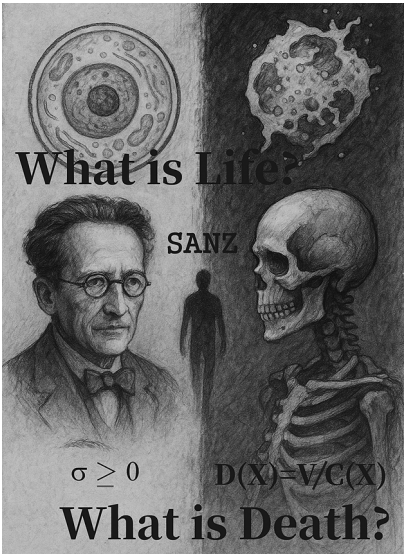
第 11 回会員総会シンポジウム：生命とは何か？死とは何か？：生物物理学からの考察

オーガナイザー：日本生物物理学会　理事会
日　時：9 月 25 日（木）12:45 〜 13:55
場　所：2 階 K 会場（天平ホール）
演　者：水野大介（九大），姫岡優介（東大），宮田真人（大阪公立大）
モデレーター：小松崎民樹（北大）
司　会：永井健治（阪大）
※このイベントは日本語で開催します。
* This event will be presented in Japanese language.



概　要：1944 年，物理学者エルヴィン・シュレーディンガー氏は『生命とは何か？（What is Life?)』の中で，生命を「秩序を秩序で維持する存在」，すなわち熱力学的な乱雑さ（エントロピー）に抗い，構造と情報を保つシステムとして捉え直した。この視点は現代の分子生物学の礎を築くとともに，生命の物理的本質に迫る問いを投げかけた。さらに 2003 年，金子邦彦氏は著書『生命とは何か』において，生命を単なる物質の集合ではなく，「多階層的な自己組織化と情報継承の動的過程」として理論的に定式化した。生命の自己複製・分化・進化を統一的に理解する枠組みが，そこで提案された。しかし，生命とは本当にそのように定義できるのか。逆に「死」とは何か，その境界はどこにあるのか。さらに，近年の合成生物学の発展により，人工的に「生きた細胞」をつくる試みが加速する中で，生命と死の概念そのものが揺らぎつつある。

そこで本シンポジウムでは，生物物理学，数理モデル，合成生物学といった異なる視点から「生命」「死」の本質に迫る。九州大学の水野大介氏が非平衡物理の視点から，生命の創発性を支える揺らぎと物性を，東京大学の姫岡優介氏が「死の相空間（SANZ)」という概念を通じて死の定量的理解を提示する。さらに，大阪公立大学の宮田真人氏が合成生物学の最前線から，人工生命の構築を通じた生命・死の再定義に挑む。これらの話題提供を起点に，北海道大学の小松崎民樹氏のファシリテートのもと，生命とは何か，死とは何か，そしてその境界をいかに捉えるべきかを多角的に議論する。**生命の定義を再考し，次世代の生物物理学の可能性を切り拓く討論の場**として，本シンポジウムを開催する。

一般社団法人日本生物物理学会　第 13 回 Biophysics and Physicobiology 論文賞受賞講演会
The 13th Award Seminar for outstanding Biophysics and Physicobiology paper

オーガナイザー：日本生物物理学会 Biophysics and Physicobiology 論文賞選考委員会
Organizers: Award committee for outstanding Biophysics and Physicobiology paper
日　時：9 月 24 日（水）15:10 〜 18:10
場　所：2 階 K 会場（天平ホール）
形　式：講演会

第 13 回 Biophysics and Physicobiology 論文賞受賞者

小島慧一
Keiichi Kojima
岡山大・学術研究院医歯薬
Fac. Med. Dent. Pharm. Sci. Okayama Univ.
アニオンチャネルロドプシンの分子理解と改変
Molecular characterization and engineering of anion channelrhodopsins

Microbial rhodopsins are a family of photoreceptive proteins containing retinal as a chromophore and play crucial roles in the photoreception of microorganisms. Recently, they have become essential tools in optogenetics to regulate biological phenomena by light. In this symposium, we will introduce recent studies on the molecular diversity and structure–function relationships of rhodopsins, including anion channelrhodopsins, based on experimental and theoretical approaches, and discuss future perspectives.

辻村真樹
Masaki Tsujimura
理化学研究所 開拓研究所
Pioneering Research Institute, RIKEN
アニオンチャネルロドプシンの分子機構の理論解析
Theoretical insights into the molecular mechanism of anion channelrhodopsins

塚本　卓
Takashi Tsukamoto
北海道大学大学院先端生命科学研究院（北大院・先端生命）
Faculty of Advanced Life Science, Hokkaido University (Fac. Adv. Sci., Hokkaido Univ.)
アニオンチャネルロドプシンの実験的研究からわかった思いがけないこと
Unexpected Insights Gained from Experimental Studies of Anion Channelrhodopsins

一般社団法人日本生物物理学会　第 14 回 Biophysics and Physicobiology 論文賞受賞講演会
The 14th Award Seminar for outstanding Biophysics and Physicobiology paper

オーガナイザー：日本生物物理学会 Biophysics and Physicobiology 論文賞選考委員会
Organizers: Award committee for outstanding Biophysics and Physicobiology paper
日　時：9 月 24 日（水）15:10 〜 18:10
場　所：2 階 K 会場（天平ホール）
形　式：講演会

第 14 回 Biophysics and Physicobiology 論文賞受賞者

関口武治
Takeharu Sekiguchi
東京科学大学 工学院 電気電子系
Dept. of EEE, Sch. of Eng., Inst. of Sci. Tokyo

蛍光ナノダイヤモンドを用いた細胞内部温度センサ
Fluorescent nanodiamonds as a robust temperature sensor inside a single cell

Diamond quantum sensors have been attracting great attention worldwide due to their potential sensitivity and their wide range of applications. Nitrogen-vacancy centers are fluorescent paramagnetic defects in diamond and serve as spin-based sensors to detect tiny signals such as temperature and magnetic field. The sensing is based on monitoring the fluorescence intensity from the diamond while applying microwave to cause electron paramagnetic resonance. Among a variety of applications, we have reported in 2018 a temperature sensing inside a single cell by using fluorescent nanodiamonds (FNDs). A single FND inside a single cell allowed temperature sensing with 1°C accuracy with robustness against various cellular environmental factors such as pH and viscosity. In the session, we'd also like to review further developments of diamond quantum sensors in particular as a high-sensitivity magnetometer for medical and other applications by using millimeter-scale diamonds. This work was supported by JSPS KAKEHNHI 26220602, by MEXT KAKENHI 15H05931, by JSPS Grant-in-Aid for JSPS Research Fellow A18J002870, and by MEXT Q-LEAP JPMXS0118067395.

波多野雄治
Yuji Hatano
東京科学大学 工学院 電気電子系
Dept. of EEE, Sch. of Eng., Inst. of Sci. Tokyo

ミリメートルスケールダイヤモンド量子センサの応用
Applications of millimeter-scale diamond quantum sensor

男女共同参画・若手支援委員会企画シンポジウム
自分推しキャリアを作ろう！ アカデミアと企業で未来を描く

オーガナイザー：日本生物物理学会　男女共同参画・若手支援委員会
Organizers: Promotion of Gender Equality and Young Researchers Committee
日　時：9 月 26 日（金）11:40 〜 13:10
会　場：2 階 F 会場
言　語：日本語
昼　食：お弁当とお茶を無料で提供いたします。ただし，数に限りがあります。
形　式：パネルディスカッション
司　会：藤原郁子（長岡技術科学大学）
発表者：石谷隆一郎（東京科学大学），酒井崇匡（東京大学），篠﨑幹彦（三菱 UFJ キャピタル株式会社），寺川まゆ（京都大学総合研究推進本部）

概　要：近年，アカデミア（学術研究）と企業（産業界）の関係性は大きく変化しています。多くの大学では URA（リサーチ・アドミニストレーター）の体制が整備され，産学連携による共同研究の促進や，大学発ベンチャー企業の増加といった動きが見られるようになりました。さらに，企業における博士号取得者の採用は増加傾向にあり，大学研究者を客員研究員や技術アドバイザーとして受け入れる企業も増えています。このように，研究・資金・人材といった多様な側面でアカデミアと企業の垣根が低くなる中で，双方の流動性が高まり，多様なキャリアパスの可能性が広がってきています。そこで本シンポジウムでは，アカデミアと企業の双方の視点と経験を共有することで，参加者の皆さまが自身のキャリアを振り返り，将来のキャリアアップを考える契機となる場を提供したいと考えています。
本シンポジウムでは，大学や企業での研究，ベンチャーキャピタル，URA など多様なキャリアを歩まれた，様々な世代・性別の登壇者の皆さまに情報を提供していただき，パネルディスカッションを行います。それぞれの立場での経験や苦労, 感じたメリット･デメリットなどをざっくばらんに語っていただきながら，これらの知見を融合し，アカデミアと企業の垣根を越えた未来のキャリア形成について考えていきたいと思います。具体的には，以下の 3 つの観点を中心に議論を展開する予定です。

[1] 研究するならどっち？ 若手研究者への羅針盤：アカデミア vs 企業
[2] 大学研究者でも起業できる！ 大学発ベンチャー企業の実情
[3] アカデミア×企業の未来図 これから求められるものとは？

本シンポジウムでは，上記の 3 つの観点を軸に，パネルディスカッション形式で皆さまと共に議論を深めていきたいと考えています。アカデミアや企業の発展に貢献したいとお考えの研究者の方々はもちろん，今後のキャリア形成について考え始めている学生や若手研究者の皆さまのご参加も心より歓迎いたします。アカデミアと企業の特徴を活かしながら，自分推しのキャリア形成を一緒に考えていきましょう。

キャリア支援説明会

オーガナイザー：日本生物物理学会 男女共同参画・若手支援委員会
日　時：9 月 24 日（水）11:50 〜 12:40
会　場：2 階 G 会場
形　式：ランチョンセミナーと個別キャリア相談会
※このイベントは日本語で開催します。
* This event will be presented in Japanese language.

