

JHUPO



©2010 kumamoto pref.  
kumamon#15752

Japanese Proteomics Society

日本プロテオーム学会

2015年会

JHUPO 第13回大会

タンパク質がおりなす  
生命システムの全体像を理解する

～プロテオミクスを基盤とした  
生命科学研究の最前線と医療への応用～

プログラム・抄録集

会期 2015年7月23日(木)・24日(金)

会場 くまもと森都心プラザ

年会長 荒木 令江 熊本大学大学院生命科学研究部

主催 日本プロテオーム学会



©2010 kumamoto pref.  
kumamon#15752

# Japanese Proteomics Society

## 日本プロテオーム学会

### 2015年会

JHUPO第13回大会

プログラム・抄録集

## タンパク質がおりなす 生命システムの全体像を理解する

～プロテオミクスを基盤とした生命科学研究の最前線と医療への応用～

The frontier of proteomics-based life science and its clinical application

～Understanding biological systems through comprehensive analysis of proteins and their networks～

会期：2015年7月23日(木)・24日(金)

会場：くまもと森都心プラザ

年会長：荒木 令江 熊本大学大学院生命科学研究部

主催：日本プロテオーム学会

#### 後援・協力・協賛

熊本大学、公益社団法人 日本生化学会、一般社団法人 日本蛋白質科学会、  
日本癌学会、公益社団法人 日本農芸化学会、一般社団法人 日本質量分析学会、  
一般社団法人 日本医用マススペクトル学会、クロマトグラフィー科学会、  
日本電気泳動学会、公益社団法人 日本分析化学会、  
公益社団法人 日本生物工学会、日本臨床プロテオーム研究会、  
熊本国際観光コンベンション協会

**大会前日 7月22日(水)**

	8:00	9:00	10:00	11:00	12:00	13:00
熊本大学(本荘地区)						

**大会第1日 7月23日(木)**

	8:00	9:00	10:00	11:00	12:00	13:00
<b>A会場</b> 5F プラザホール	8:30~ 受付開始	9:00~11:30 <b>シンポジウム 1A-a</b> 疾患プロテオミクスの最前線 ~バイオマーカーから疾患メカニズム、臨床応用まで~ 座長:朝長 毅/荒木 令江 招待講演:安東 由喜雄(熊大) 佐谷 秀行(慶応大)			11:45~12:30 <b>企業ランチョンセミナー1</b> 1A-LS シグマアルドリッチ ジャパン	
<b>B会場</b> 6F 会議室	8:30~ 受付開始	9:00~11:30 <b>教育セミナー 1K-a</b> ~プロテオミクス熊の巻2015~ 座長:小寺 義男/榊原 陽一			11:45~12:30 <b>企業ランチョンセミナー2</b> 1B-LS サーモフィッシャー サイエンティフィック(株)	
<b>ポスター&amp;企業展示</b> 多目的室・ホワイエ	ポスター設置	9:00~18:30 <b>ポスター展示 &amp; 企業展示</b>				
会議室D					11:40~12:40 <b>理事会</b>	

**大会第2日 7月24日(金)**

	8:00	9:00	10:00	11:00	12:00	13:00
<b>A会場</b> 5F プラザホール	8:30~ 受付開始		10:05~11:45 <b>シンポジウム 2A-a</b> エピゲノミクス ~エピゲノム、RNA、タンパク質の協調的な相互作用~ 座長:中尾 光善/齊藤 典子 招待講演:中尾 光善(熊大)		12:00~12:45 <b>企業ランチョンセミナー3</b> 2A-LS (株)エービー・サイエックス	
<b>B会場</b> 6F 会議室	8:30~ 受付開始		10:05~11:45 <b>Selected Young Scientist Presentation (2BSYS) &amp; 教育講演 (2B-EL)</b> 座長:服部 成介/荒川 憲昭 教育講演 ~泳ぐ蛋白質・空飛ぶペプチド~ 中村 和行(山口大・徳山医師会病院)		12:00~12:45 <b>企業ランチョンセミナー4</b> 2B-LS ブルカー・ダルトニクス(株)	
<b>ポスター&amp;企業展示</b> 多目的室・ホワイエ	8:30~10:00 <b>ポスターセッション 2</b> (8:40~9:30 インデキシング)		8:30~16:30 <b>ポスター展示 &amp; 企業展示</b>			

13:00	14:00	15:00	16:00	17:00	18:00	19:00	20:00
13:00–18:00  <b>Lecture, Practice, Data analysis, etc.</b> (Sample preparation, LC-Shot gun, ESI-MSMS, MALDI-MSMS, 2D-PAGE, quantation, General informatics, etc)							

