

日本蛋白質科学会
創立 20 周年記念シンポジウム

講演要旨集

2021

令和 3 年 10 月 5 日 (火)

大阪大学銀杏会館

主催

日本蛋白質科学会

共催

大阪大学

協賛団体芳名

本記念シンポジウムの開催には、以下の企業からご支援をいただきました。ここに厚く御礼申し上げます。

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 dotAqua

日本電子株式会社

株式会社マンダム

株式会社ラボ・ソリューション

株式会社リガク

(50音順；2021年9月末現在)

■開催概要

開催名：日本蛋白質科学会 創立 20 周年記念シンポジウム
ハイブリッド方式 <対面講演 + ZOOM オンライン>

日時：2021 年 10 月 5 日(火)15:00~18:00(予定)

場所：大阪大学 銀杏会館3階 阪急電鉄・三和銀行ホール

(〒565-0871 大阪府吹田市山田丘 2-2, (TEL) 06-6879-3278, 3006~3009)

および オンライン

※COVID-19 の感染状況の影響で、学外からの「不要不急の入校自粛」が強く要請されています。
今のところ現地参加は大阪大学の教員・学生および関係者の皆様のみとさせていただきます。
ご不便をおかけいたしますが、その他の参加者の皆様はオンラインにて参加をお願いいたします。
※10月1日以降に大阪府の緊急事態宣言が解除される場合、現地参加基準が緩和される可能性がございます。
緩和された場合には再度、9月下旬にご連絡いたします。

■プログラム：

15:00-15:02 開会挨拶 津本 浩平(日本蛋白質科学会 会長 /東京大学)
15:02-15:05 お祝いビデオメッセージ 1 Amy E. Keating(PS 会長/MIT)
15:05-15:08 お祝いビデオメッセージ 2 James R. Ketudat-Cairns
(APPA 会長/Suranaree Univ. of Technology)

[第 1 部] 座長 阿久津 秀雄(大阪大学)

15:10-15:50 特別講演:大隅 良典(東京工業大学)
「30 数年にわたるオートファジー研究から見えてきた動的細胞像 /
Looking at the cell after 30 years of autophagy research」
15:50-16:20 遠藤 斗志也(京都産業大学)
「タンパク質構造からオルガネラ生合成へ」
16:20-16:50 後藤 祐児(大阪大学)
「蛋白質フォールディングとミスフォールディングの統合」
16:50-17:00 休憩

[第 2 部] 座長 月原 富武(大阪大学)

17:00-17:30 三木 邦夫(京都大学)
「蛋白質科学／構造生物学／蛋白質結晶学の 20 年」
17:30-18:00 中村 春木(大阪大学)
「蛋白質の情報学、物理学、そして工学」
18:00-18:02 閉会挨拶 中川 敦史(日本蛋白質科学会次期会長/大阪大学)

