

## Symposium

01

電子・熱・化学エネルギーの生体内伝達と地域社会実装に向けた基盤研究

How is 'ENERGY' generated/transferred across the cellular systems?

オーガナイザー：和田 啓（宮崎大）、榊原 陽一（宮崎大）

Organizars: Kei Wada (Univ. Miyazaki)、Yoichi Sakakibara (Univ. Miyazaki)

生体反応を駆動する“エネルギー”は、電磁場、熱、化学エネルギーなど多様であり、生体にはこれらを生み出し、伝達するシステムが備わっている。例えば、生体のエネルギー通貨と謳われているATPのエネルギーは、リン酸無水物共鳴構造に由来しており、様々な蛋白質が酵素反応に利用することでエネルギーが伝達されている。その他、生体内には活性硫黄と呼ばれるエネルギー媒体や、電子を発生し伝達する系、熱エネルギーを利用する系などが存在する。本シンポジウムでは、生体内のエネルギー伝搬に関わる分子群と、その応用に向けた最新的话题を提供させて頂く。

The cellular systems involved in the generation/transfer of ENERGY are 'awesome'. For instance, ATP is known in biochemistry as the "molecular currency" of intracellular energy transfer; that is, ATP is able to store and transport chemical energy within cells. The cells also possess the sophisticated systems including the utilizing the reactive sulfur species and the transfer mechanism of the electrons and the thermal energy. This symposium covers a variety of topics regarding the recent findings and advances in the biochemistry/chemistry of the energy related compounds.

02

台湾—日本 二国間シンポジウム：X線結晶構造解析とクライオ電顕

Taiwan-Japan joint symposium on structural biology using X-ray crystallography and cryo-EM

オーガナイザー：村田 武士（千葉大）、横山 謙（京都産業大）

Organizars: Takeshi Murata (Chiba Univ.)、Ken Yokoyama (Kyoto Sangyo Univ.)

数年前までは構造解析といえば、X線結晶構造解析だったが、最近のクライオ電顕の波はすさまじい。結晶を必要としないメリットは絶大だが、X線ほど電顕は一般化されておらず、利用できるクライオ電顕の数もまだ少ない。本二国間シンポジウムでは、台湾と日本の構造生物学者から最先端の研究を紹介していただき、本分野の問題点とさらなる展望について議論したい。

Cryo-electron microscopy (cryo-EM) is rapidly becoming the main technology for studying 3D structures of proteins, while X-ray crystallography is a powerful traditional tool in structural biology. At the same time, we are facing several issues for cryo-EM such as machine-time limitation, and grid preparation difficulties. In this joint symposium, cutting-edge results using these methods are presented by researches from Taiwan and Japan, and we discuss the mutual methodological problems and future view in this field.

03

オーストラリア—日本 交流シンポジウム：生体分子相互作用と介在する力にフォーカスした生物物理学の挑戦

ASB-BSJ Joint Symposium: Current challenges in biophysics centering on biomolecular interactions and the underlying forces

オーガナイザー：西坂 崇之（学習院大）、Marc Kvansakul（La Trobe Univ.）

Organizars: Takayuki Nishizaka (Gakushuin Univ.)、Marc Kvansakul (La Trobe Univ.)

To promote greater engagement between the Australian Society for Biophysics and Biophysical Society of Japan we created this exciting symposium featuring presentations spanning the full breath of current challenges in biology that center on biomolecular interactions and the underlying forces driving them. Topics include determination of the forces and interactions between biomolecules including proteins, lipids as well as engineered biomolecular structures to understand the fundamental forces required to maintain or destroy life. Speakers from both societies will discuss advances in understanding the effect of direct attachment on environmental surfaces on the motility and survival of bacteria; principles governing the generation of rhythmic force in animal muscles and cardiac tissues which power life; and lastly, insights into the ability of proteins to change the architecture of lipid bilayers in order to control cellular membranes or contribute to immunity. These exciting presentations provide novel insights into the functions of proteins and their molecular mechanisms of action that control the biological processes that underpin life as we know it.

04
読む x 解く、代謝のアダプテーション
Measure x Analyze Metabolic Adaptation of Biological Systems
オーガナイザー：岡田 眞里子（大阪大）、馬場 健史（九州大）
Organizars: Mariko Okada (Osaka Univ.)、Takeshi Bamba (Kyushu Univ.)
生命は環境変化に応じてダイナミックに代謝を調整することによって恒常性を維持している。細菌や植物の環境応答や人の疾患における代謝のリワイリングは、まさに生物による代謝アダプテーションの結果である。代謝アダプテーションの理解は、代謝物のみならずDNA・RNA・タンパク質の階層もまたいで密接に連動する動的なトランスオミックスなネットワークを読み解くことにより達成される。本シンポジウムでは、代謝恒常性のトランスオミックスを読む、解く、さまざまな研究者のアプローチや研究を紹介したい。
The life system is maintained by dynamic tuning of metabolisms. Rewiring of the metabolic networks in bacteria, plants or human diseases is considered to be the results of the adaptation of their whole-body metabolisms to environment. The molecular mechanism underlying the metabolic adaptation can be only understood through measuring and analyzing "trans-omic" network, consisting of interactions among molecules across multi-omic layers, such as genome, transcriptome, proteome, and metabolome. Here we hold this symposium to shed light on strategies and obstacles in integrating multiple omic layers to establish trans-omic approaches, and to have discussions with cutting edge researchers in omics research fields.

