

日本プロテオーム学会
2024年大会

JProS2024 (22nd JHUP0)

×
合同大会

第20回 日本臨床
プロテオゲノミクス学会

The 20th Annual Meeting of Japan Society of Clinical Proteogenomics

時空を超えた挑戦

～The Challenge beyond Time and Space～



棟方志功《飛神の柵》 1968年 棟方志功記念館

会期

2024
6月26^水日～28^金日

会場

リンクステーション青森 (青森市文化会館)
〒030-0812 青森市堤町1丁目4番1号

大会長

日本プロテオーム学会2024年大会
大会長 近藤 格 国立がん研究センター

第20回日本臨床プロテオゲノミクス学会
大会長 野口 玲 国立がん研究センター



3つの“S”機能をプラスした新時代ピペット

What is sPet??

LABTAS+ sPet+ マイクロピペットは
Slim/ 細くて持ちやすく、更に軽い
Strong/ 細くても強靱な樹脂ボディー
Speedy/ 3倍速ダイヤルを搭載しており

素早い容量変更が可能

同じ国内工場で作られる

LABTAS+ ピペットチップをご使用いただくことで、
 最高のフィッティングをお約束します。



ラボタス

sPet を
 チェック!!



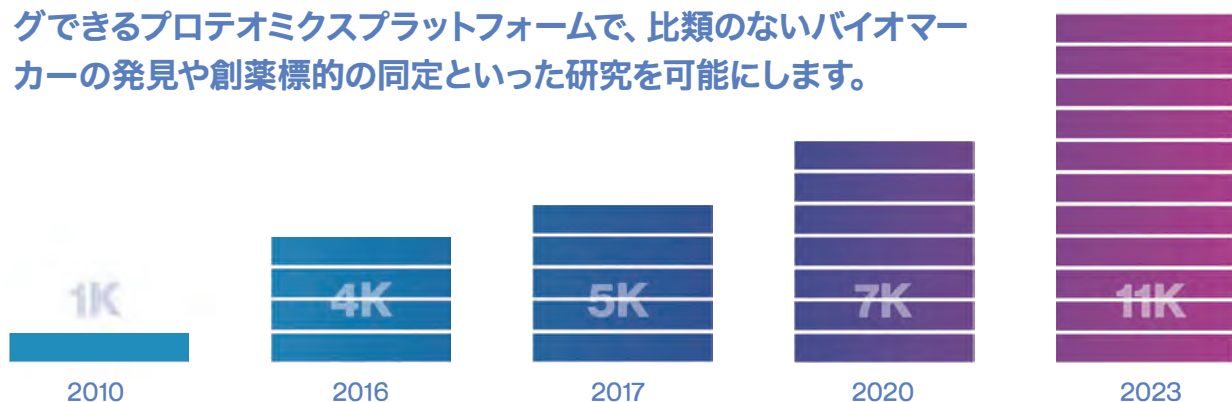


somalogic

11K 比類なきタンパク質数

SomaScan® 11K Assay遂にデビュー

SomaScan Assayは、11,000種のタンパク質をプロファイリングできるプロテオミクスプラットフォームで、比類のないバイオマーカーの発見や創薬標的の同定といった研究を可能にします。



全プロテオーム数の半分をカバー！

こちらのQRコードをスキャンして、SomaScan 11K Assayの技術の詳細とそれが研究の発展にどのように繋がるかをご覧ください。

日本語のお問い合わせはこちら
somalogicjp@somalogic.com



SL00000901 Rev 2: 2023-11

11K Announcement (JPN-A4)

For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures.

Limited Use Label License and other terms may apply: www.standardbio.com/legal/salesterms. Patent and License Information: www.standardbio.com/legal/notices

Trademarks: www.standardbio.com/legal/trademarks.

SomaLogic, SomaScan, SOMAmer, SomaSignal, DataDelve and associated logos are trademarks of SomaLogic Operating Co., Inc., a wholly owned subsidiary of Standard BioTools Inc.

Patent and Trademarks: <https://somalogic.com/list-of-patents/>. Any other trademarks are the sole property of their respective owners. ©2024 Standard BioTools Inc. (f.k.a. Fluidigm Corporation). All rights reserved.

MBLの抗体医薬開発支援

医学と生物学に役立つ抗体製品を作って50年。その技術と想いで皆様の創薬を支援します！

日本で最初の抗体メーカーとしての強み

— 強み 1 —

創業以来の
豊富な経験とノウハウ



製品開発実績

4,000品目以上

受託サービス実績数

18年間で10,000件以上

— 強み 2 —

幅広い抗体開発技術と
多様なニーズへの対応力



モノクローナル抗体取得
サービス対応動物種

6種類

MBL出願特許及び
導入した技術ライセンス

20以上

— 強み 3 —

抗体医薬シーズの
導出実績



ライセンスアウト自社特許数

6特許

開発実施対象分子数

200分子以上

MBL技術者のイチオシ！

\\ ファージディスプレイ技術によるウサギモノクローナル抗体作製サービス //

- ▶ 親和性、特異性が高いウサギモノクローナル抗体
- ▶ ファージディスプレイ法によるウサギの多様な抗原認識能を保持
- ▶ 抗体作製のすべての作業を日本国内で実施し、柔軟な対応が可能

実績一例

抗修飾核酸抗体、抗イディオタイプ抗体、抗一点変異抗体、抗複数膜貫通型タンパク質抗体など

～ サービス内容などお気軽にお問い合わせください ～



開催趣旨

日本プロテオーム学会 2024 年大会と第 20 回日本臨床プロテオゲノミクス学会の合同大会を 2024 年 6 月 26 日～28 日の日程で青森にて開催することをお知らせいたします。今回の共同カンファレンスは「時空を超えた挑戦」と題して開催されます。

このカンファレンスの主催者として、このタイトルで開催する意図をご説明します。

研究者は、未来を見据えた生命科学に関して無限の素晴らしいアイデアを持っています。私たちの想像力は無限であり、科学もまた無限の可能性を秘めています。しかし、実際には研究者の時間と空間には限界があります。研究者として活躍できる期間は、数十年程度と有限であり、それを数百年、数千年と延ばすことは現状では困難です。残念ながら、いかなる研究も一世代では完成しないでしょう。しかし、この限界は私たちの理念と活動を次世代に継承することで乗り越えることができます。研究者には空間にも限界があります。いくら大規模な研究室であっても、実験室をサハラ砂漠のサイズに拡大することはできません。「起きて半畳、寝て一畳」と言いますが、これは「物事の限界を知っておくべきであり、必要以上に富を望むのはつまらない」という例であると同時に、私たちが逃れることのできない物理的・空間的な限界を示しています。ただし私たちは、他の研究者とのコミュニケーションを深め、アイデアやリソースを共有することで、この限界を打ち破ることができるかもしれません。すなわち、柔軟な思想で自前主義から脱却することで物理的・空間的な制限を克服できます。

研究発表会は時間と空間の限界に挑戦する場です。私たちの情熱とアイデアを次世代に継承し、遠く離れた他の研究者とアイデアやリソースを共有することで、私たちは人間の生物としての限界を克服することができます。研究者はこのような考えを無意識にもち古くから研究発表会を開催してきたのではないかと思います。

この合同カンファレンスが、参加者の皆様にとって時間と空間への挑戦の一助となれば幸いです。



日本プロテオーム学会 2024 年大会 大会長
近藤 格 国立がん研究センター 希少がん研究分野



第 20 回日本臨床プロテオゲノミクス学会 大会長
野口 玲 国立がん研究センター 希少がん研究分野

日本プロテオーム学会 2024 年大会 第 20 回日本臨床プロテオゲノミクス学会 JPrOS2024 & JSCP20th (22nd JHUPO & 20th JSCP)

大会組織委員会

日本プロテオーム学会 2024 年大会 大会長 近藤 格
(国立がん研究センター)

第 20 回日本臨床プロテオゲノミクス学会 野口 玲
(国立がん研究センター)

大会事務局

事務局長 大崎 珠理亜 (国立がん研究センター研究所)

実行委員

実行委員長 安達 雄輝 (国立がん研究センター研究所)

プログラム委員会

委員長 石濱 泰 (京都大学)

足達 俊吾 (国立がん研究センター)

足立 淳 (医薬基盤・健康・栄養研究所)

川島 祐介 (かずさ DNA 研究所)

河野 信 (北里大学)

小寺 義男 (北里大学)

佐伯 泰 (東京大学医科学研究所)

佐々木 一樹 (栃木県立がんセンター)

武森 信曉 (愛媛大学)

増田 豪 (慶応義塾大学)

松本 雅記 (新潟大学)

肥後 大輔 (サーモフィッシャーサイエンティフィック)

渡辺 栄一郎 (群馬県立小児医療センター)

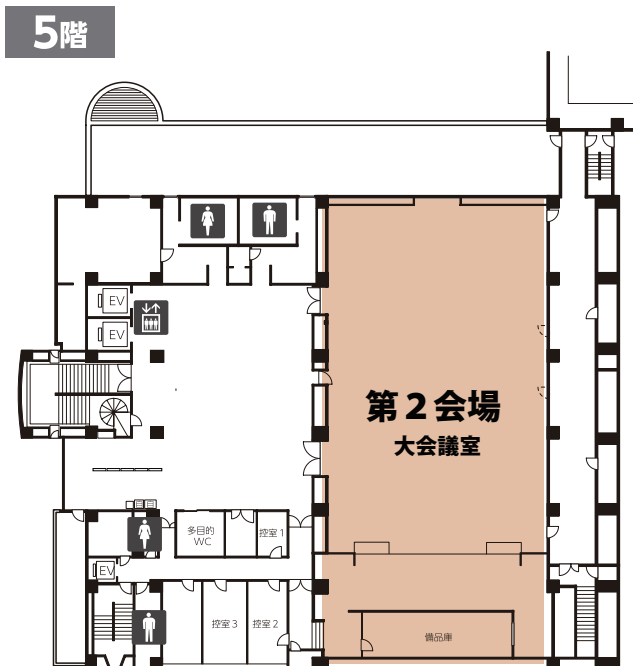
(五十音順)

大会本部

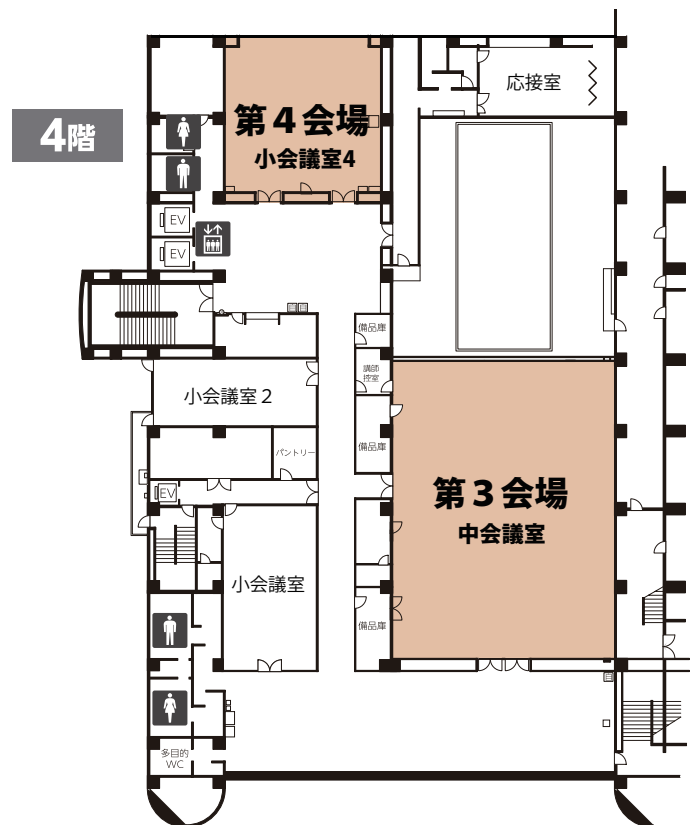


1 階

会場案内図



5階



4階

第4会場
小会議室4

第3会場
中会議室

No.	出展社名
1	SomaLogic / フォーネスライフ
2	マトリックスサイエンス(株)
3	コスモ・バイオ(株)
4	エムエス機器(株)
5	ブルカージャパン(株)
6	(株)かずさゲノムテクノロジーズ
7	インフォコム(株)
8	(株)島津製作所
9	エーエムアール(株)
10	サーモフィッシャーサイエンティフィック
11	SCIEX
12	CIL / 大塚製薬
13	MedChemExpress Japan
14	(株)ナード研究所
15	日京テクノス(株)
16	ライカマイクロシステム(株)
17	インセムズテクノロジーズ(株)
18	信和化工(株)
19	KeyMolnet (MMデータ)
20	(株)メディカル・プロテオスコープ
21	APRO Science (Pharma Foods International Co., Ltd.)
22	日本患者由来がんモデル学会
23	jPOST Repository & Database

6/25(火) 第4会場 (小会議室1)	9	10	11	12	13	14
		9:30-11:30 Webinar 座長:武森 信暁				
大会1日目 6/26(水) 第1会場 (大ホール)	9	10	11	12	13	14
		10:00-10:40 総会	10:50-12:20 大会長挨拶、会長講演 教育講演			
第2会場 (大会議室)					12:30-13:20 ランチョン 1 ライカマイクロシステムズ	
第3会場 (中会議室)					12:30-13:20 ランチョン 2 ブルカージャパン	
第4会場 (小会議室1)						
ポスター・ 展示会場		9:30-18:00 企業展示・ポスター掲示				13:30-14:30 ポスター発表 A・B 各30分
大会2日目 6/27(木) 第1会場 (大ホール)	9	10	11	12	13	14
				11:30-12:20 特別講演2 田口 英樹 教授 座長:石濱 泰		
第2会場 (大会議室)		9:40-11:20 シンポジウム3 転写・翻訳・修飾 座長:松本 雅記			12:30-13:20 ランチョン 3 サーモフィッシュャーサイエンティフィック	
第3会場 (中会議室)		9:40-11:20 シンポジウム4 学生・若手発表 優秀発表賞選考 座長:増田 豪・足達 俊吾			12:30-13:20 ランチョン 4 エーエムアール	
第4会場 (小会議室1)		9:40-11:20 一般講演 座長:阿部 雄一				
ポスター・ 展示会場		9:30-17:30 企業展示・ポスター掲示				13:30-14:30 ポスター発表 C・A 各30分
大会3日目 6/28(金) 第1会場 (大ホール)	9	10	11	12	13	14
		9:40-10:30 特別講演4 Alexander Makarov 座長:肥後 大輔				
第2会場 (大会議室)			10:40-12:00 シンポジウム7 臨床応用 座長:渡辺 栄一郎・植田 幸嗣記		12:10-13:00 ランチョン 5 エムエス機器	
第3会場 (中会議室)			10:40-12:00 シンポジウム8 データサイエンス 座長:河野 信・早川 英介		12:10-13:00 ランチョン 6 SC I E X	
第4会場 (小会議室1)			10:40-12:00 一般口頭発表(若手) 座長:小林 大樹			
ポスター・ 展示会場		9:30-14:30 企業展示・ポスター掲示				13:10-14:10 ポスター発表 B・C 各30分
6/29(土) 特別会場 フラッセ青森 イベントホール	9	10	11	12	13	14
		10:00-12:00 共同研究企画				

15	16	17	18	19	20	21
14:00-17:00 理事会						
15	16	17	18	19	20	21
14:40-15:30 特別講演1 落谷 孝広 教授 座長:近藤 格	15:40-16:30 企業講演 SomaLogic/フォーネスライフ		17:40-18:10 受賞講演・授賞式	18:30-20:30 学会主催 懇親会(ホテル青森)		
	15:40-17:30 シンポジウム1 最先端技術 座長:川島 祐介・松本 俊英					
	15:40-17:30 シンポジウム2 生理活性・ペプチド 座長:佐々木 一樹・吉田 守克					
	15:40-17:30 一般口頭発表(シニア・若手・初めて) 座長:岩崎 未央					
9:30-18:00 企業展示・ポスター掲示						
15	16	17	18	19	20	21
14:40-15:30 APS Prof. Morten Andersen 座長:久野 敦			17:30-18:20 特別講演3 浦野 泰照 教授 座長:近藤 格			
14:40-16:20 シンポジウム5 創薬プロテオミクス 座長:足立 淳・田中 恒平			17:30-18:20 受託分析よろず相談 座長:川島 祐介・三城 恵美			
14:40-16:20 シンポジウム6 トランスオミクス 座長:小寺 義男・木村 弥生		16:30-17:20 スイーツセミナー かずさゲノムテクノロジーズ				
14:40-16:20 一般講演(シニア・若手) 座長:荒川 憲昭						
9:30-17:30 企業展示・ポスター掲示						
15	16	17	18	19	20	21
14:20-15:10 特別講演5 Rohan Thakur 座長:坂本 茂・小寺 義男	15:20-17:20 合同企画 がんプロテオゲノミクス 座長:野口 玲・大崎 珠理亜	17:30-18:00	18:00-18:30 ポスター授賞式 閉会式			
	15:20-17:20 シンポジウム9 タンパク質分解 座長:佐伯 泰・村田 茂穂		KHUPRO Prof. Kwang Pyo Kim 座長:今見 考志			
	15:20-17:20 シンポジウム10 プロテオフォーム 座長:武森 信暁・清水 義宏					
15	16	17	18	19	20	21