■参加登録費：無料

■プログラム・実行委員会：

委員長：井上 豪（阪大院薬）

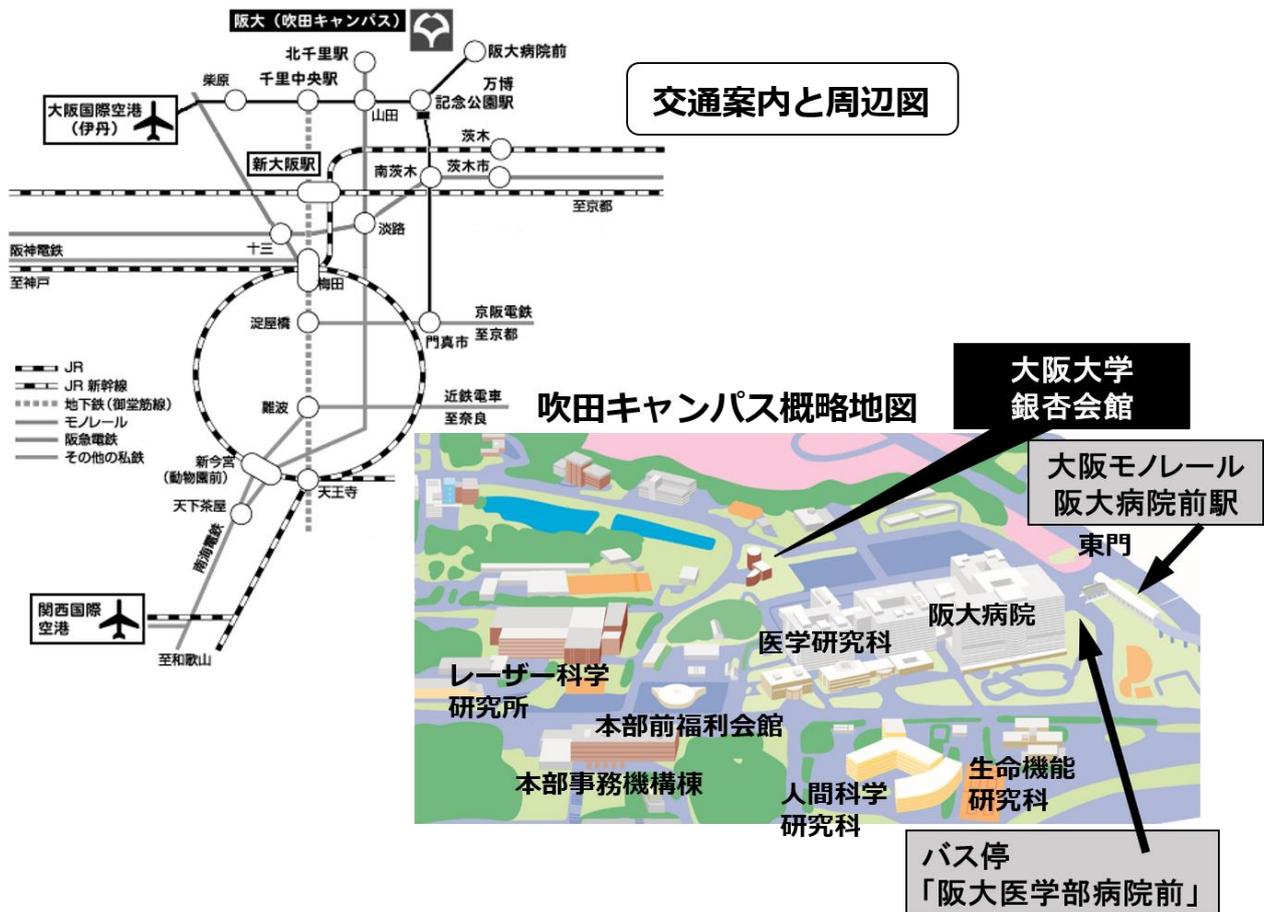
委員：栗栖源嗣（阪大蛋白研），児嶋長次郎（横浜国立大），内山 進（阪大院工）

■ホームページ：

<https://www.pssj.jp/news/2021/09/02/pssj-20th-anniversary-symposium.html>」

■会場への交通：

- (1) 大阪モノレール：阪大病院前駅下車 徒歩5分
- (2) 地下鉄御堂筋線：千里中央駅発，阪急バス「阪大本部前行」または「茨木美穂ヶ丘行」乗車，「阪大医学部病院前」下車 徒歩5分
- (3) 阪急電車千里線：北千里駅下車，東へ徒歩約20分
- (4) 阪急電車京都線：茨木市駅発，近鉄バス「阪大病院・阪大本部前行」乗車，「阪大医学部病院前」下車 徒歩5分
- (5) JR 京都線：茨木駅発，近鉄バス「阪大本部前行」乗車，阪大本部前下車 徒歩2分



30 数年にわたるオートファジー研究から見えてきた動的細胞像 / Looking at the cell after 30 years of autophagy research

大隅 良典
(東京工業大学)

私は、セントラルドグマが確立される 1960 年代を大学、大学院生として過ごし、将来分子生物学を専攻したいと思った。研究を大腸菌のタンパク質生合成から開始し、留学中の 2 年間マウスの受精に関わったが、以後 47 年酵母と向き合ってきた。この半世紀を振り返ってみると、生命科学のその凄まじいほどの進歩に様々な感慨を感じる。

アメリカ留学から帰国し東大理学部安楽泰宏教授の下で、酵母の液胞膜の解析をテーマに選んだ。アミノ酸やイオンの能動輸送系を見出し、液胞が細胞の恒常性に関わることを示し、液胞の酸性化を担うプロトンポンプ、V-ATPase を同定することに成功した。1988 年独立を機に、液胞の細胞内分解機能に焦点を当てることにした。液胞もタンパク質分解も当時、多くの人に興味を持つ課題ではなかった。

酵母のオートファジー発見の契機は、窒素源の飢餓状態に置かれた酵母の光学顕微鏡観察であった。液胞内プロテアーゼ欠損株を用いると、液胞内に飢餓条件下で激しくブラウン運動する球形構造が徐々に蓄積することを見出した。電子顕微鏡観察からそれが細胞質成分を液胞へと輸送する膜構造であることを見出し、その膜動態が動物細胞で知られるオートファジーと同じであることを発見した。オートファジーに関わる因子を同定すべく酵母の系の優位性を利用して、遺伝学的なアプローチを開始した。その結果、*ATG* と名付けた 18 個の遺伝子が必須であることを示すことに成功した。それらは全てオートファゴソーム形成に必須のタンパク質をコードしていた。それらは単独で働くわけではなく、6 つの機能単位として新規の膜形成に順次関わっていたためにその機能の同定は容易ではなかった。その後も私は一貫して酵母オートファジー機構解明を歴史的な使命と考えて、未解明の問題の解明を目指した研究を進めている。

酵母における *ATG* 遺伝子の同定はその後のオートファジー研究に多大な影響を与えた。これらの遺伝子の大半が動植物、人に至るまで保存されていたことから、様々な生物種、細胞、器官、個体におけるオートファジーの研究が世界中で開始され、今日に至るまでその多様な生理機能が報告されている。さらに現在ガン、神経変性疾患など多くの病態や加齢などとの関係が注目され、最も大きな広がりを見せる領域となった。オートファジー研究を通じて、細胞像はタンパク質、オルガネラの絶え間ない合成と分解の平衡状態にあること、分解は合成の単に逆反応ではない生理機能を持つことが明らかになった。