概　要：若手研究者や学生の今後のキャリア構築の一助となるように，今年度も「キャリア支援説明会」を開催します。昨年の反響を受けて本年会は，（株）アカリクから講師を迎えて大学院生やポストドクター向けの就職支援活動セミナーを実施します。また，昨年度と同様に今年度も個別キャリア相談会を実施いたしますので，是非ご活用ください。博士課程出身のアカリク社員が何でも質問に答えます！

講師プロフィール

神中 俊明（かみなか としあき）

東京理科大学大学院理学研究科物理学専攻で博士（理学）を取得後，博士研究員を経て 2018 年 10 月より株式会社アカリクに所属しています。博士課程 2 年秋に所属研究室が解散した経験や博士研究員としての活動を元に現在，大学院生を始めとする研究に接する人のキャリア支援，キャリアガイダンス，ワークショップを行っています。研究を志すキャリアの見通しを良くし，研究環境をより良くすることが目標です。

アカリクについて

株式会社アカリクは「知恵の流通の最適化」を目指している企業です。大学院を経て企業へ就職を希望される方，ポスドクをはじめとするアカデミアの研究者の方のキャリア支援や，転職をされる方のサポートをしています。また，Cloud LaTeX の開発運営や，ジョブ型研究インターンシップの運営，キャリアガイダンス，FD セミナー等を通じて大学院生を始めとする研究者のキャリアがより良いものとなることを目指し，各種事業を展開しております。事業を通して研究者，大学院の環境，企業との関係をより良いものにしていきたいと考えています。

プログラム:理系大学院生や研究者の就活･転職について,「専門外就職」や「博士人材向け」の情報も交えてお話しいたします。

【Part 1】11:50 ～ 12:15　理系大学院生（修士課程，博士課程）の就職活動スケジュール
最近の就職市場の変化は著しく,大学院生も例外ではありません。ここでは現在の産業界･アカデミアの就活スケジュール，博士課程の就活の特徴と注意点についてご説明します。また，アカリクで毎月実施しているアンケート調査を元に，現代の大学院生の就活進捗についてご紹介します。

【Part 2】12:15 ～ 12:30　PD 以降の方の為の民間企業転職の手引き
博士人材は企業の採用対象として存在感を増してきています。一方で PD 以降の方の民間企業転職事情はあまり知られていません。本節では，転職活動の適切なタイミング，アカデミアから民間企業への転職事例をご紹介します。

【Part 3】12:30 ～ 12:40　トランスファラブルスキルと「専門外就職」を知る
アカデミアで身に着けた技術や高度な専門知識が，民間で 100％活かせることは多くはありません。アカデミアでの活動をトランスファラブルスキルの形で棚卸しすることで,様々な分野での活躍可能性が見えてきます。本節では，研究生活で培われるトランスファラブルスキル，実際の専門外就職事例等についてお話しいたします。

個別キャリア相談会
就職活動・キャリアに関する悩みや不安を気軽にご相談ください。本大会では，現地（ポスター・企業展示会場）での相談会を開催いたします。就活ノウハウや企業での待遇面など，分からないことがあれば遠慮なくお尋ねください。

【ブースオープン時間】
9/24（水）10:00–18:00
9/25（木）10:00–18:00
9/26（金）10:00–15:00

※直接ブースにお越し下さい。空いている場合はすぐご案内できますが，混み合っている場合は，お手数ですが時間を空けて再度お越し下さい。

科学研究費助成事業について
Reorganization of KAKENHI: Current Activities of JSPS

世話人：秋山修志（自然科学研究機構　分子科学研究所，日本学術振興会学術システム研究センター専門研究員）

Organizer：Shuji Akiyama (Institute for Molecular Science, NINS; Program Officer, Research Center for Science Systems, JSPS)

日　時：9 月 26 日（金）11:40 〜 12:40

会　場：2 階 G 会場

形　式：プレゼンテーション

※このイベントは日本語で開催します。

* This event will be presented in Japanese language.

概　要：今，日本が将来にわたって卓越した研究成果を持続的に生み出し続け，世界の中で存在感を保持できるかが問われています。こうした中，科学技術･学術審議会において，学術研究への現代的要請として，「挑戦性・総合性・融合性・国際性」の四つを挙げ，科研費制度の抜本的改革が提言されました。これを踏まえ，文部科学省では「科研費改革の実施方針」を策定し，科研費の研究種目・枠組みの見直しや審査システムの見直し（「審査システム改革 2018」）が行われ，平成 30 年度科研費（平成 29 年 9 月公募）において，新たな審査システムによる審査を実施しました。今回は，科研費制度の最近の主な変更点を中心に，制度の改善や充実を図った点等について，ご説明をいただきます。

9:00〜11:30
K 会場（天平ホール／Room K (Tempyo Hall)
1YK　日本生物物理学会若手奨励賞選考会
Early Research in Biophysics Award Candidate Presentations

オーガナイザー：男女共同参画・若手支援委員会
Organizer: Promotion of Gender Equality and Young Researchers Committee

Biophysical Society of Japan (BSJ) grants “Early Career Award in Biophysics” and “Early Career Presentation Award” to young BSJ members for their excellent presentations that show great potential to contribute to the progress of biophysics. In this 21th year, we received 44 highly qualified applications. After the first round of competitive screening based on submitted documents, the following ten applicants were selected as candidates for Early Career Award in Biophysics. In this symposium, each speaker will give a 10-minute presentation followed by a 3-minute discussion as the second round of screening. Up to five awardees of the Early Career Award in Biophysics will be selected. The best presenter will also be awarded IUPAB award from International Union of Pure and Applied Biophysics. The Early Career Presentation Award will be given to the rest of the excellent invited speakers. We welcome all the BSJ members to attend this symposium to foresee the future of biophysics in Japan through the speakers and their research.

09:00　Subhan Hadi　Kusuma　2Pos144
1YK0900　Autonomous Multicolor Bioluminescence Imaging in Bacteria, Mammalian, and Plant Hosts
Subhan Hadi Kusuma (*SANKEN, The University of Osaka*)

09:15　Yusuke　Himeoka　2Pos192
1YK0915　**「細胞死」の理論**
Theoretical Basis for Cell Death
○姫岡 優介 [1], 堀口 修平 [2,3], 小林 徹也 [1,3]（[1] 東京大学大学院理学系研究科生物普遍性研究機構, [2] 金沢大学ナノ生命科学研究所, [3] 東京大学 生産技術研究所）
Yusuke Himeoka[1], Shuhei A. Horiguchi[2,3], Tetsuya J. Kobayashi[1,3] ([1]*Universal Biology Institute, The University of Tokyo*, [2]*Nano Life Science Institute, Kanazawa University*, [3]*Institute of Industrial Science, The University of Tokyo*)

09:30　Yoshiko　Nakagawa　1Pos214
1YK0930　**一分子蛍光イメージングを用いた分子シャペロンによるアミロイド脱凝集過程のメカニズムの解明**
Amyloid conformation-dependent disaggregation of chaperone revealed by single molecule fluorescent imaging
○中川 幸姫 [1], 玉井 真悟 [1], 野村 高志 [1], 中山 隆宏 [2], 田中 元雅 [1]（[1] 理研・脳神経科学研究センター, [2] 金沢 大学 ナノ生命科学研究所）
Yoshiko Nakagawa[1], Shingo Tamai[1], Takashi Nomura[1], Takahiro Nakayama[2], Motomasa Tanaka[1] ([1]*RIKEN, CBS*, [2]*WPI Nano Life Science Institute, Kanazawa University*)

09:45 Katsuhiko Minami 2Pos062

1YK0945 **複製依存的ヒストン標識（Repli-Histo 標識）を用いて明らかにする，ヒト生細胞内のユークロマチン・ヘテロクロマチンのふるまい**

Replication-dependent histone (Repli-Histo) labeling dissects the physical properties of euchromatin/heterochromatin in living human cells