プログラム

特別講演

6 月 26 日 (水曜日) Jun 26 (Wed)

14:40 ~ 16:20 第1会場

特別講演 1 / Plenary lecture 1

落谷 孝広

(東京医科大学 医学総合研究所 未来医療研究センター)

座長 近藤 格 (国立がん研究センター)

1PL1-1 プロテオゲノミクス解析による細胞外小胞の疾患診断への応用

14:40 ~ Application of extracellular vesicles to disease diagnosis through

15:30 proteogenomics analysis

○ 落谷 孝広¹⁾

1) 東京医科大学 医学総合研究所 未来医療研究センター

6 月 27 日 (木曜日) Jun 27 (Thu)

11:30 ~ 12:20 第1会場

特別講演 2 / Plenary lecture 2

田口 英樹

(東京工業大学 科学技術創成研究院 細胞制御工学研究センター)

座長 石濱 泰 (京都大学)

2PL1-1 プロテオスタシス分野における「プロテオーム」スタシス研究の役割

11:30 ~ Proteome-stasis in the field of proteostasis

12:20 ○ 田口 英樹¹⁾

1) 東京工業大学 科学技術創成研究院 細胞制御工学研究センター

17:30 ~ 18:20 第1会場

特別講演3 / Plenary lecture 3

浦野 泰照

(東京大学大学院薬学系研究科, 東京大学大学院医学系研究科)

座長 近藤 格 (国立がん研究センター)

2PL1-2 酵素活性の可視化・活用を軸とする、新たな低分子がんセラノスティクス技

17:30 ~ 術の創製

18:20 Creation of novel small molecule-based cancer theranostics
technology based on visualization and utilization of characteristic
enzymatic activity

○ 浦野 泰照^{1,2)}

1) 東京大学大学院薬学系研究科、2) 東京大学大学院医学系研究科

6 月 28 日 (金曜日) Jun 28 (Fri)

9:40 ~ 10:30 第1会場

特別講演4 / Plenary lecture 4

Alexander Makarov

(Thermo Fisher Scientific, Bremen, Germany)

座長 肥後 大輔 (サーモフィッシャーサイエンティフィック)

小寺 義男 (北里大学)

3PL1-1 High resolution/accurate mass instrumentation for proteomics

9:40 ~ 10:30 ○ Alexander Makarov¹⁾

1) Thermo Fisher Scientific

15:50 ~ 16:20 第1会場

特別講演5 / Plenary lecture 5

Rohan Thakur (Bluker corpolution)

座長 坂本 茂 (ブルカー・ジャパン)

3PL1-2 未定

15:50 ~

16:20

受賞講演

6 月 26 日 (水曜日) Jun 26 (Wed)

17:40 ~ 18:10 第 1 会場

受賞講演 / Award Lecture

小形 公亮 (京都大学大学院薬学研究科)

1AW1-1 逆相固相抽出・イオンモビリティ分離および *in vitro* キナーゼ反応に基づく

17:40 ~ 高感度定量リン酸化プロテオーム解析基盤の開発

18:10 Development of a Highly Sensitive Phosphoproteomics Based on Solid Phase Extraction, Ion Mobility Separation and In Vitro Kinase Reaction

○ 小形 公亮 ¹⁾

1) 京都大学大学院薬学研究科

APS

6 月 27 日 (木曜日) Jun 27 (Thu)

14:40 ~ 15:30 第1会場(Hall 1)

APS

Morten Thaysen-Andersen

(School of Natural Sciences, Macquarie University, Sydney, NSW, Australia)

座長 久野 敦 (産業技術総合研究所)

1AW1-1 Tumor- and immune-derived N-acetyl- β -D-hexosaminidase drive colorectal cancer and stratify patient risk
17:40 ~

18:10 Rebeca Kawahara^{1,2}, Liisa Kautto¹, Naaz Bansal¹, Priya Dipta¹, The
Huong Chau¹, Benoit Liqueur-Weiland^{3,4}, Seong Beom Ahn⁵
○Morten Thaysen-Andersen^{1,2}

1) School of Natural Sciences, Macquarie University, Sydney, NSW, Australia 2) Institute for Glyco-core Research (iGCORE), Nagoya University, Aichi, Japan 3) School of Mathematical and Physical Sciences, Macquarie University, Sydney, NSW, Australia
4) Université de Pau et Pays de L'Adour, Laboratoire de Mathématiques et de leurs Applications de PAU, CNRS, E2S-UPPA, France
5) Macquarie Medical School, Faculty of Medicine, Health and Human Sciences, Macquarie University, Sydney, NSW, Australia

KHUPO

6 月 27 日 (木曜日) Jun 27 (Thu)

14:40 ~ 15:30 第1会場(Hall 1)

APS

Kwang Pyo Kim

(Kyung Hee University)

座長 今見 考志 (理化学研究所)

1AW1-1 Proteogenomic approaches in cancer research with applications in tumor subtyping and therapeutics target identification for precision medicine
17:40 ~

18:10
○Kwang Pyo Kim¹
1) Kyung Hee University

シンポジウム

6 月 26 日 (水曜日) Jun 26 (Wed)

15:40 ~ 17:30 第2会場

シンポジウム 1 / Symposium 1

最先端技術

座長 川島 祐介 (かずさ DNA 研究所)
松本 俊英 (北里大学)

1S1-1 ゆで卵を溶かせる可溶化剤とそれを用いた不溶性蛋白質の高感度プロテオ

15:40 ~ 16:02 ミクス分析法

Highly Sensitive Proteomic Method for Analysis of Insoluble Proteins
Using a Solubilizer that can Dissolve Boiled Egg Whites

○ 市村 徹¹⁾、田岡 万悟²⁾

1) 防衛大学校、2) 東京都立大学

1S1-2 S-アミノエチル化システインと Lys-C/トリプシンを用いたタンパク質消化

16:02 ~ 16:35 法の開発とボトムアッププロテオミクスへの応用

Protein digestion by Lys-C/Trypsin using Cysteine S-Aminoethylation
for bottom-up proteomics

○ 富岡 亮太^{1,2)}、富岡 郁那¹⁾、小形 公亮¹⁾、Chan Hsin-Ju³⁾、Chen Li-Yu³⁾、Guzman Ulises H.⁴⁾、Xuan Yue⁵⁾、Olsen Jesper V.⁴⁾、Chen Yu-Ju³⁾、石濱 泰^{1,6)}

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 塩野義製薬株式会社、3) Institute of Chemistry, Academia Sinica、4) Novo Nordisk Foundation Center for Protein Research, University of Copenhagen、5) Thermo Fisher Scientific、6) 医薬基盤・健康・栄養研究所

1S1-3 レクチンを用いた超深度血清・血漿プロテオーム解析システムの開発

16:35 ~ 17:00 Development of an ultra-deep serum/plasma proteome analysis system using lectins

○ 中島 大輔¹⁾、紺野 亮¹⁾、石川 将己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) 千葉大学大学院医学研究院発生再生医学

1S1-4 高分離サイズ定量プロテオミクスによる脳分子動態プロファイリング

16:57 ~ 17:30 Profiling of Molecular Dynamics in Brain by High-Resolution Size Proteomics

○ 小川 寛之¹⁾、川島 祐介²⁾、藤森 英治³⁾、石川 将己²⁾、梅村 知也³⁾

1) 獨協医科大学、2) かずさ DNA 研究所、3) 東京薬科大学

シンポジウム

6 月 26 日 (水曜日) Jun 26 (Wed)

15:40 ~ 17:30 第3会場

シンポジウム 2 / Symposium 2

生理活性ペプチド・ペプチドミクス

座長 佐々木 一樹 (栃木県立がんセンター)
吉田 守克 (国立循環器病研究センター)

1S2-1 mRNA がんワクチンを目指したイムノペプチドミクスによるネオアンチゲ

15:40 ~ 16:02 ン探索

Neoantigen discovery by immunopeptidomics for mRNA cancer vaccines

○ 川村 猛¹⁾、中村 有子¹⁾、近岡 洋子¹⁾、中山 綾¹⁾、福田 暁子¹⁾、
紅露 拓²⁾、辻 嘉代子²⁾、魏 菲菲²⁾、長岡 孝治³⁾、田中 浩揮⁴⁾、中西
秀之^{5,6)}、田中 十志也¹⁾、児玉 龍彦¹⁾、野村 幸世^{7,1)}、山下 雄史^{7,1)}、垣
見 和宏³⁾、秋田 英万⁴⁾、位高 啓史^{5,6)}、上田 宏生¹⁾、笹田 笹田²⁾

1) 東京大学、2) 神奈川県立がんセンター、3) 近畿大学、4) 東北大学、5) 東京医科歯科大学、6) 大阪大学、7) 星薬科大学

1S2-2 質量分析により同定した新規インスリン分泌促進ペプチド NERP-4

16:02 ~ 16:35 A novel insulinotropic peptide named NERP-4 identified by mass spectrometry analysis

○ 中里 雅光¹⁾

1) 大阪大学フォアフロント研究センター

1S2-3 エネルギー代謝を制御する腸内細菌叢由来ペプチド性因子の探索

16:35 ~ 16:57 Novel peptides secreted into the intestinal lumen regulate host energy metabolism

○ 吉田 守克¹⁾

1) 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

1S2-4 エンドセリンの発見からヒト遺伝子異常まで

16:57 ~ 17:30 From the discovery of endothelin to human genetic disorders

○ 栗原 裕基 ^{1,2)}

1) 東京大学アイソトープ総合センター、2) 熊本大学国際先端医学研究
機構

シンポジウム

6 月 27 日 (木曜日) Jun 27 (Thu)

9:40 ~ 11:20 第2会場

シンポジウム 3 / Symposium 3

転写・翻訳・修飾

座長 松本 雅記 (新潟大学)

2S3-1(P89-C) 内在性 3 リン酸 RNA ストレスの回避機構とその破綻に伴う貧血

9:40 ~ 10:00 Mechanisms for avoidance of endogenous 3-phosphate RNA stress and anemia caused by its disruption

○ 白石 千瑳¹⁾、松本 有樹修¹⁾

1) 名古屋大学理学部分子発現制御学

2S3-2 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

10:00 ~ 10:20 Novel Pathogenesis of Diamond-Blackfan Anemia Explored Through Regulation of Proteostasis

山川 達也¹⁾、吉野 千明¹⁾、藤井 海菜子¹⁾、熊崎 恵¹⁾、田畑 剛¹⁾、齋藤 潤¹⁾、○ 岩崎 未央¹⁾

1) 京都大学 iPS 細胞研究所未来生命科学開拓部門

2S3-3(P90-A) 翻訳反応の動態を捉えるためのペプチジル-tRNA 検出法の開発

10:20 ~ 10:40 Development of a method to detect peptidyl-tRNA intermediates that reflect the dynamics of protein synthesis.

○ 丹羽 達也¹⁾、山川 絢子¹⁾、茶谷 悠平²⁾、田口 英樹¹⁾

1) 東京工業大学、2) 岡山大学

2S3-4 タンパク質 N 末端の多様性がタンパク質機能に与える影響の解明

10:40 ~ 11:00 Impact of protein N-terminus variability on protein function

○ 幡野 敦¹⁾、五十嵐 梨紗¹⁾、阿部 藤吉郎¹⁾、松本 雅記¹⁾

1) 新潟大学大学院医歯学総合研究科

2S3-5(P88-B) 新生プロテオームの共翻訳修飾解析

11:00 ~ 11:20 Analysis of the co-translational modifications of nascent proteome

○ 今見 考志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

6 月 27 日 (木曜日) Jun 27 (Thu)

9:40 ~ 11:20 第3会場

シンポジウム 4 / Symposium 4

学生・若手発表優秀発表賞選考

座長 増田 豪 (慶応義塾大学)

足達 俊吾 (国立がん研究センター)

2S4-1(P80-C) タンパク質言語モデルを用いたタンパク質寿命の大規模予測

9:40 ~ 9:52 Protein lifetime prediction by protein language models

○ 佐川 達也^{1,2)}、金尾 英佑^{1,2)}、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

2S4-2(P60-A) プロテオゲノム解析が明らかにした粘液型脂肪肉腫の予後不良に関連する

9:52 ~ 10:04 分子生物学的特徴

Proteogenomic analysis reveals the molecular features associated with poor prognosis in myxoid liposarcoma

○ 堀 公法^{1,2)}、小西 惇¹⁾、山下 万貴子³⁾、鎌谷 高志⁴⁾、山下 享子⁵⁾、船内 雄生⁶⁾、阿江 啓介⁷⁾、北野 滋久³⁾、竹内 賢吾^{5,8)}、松田 浩一⁹⁾、角田 達彦^{10,11)}、植田 幸嗣¹⁾

1) がん研・CPM セ・プロテオ解析 Gr、2) 東大・医、3) がん研・有明病院・先端医療開発セ、4) 東京医歯大・M&D データ科学セ、5) がん研・有明病院・病理部、6) 東京医歯大・整形外科、7) がん研・有明病院・整形外科、8) がん研・研究所・分子標的病理プロジェクト、9) 東大・新領域・メディカル情報生命、10) 東大・理・生物科学、11) 理研・生命医科学研究セ

2S4-3(P72-A) Lauryl maltose neopentyl glycol を使用した微量試料前処理法の開発

10:05 ~ 10:17 Development of low-input sample preparation method using lauryl maltose neopentyl glycol

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

1) かずさ DNA 研究所

2S4-4(P69-A) プロテオーム解析によるネコ慢性腎臓病の新規診断マーカーの探索

10:17 ~ 10:29 Search for novel diagnostic markers of chronic kidney disease in cats using proteome analysis

○ 清水 百梨¹⁾、前田 浩人²⁾、小寺 義男³⁾、曾川 一幸¹⁾

1) 麻布大学生命・環境科学部生化学研究室、2) 前田獣医科医院、3) 北里大学理学部疾患プロテオミクスセンター

2S4-5(P61-B) 卵巣がん患者自己抗体が認識する抗原タンパク質の網羅的同定

10:30 ~ 10:42 Comprehensive profiling of autoantibody-antigen complexes in patients with ovarian cancer

○ 小林 信^{1,2)}、杉本 幸太郎¹⁾、藤森 実社³⁾、瓜生 開¹⁾、小寺 義男⁴⁾、千葉 英樹¹⁾

1) 福島県立医科大学医学部基礎病理学講座、2) 愛知県がんセンター分子診断トランスレーショナルリサーチ分野、3) 福島県立医科大学医学部産科婦人科学、4) 北里大学理学部物理学科生命物理学

2S4-6(P63-A) NIPA1 における N 末端プロテオフォームの機能的解析

10:42 ~ 10:54 Functional analysis of NIPA1 N-terminal proteoforms

○ 五十嵐 梨紗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

2S4-7(P67-B) 植物修飾分子イソチオシアネートの植物細胞内標的タンパク質を同定する

10:55 ~ 11:07 ためのプロテオミクス解析

Proteomics analysis for target identification for

○ 相原 悠介^{1,2)}、前田 文平³⁾、加納 圭子¹⁾、三城 恵美¹⁾、佐藤 綾人¹⁾、木下 俊則^{1,4)}、村上 慧^{2,5)}

1) 名古屋大・ITbM、2) JST・さきがけ、3) 慶應大・理工、4) 名古屋大・理、5) 関西学院大・理工

2S4-8(P73-B) 肝細胞癌 FFPE 標本を活用した網羅的プロテオーム解析：術後再発におけ

11:08 ~ 11:20 る分子機構の解明と予後予測バイオマーカーの開発

Comprehensive Proteomic Analysis of HCC FFPE Samples: Unveiling

Molecular Mechanisms and Prognostic Biomarkers of Postoperative Recurrence

○ 安達 雄輝^{1,2)}、野口 玲¹⁾、佐々木 一樹³⁾、谷野 美智枝⁴⁾、大槻 純男⁵⁾、横尾 英樹²⁾、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) 旭川医科大学 外科学講座 肝胆膵・移植外科学分野、3) 佐々木研究所 ペプチドミクス研究部、4) 旭川医科大学病院 病理部、5) 熊本大学大学院 生命科学研究部 微生物薬学分野

シンポジウム

6 月 27 日 (木曜日) Jun 27 (Thu)

14:40 ~ 16:20 第2会場

シンポジウム 5 / Symposium 5

創薬プロテオミクス

座長 足立 淳 (医薬基盤・健康・栄養研究所)

田中 恒平 (田辺三菱製薬株式会社)

2S5-1 中外製薬における Proteomics 研究の紹介

14:40 ~ 15:05 Introduction of proteomic activities at Chugai Pharmaceutical

○ 加藤 邦泰¹⁾、長野 光司¹⁾、中田 勝紀¹⁾、高嶋 美恵¹⁾、中澤 志織¹⁾、木部 航希¹⁾、森下 和浩¹⁾、野呂 寛子²⁾

1) 中外製薬株式会社 バイオロジー基盤研究部、2) 中外医科学研究所
創薬実験技術 3 部

2S5-2(P91-B) 新薬創出を加速する人工知能の開発 - 特発性肺線維症臨床情報収集と創薬

15:05 ~ 15:30 標的探索手法の構築 -

Artificial Intelligence to Accelerate New Drug Discovery

○ 武田 吉人¹⁾

1) 大阪大学大学院医学系研究科 呼吸器・免疫内科学

2S5-3 Human Biofluid のプロテオームカバレッジ拡大と認知症領域における新規

15:30 ~ 15:55 Human Biology の探索

Expanding Proteome Coverage of Human Biofluid and Exploring
Novel Human Biology in Dementia

○ 鎌倉 健雄¹⁾、佐々木 一成¹⁾、集田 和好¹⁾、堀江 勘太¹⁾

1) エーザイ株式会社 ディスカバリーコンセプトバリデーションファン
クション

2S5-4 リン酸化プロテオーム解析を用いた胃がんに対する創薬アプローチ

15:55 ~ 16:20 Phosphoproteomic subtyping of gastric cancer reveals dynamic

transformation with chemotherapy and guides targeted cancer therapy.