13:00	14:00	15:00	16:00	17:00	18:00	19:00	20:00
	14:10–15:00 <b>Plenary Session 1</b> <b>1PS</b> Dr. Catherine E Costello (Boston Univ.)	15:00–17:05 <b>English and Japanese Symposium 1A-p1</b> <b>Post-translational Modifications and their clinical involvements</b> Chair: Hirano H / Kaji H Invited Lecture: <b>Dr. Sopit Wongkham</b> (Khon Kaen Univ.)		17:15–18:30 <b>English Symposium 1A-p2</b> <b>International Project/HUPO/KHUPO</b> Chair: Yamada T Invited Lecture: <b>Dr. Nagasu T</b> (GNBDC, DBCLS)		19:00–21:00  <b>Reception Dinner</b>  Venue : Crowne Plaza ANA Kumamoto New Sky Hotel	
		15:05–16:35  <b>Symposium 1B-p1</b> <b>Proteomics Technology (1)</b> <b>Target Proteomics. etc</b> Chair: Ohtsuki S / Matsumoto M	16:45–18:30  <b>Symposium 1B-p2</b> <b>Proteomics Technology (2)</b> <b>Automation, Preparation Tech, Robotics etc.</b> Chair: Natsume T / Matsumoto M				
12:40–14:05 <b>Poster Session 1</b> (12:50–13:40 Indexing)	<b>Poster Display &amp; Companies Exhibition</b>						

13:00	14:00	15:00	16:00	17:00	18:00	19:00	20:00
13:00–13:45  <b>General Assembly, Awards Ceremony</b>	13:45–14:45  <b>Award Lecture</b>	14:50–15:40  <b>Plenary Session 2</b> <b>2PS</b> Dr. Bernhard Kuster (MUT)	15:40–17:20 <b>English and Japanese Symposium 2A-p</b> <b>Understanding biological systems through comprehensive analysis of molecules and their networks</b> Chair: Ishihama Y / Araki N Invited Lecture: <b>Dr. Alexey Nesvizhskii</b> (Univ. Michigan)		17:20–17:30 <b>Closing / Poster Award Ceremony</b>		
			15:45–17:15  <b>Symposium 2B-p</b> <b>Application for Microbiol, iPS, Toxicol, and Food Chem.</b> Chair: Kimura M / Kimura Y				
				<b>Poster Remove</b>			

## 会場周辺と交通案内



- ◆熊本空港からお越しの場合：空港リムジンバス利用して、熊本駅で下車 約50分
- ◆JRでお越しの場合：熊本駅で下車 白川口（東口）正面 徒歩3分
- ◆お車でお越しの場合：熊本ICで降りて、約30分
- ◆路線バスでお越しの場合：交通センターから「19」・「20」・「21」番乗り場から熊本駅下車 10分
- ◆市電でお越しの場合：熊本市電 A 系統（田崎橋～健軍町）熊本駅前電停下車

\*From the airport:

Take airport limousine bus from the airport to the city center. Get off the bus at “Kumamoto Station Stop” (takes about 50minutes). Shintoshin Plaza is right in front of the station.

\*If you come by train

Get out of the station from Shirakawaguchi Exit (East Exit).

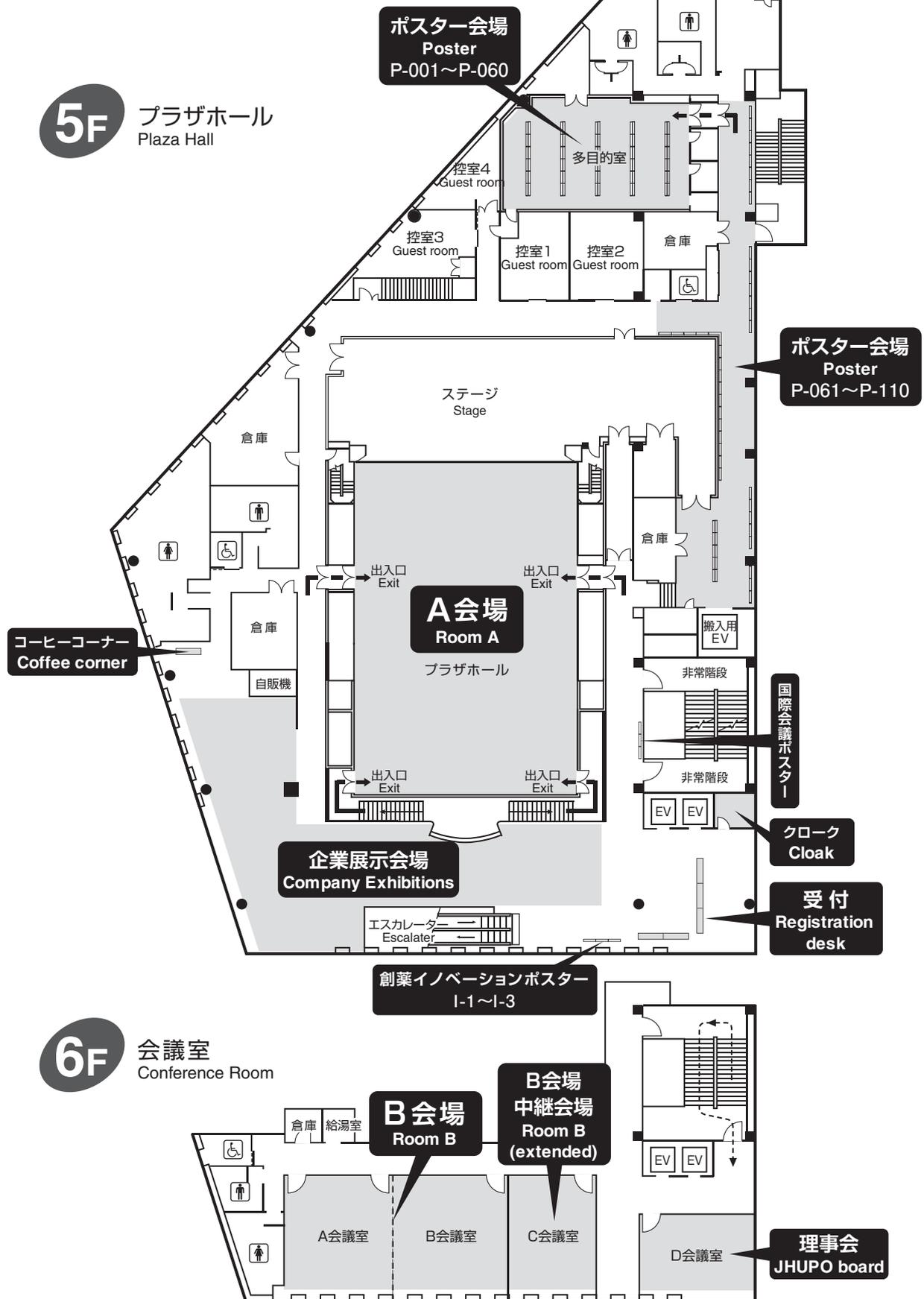
\*Taking bus from Kumamoto Kotsu center (Main Bus terminal)