○南 克彦[1,2], 仲里 佳子[1,2], 井手 聖[1,2], 海津 一成[3,4], 東 光一[2,5], 田村 佐知子[1], 豊田 敦[6], 高橋 恒一[3], 黒川 顕[2,5], 前島 一博[1,2]（[1]遺伝研・ゲノムダイナミクス研究室, [2]総研大・先端学術院, [3]理研 BDR・バイオコンピューティング研究チーム, [4]生命創成研究センター・細胞シミュレーション研究グループ, [5]遺伝研・ゲノム進化研究室, [6]遺伝研・先端ゲノミクス支援センター）

Katsuhiko Minami[1,2], Kako Nakazato[1,2], Satoru Ide[1,2], Kazunari Kaizu[3,4], Koichi Higashi[2,5], Sachiko Tamura[1], Atsushi Toyoda[6], Koichi Takahashi[3], Ken Kurokawa[2,5], Kazuhiro Maeshima[1,2] ([1]*Genome Dynamics Laboratory, NIG*, [2]*SOKENDAI*, [3]*Laboratory for Biologically Inspired Computing, RIKEN BDR*, [4]*Cell Modeling and Simulation Group, ExCELLS*, [5]*Genome Evolution Laboratory, NIG*, [6]*Comparative Genomics Laboratory, NIG*)

10:00 Takuya Ohmura 1Pos201

1YK1000 **機械学習画像解析を活用した 3 次元バクテリアバイオフィルムの In vivo マイクロレオロジー計測**

In vivo microrheological measurement for 3D bacterial biofilm with machine learning image analysis

Takuya Ohmura[1], Dominic J. Skinner[2], Konstantin Neuhaus[3,4], Gary P.T. Choi[5], Jörn Dunkel[6], Knut Drescher[3] ([1]*RIES, Hokkaido Univ.*, [2]*Cent. Comput. Biol., Flatiron Instit.*, [3]*Biozentrum, Univ. of Basel*, [4]*Dept. Phys., Univ. of Marburg*, [5]*Dept. Math., Chinese Univ. of Hong Kong*, [6]*Dept. Math., MIT*)

10:15 Tomohiro Nobeyama 2Pos214

1YK1015 **黄金の蝶々型ナノ粒子を用いた液液相分離液滴の生成消滅制御テクノロジー**

Regulatory nanotechnology of liquid-liquid phase separated condensates formation/ deformation dynamics by using gold nano-butteflies

○延山 知弘[1], 髙田 耕児[3], 村上 達也[3], 山田 洋一[2], 白木 賢太郎[2]（[1]京都大学高等研究院, [2]筑波大学数理物質系物理工学域, [3]富山県立大学大学院工学研究科）

Tomohiro Nobeyama[1], Koji Takata[3], Tatsuya Murakami[3], Yoichi Yamada[2], Kentaro Shiraki[2] ([1]*Institute for Advanced Study iCeMS, Kyoto University*, [2]*Pure and Applied Physics, University of Tsukuba*, [3]*Graduate School of Engineering, Toyama Prefectural University*)

10:30 Naito Ishimoto 2Pos005

1YK1030 **性繊毛 H-Pilus の構造が明らかにした TrhA pilin の環状化**

Structural basis of the conjugation H-pilus reveals the cyclic nature of the TrhA pilin

○石本 直偉士[1,2,3], Wong Joshua[2], Heb Shan[2], Shirranc Sally[4], Paramio Olivia[2], Seddon Chloe[2,3], Singha Nanki[2,3], Balsalobred Carlos[5], Sonanie Ravi[6], Clements Abigail[3], Egelman Edward[6], Frankel Gad[2], Beis Konstantinos[2,3]（[1]横浜市大・院生命医科, [2]インペリアル・カレッジ・ロンドン生命科学部, [3]ハーウェルリサーチコンプレックス ラザフォードアップルトン研究所, [4]セント・アンドリューズ大学 バイオメディカル・サイエンス・リサーチ・コンプレックス・マススペクトロメトリー＆プロテオミクス, [5]バルセロナ大学 遺伝学部, [6]バージニア大学 生化学・分子遺伝学部）

Naito Ishimoto[1,2,3], Joshua Wong[2], Shan Heb[2], Sally Shirranc[4], Olivia Paramio[2], Chloe Seddon[2,3], Nanki Singha[2,3], Carlos Balsalobred[5], Ravi Sonanie[6], Abigail Clements[3], Edward Egelman[6], Gad Frankel[2], Konstantinos Beis[2,3] ([1]*Grad. Sch. Life Sci., Yokohama City Univ.*, [2]*Department of Life Sciences, Imperial College London*, [3]*Rutherford Appleton Laboratory, Research Complex at Harwell*, [4]*Biomedical Sciences Research Complex Mass Spectrometry & Proteomics Facility, University of St Andrews*, [5]*Department de Genètica, Universitat de Barcelona*, [6]*Department of Biochemistry and Molecular Genetics, University of Virginia*)

10:45 Rieko Sumiyoshi 1Pos077

1YK1045 **テザーの改変によるキネシン-1 モータードメインの基本的運動機構の解明**

Tether-dependent regulation reveals core motility mechanism of the kinesin-1 motor domain

○住吉 里英子 [1], 山岸 雅彦 [1,2], 矢島 潤一郎 [1,2,3]（[1] 東大・総合文化, [2] 東大・先進科学研, [3] 東大・生物普遍研）

Rieko Sumiyoshi[1], Masahiko Yamagishi[1,2], Junichiro Yajima[1,2,3] ([1]*Grad. Arts & Sci., Univ. Tokyo*, [2]*Komaba Inst. Sci., Univ. Tokyo*, [3]*RCCSB, UBI, Univ. Tokyo*)

11:00 Masahito Tanaka 1Pos094

1YK1100 **初期胚における一過的な核の物性変化と転写のバーストの促進**

Changes in the physical properties of early embryonic nuclei promote a transcriptional burst

○田中 真仁 [1], 坂上 凜 [2], 鷹巣 篤志 [2], 宮川 靖基 [3], 渡邉 直子 [1], Chen Yu-Chia[4], Suzuki Aussie[4], 宮本 圭 [2,3], 島本 勇太 [1,5]（[1] 国立遺伝学研究所　物理細胞生物学研究室, [2] 近畿大学　生物理工学部, [3] 九州大学　農学部, [4] ウィスコンシン大学マディソン校, [5] 総研大，遺伝学コース）

Masahito Tanaka[1], Rin Sakanoue[2], Atsushi Takasu[2], Yasuki Miyagawa[3], Naoko Watanabe[1], Yu-Chia Chen[4], Aussie Suzuki[4], Kei Miyamoto[2,3], Yuta Shimamoto[1,5] ([1]*Laboratory of Physics and Cell Biology, National Institute of Genetics.*, [2]*Graduate School of Biology-Oriented Science and Technology, Kindai University*, [3]*Faculty of Agriculture, Kyushu University*, [4]*McArdle Laboratory for Cancer Research, Department of Oncology, University of Wisconsin-Madison*, [5]*Department of Genetics, Sokendai University*)

11:15 Yuhei Hosokawa 2Pos133

1YK1115 **幅広い時間スケールでの時分割結晶構造解析により明らかになったクリプトクロムのシグナル伝達機構**

Cryptochrome signal transduction mechanism revealed by time-resolved crystallography across broad timescales

Yuhei Hosokawa[1,2,3,4], Po-Hsun Wang[2,5], Nicolas Caramello[6], Mai Nakamura[3], Sylvain Engilberge[6], Antoine Royant[6], Lars-Oliver Essen[5], Ming-Daw Tsai[2], Junpei Yamamoto[3], Manuel Maestre-Reyna[1,2] ([1]*Dept. Chem., National Taiwan Univ.*, [2]*Inst. Biol. Chem., Academia Sinica*, [3]*Grad. Sch. Eng. Sci., Osaka Univ.*, [4]*PRI, RIKEN*, [5]*Dept. Chem., Philipps Univ. Marburg*, [6]*ESRF*)

1 日目（9 月 24 日（水））／Day 1（Sep. 24 Wed.）

1SAA　実験・分子シミュレーション・情報科学の融合による分子動態可視化
Molecular motions visualized by integration of experiments, simulation, and informatics

オーガナイザー：笈口 友隆（慶應義塾大学），井上 倫太郎（京都大学）
Organizers: Tomotaka Oroguchi (Keio Univ.), Rintaro Inoue (Kyoto Univ.)

09:00〜11:30
A 会場（会議室 101+102）／Room A（Meeting Room 101+102）

Many molecules, including proteins, utilize molecular motions to express their functions, hence visualization of such motions is essential for understanding the mechanisms underlying their functionality. While integrating experimental data with molecular simulations offers a promising approach for such visualization, a gap remains: the difficulty of reproducing experimental data through simulations. This gap reduces the effectiveness of such integration. To address this issue, informatics approaches are gaining traction as powerful tools for bridging the gap. In this symposium, we present various integration strategies leveraging informatics, such as information geometry and machine learning, and discuss their potential for visualizing molecular motions.