○ 足立 淳¹⁾、庄司 広和²⁾、平野 秀和^{1,2)}、野島 陽水^{2,3)}、軍司 大悟^{1,4)}、新藏 秋奈^{1,4)}、村岡 賢¹⁾、阿部 雄一¹⁾、鳴海 良平¹⁾、長尾 知生子^{1,3)}、青木 雅彦²⁾、小濱 和貴⁴⁾、本田 一文⁵⁾、水口 賢司^{1,3)}、朝長 毅¹⁾、吉川 貴己²⁾、加藤 健²⁾、朴 成和^{2,6)}

1) 医薬基盤・健康・栄養研究所、2) 国立がん研究センター中央病院、
3) 大阪大学、4) 京都大学、5) 日本医科大学、6) 東京大学

シンポジウム

6 月 27 日 (木曜日) Jun 27 (Thu)

14:40 ~ 16:20 第3会場

シンポジウム 6 / Symposium 6

トランスオミクス

座長 小寺 義男 (北里大学)
木村 弥生 (横浜市立大学)

2S6-1 マウス肝臓トランスオミクスによる分子制御機構の可視化

14:40 ~ 15:05 Trans-omic analysis illustrates regulatory mechanisms across omic layers in murine liver

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

1) 九大・生医研、2) 新潟大・院医歯

2S6-2 経時的・多層的プロテオミクスによる EGFR シグナル多様性の分子メカニ

15:05 ~ 15:30 ズムの解明

Time-resolved multi-layered proteomics to decipher molecular mechanisms of EGFR signaling diversity.

○ 江口 晃弘^{1,2)}、Emdal Kristina²⁾、Ye Zilu²⁾、Guzman Ulises²⁾、Mueller-Dott Sophia³⁾、Olsen Jesper²⁾

1) 東京大学 先端科学技術研究センター、2) コペンハーゲン大学、3) ハイデルベルク大学

2S6-3 網羅的ゲノム解析による新規疾患遺伝子の同定と発症病態解明

15:30 ~ 15:55 Novel disease gene identification and elucidation of pathomechanism by comprehensive genome analysis

○ 三宅 紀子¹⁾

1) 国立国際医療研究センター

2S6-4 単核貪食細胞の分化におけるエピジェネティクス

15:55 ~ 16:20 Epigenetics in differentiation of mononuclear phagocytes

○ 西山 晃¹⁾、田村 智彦¹⁾

1) 横浜市立大学大学院 医学研究科免疫学

シンポジウム

6 月 28 日 (金曜日) Jun 28 (Fri)

10:40 ~ 12:00 第 2 会場

シンポジウム 7 / Symposium 7

臨床応用

座長 渡辺 栄一郎 (群馬県立小児医療センター)

植田 幸嗣 (公益財団法人がん研究会)

3S7-1 高深度プロテオーム解析を用いた小児希少疾患の血清プロファイリングと

10:40 ~ 11:00 その臨床応用

Serum profiling and clinical applications of rare childhood diseases using in-depth proteomic analysis.

○ 佐藤 裕範¹⁾

1) 千葉大学大学院医学研究院 小児病態学

3S7-2 便プロテオーム解析による膵癌の新規バイオマーカーの探索研究

11:00 ~ 11:20 New stool biomarker proteins for pancreatic cancer by the proteomic analysis

○ 元尾 伊織¹⁾、川島 祐介²⁾、安田 一朗¹⁾

1) 富山大学 第三内科、2) かずさ DNA 研究所 応用プロテオミクスグループ

3S7-3 クリニカルプロテオミクスが拓くがん研究の近未来

11:20 ~ 11:40 Clinical proteomics opens up a new avenue of cancer research

○ 田口 歩^{1,2)}

1) 愛知県がんセンター 分子診断 TR 分野、2) 名古屋大学大学院医学系研究科 先端がん診断学

3S7-4 プロテオゲノミクス解析によるがん診断・治療法の開発

11:40 ~ 12:00 Proteogenomics Analysis for Cancer Diagnosis and Therapy

○ 植田 幸嗣¹⁾

1) 公益財団法人がん研究会 がんプレシジョン医療研究センター

シンポジウム

6 月 28 日 (金曜日) Jun 28 (Fri)

10:40 ~ 12:00 第3会場

シンポジウム 8 / Symposium 8

データサイエンス

座長 河野 信 (北里大学)
早川 英介 (九州工業大学)

3S8-1 創発的再解析に向けた研究横断的メタボロミクスデータの統合

10:40 ~ 11:00 Integration of Cross-Study Metabolomics Data for Creative Reanalysis

○ 早川 英介^{1,2)}、松田 りら^{3,4,5)}、高橋 みき子¹⁾、山本 博之⁵⁾、有田 正規^{1,6)}

1) 理化学研究所環境資源科学研究センターメタボローム情報研究チーム、2) 九州工業大学 情報工学部、3) 慶應義塾大学先端生命科学研究所、4) 慶應義塾大学大学院 政策・メディア研究科 BIプログラム専攻、5) ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ、6) 遺伝学研究所

3S8-2 日本人コホート研究を活用した血液のマルチオミクス解析による生活習慣

11:00 ~ 11:20 病発症機構の解明

Elucidation of the pathogenic mechanism of lifestyle-related diseases by multi-omics analysis of blood samples using a Japanese cohort study.

○ 中枿 昌弘¹⁾、大橋 勇紀¹⁾、別保 るり波¹⁾、山本 健²⁾、松原 達昭³⁾、横田 充弘⁴⁾、市原 佐保子⁵⁾

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、2) 久留米大学 医学部 医化学講座、3) 愛知みずほ大学 人間科学部、4) 久留米大学 医学部、5) 自治医科大学 医学部 環境予防医学講座

3S8-3 薬理作用のトランスオミクス

11:20 ~ 11:40 Trans-omics for pharmacological actions

○ 柚木 克之¹⁾、幡野 敦^{1,2)}、丸山 順一¹⁾

1) 理化学研究所 生命医科学研究センター、2) 新潟大学 医歯学系

3S8-4 AlphaFold で探る分子間相互作用

11:40 ~ 12:00 Exploring Molecular Interactions with AlphaFold

○ 大上 雅史¹⁾

1) 東京工業大学 情報理工学院

シンポジウム

6 月 28 日 (金曜日) Jun 28 (Fri)

15:20 ~ 17:20 第2会場

シンポジウム 9 / Symposium 9

タンパク質分解

座長 佐伯 泰 (東京大学医科学研究所)

村田 茂穂 (東京大学)

3S9-1 タンパク質寿命学を牽引するプロテオミクス解析

15:20 ~ 15:40 Proteomics for protein lifetime research

○ 佐伯 泰¹⁾

1) 東京大学医科学研究所

3S9-2 pSILAC を用いた細胞老化におけるプロテアソーム分解の基質と役割の解

15:40 ~ 16:05 明

Elucidating the role of proteasomal degradation in cellular senescence using pSILAC

○ 村田 茂穂¹⁾

1) 東京大学大学院薬学系研究科

3S9-3 タンパク質寿命の変容と血管狭窄

16:05 ~ 16:30 Alteration of protein lifetime in vascular stenosis

○ 森戸 大介¹⁾

1) 昭和大学医学部

3S9-4 液-液相分離で形成される“p62 body”の新規構成成分の同定とその選択的

16:30 ~ 16:55 オートファジーによる分解の意義の解明

Identification of a novel component of phase-separated p62 body and elucidation of the significance of its degradation by selective autophagy

○ 森下 英晃¹⁾

1) 九州大学大学院医学研究院生体機能学分野

3S9-5 標的タンパク質分解を担うユビキチンコードの解明

16:55 ~ 17:20 The ubiquitin code mediating targeted protein degradation

○ 大竹 史明¹⁾

1) 星薬科大学先端生命科学研究所

シンポジウム

6 月 28 日 (金曜日) Jun 28 (Fri)

15:20 ~ 16:20 第3会場

シンポジウム 10 / Symposium 10

蛋白質科学会との合同・プロテオフォーム

座長 武森 信暁 (愛媛大学)
清水 義宏 (理化学研究所)

3S10-1 多次元プロテオフォーム前分画が可能にする高深度トップダウン・ミドル
15:20 ~ 15:45 ダウンプロテオミクス

Deep Top-Down and Middle-Down Proteomics Enabled by
Multidimensional Proteoform Pre-Fractionation

○ 武森 信暁 ¹⁾

1) 愛媛大学

3S10-2 脂質修飾部位大規模同定のためのプロテオーム解析技術開発
15:45 ~ 16:10 Development of proteomic technologies for large-scale analysis of
lipidation sites

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

1) 理化学研究所生命医科学研究センター、2) 慶應義塾大学薬学研究
科、3) 横浜市立大学生命医科学研究科

3S10-3(P95-C) プロテオミクスと合成生物学

16:10 ~ 16:35 Proteomics and synthetic biology

○ 清水 義宏 ¹⁾

1) 理化学研究所生命機能科学研究センター

合同企画

6 月 28 日 (金曜日) Jun 28 (Fri)

15:20 ~ 17:20 第 1 会場

合同企画：がんのプロテオゲノミクス

座長 野口 玲 (国立がん研究センター)
大崎 珠理亜 (国立がん研究センター)

3S2-1 がんプロテオゲノミクスによる個別化医療の進展

15:20 ~ 15:50 Advancements in Personalized Medicine through Cancer
Proteogenomics

- 西尾 和人¹⁾、坂井 和子¹⁾
1) 近畿大学・医・ゲノム生物学

3S2-2 抗体工学と質量分析：相互作用解析を中心に

15:50 ~ 16:20 ○津本 浩平¹⁾
1) 東京大学・東京大学大学院工学系研究科

3S2-3 基盤的臨床開発研究コアセンターにおける逆相タンパクアレイ基盤の役割

16:20 ~ 16:50 と有用性
Role and Utility of Reverse Phase Protein Array Platform in
Fundamental Innovative Oncology Core, National Cancer Center
Institute
○ 増田 万里¹⁾
1) 国立がん研究センター・研究所・プロテオーム解析部門

3S2-4(P92-C) 大腸がん細胞株のキナーゼ活性解析は腫瘍を反映し、薬剤応答を予測する

16:50 ~ 17:20 Kinase activity profiling of colorectal cancer cell lines is
representative of tumors and predicts drug sensitivity
○ 野口 玲¹⁾、安達 雄輝¹⁾、小野 拓也¹⁾、吉松 有紀²⁾、佐々木 一樹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) 栃木県立がん

センター研究所 患者由来がんデル研究分野、3) 栃木県立がんセンター研
究所 腫瘍ペプチドミクス分野

一般口頭発表

6 月 26 日 (水曜日) Jun 26 (Wed)

15:40 ~ 17:22 第4会場

一般口頭発表 1 / Oral session 1

一般口頭発表(学生・若手・はじめて)

座長 岩崎 未央 (京都大学)

101-1(P66-A) SomaScan による日本人中高年において性差のある血清タンパク質の探索

15:40 ~ 15:50 Search for serum proteins with differential concentrations between men and women in middle-aged and elderly Japanese using SomaScan

○ 別保 るり波¹⁾、大橋 勇紀¹⁾、山本 健²⁾、松原 達昭³⁾、横田 充弘⁴⁾、市原 佐保子⁵⁾、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) 久留米大学医学部医化学講座、3) 愛知みずほ大学人間科学部、4) 久留米大学医学部、5) 自治医科大学医学部環境予防医学講座

101-2(P74-C) プロテオゲノミクス解析を用いた骨軟部腫瘍の新規治療標的の探索

15:50 ~ 16:00 Proteogenomic analysis for clinical application in sarcomas

○ 岩田 秀平^{1,2)}、足達 俊吾³⁾、野口 玲¹⁾、大崎 珠理亜¹⁾、安達 雄輝¹⁾、小倉 浩一⁴⁾、岩田 慎太郎⁴⁾、大鳥 精司²⁾、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) 千葉大学大学院医学研究院整形外科、3) 国立がん研究センター研究所プロテオーム解析部門、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

101-3(P79-B) 多種プロテアーゼの並用による包括的なタンパク質構造変化検出法の開発

16:00 ~ 16:10 Comprehensive detection of protein conformational changes by parallel use of multiple protease

○ 村松 邑香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

101-4(P81-A) Surfaceome 解析を基盤とした新規腎癌治療標的分子の同定

16:10 ~ 16:18 Surfaceome analysis uncovered novel therapeutic targets for kidney

renal cell carcinoma

○ 小宮 莉菜¹⁾、小林 信^{1,2)}、杉本 幸太郎¹⁾、小名木 彰史³⁾、田口 歩²⁾、千葉 英樹¹⁾

1) 福島県立医科大学医学部基礎病理学、2) 愛知県がんセンター分子診断トランスレーショナルリサーチ分野、3) 福島県立医科大学医学部泌尿器科学

101-5(P82-B) 異なる実験条件で得られたデータの統合ネットワーク解析

16:18 ~ 16:26 Integrated network analysis of data obtained under different experimental conditions

○ 西崎 愛花^{1,2)}、河野 信^{1,3)}

1) 北里大学 未来工学部、2) 北里大学 理学部、3) 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター

101-6(P83-C) N-terminomics および情報科学的アプローチによる非典型的翻訳機構の理

16:26 ~ 16:34 解

Elucidation of the mechanism of non-AUG translation using N-terminomics and bioinformatics

○ 阿部 藤吉郎¹⁾、五十嵐 梨紗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

101-7(P84-A) 神経幹細胞における翻訳制御機構の解明

16:34 ~ 16:42 Understanding the Translational Regulation in Neural Stem Cells

○ 木原 佑輔¹⁾、稲田 利文²⁾、佐伯 泰¹⁾、小林 妙子¹⁾

1) 東京大学医科学研究所タンパク質代謝制御分野、2) 東京大学医科学研究所 RNA 制御学分野

101-8 クロスリンク質量分析法による溶液中におけるヒト血清アルブミンの存在

16:42 ~ 16:50 様式の解析

Analysis the conformational state of human serum albumin in solution by cross-linking mass spectrometry

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

1) 北里大学大学院理学研究科、2) 北里大学理学部附属疾患プロテオミ

クスセンター

101-9(P85-B) Library-free search を用いたリポ多糖, 及び, マンゴー葉抽出物で処理した Raw264.7 細胞の定量プロテオミクスデータの再解析
16:50 ~ 16:58

Reanalysis of quantitative proteomic data of Raw264.7 cells treated with lipopolysaccharide and mango leaf extract using library-free search

○ 三島 花心¹⁾、崎口 実奈²⁾、山根 沙都¹⁾、佐藤 英男¹⁾、永井 宏平^{1,2)}

1) 近畿大学大学院生物工学専攻、2) 近畿大学生物理工学部遺伝子工学科

101-10 GeLC-MS/MS 法による生体内タンパク質の切断状態の定量解析に向けた検討
16:58 ~ 17:06

Establishment of a method for quantitative analysis of the cleavage state of proteins by GeLC-MS/MS.

