害は、相分離した p62 ボディの KEAP1 保持力によって決定される

9:25:00 KEAP1 retention in phase-separated p62 bodies drives liver damage in autophagy-deficient conditions

○ 土屋 光^{1,2)}、高田 周平¹⁾、篠宮 希実¹⁾、Mao Gaoxin¹⁾、古賀 友紹³⁾、小松 聡子¹⁾、曾 友深⁴⁾、阿部 学⁵⁾、Ryzhii Elena⁶⁾、鈴木 倫毅⁶⁾、中尾 光善³⁾、和栗 聡⁶⁾、森下 英晃^{1,7)}、小松 雅明^{1,2)}

1) 順天堂大学 生理学第二講座、2) オートファジーリサーチセンター、3) 熊本大学 発生医学研究所、4) 順天堂大学 神経機能構造学講座、5) 新潟大学 モデル動物開発分野、6) 福島県立医科大学 解剖・組織学分野、7) 九州大学大学院医学研究院生体機能学分野

202-2(P23-C) 新生児・乳児食物蛋白誘発胃腸症における新規バイオマーカー探索

9:25:00 ~ Exploration of Novel Biomarkers in Neonatal and Infantile Food

9:40:00 Protein-Induced Gastrointestinal Syndrome.

○ 犬飼 香織¹⁾、清水 真理子²⁾、川島 祐介³⁾、山田 佳之¹⁾

1) 東海大学医学部総合診療学系 小児科学、2) 群馬県立小児医療センター アレルギー・リウマチ科、3) かずさ DNA 研究所 応用プロテオミクスグループ

202-3(P37-A) ダiamondブラックファン貧血の新規発症機構の解明

9:40:00 ~ Exploring a Novel Pathogenic Mechanism of Diamond-Blackfan

9:55:00 Anemia Through the Regulation of Proteostasis

○ 岩崎 未央¹⁾、山川 達也¹⁾、吉野 千明¹⁾、西村 梨香¹⁾、熊崎 恵¹⁾、
田畑 剛²⁾、齋藤 潤¹⁾

1) 京都大学 iPS 細胞研究所、2) MassSoft

202-4(P49-A) 30 年以上保存されたホルマリン固定標本の解読を可能にするプロテオーム

9:55:00 ~ 技術の比較検討

10:10:00 Decoding Archived Cancer Samples: Enhanced Proteomic Yields from
30-Year-Old FFPE Tissues Using Three Methods

○ 野口 玲^{1,2)}、安達 雄輝²⁾、吉松 有紀³⁾、大槻 純男⁴⁾、近藤 格²⁾

1) 東京女子医科大学医学部薬理学分野、2) 国立研究開発法人国立がん研
究センター研究所希少がん研究分野、3) 栃木県立がんセンター研究所 患
者由来がんモデル分野、4) 熊本大学大学院生命科学研究部微生物薬学分野

202-5(P85-A) 糖尿病患者の心不全状態を把握できる尿中バイオマーカーの獲得

10:10:00 ~ Acquiring urinary biomarkers that can identify the state of heart

10:25:00 failure in diabetic patients

○ 柳田 憲吾¹⁾、山本 恵子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) 信楽園病院臨床検査科

202-6(P71-C) 臨床イムノペプチドミクスにおけるイオンモビリティ技術の有用性

10:25:00 ~ The advantage of ion mobility mass spectrometry in clinical

10:40:00 immuno-peptidomics

○ 峯岸 ゆり子¹⁾、岩本 典子²⁾、嶋田 崇史²⁾、植田 幸嗣¹⁾

1) (公)がん研究会・CPM センター・分析生化学研究部、2) 株式会社島津
製作所

202-7(P61-A) 腫瘍細胞と細菌の相互作用を明らかにするペプチドミクス

10:40:00 ~ Peptidomics for studying a host defense mechanism

10:55:00 ○ 佐々木 一樹¹⁾、堀内 大²⁾、川村 猛³⁾

1) 栃木県立がんセンター、2) 埼玉医科大学医学部微生物学教室、3) 東京大学アイソトープ総合センター

202-8(P35-C) 食道癌の術前化学療法耐性機序の解明を目的とした FFPE プロテオーム解

10:55:00 ~ 析手法の考案

11:10:00 A High-Sensitivity Proteomic Workflow for FFPE Tissues to Elucidate Chemoresistance Mechanisms in Esophageal Cancer

○ 上畑 恭平^{1,2)}、新藏 秋奈^{1,2)}、村岡 賢¹⁾、鷹合 成美¹⁾、奥村 慎太郎²⁾、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

一般口頭発表

8 月 8 日 (金曜日) Aug 8 (Fri)

9:10:00 ~ 11:10:00 第3会場

一般口頭発表 3 / Oral Session 3

一般口頭発表 (基礎)

座長 幡野 敦 (新潟大学)

増田 豪 (中外製薬)

303-1(P20-D) 微量試料のためのリン酸化プロテオミクスワークフローの開発

9:10:00 ~ Development of a High-Throughput, High-Sensitivity Workflow for

9:25:00 Phosphoproteomics

○ 津曲 和哉¹⁾、今見 考志¹⁾

1) 理化学研究所生命医科学研究センター

303-2(P68-D) 化学プローブ開発によるタンパク質凝集性の網羅解析

9:25:00 ~ Covalent Labeling Probes for Aggregation Proteomics

9:40:00 ○ 佐藤 伸一¹⁾、閼 孝介²⁾、藤村 千鶴¹⁾、森 陽音³⁾、鈴木 ラファエル
麦⁴⁾、川越 聡一郎⁵⁾、馬淵 拓哉⁶⁾、齋尾 智英⁵⁾、袖岡 幹子¹⁾

1) 東北大学際研、2) 理化学研究所 環境資源科学研究センター、3) 東北
大理、4) 東北大医、5) 徳島大先端酵素研、6) 東北大流体研

303-3(P56-D) UniScore を用いた Target-Decoy 法によるペプチド同定

9:40:00 ~ Peptide Identification by the Target-Decoy Approach Using UniScore

9:55:00 ○ 藤田 雄一郎¹⁾、田畑 剛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

303-4(P80-D) 微量細胞プロテオミクスによるマウス精巣組織の加齢変化解析

9:55:00 ~ Analysis of Aging Changes in Mouse Testicular Tissue by Trace Cell

10:10:00 Proteomics

○ 森 大¹⁾、前澤 創²⁾、大塚 海²⁾、中村 達矢²⁾、林 陽平³⁾

1) 名古屋大学、2) 東京理科大学、3) 東京科学大学

303-5(P74-B) 緑膿菌臨床分離株のプロテオーム解析による多剤耐性関連タンパク質の探索
10:10:00 ~ 索

10:25:00 Proteomic analysis for exploring the antibiotic resistance mechanisms of pseudomonas aeruginosa clinical isolates

○ 木村 鮎子¹⁾、高橋 圭佑¹⁾、宮野 ゆかり¹⁾、平川 秀忠²⁾

1) 群馬パース大学大学院保健科学研究科、2) 群馬大学大学院医学系研究科

303-6(P70-B) マウス初期胚の核プロテオームの多角的なデータ解析

10:25:00 ~ Multifaceted data analysis of the nuclear proteome in mouse early
10:40:00 embryos

○ 柿原 礼佳¹⁾、幡野 敦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

303-7(P62-B) キナーゼをリン酸標識剤として活用する次世代構造プロテオミクス

10:40:00 ~ Next-Generation Structural Proteomics Using Kinase as a Phospho-
10:55:00 Labeler

○ 前田 朝登¹⁾、小形 公亮¹⁾、杉山 直幸^{1,2)}、石濱 泰^{1,3)}

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 国立循環器病研究センター、3) 医薬基盤・健康・栄養研究所

303-8(P14-B) HaloMS 法による脂肪細胞インタラクトームネットワークのマッピング

10:55:00 ~ Mapping adipocyte interactome networks by HaloTag-enrichment-
11:10:00 mass spectrometry

○ 矢崎 潤史^{1,2)}、山梨 貴士²⁾、根本 信乃²⁾、小林 敦夫²⁾、韓 龍雲²⁾、長谷川 知子²⁾、岩瀬 哲²⁾、石川 将己³⁾、紺野 亮³⁾、今見 考志²⁾、川島 祐介³⁾、清田 純²⁾

1) 摂南大学、2) 理化学研究所、3) かずさ DNA 研究所

日本プロテオーム学会 2025 年大会 JPrOS2025 (23rd JHUPPO)

ナイトセミナー/ランチョンセミナー

■8月6日 (18:30～19:30)

会議室201A (第2会場) サーモフィッシャーサイエンティフィック

■8月7日 (12:30～13:20)

会議室201A (第2会場) ブルカージャパン

会議室201B (第3会場) エービー・サイエックス

会議室101 (第4会場) トミーデジタルバイオロジー

■8月8日 (11:30～12:20)

会議室201A (第2会場) エーエムアール

会議室201B (第3会場) ライカマイクロシステムズ

会議室101 (第4会場) ユーロフィンジェノミクス / スクラム

サーモフィッシャーサイエンティフィック

8月6日 (18:30~19:30)/会議室201A (第2会場)

新製品アップデート：新型 Orbitrap 質量分析計のご紹介

○渡邊 史生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

Introduction for the next generation Orbitrap mass spectrometer.

○Shio Watanabe

1) Thermo Fisher Scientific K.K

Short Abstract: We introduce next generation Orbitrap mass spectrometer and their unique feature for proteomics application compared with legacy instruments.

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

プロテオミクス研究は、生物学および医学の分野において、年々その重要性を増している。特に近年では、最新の質量分析技術やバイオインフォマティクスの発展により、より高精度で大量のデータが取得可能となり、これまで見過ごされてきた微細なタンパク質の変化を捉えられるようになった。これによって、疾患の診断や治療法の開発段階において、タンパク質の発現パターンや修飾状態の解析が新たな知見を提供しており、これにより個別化医療や新薬開発の効率化が期待される。

Thermo Scientific™ Orbitrap™質量分析計は、高分解能かつ精密質量による分析を安定的に実現することで、プロテオミクス研究のさまざまな発見に貢献してきた。更に、2023年に発表された Thermo Scientific™ Orbitrap™ Astral™質量分析計は、より高速でより高感度な検出を可能とし、その組み合わせによって、プロテオミクスとしての網羅的な探索を飛躍的に加速させた。本発表では、2025年 ASMS で発表された新型の Orbitrap 質量分析計とその特長について、最新のプロテオミクスアプリケーションを交えて紹介する。

ブルカージャパン

8月7日 (12:30~13:20)/会議室201A (第2会場)

Native PAGE を使用した GeLC-MS/MS のハイスループット化によるタンパク質複合体解析システムの構築

紺野亮¹⁾

1) 公益財団法人かずさ DNA 研究所

Establishment of a protein complex analysis system by high-throughput GeLC-MS/MS using Native PAGE.

Ryo Konno¹⁾

1) Kazusa DNA Research Institute

Short Abstract: Dynamic protein complexes drive cellular functions, but standard proteomics disrupts their interactions. We focused on nGeLC-MS/MS, combining in gel digestion method using Native PAGE (which preserves complexes) with mass spectrometry. However, analyzing a large number of fractions presents significant challenges: it is extremely time-consuming and labor-intensive. To overcome these issues, we first streamlined in-gel digestion, reducing the 96-sample processing time from ~1.5 days to ~1.5 hours. We then implemented a high-throughput, high-sensitivity LC-MS/MS platform (EVOSEP One/TimsTOF HT) using WhisperZoom 80 SPD and Thin-diaPASEF^[1], analyzing 96 fractions in ~1.2 days. This integration yields a complete ~1.5-day nGeLC-MS/MS workflow.