はじめに
Opening Remarks

1SAA-1　Visualization of domain motion in multi-domain protein as studied by neutron scattering and molecular dynamics simulation
Rintaro Inoue (*Institute for Integrated Radiation and Nuclear Science, Kyoto University*)

1SAA-2　**情報幾何学による実験データと MD の統合: 蛋白質構造アンサンブル可視化への適用**
Visualization of protein conformational ensembles by integrating experiments and MD via information geometry
○笈口 友隆（慶應大・理工・物理）
Tomotaka Oroguchi (*Dept. Phys., Keio Univ.*)

1SAA-3　**高速原子間力顕微鏡データと分子シミュレーションの融合による生体分子の構造ダイナミクスのデータ同化解析**
Data assimilation analysis of structural dynamics of biomolecules by combining HS-AFM data and molecular simulations
○渕上 壮太郎 [1], 新稲 亮 [2], 加藤 傑 [2], 松永 康佑 [3], 高田 彰二 [4]（[1] 静県大・薬, [2] 理研・BDR, [3] 埼大院・理工, [4] 京大院・理）
Sotaro Fuchigami[1], Toru Niina[2], Suguru Kato[2], Yasuhiro Matsunaga[3], Shoji Takada[4] ([1]*Sch. Pharm. Sci., Univ. Shizuoka*, [2]*RIKEN BDR*, [3]*Grad. Sch. Sci. & Eng., Saitama Univ.*, [4]*Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*)

1SAA-4　**クライオ電子顕微鏡単粒子画像からの 3D モデル直接推定によるタンパク質マルチコンフォメーション状態の解明**
Uncovering Multiple Conformational States of Protein via Direct 3D Models Estimation from CryoEM single-particle images
○徳久 淳師（理研　計算科学研究センター）
Atsushi Tokuhisa (*RIKEN Center for Computational Science*)

1SAA-5 SAXS/SANS と MD シミュレーションを用いた分子複合体の統合的構造モデリング
Integrative structural modeling of macromolecular complexes using SAXS/SANS and MD simulations
○松本 淳（量子科学技術研究開発機構・量子生命科学研究所）
Atsushi Matsumoto (*iQLS, QST*)

おわりに
Closing Remarks

1SBA AI や機械学習を活用した生物物理・シミュレーション研究の探究
Exploring Biophysics and Simulation Research Using AI and Machine Learning

オーガナイザー：宮下 尚之（近畿大学），米澤 康滋（近畿大学）
Organizers: Naoyuki Miyashita (Kindai Univ.), Yasushige Yonezawa (Kindai Univ.)

09:00〜11:30
B 会場（会議室 103+104）／Room B（Meeting Room 103+104）

Recently, the application of AI and machine learning to life sciences has advanced significantly, with examples such as AlphaFold. This symposium will discuss the use of AI and machine learning in addressing various issues in biophysics, as well as their application to analytical simulation techniques and the development of new methodologies. In particular, the symposium will focus on how AI and machine learning can be utilized to analyze and understand the dynamics of bimolecular simulations.

1SBA-1 タンパク質構造変化の AI ベースモーフィングと構造ダイナミクスの Transformer 解析
AI-based Morphing of Protein Structural Changes and Transformer-based Analysis of Conformational Dynamics
○宮下 尚之[1,2], 樫山 佳広[2], 平澤 理音[1], 下河内 翔太[2], 塩田 優真[2], 清岡 亮太[2]（[1] 近畿大・生物理工, [2] 近畿大・院・生物理工）
Naoyuki Miyashita[1,2], Yoshihiro Kashiyama[2], Rin Hirasawa[1], Shota Shimogochi[2], Yuma Shiota[2], Ryota Kiyooka[2] ([1]*BOST, KINDAI Univ.*, [2]*Grad. Sch. BOST, KINDAI Univ.*)

1SBA-2 CGBack：拡散モデルを用いたバックマッピングによる粗視化タンパク質シミュレーションからの原子レベル構造の大規模再構築
CGBack: Large Scale Reconstruction of Atomistic Detail from Coarse-Grained Protein Structures with a Diffusion Model
○ウガルテ　ラ　トレ ディエゴ　レナト[1], 杉田 有治[1,2]（[1]RIKEN R-CCS, [2]RIKEN PRI）
Diego Renato Ugarte La Torre[1], Yuji Sugita[1,2] ([1]*RIKEN R-CCS*, [2]*RIKEN PRI*)

1SBA-3 Deciphering allosteric regulation in disease-associated proteins with MD simulation and deep learning
Yuko Tsuchiya (*AIRC, AIST*)

1SBA-4 機械学習を用いたタンパク質ダイナミクスや細胞ダイナミクスの次元縮約とデータ生成
Machine Learning-Based Dimensionality Reduction and Data Generation for Protein and Cellular Dynamics
○藤崎 弘士（日医大）
Hiroshi Fujisaki (*Nippon Med. Sch.*)

1SBA-5　蛋白質 MD シミュレーションデータの動的特徴量とその時間依存性を精密に同時抽出する新規機械学習法
A novel machine learning method for the simultaneous and accurate extraction of dynamic features and time dependence from MD simulations
○米澤 康滋（近畿大学 先端技術総合研究所）
Yasushige Yonezawa (*Kindai University Institute of Advanced Technology*)

1SBA-6　機械学習手法を用いたヘムタンパク質における配列構造機能相関の解析
Analysis of sequence-structure-function relationships in heme proteins by using machine learning methods
○近藤 寛子（北見工大）
Hiroko X. Kondo (*Kitami Inst. Tech.*)

1SBA-7　大規模分子動力学計算・動的モンテカルロ法・機械学習を統合した不均一系における物質輸送の研究手法
Integration of large-scale MD calculation, dynamic MC method, and machine learning to study mass transport in heterogeneous systems
○永井 哲郎 [1], 吉川 信明 [2], 陣内 亮典 [2], 木村 将之 [3], 岡崎 進 [4]（[1] 福岡大学理学部化学科, [2] 株式会社豊田中央研究所, [3] トヨタ自動車株式会社, [4] 横浜市立大学生命ナノシステム科学研究科）
Tetsuro Nagai[1], Nobuaki Kikkawa[2], Ryosuke Jinnouchi[2], Masayuki Kimura[3], Susumu Okazaki[4]
([1]*Department of Chemistry, Faculty of Science, Fukuoka University*, [2]*Toyota Central R&D Labs., Inc.*, [3]*Toyota Motor Corporation*, [4]*Graduate School of Nanobioscience, Yokohama City University*)

1SBA-8　疾患の複雑性を解読する：難病創薬のためのデータ駆動的アプローチ
Decoding Disease Complexity: Integrative Data-Driven Approaches for Rare Disease Drug Discovery
○夏目 やよい [1,2]（[1] 医薬基盤・健康・栄養研究所, [2] 徳島大学　先端酵素学研究所）
Yayoi Natsume-Kitatani[1,2] ([1]*National Institutes of Biomedical Innovation, Health and Nutrition*, [2]*Institute of Advanced Medical Sciences, Tokushima University*)

おわりに
Closing Remarks

1SCA　光の螺旋性が拓くキラル物質科学の変革：超螺旋光を用いた生物物理学への新たな挑戦
Revolution of Chiral Materials Science using Helical Light Fields: New Challenges in Biophysics using Helical Light Fields

共催 学術変革領域研究（A）「キラル光物質科学」

オーガナイザー：細川 千絵（大阪公立大学），尾松 孝茂（千葉大学）
Organizers: Chie Hosokawa (Osaka Metro. Univ.), Takashige Omatsu (Chiba Univ.)

09:00〜11:30
C 会場（会議室 105+106）／Room C（Meeting Room 105+106）

Chirality, in which objects cannot be superimposed on their mirror images, is very universal in biological sciences: for instance, the homochirality of biomolecules and cell chirality. Helical light fields, such as optical vortices possessing a helical wavefront, have demonstrated chiral crystallizations, and microfabrication of chiral materials through wavefront-sensitive light matter interactions. These demonstrations will offer potentially a new avenue in biophysics towards advanced tissue engineering with multiple helical fibers and light-induced chiral swarming of active matters. In this symposium, researchers in optics, materials science, and biophysics discuss the prospects of new challenges using helical light fields in biophysics.