○ 廣川 武¹⁾、奥田 悠世¹⁾、須藤 愛莉咲¹⁾、龍門 代里子¹⁾、松井 崇^{1,2)}、小寺 義男^{1,2)}

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

101-11(P86-C) がん幹細胞様細胞の膜タンパク質を対象としたプロテオーム解析による新規診断マーカーの探索
17:06 ~ 17:14

Exploration of novel diagnostic markers by proteome analysis targeting cytoplasmic membrane proteins of cancer stem cell-like cells

○ 青砥 令依¹⁾、朽津 有紀^{1,2,3)}、今井 基貴^{1,2,3)}、小寺 義男⁴⁾、村雲 芳樹⁵⁾、三枝 信⁵⁾、長塩 亮^{1,2,3)}

1) 北里大学大学院医療系研究科応用腫瘍病理学、2) 北里大学医療衛生学部臨床検査学、3) 北里大学医療衛生学部附属再生医療・細胞デザイン研究施設、4) 北里大学理学部附属疾患プロテオミクスセンター、5) 北里大学医学部病理学

101-12(P87-A) Mock community とヒトデータを用いたメタプロテオーム解析
17:14 ~ 17:22 Metaproteome analysis using mock community and human data

○ 福本 亮太^{1,2)}、森 宙史³⁾、小寺 義男²⁾、河野 信^{1,4)}

- 1) 北里大学 未来工学部、2) 北里大学 理学部、3) 国立遺伝学研究所、
4) 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター

一般口頭発表

6 月 27 日 (木曜日) Jun 27 (Thu)

9:40 ~ 11:18 第4会場

一般口頭発表 2 / Oral session 2

一般口頭発表

座長 阿部 雄一 (岐阜大学)

202-1(P49-B) 拡大プロテオミクス:新規修飾の解析

9:40 ~ 9:54 Extended Proteomics in the case of new post-translational modification

木村 美遥¹⁾、○ 堂前 直¹⁾

1) 理化学研究所 環境資源科学研究センター

202-2(P53-C) マルチモーダル糖鎖オミクス技術を駆使したセロタイプ横断的な AAV 糖鎖

9:54 ~ 10:08 修飾解析

Differential glycan analyses of AAVs among 6 serotypes using multimodal glycan omics technologies

○ 久野 敦¹⁾、山口 祐希²⁾、石井 健太郎²⁾、古泉 幸子³⁾、坂上 弘明¹⁾、丸野 孝浩^{2,4)}、福原 充子^{2,4)}、渋谷 理紗²⁾、津中 康央²⁾、松下 青葉²⁾、坂東 香林²⁾、鳥巢 哲生²⁾、岸本 知慧⁵⁾、富岡 あづさ¹⁾、水門 佐保¹⁾、布施谷 清香¹⁾、梶 裕之⁶⁾、柏倉 裕志⁷⁾、大森 司⁷⁾、内山 進²⁾

1) 産業技術総合研究所細胞分子工学研究部門、2) 大阪大学大学院工学研究科、3) プレシジョン・システム・サイエンス (株)、4) (株) ユーメディコ、5) (株) グライコテクニカ、6) 名古屋大学糖鎖生命コア研究所、7) 自治医科大学医学部

202-3(P54-A) 組織標本上の糖鎖とタンパク質を 1 細胞レベルで同時検出するマルチプレ

10:08 ~ 10:22 ックス二層イメージング技術 (Lectin-IMC) の開発

Lectin-assisted imaging mass cytometry: single-cell-level bilateral imaging of proteins and glycans for spatial analysis of protein glycosylations

○ 岡谷 千晶¹⁾、堀内 梅子¹⁾、Boottanun Patcharaporn¹⁾、久野 敦¹⁾

1) 産業技術総合研究所 細胞分子工学研究部門

202-4(P50-C) プロテオミクスとメタボロミクスによる悪性中皮腫の包括的理解への取り組み

10:22 ~ 10:36

Comprehensive Lipidomics and Proteomics Analysis of mesothelioma cell line

○ 加納 圭子¹⁾、佐藤 伸哉¹⁾、佐藤 龍洋²⁾、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

202-5(P55-B) がん悪液質の病態解明を目指したメタボローム・プロテオームの融合解析

10:36 ~ 10:50 Integrated analysis of metabolome and proteome to elucidate the

pathophysiology of cancer cachexia.

○ 三城 恵美^{1,2)}、小島 康¹⁾、曾我 朋義³⁾、青木 正博¹⁾

1) 愛知県がんセンター研究所 がん病態生理学分野、2) 名古屋大学 ITbM、3) 慶應義塾大学先端生命科学研究所

202-6(P56-C) 卵巣明細胞癌の EBP50/MYH9 複合体は上皮間葉転換制御により抗腫瘍作

10:50 ~ 11:04 用として機能する

Interaction between membranous EBP50 and myosin 9 as a favorable prognostic factor in ovarian clear cell carcinoma

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

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

202-7(P57-A) SWATH Micro App および DIA-NN ソフトウェアを用いた尿 検体 DIA

11:04 ~ 11:18 データの解析結果の比較

Comparison of urine DIA proteomic data analyzed by SWATH Micro Application and DIA-NN software

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

1) 新潟大学生体液バイオマーカーセンター、2) 信楽園病院臨床検査科

一般口頭発表

6 月 27 日 (木曜日) Jun 27 (Thu)

14:40 ~ 16:12 第4会場

一般口頭発表 3 / Oral session 3

一般口頭発表(若手)

座長 荒川 憲昭 (国立医薬品食品衛生研究所)

203-1(P48-A) 大腸癌肝転移手術検体のリン酸化プロテオミクスによる術前化学療法抵抗性機序の解明
14:40 ~ 14:54

Elucidating the mechanism of neoadjuvant chemotherapy resistance by clinical phosphoproteomics of colorectal cancer liver metastasis

○ 新藏 秋奈^{1,2)}、村岡 賢¹⁾、鷹合 成美¹⁾、高田 洋子¹⁾、平野 雅代¹⁾、長山 聡^{3,4)}、高橋 祐³⁾、福長 洋介³⁾、小濱 和貴²⁾、足立 淳^{1,5)}

1) 国立研究開発法人医薬基盤・健康・栄養研究所、2) 京都大学大学院医学研究科 消化管外科、3) がん研有明病院 消化管外科、4) 宇治徳洲会病院 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

203-2(P52-B) プロテオミクスによる新規尿中腎臓障害バイオマーカーの探索と抗体を用いた測定系の検証
14:54 ~ 15:08

Proteomics based search for novel urinary kidney injury biomarkers and validation of antibody based assay system

○ 柳田 憲吾¹⁾、山本 恵子¹⁾、Elguoshy Amr¹⁾、内許 智博¹⁾、北林 千津子²⁾、小西 啓夫²⁾、山本 格^{1,3)}

1) 新潟大学生体液バイオマーカーセンター、2) 大阪市立総合医療センター腎臓高血圧内科、3) 信楽園病院臨床検査科

203-3(P51-A) 細胞老化における核内タンパク質動態の解読
15:08 ~ 15:22 Proteomics and genomics analysis of chromatin dynamics during cellular senescence

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

1) 北海道大学 遺伝子病制御研究所、2) 徳島大学 先端酵素学研究所、

3) Institute of Molecular Biology, University of Oregon

203-4(P71-C) Pharmacoproteomics による肉腫の治療法開発：胞巣状軟部肉腫の患者由

15:22 ~ 15:32 来がん細胞株を用いた薬剤感受性試験と質量分析

Pharmacoproteomics for sarcoma treatment development: drug sensitivity testing and mass spectrometry using alveolar soft part sarcoma cell lines

○ 大崎 珠理亜¹⁾、吉松 有紀²⁾、柳原 五吉¹⁾、安達 雄輝¹⁾、岩田 秀平¹⁾、佐々木 一樹³⁾、足達 俊吾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) 栃木県立がん研究センター患者由来がんモデル研究分野、3) 栃木県立がんセンター腫瘍ペプチドミクス研究分野、4) 国立がん研究センター研究所プロテオーム解析部門

203-5(P75-A) 子宮内膜癌における EBP50 発現意義の解明

15:32 ~ 15:42 Role of EBP50 expression in endometrial carcinoma

○ 横井 愛香¹⁾、尾籠 遼也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

203-6(P76-B) 15N 代謝標識法を用いた植物プロテインホスファターゼの基質探索

15:42 ~ 15:52 Quantitative phosphoproteomic analysis of plant protein

phosphatase using 15N-metabolic labeling

○ 大久保 祐里¹⁾、多田 夏輝¹⁾、野田 沙希¹⁾、松林 嘉克¹⁾

1) 名古屋大学

203-7(P78-A) 週 10,000 検体測定に向けた瞬速マシンガンプロテオミクスの高速化

15:52 ~ 16:02 One-minute LC/MS/MS for 10,000 samples per week proteomics

○ 富岡 郁那¹⁾、富岡 亮太¹⁾、金尾 英佑¹⁾、小形 公亮^{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

203-8 新規生理活性ペプチド探索を目指したマウス組織を対象にしたペプチドー

16:02 ~ 16:12 ム解析

Peptidomics analysis of mouse tissues for the discovery of novel

bioactive peptides

○ 奥田 悠世¹⁾、中川 譲¹⁾、溜 亜海¹⁾、板倉 誠^{2,3)}、松井 崇^{1,3)}、小寺 義男^{1,3)}

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

一般口頭発表

6 月 28 日 (金曜日) Jun 28 (Fri)

14:40 ~ 12:00 第4会場

一般口頭発表 4 / Oral session 4

一般口頭発表(学生・若手)

座長 小林 大樹 (新潟大学)

304-1(P58-B) マウス ES 細胞のシングルコロニープロテオミクス

10:40 ~ 10:50 Proteomics of a single colony of mouse ES cells

○ 柿原 礼佳¹⁾、幡野 敦¹⁾、松本 雅記¹⁾

1) 新潟大学医歯学系システム生化学分野

304-2(P59-C) アコヤガイ貝殻真珠層の赤-青色調を決定するタンパク質の探索

10:50 ~ 11:00 Study of proteins that determine the red-blue color tone of shell nacreous layer of pearl oyster.

○ 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

304-3(P62-C) 急性肺損傷ラットモデルを用いた新規間質性肺炎バイオマーカーの発現機

11:00 ~ 11:10 序解析

Expression Mechanism of a Novel Biomarker for Interstitial Lung
Disease in a Rat Model of Acute Lung Injury

○ 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⁾、斎藤 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

304-4(P64-B) タンパク質末端大規模解析によるマクロファージ分化におけるプロテオリ

11:10 ~ 11:20 シス制御機構の解明

Large-scale analysis of protein termini for elucidating the regulatory
mechanism of proteolysis in macrophage differentiation.

○ 高室 花歩¹⁾、西田 紘士²⁾、谷口 優斗²⁾、小形 公亮²⁾、石濱 泰^{2,3)}

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

304-5(P65-C) スポンジ様樹脂カラムを用いた固相抽出による血清中低分子量ポリペプチド濃縮

Enrichment of low molecular weight polypeptides in serum by solid phase extraction using sponge-like polymer columns

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

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 医薬基盤・健康・栄養研究所

304-6(P68-C) Stable Isotope Labeling by Amino acids in Cell culture 法による膵臓癌の早期新規診断マーカーの解析

Search for novel diagnostic markers of pancreatic ductal adenocarcinoma using stable isotope labeling by amino acids in cell culture

○ 武富 春香¹⁾、高野 重紹²⁾、大塚 将之²⁾、曾川 一幸¹⁾

1) 麻布大学生命・環境科学部生化学研究室、2) 千葉大学大学院医学研究院臓器制御外科学

304-7(P70-B) 肉腫の治療法開発のための基盤構築：オルガノイドを用いた ex vivo 試験と多層的オミクス解析の試み

Fundamental research system for sarcoma treatment: Ex vivo test and multi-omics study using organoid

○ 塩田 よもぎ^{1,2)}、野口 玲¹⁾、大崎 珠理亜^{1,6)}、岩田 秀平^{1,7)}、安達 雄輝^{1,8)}、佐藤 潤³⁾、加藤 大貴⁴⁾、臼井 達哉²⁾、小山 隆文³⁾、川井 章⁵⁾、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) 東京農工大学大学院 農学研究院、3) 国立がん研究センター中央病院 先端医療科、4) 東京大学大学院 農学生命科学研究科、5) 国立がん研究センター中央病院 骨軟部腫瘍科・リハビリテーション科、6) 東京大学大学院 医科学研究科 口腔顎顔面外科、7) 千葉大学大学院医学研究院 整形外科学、8) 旭川医科大学大学院 外科学講座 肝胆膵・移植外科学分野

304-8(P77-C) プロテオミクスと薬剤スクリーニングを併用した神経線維腫症Ⅰ型 (NF1)

11:50 ~ 12:00 腫瘍の特異的標的の同定

Identification of the specific target in the Neurofibromatosis Type I (NF1) tumors by combined analysis with proteomics and drug screening.

○ スックマーク マナサポン^{1,2)}、パナワン オラサ^{1,2)}、デターリャ マルポン^{1,2)}、沖 有紗¹⁾、荒木 令江¹⁾

1) 熊本大学大学院生命科学研究部腫瘍医学講座、2) タイ国立コンケン大学医学部生化学

ランチョンセミナー

企業講演

スイーツセミナー

●6月26日（水） 12：30～13：20

第2会場 ランチョンセミナー1 ライカマイクロシステムズ株式会社

第3会場 ランチョンセミナー2 ブルカージャパン株式会社

●6月26日（水） 15：40～16：30

第1会場 企業講演 SomaLogic/ フォーネスライフ

●6月27日（木） 12：30～13：20

第2会場 ランチョンセミナー3 サーモフィッシャーサイエンティフィック

第3会場 ランチョンセミナー4 エーエムアール株式会社

●6月27日（木） 16：30～17：20

第3会場 スイーツセミナー 株式会社かずさゲノムテクノロジーズ

●6月28日（金）12：10～13：00

第2会場 ランチョンセミナー5 エムエス機器株式会社

第3会場 ランチョンセミナー6 SCIEX

【ランチョンセミナー1】

パラフィン切片を用いた定量プロテオミクス：どのように効率的なタンパク質抽出を実現するか

○内田 康雄¹⁾、○鶴巻 宜秀²⁾

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

「Quantitative proteomics using paraffin sections: how to achieve efficient protein extraction」

○Yasuo Uchida¹⁾, ○Nobuhide Tsurumaki²⁾

1) Department of molecular systems pharmaceuticals, Graduate School of Biomedical and Health Sciences, Hiroshima University, 2) Leica Microsystems K.K.

Short Abstract: Paraffin tissue sections are useful specimens for the analysis of pathological molecular mechanisms and biomarker studies. However, formalin cross-linking in paraffin sections is a major impediment to protein extraction and solubilization from the sections and has been a barrier to proteomics analysis. We have developed an effective protein extraction method that combines ultrahigh pressure, high temperature and powerful solubilisers. The comprehensive protein expression profiles quantified using paraffin sections very well reflect those in vivo. In this presentation, quantitative proteomics techniques using paraffin sections and examples of their implementation will be presented. Additionally, the latest technologies of Laser Microdissection “Leica LMD6/LMD7” will be presented.

Keywords: Protein extraction, Pressure cycling technology, Laser microdissection, Paraffin section, Molecular mechanism

パラフィン組織切片は、病態分子機構の解析やバイオマーカー研究に有用な検体である。しかし、パラフィン切片中のホルマリン架橋は、切片からのタンパク質の抽出・可溶化を大きく阻害する要因であり、プロテオミクス解析の障壁となっていた。我々は、超高压・高温・強力な可溶化剤を組み合わせた効果的なタンパク質抽出法を開発し、パラフィン切片を用いて定量された網羅的なタンパク質発現量プロファイルが生体内のそれを極めて良好に反映する方法を開発している。本発表では、パラフィン切片を用いた定量プロテオミクス技術と実施例について紹介する。また併せて、レーザーマイクロダイセクション Leica LMD6/LMD7 に搭載された最新技術について紹介する。

【ランチョンセミナー2】

最新の timsTOF シリーズによる 4D-プロテオミクスの測定例のご紹介

○ 荒井 大河¹⁾

1) ブルカー・ジャパン株式会社

Examples of 4D-Proteomics with the latest timsTOF series

○ Taiga Arai¹⁾

1) Bruker Japan K.K.

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

Keywords: TIMS, 4D-Proteomics, PASEF, Bruker ProteoScope™

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



本セミナーでは、イオンモビリティを活用したプロテオーム測定のメリット、timsTOF HT や timsTOF Ultra など timsTOF シリーズと対応するソフトウェアの最新情報に加えて、timsTOF Ultra によるシングルセルを含む微量サンプルの測定など、実際の測定例をご紹介します。

【ランチョンセミナー3】

次世代を目指せ！：Orbitrap Astral 質量分析計を活用した最先端プロテオミクス研究のご紹介

○ 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

To the next generation: Leveraging Orbitrap Astral mass spectrometer for cutting-edge proteomics research and analysis.