Keywords: TimsTOF HT, GeLC-MS/MS, High Throughput, Thin-diaPASEF

細胞内での生理的な機能は複数のタンパク質が協働することで実現され、生体内環境に応じてタンパク質間の相互作用や複合体は動的に変化する。現在のプロテオーム解析では抽出したタンパク質を酵素消化する方法が主流であり、網羅的な定性・定量解析が可能となった。しかし、タンパク質抽出時に強力な界面活性剤の使用や直接的な酵素消化を行うため、タンパク質間の相互作用を維持したまま解析することは困難である。

そこで我々は、タンパク質複合体を維持した状態で分離可能な Native PAGE とゲル内消化法を組み合わせた nGeLC-MS/MS 法に着目した。本法は、例えば 2 種のサンプル (各 N=3) を Native PAGE で電気泳動し、レーンを 16 断片に短冊状に切り出し、対応するゲル片のタンパク質プロファイルと比較することで複合体情報を包括的に取得できる。しかし、この場合、計 96 断片ものサンプルを LC-MS/MS 分析する必要がある、多大な時間と労力を要する。加えて、各断片に含まれるタンパク質量はゲルでの分離によって減少するため、高感度な測定も同時に求められるという課題があった。

これらの課題を解決するため、我々はゲル内消化の簡略化と、高感度・ハイスループットな LC-MS/MS システムの構築に取り組んだ。まず、ゲル内消化の前処理ステップを大幅に削減し、パラメータを最適化することで、従来 1.5 日程度を要した処理を、96 断片同時に約 1.5 時間で完了する手法を開発した。次に、高速液体クロマトグラフィー EVOSEP One による WhisperZoom 80 SPD 法とイオンモビリティ質量分析計 TimsTOF HT による高深度分析用に独自に最適化した Thin-diaPASEF 法^[1]を適用することで 80 サンプル/日のスループットで分析深度の高い LC-MS/MS システムを構築した。その結果、96 ゲル断片を約 1.2 日で高感度に分析可能となり、ゲル切り出しとゲル内消化を含めた全工程を約 1.5 日で完了するハイスループット nGeLC-MS/MS システムの確立に成功した。

本会では開発した nGeLC-MS/MS システムの詳細と、本法を用いたタンパク質複合体の変動解析について発表する。

[1] R. Konno et al., *bioRxiv*, doi: <https://doi.org/10.1101/2024.04.26.591246> (2024)

エービー・サイエックス

8月7日 (12:30~13:20)/会議室201B (第3会場)

ZenoTOF 7600+が切り拓く—高品質 MS/MS スペクトルを活用した *de novo* シーケンスによる生物種同定とその未来

○川島 祐介¹⁾、柴田 猛²⁾、建田 潮²⁾

1) かずさ DNA 研究所、2) 株式会社エービー・サイエックス

Unlocking the potential of ZenoTOF 7600+—biological species identification through *de novo* sequencing utilizing high-quality MS/MS spectra and its future

○Yusuke Kawashima¹⁾, Takeshi Shibata²⁾, Ushio Takeda²⁾

1) Kazusa DNA research institute, 2) SCIEX

Short Abstract: Mass spectrometers have advanced significantly in recent years. Our laboratory has developed a new strategy for identifying the biological species of unknown samples through *de novo* sequencing using the high-performance ZenoTOF 7600+ mass spectrometer. This approach has potential applications in food safety inspections, such as detecting food fraud and contamination, as well as environmental analyses, including biological surveys and water pollution assessments.

Keywords: ZenoTOF 7600+, *de novo* sequencing, species identification

質量分析計は年々進化を遂げ、スキャンスピードや感度の大幅な向上により、1 時間に数十万のスペクトルを取得できるようになった。しかしながら、質量分析計の進化にもかかわらず、MS/MS によるペプチドの開裂スペクトルは依然として歯抜け状態であり、タンパク質配列データベースを利用せずに行う *de novo* シーケンスによる同定解析のハードルは高い。そのため、生物種が未知のサンプルに対する解析は依然として困難である。

そこで、当ラボでは生物種が不明なサンプルにおけるタンパク質同定解析のため、新たな戦略の確立を試みた。我々は、数十万のスペクトルを取得すれば、ごく一部には歯抜けのない MS/MS スペクトルが得られている可能性が高いと考えた。そこで得られた高確度なペプチド配列情報を活用し、サンプルに含まれるタンパク質の生物種を特定するアプローチを検討した。まずは K562 消化物を 1 時間グラジエント分析して、PEAKS Studio v12.5 で *de novo* シーケンス解析を行い、99%の確度で配列決定できたペプチド数をもとに歯抜けのない MS/MS スペクトルが得られやすい機器を選別した。その結果、ZenoTOF 7600+システムにおいて、1,000 種類以上のペプチドが同定され、最も多くの高品質な MS/MS スペクトルが取得できることが確認された。このように、*de novo* シーケンス解析により配列の一部が決定できれば、その配列を Unipept (<https://unipept.ugent.be/>) に入力することで、ペプチド配列からサンプルに含まれる生物種を特定できる。その後、特定された生物種のタンパク質配列データベースを用いた MS データの再解析を行うことで、より詳細なタンパク質同定解析が可能となる。本発表では、テストケースとして醤油の解析を行い、醤油に含まれる既知の生物種との一致を確認した。

このような解析手法をさらに応用することで、食品・サプリメント・薬剤などの製造過程における異物混入の調査や食品偽装の検査、また、生物調査や微生物による水質汚染などの環境解析にも利用が期待でき、実用的な解析手法として発展していくと考えている。

トミーデジタルバイオロジー

8月7日 (12:30~13:20)/会議室101 (第4会場)

ポストゲノム時代における革新的技術：次世代プロテインシーケンシングの最前線
○Michael Sohn¹⁾

1)Quantum SI, International Channel Partner Manager

Applications of Next Generation Protein Sequencing™ as transforming technology in the post-genomic era of biology and research

Michael Sohn¹⁾

1)Quantum SI, International Channel Partner Manager

Short Abstract: Quantum-Si Next Generation Protein Sequencing Platform™ is transforming protein sequencing and ushering in the post-genomic era. For decades, researchers have relied on DNA and RNA sequencing to unlock biological insights, but the next frontier is proteins. Proteins are the key players in biology, dictating cellular function and disease progression. However, truly scalable and accessible protein sequencing has remained out of reach until now. The presentation introduces the world's first and only Next-Gen Protein Sequencer™ (NGPS™), enabling single amino acid resolution. By integrating biology, chemistry, and AI, NGPS achieves unmatched sensitivity and specificity. It offers an accessible, precise tool for breakthroughs in clinical research, drug development, and proteomics across biology.

Keywords: NGPS, AASeq, Proteomics

Quantum-Si の Next Generation Protein Sequencing Platform™は、タンパク質シーケンシングに革新をもたらし、生物学におけるポストゲノム時代の幕開けを実現しつつある。本セミナーでは、これまで主に用いられてきた DNA および RNA のシーケンシングに加え、次なる解析対象として注目される「タンパク質」に焦点を当てる。タンパク質は、遺伝子情報から翻訳される最終的な産物であり、細胞の構造形成や酵素反応の触媒、シグナル伝達、代謝制御、免疫応答の誘導、さらにはがんや神経疾患などの病態進行においても中心的な役割を担う。タンパク質は生命活動の本質に深く関わるにもかかわらず、プロテオミクスの研究は依然として高度な専門性と設備を要する分野にとどまっており、多くの技術的制約に直面してきた。今回紹介する Next-Gen Protein Sequencer (NGPS™) は、こうした従来の制限を克服し、スケーラブルかつアクセスが容易なタンパク質のシーケンシング技術を提供する世界初かつ唯一の商用タンパク質シーケンサーである。2022 年 10 月に Science に掲載された最新技術を搭載しており、タンパク質をペプチド断片に消化し、特定のアミノ酸に結合する酵素を蛍光色素で標識した「レコグナイザー」を用いてアミノ酸との結合イベントに由来する蛍光シグナルの特性からアミノ酸を特定し、個々のアミノ酸を順次検出することで単一アミノ酸レベルの解像度でタンパク質配列を直接読み取ることが可能である。本技術は、生物学、化学、人工知能（AI）を融合することで、高い感度と特異性を実現しており、従来法では検出困難であった分子情報を可視化することができる。また、操作性や拡張性にも優れており、専門的なトレーニングを受けていないユーザーでも簡便に扱うことができ、解析対象についても柔軟性を備えた設計となっている。複雑なワークフローやバイオインフォマティクスの専門知識は一切不要で、シンプルでわかりやすいワークフロー、必要な試薬がすべて含まれたキット、使いやすいデスクトップ型装置、自動化された解析ソフトウェアにより、どのようなラボでもわずか数ステップでタンパク質のシーケンスを実施することができる。NGPS™の応用領域は極めて広範であり、臨床研究、創薬、オミクス解析をはじめとする幅広い生命科学分野において、有用なツールとしての活用が期待される。

エーエムアール

8月8日 (11:30~12:20)/会議室201A (第2会場)

次世代 LC-MS プロテオミクスに向けた EVOSEP 最新システム：エンドツーエンド・ソリューションを実現する性能とスケーラブルなサンプル前処理技術

○Nicolai Bache¹⁾

1) Evosep Biosystems

Preparing for Next Generation LC-MS based Proteomics – Performance and scalable sample preparation for end-to-end solutions

Nicolai Bache¹⁾

1) Evosep Biosystems

Short Abstract :

The growing demand for high-throughput, reproducible, and sensitive proteomics continues to drive innovation across all stages of the LC-MS workflow. In this presentation, we introduce recent advancements in next-generation LC-MS-based proteomics. We additionally describe the EvoTip Pure technology as a key enable of automated, scalable, and cost-effective workflow designed to streamline sample preparation and analysis for large-scale studies. This integrated approach is exemplified by the processing of over 1,100 plasma samples in less than six days on a single-instrument setup. These results demonstrate how fully automated, end-to-end LC-MS workflows make large-cohort, clinically relevant proteomics not only feasible, but routine.

Keywords :

Evosep, Evotip, Proteomics

ハイスループットかつ再現性と感度に優れたプロテオミクスへの需要の高まりは、LC-MS ワークフローの全工程における技術革新が必須です。本セミナーでは、次世代 LC-MS ベースのプロテオミクスにおける最新の技術をご紹介します。また、大規模研究における試料調製と解析を効率化するために設計された、自動化され、スケーラブルかつ低コストなワークフローを実現する鍵となる技術として、EvoTip Pure テクノロジーについても説明します。

この統合的アプローチは、単一の装置構成で6日を要せずに1,100以上の血漿サンプルを処理した事例によって実証されています。これらの結果は、完全自動化された End-to-End の LC-MS ワークフローによって、臨床的に意義のある大規模コホートを対象としたプロテオミクスが単に実現可能となるだけでなく、ルーチン解析として実施できることも示しています。

ライカマイクロシステムズ

8月8日 (11:30~12:20)/会議室201B (第3会場)

局所領域および組織切片全域の空間プロテオミクス

○今見 考志¹⁾、鶴巻 宣秀²⁾

1) 理化学研究所 生命医科学研究センター プロテオーム恒常性研究ユニット、2) ライカマイクロシステムズ株式会社

Spatial proteomics of defined regions and entire tissue sections

Koshi Imami¹⁾、Nobuhide Tsurumaki²⁾

1) Proteome Homeostasis Research Unit, RIKEN Center for Integrative Medical Sciences, 2) Leica Microsystems K.K.

Short Abstract:

Laser Microdissection (LMD) is a technology that precisely excises and collects specific cells or tissues, enabling detailed protein analysis through mass spectrometry. Leica's LMD system rapidly prepares samples for proteomics and omics analyses, using a non-contact, gravity-based method for contamination-free collection. This ensures high-quality samples from single cells to extensive collections. As the importance of spatial proteomics grows, so does the value of LMD technology. Spatial proteomics analyzes the distribution of proteins within cells and tissues, offering new insights into disease progression and treatment efficacy. In the seminar, Dr. Koushi Imami from RIKEN will present his research on spatial protein analysis using LMD. Leica Microsystems will also introduce their latest technologies and applications. This seminar will provide deep insights into the regulation and maintenance of the proteome.

Keywords:

Laser Microdissection, Spatial Proteomics, Protein-protein interaction, mass spectrometry, tissue section

レーザーマイクロダイセクション(LMD)は、特定の細胞や組織を精密に切り出し回収する、ダウンストリームの質量分析による詳細なタンパク質解析を可能にする革新的な技術です。Leica の LMD は、プロテオミクス解析やオミックス解析のためのサンプル調製をスピーディーに行える様、隣接領域や多数の関心領域 (ROI) をストレスなく、各ウェルヘシームレスに高速回収します。試料に対して非接触、重力落下方式でコンタミネーションフリーの回収が可能で、サンプルを高品質に維持できるため、1 細胞から広範囲の回収まで、幅広いアプリケーションに対応します。

昨今、空間プロテオミクスに注目が集まる中で、LMD 技術の利用価値はますます高まっています。空間プロテオミクスは、細胞や組織のタンパク質の空間的な分布を解析し、病気の進行や治療効果の評価に新たな視点を提供します。これにより、従来のプロテオミクスでは得られなかった詳細な情報を取得でき、研究の精度と効率に貢献します。

本セミナーでは、今見考志先生（理化学研究所 生命医科学研究センター プロテオーム恒常性研究ユニット）をお招きし、LMD を用いた空間的タンパク質解析の事例を交え、先生のご研究内容についてご発表いただきます。細胞にかかるプロテオームの制御・維持についてのさまざまなアプローチから、タンパク質レベルでしか得られない情報を高深度・包括的なお話を伺えます。また、ライカマイクロシステムズ株式会社からは、空間プロテオミクスの最新の応用例を交えながら、Leica の最新の技術についてご紹介します。

ユーロフィンジェノミクス / スクラム

8月8日 (11:30~12:20)/会議室101 (第4会場)

プロテオームの深化と拡大は止まらない！

小原 収¹⁾、松田 耕一郎²⁾、服部 徹³⁾、相良 聡³⁾

1) かずさ DNA 研究所、2)ユーロフィンジェネティクス株式会社、3)株式会社スクラム

Unstoppable Advances in Proteomics: Expansion and Deepening

Osamu Ohara¹⁾, Koichiro Matsuda²⁾, Toru Hattori³⁾, Satoshi Sagara³⁾

1) Kazusa DNA Research Institute, 2) Eurofins Genomics K.K., 3) Scrum Inc.