このように長きにわたって酵母のオートファジーに取り組んでくることを可能にしたのは、この半世紀の解析技術に目覚ましい進歩があり、次々と新しい研究手法を用いた解析が可能であったことが大きな要因であろう。オートファジー研究を一つの例として、基礎科学の発展の課題も議論したい。

タンパク質構造からオルガネラ合成へ

遠藤 斗志也
(京都産業大学)

生命の設計図は DNA であるが、働く主役はタンパク質である。そしてタンパク質の機能を理解するためには、その立体構造を知らなければならない。最近になってやっと、細胞という文脈でタンパク質の機能を構造に基づいて理解できるようになってきたが、その兆しが見え始めたのが 1980 年代であった。細胞内で合成されたタンパク質は、サイトゾルだけでなく働くべき細胞内区画、オルガネラに正しく移動してはじめて機能することができる。この移動に際して、しばしばオルガネラを囲む生態膜を通過する必要があるが、このときタンパク質の立体構造がほどけなければならない、という論文がスイスの Schatz 研から発表された¹。ほどなくして、細胞内で生まれたタンパク質の立体構造をほどけた状態に保つ因子として Hsp70 が見付き²、自発的に進むと考えられていたタンパク質のフォールディングを助ける因子として Hsp60-10/GroEL-ES が見つかった³。いわゆるシャペロンの発見である。私は当時そうした研究の現場 (Schatz 研) にいたが、SDS-PAGE とオートラジオグラフィというプリミティブな手法を駆使して研究を行っていた細胞生物学者が、突然目覚めたかのように細胞内におけるフォールディングやアンフォールディングを語り始めた。精製したタンパク質の試験管内でのフォールディングやアンフォールディングに親しんできた私にとっては、驚きであり、細胞生物学が新たなフェイズに向かって大きく動き始めたことに興奮した。

それ以来、私の研究経歴は細胞生物学とタンパク質科学の融合への道のりと軌を一にする。日本蛋白質科学会もこうした生命科学の大きな潮流の中を歩んできた。タンパク質の細胞内交通を制御する膜透過装置は複雑な膜タンパク質であり、長い間構造生物学の最先端の手法でも歯が立たなかったが、最近になってクライオ電子顕微鏡の技術革新により構造が決められるようになってきた⁴。巨大分子の構造を決める技術、細胞内構造の詳細を見る技術、さらには AI による立体構造予測の進歩により、タンパク質科学は大きな転換期にさしかかっている。これまでのように構造を手にした一部の研究者のみが、機能研究の美味しいところを独占してしまう時代は終わった。多くの細胞生物学者、生命科学の研究者が精度の高い予測構造に基づいて、ただちに変異体解析や機能解析ができるようになる。貴重なタンパク質の構造情報が一般の生命学者に広く開放されることにより、真の意味で構造情報入手の格差がなくなろうとしている。細胞内でタンパク質が働く姿を見ることで、生命の本質を理解できる時代は目前に来ている。

参考文献

1. Eilers, M. & Schatz, G. (1986) *Nature* 322, 228–232
2. Chirico, W.J., Waters, M.G. & Blobel, G. (1988) *Nature* 332, 805–810; Deshaies, R.J. *et al.* (1988) *Nature* 332, 800–805
3. Cheng, M.Y. *et al.* (1989) *Nature* 337, 620–625; Goloubinoff, P. *et al.* (1989) *Nature* 342, 884–889
4. Araiso, Y. *et al.* (2019) *Nature* 575, 395–401; Takeda, H. *et al.* (2021) *Nature* 590, 163–169

蛋白質フォールディングとミスフォールディングの統合

後藤 祐児 (大阪大学)

フォールディングは一次元的なポリペプチド鎖が機能を担う特異的な立体構造を形成する過程であり、今日でも重要な基本原理が「アンフィンセンのドグマ」である(図)。1972年にノーベル化学賞を受賞したアンフィンセンは、生理的条件下でのフォールディングはアミノ酸一次配列にコードされた自発的な反応であること、つまり、蛋白質の天然構造は、熱力学的な自由エネルギー最小状態にあることを示した。以来、フォールディングの仕組みの解明を目標とした多くの研究が行われてきた。