Get on the bus no.19,20 or 21 to Kumamoto Station (10minutes).

\*Taking Tram from the downtown area

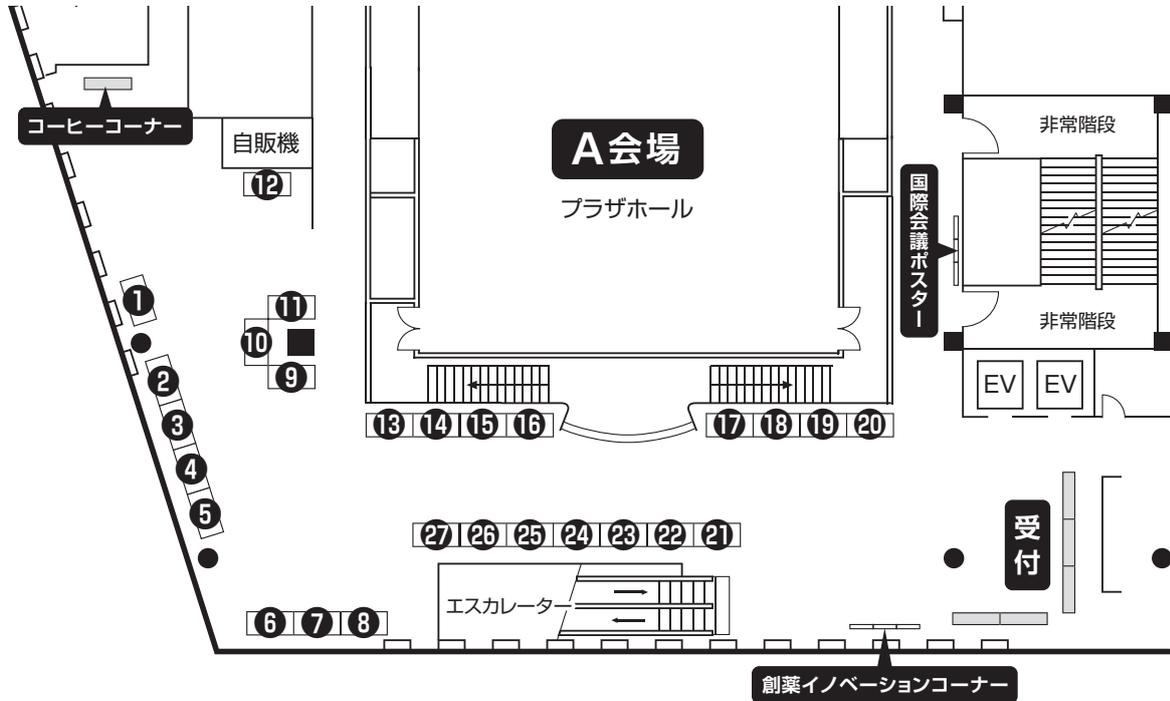
Take Tram Line A and get off at the “Kumamoto-eki-mae (station)” stop.

会場案内図  
Congress Area



# 企業展示会場図 Exhibition's Company

## 5F プラザホール



- |                         |                           |
|-------------------------|---------------------------|
| ① (株)セルフリーサイエンス         | ⑮ (株)ケーワイエテクノロジーズ         |
| ② シスメックス(株)             | ⑯ (株)メディカルプロテオスコープ        |
| ③ (株)KMデータ              | ⑰ シグマ アルドリッチ ジャパン         |
| ④ エーエムアール(株)            | ⑱ 大塚製薬(株)                 |
| ⑤ (株)島津製作所              | ⑲⑳ サーマフィッシャーサイエンティフィック(株) |
| ⑥～⑧ アジレント・テクノロジー(株)     | ㉑ (株)エービー・サイエックス          |
| ⑨ シャープマニファクチャリングシステム(株) | ㉒ ディー・アール・シー(株)           |
| ⑩ 中村科学器械工業(株)           | ㉓ 太陽日酸(株)                 |
| ⑪ エッペンドルフ(株)            | ㉔ (株)スクラム                 |
| ⑫ Sainome(株)            | ㉕ ジーエルサイエンス(株)            |
| ⑬ ブルカー・ダルトニクス(株)        | ㉖ 和光純薬工業(株)               |
| ⑭ SIサイエンス(株)            | ㉗ マトリックスサイエンス(株)          |