○ Shio Watanabe¹⁾

1) Thermo Fisher Scientific K.K

Short Abstract: Orbitrap Astral was launched at ASMS 2023 as an innovative instrument designed to overcome the bottleneck in proteomics research. In this seminar, we will introduce the potential of Orbitrap Astral through various applications and case studies.

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

今日までの精力的な研究・技術開発によって、もはやプロテオミクスは生物学的知見を得るためには欠かすことのできない手法として認知されている。しかし、生体内のタンパク質は幅広い発現量で存在していることに加えて、重要なタンパク質の多くはコピー数が極めて少ないため、真のプロテオームを理解する上では依然としてさまざまな課題が存在し、特に質量分析計にはダイナミックレンジと感度、その双方において高い性能が必要とされる。

サーモフィッシャーサイエンティフィックは、今年の ASMS にて革新的技術を搭載した Thermo Scientific™ Orbitrap™ Astral™ 質量分析計を発表した。本装置は、実績のある従来の Thermo Scientific™ Orbitrap™ アナライザーに加えて、新型の Thermo Scientific™ Astral™ (Asymmetric Track Lossless) アナライザーを組み合わせることによって、これまで困難とされてきた高深度・高感度・ハイスループットな分析を可能にする。

本発表では、この Orbitrap Astral 質量分析計を用いた最先端のプロテオミクス研究について、実際の活用例を交えて紹介する。

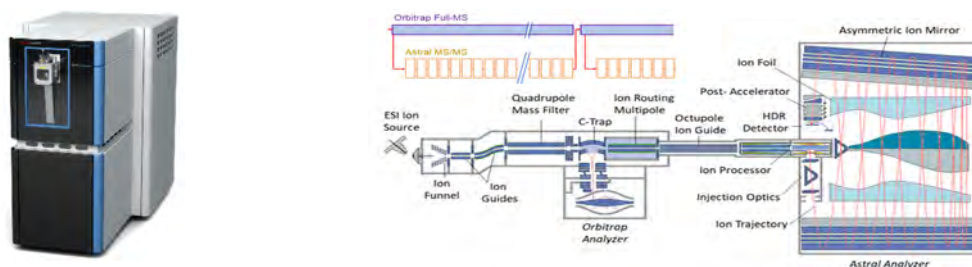


Fig.1 Schematic of the Orbitrap Astral mass spectrometer

【ランチョンセミナー4】

nESI 高感度 MS 解析を可能にする画期的なエミッター一体型微小チップカラム技術 及び EVOSEP 最新技術の紹介

○板東泰彦¹⁾

1) エーエムアール株式会社

Novel on Chip column with emitter containing post column inlet for proteomics and Latest EVOSEP technology

○Yasuhiko Bando¹⁾

1) AMR,Inc.

Short Abstract: Silicon-based, plug-and-play, nanoflow MEA chip monolithically integrates an LC column, an ESI emitter, and a post-column inlet (PCI). Employing silicon-based monolithic fabrication allows for seamless zero dead volume connections necessary for sample-limited proteomic studies. we demonstrate that MEA chips achieve performance in small-volume bottom-up proteomics.

EVOSEP gains popularity in high throughputness for clinical application and high sensitivity analysis for single cell proteomics. We will introduce latest application in the fields.

Keywords: MEA CHIP, EVOSEP, High Throughput, Single Cell

Proteomics of small volumes of biological samples down to single cells has progressed rapidly. However, the sensitivity and reproducibility of ultralow flow LC-MS for proteomics remains a challenge. We introduce a silicon-based, plug-and-play, nanoflow MEA chip to directly address this challenge. Our MEA chip monolithically integrates an LC column, an ESI emitter, and a post-column inlet (PCI). Employing silicon-based monolithic fabrication allows for seamless zero dead volume connections necessary for sample-limited proteomic studies. Herein, we demonstrate that MEA chips achieve performance in small-volume bottom-up proteomics on a par with the top commercial columns while introducing novel functionalities that are not feasible with the current nanoflow LC column technologies. It expands the capabilities of LC-MS and opens the door to new and exciting advancements in proteomics. EVOSEP gains popularity since it introduced in Proteomics society. Mainstream are not only high throughput application for clinical fields but high sensitivity for single cell proteomics. Latest application will be introduced.

【ランチョンセミナー5】

Covaris Adaptive Focused Acoustics (AFA) Technology のご紹介

○中村 隆太郎¹⁾

1) エムエス機器株式会社

Introduction of Covaris Adaptive Focused Acoustic Technology

○Ryutaro Nakamura¹⁾

1) M&S Instruments Inc.

Short Abstract: Introduction of Covaris AFA technology and its benefit for variety of sample preparation.

Keywords: Covaris, AFA, Sample Preparation

Covaris の AFA テクノロジーは、超音波をサンプルに非接触で収束させ、サンプル抽出における高い回収率と高い再現性をもたらします。Covaris の AFA テクノロジーの概要とともに、様々なアプリケーションへの対応事例を紹介します。

がん研究における FFPE 検体からのプロテオーム解析の可能性

近藤 格

国立がん研究センター研究所 希少がん研究分野

がんのバイオマーカーや治療標的の探索においてプロテオーム解析は重要である。FFPE 試料を用いることで、他では得られないユニークなデータを得ることができる。本講演では、FFPE 試料を使用することで、どのようにがん研究を劇的に促進することができるかについて議論する。

キーワード：がん研究、FFPE、FFPE、バイオマーカー、治療標的

Potential of proteomics using FFPE archive in cancer research

Tadashi Kondo

Division of Rare Cancer Research, National Cancer Center

Proteomics has a great potential in the cancer research, providing unique opportunities to the researchers for biomarker development and target discovery. The use of FFPE archives can provide unique opportunities to the researchers. I will discuss the utility of FFPE archives for proteomics, and how it can revolutionize the cancer research,

Keywords: cancer research, FFPE, biomarker, therapeutic target

【ランチョンセミナー6】

プロテオミクス LC/MS における電子励起解離の活用

○小形 公亮¹⁾・谷口 優斗¹⁾・柴田 猛²⁾・石濱 泰^{1,3)}

- 1) 京都大学大学院薬学研究科
- 2) 株式会社エービー・サイエックス
- 3) 医薬基盤・健康・栄養研究所

Utilizing Electron Activated Dissociation in Proteomics LC/MS

○Kosuke Ogata¹⁾・Yuto Taniguchi¹⁾・Takeshi Shibata²⁾・Yasushi Ishihama^{1,3)}

- 1) Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Kyoto University
- 2) K.K. AB SCIEX
- 3) National Institutes of Biomedical Innovation, Health and Nutrition

Short Abstract: In this study, we evaluated peptide fragmentation using electron activated dissociation (EAD) to enhance the identification efficiency of peptides. Through the analysis, we identified 1124 N-terminal peptides using conventional collision induced dissociation (CID) and 1084 N-terminal peptides using EAD. By comparing the identification scores of 627 peptide ions with the same peptide sequence and precursor charge, we found that the average score was 23.6 for CID and 73.5 for EAD, demonstrating the superiority of EAD.

Keywords: Proteomics, Fragmentation, LC/MS/MS, Electron activated dissociation

我々はタンパク質の N 末端に由来する N 末端ペプチドを選択的に単離する手法を開発してきた。しかし、得られる N 末端ペプチドは一般的なプロテオミクスで解析されてきたトリプティックペプチドとは異なり塩基性官能基を持たないため、衝突誘起解離 (CID) でのフラグメント化効率の低い 1 価イオンの生成率が高い。本研究では、ペプチドの同定効率の改善を目的に、電子励起解離 (EAD) によるフラグメンテーションを用いたペプチド配列の同定解析を行った。

ヒト肺がん細胞株である A549 細胞からタンパク質を抽出し、LysargiNase による消化後、ピペットチップ型強カチオン交換クロマトグラフィーデバイス (SCX-StageTip) により N 末端ペプチドを選択的に精製し、得られた N 末端ペプチド試料を LC/MS/MS により解析した。結果、CID により 1124 の N 末端ペプチド、EAD により 1084 の N 末端ペプチドがそれぞれ同定された。両データセットの重複は 680 ペプチドであった。そのうちペプチド配列とプリカーサー電荷数が同じ 627 のペプチドイオンの同定スコアを比較したところ、スコアの平均値は CID で 23.6、EAD で 73.5 であり、EAD の優位性が示された。

【企業講演】

早期ディスカバリー研究から臨床試験まで: SomaLogic テクノロジーを使用してヒトの生物学における洞察力を解き放つ

○上野 朋行¹⁾

1) ソマロジック フィールドアプリケーションサイエンティスト

From early discovery to clinical trials: Unlocking the power of dynamic insights in human biology using SomaLogic technology

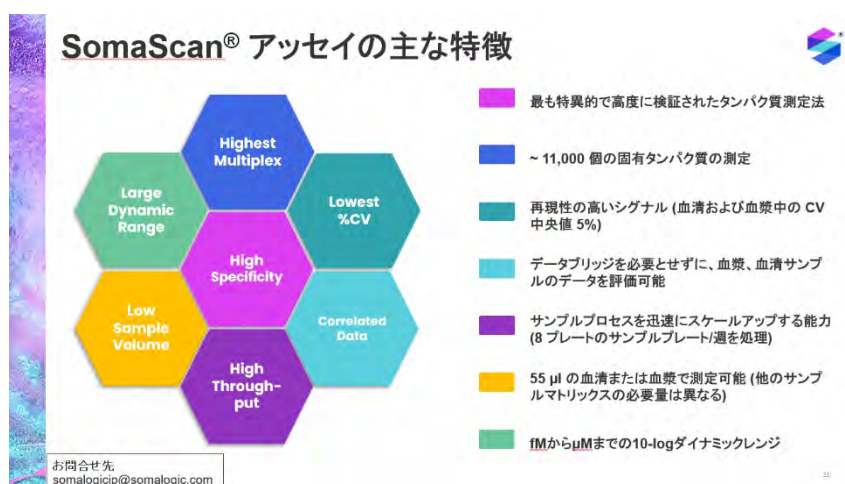
○Tomoyuki Ueno¹⁾

1) SomaLogic Field Application Scientist

Short Abstract: The SomaScan® Platform is a highly multiplexed, sensitive, and reproducible proteomic tool. We will introduce the core technology of this cutting-edge tool and present various application examples using the SOMAScan assay.

Keywords: proteomics, biomarker, multiplex, stratification, drug safety

SomaScan® プラットフォームは、広範囲にわたる重要な疾患及び病態において、特定されていない創薬用バイオマーカーの発見、前臨床及び医療用医薬品開発、さらに臨床診断のために開発された、高度に多重化され、高感度、定量的、かつ再現性のあるプロテオミクスツールです。SomaScan アッセイは、少量の生体サンプル中の約 11,000 のタンパク質測定が可能で、これは遺伝的にコード化されたヒトプロテオームの半分をカバーしていることを意味します。本アッセイは優れた再現性で 10 log にわたる血中のタンパク質の相対定量を実現しています。本日のセミナーでは、最先端ツールのコアとなる技術をご紹介しますと共に、SOMAScan アッセイを用いた様々な応用例をご紹介します。



【スイーツセミナー】

Enabling unbiased access to the Proteome using Seer Proteograph: Challenges Seer solves for biomarker discovery in biofluids

Speaker : Markus Vossmann VP and GM APJ and EMEA (1)

Willy Pena Buttner Associate Director Sales Development APJ and EMEA

(1) 川島 祐介 (2) 藤木亮二 (3)

Seer,ink (1) 公益財団法人かずさ DNA 研究所 (2) 株式会社かずさゲノム
テクノロジーズ (3)

Keywords: Biomarkers, Seer, Proteome, Mass Spectrometry

Short Abstract:

The Proteograph™ Product suite, a technological advancement enabling deep plasma proteomics are enabling high-resolution measurement of plasma proteoforms, which may reveal a rich source of novel biomarkers previously concealed by other proteomics methods. Here, we present data on plasma proteomes from non-small cell lung cancer subjects (NSCLC) and controls identifying NSCLC-associated protein isoforms by examining differentially abundant peptides as a proxy for isoform-specific exon usage. We find four proteins comprised of peptides with opposite patterns of abundance between cancer and control subjects. One of these proteins, BMP1, has known isoforms that can explain this differential pattern, for which the abundance of the NSCLC-associated isoform increases with stage of NSCLC progression. The presence of cancer and control associated isoforms suggests differential regulation of BMP1 isoforms. The identified BMP1 isoforms have known functional differences, which may reveal insights into mechanisms impacting NSCLC disease progression. In Summary, the Proteograph™ workflow interrogates the plasma proteome, providing a combination of scale, depth, and coverage, which enables the discovery of novel biomarkers and development of improved classification models.

ポスターセッション

ポスター

- P01-B** アンジオテンシン変換酵素 2 のチロシン硫酸化
Tyrosine sulfation of the angiotensin-converting enzyme 2
出向 みほ¹⁾、黒木 勝久¹⁾、○ 榊原 陽一¹⁾
1) 宮崎大学農学部
- P02-C** ヒト肝ヘパトサイトとショットガンプロテオミクスを活用した漢方エキスの作用探索
Exploration of the actions of traditional Japanese Kampo medicine utilizing human hepatocytes and shotgun proteomics
○ 松本 隆志¹⁾、平本 昌志¹⁾
1) 株式会社ツムラ・ツムラ先端技術研究所
- P03-A** 新規レドックス応答タンパク質 eIF6 の機能プロテオーム解析
Functional proteome analysis of a novel redox-responsive protein eIF6
○ 小林 大樹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
- P04-B** 長期縦断コホートを用いた糖尿病性認知機能低下のグライコプロテオミクス
Glycoproteomic approach for a signature associated with diabetic cognitive impairment on the basis of a longitudinal cohort study
○ 三浦 ゆり¹⁾、津元 裕樹¹⁾、増井 幸恵¹⁾、稲垣 宏樹¹⁾、小川 まどか²⁾、川上 恭司郎¹⁾、梅澤 啓太郎¹⁾、新井 康通³⁾、池邊 一典²⁾、石崎 達郎¹⁾、神出 計²⁾、権藤 恭之²⁾、遠藤 玉夫¹⁾
1) 東京都健康長寿医療センター研究所、2) 大阪大学、3) 慶応大学
- P05-C** KeyMolnet 分子ネットワーク解析はパスウェイ解析よりも強力にマルチオミクスデータの直感的解釈を支援する
KeyMolnet enables molecular network analysis of multi-omics data.
○ 谷口 理恵¹⁾、重高 美紀¹⁾、井上 陽子¹⁾、岩崎 奈可子¹⁾、太田 美枝子¹⁾、増野 和子¹⁾、宮原 静¹⁾、重高 誠¹⁾
1) 株式会社 KM データ

- P06-A** ヒト血漿リポミックスの自動化に向けた前処理法の開発
Investigation of Extraction Methods toward Automated Human Plasma Lipidomics
○ 中谷 航太¹⁾、池田 和貴²⁾、藤本 浩史³⁾、松本 健太³⁾、山田 真希³⁾、早川 禎宏³⁾、馬越 泰³⁾、井上 隆志³⁾、馬場 健史¹⁾
1) 九州大学生体防御医学研究所、2) かずさ DNA 研究所、3) 島津製作所
- P07-B** N-terminomics 解析におけるバイオインフォマティクスのアプローチ
Bioinformatics approach to N-terminomics analysis
○ 高見 知代¹⁾、幡野 敦¹⁾、松本 雅記¹⁾
1) 新潟大学
- P08-C** DIA 法を用いたコンタクトレンズ装用前後における涙液タンパクのプロファイリング
Profiling of tear fluid protein when wearing contact lens by DIA proteomics
○ 長屋 大地¹⁾、吉満 円香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
- P09-A** 微分型イオンモビリティを用いたがんドライバー遺伝子 KRAS の変異を有する内在性ネオ抗原配列種の同定
Identification of endogenous neoantigen species carrying the cancer driver gene KRAS mutations by differential ion mobility mass spectrometry.
○ 峯岸 ゆり子¹⁾
1) 公益財団法人がん研究会 がんプレジジョン医療研究センター
- P10-B** 3 次元培養モデルを用いた膵臓がん培養細胞のムチン産生能：プロテオーム解析と免疫細胞化学染色による検討
Enhanced mucin production in three-dimensional pancreatic cancer cell culture model
○ 志智 優樹¹⁾、津元 裕樹²⁾、五味 不二也¹⁾、野中 敬介¹⁾、長谷川 康子¹⁾、藤原 正和¹⁾、進士 誠一^{1,3)}、高橋 公正⁴⁾、三浦 ゆり²⁾、石渡 俊行¹⁾
1) 東京都健康長寿医療センター研究所・老年病理学、2) 東京都健康長寿医療センター研究所・老化機構、3) 日本医科大学・消化器外科、4) 日本獣医生命科学大学・獣医学部・獣医病理学