05	※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers
遺伝子制御の原理に迫るクロマチン動態の物理学	
Physics of chromatin dynamics – towards understanding the regulation of gene expression	
オーガナイザー：伊藤 由馬（東京工業大）、木村 暁（遺伝研）	
Organizars: Yuma Ito (Tokyo Inst. Tech.)、Akatsuki Kimura (Natl. Inst. Genetics)	
真核生物のゲノムDNAは高度に組織化されたクロマチン構造として細胞核内に存在する。近年クロマチン構造の物理的特性や動態自体が遺伝子発現制御に重要であることが明らかになってきている。本シンポジウムでは、クロマチン構造や動態が物理の観点からどのように記述できるか、また遺伝子発現制御の理解に物理学の手法や視点がどのように寄与するか、といったクロマチンの物理学に焦点を当て、多様なアプローチでクロマチン動態に迫る最新の研究を紹介する。	
In eukaryotic cells, genomic DNA is packed into the nucleus with a highly organized chromatin structure. Recent studies have revealed that the physical property of chromatin structure and its dynamics is important for the regulation of gene expression. In this symposium, we focus on the physics of chromatin dynamics: how can the structure and dynamics of chromatin be described in terms of physics, and how can the methods and viewpoints of physics contribute to understand the regulation of gene expression. The speakers will introduce their recent studies using various methodology including experimental and theoretical approaches that captures the essential physics of chromatin dynamics.	

06	※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers
量子科学で捉える生命現象	
Understanding biological systems with quantum science and technology	
オーガナイザー：市村 垂生（大阪大）、塗谷 睦生（慶應大）	
Organizars: Taro Ichimura (Osaka Univ.)、Mutsuo Nuriya (Keio Univ)	
近年、量子科学を基盤にした量子技術が著しい進展を見せており、これらの技術・視点は、生命現象の計測技術や解釈に革新的な展開をもたらすと期待されている。その一方、生命科学研究への応用はまだ黎明期にあり、今後、更なる飛躍が期待される。本シンポジウムではこのような試みを目指す量子生体領域の研究者らが最新の研究成果を紹介し、会場との議論を通して量子科学と生物物理学の融合領域の将来展望を模索する。	
Recent years have witnessed remarkable progresses in quantum technologies based on quantum science, and these technologies and viewpoints are expected to bring innovations to measurement technologies and interpretations of biological phenomena. However, its application to life science is still in its early days and further leaps are expected in the future. In this symposium, researchers in the field of quantum biology aiming at such attempts will introduce their latest research achievements, and explore the future prospects of the fusion of quantum science and biophysics through discussions with the audiences.	

07	※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers
生体分子機械の非平衡エナジेटクス	
Nonequilibrium Energetics of Biological Molecular Machines	
オーガナイザー：鳥谷部 祥一（東北大）、Chun-Biu Li（Stockholm Univ.）	
Organizars: Shoichi Toyabe（Tohoku Univ.）、Chun-Biu Li（Stockholm Univ.）	
多くの生体分子モーターが、激しく揺らぐナノスケールの世界でロバストかつ高効率で運動している。これがいかに実現されているのかは、分子設計についての一般原理、分子運動の詳細な力学、および、非平衡熱統計力学の理解等を必要とする難しいが魅力的な問いである。本シンポジウムでは、実験と理論の両方の専門家の講演を基に、分子モーターのエネルギ論について議論したい。	
Many bio-molecular motors can operate robustly and energetic efficiently in the highly fluctuating nanoscale. How these molecules achieve such remarkable functions is an intriguing question that requires the understanding of the general principles of structure and design, enzymatic kinetics and nonequilibrium physics of biological machineries. By bringing together both experimental and theoretical experts from interdisciplinary fields, this symposium aims to explore A) Novel experimental techniques to probe the energetic efficiency in the single molecule level; B) New theoretical methods to explain the biophysical principles of molecular energetics; C) Common strategies shared among different bio-molecular machines in achieving energetic efficiency.	

08	※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers
分子夾雑のスヌメ	
Invitation to multimolecular crowding	
オーガナイザー：田端 和仁（東京大）、三好 大輔（甲南大）	
Organizars: Kazuhito Tabata（The Univ. Tokyo）、Daisuke Miyoshi（Konan Univ.）	
細胞内部は、高濃度の多種多様な生体分子で占有され、生体分子の局在や濃度は、細胞の分裂周期や状態に依存して動的に変化する。生命の誕生以来、生体分子は分子夾雑環境において機能を発現するために進化を遂げてきた。しかし、分子夾雑の本質を解明する試みは、その端緒についたばかりである。本シンポジウムでは、分子夾雑とも関わる液-液相分離現象に着目し、分子夾雑研究の現状と展望を議論したい。	

The inside of the cell is occupied by a wide variety of different biomolecules, and the localization and concentration of the biomolecules change dynamically depending on the cell cycle and state. Since the beginning of life, biomolecules have evolved to express functions in multi-molecular crowding environments. However, attempts to elucidate the nature of multi-molecular crowding environment have just begun. In this symposium, we focus on liquid-liquid phase separation phenomena that are related to multi-molecular crowding, and discuss the current topics and prospects of multi-molecular crowding research.

09 ※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers

さきがけ「1細胞」は何をやっている？ 1細胞研究の醍醐味と技術革新

What is “Single-cell PRESTO” doing?

オーガナイザー：城口 克之（理研）、鈴木 団（大阪大）

Organizars: Katsuyuki Shiroguchi (RIKEN)、Madoka Suzuki (Osaka Univ.)