口頭発表プログラム

Oral Presentation

## プログラム Program

7月23日(木) July 23(Thu)

9:00~11:30

A会場(5F プラザホール)

シンポジウム1A-a / Symposium1A-a

座長: 朝長 毅 / 荒木 令江

Chair: Takeshi Tomonaga / Norie Araki

### 疾患プロテオミクスの最前線

~バイオマーカーから疾患メカニズム、臨床応用まで~

Frontier of Disease Proteomics, Biomarkers, and Clinical applications

#### 1A-a-1 融合プロテオミクスによるがん幹細胞の異常シグナルネットワークの解析 Analysis of target signal networks for cancer stem cells by integrated proteomics

○荒木 令江

熊本大学 大学院生命科学研究部 腫瘍医学分野

○Norie Araki

Dep of Tumor Genetics and Biol, Grad Sch of Med Sci, Kumamoto University

#### 1A-a-2 細胞外分泌小胞のプロテオーム解析と診断への応用 Extracellular vesicle (EV) proteomics for cancer liquid biopsy

○植田 幸嗣

公益財団法人がん研究会 がん研究所 ゲノムセンター プロテオミクス解析グループ

○Koji Ueda

Proteomics Analysis Group, Genome Center, The Cancer Institute of Japanese Foundation for Cancer Research

#### 1A-a-3 血漿プロテオームによる大規模住民コホート研究 Plasma proteome analysis for a large-scale population-based cohort study

○加藤 恭丈<sup>1)2)</sup>、蝦名 真行<sup>1)2)</sup>、城田 松之<sup>1)2)</sup>、元池 育子<sup>1)3)</sup>、木下 賢吾<sup>1)3)</sup>、工藤 久智<sup>4)</sup>、  
信國 宇洋<sup>4)</sup>、峯岸 直子<sup>4)</sup>、三枝 大輔<sup>1)</sup>、小柴 生造<sup>1)</sup>、五十嵐 和彦<sup>1)2)</sup>、山本 雅之<sup>1)2)</sup>、田邊 修<sup>1)</sup>

1) 東北大学東北メディカル・メガバンク機構ゲノム解析部門、2) 東北大学大学院医学系研究科、  
3) 東北大学大学院情報科学研究科、4) 東北大学東北メディカル・メガバンク機構バイオバンク部門

○Yasutake Katoh<sup>1)2)</sup>, Masayuki Ebina<sup>1)2)</sup>, Matsuyuki Shiota<sup>1)2)</sup>, Ikuko Motoike<sup>1)3)</sup>, Kengo Kinoshita<sup>1)3)</sup>,  
Hisaki Kudo<sup>4)</sup>, Takahiro Nobukuni<sup>4)</sup>, Naoko Minegishi<sup>4)</sup>, Daisuke Saigusa<sup>1)</sup>, Seizo Koshiba<sup>1)</sup>, Kazuhiko  
Igarashi<sup>1)2)</sup>, Masayuki Yamamoto<sup>1)2)</sup>, Osamu Tanabe<sup>1)</sup>

1) Department of Integrative Genomics, Tohoku Medical Megabank Organization, Tohoku University,  
2) Graduated School of Medicine, Tohoku University, 3) Graduated School of Information Science, Tohoku University,  
4) Department of Biobank, Tohoku Medical Megabank Organization, Tohoku University

#### 1A-a-4 インターオミクスー転写・翻訳・分解全てを俯瞰するハイスループット解析から 展開する創薬・診断

Inter-omics-New paradigm for drug development and therapy

○夏目 徹

国立研究開発法人産業技術総合研究所 創薬分子プロファイリング研究センター

○Tohru Natsume

Director, Molecular Profiling Research Center for Drug Discovery, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology

# ポスター発表プログラム

## インデキシング座長一覧

**奇数番号** 7月23日(木) 12:40~14:05(インデキシング 12:50~13:40)

- P-001 ~ P-011 大石 正道(北里大学)  
P-013 ~ P-023 藏満 保宏(山口大学)  
P-025 ~ P-035 横田 博之(アステラス製薬株式会社)  
P-037 ~ P-047 木下 英司(広島大学)  
P-049 ~ P-059 木村 吉伸(岡山大学)  
P-061 ~ P-073 若林 真樹(京都大学)  
P-075 ~ P-085 木村 弥生(横浜市立大学)  
P-087 ~ P-095 河野 信(DBCLS)  
P-097 ~ P-109 中神 弘史((独)理化学研究所)