Eurofins Genomics K.K. will introduce contract-based solutions and discuss key challenges in advancing proteomics, with a focus on plasma/serum proteomics. Although omics research has gained traction, proteomics remains underutilized due to the technical complexity and high costs of LC-MS/MS systems.

Scrum Inc. will present emerging technologies that deepen proteomic analysis. Alamar Biosciences' NULISA offers ultra-sensitive detection beyond LC-MS/MS and PEA, applicable across biomarker discovery stages. Additionally, Syncell's *Microscoop* enables spatial proteomics by biotin-labeling proteins in fluorescently tagged regions of interest, facilitating analysis of organelles and cellular interfaces. These innovations promise to enhance both sensitivity and spatial resolution in proteomics.

Keywords:

Biomarker, Spatial Proteomics, Plasma/Serum proteomics

○ 拡大するプロテオーム解析（ユーロフィンジェノミクス株式会社）

オミクス時代と騒がれる中で、なぜかプロテオーム解析の活用はまだまだ限定的な状態が長く続いていた。その理由は、プロテオーム解析に必要な液体クロマトグラフィーと質量分析系(LC-MS/MS 系)の適正な運用には多くの経験とスキルが求められ、かつその装置導入の初期費用が高額であることが大きな原因であった。このランチョンセミナーでは、現在受託として提供可能なプロテオーム解析技術を改めて紹介し、我が国のオミクス研究を活性化・拡大していくために乗り越えるべき課題を考えたい。特に現在注目を集めている血漿・血清プロテオミクスについては、かずさ DNA 研究所で開発された植物レクチンを利用する方法やプロテインコロナ形成を利用した Seer 社の Proteograph 系などの特徴や最近のトピックスを紹介する。

○ 深化するプロテオーム解析（株式会社スクラム）

Alamar Biosciences 社の NULISA テクノロジーは、LC-MS/MS 系や PEA テクノロジーの感度限界を超える測定技術であり、探索研究から臨床応用研究までバイオマーカー開発の様々なフェーズに応用できる技術である。本セミナーではこの NULISA システムの可能性を紹介する。さらに、Syncell 社による新しい空間プロテオミクス技術「Microscoop」も併せて紹介する。本技術は、ストレス顆粒や免疫シナプスなどの蛍光標識された関心領域(ROI)に含まれるタンパク質をビオチン化し、ストレプトアビジンによるプルダウンを通じてプロテオーム解析を可能にするものである。この手法により、オルガネラや細胞間接触面といった微小構造の解析が可能となり、空間的オミクス解析における新たな展望を切り開く有力なツールとなる。この2つの新規テクノロジーは、検出感度と空間解像度のそれぞれにおいて、既存のプロテオーム解析を大きく深化させるものと期待される。

日本プロテオーム学会 2025 年大会 JPrOS2025 (23rd JHUPPO)

ポスターセッション

ポスター

- P01-A** 気相分画 DIA と BoxCar を組み合わせた高速プロテオーム解析ワークフローの構築
Rapid proteome analysis workflow combining gas-phase fractionation DIA and BoxCar.
○ 高見 知代¹⁾、幡野 敦¹⁾、松本 雅記¹⁾
1) 新潟大学
- P02-B** 進化した宿主細胞由来タンパク質定性・定量解析
Advancements in Multi-Protein Quantitation for Host Cell Protein Discovery
○ 栗本 綾子¹⁾、Veale Lawrie¹⁾、Harvey Antony¹⁾、Radi Krisztina¹⁾、Bramwell Claire¹⁾、Tvrdy Lukas¹⁾、Georgouloupoulos Michael¹⁾、Yong Kil¹⁾、Bern Marshall¹⁾
1) プロテインメトリックス
- P03-C** 高深度プロテオーム解析を飛躍させる：Thin-diaPASEF 法の開発と性能評価
A maximizing proteome coverage: Development and Evaluation of the Thin-diaPASEF Method
○ 紺野 亮¹⁾、中島 大輔¹⁾、小原 収¹⁾、川島 祐介¹⁾
1) かずさ DNA 研究所
- P04-D** 塩基性タンパク質の分離を改善したアガロースネイティブゲル電気泳動法の開発と抗体分析への応用
Development of an Improved Agarose Native Gel Electrophoresis Method for the Separation of Basic Proteins and Its Application in Antibody Analysis
○ 芥 照夫¹⁾、中川 真隆¹⁾、佐久間 千愛¹⁾、富岡 優衣¹⁾、丸山 俊昭²⁾、C. Entzminger Kevin²⁾、K. Fleming Jonathan²⁾、奥村 繁²⁾、荒川 力³⁾
1) Kyokuto Pharmaceutical Industrial Co.Ltd.、2) Abwiz Bio Inc, SD, USA、3) Alliance Protein Laboratories, SD, USA

- P05-A** コンタクトレンズの終日装用における涙液タンパクの変動
Change of tear fluid protein during daily wear of contact lens
○ 長屋 大地¹⁾、吉満 円香¹⁾、佐々木 理衣¹⁾、河原 由衣¹⁾、石橋 彩華¹⁾、木村 優子¹⁾、加納 圭子²⁾、三城 恵美²⁾、角出 泰造¹⁾
1) 株式会社メニコン、2) 名古屋大学トランスフォーマティブ生命分子研究所
- P06-B** プロテオミクスデータの利活用を促進するプラットフォーム Proteome Browser の開発
Development of Proteome Browser, a platform to promote the utilization of proteomics data
○ 山下 智起¹⁾、小杉 洋平¹⁾
1) 武田薬品工業株式会社 トランスレーショナルバイオマーカー&バイオアナリティクス
- P07-C** 抗体を担持した微小球状粒子の光指紋に基づくプロテオミクス
Proteomics based on emitting spherical microparticles
○ 辻本 智行¹⁾、金 水縁²⁾、窪野 明日磨²⁾、谷口 雄一²⁾、山本 洋平³⁾、山岸 洋³⁾
1) 筑波大学大学院 理工情報生命学術院 数理物質科学研究群 応用理工学学位プログラム物性・分子工学サブプログラム、2) 京都大学高等研究院 物質—細胞統合システム拠点、3) 筑波大学 数理物質系 物質工学域
- P08-D** 血清プロテオーム解析による新規飲酒マーカーの探索研究
Novel serum marker proteins for alcohol abuse identified through proteomic analysis
○ 佐久間 佳乃¹⁾、清水 百梨¹⁾、武富 春香¹⁾、小寺 義男²⁾、市原 清志³⁾、曾川 一幸¹⁾
1) 麻布大学、2) 北里大学、3) 山口大学

- P09-A** プロテオーム解析による新規膵臓癌早期診断マーカーの探索研究
Novel diagnostic marker proteins for pancreatic ductal adenocarcinoma identified through proteomic analysis
○ 田崎 彩花¹⁾、清水 百梨¹⁾、高野 重紹²⁾、小寺 義男³⁾、大塚 将之²⁾、曾川 一幸¹⁾
1) 麻布大学、2) 千葉大学、3) 北里大学
- P10-B** 次世代新生児スクリーニングのための鉄粉を用いたノンターゲットプロテオーム解析システムの開発
Non-targeted proteome analysis using low-cost iron powders for a novel newborn screening modality
○ 中島 大輔¹⁾、紺野 亮¹⁾、石川 将己¹⁾、奥田 悠世^{1,2)}、小原 収¹⁾、川島 祐介^{1,2)}
1) かずさ DNA 研究所、2) 北里大学大学院理学研究科
- P11-C** 学習済みタンパク質の言語モデル活用した液体クロマトグラフィーの保持時間およびペプチドの衝突断面積の同時予測
Simultaneous prediction of retention time in liquid chromatography and peptide collision cross section with a pre-trained protein language model
○ 岡本 優太¹⁾、中井 彩乃²⁾、小形 公亮³⁾、石濱 泰³⁾、田中 利幸¹⁾
1) 京都大学大学院情報学研究科、2) 名古屋工業大学大学院工学研究科、3) 京都大学大学院薬学研究科
- P12-D** アクアポリン 4 ノックアウトマウスの網羅的プロテオーム解析
Proteomic analysis of aquaporin-4 knockout mice
○ 三田 剛嗣¹⁾、篠塚 崇徳¹⁾、阿部 陽一郎¹⁾、塗谷 睦生¹⁾、安井 正人¹⁾
1) 慶應義塾大学 医学部
- P13-A** 真の網羅的な発現プロテオーム解析を目指して
Towards True Comprehensive Proteome Analysis
○ 川島 祐介^{1,2)}、紺野 亮¹⁾、奥田 悠世^{1,2)}、小原 収¹⁾
1) かずさ DNA 研究所、2) 北里大学大学院理学研究科

- P14-B** HaloMS 法による脂肪細胞インタラクトームネットワークのマッピング
(303-8) Mapping adipocyte interactome networks by HaloTag-enrichment-mass spectrometry
○ 矢崎 潤史^{1,2)}、山梨 貴士²⁾、根本 信乃²⁾、小林 敦夫²⁾、韓 龍雲²⁾、長谷川 知子²⁾、岩瀬 哲²⁾、石川 将己³⁾、紺野 亮³⁾、今見 考志²⁾、川島 祐介³⁾、清田 純²⁾
1) 摂南大学、2) 理化学研究所、3) かずさ DNA 研究所
- P15-C** 大腸菌における未開拓小型タンパク質の探索
(101-3) Identification of unexplored small proteins in Escherichia coli
○ シン チエ¹⁾、花市 龍世¹⁾、田口 英樹¹⁾
1) 東京科学大学
- P16-D** 血管性認知症 CADASIL モデルゼブラフィッシュの全脳マルチオミクス解析により示唆された IV 型コラーゲン関連分子の CADASIL 病態進行への関与
Multi-Omics Analysis of a CADASIL Model Zebrafish Suggests the Involvement of Collagen IV-Related Molecules in the Progression of CADASIL Pathology
○ 加納 永梧¹⁾、伊藤 素行^{1,2,3)}、王林 思帆¹⁾、古川 健吾¹⁾、溝口 貴正¹⁾、小原 収⁴⁾
1) 千葉大学大学院・薬学研究院、2) 千葉大学災害治療学研究所、3) 千葉大学健康疾患オミクスセンター、4) かずさ DNA 研究所
- P17-A** 分子ネットワーク解析を用いた疾患マルチオミクスデータ解釈
Molecular network analysis of Disease 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

- P18-B** DIA 解析ツールのライブラリーフリー解析の性能比較
Comprehensive Benchmarking of Recent DIA Tools for Library-Free Proteomics Analysis
○ 顧 孔新¹⁾、伊藤 慎悟^{1,2,3)}、大槻 純男^{1,2,2)}
1) 熊本大学大学院薬学教育部、2) 熊本大学薬学部、3) 熊本大学大学院生命科学
研究部 (薬)
- P19-C** 血漿プロテオミクスによる慢性腎炎症候群のバイオマーカー同定
Identification of Biomarkers for Chronic Nephritis Syndrome using Plasma Proteomics
○ 松川 直美¹⁾、菱沼 英史^{1,2)}、元池 育子^{1,2)}、木下 賢吾^{1,2)}、山本 雅之^{1,2)}、
小柴 生造^{1,2)}
1) 東北大学東北メディカル・メガバンク機構、2) 東北大学未来型医療創成センタ
ー
- P20-D** 微量試料のためのリン酸化プロテオミクスワークフローの開発
(303-1) Development of a High-Throughput, High-Sensitivity Workflow for Phosphoproteomics
○ 津曲 和哉¹⁾、今見 考志¹⁾
1) 理化学研究所生命医科学研究センター
- P21-A** DIA 法による尿プロテオミクス：認知機能低下を予測する尿バイオマーカーの探索
Exploration of urine biomarkers predictive of dementia using DIA proteomics
○ 渡邊 裕美¹⁾、山本 恵子²⁾、柳田 憲吾²⁾、北村 香織^{1,3)}、春日 健作⁴⁾、山本
格²⁾、中村 和利¹⁾
1) 新潟大学大学院医歯学総合研究科・社会環境医学、2) 新潟大学大学院医歯学総
合研究科・生体液バイオマーカーセンター、3) 関東学院大学・看護学部、4) 国立
長寿医療研究センター・診断イノベーション研究部

