



PEPTIDE NEWSLETTER JAPAN

No.82

2011年10月

THE JAPANESE PEPTIDE SOCIETY

<http://peptide-soc.jp>

第48回ペプチド討論会を開催して

第48回ペプチド討論会を、平成23年9月27日（火）～29日（木）の日程で、札幌コンベンションセンター（札幌市）において開催しました。この会は、北海道大学の坂口研究室が中心となり、北海道大学・河野研究室、石森研究室、出村研究室の協力のもと運営しました。さわやかな秋晴れの中、韓国および国内より大変多くのご参加をいただき、口頭発表39件（受賞3，招待2，一般18，若手16）とポスター発表134件の総計173演題の発表がなされ、例年にも増して活発な討論が行われました。実行委員を代表して、この場をお借りし、すべての発表者と参加者の方々の多大なるご支援とご協力に感謝いたします。



坂口 和靖

本討論会では、1) アミノ酸およびペプチドの化学、2) 生理活性ペプチドの単離、構造決定および合成、3) ペプチド合成の新規な戦略と方法論、4) ペプチドの構造-機能相関、5) ペプチドの医学・薬学的研究、6) ペプチドインフォマティクス、7) ペプチドに関連したケミカルバイオロジー、8) ペプチドの構造解析、9) ペプチドのバイオマテリアルへの応用、10) その他、広くペプチド科学に関する研究を課題として取り上げました。特に今回は、広くペプチド科学に関する研究での発表が多くみられ、ペプチド科学の裾野の広がりを感じました。また、ペプチド討論会では、国際化を目指して英語での講演を推奨しておりますが、本討論会では口頭発表の半数以上、特に若手の口頭発表は16件中14件が英語での発表となりました。

受賞講演は、平成23年度日本ペプチド学会賞の下東康幸教授（九州大学）、日本ペプチド学会奨励賞の佐藤 毅助教（大阪大学）および中瀬生彦助教（京都大学）により行われました。また、韓国からの招待講演者として、Byung Woo Han博士（Seoul National大学）とYan Lee博士（Seoul National大学）を迎え、若手口頭発表としてもSeon-Yeong Kwakさん（Seoul National大学）をはじめ、韓国の学生（Seoul National大学、Gwangju Institute of Science and Technology, Korea Basic Science Institute）によるポスターも発表されるなど、サイエンスと文化における日韓友好がなされました。

本年度の討論会も若手口頭発表賞およびJPSポスター賞を選出しました。若手口頭発表賞は、16題の若

手口頭発表の中から、若手の先生方を審査委員として厳正に選考していただき、最優秀賞1名と優秀賞5名が選ばれました。JPSポスター賞についても厳正な審査の結果、10名が選ばれました。いずれの賞についても、候補者の発表内容のレベルがとても高く、激戦でありました。受賞者の方に御祝を述べるとともに、ペプチド科学の将来を担うよう益々がんばっていただきたいと思います。また、この場をお借りして審査委員の先生方に御礼申し上げます。

最後に、多大なるご支援・ご高配を賜りました各助成団体、協賛企業および日本ペプチド学会の関係者の方々に御礼申し上げます。さらに、準備と運営に貢献していただきました第48回ペプチド討論会 実行委員会委員および開催スタッフ（北海道大学、慶応大学）のメンバーに深く感謝いたします。

来年、杉村和久先生のお世話で鹿児島にて開催されます第49回ペプチド討論会の成功を心よりお祈りしております。

～各賞の受賞者～

[日本ペプチド学会賞]

下東康幸（九州大学） Peptide ligand probes for exploration into the receptor molecular mechanisms

[日本ペプチド学会奨励賞]

佐藤 毅（大阪大学） Research on the function of membrane proteins based on the peptide chemistry
中瀬生彦（京都大学） Mechanisms of efficient cellular uptake of arginine-rich cell-penetrating peptides

[若手口頭発表最優秀賞]

坂井公紀（北海道大学）

[若手口頭発表優秀賞]

木村元春（大阪大学）、小境夕紀（北海道大学）、高橋



討論会のポスター

里佳（北海道大学），西村裕一（九州大学），増田 亮（京都大学）

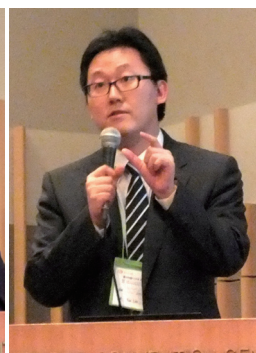
[JPSポスター賞]

Kong Sae-Rom（Seoul National大学），大崎勝弘（京都大学），北田慎吾（東京農工大学），小林慶太（甲南大学），小山正浩（信州大学），丁 昊（徳島大学），能代大輔（京都大学），広瀬久昭（京都大学），福田隆之（岡山大学），福永沙織（京都大学）

さかぐち かずやす
北海道大学大学院理学研究院
kazuyasu@sci.hokudai.ac.jp



Byung Woo Han先生



Yan Lee先生

招待講演



講演会場



懇親会-YOSAKOIソーラン演舞



ポスター発表



若手口頭発表賞受賞者



JPSポスター賞受賞者

日本ペプチド学会市民フォーラム2011報告



坂口 和靖



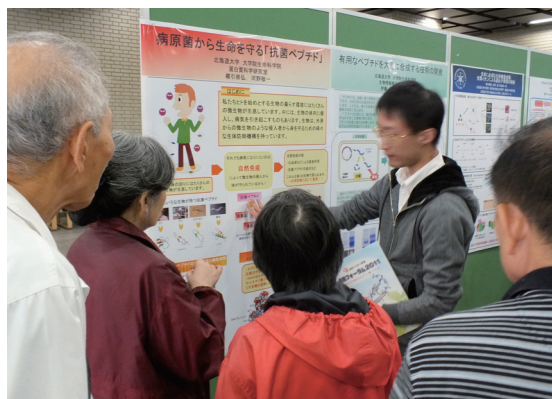
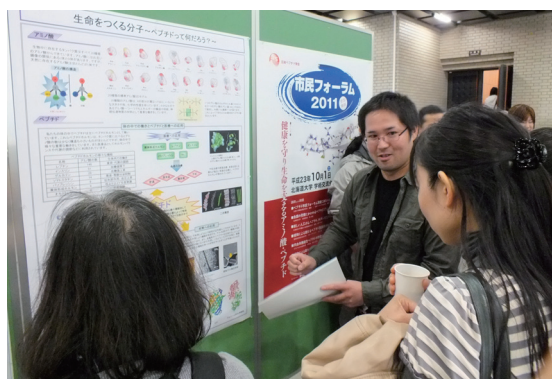
河野 敬一

日本ペプチド学会主催の市民フォーラム2011 を第48回ペプチド討論会の翌々日の10月1日（土）に北海道大学学術交流会館（札幌市北区）で開催しました。本フォーラムは、（公財）札幌国際プラザの共催、北海道教育委員会、札幌市教育委員会の後援にて行われました。

本フォーラムでは、「健康を守り生命を支えるアミノ酸・ペプチド」のテーマのもと、会長メッセージ、4人の専門家による講演、6件のポスター展示発表が行われました。講演は、まず、相本三郎会長（大阪大学）によるアミノ酸、ペプチドの簡潔でわかりやすいイントロダクションの後、西 則雄 名誉教授（北海道大学）「魚類の受精にかかわるペプチドとたんぱく質」、西村孝司 教授（北海道大学遺伝子病制御研究所）「新しい人工がんペプチド、H/K-HELPの開発とそのがん撲滅への挑戦」、松村 健 研究員（産業技術総合研究所）「植物による新たなペプチド医薬原材料生産技術の開発」、藤村達也 研究員（日本ハム中央研究所）「肉由来機能性ペプチドの効能について」の4題の講演をしていただきました。ビデオを使用した講演もあり、いずれの講演も今回のテーマにふさわしく、わかりやすいばかりでなく、学術的にも面白く、市民の皆様にとっても興味を持てただけの講演でした。会場からもたくさんの質問があり、非常に活発な市民フォーラムとなりました。また、コーヒープレークをとりながらのポスター展示発表でも、熱心な質問に対して丁寧な説明がなされ、活気に満ちた展示となっていました。札幌市民の皆様にはペプチドの面白さや重要性を十分に伝えられたのではないかと思います。



西則雄 北大名誉教授による講演



ポスター展示発表

さかぐち かずやす
北海道大学大学院理学研究院
kazuyasu@sci.hokudai.ac.jp

かわの けいいち
北海道大学大学院先端生命科学研究院
kawano@sci.hokudai.ac.jp

Korean Peptide-Protein Society News

Dear all the Japanese Peptide Society members, we have felt very sorry to hear that Japan had received a big natural disaster in last March, started from earthquake, sacrificing so many people not only destroying homes and many facilities. It was really heart breaking news for us. Our society members wanted to convey consolation from heart to all of the JPS members, and especially those, who are suffering from the national disaster.



Yoon-Sik Lee

It has been more than 10 years since we started to exchange Korean and Japanese scientists in both KPS and JPS meetings. This occasion has built a bridge between the two societies and has given such a nice chance to understand each other in full depth, scientifically and culturally.

The 14th Korean Peptide-Protein Society Symposium was held at Seoul National University, Seoul, Korea, on December 3rd, 2010. Over 200 students and researchers in the field of peptide synthesis and nanotechnology, peptides and proteins structure, and peptides in medicines participated in the previous meeting. Especially, two valuable members of Japanese Peptide Society, Prof. Ikuo Fujii from Osaka Prefecture University and Prof. Hisakazu Mihara from Tokyo Institute of Technology, kindly joined the symposium and gave interesting lectures about "Micro Antibody: Directed Evolution of Antibody-like Peptides in Phage-displayed libraries" and "A Designed Peptide Library for Protein and Cell Analyses".

On December 1, 2011, the 15th Korean Peptide-Protein Society Symposium will be held at Korea Basic Science Institute, Ochang, Korea. From Japanese Peptide Society, Prof. Yuji Ito from Kagoshima University and Prof. Hironobu Hojo from Tokai University will give the lectures about "Peptide Designs for Affinity Ligands of Immunoglobulin by Random Peptide Phage Library" and "Synthesis of Glycoprotein by Ligation Method". Also, other great researchers including Dr. Kyung Sang Lee from NCI/NIH, USA will give us 8 interesting lectures. In addition, there will be a unique opportunity for young investigators to present their papers in oral and poster presentations. The detailed schedule will be introduced through our homepage: <http://www.kpps.or.kr/>

We encourage active participations from JPS in the 15th Korean Peptide-Protein Society Symposium. Through the active exchange of experiences and ideas between Japan and Korea, we can take advantage of the synergy of co-works in different fields and strengthen and promote closer cooperation in peptide & protein-related research areas in both countries.

15th Korean Peptide and Protein Symposium

General Information

Date & Location

- Date: December 1st, 2011
- Meeting Location: Ochang Center, Korea Basic Science Institute
804-1, Yangcheong-ri, Ochang,
Cheongwon, Chungbuk.

Topic

- Structure of Peptide and Protein
- Synthetic Methods
- Peptide Discovery

Presentation

- Oral Presentation (English)
- Poster Presentation

Registration Fees

- Member/Non-member ₩ 50,000 (KOR)
- Students ₩ 30,000 (KOR)

Chair

Jeong Kyu Bang, Ph. D.
Division of Magnetic Resonance, Korea Basic Science Institute
e-mail: bang@kbsi.re.kr

Yoon-Sik Lee
President of the Korean Peptide-Protein Society
yslee@snu.ac.kr



Transmembrane helices association in the role of membrane protein folding and assembly

Introduction

In general, a multitude of integral membrane proteins is simultaneously synthesized and integrated into various membranes followed by association into homo- or hetero-oligomeric complexes.¹ Sequence-specific associations between α -helical transmembrane (TM) domains support the proper assembly of many integral membrane proteins. Biochemical and functional analyses, molecular modeling, and structural studies have indicated that the association of TM helices is driven by a close packing of their characteristically shaped surfaces.² These packing associations may result in pairs of α -helices with a right-handed twist, as exemplified by glycophorin A.³ Other TM associations involve a leucine zipper-type of side chain packing, as is known to occur in certain membrane proteins such as phospholamban.⁴ This review will describe our recent studies on the transmembrane helices association in the role of membrane folding and assembly.



Shi-Zhong Luo

Role of Polar Residues interaction

In many integral membrane proteins, polar residues are found in the middle of the transmembrane helices. These polar residues are typically indispensable to the biological function of the host proteins. However, few studies have been carried out to address the chemical properties of polar residues in the lipid bilayer environment and their effects on the stability, structure and function of their host proteins.

One of the best characterized cases are the polar residues in the transmembrane domains of adaptor protein DAP12, a family of receptors that bind and induce immune response to the signal transduction across membranes by studying of the association of transmembrane α helices. The DAP12 TM aspartic acid pair of these signaling dimers is located either close to the center, matching the location of the basic TM residue of the interacting receptor. Thus, the formation of the DAP12 complex depends on mostly the interactions between the transmembrane helices of DAP12 and DAP12-associated receptor. As shown in Figure 1, an Arg residue is present in DAP12-associated receptor transmembrane domain and an Asp residue in DAP12 transmembrane domain. These polar residues are critical to the interactions among the transmembrane helices, and the stability of the receptor complex. For instance, replacing the Arg residue with Leu eradicates the formation of the receptor complex. Although the importance of polar residues in immune receptors has been firmly established, the underlying molecular mechanism remains unclear. Our laboratory

has been actively engaged in chemical preparing DAP12 and DAP12-associated receptor transmembrane peptides with the aim of undertaking structure-function studies to determine the molecular basis of their association specificity and biological activity. We have also recently completed a systematical study of DAP12 and DAP12-associated receptor transmembrane association which shows the polar residues play important role on the assembly of DAP12 and DAP12-associated receptor complex.

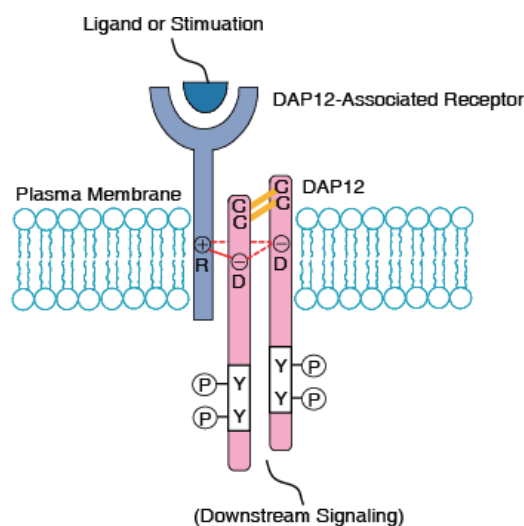


Figure 1. Schematic illustration of a typical DAP12 receptor complex

The Polar Residues within a Leucine Zipper Motif

Glycoprotein (GP) Ib-IX-V complex (CD42) is one of the major adhesion receptors expressed on the surface of circulating platelets, which mediates adhesion of platelets to the subendothelial matrix at sites of injury by binding von Willebrand factor (vWF).⁵ Once the vWF ligand binds to the extracellular domain of Ib α , the GP Ib-IX-V complex transmits a signal across the membrane that activates intracellular effectors and stimulates integrin $\alpha_{Ib}\beta_3$, leading to platelet activation and aggregation.^{6,7} Malfunction of this multi-subunit receptor complex can lead to severe bleeding diathesis and contribute to many cardiovascular diseases.⁸ However, how this complex carries out its multi-faceted functions is not clear, primarily due to poor understanding of its structure and organization. Elucidating the assembly principles of the GP Ib-IX-V complex will facilitate understanding of GP Ib-IX-V-mediated transmembrane processes.

Experiments with the transmembrane (TM) domains of the Glycoprotein (GP) Ib-IX complex have indicated that the associations between the TM domains of these subunits play an important role in the proper assembly of the complex.^{9,10} As a first step towards understanding these associations, we previously found that the Ib β TM domain dimerized strongly in *Escherichia coli* cell membranes and led to Ib β TM-

CYTO (cytoplasmic domain) dimerization in the SDS-PAGE assay, while neither Ib α nor IX TM-CYTO were able to homodimerize.¹¹ Our studies show that this interface is based on a leucine zipper-like heptad repeat pattern of amino acids. Mutating either one of polar residues Gln129 or His139 to Leu or Ala disrupted Ib β TM dimerization dramatically, indicating that polar residues might form part of the leucine zipper-based dimerization interface. The computational modeling studies further revealed that the most likely leucine-zipper interface involves hydrogen bonding of Gln129 and electrostatic interaction of the His139 side chain. Correlation of computer modeling results with experimental mutagenesis studies on the Ib β TM domain may provide insights for understanding the role of the association of TM domains on the assembly of GP Ib-IX complex.¹²

Conclusion

The folding and assembly of membrane proteins are believed to be different from soluble proteins, given the clear difference between membrane environment and aqueous environment. Many membrane proteins exist as oligomeric complexes, but little is known about how they are assembled and how their interactions facilitate their functions. The most important component of these interactions is the specific interactions among the transmembrane regions. TM-TM interactions are not only important for maintaining the tertiary and quaternary structures but also play important roles in the functions of integral membrane protein complexes. Our finding shows that the specific residues interaction is involved in the transmembrane association and these findings may provide insights for understanding the role of TM-TM associations in the assembly of the membrane protein.

Reference

1. Popot, J.L.; Engelman, D.M., *Biochemistry* **1990**, 29 (17), 4031-7.
2. Russ, W.P.; Engelman, D.M., *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **1999**, 96 (3), 863-8.
3. MacKenzie, K.R.; Prestegard, J.H.; Engelman, D.M., *Science (New York, N.Y.)* **1997**, 276 (5309), 131-3.
4. Oxenoid, K.; Chou, J.J., *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **2005**, 102 (31), 10870-5.
5. Andrews, R.K.; Gardiner, E.E.; Shen, Y.; Whisstock, J.C.; Berndt, M.C., *The international journal of biochemistry & cell biology* **2003**, 35 (8), 1170-4.
6. Du, X., *Current opinion in hematology* **2007**, 14 (3), 262-9.
7. Berndt, M.C.; Shen, Y.; Dopheide, S.M.; Gardiner, E.E.; Andrews, R.K., *Thrombosis and haemostasis* **2001**, 86 (1), 178-88.
8. Lopez, J.A.; Andrews, R.K.; Afshar-Kharghan, V.; Berndt, M.C., *Blood* **1998**, 91 (12), 4397-418.

9. Luo, S.Z.; Mo, X.; Afshar-Kharghan, V.; Srinivasan, S.; Lopez, J.A.; Li, R., *Blood* **2007**, 109 (2), 603-9.
10. Luo, S.Z.; Mo, X.; Lopez, J.A.; Li, R., *J Thromb Haemost* **2007**, 5 (12), 2494-502.
11. Luo, S.Z.; Li, R., *Journal of molecular biology* **2008**, 382 (2), 448-57.
12. Wei, P.; Liu, X.; Hu, M.H.; Zuo, L.M.; Kai, M.; Wang, R.; Luo, S.Z., *Protein Sci.* accepted.

Shi-Zhong Luo

College of Life Science and Technology,
Beijing University of Chemical Technology, China
luosz@mail.buct.edu.cn

ペプチドを用いた分子イメージング

1. はじめに

近年、創薬プロセスの革新やテーラーメイド医療の実現に向けて“分子イメージング”技術の応用が注目されている。分子イメージングとは“生体内での分子プロセスを可視化するための基礎的・臨床的研究、および開発された可視化手法を利用する応用研究であり、新しいイメージング技術によって生命体を明らかにしていこうとするもの”と定義されている¹⁾。ペプチドの分子イメージングを具体的に説明するなら、動物に投与したペプチド薬剤の体内動態を可視化・定量し、その機能・効果・副作用・疾患部位を特定・診断・予知医療などを行うこととなる。



長谷川功紀

分子イメージング分野ではPET (positron emission tomography) が検出感度の面において現時点で最も優れており、投与する標識薬剤は低用量で分析が可能である。本稿ではPETについての装置、薬剤調製、またペプチドの分子イメージングがもたらす診断・治療の将来展望について概略を述べる。

2. PET装置の概略

PET装置では放射標識された分子プローブを用いる。ペプチドを放射標識し、それを動物（ヒトも含め）に投与して、その分布をPET装置により撮像する。PETでは標識にポジトロン放出核種を用いる。ペプチドの研究に用いられる核種としては¹⁸F (半減期 $t_{1/2}$ = 109.7分), ⁶⁸Ga ($t_{1/2}$ = 67.7分), ⁴⁴Sc ($t_{1/2}$ = 3.9時間), ⁶⁴Cu ($t_{1/2}$ = 12.7時間), ⁸⁶Y ($t_{1/2}$ = 14.7時間), ⁷⁶Br ($t_{1/2}$ = 16.2時間), ⁸⁹Zr ($t_{1/2}$ = 78.4時間), ¹²⁴I ($t_{1/2}$ = 100.3時間) などがある。ポジトロン放出核種の特徴は原子核から陽電子（ポジトロン）が放出され、移動した後（陽電子飛程）、物質中の電子と結合し対消滅する。この対消滅の際に反対方向へ1対の消滅放射線を放出する（図1）。

この対消滅放射線は電子（陽電子）の静止質量エネルギーに相当する511keVのガンマ線であり、すべての核種で同じになる。これを体外に並べた検出器で同時計測することによりコリメーターを用いずに線源の方向を同定している。これが同じ放射性薬剤を用いるSPECT

ポジトロン放出核種の原子核

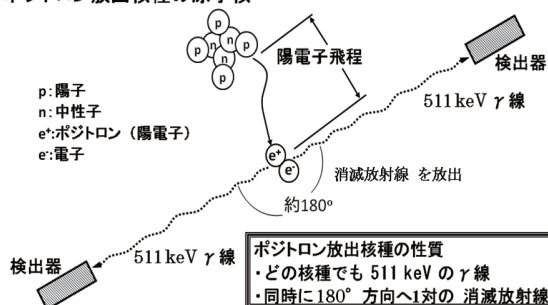


図1 ポジトロン壊変の模式図

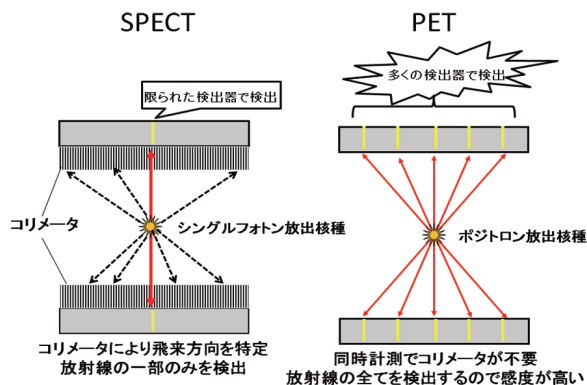


図2 SPECTとPETの違い

(single photon emission computed tomography) に比べ感度が100～1000倍程度となる理由である (図2)。

筆者らはペプチドを用いたPETプローブの合成法を開発している。

3. ペプチドをPETプローブ化する理由

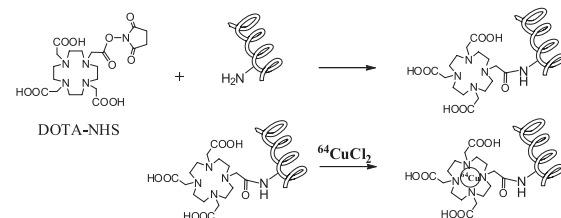
分子プローブは標的となる分子 (例えば受容体など) と特異的に相互作用して標的分子の存在・機能を明らかにする。つまりはPET検査と言っても、用いる分子プローブによって検査する機能は異なる。臨床で最も用いられている¹⁸F-FDG-PETは¹⁸F標識したグルコース誘導体を用いる。よって糖代謝の活発な機能部位をイメージングしていることとなる。このようにPET検査の目的を規定するのは分子プローブの性質であり、それぞれの疾患や機能検査に対応した多くの分子プローブが研究・開発されている。ペプチドのPETプローブ化は其中でも注目を浴びている。なぜなら分子生物学、細胞生物学の進展により腫瘍の増殖・浸潤など疾患の各ステージングに対するマーカー分子に対して特異的に結合するペプチドが多く報告されており、これらのペプチドを医薬品化しPETプローブ化できれば非侵襲的に詳細な疾患の検査・診断ができるからである。

4. ペプチドの標識

ペプチドの放射標識において重要なポイントは受容体等と結合する活性部位を避けて標識することである。よってペプチド化学の知識を駆使して、部位特異的に標識する合成法が求められる。筆者らの用いている標識法は、まずペプチドにキレーターを結合させ、そこにポジトロン放出金属核種を錯形成し

て標識する方法である²⁾。キレーターとしてはDTPA (diethylene-triamine-pentaacetic acid) やDOTA (1, 4, 7, 10-tetraazacyclododecane-1, 4, 7, 10-tetraacetic acid), NOTA (1, 4, 7-triazacyclononane-1, 4, 7-triacetic acid), CB-TE2A (4, 11-bis (carboxymethyl) -1, 4, 8, 11-tetraazabicyclo[6.6.2]hexadecane) などがある (図3)。標識する金属核種、体内安定性、標識条件等を考慮してキレーターは選択される。

DOTA-NHSを用いた修飾



代表的なキレーター

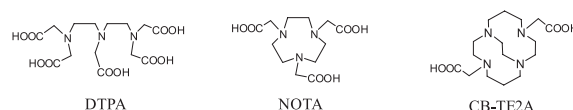


図3 キレーターを用いた標識法と代表的なキレーター

ペプチドの標識化研究では1999年にHeppelerらがキレーターに保護基を付加したDOTA-tris (tert-butyl ester) を用い、固相合成法でN末端特異的DOTA修飾ペプチドの合成を報告している³⁾。その後DOTA-tris (tert-butyl ester) がMacrocyclics社より市販されるに至り多くの標識ペプチドが合成されてきた。

しかしこの方法はDOTA-tris (tert-butyl ester) が高価で、さらに脱保護に時間を要するという難点がある。そこで筆者らは安価な無保護DOTAを出発原料に、固相法と組み合わせ、N末端DOTA修飾ペプチドの合成法を開発した。DOTAをDMSO溶媒に懸濁させNHS (N-Hydroxysuccinimide), EDCI (1-ethyl-3-(3-dimethylaminopropyl) carbodiimide) を加え徐々にDOTAの活性エステル体を生成させる。DMSOは固相樹脂を膨潤するのでこの方法は固相法に適用できる。そこで固相上でN末端アミノ基に上記のDOTA活性エステル体を反応させ、N末端特異的DOTA修飾ペプチドの合成に成功した⁴⁾。これにより安価で、またN末端特異的DOTA修飾された標識前駆体が簡便に得られる。ペプチドは比較的短時間で、全身分布・集積・クリアランスされ、また熱・酸処理に安定であること、投与後のDOTAとの結合安定性、高い比放射能、標識率等を考慮すると、⁶⁸Ga (t_{1/2}=67.7分) 標識されることが多い。⁶⁸GaはpH3.5のHEPES緩衝液中、マイクロウェーブ加熱にて120℃、10分間で錯形成を行い、筆者の所属する施設では標識率70%程度、比放射能60 MBq/nmol以上で標識を行うことに成功している。

筆者らはこの方法によりソマトスタチンの代謝耐性アナログペプチドOctreotideに⁶⁸Ga標識し、ソマトスタチン受容体を高発現しているラット膵臓β細胞の可視化に成功している (図4)。この方法をヒトに適用すれば非侵襲的に膵臓β細胞の評価を行うことができ、糖尿病の早期診断・薬剤開発に適用できると考え

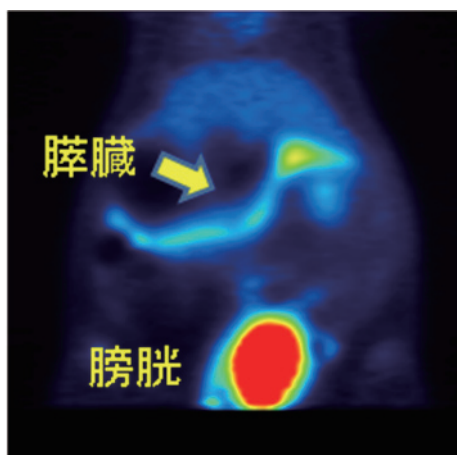


図4 ソマトスタチン受容体イメージング
ラット膵臓へのプローブ集積 (黄矢印)

ている。現在、このプローブは臨床試験に向けて準備中である。

5. おわりに

2008年に厚生労働省よりマイクロドーズ臨床試験のガイダンスが発表された⁵⁾。これはphase Iよりも前段階で、微量の薬剤をヒト投与し、薬物動態を早期に評価することで、薬物動態が原因の薬剤開発失敗の費用損失を回避しようというものである。このガイダンスにより、日本においても薬物シーズを、世界に先駆けてヒトに初めて投与・使用する臨床試験への道が開かれた。臨床で用いているPET装置でも、当施設で提供している高い比放射能であれば、ヒトにおいても極微量(10 nmol以下)の標識被験化合物で体内動態を非侵襲的に評価できる。よって今後、多くのペプチド性薬剤を標識し、マイクロドーズ臨床試験を行うことでペプチド性薬剤の開発を促進できることが期待されている。またペプチド性薬剤の腫瘍集積性をPETで評価し、患者選択を行った後に、同じ薬剤に¹⁷⁷Lu等のβ線放出核種を標識し内放射線治療することが欧州では行われている⁶⁾。このように今後、様々な性質を有するペプチド性薬剤が開発され、診断から治療まで幅広く用いられることが期待されている。筆者も今後、ペプチドの知識を大いに活用して、新しい診断・治療法の開発を行っていきたい。

最後にこのような寄稿の機会を与えて頂きました大阪大学蛋白質研究所蛋白質化学研究部門蛋白質有機化学研究室川上徹先生に感謝申し上げます。

参考文献

- 1) 日本分子イメージング学会 : <http://www.molecularimaging.jp/about/>
- 2) Thaddeus J.W. et al., *Chem. Rev.*, **110**, 2858-2902, 2010
- 3) Heppeler A. et al., *Chem.-A Eur. J.*, **5** 1974-1981, 1999
- 4) Hasegawa K. *Peptide Science* 2008, 45th, 417-418, 2008
- 5) 厚生労働省 : <http://www.mhlw.go.jp/topics/bukyoku/isei/chicken/dl/080705.pdf>
- 6) Phillip G. C., *Eur. J. Nucl. Med. Mol. Imaging.*, **38**(2), 302-11, 2011

はせがわ こうき
理化学研究所分子イメージング科学研究センター
分子プローブ動態応用研究チーム
hkoki@riken.jp

PEPTIDE NEWSLETTER JAPAN

編集・発行 : 日本ペプチド学会
〒562-8686 箕面市稲 4-1-2
(株)千里インターナショナル内

編集委員

野水 基義 (担当事務)
(東京薬科大学薬学部)
TEL・FAX 042-676-5662
e-mail: nomizu@toyaku.ac.jp
坂本 寛 (九州工業大学大学院情報工学研究院)
TEL 0948-29-7815, FAX 0948-29-7801
e-mail: sakakan@bio.kyutech.ac.jp
小出 隆規 (早稲田大学先進理工学部)
TEL 03-5286-2569, FAX 03-5286-2569
e-mail: koi@waseda.jp
川上 徹 (大阪大学蛋白質研究所)
TEL 06-6879-8602, FAX 06-6879-8603
e-mail: kawa@protein.osaka-u.ac.jp
松島 綾美 (九州大学大学院理学研究院)
TEL 092-642-4353, FAX 092-642-2607
e-mail: ayami@chem.kyushu-univ.jp

(本号編集担当 : 川上 徹)