**偶数番号** 7月24日(金) 8:30~10:00(インデキシング 8:40~9:30)

- P-002 ~ P-012 尾野 雅哉(国立がんセンター研究所)  
P-014 ~ P-024 川上 隆雄(株式会社メディカル・プロテオスコープ)  
P-026 ~ P-036 今村 隆寿(熊本大学)  
P-038 ~ P-048 杉山 直幸(京都大学)  
P-050 ~ P-060 久野 敦((独)産業技術総合研究所)  
P-062 ~ P-074 松本 雅記(九州大学)  
P-076 ~ P-086 曾川 一幸(麻布大学)  
P-088 ~ P-096 奥田 修二郎(新潟大学)  
P-098 ~ P-110 荒木 朋洋(東海大学)

★マークはポスター賞の応募演題です

## ポスタープログラム Poster Program

奇数番号 7月23日(木) 12:40~14:05 (インデキシング 12:50~13:40)

偶数番号 7月24日(金) 8:30~10:00 (インデキシング 8:40~9:30)

- P-001\*** マルチプラットフォームにより人正常腎皮質網羅的プロテオーム解析  
Comprehensive Proteomic Analysis of Human Renal Cortex by Multiplatform
- 許 波<sup>1)</sup>、張 瑩<sup>1)</sup>、藤中 秀彦<sup>2)</sup>、平尾 嘉利<sup>1)</sup>、YanSheng Liu<sup>3)</sup>、Ruedi Aebersold<sup>3)</sup>、山本 格<sup>1)</sup>  
1) 新潟大学 産学地域連携推進機構 COI-s 生体液バイオマーカーセンター、  
2) 新潟大学医歯学総合研究科腎研究施設構造病理学、3) スイス連邦工科大学チューリッヒ校
- Bo Xu<sup>1)</sup>、Ying Zhang<sup>1)</sup>、Hidehiko Fujinaka<sup>2)</sup>、Yoshitoshi Hirao<sup>1)</sup>、YanSheng Liu<sup>3)</sup>、Ruedi Aebersold<sup>3)</sup>、  
Tadashi Yamamoto<sup>1)</sup>  
1) Biofluid Biomarker Center:COI-satellite (BB-C:COI-s) Niigata University Science and Business Community  
Cooperation Liaison (NUSBL), Niigata University, 2) Department of Structural Pathology Institute of Nephrology  
Graduate School of Medical and Dental Sciences Niigata University,  
3) Institute of Molecular Systems Biology, ETH Zurich, Switzerland.
- P-002** 尿中バイオマーカー探索におけるタンパク質/ペプチド分離精製とMS解析による  
比較検討  
Preparation of proteins and peptides by MS analysis in biomarker discover using human  
urine
- 平尾 嘉利、Sameh Magdeldin、許 波、張 瑩、山本 恵子、山本 格  
新潟大学 産学地域連携推進機構 生体液バイオマーカーセンター(BB-C)
- Yoshitoshi Hirao, Sameh Magdeldin, Bo Xu, Ying Zhang, Keiko Yamamoto, Tadashi Yamamoto  
Biofluid Biomarker Center (BB-C), Institute for Research Collaboration and Promotion, Niigata University
- P-003\*** Reverse-Phase Protein Array 法を用いた血清中のCKAP4抗原の測定  
CKAP4 measurement of antigen in the serum using the Reverse-Phase Protein Array  
method.
- 柳田 憲吾<sup>1)</sup>、長塩 亮<sup>1)</sup>、萩生田 大介<sup>1)</sup>、斉藤 慶汰<sup>1)</sup>、上遠野 健<sup>2)</sup>、蔣 世旭<sup>3)</sup>、三枝 信<sup>3)</sup>、  
佐藤 雄一<sup>1)</sup>  
1) 北里大学大学院 医療系研究科 応用腫瘍病理学、2) 北里大学医学部呼吸器内科学、3) 北里大学医学部病理学
- Kengo Yanagita<sup>1)</sup>、Ryo Nagashio<sup>1)</sup>、Daisuke Hagiuda<sup>1)</sup>、Keita Saito<sup>1)</sup>、Ken Katono<sup>2)</sup>、ShiXu Jiang<sup>3)</sup>、  
Makoto Saegusa<sup>3)</sup>、Yuichi Sato<sup>1)</sup>  
1) Department of Tumor Pathology, Graduate School of Medical Sciences, Kitasato University, Kanagawa, Japan,  
2) Department of Respiratory Medicine, School of Medicine, Kitasato University, Kanagawa, Japan,  
3) Department of Pathology, School of Medicine, Kitasato University, Kanagawa, Japan
- P-004\*** Comprehensive analysis of human ureter proteome
- Sameh Magdeldin<sup>1)2)</sup>、Yoshitoshi Hirao<sup>1)</sup>、Amr Elguoshy<sup>1)3)</sup>、Bo Xu<sup>1)</sup>、Ying Zhang<sup>1)</sup>、Tadashi Yamamoto<sup>1)</sup>  
1) Biofluid Biomarker Center (B-BC), Institute for research collaboration and promotion, Niigata University,  
2) Physiology department, Faculty of Veterinary Medicine, Suez Canal University,  
3) Biotechnology department, agriculture, Al-Azhar University.
- P-005\*** レビー小体型認知症における血清ペプチドバイオマーカーの探索  
Serum peptides as candidate biomarkers for dementia with Lewy bodies
- 黒川 真奈絵<sup>1)</sup>、有戸 光美<sup>2)</sup>、佐藤 利行<sup>2)</sup>、表山 和樹<sup>2)</sup>、末松 直也<sup>2)</sup>、岡本 一起<sup>2)</sup>、加藤 智啓<sup>2)</sup>  
1) 聖マリアンナ医科大学大学院 疾患バイオマーカー・標的分子制御学、  
2) 聖マリアンナ医科大学大学院 疾患プロテオーム・分子病態治療学
- Manae Kurokawa<sup>1)</sup>、Mitsumi Arito<sup>2)</sup>、Toshiyuki Sato<sup>2)</sup>、Kazuki Omoteyama<sup>2)</sup>、Naoya Suematsu<sup>2)</sup>、  
Kazuki Okamoto<sup>2)</sup>、Tomohiro Kato<sup>2)</sup>  
1) Disease Biomarker Analysis and Molecular Regulation, St. Marianna University Graduate School of Medicine,  
2) Clinical Proteomics and Molecular Medicine