P11-C

Evaluation of the false discovery rate in library-free search by DIA-NN using human in vitro proteome

○ 顧 孔新¹⁾、検校 傑長²⁾、五島 直樹³⁾、増田 豪^{1,2,4,5)}、伊藤 慎悟^{1,2,5)}、大槻 純男^{1,2,5)}

1) 熊本大学大学院 薬学教育部、2) 熊本大学 薬学部、3) 武蔵野大学 人間科学部、4) 慶應義塾大学 先端生命科学研究所、5) 熊本大学大学院 生命科学研究部

P12-A

Co-fractionation-mass spectrometry による“原始的”なタンパク質複合体の探索
Exploring the potential ancestral protein complexes of the early-branching animal, *Nematostella vectensis*, by Co-fractionation-mass spectrometry

○ 河野 ちひろ¹⁾、早川 英介²⁾、平尾 嘉利³⁾、渡邊 寛¹⁾

1) 沖縄科学技術大学院大学・進化神経生物学ユニット、2) 九州工業大学・大学院 情報工学研究院、3) 沖縄科学技術大学院大学・機器分析セクション

P13-B

脂肪肝病態におけるミトコンドリアプロテオーム変化

Mitochondrial proteomic alterations in the metabolic dysfunction-associated steatotic liver disease

○ 濱田 和真¹⁾

1) 帝京平成大学薬学部 薬物動態学ユニット

P14-C

2次元および3次元培養したヒト膵癌培養細胞株のプロテオーム解析

Proteomic analysis of human pancreatic cancer cell lines in 2- and 3-dimensional cell cultures

○ 津元 裕樹¹⁾、志智 優樹²⁾、石渡 俊行²⁾、三浦 ゆり¹⁾

1) 東京都健康長寿医療センター研究所・老化機構研究チーム、2) 東京都健康長寿医療センター研究所・老年病理学研究チーム

P15-A

4-ヒドロキシノネナールを投与したサル肝組織のプロテオミクス解析

Proteomic analysis of the monkey liver tissue affected by 4-hydroxynonenal

○ 森 有利絵¹⁾、山嶋 哲盛²⁾、小林 果¹⁾、村田 真理子¹⁾、及川 伸二¹⁾

1) 三重大学大学院医学系研究科 環境分子医学、2) 金沢大学大学院医学系研究科 脳機能制御学

- P16-B** JPDM データ論文のメタデータを用いた jPOST データ再解析の加速
Accelerating data re-analysis in jPOST using metadata from JPDM data papers
○ 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⁾、福島 敦史⁹⁾、田中 聡¹⁰⁾、五斗 進³⁾、河野 信¹¹⁾、奥田 修二郎¹⁾、石濱 泰⁵⁾
1) 新潟大・医・メディカル AI セ、2) 新潟大・医・システム生化学、3) 情シス研・DS・DBCLS、4) 熊本大・院生命、5) 京大・院薬、6) 京大・CiRA、7) 国循・創薬オミックス、8) 北里大・理、9) 京都府大・院生命環境科学、10) Trans-IT、11) 北里大・未来工
- P17-C** トランスポーターQ-PCR アレイを用いた非小細胞肺癌細胞におけるシスプラチン耐性因子の探索
Investigation of Novel Cisplatin Resistance Factors in Non-Small Cell Lung Cancer Cells using PCR array screening
○ 滝口 梨花¹⁾、加藤 萌花²⁾、宮内 真衣²⁾、小笠原 裕樹²⁾、鈴木 俊宏¹⁾
1) 明治薬科大学 総合臨床薬学教育研究講座 がん個別化医療学研究室、2) 明治薬科大学 分析化学研究室
- P18-A** アフィニティー精製法を用いたスフィンゴ糖脂質結合タンパク質の包括的解析法の構築と乾癬モデルマウスへの応用
Glycosphingolipid-Binding Proteome Analysis by Affinity Purification-Mass Spectrometry
○ 石川 将己¹⁾、中島 大輔¹⁾、紺野 亮¹⁾、菅野 敏生¹⁾、遠藤 裕介¹⁾、小原 収¹⁾、川島 裕介¹⁾
1) かずさ DNA 研究所
- P19-B** 分化細胞特異的に翻訳されない mRNA の制御機構の解明
Elucidation of the regulatory mechanism of non-translated mRNA specific to differentiated cells.
○ 西村 梨香¹⁾、山川 達也¹⁾、熊崎 恵¹⁾、田畑 剛¹⁾、吉野 千明¹⁾、岩崎 未央¹⁾
1) 京都大学 iPS 細胞研究所

- P20-C** 医療機器におけるプロテオーム解析の活用と今後の展望
Proteomic analysis in medical devices and the prospect
○ 松田 崇斗¹⁾、萩原 仁美¹⁾、安齋 崇王¹⁾、藤田 浩一¹⁾、数野 公正¹⁾
1) テルモ株式会社
- P21-A** 抗体医薬品の脱アミド化反応によって生じたアスパラギン酸異性体の解析
Analysis of aspartic acid isomers produced by deamidation reaction of antibody drug
○ 山中 結子¹⁾、鎌田 春彦¹⁾
1) 国立研究開発法人 医薬基盤・健康・栄養研究所 先進バイオ医薬品プロジェクト
- P22-B** 大規模解析に向けた血漿プロテオミクス基盤の構築と卵巣がんバイオマーカー探索への応用
Construction of plasma proteomics platform for large-scale analysis and its application to ovarian cancer biomarker discovery
○ 松川 直美¹⁾、菱沼 英史^{1,2)}、嶋 喜子¹⁾、重田 昌吾³⁾、工藤 敬³⁾、島田 宗昭^{1,2,3)}、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、3) 東北大学大学院医学系研究科婦人科学分野
- P23-C** 新規ケミカルプローブを用いた近接標識による細胞表面タンパク質複合体分析法
Analysis of Cell Surface Protein Complex by Proximity Labeling using Novel Chemical Probes
○ 細見 仁美¹⁾、出口 あゆか¹⁾、星野 史規²⁾、西川 雄貴²⁾、酒井 康次²⁾、坂口 理智¹⁾、田中 正貴¹⁾、林 隆史¹⁾
1) 大塚製薬株式会社 創薬基盤研究所、2) 大塚製薬株式会社 創薬化学研究所
- P24-A** プロテオスタシスを通じた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
Novel Pathogenesis of Diamond-Blackfan Anemia Explored Through Regulation of Proteostasis
○ 山川 達也¹⁾、吉野 千明¹⁾、藤井 海菜子¹⁾、熊崎 恵¹⁾、田畑 剛¹⁾、齋藤 潤¹⁾、岩崎 未央¹⁾
1) 京都大学 iPS 細胞研究所

- P25-B** 生体高分子の LC および LC/MS 分析に向けたモノリス型トラップカラムの開発と評価
Development and Evaluation of a Silica-monolithic Micro-trap Column for LC and LC/MS Analysis of Biomacromolecules
○ 大槻 秀幸¹⁾、鷹野 宏美¹⁾、大田 雪姫¹⁾
1) 信和化工株式会社
- P26-C** 定量プロテオミクスによる尿バイオマーカー探索における微量タンパク質の定量限界
Limits of quantification of trace urine proteins by quantitative proteomics for urine biomarker discovery
○ 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
- P27-A** 細胞壁再構成シグナルによって制御されるダイズ湿害抵抗性の多階層ネットワーク解析
Multilayered Network Analysis of Soybean Responses to Flooding Stress Regulated by Cell Wall Reconstitution Signaling
○ 橋口 晶子¹⁾、小松 節子²⁾
1) 筑波大学、2) 福井工業大学
- P28-B** プロテオームデータ管理・共有システムの構築
Construction of a proteome data management and sharing system
○ 小池 仁美^{1,1)}、鈴木 健裕^{2,2)}、東 裕介^{1,1)}、堂前 直^{2,2)}、大浪 修一^{1,1)}
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
- P29-C** 宇宙飛行マウス大腿骨および血清中重力応答性タンパク質の探索
Identification of gravity-responsive proteins in the femur and serum of spaceflight mice
○ 木村 弥生¹⁾、中居 佑介¹⁾、井野 洋子¹⁾、秋山 知子¹⁾、大平 宇志^{1,2)}、平野 久¹⁾、熊谷 研³⁾
1) 横浜市立大学、先端医科学研究センター、2) 近畿大学医学部、再生機能医学教

室、3) 横浜市立大学, 整形外科学教室

- P30-A** 出芽酵母におけるオートファジー誘導時のアミノ酸動態のプロテオーム解析
Proteomic analysis of amino acid dynamics during autophagy in the budding yeast
○ 柴田 恵土¹⁾、紀藤 圭治¹⁾
1) 明治大学大学院・農学研究科
- P31-B** Orbitrap Astral 質量分析計を用いた Single-Cell スケールにおけるラベルフリー DIA 定量の確度・精度評価
Accuracy and Precision Evaluation of Label-Free DIA Quantitation on a Single-Cell Scale with Orbitrap Astral Mass Spectrometer
○ 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
- P32-C** 肺腺がん細胞の浸潤・遊走能獲得における LRRK2 の機能解析
Functional analysis of LRRK2 in acquire migration and invasion ability in lung adenocarcinoma
○ 今井 基貴^{1,2,3)}、川上 文貴^{2,4)}、川島 麗^{2,4)}、朽津 有紀^{1,2,3)}、青砥 令依³⁾、一戸 昌明⁵⁾、村雲 芳樹⁵⁾、長塩 亮^{1,2,3)}
1) 北里大・医療・臨床検査、2) 北里大・医療・再生医療・細胞デザイン、3) 北里大・院・応用腫瘍病理、4) 北里大・院・生体制御生化学、5) 北里大・医・病理
- P33-A** LRRK2 は胃癌の上皮間葉転換促進と細胞遊走能の亢進に寄与する
LRRK2 promote cell migration through epithelial-mesenchymal transition in gastric cancer
○ 伊東 由夏¹⁾、松本 俊英²⁾、草深 桃子¹⁾、川上 文貴³⁾、三枝 信⁴⁾、高橋 博之²⁾
1) 北里大学大学院医療系研究科細胞組織病理学、2) 北里大学医療衛生学部病理学、3) 北里大学医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
- P34-B** 卵巣明細胞癌における LRRK2 発現はアポトーシスに関与し抗腫瘍作用として機能する

LRRK2 is a favorable prognostic factor inducing apoptosis in ovarian clear cell carcinoma

○ 草深 桃子¹⁾、松本 俊英¹⁾、長瀬 華那¹⁾、伊東 由夏¹⁾、紺野 亮²⁾、川島 祐介²⁾、三枝 信³⁾、高橋 博之¹⁾

1) 北里大学大学院医療系研究科細胞組織病理学、2) かずさDNA研究所ゲノム事業推進部、3) 北里大学医学部病理学

P35-C がん幹細胞様細胞を用いたショットガン解析で見出した膜タンパク質 CDH12 の肺腺がん診断マーカーとしての有用性について

Utility of membrane protein CDH12 discovered through shotgun analysis using cancer stem cell-like cells as a diagnostic marker for lung adenocarcinoma

○ 長塩 亮^{1,2,3,4)}、朽津 有紀^{1,2,3)}、今井 基貴^{1,2,3)}、田村 慶介²⁾、青砥 令依²⁾、村雲 芳樹⁵⁾、三枝 信⁵⁾、小寺 義男⁴⁾

1) 北里大学医療衛生学部臨床検査学、2) 北里大学大学院医療系研究科応用腫瘍病理学、3) 北里大学医療衛生学部附属再生医療・細胞デザイン研究施設、4) 北里大学理学部附属疾患プロテオミクスセンター、5) 北里大学医学部病理学

P36-A de novo 発癌型卵巣明細胞癌の分子発現解析および生物学的特性の理解

Analysis of biological characteristics for de novo type ovarian clear cell carcinoma

○ 塙 海翔¹⁾、松本 俊英²⁾、長瀬 華那¹⁾、長谷川 嘉則³⁾、中川 茉祐⁴⁾、草深 桃子¹⁾、小川 雄世¹⁾、三枝 信⁴⁾、高橋 博之²⁾

1) 北里大学大学院医療系研究科細胞組織病理学、2) 北里大学医療衛生学部病理学、3) かずさDNA研究所 ゲノム事業推進部、4) 北里大学医学部病理学

P37-B 卵巣癌におけるフェロトーシス関連遺伝子の発現検索と臨床的意義の検証

Clinical significance for expression of ferroptosis-related factor in ovarian cancer

○ 小川 雄世¹⁾、松本 俊英²⁾、長瀬 華那¹⁾、草深 桃子¹⁾、三枝 信³⁾、高橋 博之³⁾

1) 北里大学大学院医療系研究科細胞組織病理学、2) 北里大学医療衛生学部病理学、3) 北里大学医学部病理学

- P38-C** LC-MS/MS を用いた大型褐藻類のプロテオーム解析法の確立に向けて
Toward the establishment of proteome analysis for large brown algae using LC-MS/MS
○ 永井 宏平^{1,2)}、川原 光登¹⁾、山根 沙都²⁾、佐藤 英男¹⁾、四ツ倉 典滋³⁾
1) 近畿大学生物理工学遺伝子工学科、2) 近畿大学大学院生物工学専攻、3) 北海道大学北方生物圏フィールド科学センター
- P39-A** 生細胞膜タンパク質の多角的プロテオミクス解析を用いた医薬品の作用機序解析
MOA analysis of pharmaceuticals with multidimensional cell-surfaceome analysis in live cells
○ 出口 あゆか¹⁾、長袋 昭¹⁾、酒井 康次²⁾、西川 雄貴²⁾、上島 珠美¹⁾、細見 仁美¹⁾、林 隆史¹⁾
1) 大塚製薬株式会社 創薬基盤研究所、2) 大塚製薬株式会社 創薬化学研究所
- P40-B** 化学療法耐性の結腸直腸がん細胞の樹立と、耐性発現に関わるグローバルおよびメチルプロテオームの解析
Establishment of Chemoresistant Colorectal Cancer Cells, and Analyses of the Global and Methyl Proteomes Related to their Chemoresistance Development
○ ミカレッフ アイザック^{1,2)}、バロン バイロン¹⁾、荒木 令江^{2,3)}
1) マルタ国立大学,分子医学バイオバンキングセンター、2) 熊本大学大学院医学教育部,腫瘍医学/分子遺伝学、3) 熊本大学,生命科学研究部
- P41-C** 30 日間の微小重力環境曝露がマウスの腓腹筋のプロテオームに及ぼす影響
Effect of microgravity exposure on the proteome of gastrocnemius muscles in mice
○ 大平 宇志^{1,2)}、井野 洋子²⁾、河尾 直之¹⁾、水上 優哉¹⁾、岡田 清孝¹⁾、松尾 理¹⁾、中居 佑介²⁾、平野 久²⁾、木村 弥生²⁾、梶 博史¹⁾
1) 近畿大学医学部, 再生機能医学教室、2) 横浜市立大学, 先端医科学研究センター
- P42-A** ショットガン解析により見出された ITGB4 の肺がんにおける組織診断マーカーとしての有用性
Usefulness of ITGB4 acquired by shotgun analysis as a histological diagnostic marker in lung cancer
○ 朽津 有紀^{1,2,3)}、青砥 令依²⁾、今井 基貴^{1,2,3)}、村雲 芳樹⁴⁾、三枝 信⁴⁾、小寺

義男⁵⁾、長塩 亮^{1,2,3)}

1) 北里大学 医療衛生学部 臨床検査学、2) 北里大学大学院 医療系研究科 応用腫瘍病理学、3) 北里大学 医療衛生学部附属再生医療・細胞デザイン研究施設、4) 北里大学 医学部 病理学、5) 北里大学 理学部附属疾患プロテオミクスセンター

P43-B 酸化チタンナノ粒子処理したダイズにおける塩害耐性に関するプロテオミクス解析
Proteomic Analysis of Soybeans Treated with Titanium-Oxide Nanoparticles under Salt Stress

○ フインツ フーヱ¹⁾、山口 央輝²⁾、常陸 圭介³⁾、土田 邦博³⁾、小松 節子¹⁾

1) 福井工業大学、2) 四日市看護医療大学、3) 藤田医科大学

P44-C 進行期卵巣明細胞癌における MAP4 発現は抗癌剤耐性能と予後に寄与する
MAP4 overexpression is a poor prognostic factor in ovarian clear cell carcinoma