はじめに
Opening Remarks

1SCA-1 生物物理学のための Structured Light
Structured light for biophysics
○尾松 孝茂（千葉大学）
Takashige Omatsu (*Chiba University*)

1SCA-2 らせんの組織工学の創製
Development of Helical Tissue Engineering
○松崎 典弥（大阪大学・大学院工学研究科）
Michiya Matsusaki (*The University of Osaka*)

1SCA-3 細胞内温度計測：蛍光性ナノ材料を用いた細胞機能の探索
Intracellular thermometry: Probing cell function with fluorescent nanomaterials
○原田 慶恵（大阪大学ヒューマン・メタバース疾患研究拠点）
Yoshie Harada (*PRIMe, The University of Osaka*)

1SCA-4 光渦/高速 AFM 複合機で光の螺旋性を可視化する
High-speed AFM combined with optical vortex visualizes optical helicity
○馬越 貴之（阪大院工）
Takayuki Umakoshi (*Dept. Appl. Phys., Univ. Osaka*)

1SCA-5 液滴およびアミロイド線維形成に至るタンパク質の光捕捉ダイナミクス
Optical trapping dynamics of protein assembly into condensates and amyloid fibrils
○茶谷 絵理 [1], 柚 佳祐 [1,2], Chien Yi-Sian[2], 増原 宏 [2]（[1] 神戸大・院理, [2] 台湾国立陽明交通大・理学院）
Eri Chatani[1], Keisuke Yuzu[1,2], Yi-Sian Chien[2], Hiroshi Masuhara[2] ([1]*Grad. Sch. Sci., Kobe Univ.*, [2]*Dept. Appl. Chem., National Yang Ming Chiao Tung Univ.*)

1SCA-6 紫外域における放射光キラル分光と生体分子の構造観測
Synchrotron radiation chiral spectroscopy in ultraviolet region and structural characterization of biomolecules
○松尾 光一（放射光・広島大学）
Koichi Matsuo (*Res. Inst. Synchrotron Rad. Sci., Hiroshima Univ.*)

1SCA-7 集光フェムト秒光渦レーザーによる単一神経細胞の刺激
Single-neuron stimulation with a focused femtosecond optical vortex laser
○細川 千絵（阪公大・院理）
Chie Hosokawa (*Grad. Sch. Sci., Osaka Metropolitan Univ.*)

1SCA-8 マウスノード不動繊毛は変形の向きを感知して左右軸を決定する
Immotile cilia mechanically sense the direction of fluid flow for left-right determination
○加藤 孝信（東大・院医）
Takanobu Katoh (*Grad. Sch. Med., The Univ. of Tokyo*)

おわりに
Closing Remarks

1SDA　動的高次構造の生物物理学: 計測から制御まで
Biophysics of dynamic supramolecular assemblies: measurement, investigation, and design
共催 JST さきがけ 「細胞の動的高次構造体」

オーガナイザー：大出 真央（大阪大学），戸田 浩史（筑波大学）
Organizers: Mao Oide (The Univ. of Osaka), Hirofumi Toda (Univ. of Tsukuba)

09:00〜11:30
D 会場（会議室 107+108）／Room D（Meeting Room 107+108）

Cells are composed of multiscale assemblies such as protein complexes, RNA-protein complexes, liquid droplets, and organelles. Tons of biomolecules orchestrate these structured components, dynamic supramolecular assemblies, to regulate pivotal functions in diverse biological processes. To understand the rich behaviors of cells based on the spatiotemporal dynamics of each supramolecular assembly, not only investigating such assemblies, but it is also important to develop measurement techniques and/or to design controllable systems. In this symposium, we will invite talented researchers from various relevant research fields and discuss cutting-edge research approaching to the dynamic function of supramolecular assemblies.

はじめに
Opening Remarks

1SDA-1　微細加工温度センサが導く単一細胞の独特な熱挙動
Unique thermal behaviors of single cells revealed by microfabricated thermometer
○猪股 直生（東北大学）
Naoki Inomata (*Tohoku University*)

1SDA-2　天然変性タンパク質の凝集を決定する配列ルールの解読
Decoding Sequence Rules for Condensation of Disordered Proteins
○足立 景亮 [1,2], 川口 喬吾 [2,3]（[1] 理研 iTHEMS, [2] 理研 PRI, [3] 東京大 理学系研究科 知の物理学研究センター）
Kyosuke Adachi[1,2], Kyogo Kawaguchi[2,3] ([1]*RIKEN iTHEMS*, [2]*RIKEN PRI*, [3]*IPI, Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo*)

1SDA-3　The cellular basis of long-term memory: L-LTP-dependent extension of endoplasmic reticulum into spines via septin 3
Natsumi Ageta-Ishihara (*Fac. Sci., Toho Univ.*)

1SDA-4　How does the nucleus move within 'super crowded' plant cells?
Hirotomo Takatsuka[1,2], Toshiki Amari[3] ([1]*Dept. Biol. Sci., NWU*, [2]*JST・Presto*, [3]*Div. Biol. Sci. Tech., Kanazawa Univ.*)

1SDA-5　**TIGR-Tas**(タイガー-タス): Nop ドメインタンパク質群によるモジュラーな RNA 誘導性システム
TIGR-Tas: Modular RNA-guided systems with Nop domain-containing proteins
○齋藤 諒（理研・開拓研究所　生命現象エンジニアリング理研 ECL 研究チーム）
Makoto Saito (*RIKEN PRI Biophenomena Engineering RIKEN ECL Research Team*)

1SDA-6　リボソーム液滴を標的とする新規抗菌ペプチド
A Novel Antimicrobial Peptide that Targets Liquid Ribosomal Condensates
○戸田 浩史（筑波大学　国際統合睡眠医科学研究機構）
Hirofumi Toda (*IIIS, University of Tsukuba*)

おわりに
Closing Remarks

1SEA　クロマチンの物性とその制御
Chromatin structure: physical properties and regulation
共催 学術変革領域研究（A）「ゲノムモダリティ」

オーガナイザー：前島 一博（国立遺伝学研究所），西山 朋子（京都大学）
Organizers: Kazuhiro Maeshima (NIG), Tomoko Nishiyama (Kyoto Univ.)

09:00〜11:30
E 会場（会議室 201）／Room E（Meeting Room 201）

Recent technology developments in imaging and genome sequencing have uncovered higher-order chromatin structures in the cell. However, their physical properties and regulation remain unclear. This symposium will explore the chromatin structure, its dynamics and regulations with cellular functions and diseases. It will also provide an interdisciplinary discussion of the chromatin structure from multiple viewpoints, including mathematics, biochemistry, cell biology, and bioinformatics.

はじめに
Opening Remarks

1SEA-1　コヒーシン HEAT サブユニット IDR のクロマチン高次構造形成における重要性
Impact of IDR in the HEAT repeat protein STAG in building higher-order chromatin structure
○西山 朋子（京大・院理学）
Tomoko Nishiyama (*Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*)

1SEA-2　Repli−Histo 標識によって明らかにする生細胞におけるユークロマチンとヘテロクロマチンの物性
Replication-dependent histone labeling dissects the physical properties of euchromatin and heterochromatin in living human cells
○前島 一博 [1,2]（[1] 国立遺伝学研究所, [2] 総研大）
Kazuhiro Maeshima[1,2] ([1]*National Institute of Genetics*, [2]*SOKENDAI*)

1SEA-3　Physical modeling of chromatin dynamics
Soya Shinkai (*RIKEN BDR*)

1SEA-4　精子クロマチン凝縮過程の追跡
Tracking the Process of Sperm Chromatin Condensation
○岡田 由紀 [1], 羽田 政司 [1], 牧野 吉倫 [1,2], 兼子 智 [1,3]（[1] 東京大学　定量生命科学研究所, [2] 札幌厚生病院, [3] エスセットクリニック）
Yuki Okada[1], Masashi Hada[1], Yoshinori Makino[1,2], Satoru Kaneko[1,3] ([1]*Institute for Quantitative Biosciences, The University of Tokyo*, [2]*Sapporo Kosei Hospital*, [3]*SSET clinic*)

1SEA-5　Target-DNA searching process of a light-regulated transcription factor, Photozipper, observed by high-speed atomic force microscopy
Akihiro Tsuji[1], Hayato Yamashita[1], Osamu Hisatomi[2], Masayuki Abe[1] ([1]*Grad. Sch. Eng. Sci., UOsaka*, [2]*Grad. Sch. Sci., UOsaka*)

1SEA-6　核小体における DNA 二重らせん構造の力学的制御メカニズム
Mechano-regulation of DNA duplex structure in a nucleolus
○牧 功一郎 [1,2,3,4], 福手 淳平 [1,3], 安達 泰治 [1,2,3,4]（[1] 京都大学・医生物学研究所, [2] 京都大学・院工学, [3] 京都大学・院生命科学, [4] 京都大学・院医学）
Koichiro Maki[1,2,3,4], Jumpei Fukute[1,3], Taiji Adachi[1,2,3,4] ([1]*Institute for Life and Medical Sciences, Kyoto University*, [2]*Grad. Sch. Eng., Kyoto University*, [3]*Grad. Sch. Biostudies, Kyoto University*, [4]*Grad. Sch. Med., Kyoto University*)

おわりに
Closing Remarks

1SFA　細胞外小胞を基軸とした生命の理解と操作ツール開発
Unveiling life by the function and modification of extracellular vesicles

共催 JST CREST「細胞を遊ぶ」

オーガナイザー：末次 志郎（奈良先端科学技術大学院大学），
鈴木 健一（岐阜大学／国立がん研究センター）
Organizers: Shiro Suetsugu (NAIST), Ken-ichi GN Suzuki (Gifu Univ. /NCC)

09:00〜11:30
F 会場（会議室 202）／Room F（Meeting Room 202）

Extracellular vesicles (EVs) are abundantly secreted from almost all types of cells. However, the role and function of EVs have not been clarified yet. There are two major sources of EVs: the plasma membrane and the endosomes. The tiny and long plasma membrane protrusions are the direct source of the EVs. The intraluminal vesicles of the endosomes are also the source of the EVs. With the modification and engineering of these EVs, as well as artificial nanoparticles, a new concept of understanding life is emerging.