**Abstracts**

**海外招待講演**

**(Overseas Invitation Lecture)**

## Site-specific Analysis of Glycosylation and Other Post-translational Modifications

○Catherine E. Costello, Mark E. McComb, Cheng Lin, Joseph Zaia

Center for Biomedical Mass Spectrometry, Boston University School of Medicine, Boston,  
MA USA

The analysis of samples from biomedical sources presents multiple challenges: limited amounts of material, mixtures of components with closely related structures, labile structural modifications, temporal changes due to growth and development, aging, infection and disease, environmental exposures, etc. We are particularly interested in the qualitative and quantitative detection of protein post-translational modifications and glycoform distributions. Both LC/MS and MALDI-MS approaches are being applied to studies of cardiovascular, infectious and protein misfolding diseases, using high performance MS/MS and IMS/MS methods, in combination with various dissociation strategies. Increased sensitivity allows determinations of bioactive peptides and proteins in individual patients; top-down sequencing allows assignment of multiple post-translational modifications to individual protein molecules; ion mobility allows structural studies of individual glycoforms and molecular complexes; ultra high resolution allows definition of individual compositions in closely-spaced peaks; statistical assessment of large data files allows site-specific quantification of PTMs, and new dissociation modes increase the possibility for fully elucidating individual molecular structures. Each of these expanded capabilities has role to play in meeting important, and previously unapproachable, challenges in the detection and treatment of disease. Illustrations from ongoing studies will provide examples of state-of-the-art mass spectrometry in action, and suggest future possibilities.

**Keywords** : Glycosylation, tandem mass spectrometry

Abstracts

シンポジウム

(Symposium)

## 融合プロテオミクスによるがん幹細胞の異常シグナルネットワークの解析

### Analysis of target signal networks for cancer stem cells by integrated proteomics

○荒木 令江

熊本大学 大学院生命科学研究部 腫瘍医学分野

○Norie Araki

Dep of Tumor Genetics and Biol, Grad Sch of Med Sci, Kumamoto Univ

病態サンプルや疾患モデルの組織や細胞を用いて、疾患メカニズムや、病態マーカーや創薬の標的となる細胞内異常シグナルネットワークを形成する分子群を検索するには、特異的翻訳後修飾や相互作用情報を含むプロテオーム解析情報はもとより、これらを補強するゲノム解析やトランスクリプトーム解析、メタボローム解析などの様々な分子解析情報を統合的に総合評価する事によってはじめて可能となると考えられる。しかし、これらの解析方法論は元来個々に確立されているため、これらを融合して統合的に評価することは現状では困難である。我々は、病態組織細胞の機能分子メカニズム解析、バイオマーカー、治療ターゲット検索を目的として、異なった解析法から得られる莫大な分子データ群の統合マイニング法の考案を試み、これを応用して、病態において異常に制御されたシグナル伝達経路を特異的に抽出する方法論、さらにこれら重要分子群の迅速検証法を含めた一連の分子統合解析システムを構築している。本シンポジウムでは、LC-ショットガンおよび電気泳動ベースのプロテオミクス、および DNA array/qPCR を用いたトランスクリプトーム、ゲノム異常情報等を得るため、同時に同一サンプル群を解析し、すべての情報の統合マイニング (iPEACH/MANGO) とネットワーク解析 (KeyMolnet/KEGG) を用いた病態特異的活性化分子群の抽出法、その検証法 (ICC、IHC、Auto-2D Western Blotting 法、siRNA、阻害剤・活性化剤等を用いた生物学的機能解析、動物モデル解析) など、一連の統合的システムを用いた病態解析例を紹介する。特に、がん幹細胞の薬剤抵抗性、再発、悪性転化等に関わるシグナルを抽出し、翻訳後修飾を含む新規の特異的ネットワークに関わる分子群を見出した例を紹介し、これらの生物学的意義とともに、これらをターゲットとした臨床マーカーや薬剤開発等の医療応用の可能性について考察したい。

- 1) Kobayashi D et al. Mol Cell Proteomics 2009, 8(10): 2350.
- 2) Hirayama M, Kobayashi D. et al. Mol Cell Proteomics 2013 12(5): 1377.
- 3) Niibori-Nambu, A. et al. PLOS ONE 2013 8(5): e59558.
- 4) Kobayashi D et al. J Biol Chem 2014, 289(38): 26314-26.