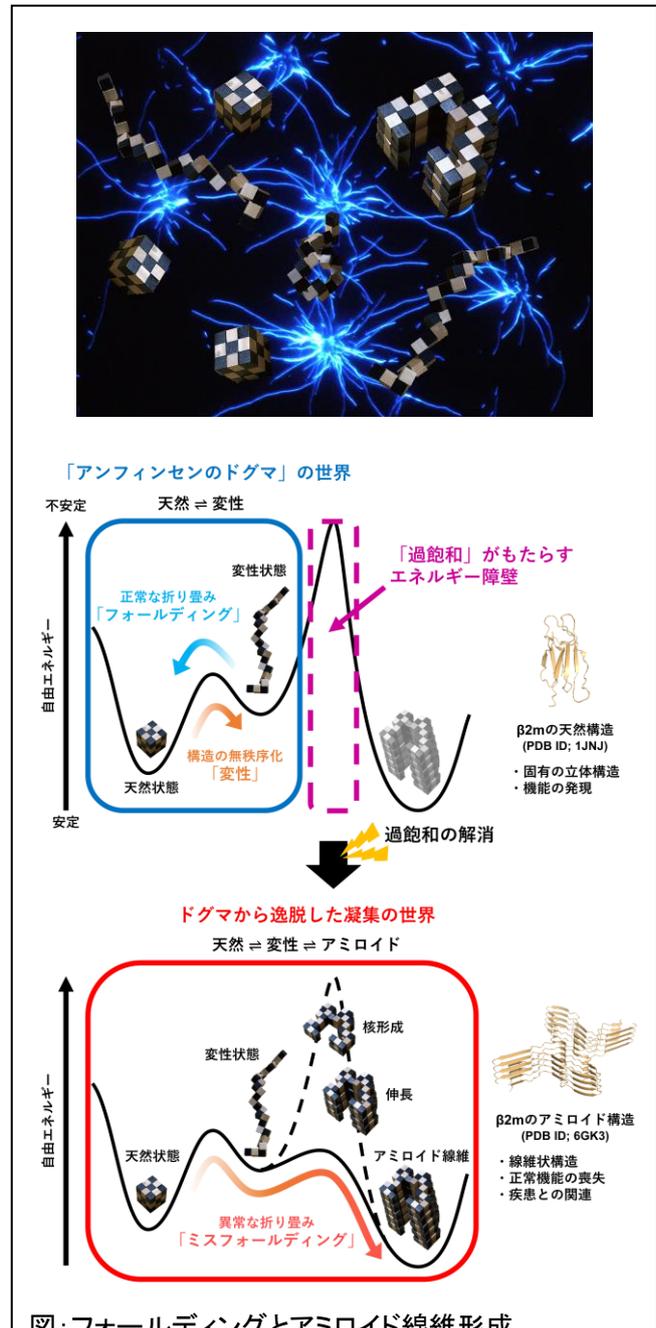
他方、蛋白質の基本的特徴である凝集は、当初、蛋白質研究の障害であったが、2000年以降、新たな研究分野として台頭した。正に本会20年の発展と重なる。フォールディングと対比してミスフォールディングという用語が用いられ、現在、アミロイド線維の原子構造、形成機構、構造物性に関する蛋白質科学研究が、活発に行われている。特に固体NMRやクライオ電顕によるアミロイド原子構造の解明が進んでいる。しかしながらフォールディングとミスフォールディングの基本的な関係については不明な点が多い。

本講演では以上の研究の歴史と現状、展望を議論すると共に、演者らが、β2ミクログロブリンやアミロイドβペプチドを用いて行ってきた、①アミロイド線維形成のリアルタイム観察、②超音波による線維形成の促進反応、③溶解度と過飽和に基づくフォールディングとミスフォールディングの統合(1)を紹介する。

今後、さまざまな領域と連携してフォールディングとミスフォールディング研究を推進することによって、アミロイドーシスの予防と治療の確立、蛋白質の構造・物性のより包括的な理解を達成することが期待できる。これにより、蛋白質研究の地平は大きく広がるであろう。

参考文献

1. Breakdown of supersaturation barrier links protein folding to amyloid formation. Masahiro Noji, et al. **Communications Biology** 4, 120 (2021). doi/10.1038/s42003-020-01641-6



蛋白質科学／構造生物学／ 蛋白質結晶学の 20 年

三木 邦夫
(京都大学)

日本蛋白質科学会が設立された 2001 年から 20 年、構造生物学は飛躍的な発展・成熟を見せた。図は PDB に登録された生体高分子（主に蛋白質）構造数の推移で、2001 年におよそ 16,000（X線: 83.9%, NMR: 15.6%）であった登録は、現在 180,000 を超える（X線: 87.8%, NMR: 7.4%, EM: 4.6%）までになっている。PDB 登録数は、遺伝子工学や放射光利用の汎用化などと相まって、1990 年代後半から指数関数的な増加を見せた。蛋白質など生体高分子の三次元構造は、それぞれがもつ生物学的機能を理解するために不可欠の情報である。にもかかわらず、長年にわたり構造情報を獲得するための技術的基盤の構築には難しいものがあつた。そのような状況のもと、1990 年代後半には、ポストゲノムプロジェクトとして「構造ゲノム学 (Structural Genomics)」の推進が唱えられるようになった。我が国では、2002 年からの 5 年間、文部科学省の「タンパク 3000 プロジェクト」が推進された。国内のおよそ 800 名の蛋白質科学研究者が参画して、看板に掲げた 3000 をはるかに超える数の蛋白質構造が決定された。その結果、大学をはじめ全国の研究機関に蛋白質構造解析の設備基盤が整備され、それまでは専門家でなければ難しかった構造解析が、生化学者や分子生物学者など広い分野の研究者に普及して、構造生物学に携わる研究者数は急増した。蛋白質の立体構造情報は多くの研究者にとって身近なものになり、蛋白質科学は大きな拡がりを見せた。また、それを基盤にした機能解析の研究も深みを増していくようになった。近年は、膜蛋白質複合体を中心にクライオ EM の構造解析が大きく進歩し、NMR の新しい測定技術、X線での超高分解能精密構造解析、X線と中性子回折との併用など、構造生物学研究は新しい局面を迎えている。このような蛋白質科学における構造生物学の発展を、主に蛋白質結晶学の視点から眺め直してみたい。