はじめに
Opening Remarks

1SFA-1　**細胞膜由来の細胞外小胞を介した効率的タンパク質伝達**
Efficient protein transfer through the protrusion-derived extracellular vesicles
○西村 珠子, 末次 志郎（奈良先端大・バイオ）
Tamako Nishimura, Shiro Suetsugu (*NAIST*)

1SFA-2　**1 粒子追跡と超解像顕微鏡観察による細胞外小胞の結合・取り込み機構の解明**
Mechanisms of extracellular vesicle binding and internalization uncovered by single-particle tracking and super-resolution microscopy
○鈴木 健一 [1,2]（[1] 岐阜大・糖鎖生命コア研, [2] 国立がん研セ）
Kenichi G. N. Suzuki[1,2] ([1]*Gifu Univ.・iGCORE*, [2]*NCCRI*)

1SFA-3　**大腸菌生細胞からのメンブレンベシクル創発：バイオポリマー合成が "引き金"**
Controllable secretion of membrane vesicles (MVs) from viable *Escherichia coli* triggered by intracellular polymer accumulation
○高 相昊, 田口 精一（信州大・ARG 機構）
Sangho Koh, Seiichi Taguchi (*Inst. ARG, Shinshu Univ.*)

1SFA-4　**細胞外小胞の物質送達機構の解明と薬物送達への応用**
Analysis of intracellular trafficking of extracellular vesicles for drug delivery applications
○曽宮 正晴（大阪大学　産業科学研究所）
Masaharu Somiya (*SANKEN, The University of Osaka*)

1SFA-5　**生物材料ナノマシーンによるゲノム編集送達**
Genome Editing Delivery by Biomaterial Nanomachines
○堀田 秋津（京大・CiRA）
Akitsu Hotta (*CiRA, Kyoto University*)

1SFA-6　バーコード化細胞外小胞を活用した細胞外小胞研究の新展開
Barcoded Extracellular Vesicles for Next-generation Extracellular-vesicle Research
○小嶋 良輔（東京大学 大学院医学系研究科）
Ryosuke Kojima (*Graduate School of Medicine, The University of Tokyo*)

おわりに
Closing Remarks

1SGA　タンパク質の量子—古典プロセス研究と生成的デザインによる新規機能性タンパク質開発
Integration of Quantum–Classical Mechanisms and Generative Design for the Development of Novel Functional Proteins

共催 学術変革領域研究（A)「蛋白質新機能生成」／文部科学省・学際領域展開ハブ形成プログラム「マルチスケール量子ー古典生命インターフェース研究コンソーシアム」

オーガナイザー：井上 圭一（東京大学），久保 稔（兵庫県立大学）
Organizers: Keiichi Inoue (The Univ. of Tokyo), Minoru Kubo (Univ. of Hyogo)

09:00〜11:30
G 会場（会議室 203）／Room G（Meeting Room 203）

Proteins have a wide range of highly efficient biological functions. However, their molecular mechanisms remain poorly understood, which makes the artificial design of new functional molecular tools challenging. In this symposium, cutting-edge research addressing this difficulty will be highlighted. A particular focus will be the fundamental studies on the functional mechanisms of photoreceptive proteins to understand the interface between the quantum mechanical light-associated events and the classical, macroscopic functional processes, paving the way for advancements in next-generation optogenetics. Additionally, innovative generative design approaches for creating novel functional molecular tools will be presented.

はじめに
Opening Remarks

1SGA-1　人工設計したタンパク質構造に機能を埋め込む試み
Embedding Functional Sites in De Novo Designed Protein Structures
○古賀 信康 [1,2]（[1] 阪大・蛋白研, [2]ExCELLS, 自然科学研究機構）
Nobuyasu Koga[1,2] ([1]*ASPiRE, IPR, Univ. Osaka*, [2]*ExCELLS, NINS*)

1SGA-2　Toward generative design of circadian clock modulators: Chemical and structural analyses of mammalian CRY
Tsuyoshi Hirota (*ITbM, Nagoya Univ.*)

1SGA-3　DNA の光修復：分子進化とメカニズム進化
Light-Driven DNA Repair: Mechanistic Insights and Molecular Evolution
○久保 稔（兵庫県立大学・院理）
Minoru Kubo (*Grad. Sch. Sci., Univ. Hyogo*)

1SGA-4　新奇イオン輸送型微生物ロドプシンを用いた光遺伝学ツールの探索と開発
Exploration and development of optogenetic tools based on novel ion-transporting microbial rhodopsins
○井上 圭一（東京大学物性研究所）
Keiichi Inoue (*ISSP, Univ. Tokyo*)

1SGA-5　高精度量子化学が解き明かす光生物学の分子メカニズム
Exploring Photobiology via High-Precision Quantum Chemistry
○藤本 和宏（名大・ITbM）
Kazuhiro Fujimoto (*ITbM, Nagoya Univ.*)

1SGA-6　チャネルロドプシンの光感度に対する電気生理学的アプローチ
A new model of light sensitivity in Channelrhodopsins
○細島 頌子 [1,2] ([1] 名古屋工業大学大学院 工学研究科, [2] オプトバイオテクノロジー研究センター）
Shoko Hososhima[1,2] ([1]*Graduate School of Engineering, Nagoya Institute of Technology*, [2]*Opto Bio Technology Research Center, Nagoya Institute of Technology*)

1SGA-7　タンパク質の古典的機能動態を高速 AFM でとらえる
Visualizing Classical Functional Dynamics of Proteins by High-Speed AFM
○内橋 貴之（名古屋大学）
Takayuki Uchihashi (*Nagoya University*)

おわりに
Closing Remarks

1SHA　細胞の膜系と骨格系のメゾスケール協同的組織化と機能：先端顕微鏡技術による解明
Mesoscale cooperative formation and function of cellular membranes and cytoskeleton revealed by advanced microscopy

共催 細胞膜研究フォーラム

オーガナイザー：楠見 明弘（沖縄科学技術大学院大学），山城 佐和子（京都大学）
Organizers: Akihiro Kusumi (OIST), Sawako Yamashiro (Kyoto Univ.)

09:00〜11:30
H 会場（会議室 204）／Room H（Meeting Room 204）

Recently, various mesoscale (30–300 nm) structures in cellular membranes and the cytoskeleton have been identified as functional units. These mesoscale structures often cooperatively form and play essential roles in integrating diverse cellular functions and delicately tuning cell behavior. For example, neuronal synapses likely comprise distinct mesoscale subdomains that are cooperatively formed through liquid–liquid phase separation of multiple constituent proteins, interfacing with both the cytoskeleton and various membrane systems. Advanced biophysical microscopy techniques have immensely contributed to unveiling such mesoscale structures and their functions. This symposium will highlight the latest advances in this emerging field and discuss future perspectives.

1SHA-1　Force Transmission and Mechanical Memory at Integrin-Based Adhesions Revealed by Live-Cell Single-Molecule Imaging
Sawako Yamashiro[1,2], Ying Liu[1], David Rutkowski[3], Dimitrios Vavylonis[3], Naoki Watanabe[1,2] ([1]*Grad. Sch. Biostudies, Kyoto Univ.*, [2]*Grad. Sch. Medicine, Kyoto Univ.*, [3]*Dept. Physics, Lehigh Univ.*)

1SHA-2　Kindlin converts the talin•integrin slip bond under mechanical load to an ideal bond
Reinhard Faessler (*Max Planck Institute, Martinsried, Germany*)

1SHA-3　Deciphering the mechano-sensitive properties of the membrane periodic skeleton in neurons
Gregory Giannone[1], Zhou Xuesi[1], Théo Dudon[1], Jean-Baptiste Trebbia[2], Anna Brachet[1], Brahim Lounis[2] ([1]*University Bordeaux, CNRS, Interdisciplinary Institute for Neuroscience, UMR 5297, Bordeaux, France*, [2]*Laboratoire Photonique Numerique et Nanosciences (LP2N), Institut d'Optique Graduate School and CNRS, UMR 5298, Talence, France*)

1SHA-4 SuperPAINT ライブラリー：1 分子超解像観察のために系統的にデザインしたタグタンパク質と蛍光リガンドのペア
SuperPAINT Library: Systematically designed pairs of tag proteins and fluorescent ligands for single-molecule super-resolution imaging
○唐 博 [1], 角山 貴昭 [1], 王 茂基 [1], Shinozaki Ryuto[1], Aladag Amine[1], 藤原 敬宏 [2], 楠見 明弘 [1]（[1] 沖縄科学技術大学院大学, [2] 高等研究院 物質－細胞統合システム拠点 京都大学）
Bo Tang[1], Taka A. Tsunoyama[1], Maoji Wang[1], Ryuto Shinozaki[1], Amine Aladag[1], Takahiro K. Fujiwara[2], Akihiro Kusumi[1] ([1]*Okinawa Institute of Science and Technology*, [2]*Institute for Advanced Study, Institute for Integrated Cell-Material Sciences, Kyoto University*)

1SHA-5 細胞膜上で形成分解を繰り返す準安定ナノ液状シグナル統合プラットフォーム：iTRVZ によるガン増殖の促進
Metastable nano-liquid signal integration hub on the plasma membrane, iTRVZ, which enhances cancer development
○楠見 明弘（沖縄科学技術大学院大学）
Akihiro Kusumi (*Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University (OIST)*)

1SIA 発生，老化，病態における細胞骨格のダイナミクス
Cytoskeletal dynamics in development, aging and disease

オーガナイザー：島本 勇太（国立遺伝学研究所），宮﨑 牧人（理化学研究所）
Organizers: Yuta Shimamoto (NIG), Makito Miyazaki (RIKEN)

09:00〜11:30
I 会場（会議室 205）／Room I（Meeting Room 205）

The cytoskeleton, a dynamic network of protein filaments, mediates diverse intracellular motility and plays essential roles in cell physiology and genome stability. Cytoskeletal malfunctions are associated with diseases, congenital disorders and aging, with mechanisms that remain to be fully understood. This symposium highlights the frontiers of cytoskeletal research by bringing together leading experts in cell and developmental biology. Through interactions with biophysics, we aim to foster new ideas and explore novel approaches. We also encourage students and postdocs to present their work and engage with the forefront of this ever-evolving field.

