

日本農芸化学会 2019 年度大会

BINDS ワークショップ



2019 年 3 月 24 日 (日) 9:00~12:00

場所：日本農芸化学会 2019 年度大会会場

東京農業大学世田谷キャンパス (〒156-8502 東京都世田谷区桜丘 1-1-1)

A3 会場 (1 号館 1 階 142)

ライフサイエンス研究とアカデミア創薬を 加速する共用基盤技術

共催：国立研究開発法人日本医療研究開発機構 (AMED)

■概要■

2017 年度から生まれた創薬等先端技術支援基盤プラットフォーム (BINDS) 事業では、優れたライフサイエンス研究成果の創出とアカデミアにおける創薬プロセスの支援等を目的として、放射光施設、化合物ライブラリー、次世代シーケンサーなど大型研究設備に加え、近年急速に発展しているクライオ電子顕微鏡の整備・共用化を推進している。さらに、タンパク質生産、構造解析、ケミカルシーズ・リード探索、構造展開、ゲミクス解析、バイオインフォマティクスなどの最先端技術による研究支援と高難易度のライフサイエンス課題に挑戦するための技術の高度化に取り組んでいる。こうした基盤技術をライフサイエンス分野の研究者が多様な視点で活用し、学際的な連携協力を加速することによって、生命を構成する分子から細胞にいたる多階層の動的な構造と機能を高精度かつ俯瞰的に解析することが可能になると期待される。本シンポジウムでは、BINDS 事業を構成する各ユニットから、近年整備されつつある「クライオ電顕ネットワーク」を含めた研究設備やアカデミアのライフサイエンスを支援する最先端技術を紹介し、農芸化学におけるライフサイエンス研究への活用と創薬研究の枠組みを越えた基盤プラットフォームの今後の取り組みについて討論する場としたい。

■講演者■

- 澤崎 達也 (愛媛大学 プロテオサイエンスセンター)
小島 宏建 (東京大学 創薬機構)
富井 健太郎 (産業技術総合研究所 人工知能研究センター)
岩崎 憲治 (筑波大学 生存ダイナミクスセンター)
千田 俊哉 (高エネルギー加速器研究機構 物質構造科学研究所)
宮川 拓也 (東京大学 大学院農学生命科学研究科)

■世話人■

- 澤崎 達也 (愛媛大学 プロテオサイエンスセンター)
宮川 拓也 (東京大学 大学院農学生命科学研究科)
田之倉 優 (東京大学 大学院農学生命科学研究科)



BINDS HP はこちら
<https://www.binds.jp/>

【お問い合わせ先】



国立研究開発法人 日本医療研究開発機構 (AMED)
創薬戦略部 医薬品研究課

〒100-0004 東京都千代田区大手町 1-7-1 読売新聞ビル 22 階

E-mail : 20-ddLsg-16@amed.go.jp

9:00 — はじめに ■田之倉 優 (東京大学・大学院農学生命科学研究科)

9:05 — ■澤崎 達也 (愛媛大学・プロテオサイエンスセンター)
「アカデミア創薬をひと押しするコムギ無細胞系を基盤とした支援技術」

アカデミア研究者において、タンパク質を対象とした薬剤探索は、まだまだ敷居が高いのが現状である。我々は、アカデミア創薬をひと押しできる技術として、コムギ無細胞系を基盤とした様々な技術を開発してきた。コムギ無細胞系はタンパク質を試験管内で合成する技術であり、タンパク質を精製することなく、合成反応液を直接薬剤探索に利用できるためアッセイ系構築が楽など、アカデミア創薬に有利な点が多い。コムギ無細胞技術を基盤としたアカデミア創薬をひと押しする支援技術の紹介を行う。

9:30 — ■小島 宏建 (東京大学・創薬機構)
「基礎研究から創薬への一步を手厚く支援する共用研究基盤」

ライフサイエンス研究での新しい知見やアイデアをもとに、医薬や農薬、化粧品材料、生命現象解明のための研究用試薬の開発などに有用な化合物を探す研究者を私どもは手厚く支援している。化合物ライブラリーとスクリーニング施設の整備を2007年より開始し、産学官の所属を問わず、利用を希望する研究者にいつでも低コストで提供できるように維持するとともに、講習会の開催や発見した活性化化合物からより優れた特性を示す化合物への化学合成支援などの技術面でも支援している。詳しくは創薬機構のウェブサイトをご覧ください

10:00 — ■富井 健太郎 (産業技術総合研究所・人工知能研究センター)
「タンパク質 - 基質相互作用のバイオインフォマティクス解析とその応用」

これまでに開発したデータベースやバイオインフォマティクス技術を利用した、植物のホルモン受容体と化合物との相互作用に関する解析例について紹介する。対象化合物の標的として同定されたタンパク質について、複合体・基質結合モードの予測などを通して、基質特異性の要因推定を行った。また、アゴニストと受容体の相互作用に重要なアミノ酸残基を、バイオインフォマティクス技術を利用した解析により同定し、結合様式の推定を行った。こうしたバイオインフォマティクス技術の利用が阻害作用の機序解明などに結びつきつつある事例を紹介する。

10:30 — ■岩崎 憲治 (筑波大学・生存ダイナミクス研究センター)
「クライオ電子顕微鏡による原子分解能解析」

最先端のクライオ電子顕微鏡 (以下 cryo-EM) 技術では、従来では不可能と考えられていたフィコビリソームのような大きく複雑なものから、ダイナミックな分子の動きを捉えた構造多型の解析、これもまた不可能と考えられていた100kDaより小さい分子の解析までこの1、2年で一挙にその成果が報告されるようになった。我々はこのような最先端の手法を創薬へ応用することを目指し、取り組んできた。その成果として複合体中の500Da未満の低分子可視化を結晶構造解析よりも高い精度で解析することに成功してきたので紹介する。

11:00 — ■千田 俊哉 (高エネルギー加速器研究機構・物質構造科学研究所)
「BINDS 事業における立体構造解析技術開発」

創薬等先端技術支援基盤プラットフォーム事業の中心的なサポートとして、放射光X線を利用した結晶構造解析やX線小角散乱に関する支援があげられる。高エネ機構のPFでは、低エネルギー (長波長) X線を利用したNative SAD/MR-Native SAD法による構造解析を一般的な位相問題解決法として開発してきた。また、クライオ電顕による近原子分解能の構造解析もBINDSではサポートしている。発表では、これらの技術の現状と利用法や、そこから生み出されている結果について概説したい。

11:30 — ■宮川 拓也 (東京大学・大学院農学生命科学研究科)
「分子機能解明に向けた構造生命科学の統合アプローチ」

ライフサイエンス研究において、X線結晶構造解析は生命現象を担うタンパク質や核酸、それらに結合して機能する多様な生体分子や薬剤の作用構造を理解するための最も有効な手法の一つである。この手法による精緻な構造情報の取得に加えて、他の手法を組み合わせた統合的なアプローチによる解析が分子機能を理解する上で益々重要になってきている。本シンポジウムでは、BINDSから支援を受ける視点で、X線結晶構造解析とX線小角散乱、分子動力学シミュレーション、ケミカルバイオロジー等の手法を組み合わせた解析例を紹介する。

11:55 — おわりに ■澤崎 達也 (愛媛大学・プロテオサイエンスセンター)