Comprehensive analyses for studying cancer related cellular signals to be clinically targeted had been difficult due to limitations in analytical software, biological database and validation standard. We have developed an integrated analysis system using semi-quantitative proteomics, such as LC-shotgun: iTRAQ/SYLAC/TMT etc. and gel-based electrophoresis: 2D-DIGE/1D-PAGE as well as transcriptomics, such as DNA array/qPCR, and following a unique sequential strategy that includes data mining tools called MANGO and iPEACH. These tools provide the voluminous data including protein/gene expressions, post-translational modifications and functional information, from several types of analyses into a useful data file. Recently, we have constructed the iPEACH database of cancer stem cells (CSCs), and used GO and knowledge-based network analyses to extract novel signal networks. To identify the molecular targets of CSC, we have established several CSC clones from patient's tumors and cancer cell lines having a potential to differentiate into malignant tumors. In this session, a series of analysis of glioma stem cells (GSC) will be introduced. GSC clones were subjected to iTRAQ, 2D-DIGE and DNA array based integrated omics. 8,471 proteins and 21,857 mRNAs were identified quantitatively and integrated by iPEACH. GO and network analysis of molecules with high iPEACH scores revealed that the network related to cell motility, neuronal differentiation and cell death, such as ECMs-integrins/CD44 and RAS-MAPK/PI3K-mTOR signals were significantly upregulated during GSC differentiation, on the other hand, stem cell markers such as Sox2, Nestin, CD133, and the network related to the cell cycle, glycolytic pathway, and the specific proteoglycans (pGAGs) and o-GlcNacylation pathway including their responsible enzymes were obviously downregulated. Interestingly, pGAGs interaction with integrin families which form a niche with ECMs regulate the GSC differentiation, and o-GlcNacylation pathway were significantly related to the GSC maintenance. Combination of cancer drug TMZ and their inhibitors suppressed glioma progression and led the longer survival of mouse xenograft models. These results suggest that the integrated proteomics provides new therapeutic ideas against the CSC-associated malignant tumors.

**Keywords :** 融合プロテオミクス、癌幹細胞、Integrated proteomics、Cancer Stem Cells、Network Analysis

**Abstracts**

**ポスター発表**

**(Poster Presentation)**

**マルチプラットフォームにより人正常腎皮質網羅的プロテオーム解析****Comprehensive Proteomic Analysis of Human Renal Cortex by Multiplatform**

○許 波<sup>1)</sup>、張 瑩<sup>1)</sup>、藤中 秀彦<sup>2)</sup>、平尾 嘉利<sup>1)</sup>、YanSheng Liu<sup>3)</sup>、Ruedi Aebersold<sup>3)</sup>、山本 格<sup>1)</sup>

1) 新潟大学 産学地域連携推進機構 COI-s 生体液バイオマーカーセンター、2) 新潟大学医歯学総合研究科腎研究施設構造病理学、  
3) スイス連邦工科大学チューリッヒ校

○Bo Xu<sup>1)</sup>、Ying Zhang<sup>1)</sup>、Hidehiko Fujinaka<sup>2)</sup>、Yoshitoshi Hirao<sup>1)</sup>、YanSheng Liu<sup>3)</sup>、Ruedi Aebersold<sup>3)</sup>、Tadashi Yamamoto<sup>1)</sup>

1) Biofluid Biomarker Center : COI-satellite (BB-C : COI-s) Niigata University Science and Business Community Cooperation Liaison (NUSBL), Niigata University,  
2) Department of Structural Pathology Institute of Nephrology Graduate School of Medical and Dental Sciences Niigata University,  
3) Institute of Molecular Systems Biology, ETH Zurich, Switzerland

腎臓に関わる病因を解明するために人腎臓のタンパク質情報を異なる質量分析機器と方法によって網羅的解析を目的とした。今回の対象とする人腎皮質標本は OCT コンパントで固定され超低温で保管されたものとした。我々は OCT による分析器への影響が出ない様にサンプル処理方法を見直し、精製したペプチドを標本とした。分析方法として、DIA 法と DDA 法を含め、3種類の質量分析器で5種類の異なるプラットフォームによって解析を行いました。

従来の DDA 法 (DATA DEPENDENT ACQUISITION) アプローチには SCIEX 5600+, THERMO FUSION, THERMO QE により得られたデータが利用された。近年注目されている DIA 法には SCIEX5600+ (SWATH 法) 及び THERMO FUSION のデータを利用した。質量分析に利用した HPLC メソッドはすべての実験において同一されていた。この方式の実験計画によって人腎皮質の解析を行うと同時に、機器の種類や測定方法による優れた方向性と対応性も考察できる様になった。データ解析に使われたプラットフォームとして、DDA 解析には Proteome Discoverer 1.4, Sciex MSdata converter, Mascot Daemon 2.5. 1, ProteinPilot<sup>TM</sup> 5.0 を利用した。DIA 解析には主に Spectronaut<sup>TM</sup> 3.0-7.0, Skyline<sup>TM</sup> 2.1, PeakView<sup>®</sup> 2.1 を利用した。今回に解析に使われたライブラリーは主にスイス ETH IMSB 研究所 Aebersold 教授のもとで構築された人及び人腎のライブラリーデータでした。