はじめに
Opening Remarks

1SIA-1 Lamins regulating nuclear stiffness, genome dynamics and early embryonic development
Yuta Shimamoto (*Nat'l Inst Genetics*)

1SIA-2 脳皮質発生におけるニューロン隘路遊走の細胞機構
The cellular mechanism and lifeling impact of neuronal migration in confined brain tissue
○見學 美根子 [1,2], 中澤 直高 [1], 張 喆菁 [2], Grenci Gianluca[3], Canela Andres[4]（[1] 京都大・アイセムス, [2] 京都大・院生命科学, [3] シンガポール大・MBI, [4] 京都大・放生研）
Mineko Kengaku[1,2], Naotaka Nakazawa[1], Zhejing Zhang[2], Gianluca Grenci[3], Andres Canela[4] ([1]*WPI-iCeMS, Kyoto Univ.*, [2]*Grad. Sch. Biostudies, Kyoto Univ.*, [3]*Mechanobiol. Inst., Natl. Univ. Singapore*, [4]*Rad. Biol. Cent., Kyoto Univ.*)

1SIA-3 **微小管によるメカノケミカルクロストークが細胞移動の方向性を制御する**
Mechano-chemical crosstalk induced by microtubules in directed cell migration
○西村 有香子 [1], 近藤 龍樹 [1], 折井 良太 [2], 神原 丈敏 [3], 繁富（栗林） 香織 [4], 岡田 康志 [3,5,6], 谷本 博一 [2], 茂木 文夫 [1] ([1] 北大・遺制研, [2] 横浜市立大・理, [3] 理研・BDR, [4] 北大・大機構, [5] 東大・理, [6] 東大・医）
Yukako Nishimura[1], Tatsuki Kondo[1], Ryota Orii[2], Taketoshi Kambara[3], Kaori Kuribayashi-Shigetomi[4], Yasushi Okada[3,5,6], Hirokazu Tanimoto[2], Fumio Motegi[1] ([1]*Inst. Gen. Med., Hokkaido Univ.*, [2]*Dept. Sci., Yokohama City Univ.*, [3]*BDR, Riken*, [4]*Inst. Adv. Grad. Edu., Hokkaido Univ.,*, [5]*Grad. Sch. Sci., Tokyo Univ.*, [6]*Grad. Sch. Med., Tokyo Univ.*)

1SIA-4 **加齢にともなう卵子の染色体数異常の細胞生物学的な原因**
Cell biological mechanisms of age-associated egg aneuploidy
○北島 智也（理化学研究所生命機能科学研究センター）
Tomoya Kitajima (*RIKEN Biosystems Dynamics Research*)

1SIA-5 **マウス Metaphase II 卵の紡錘体局在を細胞質流動から守るアクチン構造**
Cytoplasmic Flow–Resistant Spindle Positioning by Actin Structures in Mouse Metaphase II Oocytes
○大杉 美穂, 寺井 康徳（東大・理・生物科学専攻）
Miho Ohsugi, Kotoku Terai (*Dept. Biol. Sci., Grad. Sch. Sci., Univ. of Tokyo*)

1SIA-6 **細胞骨格のエネルギー動態：アクチン線維構造から細胞分裂へ**
Energetics of the Cytoskeleton: From F-actin Architecture to Cell Division
○坂本 遼太 [1,2], マレル マイケル [2,3]（[1] 中央研究院・物理研, [2] イェール大・生体医工, [3] イェール大・物理）
Ryota Sakamoto[1,2], Michael Murrell[2,3] ([1]*Inst. Phys., Academia Sinica*, [2]*Dept. Biomed. Engr., Yale Univ.*, [3]*Dept. Phys., Yale Univ.*)

1SIA-7 **アクチン重合の光操作で探る密度依存的な細胞骨格の機能制御**
Optogenetic control of actin network assembly reveals density-dependent functions of actin binding proteins
○宮﨑 牧人 [1,2,3]（[1] 理研・IMS, [2] 理研・BDR, [3] 信州大・院総合医理工学）
Makito Miyazaki[1,2,3] ([1]*RIKEN IMS*, [2]*RIKEN BDR*, [3]*Grad. Sch. Med., Sci., & Tech., Shinshu Univ.*)

1SJA タンパク質凝集体の構造，病理，計算をつなぐ研究の新展開
New frontiers in research linking structure, pathology, and computation of protein aggregates

オーガナイザー：田中 元雅（理化学研究所），中山 隆宏（金沢大学）
Organizers: Motomasa Tanaka (RIKEN), Takahiro Nakayama (Kanazawa Univ.)

09:00〜11:30
J 会場（会議室 206）／Room J（Meeting Room 206）

Protein aggregates are involved in the pathogenesis of various human diseases, including Alzheimer's disease. Therefore, it is necessary to integrate structural, pathological, and computational analyses of protein aggregates to gain a deeper understanding of the nature of protein aggregates. In this symposium, we will have talks by leading researchers who are working to understand the structure, pathology, and computation of protein aggregates individually while also linking these findings. This research is expected to lead to the development of novel biophysical technologies and understanding of a wide range of biological phenomena.

はじめに
Opening Remarks

1SJA-1 **小胞体関連分解におけるタンパク質の逆行輸送を促進する膜上ナノクラスター構造**
A nanocluster mesh on ER membranes facilitates protein retrotranslocation in ERAD
○持田 啓佑 [1,2], 梅田 健一 [3], 中戸川 仁 [1], 古寺 哲幸 [3], 田中 元雅 [2]（[1] 東京科学大・総合研究院, [2] 理研・脳神経科学, [3] 金沢大・ナノ生命科学）
Keisuke Mochida[1,2], Kenichi Umeda[3], Hitoshi Nakatogawa[1], Noriyuki Kodera[3], Motomasa Tanaka[2]
([1]*IIR, Science Tokyo*, [2]*CBS, Riken*, [3]*NanoLSI, Kanazawa Univ.*)

1SJA-2 **高速 AFM によるアミロイドタンパク質の構造動態と凝集機構の解明**
High-speed AFM visualization of structural dynamics and aggregation mechanisms in amyloidogenic proteins
○中山 隆宏（金沢大学ナノ生命科学研究所）
Takahiro Watanabe-Nakayama (*WPI-Nano Life Science Institute, Kanazawa University*)

1SJA-3 **α シヌクレイノパチーの病理とバイオマーカー（seed amplification assay）**
Pathology and Biomarkers of Alpha-Synucleinopathies: Focus on Seed Amplification Assays
○奥住 文美（順天堂大学神経学講座）
Ayami Okuzumi (*Juntendo University, Department of Neurology*)

1SJA-4 **アミロイド繊維形成とアミノ酸残基レベルの自由エネルギーとの相関**
Amyloid Fibril Formation Correlates with Residue-Level Free Energy Profiles
○藤浪 大輔 [1], 林 成一郎 [2], 伊藤 杏 [1], 伊藤 創平 [1], 神田 大輔 [3]（[1] 静岡県大・薬食生命, [2] 分子研, [3] 九大・生医研）
Daisuke Fujinami[1], Seiichiro Hayashi[2], An Ito[1], Sohei Ito[1], Daisuke Kohda[3] ([1]*Grad. Sch. Integr. Pharm. Nutr. Sci., Univ. of Shizuoka*, [2]*NINS, Institute for Molecular Science*, [3]*MIB, Kyushu Univ.*)

1SJA-5 Unveiling Protein Dynamics through Data Integration Simulations
Osamu Miyashita (*RIKEN Center for Computational Science*)

1SJA-6 **プリオン株多様性の構造および分子基盤の解明**
Structural and mechanistic basis for prion strain diversity
○田中 元雅（国立研究開発法人理化学研究所　脳神経科学研究センター）
Motomasa Tanaka (*RKEN Center for Brain Science*)

2 日目（9 月 25 日（木））／Day 2（Sep. 25 Thu.）

2SAA **計算科学と情報科学の融合による実験データからの生体分子複合体の構造推定**
Inferring Biomolecular Complex Structures Using Experimental Data
共催 富岳成果創出加速プログラム「生体分子シミュレータを基にした大規模推論システムの開発と応用」

オーガナイザー：森 貴治（東京理科大学），Tama Florence（名古屋大学）
Organizers: Takaharu Mori (Tokyo Unive. of Science), Florence Tama (Nagoya Univ.)