さきがけ領域“統合1細胞解析のための革新的技術基盤”は「1細胞」というキーワードの元に集まったヘテロな研究者の集団であり、イメージング、（蛍光）プローブ、遺伝子発現、オミックス、脳・神経、膜、核酸決定・定量、発生、熱測定・操作、細胞測定・操作・モデリング、糖鎖、などに関わる研究を進めています。本シンポジウムでは、1細胞研究の醍醐味、技術革新、新たな分野開拓への挑戦など、エキサイティングな内容をお伝えします。

We, the researchers in the “Single-cell PRESTO” project, have heterogeneous research interests. In fact, our projects are diverse; imaging, (fluorescent) probes, gene expression, omics analysis, brain/neurons, membrane, sequencing and quantification of nucleic acid molecules, development, heat-sensing /manipulation, cell-measurement /manipulation/modeling, and glycans. However, we are gathered with a keyword “single-cell studies”. Then, what is it? In this symposium, selected members will guide you to the exciting “single-cell studies” by presenting the significance and advantages of their own single-cell studies, development of new techniques, and challenges for new research fields.

10 ※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers

光操作による生命機能解析

Elucidation of biological functions by optical control

オーガナイザー：七田 芳則（立命大）、塚本 寿夫（分子科学研）

Organizars: Yoshinori Shichida (Ritsumeikan Univ.)、Hisao Tsukamoto (Inst. Mol. Sci.)

生命科学分野では、光の特性を活かした様々な操作技術の開発により、生物物理学的手法を用いた生命現象の理解が飛躍的に進展しています。例えば、オプトジェネティクスに始まった光受容タンパク質の光操作ツールとしての利用は、新たな生体機能制御にも活用されています。そこで、本シンポジウムでは、光操作技術を開発・利用して生命機能の解明を目指す若手研究者を招き、新たなツール開発を含めた研究の展開方向を探ります。

Life science has dramatically progressed through the development of powerful biophysical techniques controlling cellular functions by light. For example, Optogenetics utilizing photoreceptive proteins as an optical controlling tool has been established to analyze and manipulate various biological functions. In this symposium, active young researchers in biology and engineering will present how to elucidate biological functions by these techniques, and we and participants will discuss direction of the research in this field including necessary biophysical tools to be developed.

11

構成的アプローチを用いた進化研究：拘束と進化可能性の理解へ向けて

Constructive Approaches for Evolution: Toward Understanding of Directionality and Constraints

オーガナイザー：古澤 力（理研 / 東京大）、入江 直樹（東京大）

Organizars: Chikara Furusawa (RIKEN / Univ. Tokyo)、Naoki Irie (Univ. Tokyo)

表現型進化は必ずしもランダムに起こるのではなく、変化しやすい方向と変化しにくい方向があることが認められるが、そうした方向性と拘束が出現するメカニズムは明らかになったとは言い難い。それに対し、実験室内で進化ダイナミクスを解析する構成的アプローチによる研究が進んでいる。本シンポジウムではそれぞれの講演を通じ、進化の方向性がどのように理解できるかを議論する。

Living organisms do not evolve in perfectly random directions, instead, we recognize unevenness and directionalities in phenotypic variations and evolutionary changes. However, mechanisms for these directionality or evolutionary constraints remains unclear so far. In this symposium, we will show recent development in this field, in particular, analysis of evolutionary dynamics by constructive approaches to unveil constraints and directionalities in evolution, and discuss current subjects and future perspectives.

12 ※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers

シンギュラリティ生物学：少数の要素が全体の機能を変革する

Singularity Biology: small elements change the function of the whole systems

オーガナイザー：小松崎 民樹（北海道大）、堀川 一樹（徳島大）

Organizars: Tamiki Komatsuzaki (Hokkaido Univ.)、Kazuki Horikawa (Tokushima Univ.)

ビッグバンのように「無から有が創出される特異点」や、人工知能がヒトの知能を凌駕する技術的特異点はシンギュラリティ(臨界)と呼ばれています。極めて稀にしか起こらない少数要素のイベントが核となり、多要素システム全体の働きに不連続な変化をもたらす可能性が示唆されているものの、シンギュラリティ現象が生起される作用機序はほとんど明らかにされていません。生命現象において臨界をもたらす「シンギュラリティ細胞」にアプローチするため、稀なイベントを見逃さない、超広視野と高解像度、高速と長時間撮影を両立したイメージングプラットフォームと対応する情報解析手法の開拓が必要となります。このシンポジウムでは、シンギュラリティ現象に資する生物現象の探索、およびそのための技術開発に携わる研究者による講演を企画しました。

In the field of biological science, discontinuous critical phenomena (singularities) are broadly seen, for example, the emergence of life from the primordial soup, or the evolution and outbreak of diseases. It has been indicated that only a small number of core elements are required to bring about discontinuous changes to an entire multi-component system. However, the mechanism-of-action that generates such singularity phenomena is not yet certain. For this aim, to develop an imaging platform that will achieve both wide field-of-view high-resolution imaging and high-speed long-term imaging and information analysis methods are highly desired. In this symposium, we are aimed at exploring possible biological subjects and the associated technological developments toward uncovering the underlying mechanisms for the generation of singularity cells as well as their biological functions.

13 ※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers

1 細胞温度生物学

Single-Cell Thermal Biology

オーガナイザー：原田 慶恵（大阪大）、岡部 弘基（東京大学）

Organizars: Yoshie Harada (Osaka Univ.)、Kohki Okabe (Univ. Tokyo)

基本物理量である温度は生命活動に大きな影響を与えている。温度生物学では、種々の生物学的階層において環境温度の変化を感知し、応答するしくみを探る取り組みがなされてきた。このような中で、細胞小器官レベルでの温度計測法の出現や熱応答機構の理解が深まり、単一細胞を舞台とした温度生物学研究が可能となってきた。本シンポジウムでは、このような一細胞温度生物学研究を紹介し、ユニークな温度と生命の関わりの生物物理学的意義を議論する。

Temperature has attracted great attention in the search for deeper understanding of various life activities. In recent years, the emergence of thermometric methodologies for and insights into the thermal response of cellular organelles has opened a door for thermal biology at the single cell level. In this symposium, through the introduction of the challenges in single-cell thermal biology faces when exploring the mechanisms of thermal sensation and response inside a cell, we will discuss the fundamental principles of how temperature facilitates cell functions.

