

プロテイン・アイランド・松山 2017  
第15回 松山国際学術シンポジウム ポスター発表者へのご案内

【申込みについて】

・**事前に申し込みが必要です**。8月18日(金)までに下記ホームページより本シンポジウムの参加申込みをしてください。その際、「**ポスター発表**」欄のマークを「**希望する**」にしてください。ポスター発表のご希望を頂いてない方は、発表をお断りさせていただきますのでご注意ください。なお、申込は要旨を送られる方が代表で行ってください。発表者として名前があがっている方でも、要旨を送付しない方は、「希望しない」にしてください。ポスターセッションにはシンポジウム参加者は全員参加できます。

URL: <http://pim-sympo.jp/>

・スペースの関係で、採択できない場合もありますので、お早めのお申し込みをお願いいたします。なお、ディスカッションが目的ですので、既発表データでかまいません。

【ポスターについて】

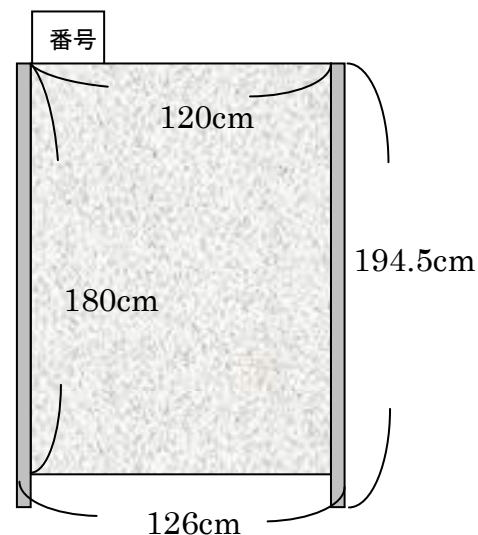
・演題が出そろいましたら、ポスター掲示用の番号をお知らせいたします。当日はその番号の貼られたボードに、ポスターを掲示してください。なお、番号のためのスペースを設ける必要はありません。

・ポスターのサイズは、縦180cm×横120cm以内です。  
使用方法は自由、図を参照してください。

・**タイトル・発表者・所属・要旨を英語にて表記してください**。大きさ・場所などに指定はありません。他の部分は日本語でもかまいません。

・掲示のための画鋏はこちらで用意いたします。

・事前にポスターの提出は必要ありません。当日ご自分でお持ち頂き、終了後、お持ち帰り頂く事を原則にしております。ご都合が悪い方は、必ず事前にお知らせください。



【要旨集原稿について】

・**8月18日(金)17時まで**に、下記要領で要旨原稿をお送りください。  
遅れた場合、要旨集に掲載出来なくなりますのでご注意ください。

宛先: [pim2017@pim-sympo.jp](mailto:pim2017@pim-sympo.jp) (必ずE-mailでご提出ください。FAX不可)

件名: PIM2017ポスター要旨

本文: 連絡先として、氏名・所属・メールアドレス・電話番号 をご記入ください。

要旨原稿はメール本文ではなく、添付ファイルでお送りください。

・原稿は「PIM Poster」(Microsoft Word)ファイルに書き込んでください。

参考までに、書式をご連絡いたします。

使用言語 英語

タイトル (Times New Roman, 12 point, Bold)

氏名 (Times New Roman, 10 point)

所属 (Times New Roman, 10 point, Italic)

要旨 (Times New Roman, 10 point) (200語程度)

余白は上 20mm, 下 20mm, 左 20mm, 右 30mm

## 【手順について】

### 1. 貼り付け

#### 若手の会で発表する方

時 間： 9月12日(火)14時から15時(若手の会受付時間)(予定)

\* 下記の撤去時間まで、掲示し続けます。

#### 若手の会で発表せず、13日の国際シンポジウムのみの方

時 間： 9月13日(水)9時から9時30分(シンポジウムの受け付け時間中)(予定)

\* この時間に掲示できない方は、必ず事前に下記問い合わせ先までご連絡ください。

\* 時間に変更になった場合は、ウェブサイトやメールにてご案内いたします。

\* 画鋏を用意しておりますので、ご利用ください。

### 2. ポスターセッション

日 時： 9月13日(水) 13時35分から14時35分(予定)

\* 企業展示のプレゼンテーションが行われる可能性があります。

### 3. 撤去

日 時：9月13日(水) 17時40分から18時00分(予定) (移動時間)

シンポジウム終了後、ポスターを取りはずしてから、懇親会にご参加頂きますようお願いいたします。

\* この時間に撤去できない方は、必ず事前に下記問い合わせ先までご連絡ください。

\* 18時30分までに撤去されていないポスターは、事務局側で撤去しますので、ご了承ください。

## 【お問い合わせ】

愛媛大学 研究支援課研究推進チーム(プロテオサイエンスセンター内)

〒790-8577 愛媛県松山市文京町3番

TEL: 089-927-9687

FAX: 089-927-8528

E-mail: pim2017@pim-sympo.jp

URL: <http://www.pim-sympo.jp/>

## 【会場について】

愛媛大学 城北キャンパス 共通講義等 B 1階

〒790-8577 愛媛県松山市文京町3番

P - 1

**A method to find substrates of protein kinases based on the wheat cell-free system**

Takashi Masaoka, Tatsuya Sawasaki, Yaeta Endo

*Cell-free Science and Technology Research Center, and Venture Business Laboratory, Ehime University*

Protein kinases play a key role in signal transduction pathways that control almost cellular processes such as cell cycle, growth, differentiation and cell death. Thus, identification of target substrates phosphorylated by the protein kinases is very important for understanding the biological mechanisms. Here we describe a screening method to find the substrates from HeLa cell extracts by using the kinase expressed in wheat germ cell-free system. CaMKII $\delta$  as a model protein kinase was synthesized by the system and incubated with HeLa cell extracts in the presence of radio-labeled ATP, and then was separated by 2-DE gel. From the autoradiogram image analysis, two phosphorylated proteins were selected, and eIF4B (eukaryotic translation initiation factor 4B) and STIP1 (stress-induced phosphoprotein 1) were identified as a candidate CaMKII $\delta$  substrate by MALDI-TOF/MS. The two genes were cloned from HeLa cDNAs, and the gene products were synthesized by the cell-free system. In vitro kinase assay revealed that the eIF4B and STIP1 were new substrates of CaMKII $\delta$ . These results show that this approach based on wheat germ cell-free system is a useful tool to screen easily the target proteins of protein kinases.

P - 2

**High-throughput screening of autoantibodies based on wheat cell-free protein library**Kazuhiro Matsuoka<sup>1</sup>, Tatsuya Sawasaki<sup>1</sup>, Satoru Takeo<sup>1</sup>, Hiroaki Komori<sup>2</sup>, Takafumi Tsuboi<sup>1</sup>, Masato Nose<sup>2</sup>, Yaeta Endo<sup>1</sup><sup>1</sup>*Cell-Free Science and Technology Research Center and the Venture Business Laboratory,* <sup>2</sup>*Department of Pathology, Ehime Univ.*

Genomic DNA sequencing of human, mouse and many pathogenic organisms have been completed. As a next step, genome-wide characterization of proteins coded on the genome is required. Previously we reported to develop the high-throughput (HT) wheat germ cell-free protein synthesis system (PNAS 99, 14652, (2002)). This method opens a door for making of protein library from cDNA templates. In this study, we will report a challenge to develop the HT screening system for immune reaction between the protein library from mouse full-length cDNAs (Functional Annotation of Mouse; FANTOM was annotated by RIKEN) and patient sera. The mRNAs were transcribed from DNA templates generated by PCR, and then the mouse proteins were synthesized as a biotin labeled form by cell-free system, and were mixed with the patient sera. Analysis based on ALPHA SCREEN showed to detect a specific interaction between the biotin-labeled protein and antibody in the sera. This method, integrating the HT cell-free protein production system, HT biotin labeling system and AlphaScreen, may provide genome-wide screening for the antigen-antibody interaction. Now we are challenging to screen malaria vaccine candidates and diagnostic makers in autoimmunity diseases by using this method.