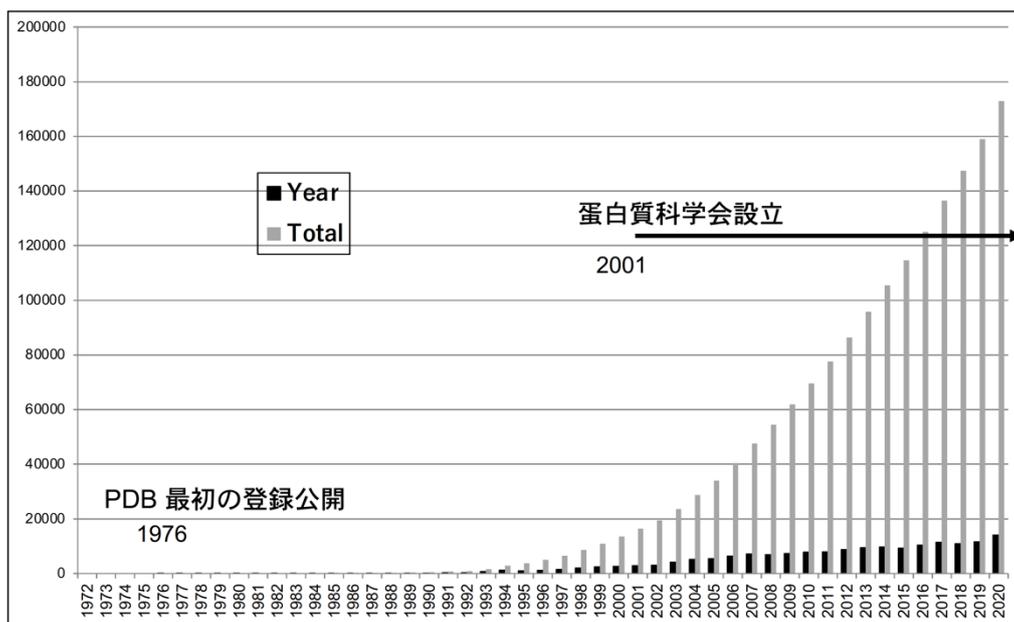


図. PDB における構造登録数の推移. 横軸: 年, 縦軸: 登録数 (■: 各年, ■: 累計).

蛋白質の情報学、物理学、そして工学

中村 春木
(大阪大学)

日本蛋白質科学会は、2001年4月1日に日本蛋白工学会、蛋白質構造討論会、蛋白質立体構造構築原理研究会が母体となって発足し、今年で20周年を迎えるまでに発展いたしました。

私は、1987年に森川耿右博士のお誘いを受け、それまで助手として勤めておりました東京大学工学部物理工学科を辞して大阪吹田の株式会社蛋白工学研究所に移動し、故池原森男所長の元で蛋白質の分子設計・蛋白質工学の研究を始めました。実際に設計に成功した蛋白質はあまりなくデザイナーとしては失格だったと思いますが、蛋白質の立体構造モデリングやその後の構造バイオインフォマティクスの礎を作り、専門家の方々が多く育っていったことは嬉しく思っています。その後1999年に私は大阪大学蛋白質研究所に移動しましたが、以前、日本蛋白工学会の設立にも関わったこともあり、また、重点領域研究「タンパク質立体構造の構築原理」の班友として蛋白質立体構造構築原理研究会にも参画しておりましたので、2001年の日本蛋白質科学会(PSSJ)の設立にも協力いたしました。さらに2012年~2014年には日本蛋白質科学会の会長を務めて学会の一般社団法人化を行うとともに、ちょうど同期間にThe Protein Society (TPS)のCouncil memberとなっていたこともあり、PSSJとTPSおよびAPPAとの連携を強めてまいりました。

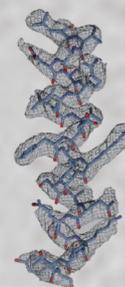
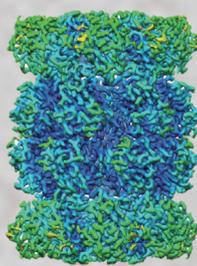
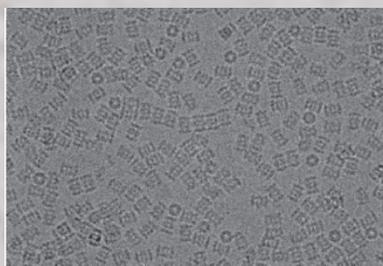
阪大蛋白研ではJST-BIRD(バイオインフォマティクス推進センター)の支援によりPDBのデータ収集と公開事業を、のちにPDBjと称する事になる組織によって日本で実施してまいりました。2003年には、米国ラトガース大学のH. M. Berman教授と英国EBIのK. Henrick博士と私の3者でwwPDBという国際組織を立ち上げることとなり、実施者はそれぞれの組織で代替わりをしているものの、現在に至るまで最も成功している国際連携によるバイオのデータベースの一つとして運営されています¹⁾。また、2005年のPSSJの年会から、毎年恒例のようにPDBjランチョンセミナーを実施してまいりました。