## 高次元データ駆動科学と計測インフォマティクスによる分子観察の新展開

New horizon in molecular observation through high-dimensional data-driven and measurement informatics approaches

オーガナイザー：木川 隆則（理研）、松永 康佑（埼玉大）

Organizars: Takanori Kigawa (RIKEN)、Yasuhiro Matsunaga (Saitama Univ.)

近年、情報数理的アプローチを用いた「計測インフォマティクス」により、精度・効率性が向上したインテリジェントな計測技術が実現されている。一方で今日、我々は計測技術の発展に伴う膨大なデータを前に解析に窮しており、高次元計測データから統計学や計算技術を駆使して科学的知見を得る「高次元データ駆動科学」の推進には、ビッグデータ時代に即した論理的なデータ解析・モデリング法の構築が不可欠である。本企画では、統計科学、大規模計算、分子計測法の最先端の研究成果の紹介により、高次元データ駆動科学と計測インフォマティクスの基本概念を理解するとともに、生命科学における計測と観察への応用と発展に関して議論する。

Recent intelligent measurement/analysis methods achieved by "measurement informatics" have improved resolutions and efficiencies of measurement technologies. On the other hand, we are at a loss for analyzing the vast amount of data generated through the development of those technologies. In order to promote the "high-dimensional data-driven science", which makes full use of statistics and computational technology to acquire scientific knowledge from the high-dimensional data, it is essential to establish logical data analysis and modeling methods. In this symposium, the recent advancements in statistical science, large-scale computing, and molecular measurement will be presented in order to understand the general concept of high-dimensional data-driven and measurement informatics approaches and discuss its application to life science.

## 生体運動の多様性と普遍性—細胞内ダイナミクスから集団運動まで—

Diversity and universality of motile mechanism of living things: From intracellular dynamics to collective motion

オーガナイザー：中村 修一（東北大）、鹿毛 あずさ（豊橋技科大）

Organizars: Shuichi Nakamura (Tohoku Univ.)、Azusa Kage (Toyohashi Univ. Tech.)

生命は動く。鞭毛や仮足が多様な生物種の運動を普遍的に担う一方で、他に類を見ないユニークな機構を獲得したものも多い。近年、細胞システムの再構成や、アクティブマターとしてのモデル化が生体運動への理解を深め、従来の見方の転換を迫りつつある。本シンポジウムでは、細胞内の分子挙動から集団運動まで様々な時空間スケールで生体運動を捉え、「生命はなぜ動くのか」「生命にとって運動とは何なのか」という根本的な問いへ立ち返りたい。広い意味での「生物の運動」に関わる異分野の研究者が集い、有機的な議論の場を提供する。

'Why living things move?': this question has attracted many people since the ancient Greek times. In addition to major types of cell motility such as swimming and crawling, recent studies have revealed that many organisms adopt unique mechanisms of cell motility. Moreover, reconstitution approach and mathematical modelling aim to reproduce cell-like movements. In this session, we would like to discuss diversity and universality of motile mechanism of living things in reference to such diverse studies.

※一般演題からの採択あり/Several oral presentations will be chosen from the free papers

## ゲノム機能発現の統合的理解に向けた多角的アプローチ

Integrative approaches towards understanding of gene expression

オーガナイザー：森 貴治（理研）、関根 俊一（理研）

Organizars: Takaharu Mori (RIKEN)、Shun-ichi Sekine (RIKEN)

近年、遺伝子発現の分子機構や原理に対する理解が急速に深まっており、従来のようなタンパク質単体の動態解析だけでなく、細胞環境における複数のタンパク質やDNAとの複合体形成および機能発現に関する統合的理解が必要不可欠である。本シンポジウムでは、X線結晶構造解析、クライオ電子顕微鏡、1分子イメージング、分子シミュレーションなどの様々な実験・計算技術を駆使したアプローチが、遺伝情報発現の統合的理解に向けてどこまで迫れるか俯瞰する。

Recent advances in experimental and theoretical techniques have enabled us to understand detailed mechanisms of gene expression. Since conventional approaches in vitro are usually not enough to fully understand them, integrative approaches combining various techniques are essential to reveal dynamic structures of proteins and DNA in the cell at the molecular level. In this symposium, we discuss how hybrid approaches using the X-ray crystallography, cryo-electron microscopy, single-molecule imaging, and molecular simulations can contribute to the integrative understandings of genome functions.

17

クライオ電子顕微鏡でできること、できないこと – 構造生命科学の最先端 –

What can or cannot do by cryo-EM? The forefront of Structural Life Science

オーガナイザー：吉川 雅英（東京大）、中川 敦史（大阪大）

Organizers: Masahide Kikkawa (Univ. Tokyo)、Atsushi Nakagawa (Osaka Univ.)

近年のクライオ電子顕微鏡技術の進歩は目覚ましく、複雑な生体分子や生体超分子複合体の構造が次々と明らかにされ、構造生命科学に革新をもたらしてきている。一方で、クライオ電子顕微鏡による分子構造のみから全ての生命現象が理解できるかという訳ではない。本シンポジウムでは、クライオ電子顕微鏡を中心とした最先端の様々な手法を用いて、構造生命科学が今後どのように発展していくべきかの議論を進めていきたい。

“Resolution revolution” of cryo-electron microscopy (cryo-EM) dramatically proceeded the field of structural life science. Cryo-EM is one of the best tools for structure determination of biological macromolecules, however, it is not a perfect tool to understand living system at atomic resolution. We are organizing this symposium to discuss direction of structural life science using combination of various advanced techniques including cutting-edge cryo-EM.