○ 長瀬 華那¹⁾、松本 俊英¹⁾、草深 桃子¹⁾、紺野 亮²⁾、小寺 義男³⁾、塙 海翔¹⁾、伊東 由夏¹⁾、三枝 信⁴⁾、高橋 博之¹⁾

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

P45-A 演題取消

P46-B 血清エクソソームのプロテオミクスによる好酸球性気管支喘息の新規 BM 開発
Galectin-10 in serum extracellular vesicles reflects asthma pathophysiology

○ 武田 吉人¹⁾、吉村 華子¹⁾、足立 淳²⁾、熊ノ郷 淳¹⁾

1) 大阪大学大学院医学系研究科 呼吸器・免疫内科学、2) 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

P47-C Shiny Application for Enhanced Post-Processing Analysis and Visualization of Quantitative Urine Proteomics and Peptidomics by MS and DIA-NN analysis

○ Elguoshy Amr^{1,2)}、Yamamoto Keiko¹⁾、Yanagita Kengo¹⁾、Uchimoto Tomohiro¹⁾、Yamamoto Tadashi^{1,3)}

1) Biofluid Biomarker Center(BBC), Niigata University、2) Biotechnology Department, faculty of Agriculture, Al-Azhar University, Egypt、3) Clinical laboratory, Shinrakuen Hospital, Niigata, Japan

P48-A 大腸癌肝転移手術検体のリン酸化プロテオミクスによる術前化学療法抵抗性機序の
(203-1) 解明

Elucidating the mechanism of neoadjuvant chemotherapy resistance by clinical phosphoproteomics of colorectal cancer liver metastasis

○ 新藏 秋奈^{1,2)}、村岡 賢¹⁾、鷹合 成美¹⁾、高田 洋子¹⁾、平野 雅代¹⁾、長山 聡^{3,4)}、高橋 祐³⁾、福長 洋介³⁾、小濱 和貴²⁾、足立 淳^{1,5)}

1) 国立研究開発法人医薬基盤・健康・栄養研究所、2) 京都大学大学院医学研究科 消化管外科、3) がん研有明病院 消化管外科、4) 宇治徳洲会病院 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

P49-B 拡大プロテオミクス:新規修飾の解析

(202-1) Extended Proteomics in the case of new post-translational modification

木村 美遥¹⁾、○ 堂前 直¹⁾

1) 理化学研究所 環境資源科学研究センター

P50-C プロテオミクスとメタボロミクスによる悪性中皮腫の包括的理解への取り組み

(202-4) Comprehensive Lipidomics and Proteomics Analysis of mesothelioma cell line

○ 加納 圭子¹⁾、佐藤 伸哉¹⁾、佐藤 龍洋²⁾、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

P51-A 細胞老化における核内タンパク質動態の解読

(203-3) Proteomics and genomics analysis of chromatin dynamics during cellular senescence

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

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

P52-B プロテオミクスによる新規尿中腎臓障害バイオマーカーの探索と抗体を用いた測定
(203-2) 系の検証

Proteomics based search for novel urinary kidney injury biomarkers and validation of antibody based assay system

○ 柳田 憲吾¹⁾、山本 恵子¹⁾、Elguoshy Amr¹⁾、内許 智博¹⁾、北林 千津子²⁾、小

西 啓夫²⁾、山本 格^{1,3)}

1) 新潟大学生体液バイオマーカーセンター、2) 大阪市立総合医療センター腎臓高血圧内科、3) 信楽園病院臨床検査科

P53-C マルチモーダル糖鎖オミクス技術を駆使したセロタイプ横断的なAAV糖鎖修飾解析
(202-2) Differential glycan analyses of AAVs among 6 serotypes using multimodal glycan omics technologies

○ 久野 敦¹⁾、山口 祐希²⁾、石井 健太郎²⁾、古泉 幸子³⁾、坂上 弘明¹⁾、丸野 孝浩^{2,4)}、福原 充子^{2,4)}、渋谷 理紗²⁾、津中 康央²⁾、松下 青葉²⁾、坂東 香林²⁾、鳥巢 哲生²⁾、岸本 知慧⁵⁾、富岡 あづさ¹⁾、水門 佐保¹⁾、布施谷 清香¹⁾、梶 裕之⁶⁾、柏倉 裕志⁷⁾、大森 司⁷⁾、内山 進²⁾

1) 産業技術総合研究所細胞分子工学研究部門、2) 大阪大学大学院工学研究科、3) プレシジョン・システム・サイエンス(株)、4) (株)ユーメディコ、5) (株)グライコテクニカ、6) 名古屋大学糖鎖生命コア研究所、7) 自治医科大学医学部

P54-A 組織標本上の糖鎖とタンパク質を1細胞レベルで同時検出するマルチプレックス二
(202-3) 層イメージング技術(Lectin-IMC)の開発

Lectin-assisted imaging mass cytometry: single-cell-level bilateral imaging of proteins and glycans for spatial analysis of protein glycosylations

○ 岡谷 千晶¹⁾、堀内 梅子¹⁾、Boottanun Patcharaporn¹⁾、久野 敦¹⁾

1) 産業技術総合研究所 細胞分子工学研究部門

P55-B がん悪液質の病態解明を目指したメタボローム・プロテオームの融合解析
(202-5) Integrated analysis of metabolome and proteome to elucidate the pathophysiology of cancer cachexia.

○ 三城 恵美^{1,2)}、小島 康¹⁾、曾我 朋義³⁾、青木 正博¹⁾

1) 愛知県がんセンター研究所 がん病態生理学分野、2) 名古屋大学 ITbM、3) 慶應義塾大学先端生命科学研究所

P56-C 卵巣明細胞癌の EBP50/MYH9 複合体は上皮間葉転換制御により抗腫瘍作用として
(202-6) 機能する

Interaction between membranous EBP50 and myosin 9 as a favorable prognostic factor in ovarian clear cell carcinoma

○ 松本 俊英¹⁾、中川 茉祐²⁾、横井 愛香²⁾、橋村 美紀²⁾、小栗 康子²⁾、紺野 亮

3)、小寺 義男⁴⁾、三枝 信²⁾

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

P57-A SWATH Micro App および DIA-NN ソフトウェアを用いた尿 検体 DIA データの
(202-7) 解析結果の比較

Comparison of urine DIA proteomic data analyzed by SWATH Micro Application and DIA-NN software

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

1) 新潟大学生体液バイオマーカーセンター、2) 信楽園病院臨床検査科

P58-B マウス ES 細胞のシングルコロニープロテオミクス

(304-1) Proteomics of a single colony of mouse ES cells

○ 柿原 礼佳¹⁾、幡野 敦¹⁾、松本 雅記¹⁾

1) 新潟大学医歯学系システム生化学分野

P59-C アコヤガイ貝殻真珠層の赤-青色調を決定するタンパク質の探索

(304-2) Study of proteins that determine the red-blue color tone of shell nacreous layer of pearl oyster.

○ 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

P60-A プロテオゲノム解析が明らかにした粘液型脂肪肉腫の予後不良に関連する分子生物
(2S4-2) 学的特徴

Proteogenomic analysis reveals the molecular features associated with poor prognosis in myxoid liposarcoma

○ 堀 公法^{1,2)}、小西 惇¹⁾、山下 万貴子³⁾、鎌谷 高志⁴⁾、山下 享子⁵⁾、船内 雄生⁶⁾、阿江 啓介⁷⁾、北野 滋久³⁾、竹内 賢吾^{5,8)}、松田 浩一⁹⁾、角田 達彦^{10,11)}、植田 幸嗣¹⁾

1) がん研・CPM セ・プロテオ解析 Gr、2) 東大・医、3) がん研・有明病院・先端医療開発セ、4) 東京医歯大・M&D データ科学セ、5) がん研・有明病院・病理部、6) 東京医歯大・整形外科、7) がん研・有明病院・整形外科、8) がん研・研究所・分子標的病理プロジェクト、9) 東大・新領域・メディカル情報生命、10) 東大・理・生物科学、11) 理研・生命医科学研究セ

- P61-B** 卵巣がん患者自己抗体が認識する抗原タンパク質の網羅的同定
(2S4-5) Comprehensive profiling of autoantibody-antigen complexes in patients with ovarian cancer
○ 小林 信^{1,2)}、杉本 幸太郎¹⁾、藤森 実社³⁾、瓜生 開¹⁾、小寺 義男⁴⁾、千葉 英樹¹⁾
1) 福島県立医科大学医学部基礎病理学講座、2) 愛知県がんセンター分子診断トランスレーショナルリサーチ分野、3) 福島県立医科大学医学部産科婦人科学、4) 北里大学理学部物理学科生命物理学
- P62-C** 急性肺損傷ラットモデルを用いた新規間質性肺炎バイオマーカーの発現機序解析
(3O4-3) Expression Mechanism of a Novel Biomarker for Interstitial Lung Disease in a Rat Model of Acute Lung Injury
○ 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⁾、斎藤 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
- P63-A** NIPA1 における N 末端プロテオフォームの機能的解析
(2S4-6) Functional analysis of NIPA1 N-terminal proteoforms
○ 五十嵐 梨紗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
- P64-B** タンパク質末端大規模解析によるマクロファージ分化におけるプロテオリシス制御機構の解明
(3O4-4) Large-scale analysis of protein termini for elucidating the regulatory mechanism of proteolysis in macrophage differentiation.
○ 高室 花歩¹⁾、西田 紘士²⁾、谷口 優斗²⁾、小形 公亮²⁾、石濱 泰^{2,3)}
1) 京都大学薬学部、2) 京都大学大学院薬学研究科、3) 医薬基盤・健康・栄養研究所
- P65-C** スポンジ様樹脂カラムを用いた固相抽出による血清中低分子量ポリペプチド濃縮
(3O4-5) Enrichment of low molecular weight polypeptides in serum by solid phase extraction using sponge-like polymer columns
○ 垣内 大斗¹⁾、富岡 郁那¹⁾、小形 公亮¹⁾、金尾 英佑^{1,2)}、石濱 泰^{1,2)}

1) 京都大学大学院薬学研究科、2) 医薬基盤・健康・栄養研究所

P66-A SomaScan による日本人中高年において性差のある血清タンパク質の探索

(101-1) Search for serum proteins with differential concentrations between men and women in middle-aged and elderly Japanese using SomaScan

○ 別保 るり波¹⁾、大橋 勇紀¹⁾、山本 健²⁾、松原 達昭³⁾、横田 充弘⁴⁾、市原 佐保子⁵⁾、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) 久留米大学医学部医化学講座、3) 愛知みずほ大学人間科学部、4) 久留米大学医学部、5) 自治医科大学医学部環境予防医学講座

P67-B 植物修飾分子イソチオシアネートの植物細胞内標的タンパク質を同定するためのブ

(2S4-7) ロテオミクス解析

Proteomics analysis for target identification for

○ 相原 悠介^{1,2)}、前田 文平³⁾、加納 圭子¹⁾、三城 恵美¹⁾、佐藤 綾人¹⁾、木下 俊則^{1,4)}、村上 慧^{2,5)}

1) 名古屋大・ITbM、2) JST・さきがけ、3) 慶應大・理工、4) 名古屋大・理、5) 関西学院大・理工

P68-C Stable Isotope Labeling by Amino acids in Cell culture 法による膵臓癌の早期新

(304-6) 規診断マーカーの解析

Search for novel diagnostic markers of pancreatic ductal adenocarcinoma using stable isotope labeling by amino acids in cell culture

○ 武富 春香¹⁾、高野 重紹²⁾、大塚 将之²⁾、曾川 一幸¹⁾

1) 麻布大学生命・環境科学部生化学研究室、2) 千葉大学大学院医学研究院臓器制御外科学

P69-A プロテオーム解析によるネコ慢性腎臓病の新規診断マーカーの探索

(2S4-4) Search for novel diagnostic markers of chronic kidney disease in cats using proteome analysis

○ 清水 百梨¹⁾、前田 浩人²⁾、小寺 義男³⁾、曾川 一幸¹⁾

1) 麻布大学生命・環境科学部生化学研究室、2) 前田獣医科医院、3) 北里大学理学部疾患プロテオミクスセンター

P70-B 肉腫の治療法開発のための基盤構築：オルガノイドを用いた ex vivo 試験と多層的
(304-7) オミクス解析の試み

Fundamental research system for sarcoma treatment: Ex vivo test and multi-omics study using organoid

○ 塩田 よもぎ^{1,2)}、野口 玲¹⁾、大崎 珠理亜^{1,6)}、岩田 秀平^{1,7)}、安達 雄輝^{1,8)}、佐藤 潤³⁾、加藤 大貴⁴⁾、臼井 達哉²⁾、小山 隆文³⁾、川井 章⁵⁾、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) 東京農工大学大学院 農学研究院、3) 国立がん研究センター中央病院 先端医療科、4) 東京大学大学院 農学生命科学研究科、5) 国立がん研究センター中央病院 骨軟部腫瘍科・リハビリテーション科、6) 東京大学大学院 医科学研究科 口腔顎顔面外科、7) 千葉大学大学院医学研究院 整形外科、8) 旭川医科大学大学院 外科学講座 肝胆膵・移植外科学分野

P71-C Pharmacoproteomics による肉腫の治療法開発：胞巣状軟部肉腫の患者由来がん細胞株を用いた薬剤感受性試験と質量分析
(203-4)

Pharmacoproteomics for sarcoma treatment development: drug sensitivity testing and mass spectrometry using alveolar soft part sarcoma cell lines

○ 大崎 珠理亜¹⁾、吉松 有紀²⁾、柳原 五吉¹⁾、安達 雄輝¹⁾、岩田 秀平¹⁾、佐々木 一樹³⁾、足達 俊吾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) 栃木県立がん研究センター患者由来がんモデル研究分野、3) 栃木県立がんセンター腫瘍ペプチドミクス研究分野、4) 国立がん研究センター研究所プロテオーム解析部門

P72-A Lauryl maltose neopentyl glycol を使用した微量試料前処理法の開発
(2S4-3) Development of low-input sample preparation method using lauryl maltose neopentyl glycol

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

1) かずさ DNA 研究所

P73-B 肝細胞癌 FFPE 標本を活用した網羅的プロテオーム解析：術後再発における分子機構の解明と予後予測バイオマーカーの開発
(2S4-8)

Comprehensive Proteomic Analysis of HCC FFPE Samples: Unveiling Molecular Mechanisms and Prognostic Biomarkers of Postoperative Recurrence

○ 安達 雄輝^{1,2)}、野口 玲¹⁾、佐々木 一樹³⁾、谷野 美智枝⁴⁾、大槻 純男⁵⁾、横尾 英樹²⁾、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) 旭川医科大学 外科学講座 肝胆膵・移植外科学分野、3) 佐々木研究所 ペプチドミクス研究部、4) 旭川医科大学病院 病理部、5) 熊本大学大学院 生命科学研究部 微生物薬学分野

P74-C プロテオゲノミクス解析を用いた骨軟部腫瘍の新規治療標的の探索

(101-2) Proteogenomic analysis for clinical application in sarcomas

○ 岩田 秀平^{1,2)}、足達 俊吾³⁾、野口 玲¹⁾、大崎 珠理亜¹⁾、安達 雄輝¹⁾、小倉 浩一⁴⁾、岩田 慎太郎⁴⁾、大鳥 精司²⁾、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) 千葉大学大学院医学研究院 整形外科、3) 国立がん研究センター研究所プロテオーム解析部門、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

P75-A 子宮内膜癌における EBP50 発現意義の解明

(203-5) Role of EBP50 expression in endometrial carcinoma

○ 横井 愛香¹⁾、尾籠 遼也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

P76-B 15N 代謝標識法を用いた植物プロテインホスファターゼの基質探索

(203-6) Quantitative phosphoproteomic analysis of plant protein phosphatase using 15N-metabolic labeling

○ 大久保 祐里¹⁾、多田 夏輝¹⁾、野田 沙希¹⁾、松林 嘉克¹⁾

1) 名古屋大学

P77-C プロテオミクスと薬剤スクリーニングを併用した神経線維腫症 I 型 (NF1) 腫瘍の特異的標的の同定

(304-8) Identification of the specific target in the Neurofibromatosis Type I (NF1) tumors by combined analysis with proteomics and drug screening.