09:00〜11:30
A 会場（会議室 101+102）／Room A（Meeting Room 101+102）

This symposium focuses on cutting-edge methods for predicting the three-dimensional structures of biomolecular complexes using experimental data, including cryo-EM, high-speed AFM, and other advanced techniques. It aims to address challenges in integrating diverse datasets to develop accurate and reliable structural models. Researchers will present progress in computational approaches and their applications in understanding biomolecular mechanisms, fostering collaboration between experimental and computational fields. By bridging these disciplines, the symposium seeks to accelerate advancements in structural biology and contribute to a deeper understanding of complex biological systems, paving the way for novel scientific discoveries.

はじめに
Opening Remarks

2SAA-1 Integrative Structure Modeling of Protein Complexes Using Experimental Data with Errors and Noise
Takaharu Mori (*Tokyo University of Science*)

2SAA-2 ゲノム分子モデリングにおける統合的多階層手法
An Integrative Multi-Scale Approach to Genome Molecular Modeling
Giovanni Bruno Brandani (*Department of Biophysics, Graduate School of Science, Kyoto University*)

2SAA-3 Investigation of conformational landscape from single-particle cryoEM data via reference based approach
Mao Oide[1], Yuji Sugita[2,3] ([1]*IPR, Osaka Univ*, [2]*CPR, RIKEN*, [3]*R-CCS, RIKEN*)

2SAA-4 生体分子の機能推定のための高速原子間力顕微鏡動画に基づく理論的考察
Theoretical considerations based on high-speed atomic force microscopy movies to estimate biomolecular functions
○炭竈 享司 [1,2]（[1] 京大・生命科学研究科, [2] 金沢大・ナノ生命科学研究所）
Takashi Sumikama[1,2] ([1]*Grad. Sch. Biostudies, Kyoto Univ.*, [2]*Nano Life Sci. Inst., Kanazawa Univ.*)

2SAA-5 AFM 画像セグメンテーション誘導フレキシブルフィッティングによるオートファジー関連天然変性蛋白質構造の推論
Inferring autophagy-related intrinsically disordered protein structures using AFM image segmentation guided flexible fitting
○唐澤 直之 [1], 石曽根 毅 [2], 本間 さくら [1], 前島 遼太 [3], 古寺 哲幸 [4], 中村 和幸 [5], 松永 康佑 [1,6]（[1] 埼大・院理工, [2] 明大・研究知財, [3] 明大・院先端数理, [4] 金大・WPI-NanoLSI, [5] 明大・総合数理, [6] 理研・R-CCS）
Naoyuki Karasawa[1], Tsuyoshi Ishizone[2], Sakura Homma[1], Ryota Maejima[3], Noriyuki Kodera[4], Kazuyuki Nakamura[5], Yasuhiro Matsunaga[1,6] ([1]*Grad. Sch. Sci. Eng., Saitama Univ.*, [2]*Organ. Strateg. Coord. Res. Intellect. Prop., Meiji Univ.*, [3]*Grad. Sch. Adv. Math. Sci., Meiji Univ.*, [4]*WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.*, [5]*Sch. Interdiscip. Math. Sci., Meiji Univ.*, [6]*R-CCS, RIKEN*)

2SAA-6 Development of high performance coarse-grained molecular dynamics for large-scale biomolecular simulations
Jaewoon Jung[1,2], Cheng Tan[1], Yuji Sugita[1,2] ([1]*RIKEN R-CCS*, [2]*RIKEN PRI*)

2SAA-7 Integrative modeling approaches to characterize the dynamics of biomolecules
Florence Tama[1,2] ([1]*Grad. Sch. Sci., Nagoya University*, [2]*RIKEN Center for Computational Science*)

おわりに
Closing Remarks

2SBA　膜タンパク質を介したシグナル伝達
Signal transduction through membrane proteins

オーガナイザー：Tran Duy Phuoc（東京科学大学），堂浦 智裕（名古屋大学）
Organizers: Duy Phuoc Tran (Science Tokyo), Tomohiro Doura (Nagoya Univ.)

09:00〜11:30
B 会場（会議室 103+104）／Room B（Meeting Room 103+104）

Signal transduction through membrane proteins is a cornerstone of cellular communication, playing a critical role in regulating physiological processes across all living organisms. This symposium aims to explore the intricate mechanisms by which membrane proteins sense, transmit, and amplify signals in response to environmental or intracellular cues. Bringing together experts from structural biology, biochemistry, and computational modeling, we will discuss recent breakthroughs in understanding receptor activation, ion channel dynamics, and downstream signaling pathways. Emphasis will also be placed on emerging experimental techniques and advanced simulations, highlighting their impact on drug discovery and therapeutic interventions targeting membrane proteins.

はじめに
Opening Remarks

2SBA-1　Understanding Activation Mechanisms in GPCRs - 1) Biophysical studies 2) Computational Validation, and 3) Drug discovery strategies
Robert Scott Prosser[1], Akio Kitao[2], Duy Phuoc Tran Tran[2], Adnan Sljoka[3], David Young[4] ([1]*Chemistry & Biochemistry Departments, University of Toronto, Toronto, Ontario, Canada*, [2]*School of Life Science and Technology, Tokyo Institute of Technology, Tokyo, Japan*, [3]*RIKEN Center for Advanced Intelligence Project, Tokyo, Japan*, [4]*KisoJi Biotechnology, Canada*)

2SBA-2　プロテアーゼ活性化受容体の活性化機構と G タンパク質結合の構造的基盤
Structural Basis of Activation Mechanism and G Protein Coupling in Protease-Activated Receptors
○浅田 秀基, 林 到炫, 足立 誠（京都大学　大学院医学研究科）
Hidetsugu Asada, Dohyun Im, Makoto Adachi (*Kyoto University Graduate school of Medicine*)

2SBA-3　活性化時の構造変化に基づく GPCR の化学遺伝学的制御
Chemogenetic regulation of GPCRs based on structural changes upon activation
○堂浦 智裕（名大・院工）
Tomohiro Doura (*Grad. Sch. Eng., Nagoya Uni.*)

2SBA-4　G タンパク質バイアスリガンドによるヒト GPR84 のシグナル伝達機構
Mechanism of human GPR84 signaling by G-protein biased ligands
Shota Suzuki[1], Duy Phuoc Tran[2], Koki Nishikawa[3], Akio Kitao[2], Yoshinori Fujiyoshi[1] ([1]*Adv. Res. Init., Science Tokyo*, [2]*Sch. of Life Sci. and Tech., Science Tokyo*, [3]*Joint Res. Crs. Adv. Biomol. Character., TUAC*)

2SBA-5　G タンパク質共役型受容体活性化・不活性化メカニズムのインシリコ研究
In silico investigation of the activation and inactivation mechanisms of G protein-coupled receptors
○北尾 彰朗（東京科学大生命理工）
Akio Kitao (*Sch. Life Sci. Tech, Science Tokyo*)

2SBA-6　Probing Allosteric and biased signaling with rigidity theory, NMR, and geometric Monte-Carlo simulations in GPCRs
Adnan Sljoka (*RIKEN*)

2SCA　予知生合成科学：実験と計算を融合する生合成研究の新たな展開
Forecasting Biosynthesis: A New Frontier in Biosynthesis Research that Integrates Experiment and Computation

共催 学術変革領域研究（A）「予知生合成科学」

オーガナイザー：森脇 由隆（東京科学大学），佐藤 玄（東京大学）
Organizers: Yoshitaka Moriwaki (Science Tokyo), Hajime Sato (The Univ. of Tokyo)

09:00〜11:30
C 会場（会議室 105+106）／Room C（Meeting Room 105+106）

Recent advances in computational technology have made it possible not only to predict the function of biosynthetic genes, which serve as the blueprint for natural product chemistry, but also to artificially create them. In this session, we will report the latest research on extracting unknown useful information from the continuously accumulating genomic data and creating new substances using biosynthesis and chemical synthesis methods by integrating experiment and computation. We will also discuss the new developments in the relationship between recent advances in bioinformatics and biosynthesis research.

はじめに
Opening Remarks

2SCA-1　3 次元立体構造を用いた酵素機能の予測：FUJISAN の開発と応用
Predicting enzyme functions using 3D Structures: Development and application of FUJISAN
○藤田 卓, 寺田 透（東大・院農）
Suguru Fujita, Tohru Terada (*Grad. Sch. of Agri. and Life Sci., Univ. of Tokyo*)

2SCA-2　非生物学的化学反応を指向した酵素データベースの探索
Database Mining-driven Enzyme Discovery for Abiotic Chemical Transformations
○加藤 俊介（阪大・院工）
Shunsuke Kato (*Grad. Sch. