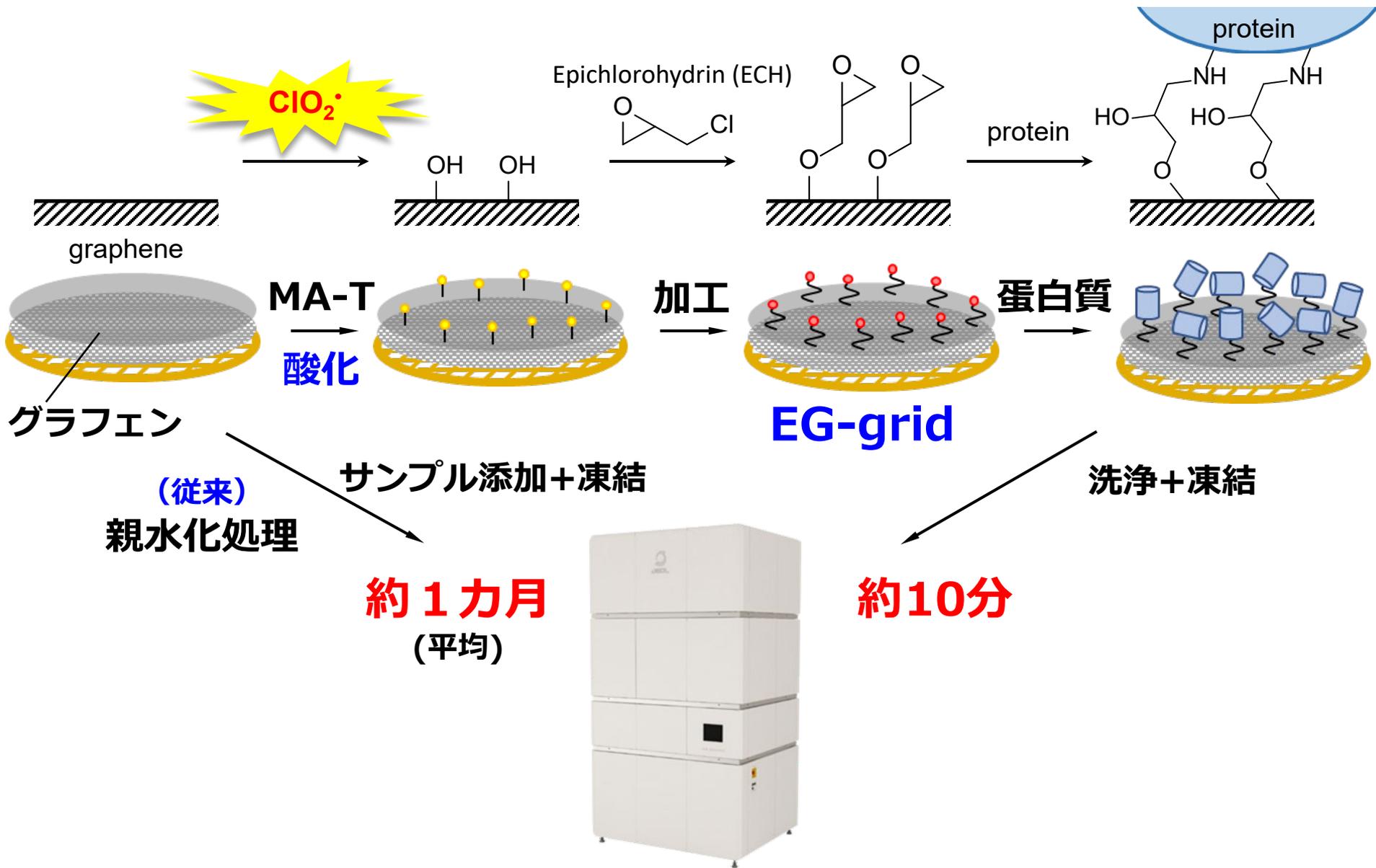


クライオ電顕用EG-GRIDのご紹介

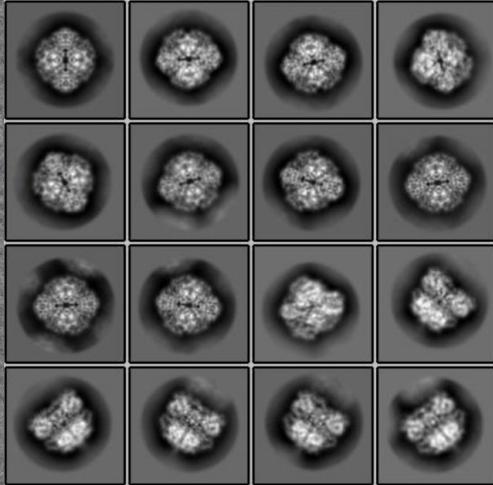
大阪大学薬学研究科
井上 豪

条件設定が1カ月から10分に劇的迅速化



配向性の偏りも改善し撮影枚数も激減

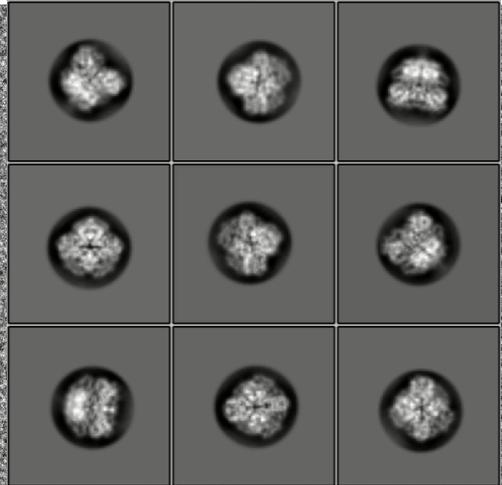
従来法



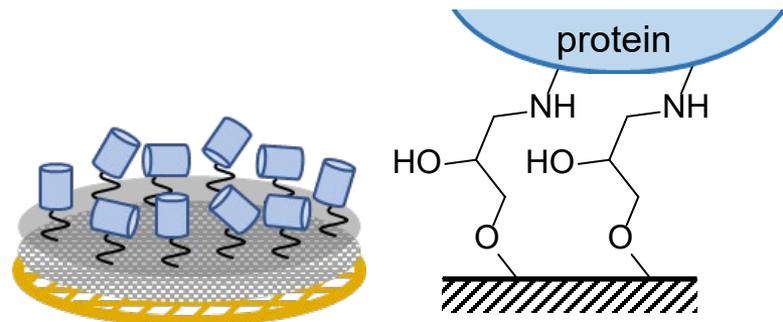
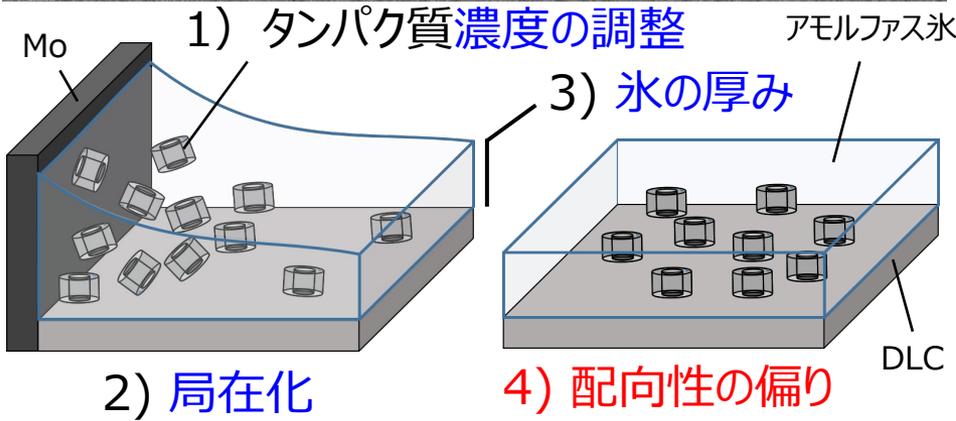
粒子の配向に偏り → 試料を傾斜して撮影する必要性

固定化法

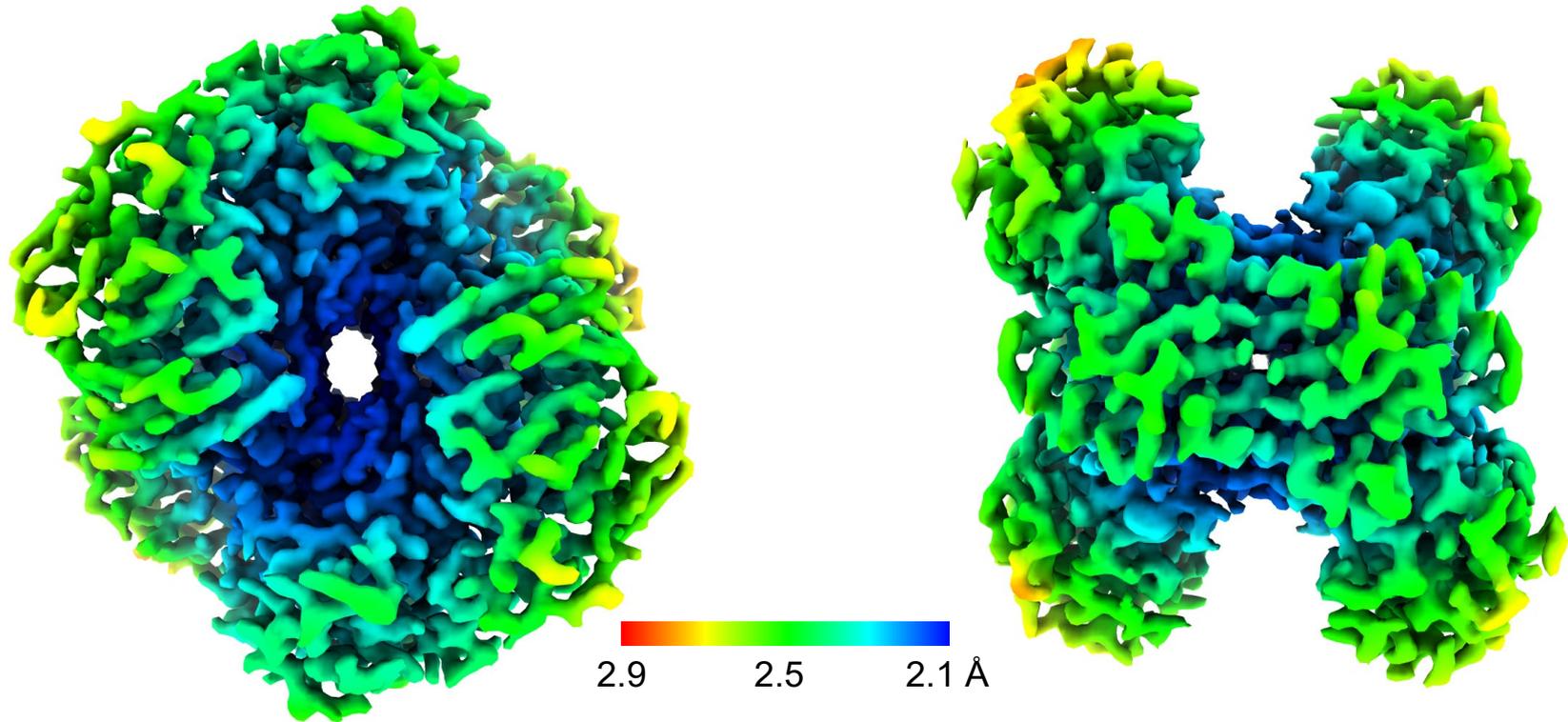
→ 配向性が大幅に変化



GAPDH: Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase) 20 nm



実例その1 : Protein-Bの構造解析(Cryo-EM)



	従来法	固定化法
画像数	4,415	241
有効な粒子数	813,828	88,731
画像あたり有効な粒子数	184.3	368.2
分解能 (Å)	2.3	2.15

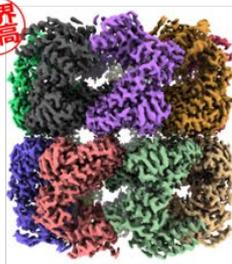
1/20以下の画像数で
より高分解能に到達



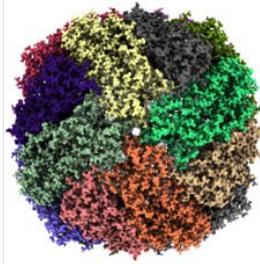
大幅な効率化
(撮影時間**2時間**)

既に多くの実績あり。コロナXBB株の抗体解析も

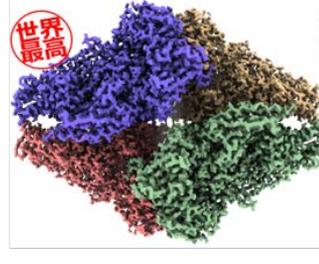
mBio



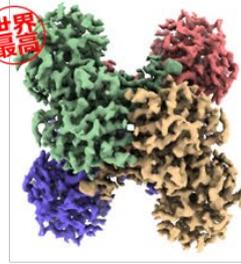
GroEL
1.99 Å



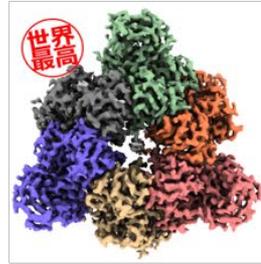
Apoferritin
1.29 Å
(最高1.22Å)



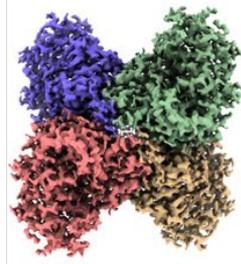
β-galactosidase
1.81 Å



GAPDH
2.16 Å



V1-ATPase
3.03 Å



Aldolase
2.28 Å

Sci. Rep.
2023

mBio
投稿中

SARS-CoV-2 スパイクタンパク質

- VHH抗体複合体: 3種
- Fab抗体複合体: 3種
- 2種
- 変異体: 2種

Sci Rep.
2022

抗体医薬品開発の
加速化にも貢献

試料取得後
3日で解析完了

BA.4/5株
 $IC_{50} = 0.29 \mu\text{g/ml}$

BQ1.1株
 $IC_{50} = 4.20 \mu\text{g/ml}$

XBB株
 $IC_{50} = 0.45 \mu\text{g/ml}$

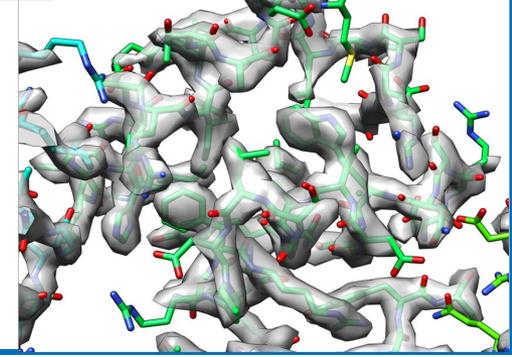
→ 優先権出願 (特願2021-170471)

薬物探索の基盤

Gridにアポ型蛋白結合

Protein X
2.7 Å

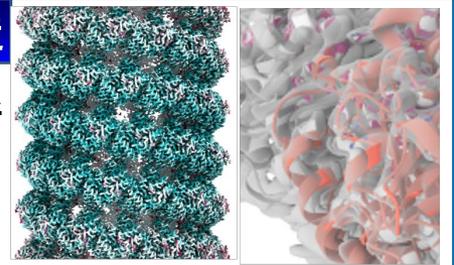
分解能が1Å
以上改善
薬物探索
可能か調査



プラットフォーム構築中 (共創本部)

新規抗菌標的構造

フィラメントで解析
2.7 Å
(1回のグリド調製)



Nat. Comm., in press

企業様との共同研究を募集！ あなたの蛋白で解析してみませんか？

- ・ 守秘性の高い開発化合物との複合体解析も実績あり
- ・ クライオ電顕は大阪大学の設備を使うので不要
- ・ 蛋白液 5 μ l (0.1~1 mg/ml) でOK

すでに何社もの会社様が利用されています。
まずは、お試し共同研究で性能を確かめてください