精製した 0.45 µg ペプチド試料から SWATH 法で得た MS/MS データから Spectronaut<sup>TM</sup> によるタンパク質同定数は 5328 タンパク質グループに、ペプチド情報として 73512 ストリップシーケンスが利用された。DDA 法における Thermo Fusion の測定による同定は 14439 のペプチドリットが挙げられ、4119 タンパク質が同定された。PeakView<sup>TM</sup> の場合は 3226 タンパク質と 16324 ペプチドが同定されていた。うち DIA 解析ツール共通に 3020 タンパク質が同定された。今回の結果に関し、DDA 法及び DIA 法によるそれぞれ解析データを比べた結果は機器の使用状況による変化も観察された。

Renal disease including IgA nephropathy (IgAN) is the most common cause of primary glomerulonephritis in developed countries. Up to 50 percent of these patients undergoing progressive disease ultimately leading to end-stage renal disease. Current prognostic scores, which rely on histology and clinical characteristics, have limited accuracy to predict disease course and allied treatment decisions. To achieve a better understanding of renal disease and also including IgAN, an efficient high-throughput workflow for the proteomic analysis of renal cortex, including their glomerular compartment was established by combining several methods including SWATH mass spectrometry (SWATH-MS). Using frozen tissue of kidney with OCT compounds, a purified peptides sample was obtained by a novel method for extracting peptides. Peptides were extracted and then purified by C18 StageTip. A data independent MS acquisition method (SWATH-MS) was used to survey all peptide ions and their fragment ions. A targeted data analysis strategy using the software tool Spectronaut was used to analyze the SWATH-MS data sets. By using this integrated new strategy, we identified and quantified more than 5328 proteins with very high stringency (FDR less than 1%) in the sample by against the human protein library created in lab of Aebersold (ETH, Switzerland). Contamination effect of OCT compounds on LC-MS analysis could not be observed in this proposed method. We also compared the results from this experiment with which was getting with a different approach similar to conventional in-solution digestion method.

In this experiment, at least 5 kinds of platforms were used for identifying renal cortex proteins from MS spectra of 3 kinds of mass spectrometers of Sciex. com and Thermo scientific. According the data from the multiplatform, data dependent acquisition results from SCIEX 5600+ and Thermo MS show very similar results between OCT embedded and normal frozen tissues. There are 3280 proteins were identified with high stringency from Thermo Fusion MS in 135-min. acquisition with injection of 0.67ug peptides solution. And there are much more hydrophilic peptides were identified from the samples provided by our new method.

**Keywords :** マルチプラットフォーム、SWATH、人正常腎皮質

# Abstracts

## 創薬イノベーション

(Innovative Drug Development)

## 第一三共株式会社の国内アカデミアを対象としたオープンイノベーションの取り組み Activity of open innovation in Daiichi-Sankyo focusing on the collaboration with academia in Japan

○金澤 佳人

第一三共株式会社 研究開発本部

○Yoshito Kanazawa

Daiichi-Sankyo Co. Ltd., R & D Division

第一三共株式会社は有用性の高い新薬の創出を通じて医療に貢献することを大きな目標とし、研究活動を展開している。目標の実現には、外部と協同した創薬シーズの発見と育成が重要との認識に立ち、様々なオープンイノベーション活動を推進している。その一環として2011年度より、日本のアカデミア研究者を対象にした創薬共同研究プログラム TaNeDS (Take a New Challenge For Drug Discovery)を開始した。このプログラムは弊社が求める研究募集テーマに合致する研究を応募いただき、採択テーマについて1~2年の共同研究を実施して、創薬のタネや芽として育てられるか検証する試みである。4年間の TaNeDS プログラム実施で合計1,043件の応募が寄せられ、採択予定を上回る88件の研究テーマを採択することができた。TaNeDS のコンセプトである、アカデミアの研究から創薬のシーズを見出すという点で、この結果は日本のアカデミアの研究成果を応用した創薬に大いに期待できることを示唆する。現在、採択した共同研究を推進しており、この中から複数の新規の創薬シーズ候補を見出している。今後は、新しい創薬標的に対し、適切な手法で薬剤候補物質を獲得していくこととなるが、この過程においてもアカデミアとのコラボレーションによる迅速な薬剤開発手法を検討したい。3年目となる2013年度は創薬のシーズ探索に加えて、創薬に関する新規の技術プラットフォーム研究を対象領域に加えて実施中であり、今回の試みにより、理学、農学、工学などの専門性を有する研究者とのコラボレーションを拡大して行きたい。

Keywords : オープンイノベーション、共同研究公募、TaNeDS

日本プロテオーム学会2015年会  
プログラム・抄録集

---

年 会 長：荒木 令江 熊本大学大学院生命科学研究部

運営事務局：〒101-0003 東京都千代田区一ツ橋2-4-4  
(エー・イー企画内)  
TEL：03-3230-2744 FAX：03-3230-2479  
E-mail：jhupo2015@aeplan.co.jp

印 刷： 株式会社セカンド  
®セカンド  
学会サポート <http://www.secand.jp/>  
〒862-0950 熊本市中央区水前寺4-39-11 ヤマウチビル1F  
TEL：096-382-7793 FAX：096-386-2025