18 ※一般演題からの採択あり/Several oral presentations will be chosen from the free papers

分子構造ビッグデータの時代のバイオインフォマティクスの挑戦

Challenges of bioinformatics for the era of molecular structure big-data

オーガナイザー：白井 剛（長浜バイオ大）、寺田 透（東京大）

Organizers: Tsuyoshi Shirai (Nagahama Inst. Biosci. Tech.)、Tohru Terada (Univ. Tokyo)

超分子構造解析やハイスループットオミクス解析などの技術の急速な発展により、大量の分子構造データを解析し知識抽出を行うためのバイオインフォマティクス/データサイエンス技術への期待が高まっている。本シンポジウムは、AMED-BINDSにおける取り組みを中心として、この課題における最先端の研究を紹介し、今後の発展のための方向性について討論することを目的とする。

The recent rapid developments in the techniques of supramolecular structure and high-throughput omics analyses enhanced the importance of the bioinformatics/data science to analyze and mining knowledge from “molecular structure big-data”. This symposium will be focused on reviewing and discussing the recent researches in this field produced from AMED-BINDS activities.

19 ※一般演題からの採択あり/Several oral presentations will be chosen from the free papers

ポスト「京」始動を見据えた計算創薬の新展開

New horizon of in-silico drug discovery toward launching post-K computer

オーガナイザー：荒木 望嗣（京都大）、池口 満徳（横浜市大）

Organizers: Mitsugu Araki (Kyoto Univ.)、Mitsunori Ikeguchi (Yokohama City Univ.)

スパコン「京」の後継機であるポスト「京」の始動を目前にし、医薬品開発が革新されようとしている。これまで生物物理分野で培われてきた分子シミュレーション技術を最先端の実験技術や人工知能と融合させる事で、次世代の創薬計算技術が次々と誕生している。本シンポジウムでは、ポスト「京」重点課題1「生体分子システムの機能制御による革新的創薬基盤の構築」の若手・中堅メンバーにより、計算創薬の最先端について議論をしていきたい。

The drug development process is about to be innovated by launching the post-K supercomputer, which is designed to be the successor of the K computer. In recent years, various next-generation in-silico drug discovery techniques have been developed by combining fundamental molecular-simulation techniques with advanced experimental technologies or artificial intelligences (AIs). In this symposium, the forefront of the in-silico drug discovery will be discussed with young researchers in "Priority issue 1 on Post-K computer" (Building Innovative Drug Discovery Infrastructure Through Functional Control of Biomolecular Systems).

20 ※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers

高感度水素検出による生体内化学反応の制御を目指して

Toward the chemical reaction control in biological environment by high-sensitive hydrogen detection

オーガナイザー：田中 伊知朗（茨城大）、石北 央（東京大）

Organizars: Ichiro Tanaka (Ibaraki Univ.)、Hisroshi Ishikita (Univ. Tokyo)

J-PARC等の次世代中性子源により、これまで困難であったタンパク質分子の中性子回折実験も容易に行えるようになった。その結果、酵素に代表される精巧で柔軟な生体内化学反応に重要でありながら情報が乏しかった水素原子の可視化により、初めて垣間見ることのできる反応機構・分子機能が、近年急速に報告されるようになった。ここでは、構造、理論、分光、ナノデバイス各分野の第一線で活躍する研究者から、高感度水素検出科学の秘めた可能性を展望する。

Hydrogen atoms play a crucial role in biological systems, including enzymatic reactions, but the presence cannot be identified in the X-ray crystal structures. Next-generation neutron sources (e.g., J-PARC) enable us to carry out neutron diffraction analysis of proteins, which provides us a lot of useful information of hydrogen atoms. In this symposium, top researchers in the fields of structural analysis, theoretical analysis, and spectroscopic analysis of proteins and nano-devices will discuss and overview what can be elucidated by visualizing and characterizing hydrogen atoms.

21 ※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers

放射光利用生物物理研究の最前線

Frontiers of Synchrotron Radiation Biophysics

オーガナイザー：岩本 裕之（JASRI）、関口 博史（JASRI）

Organizars: Hiroyuki Iwamoto (JASRI)、Hiroshi Sekiguchi (JASRI)

シンクロトロン放射光X線の生命科学研究への用途として、最もよく用いられるのは蛋白結晶構造解析であるが、繊維回折や蛋白溶液散乱など、それ以外にも幅広い用途がある。本シンポジウムは、生物物理学研究に役立つ放射光X線利用技術のうち、特に結晶構造解析以外のものにスポットを当て、それらの技術の最近の進歩、またそれらを利用した最先端の研究成果を紹介する。

Synchrotron radiation X-rays has a wide range of applications for life sciences, including fiber diffraction and protein solution scattering, besides the most popular protein crystallography. This symposium sheds lights on synchrotron radiation techniques other than protein crystallography, and introduce the recent progress of these techniques and the results of the latest research.

22 ※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers

階層を超えた柔軟な場と空間の活用：生命システムが持つ可能性を探る

Utilization of soft compartments/interfaces from nano to macroscale: Exploring the potential of living systems

オーガナイザー：佐藤 佑介（東京工業大）、森田 雅宗（産総研）、鈴木 勇輝（東北大）

Organizars: Yusuke Sato (Tokyo Tech.)、Masamune Morita (AIST)、Yuki Suzuki (Tohoku Univ.)