○ スックマーク マナサポン^{1,2)}、パナワン オラサ^{1,2)}、デターリャ マルポン^{1,2)}、沖 有紗¹⁾、荒木 令江¹⁾

1) 熊本大学大学院生命科学研究部腫瘍医学講座、2) タイ国立コンケン大学医学部 生化学

- P78-A** 週 10,000 検体測定に向けた瞬速マシンガンプロテオミクスの高速化
(203-7) One-minute LC/MS/MS for 10,000 samples per week proteomics
○ 富岡 郁那¹⁾、富岡 亮太¹⁾、金尾 英佑¹⁾、小形 公亮^{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
- P79-B** 多種プロテアーゼの並用による包括的なタンパク質構造変化検出法の開発
(101-3) Comprehensive detection of protein conformational changes by parallel use of multiple protease
○ 村松 邑香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
- P80-C** タンパク質言語モデルを用いたタンパク質寿命の大規模予測
(2S4-1) Protein lifetime prediction by protein language models
○ 佐川 達也^{1,2)}、金尾 英佑^{1,2)}、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
- P81-A** Surfaceome 解析を基盤とした新規腎癌治療標的分子の同定
(101-4) Surfaceome analysis uncovered novel therapeutic targets for kidney renal cell carcinoma
○ 小宮 莉菜¹⁾、小林 信^{1,2)}、杉本 幸太郎¹⁾、小名木 彰史³⁾、田口 歩²⁾、千葉 英樹¹⁾
1) 福島県立医科大学医学部基礎病理学、2) 愛知県がんセンター分子診断トランスレーショナルリサーチ分野、3) 福島県立医科大学医学部泌尿器科学
- P82-B** 異なる実験条件で得られたデータの統合ネットワーク解析
(101-5) Integrated network analysis of data obtained under different experimental conditions
○ 西崎 愛花^{1,2)}、河野 信^{1,3)}
1) 北里大学 未来工学部、2) 北里大学 理学部、3) 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター
- P83-C** N-terminomics および情報科学的アプローチによる非典型的翻訳機構の理解
(101-6) Elucidation of the mechanism of non-AUG translation using N-terminomics and bioinformatics

○ 阿部 藤吉郎¹⁾、五十嵐 梨紗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

P84-A 神経幹細胞における翻訳制御機構の解明

(101-7) Understanding the Translational Regulation in Neural Stem Cells

○ 木原 佑輔¹⁾、稲田 利文²⁾、佐伯 泰¹⁾、小林 妙子¹⁾

1) 東京大学医科学研究所タンパク質代謝制御分野、2) 東京大学医科学研究所 RNA 制御学分野

P85-B Library-free search を用いたリポ多糖, 及び, マンゴー葉抽出物で処理した
(101-9) Raw264.7 細胞の定量プロテオミクスデータの再解析

Reanalysis of quantitative proteomic data of Raw264.7 cells treated with lipopolysaccharide and mango leaf extract using library-free search

○ 三島 花心¹⁾、崎口 実奈²⁾、山根 沙都¹⁾、佐藤 英男¹⁾、永井 宏平^{1,2)}

1) 近畿大学院生物工学専攻、2) 近畿大学生物理工学部遺伝子工学科

P86-C 演題取消

P87-A Mock community とヒトデータを用いたメタプロテオーム解析

(101-12) Metaproteome analysis using mock community and human data

○ 福本 亮太^{1,2)}、森 宙史³⁾、小寺 義男²⁾、河野 信^{1,4)}

1) 北里大学 未来工学部、2) 北里大学 理学部、3) 国立遺伝学研究所、4) 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター

P88-B 新生プロテオームの共翻訳修飾解析

(2S3-5) Analysis of the co-translational modifications of nascent proteome

○ 今見 考志¹⁾

1) 理化学研究所 生命医科学研究センター

P89-C 内在性 3 リン酸 RNA ストレスの回避機構とその破綻に伴う貧血

(2S3-1) Mechanisms for avoidance of endogenous 3-phosphate RNA stress and anemia caused by its disruption

○ 白石 千瑳¹⁾、松本 有樹修¹⁾

1) 名古屋大学理学部分子発現制御学

P90-A 翻訳反応の動態を捉えるためのペプチジル-tRNA 検出法の開発

(2S3-3) Development of a method to detect peptidyl-tRNA intermediates that reflect the dynamics of protein synthesis.

○ 丹羽 達也¹⁾、山川 絢子¹⁾、茶谷 悠平²⁾、田口 英樹¹⁾

1) 東京工業大学、2) 岡山大学

P91-B 新薬創出を加速する人工知能の開発 - 特発性肺線維症臨床情報収集と創薬標的探

(2S5-2) 索手法の構築 -

Artificial Intelligence to Accelerate New Drug Discovery

○ 武田 吉人¹⁾

1) 大阪大学大学院医学系研究科 呼吸器・免疫内科学

P92-C 大腸がん細胞株のキナーゼ活性解析は腫瘍を反映し、薬剤応答を予測する

(3S2-4) Kinase activity profiling of colorectal cancer cell lines is representative of tumors and predicts drug sensitivity

○ 野口 玲¹⁾、安達 雄輝¹⁾、小野 拓也¹⁾、吉松 有紀²⁾、佐々木 一樹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) 栃木県立がんセンター研究所 患者由来がんゲノム研究分野、3) 栃木県立がんセンター研究所 腫瘍ペプチドミクス分野

P93-A イオンモビリティ型質量分析装置を用いた糖ペプチドの解析

Analysis of glycopeptides using ion mobility mass spectrometry

○ 富岡 あづさ¹⁾、坂上 弘明¹⁾、久野 敦¹⁾、梶 裕之²⁾

1) 産業技術総合研究所 細胞分子工学研究部門、2) 名古屋大学糖鎖生命コア研究所

P94-B 大腸菌の未探索タンパク質の同定

Identification of unexplored small proteins of Escherichia coli

○ Shin Jihye¹⁾、丹羽 達也¹⁾、田口 英樹¹⁾

1) 東京工業大学

P95-C プロテオミクスと合成生物学

(3S10-3) Proteomics and synthetic biology

○ 清水 義宏 ¹⁾

1) 理化学研究所生命機能科学研究センター

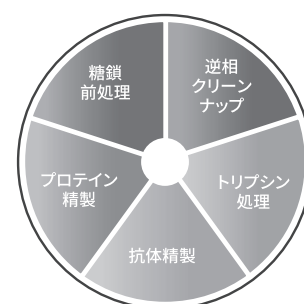
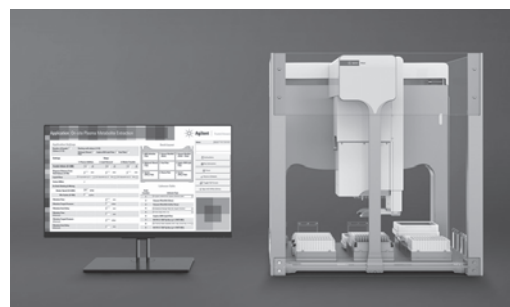
Agilent Automation Solutions

AssayMAP Bravo Microchromatography Platform

抗体やペプチド等サンプル前処理の新ツール！

AssayMAP Bravo とは？

- 先端に 5 μ L のレジンが充填されたマイクロスケールクロマトグラフィーカラム「AssayMAP カートリッジ」を使用
- Bravo 自動分注機に AssayMAP カートリッジ用特殊ヘッドを取り付け、分注機上でマイクロクロマトグラフィーを実施
- 特殊ヘッドには特別なモーターが採用されており、流量を精密にコントロールすることで定量的な精製を実現
- 96 チャンネルはもちろん、1 – 96 チャンネルの柔軟なサンプル数に対応
- LC カラムのように常に一方向からの送液で今までの LC と同様の結果を実現し、吸引 & 吐出を繰り返す従来の精製チップ方式で生じる平衡吸着問題を解決
- 専用インターフェースによる簡単操作。分注量、流速、ウォッシュの回数等は自由に入力可能
- 特殊ヘッドはカートリッジのみならず通常のチップも使用可能
- ビーズやプレートによる精製にも対応可能（別途アクセサリが必要です）

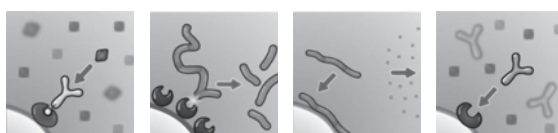


カートリッジラインナップ

- Protein A / G
- Streptavidin
- 逆相 (C18/RP-S/RP-W)
- SCX
- Fe(III)-NTA/TiO₂

アプリケーション例

- 抗体精製
- アフィニティ精製
- ペプチドクリーンアップ
- イオン交換
- ハイブリドーマスクリーニング
- リン酸化ペプチド濃縮
- 溶液内酵素消化
- Evotip サンプルローディング



比較表 (Protein A カートリッジによる IgG 精製)

	精製チップ	精製プレート	磁性ビーズ	AssayMapBravo
回収率	20 – 30%	10 – 15%	20 – 30%	～ 80%
自動化	△	△	○	◎
サンプル量	> 20 μ g	–	> 20 μ g	5 μ g ～

G5571AA AssayMap Bravo 仕様

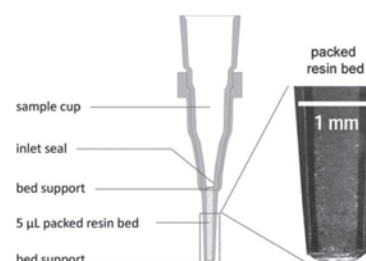
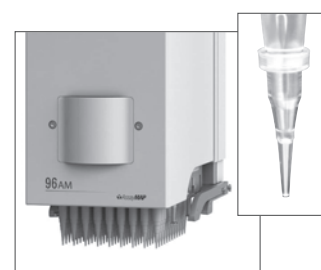
寸法	648 (W) x 438 (D) x 843 (H) mm
重量	52.1 kg
電源	100V – 240 V、50 / 60 Hz

アジレント・テクノロジー株式会社
DE99665441
〒192-8510 東京都八王子市高倉町 9-1
フリーダイヤル 0120-477-111
www.agilent.com/chem/jp

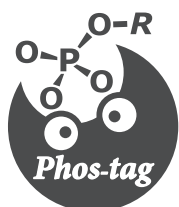
AssayMAP を
使用した論文が
300 報を超えました！
(弊社調べ)



AssayMAP 論文リスト



 **Agilent**
Trusted Answers



リン酸化プロテオミクス試薬 わける 集める 見える

NARD institute, ltd.

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。

Phos-tag Acrylamide 電気泳動によるリン酸化状態解析

Phos-tag 分子にアクリルアミドを結合させた製品です。

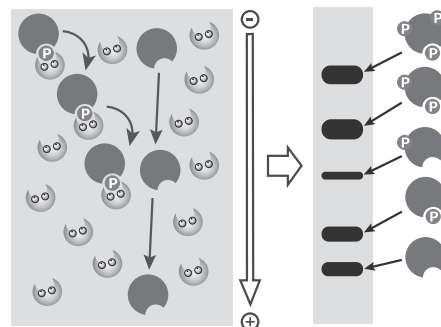
電気泳動用のゲルに共重合させ、錯体化(Mn^{2+} or Zn^{2+})することで Phos-tag 電気泳動用のゲルを作成します。

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

泳動後は各種染色の他、ウェスタンブロットングや質量分析にも使用可能です。

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

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

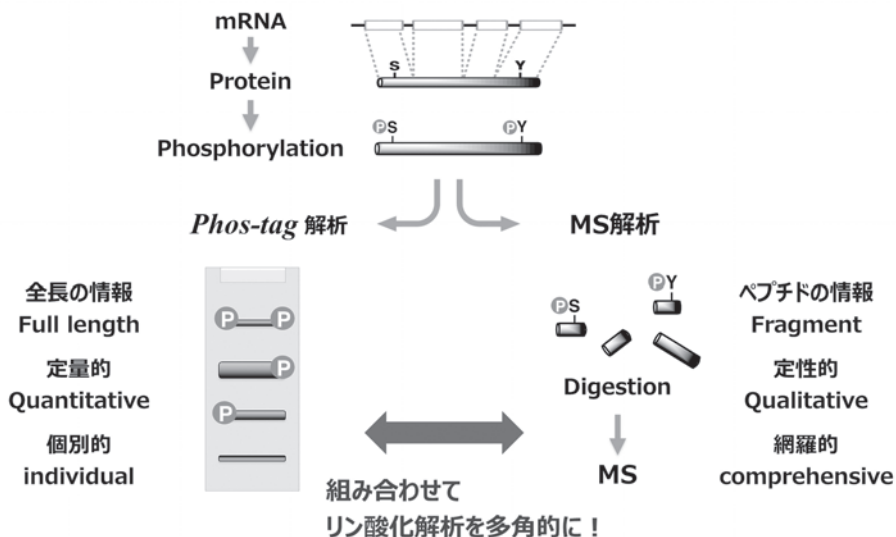


Phos-tag™ Acrylamide	内容量	担持量 (製品形態)	希望小売価格 (消費税込)
AAL-107 (wako cat# 304-93521)	10mg	Phos-tag/Acrylamide=1/1	¥66,000
AAL-107M (wako cat# 300-93523)	2mg	Phos-tag/Acrylamide=1/1	¥27,500
5mM水溶液 AAL-107S1 (wako cat# 304-93526)	3mL	Phos-tag/Acrylamide=1/1	¥16,500

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

質量分析と組み合わせるとより多角的なリン酸化プロテオミクスが実現できます

Phos-tag 解析ではタンパク質の全長を保ったままリン酸化状態の違う分子種を分離し、それぞれがどのくらいの割合で存在したかを可視化できます。MS解析の場合は、酵素によってペプチドへと断片化してからリン酸化アミノ酸残基を同定します。両者を組み合わせることにより、異なる観点からリン酸化タンパク質の解析が可能になります。



株式会社ナード研究所 神戸研究所 コーポレート研究部



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

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

Mascot Server 蛋白質ペプチド配列検索同定

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

Mascot Daemon 検索自動化

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

Mascot Distiller ピーク抽出、*denovo*、定量解析

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

MASCOTver.2.7以前をご利用のお客様

Window11 へのOSアップグレードはお控えください。

詳しくは弊社WEBページをご覧ください

マトリックスサイエンス



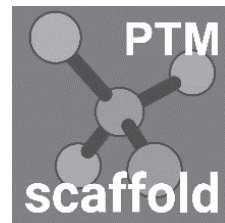
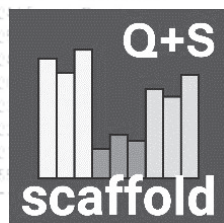
<DDA 解析ワークフロー>



Scaffold DDA : 同定タンパク質サンプル間比較

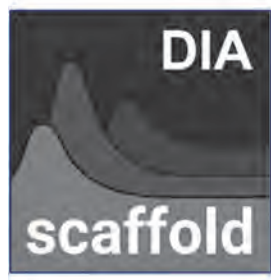


Scaffold 5,Q+S [DDAの前身]



Scaffold PTM 翻訳後修飾解析

<DIA 定性/定量プロテオーム解析>



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

#	Protein Name	MO	MS	IS	AS	MS	IS
1	AQUA4SWATH_HMLEangeB	AQU_ 38 kDa	28	261.955	3.84	3.55	
2	AQUA4SWATH_MycoplasmaSch	AQU_ 36 kDa	28	217.993	3.68	3.13	
3	AQUA4SWATH_HMLEangeE	AQU_ 31 kDa	23	205.007	3.65	3.30	
4	AQUA4SWATH_PombeSchmidt	AQU_ 31 kDa	22	203.897	3.82	3.14	
5	AQUA4SWATH_Spyo	AQU_ 29 kDa	23	201.845	3.69	3.06	
6	AQUA4SWATH_Tuberculosis	AQU_ 28 kDa	24	199.694	3.62	3.18	
7	AQUA4SWATH_MouseSabido	AQU_ 28 kDa	24	194.299	3.80	3.24	



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、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

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
2024年
3月号

がんと全身性代謝変容

がん悪液質を再定義し、代謝・免疫の変調への早期介入をめざす

河岡慎平/企画

増刊
Vol.42
No.10

良い炎症・悪い炎症から捉え直す がんと免疫

慢性感染、肥満、老化などによる慢性炎症を制御し、がんの予防と新規治療をめざす

西川博嘉/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

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



空間オミクス解析 スタートアップ実践ガイド

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

鈴木 稜/編

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



JPrOS2024大会長 近藤格先生 ご執筆

がんゲノム ペディア

77のキーワードで理解する
ゲノム医療とゲノム研究

柴田龍弘/編

■定価 7,480円(本体 6,800円+税10%)
■B5判 ■255頁
■ISBN 978-4-7581-2130-9



患者由来 がんモデルを用いた がん研究実践ガイド

CDX・スフェロイド・オルガノイド・
PDX/PDOXを網羅
臨床検体の取り扱い指針から
樹立プロトコルと入手法まで

佐々木博己/編

■定価 15,400円(本体 14,000円+税10%)
■B5判 ■294頁
■ISBN 978-4-7581-2242-9



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



理系の パラグラフ ライティング

レポートから英語論文まで論理的な
文章作成の必須技術

高橋良子、野田直紀、
E. H. Jego、日台智明/著

■定価 3,520円(本体 3,200円+税10%)
■A5判 ■208頁
■ISBN 978-4-7581-0856-0



新刊

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