シンポジウムでは、これらの活動を通して学んできた、観測される現象・データの裏に潜む物理学的原理の解明の姿勢を紹介します²⁾。経験論だけからでは困難な100%の完璧性が求められる工学の達成も、物理学的原理が確立していればこそ到達可能と信じているからです。

参考文献

- 1) 中村春木・栗栖源嗣(2018)「データサイエンスと日本蛋白質構造データバンクPDBjの活動」生物物理 vol. 58, 71-77. DOI: 10.2142/biophys.58.071
- 2) 中村春木(2020)「リレーエッセイ:私が影響を受けた論文(3)蛋白質の二次構造傾向性の物理学」生物物理 vol. 60, 190-191. DOI: 10.2142/biophys.60.190

クライオ電子顕微鏡法によるタンパク質構造解析 単粒子解析から電子線トモグラフィー、Micro-ED まで 幅広い構造解析ソリューション



Achieving better than 3 Å resolution by single particle cryo-EM at 200 keV. Mark A. Herzik, Jr.*, Mengyu Wu*, Gabriel C. Lander, Scripps Research Institute, USA, bioRxiv preprint first posted online May 25, 2017. <http://dx.doi.org/10.1101/141994>



タンパク質構造解析を更なる新境地へ導く構造解析プラットフォーム

Thermo Scientific™ Krios™ G4 Cryo-TEM

- タンパク質の立体構造解析におけるハイスループットデータ取得、原子分解能の構造解析データを提供
- 次世代のクライオ電子線トモグラフィーによる *in situ* 構造解析に完全対応
- 新規電子銃E-CFEG & イメージングフィルター Selectris の搭載により、原子分解能構造解析の適用範囲を大幅に拡大



幅広いラボで活躍できる高分解能構造解析ソリューション

Thermo Scientific™ Glacios™ Cryo-TEM

- 単粒子解析、MicroED を網羅するラボ最適機種
- Kriosと共通のAutoloader によるシームレスな試料搬送機構により、単粒子解析のスループットを大幅に向上
- Falcon 4 とイメージングフィルター Selectris を搭載することで、さらなるハイスループット化、高分解能化を実現



単粒子解析ワークフロー試料最適化に特化したクライオTEM

Thermo Scientific™ Tundra™ Cryo-TEM

- 単粒子解析の試料最適化をラボシステムで実現
- 革新的なクライオ試料搬送機構 (Semi-automated loader) による簡単な試料導入を実現
- AI学習機能のサポートで、電顕技術になじみがなくても、最適なデータ取得が可能

お問い合わせ先:
日本エフイー・アイ株式会社
Tel 03-3740-0970
Fax 03-3740-0975

〒140-0002 東京都品川区東品川4-12-2
品川シーサイドウエストタワー1F

MicroEDソリューション

低分子化合物、タンパク質微結晶のハイスループット構造解析

- 回折パターン取得に最適化したMicroEDパッケージとCeta-Dカメラを先駆けて市販化
- 回折パターンの自動データ取得によりスループットの大幅な向上
- 現行の電子顕微鏡Krios、Glacios、Talosシリーズに搭載可能
- 一台の電子顕微鏡で高分解能TEM/STEMイメージング、高精度EDS分析、自動粒子解析、電子線トモグラフィー、MicroEDを実現可能
- Aquilos 2 Cryo FIB-SEMIにより微結晶薄片化が可能



幅広いラボで活躍できる自動クライオ電子顕微鏡

Thermo Scientific™ Glacios™ Cryo-TEM

- 単粒子解析、MicroED を網羅するラボ最適機種
- Autoloader によるシームレスな試料搬送機構により、データ取得のスループットを大幅に向上
- Falcon 4 とイメージングフィルター Selectris を搭載することで、さらなる高分解能構造解析にも同一装置で完全対応



多種類の試料に対応できる多機能透過型電子顕微鏡

Thermo Scientific™ Talos™ シリーズ

- 高分解能TEM/STEM 2D/3Dイメージング、高精度EDS分析、自動粒子解析、MicroED法に対応、クライオ機能を追加可能
- 洗練された高度自動化ユーザーインターフェースで、優れた操作性を発揮
- 幅広いアプリケーションに対応できる拡張機能を追加可能



MicroED用結晶クライオ薄片試料作製

Thermo Scientific™ Aquilos™ 2 Cryo FIB-SEM

- 結晶のクライオ薄片試料を作製することで、より多様な結晶試料のMicroED解析を可能に
- クライオ電子線トモグラフィー用のクライオ薄片試料作製をスムーズかつ正確に
- Cryo Slice&Viewにより細胞組織の*in situ*三次元構造解析を実現

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

For current certifications, visit thermofisher.com/certifications.

© 2021 FEI Company. All rights reserved.

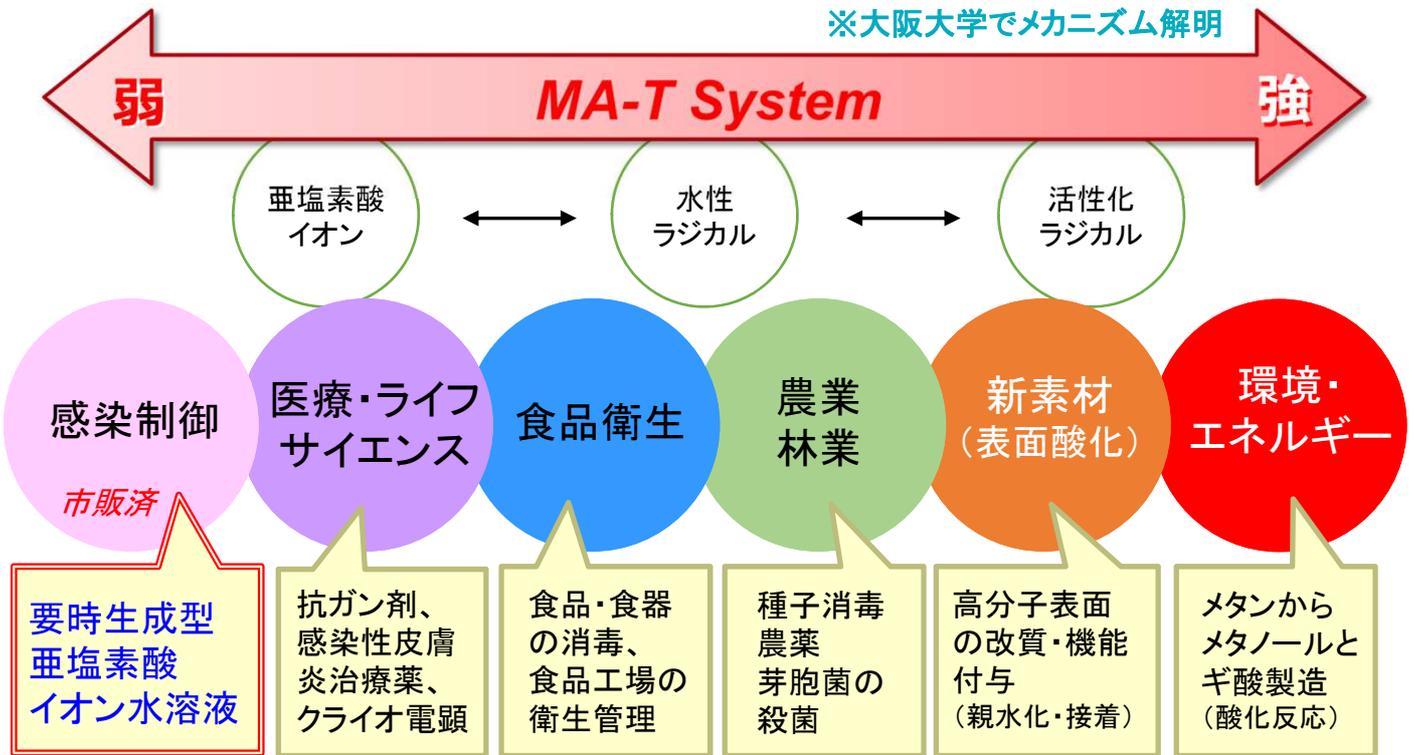
All trademarks are the property of Thermo Fisher Scientific Inc. and its subsidiaries unless otherwise specified. EN-07-2021

MA-Tの研究開発を推進し サステナブルな社会を 実現します

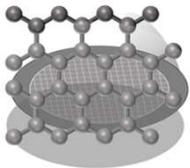


MA-T (*Matching Transformation system*) は仕組み(システム)であり、酸化制御技術のため、活性化の強弱を制御することで広範な応用展開が可能です

※大阪大学でメカニズム解明



■ クライオ電顕への応用 (親水性付与と固定化)



グラフェン膜の酸化処理による親水化でタンパク質分子などの対象物を表面に固定化可能

『EGグリッド』開発中

- ・試料作製が簡便に
- ・高解像度構造解析の実現

【お問合せ先】 **株式会社dotAqua**

大阪大学発ベンチャー(2016年設立)

〒565-0871 大阪府吹田市山田丘2-1 大阪大学工学P3棟313号

代表取締役社長 安達宏昭

TEL: 06-6877-5659 (株式会社創晶 内)

E-mail : support@dotaqua.jp

URL : <http://dotaqua.jp/>





電界放出形クライオ電子顕微鏡

CRYO ARM™ 300 II JEM-3300

**NEW
PRODUCT**

CRYO ARM™ 300 II は、タンパク質に代表される電子線照射に弱い試料の観察に特化した、クライオ電子顕微鏡です。

単粒子構造解析やトモグラフィー、電子線結晶構造解析などの各手法に対応しています。

顕微鏡の安定性とスループットの更なる向上だけでなく、操作性もよりシンプルになっています。

また、サンプルのスクリーニングから画像データ取得までを一体化した顕微鏡です。

そしてユーザーに合わせた運用を可能にする高い自由度を持っています。

顕微鏡に不慣れな方であっても、簡単な操作で質の高い顕微鏡写真を得られる次世代のクライオ電子顕微鏡です。

JEOL  **日本電子株式会社**

本社・昭島製作所 〒196-8558 東京都昭島市武蔵野3-1-2 TEL:(042)543-1111(大代表) FAX:(042)546-3353
www.jeol.co.jp ISO 9001・ISO 14001 認証取得

JEOLグループは、「理科学・計測機器」「産業機器」「医用機器」の3つの事業ドメインにより事業を行っております。
「理科学・計測機器事業」電子光学機器・分析機器・計測検査機器 「産業機器事業」半導体関連機器・産業機器 「医用機器事業」医用機器

New!
ひたひたでやさしい
クレンジングシート

Bifesta

ビフェスタ

ミセルの力で浮かせて落とす。
ミセラークレンジングシート

大判!
やわらかシート



※イメージ



mandom

お客様相談室 ☎ 0120-37-3337 www.bifesta.jp

Lab Solution

お客様への貢献が私たちの喜びです。

お客様にもっと貢献したい、喜んでいる顔が見たいという思いを基に、
これからもお客様の立場にたって、日々活動してまいります。

事業内容

- 理化学機器、一般試薬、工業薬品、公害分析機器、臨床検査機器の販売
- 理化学機器、公害分析機器、臨床検査機器の中古機器の販売
- 中古自動車販売、自動車に係わる整備及び修理業務
- 自動車損害賠償保険・損害保険及び生命保険に関する保険代理店業務
- 建築建材(ソーラーパネル等含む)の販売施工
- ヘルスケア(介護関連)業務及び健康食品、ヘルスケア関連商材等の販売



株式会社 ラボ・ソリューション

〒546-0044 大阪市東住吉区北田辺3丁目14番1号

TEL.06-6356-5431 FAX.06-6356-5433

リガクは、創薬化学・製薬分野・精密化学・天然物研究を始めとする化学・ライフサイエンス分野において、疾病原因タンパク質・医薬品分子・エンジニアリング材料分子の分子レベルでの三次元構造を見るためのプラットフォームを提供しています。

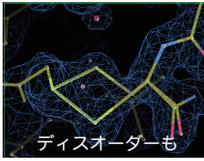
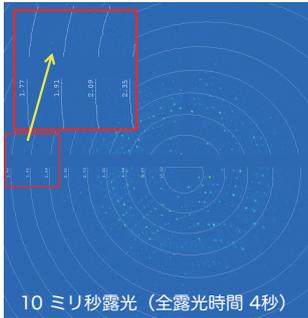
超高速測定・構造解析

単結晶X線構造解析

ラボ装置であっても、全露光時間4秒での単結晶X線構造解析のデータ収集が可能になっています。変異体、各種候補分子複合体の組合せ全てを実際に測定・構造解析・検証することも現実的になりました。小分子測定・構造解析のテクノロジーも統合された自動測定・処理データは、分子デザインに必要なディテールを克明に浮かび上がらせます。

Thaumatococcus crystal

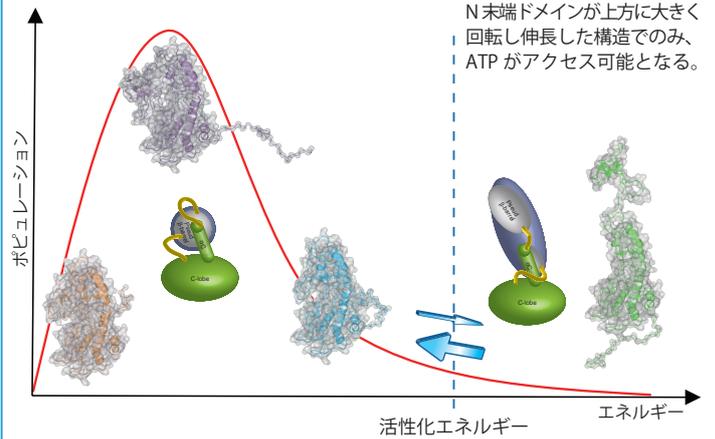
Detector distance (mm)	40
Exposure time (sec.)	0.01
Resolution (Å)	Inf. - 1.75
Rint (%)	13.5%
Completeness (%)	98.1%
Total dose time (sec.)	4
R-factor / R-free (%)	17.70 (21.90)



タンパク質の「生きた状態」の可視化

X線溶液散乱 (BioMAXS)

BioMAXS と Ensemble Optimization Method を組み合わせることで、タンパク質の機能に重要な構造変化を捉えることが可能になります。キナーゼは、細胞増殖・分化・アポトーシスを引き起こす応答反応に関与しているタンパク質で、その機能構造の解明により、革新的な創薬が実施できると考えられています。



分裂促進因子活性化タンパク質キナーゼ (MAP2K4) の X線小角散乱を用いた動的構造解析