生命現象の基本的な場は、生体膜で囲まれた空間あるいはその界面であると言っても過言ではない。このような「柔らかい場」特有の現象の理解は、生命の理解・再構成に貢献するだけでなく、合理的設計に基づいた人工バイオシステムの創出へとつながる。本シンポジウムでは、ナノからマクロスケールまでのさまざまな階層で「柔らかい場」が持つ可能性を議論しつつ、生命システムの活用についても展望したい。

Fundamental reactions of life occur mainly in a space surrounded by a biological membrane or on its interface. Unraveling phenomena that are specific to such a 'soft' compartment/interface not only leads to understanding the living systems but also gives us clues in designing artificial biosystems more rationally. In this symposium, we will discuss the potential and perspectives of the use of soft compartments / interfaces at several hierarchical levels, from nano to macroscale.

23 ※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers

可視化デバイス開発と数理モデル化を用いた細胞内アーキテクチャの解読

Decoding intracellular architecture using visualizing device development and mathematical modeling

オーガナイザー：北村 朗（北海道大）、樺山 一哉（大阪大）

Organizers: Akira Kitamura (Hokkaido Univ.)、Kazuya Kabayama (Osaka Univ.)

細胞は高度に組織化されたアーキテクチャである。その構造を構成する生体分子のはたらき、例えば染色体および核酸構造変化、酵素活性、翻訳後修飾を介したシグナル伝達過程などを、光イメージング手法およびマイクロな制御手法を用いて直接可視化する、あるいは数理モデル化することにより細胞内アーキテクチャの実像に迫る最新の研究成果を紹介する。四演題に加えて一般演題から二演題以上（女性・若手を優先）採択し、総合討論も行う。

Cells carry highly organized architectures. Here we introduce the frontier research findings determining the actual image of intracellular architecture such as structural change of chromatin and nucleic acids, enzymatic activity, and signal transduction process via posttranslational modification by visualization using optical imaging and microscopic control devices, or mathematical modeling. We will select more than two subjects from those for the poster presentation (female and/or young researchers are more acceptable), and also we have a comprehensive discussion.

24 ※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers

蛋白質の溶液物性計測の現状と課題

Current status and issues of protein solution biophysics

オーガナイザー：内山 進（大阪大）、谷中 冴子（分子科学研/生命創成探究セ）

Organizers: Akira Kitamura (Osaka Univ.)、Saeko Yanaka (IMS/ExCELLS)

物理化学計測法の発展により、分子間相互作用や構造変化など生体分子の振る舞いを定量的かつ系統的に解析することが可能となってきた。特に、超遠心分析、熱測定、NMR、といった溶液物性計測手法の高精度化が実現され、近年は生体環境での計測も実現しつつある。本シンポジウムでは、溶液中での蛋白質の物性、相互作用、構造についての計測手法を中心に、最新事例と課題、さらに今後の可能性について議論したい。

The development of biophysico-chemical methods has enabled us the quantitative and systematic analysis of the behavior of biomolecules including their interactions and conformations. Due to the highly sensitive and accurate measurements, even the measurement under in situ conditions are possible. In this symposium, we will introduce solution state measurement techniques, such as analytical ultracentrifugation, thermodynamic measurements, nuclear magnetic resonance. Here we will discuss the recent applications, and future possibility of these methods.

25 ※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers

ヘム蛋白質の機能を司る構造・ダイナミクスとエネルギー流：理論と実験

Structure, Dynamics and Energy Flow that Govern Heme Protein Functions: Theory and Experiments

オーガナイザー：倭 剛久（名古屋大）、David Leitner（Univ. Nevada）

Organizars:Takahisa Yamato (Nagoya Univ.)、David Leitner (Univ. Nevada)
熱ゆらぎをするタンパク質内部では密に充填されたアミノ酸残基がお互いに相互作用をしながらエネルギーをやりとりしている。近年の理論的／計算機的／実験的な研究により、蛋白質機能を司る生物物理的なメカニズムが原子レベルで明らかになってきている。とりわけ、ヘムタンパク質は天然のプローブが分子内に埋め込まれた理想的な研究対象を提供する。本シンポジウムでは各分野の演者によりヘムタンパク質機能の分子論を議論する。
Within a thermally fluctuating protein molecule under physiological conditions, tightly packed amino acid residues are interacting with each other exchanging energies between them. Thanks to the recent developments in theoretical/ computational/experimental techniques, biophysical mechanisms of protein functions have been elucidated at atomic detail. In particular, heme proteins provide an ideal research targets for biophysicists because of their natural "probe" build in a protein matrix. In this symposium, we would like to discuss recent advancement of biophysical studies on heme proteins and molecular basis of their functions.

26 ※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers
生物物理で見る脳神経回路
Cutting-edge brain research from a biophysical perspective
オーガナイザー：富永 貴志 (徳島大)、Bernd Kuhn (OIST)
Organizars:Takashi Tominaga (Tokushima Bunri Univ.)、David Leitner (OIST)
脳は百億・千億ともいわれる数の神経細胞が構成する巨大かつ精緻な情報処理装置である。神経回路でやり取りされる情報は、細胞の膜電位変化という量である。この情報を読み解き脳のしくみを理解するには、新しい生物物理学的な計測手法の開拓が必須である。本シンポジウムでは、様々な最先端の生物物理学的な手法（特に光学的な手法）で神経回路解析に挑む研究者を集め、今後の生物物理、神経科学研究の展望を俯瞰する。
The brain is an amazingly complicated and sophisticated information processing device consisting of billions of neurons and thousands of billions of connections in the mammalian brain. To understand how the brain processes information, it is essential to read out or manipulate neuronal activity on all different temporal and spatial scales. In this symposium, various state-of-the-art biophysical methods, especially optical methods, will be presented contributing towards this goal.