- P22-B** 最新の質量分析計がもたらすプロテオーム研究の進展
The Impact of the Latest Mass Spectrometers on Proteome Research
○ 永島 良樹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
- P23-C** 新生児・乳児食物蛋白誘発胃腸症における新規バイオマーカー探索
(202-2) Exploration of Novel Biomarkers in Neonatal and Infantile Food Protein-Induced Gastrointestinal Syndrome.
○ 犬飼 香織¹⁾、清水 真理子²⁾、川島 祐介³⁾、山田 佳之¹⁾
1) 東海大学医学部総合診療学系 小児科学、2) 群馬県立小児医療センター アレルギー・リウマチ科、3) かずさ DNA 研究所 応用プロテオミクスグループ
- P24-D** クロスリンキング質量分析法による新型インフルエンザワクチン HA の立体構造を基盤とした生物学的活性評価系構築に向けた検討
Investigation Toward a Structure-Based Assay for Biological Activity of Pandemic Influenza Vaccine HA by Cross-Linking Mass Spectrometry
○ 中居 佑介^{1,2,3)}、嶋崎 典子²⁾、亀谷 太一^{3,4)}、杉山 隆一²⁾、武長 徹^{1,2)}、木村 弥生⁵⁾、原田 勇一²⁾、西嶋 陽奈²⁾、梁 明秀³⁾
1) 国立健康危機管理研究機構 国立感染症研究所 検査診断技術研究部、2) 国立健康危機管理研究機構 国立感染症研究所 インフルエンザ研究センター、3) 国立健康危機管理研究機構 国立感染症研究所 バイオインフォマティクス・オミクス研究部、4) 関東化学株式会社 技術・開発本部 生命科学研究所、5) 横浜市立大学 先端医科学研究センター
- P25-A** 血液試料の分子品質指標としてのΔS-Cys-Albumin の評価：網羅的プロテオーム解析との併用による検証
Evaluation of Delta S-Cys-Albumin as a Molecular Quality Indicator of Blood Samples: Validation in Combination with Comprehensive Proteome Analysis
○ 梶村 順子¹⁾、深田 理恵¹⁾、田邊 修¹⁾
1) (公財)放射線影響研究所 バイオサンプル研究センター

P26-B Phos-tag Click Tip 法を用いた高感度新規合成タンパク質プロファイリング
Phos-tag Click Tip-based high-resolution profiling of newly synthesized proteins

○ 細谷 麻以子¹⁾、秋山 知子¹⁾、宮川 敬²⁾、小橋 達弘³⁾、井野 洋子¹⁾、Shin Jihye¹⁾、木下 英司⁴⁾、梁 明秀⁵⁾、木村 弥生¹⁾

1) 横浜市立大学 先端医科学研究センター、2) 国立健康危機管理研究機構・国立感染症研究所 インフルエンザ研究センター、3) 株式会社ナード研究所、4) 広島文教大学 人間科学部、5) 国立健康危機管理研究機構・国立感染症研究所 バイオインフォマティクス・オミクス研究部

P27-C オートファジー不全による肝障害は、相分離した p62 ボディの KEAP1 保持力によって決定される
(202-1)

KEAP1 retention in phase-separated p62 bodies drives liver damage in autophagy-deficient conditions

○ 土屋 光^{1,2)}、高田 周平¹⁾、篠宮 希実¹⁾、Mao Gaoxin¹⁾、古賀 友紹³⁾、小松 聡子¹⁾、曽 友深⁴⁾、阿部 学⁵⁾、Ryzhii Elena⁶⁾、鈴木 倫毅⁶⁾、中尾 光善³⁾、和栗 聡⁶⁾、森下 英晃^{1,7)}、小松 雅明^{1,2)}

1) 順天堂大学 生理学第二講座、2) オートファジーリサーチセンター、3) 熊本大学 発生医学研究所、4) 順天堂大学 神経機能構造学講座、5) 新潟大学 モデル動物開発分野、6) 福島県立医科大学 解剖・組織学分野、7) 九州大学大学院医学研究院生体機能学分野

P28-D Phos-tag Click Tip を用いた新規合成タンパク質選択的濃縮法の開発
Development of Phos-tag Click Tip-based selective enrichment strategies for newly synthesized proteins

○ 秋山 知子¹⁾、小橋 達弘²⁾、細谷 麻以子¹⁾、井野 洋子¹⁾、Shin Jihye¹⁾、宮川 敬³⁾、木下 英司⁴⁾、梁 明秀⁵⁾

1) 横浜市立大学 先端医科学研究センター、2) 株式会社ナード研究所、3) 国立健康危機管理研究機構・国立感染症研究所 インフルエンザ研究センター、4) 広島文教大学 人間科学部、5) 国立健康危機管理研究機構・国立感染症研究所 バイオインフォマティクス・オミクス研究部

P29-A rRNA 前駆体プロセッシングにおける AAA-ATPase NVL2 による WDR74 モジュールの機能的制御

Functional Regulation of the WDR74 Module by AAA-ATPase NVL2 in Pre-rRNA Processing

○ 廣岡 侑也^{1,2)}、宮尾 宗太郎²⁾、泉川 桂一²⁾、長浜 正己²⁾

1) 慶應義塾大学、2) 明治薬科大学

P30-B jPOST データ再解析促進のための JPDM データ論文メタデータの品質向上

Enhancing the quality of metadata in JPDM data papers to facilitate the re-analysis of jPOST data

○ 高橋 悠志¹⁾、吉沢 明康¹⁾、小林 大樹²⁾、守屋 勇樹³⁾、幡野 敦²⁾、高見 知代²⁾、松本 雅記²⁾、荒木 令江⁴⁾、田畑 剛^{5,6)}、岩崎 未央⁶⁾、杉山 直幸⁷⁾、小寺 義男⁸⁾、田中 聡⁹⁾、五斗 進³⁾、河野 信¹⁰⁾、奥田 修二郎¹⁾、石濱 泰⁵⁾

1) 新潟大学医学部 メディカル AI センター、2) 新潟大学医学部 システム生化学、3) 情報・システム研究機構 データサイエンス共同利用基盤施設 ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS)、4) 熊本大学大学院生命科学研究部、5) 京都大学大学院薬学研究科、6) 京都大学 iPS 細胞研究所、7) 国立循環器病研究センター 創薬オミックス解析センター、8) 北里大学理学部、9) Trans-IT、10) 北里大学未来工学部

P31-C 細菌の細胞分裂タンパク質 FtsZ の繊維化機構の解明

Structural insights into the polymerization mechanism of the bacterial cell division protein FtsZ

○ 須藤 愛莉咲¹⁾、後藤 楓²⁾、次田 篤史²⁾、横山 武司²⁾、田中 良和²⁾、小寺 義男^{1,3)}、松井 崇^{1,3)}

1) 北里大学大学院理学研究科、2) 東北大学大学院生命科学研究科、3) 北里大学理学部附属疾患プロテオミクスセンター

P32-D 血清尿酸値と循環タンパク質の関連性調査

Association between serum urate and protein concentrations: A cross-sectional proteomics study

○ 大橋 勇紀¹⁾、市原 佐保子²⁾、山本 健³⁾、北村 祐貴²⁾、松原 達昭⁴⁾、加藤 倫子⁵⁾、松尾 洋孝⁶⁾、市田 公美⁷⁾、横田 充弘⁸⁾、中枿 昌弘¹⁾

1) 名古屋大学医学部実社会情報健康医療学講座、2) 自治医科大学医学部環境予防医学講座、3) 久留米大学医学部医化学講座、4) 愛知みずほ大学人間科学部、5) 久留米大学医学部内科学講座（心臓・血管内科部門）、6) 防衛医科大学校分子生体制御学講座、7) 東京薬科大学薬学部、8) 久留米大学医学部

P33-A アトピー性皮膚炎における皮膚細菌叢成分を含んだ血清細胞外小胞による病態への関与

Proteomics analysis of skin microbiome: skin flora affects immune status via serum extracellular vesicles in atopic dermatitis.

○ 河合 亨¹⁾、村岡 賢²⁾、大橋 凌也¹⁾、長谷川 瑛人¹⁾、林 良太¹⁾、朝長 毅²⁾、足立 淳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 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

P34-B 質量分析計を用いた病院排水メタプロテオームモニタリング

Mass spectrometry-based metaproteomic monitoring of hospital wastewater

○ 堀川 和男¹⁾、宮川 敬²⁾、Jihye Shin³⁾、松永 展明³⁾、黒田 誠⁴⁾、梁 明秀⁵⁾、木村 弥生¹⁾

1) 横浜市立大学・先端医科学研究センター、2) 国立健康危機管理研究機構・国立感染症研究所 インフルエンザ研究センター、3) 国立健康危機管理研究機構・国立国際医療センター AMR 臨床リファレンスセンター、4) 熊本保健科学大学・保健科学部 医学検査学科、5) 国立健康危機管理研究機構・国立感染症研究所 バイオインフォマティクス・オミクス研究部

P35-C 食道癌の術前化学療法耐性機序の解明を目的とした FFPE プロテオーム解析手法の
(202-8) 考案

A High-Sensitivity Proteomic Workflow for FFPE Tissues to Elucidate
Chemoresistance Mechanisms in Esophageal Cancer

○ 上畑 恭平^{1,2)}、新藏 秋奈^{1,2)}、村岡 賢¹⁾、鷹合 成美¹⁾、奥村 慎太郎²⁾、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

P36-D 改良型-組織用 DS 法による 11 種類のマウス組織のペプチドーム解析
Peptidome analysis of eleven mouse tissues using an improved tissue-
targeted DS method

○ 奥田 悠世^{1,2)}、板倉 誠³⁾、紺野 亮²⁾、田口 朋⁴⁾、宮塚 健⁴⁾、松井 崇^{1,5)}、
小原 収²⁾、川島 祐介^{1,2)}、小寺 義男^{1,5)}

1) 北里大学大学院理学研究科、2) かずさ DNA 研究所、3) 北里大学医学部生化学、4) 北里大学医学部内分泌代謝内科学、5) 北里大学理学部附属疾患プロテオミクスセンター

P37-A ダイヤモンドブラックファン貧血の新規発症機構の解明
(202-3) Exploring a Novel Pathogenic Mechanism of Diamond-Blackfan Anemia
Through the Regulation of Proteostasis

○ 岩崎 未央¹⁾、山川 達也¹⁾、吉野 千明¹⁾、西村 梨香¹⁾、熊崎 恵¹⁾、田畑 剛²⁾、齋藤 潤¹⁾

1) 京都大学 iPS 細胞研究所、2) MassSoft

P38-B 安定同位体標識ペプチドのハイスループット合成法：合成 ssDNA オリゴプールの活用

High-Throughput Synthesis of Stable Isotope-Labeled Peptides Using
Synthetic ssDNA Oligo Pools

○ 中川 れい子¹⁾、益田 恵子¹⁾、佐藤 文¹⁾、清水 義宏¹⁾

1) 理化学研究所 生命機能科学研究センター 無細胞タンパク質合成研究チーム

- P39-C** CAR-T療法の神経毒性を予測する髄液バイオマーカーの探索と検証
Proteomics-Driven CSF Biomarker Discovery and Validation for Anticipating Neurotoxicity in CAR-T Cell Therapy
○ 野見山 倫子¹⁾、瀬戸山 大樹¹⁾、山中 育未¹⁾、國崎 祐哉¹⁾
1) 九州大学病院 検査部
- P40-D** 肉腫の薬剤応答性を可視化する：Pharmaco-proteogenomicsによる新規がんモデルの開発
Visualizing Drug Responsiveness in Sarcomas: Development of Novel Cancer Models via Pharmaco-Proteogenomics
○ 塩田 よもぎ¹⁾、水上 清¹⁾、吉田 杏奈²⁾、藤田 生水²⁾、大槻 純男³⁾、大崎 珠理亜¹⁾、河野 健太¹⁾、SHU TINGTING¹⁾、上通 侑樹¹⁾、川井 章⁴⁾、近藤 格¹⁾
1) 国立がん研究センター研究所希少がん研究分野、2) 株式会社ナレッジパレット、3) 熊本大学大学院 生命科学研究部、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
- P41-A** 臨床リン酸化プロテオミクスを用いた大腸癌肝転移に対する新規治療法開発
Developing new treatment strategies for colorectal cancer liver metastasis by clinical phosphoproteomics
○ 新藏 秋奈^{1,2)}、村岡 賢¹⁾、鷹合 成美¹⁾、平野 雅代¹⁾、石田 真弓¹⁾、長山 聡^{3,4)}、高橋 祐⁴⁾、福長 洋介⁴⁾、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 創薬標的プロテオミクスプロジェクト、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 外科、4) がん研究会有明病院 消化管外科、5) 京都大学大学院薬学研究科 創薬プロテオミクス分野

P42-B がん悪液質における分子病態の解明と治療標的の探索：患者由来がんモデルを用いた臓器横断的マルチオミクス解析

Elucidating the Molecular Pathogenesis and Identifying Therapeutic Targets in Cancer Cachexia via Multi-organ Omics with Patient-derived Models

○ 大崎 珠理亜¹⁾、塩田 よもぎ¹⁾、柳原 五吉¹⁾、河野 健太¹⁾、Shu Tingting¹⁾、上通 侑樹¹⁾、藤田 生水²⁾、吉田 杏奈²⁾、須山 祐暉²⁾、福田 雅和²⁾、團野 宏樹²⁾、松本 雅記³⁾、近藤 格¹⁾

1) 国立がん研究センター研究所 希少がん研究分野、2) 株式会社ナレッジパレット、3) 新潟大学 医歯学系 システム生化学分野/大学院医歯学総合研究科 オミクス生物学分野

P43-C 逆相 StageTip を用いた nanoHILIC/MS/MS 用ペプチド試料の調製

(101-2) Peptide Sample Preparation for nanoHILIC/MS/MS Using Reversed-Phase StageTip

○ 赤松 幸真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

P44-D 粘液型脂肪肉腫のシングルセルプロテオーム解析のための分析条件の至適化

Optimization of analytical conditions for single-cell proteome analysis of myxoid liposarcoma

○ 堀 公法¹⁾、新地 大樹¹⁾、植田 幸嗣¹⁾

1) がん研・がんプレシジョン医療研究センター・分析生化学研究部

P45-A プロテオミクスによる皮膚状態の非侵襲モニタリング：テープストリッピングの実装と展望

Non-invasive Monitoring of Skin Conditions Using Proteomics:
Implementation and Prospects of Tape Stripping

○ 上山 菜穂^{1,2)}、紺野 亮²⁾、中島 大輔²⁾、川島 祐介²⁾、小原 収^{1,2)}

1) 千葉大学大学院医学薬学府、2) かずさ DNA 研究所

P46-B 異なる実験条件で得られたプロテオームデータの統合ネットワーク解析とエンリッチメント解析

Integrated network analysis and enrichment analysis of proteome data obtained under different experimental conditions

○ 西崎 愛花¹⁾、荒木 令江²⁾、河野 信¹⁾

1) 北里大学未来工学研究科、2) 熊本大学大学院生命科学研究部(医)

P47-C ヒト血清・血漿糖タンパク質のペプチド分画を基軸とした高深度同定

Fraction-based high depth identification of glycoproteins in human serum and plasma

○ 荒川 広夢¹⁾、犬塚 恭子¹⁾、矢野 恭子¹⁾、郷 詩織¹⁾、梶 裕之¹⁾

1) 名古屋大学糖鎖生命コア研究所(iGCORE)

P48-D FFPE 切片を用いた自動 AI マージ技術 AIVIA と LMD ベースの空間プロテオミクスの融合による無染色切片のタンパク質網羅解析手法の確立

Establishment of a spatial proteomic analysis for unstained FFPE sections by combining AIVIA, an AI merging technology, with LMD-based proteomics

○ 國枝 拓真¹⁾、西村 柚奈¹⁾、鶴巻 宣秀²⁾、山崎 雄³⁾、竹林 佳子³⁾、内田 康雄¹⁾

1) 広島大学大学院医系科学研究科・分子システム薬剤学、2) ライカマイクロシステムズ株式会社、3) 広島大学大学院医系科学研究科・脳神経内科

P49-A 30 年以上保存されたホルマリン固定標本の解読を可能にするプロテオーム技術の比較検討 (202-4)

Decoding Archived Cancer Samples: Enhanced Proteomic Yields from 30-Year-Old FFPE Tissues Using Three Methods

○ 野口 玲^{1,2)}、安達 雄輝²⁾、吉松 有紀³⁾、大槻 純男⁴⁾、近藤 格²⁾

1) 東京女子医科大学医学部薬理学分野、2) 国立研究開発法人国立がん研究センター研究所希少がん研究分野、3) 栃木県立がんセンター研究所 患者由来がんモデル分野、4) 熊本大学大学院生命科学研究部微生物薬学分野

- P50-B** プロテオームデータ管理システムの多拠点展開と電子ラボノートとの連携
Extending a proteome data management system to multiple sites with ELN support
○ 小池 仁美¹⁾、東 裕介¹⁾、鈴木 健裕²⁾、大月 香³⁾、中川 れい子⁴⁾、堂前 直²⁾、宮坂 信彦³⁾、清水 義宏⁴⁾、俣賀 宣子¹⁾、大浪 修一¹⁾
1) 理化学研究所 最先端研究プラットフォーム連携 (TRIP) 事業本部、2) 理化学研究所 環境資源科学研究センター、3) 理化学研究所 脳神経科学研究センター、4) 理化学研究所 生命機能科学研究センター
- P51-C** 包括的なプロテオミクス解析による ALS のトランスレーショナルバイオマーカー探索
Exploring translational biomarkers in amyotrophic lateral sclerosis through comprehensive proteomics analysis
○ 小杉 洋平¹⁾、山下 智起¹⁾
1) 武田薬品工業株式会社 トランスレーショナルバイオマーカー&バイオアナリティクス
- P52-D** 定量的プロテオミクスによる尿タンパク質中の老化マーカーの探索
Discovery of aging markers in urinary proteins 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
- P53-A** 多層オミクスによる巣状分節性糸球体硬化症の分子病態特性の解析
Molecular Characterization of Focal Segmental Glomerulosclerosis Using Multi-Omics Approaches
○ 山口 佐歩美^{1,3)}、竹内 実芳^{2,3)}、瀬戸山 大樹¹⁾、中野 敏昭³⁾、Singh Sasha⁴⁾、Sonawane Abhijeet⁴⁾、相川 眞範⁴⁾、康 東天⁵⁾、北園 孝成³⁾、吾郷 哲朗³⁾、國崎 祐哉^{1,2)}
1) 九州大学病院検査部、2) 九州大学大学院医学研究院臨床検査医学、3) 九州大学大学院医学研究院病態機能内科学、4) Brigham and Womens Hospital, Harvard University、5) 香椎丘リハビリテーション病院

- P54-B** 神経シナプス形成に伴う N 型糖鎖構造の変動の解析
 Structural Remodeling of N-Glycans During Neural Synaptogenesis
 ○ 郷 詩織¹⁾、檜森 弘一¹⁾、張 秉元¹⁾、杉尾 翔太²⁾、荒川 広夢¹⁾、木塚 康彦³⁾、松井 祐介¹⁾、和氣 弘明²⁾、門松 健治¹⁾、梶 裕之¹⁾
 1) 名古屋大学糖鎖生命コア研究所、2) 名古屋大学医学部分子細胞学、3) 岐阜大学糖鎖生命コア研究所
- P55-C** リアルタイム蛍光イメージングによる 1 細胞セクレトームの時空間動態解析
 (101-8) Quantitative Spatiotemporal Analysis of Single-Cell Secretome Dynamics Using Real-Time Fluorescence Imaging
 ○ 楊 倬皓¹⁾、山岸 舞²⁾、鈴木 信勇¹⁾、足立 匠³⁾、長岡 孝治⁴⁾、四元 聡⁵⁾、田中 正人⁵⁾、茂呂 和世⁶⁾、垣見 和宏⁴⁾、黒田 悦史³⁾、船津 高志⁷⁾、鎌谷 高志⁸⁾、白崎 善隆¹⁾
 1) 東京大学 先端科学技術研究センター、2) 株式会社ライブセルダイアグノシス、3) 兵庫医科大学 医学部、4) 近畿大学 医学研究科、5) 東京薬科大学 生命科学部、6) 大阪大学 医学系研究科、7) 広島大学 大学院統合生命科学研究科、8) 東京科学大学 総合研究院
- P56-D** UniScore を用いた Target-Decoy 法によるペプチド同定
 (303-3) Peptide Identification by the Target-Decoy Approach Using UniScore
 ○ 藤田 雄一郎¹⁾、田畑 剛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
- P57-A** トリプシン固定化スピンカラムを用いた迅速 LiP-MS 手法の開発
 (101-6) Development of a Rapid LiP-MS Method Using Trypsin Spin Column
 ○ 宮下 靖臣^{1,2)}、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、2) 千葉大学医学薬学府
- P58-B** 尿検体輸送条件のプロテオームとペプチドームプロファイルへの影響
 Proteomics and peptidomics of urine samples during 3-day transportation
 ○ 内許 智博¹⁾、山本 恵子¹⁾、Elguoshy Amr¹⁾、柳田 憲吾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) 信楽園病院臨床検査科

- P59-C** 網羅性とハイスループット性を実現するグライコプロテオミクス戦略
(101-7) An Integrated and High-Throughput Strategy for Glycopeptide Enrichment and Identification
○ 坂上 弘明¹⁾、富岡 あづさ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
- P60-D** 糖鎖・糖タンパク質解析支援のためのウェブツール開発と応用：LM-GlycoRepo および GRable の紹介
Development and Application of Web Tools for Glycomics and Glycoproteomics: Focus on LM-GlycoRepo and GRable
○ 岡谷 千晶¹⁾、坂上 弘明¹⁾、藤田 典昭¹⁾、新町 大輔¹⁾、Boottanun Patcharaporn^{1,2)}、佐藤 隆¹⁾、安形 清彦^{1,2)}、木下 聖子²⁾、梶 裕之^{1,3)}、久野 敦¹⁾
1) 産業技術総合研究所 細胞分子工学研究部門、2) 創価大学 糖鎖生命システム融合研究所、3) 名古屋大学 糖鎖生命コア研究所
- P61-A** 腫瘍細胞と細菌の相互作用を明らかにするペプチドミクス
(202-7) Peptidomics for studying a host defense mechanism
○ 佐々木 一樹¹⁾、堀内 大²⁾、川村 猛³⁾
1) 栃木県立がんセンター、2) 埼玉医科大学医学部微生物学教室、3) 東京大学アイソトープ総合センター
- P62-B** キナーゼをリン酸標識剤として活用する次世代構造プロテオミクス
(303-7) Next-Generation Structural Proteomics Using Kinase as a Phospho-Labeler
○ 前田 朝登¹⁾、小形 公亮¹⁾、杉山 直幸^{1,2)}、石濱 泰^{1,3)}
1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 国立循環器病研究センター、3) 医薬基盤・健康・栄養研究所
- P63-C** メタデータの標準化：プロテオミクスからトランスオミクスへ
Standardization of metadata: from proteomics to trans-omics
○ 吉沢 明康¹⁾、高橋 悠志¹⁾、石野 公基¹⁾、奥田 修二郎¹⁾
1) 新潟大学医学部メディカル AI センター

P64-D ワンショットプロテオミクスにおけるタンパク質同定数はどこまで最大化できるのか

How Far Can We Maximize Protein Identifications in One-Shot Proteomics

○ 富岡 郁那¹⁾、富岡 亮太¹⁾、小形 公亮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

P65-A NF2 ノックアウト正常中皮細胞を用いたマルチオミクス統合解析

Multi-Omics Analysis in NF2 Knockout Human Mesothelial Cells

○ 加納 圭子¹⁾、佐藤 伸哉¹⁾、佐藤 龍洋²⁾、岡 昂輝³⁾、松沢 佑紀³⁾、津川 裕司³⁾、三城 恵美¹⁾

1) 名古屋大学 ITbM、2) 愛知県がんセンター研究所、3) 東京農工大学

P66-B Stratifin とびまん性肺胞傷害の関係を探る時系列プロテオーム解析

Investigating the Association Between Stratifin and Diffuse Alveolar Disease via Temporal Proteomic Analysis

○ 吉田 彩夏¹⁾、橋本 由弥¹⁾、赤根 弘敏¹⁾、豊田 武士¹⁾、小川 久美子^{1,2)}、齋藤 嘉朗¹⁾、花尻(木倉) 瑠理¹⁾、荒川 憲昭¹⁾

1) 国立医薬品食品衛生研究所、2) 星薬科大学

P67-C 卵巣高悪性度漿液性癌における ALK^{ATI} によるアポトーシス促進機構の解明

A transcriptional variant of anaplastic lymphoma kinase promotes apoptosis in ovarian high-grade serous carcinoma

○ 横井 愛香¹⁾、吉森 大悟¹⁾、小栗 康子¹⁾、橋村 美紀¹⁾、三枝 信¹⁾

1) 北里大学・医学部・病理学

P68-D 化学プローブ開発によるタンパク質凝集性の網羅解析

(303-2) Covalent Labeling Probes for Aggregation Proteomics

○ 佐藤 伸一¹⁾、閼 孝介²⁾、藤村 千鶴¹⁾、森 陽音³⁾、鈴木 ラファエル麦⁴⁾、川越 聡一郎⁵⁾、馬淵 拓哉⁶⁾、齋尾 智英⁵⁾、袖岡 幹子¹⁾

1) 東北大学際研、2) 理化学研究所 環境資源科学研究センター、3) 東北大理、4) 東北大医、5) 徳島大先端酵素研、6) 東北大流体研

- P69-A** ミリ波照射イネにおける塩害耐性付与機構の解明のためのプロテオミクス
Proteomics of Rice Irradiated with Millimeter Waves to Elucidate the Mechanism of Salt Tolerance
加藤 直純¹⁾、古屋 岳²⁾、谷 正彦²⁾、笠原 康一³⁾、井村 裕治³⁾、山口 央輝⁴⁾、
常陸 圭介⁵⁾、土田 邦博⁵⁾、○ 小松 節子¹⁾
1) 福井工大、2) 福井大、3) 福井シード株、4) 四日市看護医療大、5) 藤田医大
- P70-B** マウス初期胚の核プロテオームの多角的なデータ解析
(303-6) Multifaceted data analysis of the nuclear proteome in mouse early embryos
○ 柿原 礼佳¹⁾、幡野 敦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
- P71-C** 臨床イムノペプチドミクスにおけるイオンモビリティ技術の有用性
(202-6) The advantage of ion mobility mass spectrometry in clinical immunopeptidomics
○ 峯岸 ゆり子¹⁾、岩本 典子²⁾、嶋田 崇史²⁾、植田 幸嗣¹⁾
1) (公)がん研究会・CPM センター・分析生化学研究部、2) 株式会社島津製作所
- P72-D** タンパク質チロシン硫酸転移酵素によるジペプチドのスルホン化
Tyrosine containing dipeptides sulfonation by tyrosylprotein sulfotransferase.
清松 和飛¹⁾、黒木 勝久¹⁾、○ 榊原 陽一¹⁾
1) 宮崎大学農学部
- P73-A** 定量データに基づく貝殻タンパク質の分類と構造間比較
(101-5) Classification and Inter-Structural Comparison of Shell Matrix Proteins Based on Quantitative Proteomics
○ 大嶋 啓介¹⁾、根岸 瑠美²⁾、胡桃坂 仁志²⁾、鈴木 道生¹⁾
1) 東京大学大学院農学生命科学研究科、2) 東京大学定量生命科学研究所

P74-B 緑膿菌臨床分離株のプロテオーム解析による多剤耐性関連タンパク質の探索
(303-5) Proteomic analysis for exploring the antibiotic resistance mechanisms of pseudomonas aeruginosa clinical isolates

○ 木村 鮎子¹⁾、高橋 圭佑¹⁾、宮野 ゆかり¹⁾、平川 秀忠²⁾

1) 群馬パース大学大学院保健科学研究科、2) 群馬大学大学院医学系研究科

P75-C クロスリンク MS 法を用いたヌクレオソーム-タンパク質複合体の構造解析
Cross-Linking Mass Spectrometry for Structural Analysis of Nucleosome-Protein Complexes

○ 根岸 瑠美¹⁾、鯨井 智也¹⁾、胡桃坂 仁志¹⁾

1) 東京大学・定量生命科学研究科

P76-D 肝毒性リスク評価における絶食・脂肪肝の影響：ミトコンドリアプロテオームに基づく解析

Impact of fasting and steatotic liver disease on hepatotoxicity risk assessment: a proteomic analysis of liver mitochondria

○ 濱田 和真¹⁾

1) 帝京平成大学薬学部薬物動態学ユニット

P77-A

A Shiny Tool for Post-Processing DIAnn Data: Cosine Similarity Analysis and Chimeric Library Generation

○ Elguoshy Amr¹⁾、Yamamoto Keiko¹⁾、Uchimoto Tomohiro¹⁾、Yanagita Kengo¹⁾、Yamamoto Tadashi¹⁾

1) Biofluid Biomarker Center, Niigata University

P78-B 超高感度 MS/MS による高精度ラベルフリー定量プロテオミクス
Label-free quantitative proteomics with high precision and accuracy, driven by ultra-high sensitivity MS/MS

○ 柴田 猛¹⁾、建田 潮¹⁾、バトルーフ イホル²⁾、プリビル パトリック²⁾

1) 株式会社エービー・サイエックス、2) SCIEX Canada

P79-C Claudin-5 の発現量を低減させる一塩基多型は RNA 結合タンパク質 pumilio-1 への結合性を変える
(101-4)

Rs10314: a single nucleotide polymorphism in CLDN5 gene attenuates the binding ability to Pumilio RNA-binding protein

○ 橋本 洋佑^{1,2)}、Greene Chris^{2,3)}、Hanley Nicole²⁾、Hudson Natalie²⁾、Henshall David³⁾、Sweeney Kieron J.⁴⁾、O'Brien Donncha F.⁴⁾、Campbell Matthew²⁾

1) 広島大学 大学院医系科学研究科、2) Smurfit Institute of Genetics, Trinity College Dublin、3) Department of Physiology and Medical Physics, RCSI University of Medicine and Health Sciences、4) Department of Neurosurgery, Beaumont Hospital

P80-D 微量細胞プロテオミクスによるマウス精巣組織の加齢変化解析

(303-4) Analysis of Aging Changes in Mouse Testicular Tissue by Trace Cell Proteomics

○ 森 大¹⁾、前澤 創²⁾、大塚 海²⁾、中村 達矢²⁾、林 陽平³⁾

1) 名古屋大学、2) 東京理科大学、3) 東京科学大学

P81-A 緑膿菌薬剤耐性関連遺伝子の欠失変異株を用いたバイオフィルムの比較プロテオーム解析

Comparative proteomic analysis of biofilms using deletion mutants of drug resistance-related genes in *Pseudomonas aeruginosa*

○ 都竹 桃¹⁾、高橋 圭佑¹⁾、平川 秀忠²⁾、木村 鮎子¹⁾

1) 群馬パース大学大学院保健科学研究科、2) 群馬大学大学院医学系研究科

P82-B ハイスループット糖ペプチド精製を実現する磁気ビーズ開発

Development of a High-Throughput Glycopeptide Enrichment Method Using Functional Magnetic Particles

○ 富岡 あづさ¹⁾、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

- P83-C** Mock community を用いたメタプロテオーム解析ソフトウェアの評価
Evaluation of metaproteome analysis software using mock communities
○ 福本 亮太¹⁾、小寺 義男²⁾、河野 信¹⁾
1) 北里大学 未来工学研究科、2) 北里大学 理学部
- P84-D** DIA-MS ベースのレドックスプロテオミクスによる前立腺がん細胞酸化ストレス応答の解析
Analysis of oxidative stress response in prostate cancer cell by DIA-based label-free redox proteomics (DIALRP).
○ 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
- P85-A** 糖尿病患者の心不全状態を把握できる尿中バイオマーカーの獲得
(202-5) Acquiring urinary biomarkers that can identify the state of heart failure in diabetic patients
○ 柳田 憲吾¹⁾、山本 恵子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) 信楽園病院臨床検査科
- P86-B** 胃癌における LRRK2 標的の新規治療法の開発
Development of a novel therapy targeting LRRK2 in Gastric Cancer
○ 伊東 由夏¹⁾、松本 俊英¹⁾、草深 桃子¹⁾、今井 基貴²⁾、川上 文貴³⁾、三枝 信⁴⁾、高橋 博之¹⁾
1) 北里大学医療衛生学部病理学、2) 北里大学医療衛生学部臨床検査学、3) 北里大学医療衛生学部再生医療・細胞デザイン研究施設、4) 北里大学医学部病理学
- P87-C** イムノペプチドミクスを用いた HLA-A*31:01 のペプチド提示特性と薬剤反応性の評価
Evaluation of peptide presentation characteristics and drug responsiveness of HLA-A31:01 using immunopeptidomics
○ 村上 かなで^{1,2)}、荒川 憲昭^{1,2)}、橋本 由弥¹⁾、吉田 彩夏¹⁾、青木 重樹³⁾、伊藤 晃成³⁾、福永 航也⁴⁾、筈田 泰誠⁴⁾、中村 亮介^{1,5)}、花尻(木倉) 瑠理^{1,2)}
1) 国立医薬品食品衛生研究所、2) 岡山大学・院・医歯薬学総合研究科、3) 理化学研究所生命医科学研究センター、4) 千葉大学薬学部、5) 帝京大学薬学部

- P88-D** イベルメクチンの卵巣明細胞癌における新規治療薬としての有用性検討
Evaluation of Ivermectin as a novel therapeutic agent for ovarian clear cell carcinoma
○ 田尻 萌夏¹⁾、松本 俊英¹⁾、伊東 由夏¹⁾、廣瀬 友靖²⁾、加藤 一喜³⁾、砂塚 敏明²⁾、高橋 博之¹⁾
1) 北里大学医療衛生学部病理学、2) 北里大学大村智記念研究所、3) 北里大学医学部婦人科学
- P89-A** SEC-MS を用いた細胞内におけるタンパク質の相互作用状態と寿命の関係性の解明
(101-1) Comprehensive analysis of protein interaction states and turnover in cells using SEC-MS
○ 阿部 藤吉郎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 オミクス生物学分野
- P90-B** 口腔癌における LRRK2 発現検索と臨床病理学的因子との相関性
LRRK2 expression as a poor prognostic marker in oral squamous cell carcinoma
○ 間舘 知草¹⁾、井上 明美¹⁾、伊東 由夏¹⁾、三枝 信²⁾、高橋 博之¹⁾、松本 俊英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
- P91-C** 子宮内膜症性卵巣嚢胞上皮におけるフェロトーシス制御因子の発現解析
Expression of ferroptosis-regulating markers in ovarian cancer
○ 小川 雄世¹⁾、松本 俊英¹⁾、塙 海翔¹⁾、細見 涼葉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
- P92-D** 電子励起解離 (EAD) を用いたヒト血漿中 N 結合型糖ペプチドの高感度同定
High sensitivity identification of N-linked glycopeptides in human plasma using alternative fragmentation
○ 建田 潮¹⁾、Remco van Soest²⁾、Kristina Jurcic³⁾、Patrick Pribil⁴⁾
1) SCIEX, Japan、2) SCIEX, USA、3) BSI Inc、4) SCIEX, Canada

P93-A 熱ストレスのホルミシス効果に関するタンパク質発現プロファイルの解析
Analysis of protein expression profiles related to the hormetic effect of heat stress

○ 市川 ひかり¹⁾、紀藤 圭治¹⁾

1) 明治大学大学院・農学研究科

ポスター（初めての学会発表）

P94-B 細胞複雑系におけるタンパク質存在様式の解析を目指して
Toward the analysis of the states of proteins in complex protein mixtures.

○ 高橋 悠大¹⁾、奥田 悠世¹⁾、廣川 武¹⁾、須藤 愛莉咲¹⁾、山柊 健太²⁾、麴谷 英嗣¹⁾、高澤 太一¹⁾、松井 崇^{2,3)}、小寺 義男^{2,3)}

1) 北里大学大学院理学研究科、2) 北里大学理学部、3) 北里大学理学部附属疾患プロテオミクスセンター

P95-C 放射線耐性癌細胞の機能プロテオーム解析
Integrated proteomics analysis of radiation resistant cancer cell line

○ 松尾 美波¹⁾、金光 祥臣²⁾、幡野 敦³⁾、松本 雅紀^{1,3)}

1) 新潟大学医学部、2) 新潟大学医歯学総合病院薬剤部、3) 新潟大学大学院医歯学総合研究科

P96-D TMT を用いた 1 細胞プロテオミクスデータにおけるバッチエフェクト補正方法の系統的比較と性能評価

Systematic evaluation of batch effect correction methods in single-cell proteomics data using TMT

○ 大野 美紀¹⁾、山廣 万貴²⁾、伊藤 慎悟^{2,3)}、大槻 純男^{2,3)}、吉川 治孝⁴⁾、増田 豪⁴⁾

1) 慶應義塾大学 環境情報学部、2) 熊本大学 薬学部、3) 熊本大学大学院 生命科学研究部、4) 慶應義塾大学 先端生命科学研究所

P97-A 質量分析計を用いた血漿中のヒト血清アルブミンの機能状態の解析
Analysis of the functional states of human serum albumin in plasma using mass spectrometry
○ 山栴 健太¹⁾、須藤 愛莉咲¹⁾、高橋 悠大¹⁾、宮塚 健²⁾、松井 崇^{1,3)}、小寺 義男^{1,3)}
1) 北里大学理学部、2) 北里大学医学部内分泌代謝内科学、3) 北里大学理学部附属疾患プロテオミクスセンター

P98-B マウス lncRNA 由来ペプチドの網羅的予測とプロテオーム解析への応用
Comprehensive Prediction of Mouse lncRNA-Derived Peptides and Their Application to Proteomic Analysis
○ 塚田 倅世¹⁾、小寺 義男¹⁾、河野 信²⁾
1) 北里大学理学部、2) 北里大学未来工学部

日本プロテオーム学会 2025 年大会 JPrOS2025 (23rd JHUPPO)

広告



リン酸化プロテオミクス試薬 わける 集める 見える

Phos-tag technology

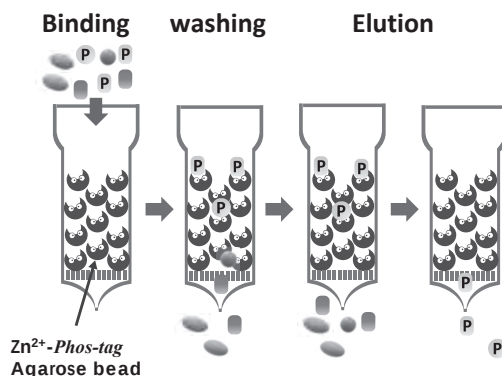
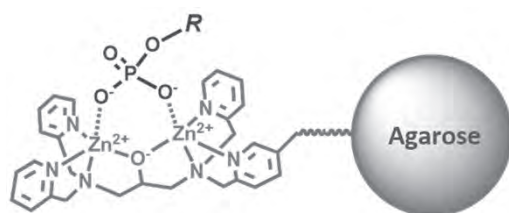
Phos-tag(フォスタグ)とは、広島大学の医薬分子機能科学研究室が開発したリン酸モノエステルアニオン ($R-OPO_3^{2-}$) を中性pH (生理的pH) において捕捉する機能性分子です。