27 ※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers
生命現象の理解を目指す光遺伝学の新展開
Optogenetics: applying photoreceptor for understanding biological phenomena
オーガナイザー：角田 聡 (名古屋工業大)、井上 圭一 (東京大)
Organizars:SatoshiTsunoda (Nagoya Inst. of Tech.)、Keiichi Inoue (Univ. Tokyo)
オプトジェネティクス(光遺伝学)は生命現象の高次機能を光で操るための様々な技術を提供しているが、その役者となる分子はロドプシンやフラビン蛋白等の光受容体分子である。したがって光遺伝学は、光受容体の分子機能研究、細胞生物学、神経科学領域等の研究者の協力により開拓されてきた。本シンポジウムでは、分子科学、分子生物学、神経生理学などの分野に焦点を当て、各分野のエキスパートによる講演を通じて光操作研究の問題提起と今後の展開すべき道筋を議論する。
This symposium is aimed to introduce the cutting edge technology in optogenetics. Optogenetics markedly revolutionized life science. This technique allows fast and precise control of defined biological event, such as neuronal excitation, cell locomotion and gene expression, even in complex system such as freely moving animals. Optogenetics has been realized through understanding molecular properties of photoreceptors, developing new optical technique, genetics in model systems and modern brain science. In this symposium, we gather scientist with diverse expertise to discuss existing and newly emerging approaches which open new landscape for study of biology in future.

28	※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers
GPCRによる多様な情報伝達機構を解き明かす構造—機能相関研究の新展開	
Frontier of structure-function studies to unveil diverse GPCR signaling	
オーガナイザー：片山 耕大（名古屋工業大）、寿野 良二（関西医大）	
Organizars: Kota Katayama (Nagoya Inst. of Tech.)、Ryoji Suno (Kansai Med. Univ.)	
創薬の標的分子として知られるGPCRのシグナル伝達は、作動薬結合依存的な構造変化による様々なシグナルトランスデューサーとの親和性の亢進、活性化により実現される。GPCR—リガンドもしくはトランスデューサー間で起こる特異的な構造変化の分子機構を理解することで、選択的でより効果的な薬剤の開発への情報が得られる。本シンポジウムでは、GPCRの情報伝達機構の分子基盤を構築するための最新の構造—機能相関研究について紹介する。	
GPCR signaling utilizes an allosteric coupling between the extracellular facing ligand-binding pocket and the cytoplasmic domain of the receptor selectively interacting with signal transducer. This allosteric effect enables one site of the receptor to regulate the function of another spatially distinct region. Therefore, it is important to understand the molecular mechanisms behind ligand-induced changes in receptor conformation and specific transducer-recognition for the development of GPCR-based drugs. This symposium is dedicated to discuss the latest trends on the structure-function studies to explore the molecular basis of GPCR signal transduction.	

29	※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers
タンパク質の“質”を評価する	
The Quality of Proteins - Multiple Approaches for Protein Evaluation -	
オーガナイザー：小川 覚之（東京大）、内橋 貴之（名古屋大）	
Organizars: Tadayuki Ogawa (Univ. Tokyo.)、Takayuki Uchihashi (Nagoya Univ.)	
タンパク質は翻訳から機能・分解まで一生の間に様々な“質的变化”を伴う。質的变化は機能や動態の多様性を生み、生命の根幹を為す。故にタンパク質の質的变化と機能を詳細に明らかにすることは、生命の理解はもとより病態理解や医療・工業利用への基礎となる。以上の観点から本シンポジウムではタンパク質の超分子構造、溶液構造、翻訳後修飾、病態、老化など様々な質的变化の解析に着目し、医療・工業利用における品質管理等のトピックも合わせ総合的に議論したい。	
Proteins undergo a variety of their qualitative changes throughout their life. The variety of their “quality” provide their specific function and behavior, which forms the basis of biological systems. Therefore, accurate and precise analyses of the quality of proteins will deepen our knowledge in the fundamental behavior of the protein molecules in biological systems and pathogenesis. From this perspective, this session focuses on the multiple protein analyses on the protein quality, including supra-structure in solution, post-translational modification, pathogenic stress, aging, etc., from the basic research to the medical and industrial applications, and discuss about the comprehensive usage of multiple analyses.	

30	※一般演題からの採択あり／Several oral presentations will be chosen from the free papers
タンパク質のダイナミックレスポンスに関わる未解決問題への挑戦	
Challenges to get insight into unsolved problems of dynamic response in proteins	
オーガナイザー：鷹野 優（広島市大）、米澤 康滋（近畿大）	
Organizars: Yu Takano (Hiroshima City Univ.)、Yasushige Yonezawa (Kindai Univ.)	
最近の受容体研究等からタンパク質は決して静的な存在ではなく多様な外部摂動に応答する構造に内在されたダイナミックレスポンスによって様々な物理量の変換器・情報伝達マシンとして細胞内外システムに深く関わる事が明らかとなりつつあるがその物理的機構は解明の途上である。伝統的な生物物理学研究に立脚しつつもこれに捕らわれずに柔軟な思想と革新的技術を持ってこの問題に取り組む研究者の発表と議論を通じてその将来を展望したい。	

Recent studies have shown that Proteins are not static molecular machine, but play their biological role by dynamical response according to external perturbations. At present, it is believed the mechanical origin of the dynamical response involves in structure of proteins, dealing with varieties of biological systems. However, the mechanisms of the dynamic response is still debates. In this symposium, we will overlook the issue by presentations of researchers who have tackled to the problems using advanced technique or novel ideas, and discuss the future progress of this exciting scientific area.

31 ※一般演題からの採択あり/Several oral presentations will be chosen from the free papers

筋・血管系のマルチスケールメカノバイオロジーの最前線

Frontiers in multi-scale mechanobiology of muscle and vascular system

オーガナイザー：岩城 光宏 (RIKEN)、原 雄二 (京都大)

Organizars:Mitsuhiro Iwaki (RIKEN)、Yuji Hara (Kyoto Univ.)