リン酸化プロテオミクスにおいて、微量のリン酸化タンパク質を分離・濃縮することは非常に重要です。

Phos-tag の機能を活かしたリン酸アフィニティー精製向け製品は、リン酸化ペプチドやリン酸化タンパク質を効率良く分離・濃縮することができます。

Phos-tag Agarose

Phos-tagの特性を活かしたリン酸親和性クロマトグラフィー担体です。生体内の環境に近いpHでリン酸化ペプチド/リン酸化タンパク質の分離・濃縮・精製が可能です。



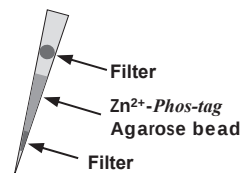
Phos-tag TM Agarose	内容量	担持量(製品形態)	希望小売価格(消費税込)
AG2-501 (wako cat# 389-21201)	0.5mL	2 ~ 3 μ mol Phos-tag /mL-gel	¥22,000
AG2-503 (wako cat# 385-21203)	3mL	2 ~ 3 μ mol Phos-tag /mL-gel	¥107,800

Phos-tag Tip

Phos-tag Agaroseをマイクロピペットのチップに封入しました。簡単なピペット操作でリン酸化ペプチドの濃縮/精製が可能です。



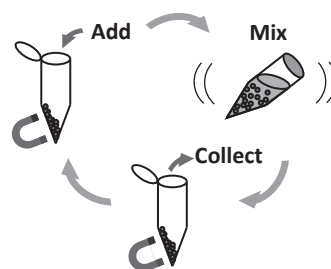
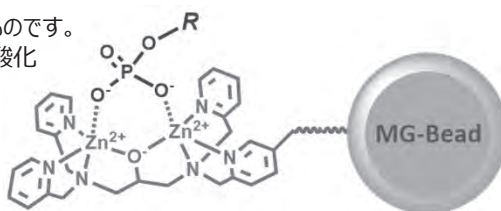
200 μ L pipet tip



Phos-tag TM Tip	内容量	担持量(製品形態)	希望小売価格(消費税込)
AG2-103 (wako cat# 387-07321)	8本	2 ~ 3 μ mol Phos-tag /mL-gel 20~30nmol Phos-tag / Tip	¥21,450

Phos-tag MG-Bead

Phos-tagリガンドを磁気ビーズに結合させたものです。ハイスループットな実験操作で、高効率でリン酸化ペプチドを濃縮可能です。



Phos-tag TM MG-Bead	内容量	担持量(製品形態)	希望小売価格(消費税込)
nMG-303 (wako cat# 385-20061)	0.1mL	1 μ mol Phos-tag /mL-gel	¥108,900

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い合わせください。

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

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!

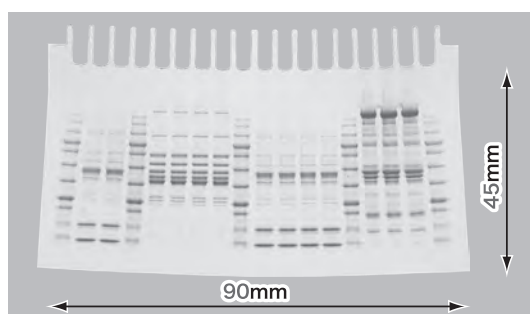
- 長期保存OK! (保存期間は製造後1年間)
- XV PANTERA Gel series のパフォーマンスはそのまま長期保存を可能にしました!
- サンプルバッファー、泳動バッファーは、XV PANTERA Gel series 用でOK!

Specifications (各サイズ共通)

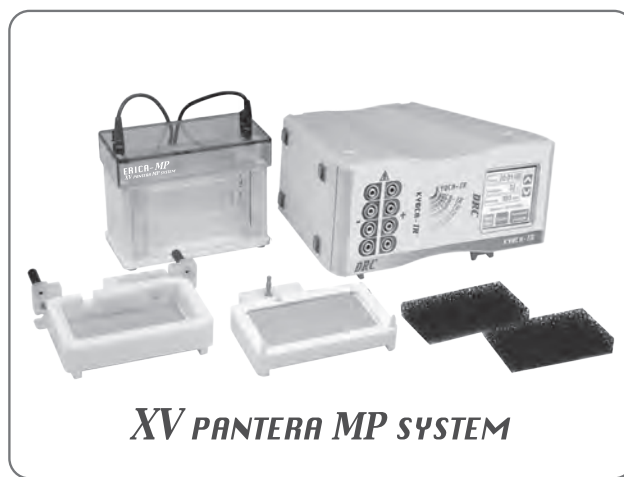
ゲルタイプ: タンパク質分析用 (Tris-HCL中性ゲル)

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

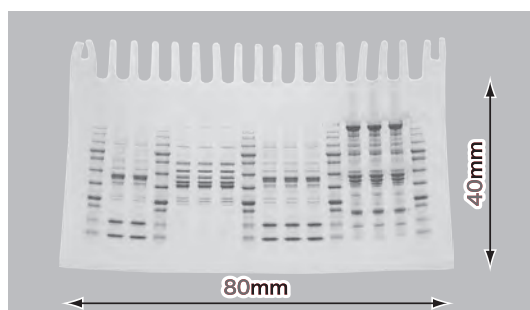


- ゲルサイズ: 90W×45H×1.0Tmm
- カセットサイズ: 110W×65Hmm
- コームタイプ: 9well、12well、18well、20well、2-D



XV PANTERA MP SYSTEM

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



XV PANTERA SYSTEM



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

便利すぎる！消耗品キャンペーン

2025年5月19日～9月30日



エッペンドルフの「便利すぎる！」消耗品の数々をご存知ですか？

実験を効率化する5 / 25mLチューブ、コンタミネーションを防ぐフィルターチップ、そしてサンプル回収率を向上させるLoBindチューブは、いずれも実験に欠かせない便利な消耗品です。

一貫した結果が期待できる消耗品で、実験をスムーズかつ安心してサンプルをお取り扱いいただけます。

キャンペーン内容

> 5.0 / 15 / 25 / 50 mL チューブ	20% OFF
> DNA / Protein LoBind チューブ	20% OFF
> フィルターチップ	20% OFF



サンプルの回収率をUP! / 密閉性の高い遠沈管

DNA/Protein LoBind チューブ

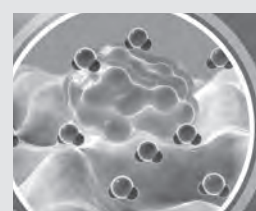


20%OFF!

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、容器の内壁への吸着を無視することはできません。

DNA または Protein LoBind チューブは、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。

サンプルへの影響を最小限に抑えるため、全てのエッペンドルフ LoBind チューブは表面コーティング（例：シリコンなど）を施していません。



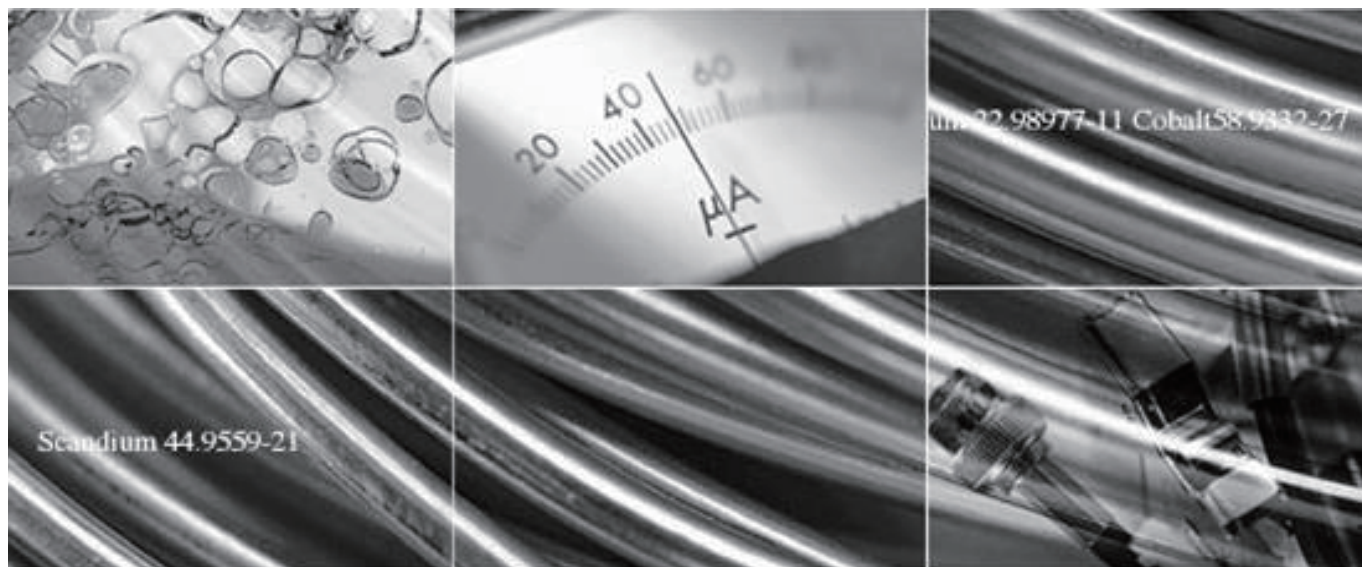
DNA LoBind の
アプリケーションノートはこちら



Protein LoBind の
アプリケーションノートはこちら



キャンペーンカタログはこちら



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 2025 年創立 35 周年を迎えます。

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

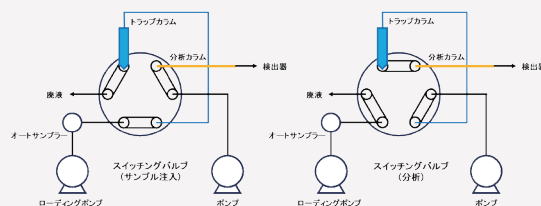
physiological chemistry

Winx

Nano Flow LC 高分解能モノリス型シリカキャピラリーカラム

界面活性剤中のタンパク質試料の LC および LC/MS の直接分析

モノリス型シリカカラムは粒子充填型カラムに対してシリカ含有量が少ないため、低分子化合物の保持が比較的小さいです。反面、逆相系におけるタンパク質およびペプチドは水比率の多い移動相で、容易に保持される特性を利用して、界面活性剤中のタンパク質試料の LC および LC/MS の直接分析を行いました。



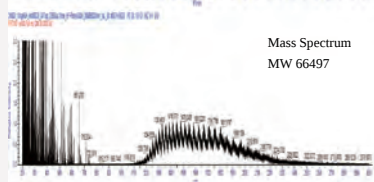
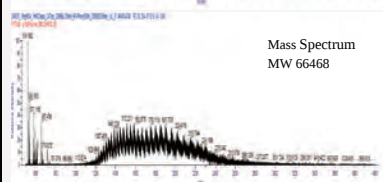
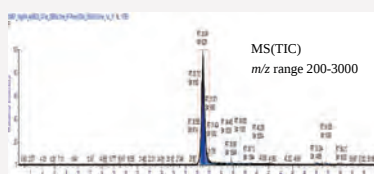
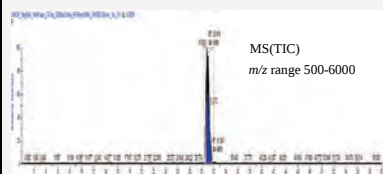
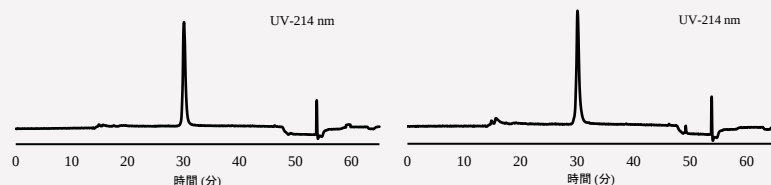
「界面活性剤: GHAPS, モデル試料: rHSA」 「界面活性剤: SDS, モデル試料: rHSA」

CHAPS (3-[(3-Cholamidopropyl)dimethylammonio]propanesulfonate)

SDS (Sodium Dodecyl Sulfate)

高疎水性の細胞膜中タンパク質を抽出する際に用いられる界面活性剤

細胞を溶解し、タンパク質を抽出する RIPA 緩衝液に用いられる界面活性剤



トラップカラムを利用することで、界面活性剤である CHAPS ならびに SDS の効果的な除去が可能です。rHSA の LC, LC/MS の直接分析で得られた MS クロマトグラムより、MS スペクトルのデコンボリューション解析を行ったところ 66.49kDa と算出され、rHSA (IBUKI) の公称値である 66.55kDa とほぼ同値であり良好な結果が得られました。