メカノバイオロジーはここ10年で急速に興隆し、多様な生体システムを現在ターゲットにしている。特に、筋・血管系における物理刺激とその応答の重要性は、現象論レベルでよく知られているところであるが、その分子メカニズムや分子、細胞、組織、そして臓器レベルの階層を横断したマルチスケールでの関係については、まだまだ不明な点も多い。本シンポジウムでは、筋・血管系のメカノバイオロジー研究をされている国内外の気鋭の研究者を集め、最新の知見をご講演いただく。

The field of mechanobiology has grown dramatically in the past decade and diverse biological systems are currently targeted. Especially, importance of physical stimuli and the response in muscle and vascular system is well known at the phenomenological level, however, the molecular mechanism and multiscale relationships between molecules and cells, tissues or organ is still elusive. This symposium will provide an overview of the latest findings in the field, revealing the relationship between physical stimuli and activities of muscle and vascular system at each hierarchy.

32 ※一般演題からの採択あり/Several oral presentations will be chosen from the free papers

静水圧刺激により生命機能を操作する

Control of biological functions with hydrostatic pressure stimulation

オーガナイザー：畑 宏明 (東京工業大)、西山 雅祥 (近畿大)

Organizars:Hiroaki Hara (Tokyo Inst. Tech.)、Masayoshi Nishiyama (Kindai Univ.)

生き物は力に呼応してその形状と活動を変える。この力に対する応答は、その構成要素である生体分子にもそのまま当てはまる。これまで等方的で一様な力学作用である静水圧を使って、分子構造や機能活性を変える研究が実施されてきた。近年、分子を変性させない低圧力が細胞機能に影響することがわかってきた。本シンポジウムでは、個体や細胞の応答をふまえて、細胞内部で圧力に応答する分子機構の解明に主眼をおいて議論する。

Living organisms change the shape and activity as a response of external forces. The response to the force can be found in biomolecules composing life organisms. Hydrostatic pressure has been used as a tool to apply isotropic forces for investigating the force response of molecular structures and functions. However, pressures used in the previous studies were often high where the biomolecules denature. Recent studies show that much lower pressures keeping structures of biomolecules can affect cellular functions. In this symposium, we will discuss about mechanical control of cellular functions by pressure and the mechanism underlying the pressure effect.

33 ※一般演題からの採択あり/Several oral presentations will be chosen from the free papers

超解像顕微鏡による生物物理学的生理学・病理学

Biophysical Physiology and Pathology by the Application of Superresolution Microscopy

オーガナイザー：角山 貴昭 (沖縄科技大)、笠井 倫志 (京都大)

Organizars:Taka A. Tsunoyama (OIST)、Rinshi S. Kasai (Kyoto Univ.)

超解像顕微鏡の応用は急速に広がっている。その一方で、基礎となった1分子イメージングに比して、生物物理学への貢献はまだ小さい。しかしながら、超解像顕微鏡法は、生理学や病理学の重要課題について、生物物理学的概念を持ち込むことで解決するための重要な手法になると考えられる。本シンポジウムでは、このような可能性を拓く研究を行っておられる研究者に集まっていただき、有用なヒントを示唆できる会にしたいと考えている。

Superresolution microscopy is widely used now a days, while its contributions for biophysics are still smaller than single molecule imaging. However, superresolution microscopy has the potential for solving the problems in physiology and pathology from biophysical point of view. In this symposium, the speakers are leading researchers in the field, and we expect innovative ideas and fruitful discussions.

34 ※一般演題からの採択あり/Several oral presentations will be chosen from the free papers

ナノ空間の生物物理

Biophysics in Nano-space

オーガナイザー：多田隈 尚史（大阪大）、北川 大樹（東京大）

Organizars: Hisashi Tadakuma (Osaka Univ.)、Daiju Kitagawa (University of Tokyo)

蛋白質や核酸といった生体分子はナノメートルサイズであり、それらがどのように環境や他の分子と相互作用しながら、機能しているかを理解する事は重要である。本シンポジウムでは、新しい技術やアプローチで見えてきた、新規因子や現象を軸にナノ空間における生物物理を議論する。

Biomolecules such as proteins and nucleic acids are nano-meter sized materials. Therefore, it is important to understand how these biomolecules interact with each other and function in a specific environment. Recently, cutting-edge technologies and new approaches open the frontier of biophysics. Here, we will discuss the novel factors and phenomena in nano-space driving the biological activities.

35

生体機能の「ありのまま」の可視化と理解へ ～共鳴する生命現象と光技術～

Toward "Ari-No-Mama" visualization to reveal biological functions -Resonance between life science and optical technology~

オーガナイザー：宮脇 敦史（理研）、根本 知己（北海道大）

Organizars: Atsushi Miyawaki (RIKEN)、Tomomi Nemoto (Hokkaido Univ.)

生体機能の分子的な基盤や創発原理の理解解明のためには生きたままの生体内での事象の可視化と定量的な解析が重要である。また新規プローブはもとより、非線形光学やレーザーなど光技術における近年の展開は生命科学において新たなバイオイメーキングの展開をもたらしている。本シンポジウムでは、生命科学と光科学との共鳴から発展した新規手法とその応用について、新進気鋭の研究者に最新の成果と将来展望について議論を行う。

Visualization and quantitative analysis of in-vivo events are important for the understanding of the molecular basis and emergence of biological functions. Moreover, recent developments in optical technology such as nonlinear optics and lasers as well as new probes have led to the development of new bioimaging in life sciences. In this symposium, we will discuss young and energetic researchers about the latest achievements and future prospects about new methods developed from the resonance between life sciences and optical sciences.