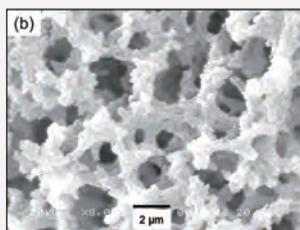
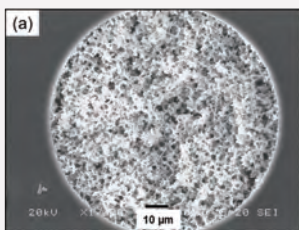
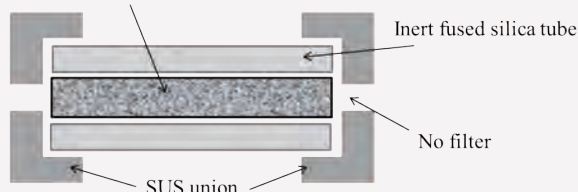
[Analytical Conditions]

System; UltiMate 3000 RSLC nano (Thermo Fisher)
Column; Ultron HF-Phenyl (Monolithic silica capillary column, 0.1 mm I.D. × 250 mm L)
Trap column; C4 modified monolithic silica capillary column, 0.2 mm I.D. × 28 mm L
Analytical Line; 20%B (0-10min), 20%-60%B (10-40min), 0.5 μL/min
Mobile phase A; 0.1% TFA-H₂O Mobile phase B; 0.1% TFA-CH₃CN
Trap Line; 20%B (0-10min), 60 μL/min
Mobile phase A; 0.1% TFA-H₂O Mobile phase B; 0.1% TFA-CH₃CN
Column Temp.; 50°C Detection; 214 nm Injection; 1 μL Sample Loop; 1 μL
Sample; rHSA 10 ng/μL in each 1 mM Chaps, 4 mM SDS
Vial; Low adsorption resin vial
[MS Conditions]
System; Exactive plus (Thermo Fisher)
Capillary temperature; 290 °C Spray voltage; 2.00 kV Resolution; 70000

モノリストラップカラムの特徴とコンセプトについて

Monolithic silica trap

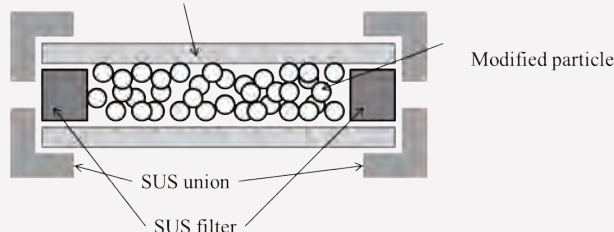
C4 or C8 modified monolith
(diameter; 0.2mm, length; 28 mm, volume; 0.88 μL)



電子顕微鏡によるモノリス型シリカキャピラリーの切断面画像
(倍率 1000 倍 (a), 8000 倍 (b))

Particle packed trap

SUS tube
(e.g. internal diameter; 0.5 mm, length; 5 mm, volume; 0.98 μL)



タンパク質などの高分子化合物は拡散係数が小さいため、ピークがブロード化する傾向があります。そのため、良好な分離を得るためには、吸着剤の吸着層の厚みを薄くする必要があります。UHPLC 用粒子充填剤がサブ 2 μm とされているのに対し、弊社モノリス型シリカの吸着層の厚みは 0.5-1 μm に設計されています。



次世代タンパク質解析



ARVO Kira™ マルチモードプレートリーダー

新発売！ 低から中スループットの多様な研究を、高感度と多様性で強力にサポートします。

- 吸光度、蛍光、発光測定
- 四重モノクロメーターで迷光を大幅に低減し、高精度データを取得
- フィルター交換不要で波長選択が容易
- 新しい蛍光色素の特性評価
- 直感的に操作できるソフトウェア
- 温度コントロール、およびプレート攪拌機能



LabChip™ GXII Touch™ タンパク質特性評価システム

マイクロ流体自動電気泳動により、タンパク質や核酸の定量・サイズ解析を高精度・高再現性・高効率に実現します。

- 数 μ Lのサンプルで高精度な解析が可能
- キャピラリー電気泳動法と同等の精度で、最大70倍のスループット
- 最大384サンプルを自動処理し、ハイスループット解析に対応
- 直感的なソフトウェアで簡単に操作可能
- 研究からバイオ医薬品QCまで、幅広い用途に対応

For more information
株式会社レビティジャパン
www.revvity.co.jp/contact-us

本製品は研究用です。
診断にはご使用いただけません。



Scan me

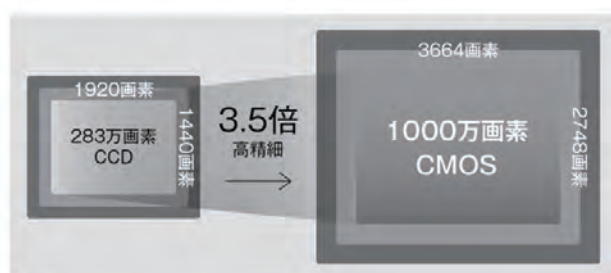


オールインワン蛍光顕微鏡

NEW BZ-X1000シリーズ

従来比5倍速を実現する新機構

- 高速電動フィルタホイール搭載 NEW
- 最大11chまで設定可能 NEW
- 高精細1000万画素モノクロCMOS搭載 NEW
- オートナビゲーション NEW



カタログ・詳細情報はここから ▶▶▶ www.keyence.co.jp/bz008

顕微鏡
お客様相談窓口 0120-739-007

本社・研究所／マイクロスコプ事業部 〒533-8555 大阪市東淀川区東中島1-3-14 Tel 06-6379-1141

記載内容は、発売時点での弊社調べであり、予告なく変更する場合がございます。

Copyright © 2025 KEYENCE CORPORATION. All rights reserved.

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!



月刊
2025年
5月号

特集1 **新・がん免疫サイクル**
局所免疫応答の鍵を握るTLSの正体

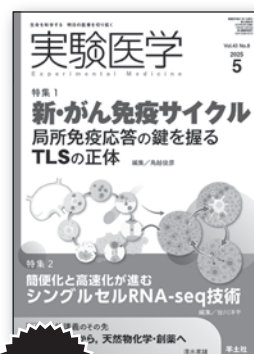
鳥越俊彦/編

特集2 **シングルセルRNA-seq技術**
簡便化と高速化が進む

笹川洋平/編

増刊
Vol.41
No.15

マルチオミクス データ駆動時代の疾患研究
がん、老化、生活習慣病
最新のオミクス統合で挑む標的探索と病態解明
大澤 毅/編



新刊



実験デザインからわかる マルチオミクス 研究実践テキスト

実験・解析・応用まで現場で使える
プログラムコード付き完全ガイド

大澤 毅, 島村徹平/編

- 定価 8,580円 (本体 7,800円+税10%)
- B5判 ■ 296頁
- ISBN 978-4-7581-2279-5



新刊

リアルな相互作用を捉える 近接依存性標識 プロトコル

BiolD・TurboID・AireIDの選択・導入から
正しい相互作用分子の同定まで、
論文には書かれていない実験のノウハウ

澤崎達也, 小迫英尊/編

- 定価 7,590円 (本体 6,900円+税10%)
- B5判 ■ 174頁
- ISBN 978-4-7581-2274-0



AlphaFold時代の 構造バイオ インフォマティクス 実践ガイド

今日からできる!
構造データの基本操作から
相互作用の推定、タンパク質デザインまで

富井健太郎/編

- 定価 6,930円 (本体 6,300円+税10%)
- B5判 ■ 216頁
- ISBN 978-4-7581-2276-4

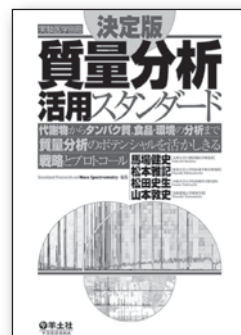


決定版 質量分析 活用スタンダード

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せる
戦略とプロトコル

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 ■ 363頁
- ISBN 978-4-7581-2264-1



ヒト 生体試料・データ 取扱い実践ハンドブック

適切なサンプル・データ取得から
バイオバンク利活用、法規制まで、
必須知識と標準フローをこの1冊に凝縮

森崎隆幸, 西原広史, 宮地勇人/監
日本生物資源産業利用協議会,
荻島創一/編

- 定価 11,000円 (本体 10,000円+税10%)
- B5判 ■ 270頁
- ISBN 978-4-7581-2265-8



改訂 独習 Python バイオ情報解析

生成AI時代に生きるJupyter, NumPy,
pandas, Matplotlib, Scanpyの基礎を
身につけ、シングルセル、RNA-Seqデータ
解析を自分の手で

先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム/編

- 定価 7,150円 (本体 6,500円+税10%)
- AB判 ■ 446頁
- ISBN 978-4-7581-2278-8



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

日本プロテオーム学会 2025 年大会 JPrOS2023 (23rd JHUPPO)

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（50 音順）

アクアス 株式会社
アジレント・テクノロジー 株式会社
イルミナ 株式会社
岩井化学薬品 株式会社
インフォコム 株式会社
株式会社 ウインクス
エーエムアール 株式会社
株式会社 エービー・サイエックス
エッペンドルフ 株式会社
エムエス機器 株式会社
公益財団法人 かずさ DNA 研究所
株式会社 キーエンス
株式会社 KM データ
サーモフィッシャーサイエンティフィック 株式会社
株式会社 島津製作所
信和化工 株式会社
株式会社 スクラム
スタンダード・バイオツールズ 株式会社
セルシグナリングテクノロジー・ジャパン 株式会社
竹田理化工業 株式会社
公益財団法人 ちば国際コンベンションビューロー
TWIST BioScience
ディー・アール・シー 株式会社

協賛企業（50 音順）

株式会社 DNA チップ研究所

DNA Research

テカンジャパン 株式会社

国立大学法人 東海国立大学機構 名古屋大学・岐阜大学 糖鎖生命コア研究所

トミーデジタルバイオロジー 株式会社

株式会社 ナード研究所

日京テクノス 株式会社

株式会社 ニコンソリューションズ

日本カンタム・デザイン 株式会社

株式会社 バイオクラフト

ピークサイエンティフィックジャパン 株式会社

株式会社 ファーマフーズ

フィンガルリンク 株式会社

富士フイルム和光純薬 株式会社

フナコシ 株式会社

ブルカージャパン 株式会社

プロメガ 株式会社

マトリックスサイエンス 株式会社

株式会社 薬研社

ユーロフィンジェノミクス 株式会社

株式会社 羊土社

ヨダカ技研 株式会社

ライカマイクロシステムズ 株式会社

株式会社 ライブセルダイアグノシス

株式会社 LaCar MDx JAPAN

理科研 株式会社

株式会社 レビティジャパン

飲料提供

株式会社 伊藤園

Expand your studies across multiple omes with NGS-based proteomics

The Illumina Protein Prep solution combines proteomics with NGS readout to analyze the proteome with unprecedented speed and scalability, enabling high-throughput proteomics discovery

why proteomics?

Proteins play a functional role in human biology, reflecting a real-time snapshot into health states. Because of their close proximity to the expressed phenotypes, proteins can be useful and relevant to understanding a wide group of diseases and drug mechanisms.

Introducing Illumina Protein Prep, an NGS-based proteomics solution combining SOMAmer technology with trusted Illumina sequencing and analysis.

Learn more at
<https://ilmn.ly/proteinprep>



Prepare libraries

The dynamic nature of protein expression explains how the phenotype changes in response to various conditions



Sequence

The dynamic nature of protein expression explains how the phenotype changes in response to various conditions



Analyze data

The dynamic nature of protein expression explains how the phenotype changes in response to various conditions

イルミナ株式会社

〒108-0014 東京都港区芝 5-36-7 三田ベルジュビル 22 階

TEL. 03-4578-2800 FAX. 03-4578-2810

jp.illumina.com www.facebook.com/illuminakk

©2025 Illumina, Inc. All right reserved.

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。



私たちの遅れが、
研究の遅れになってはいけない。

今、さまざまな場所で、さまざまな生命科学に関する研究が行われています。それは、現代の医学では治せない病の研究だったり、人のカラダの仕組みを解明する研究だったりします。私たちは、そんな研究の素となる、抗体、タンパク質、有機・無機化合物、各種測定キットなど数多くの研究用試薬を国内外へ提供。発展し続けるライフサイエンス分野の最新研究動向を的確に把握し、さまざまなニーズに応えた戦略を展開しています。私たちが動向を把握していないことで、ある研究が進まない。そんなことがないように、研究者の方々の信頼を得ながら、これからも研究用試薬をお届けしていきます。

研究を、研究したい。

岩井化学薬品株式会社

〒103-0023 東京都中央区日本橋本町3-2-10
TEL: 03-3241-2572 FAX: 03-3270-2444

www.iwai-chem.co.jp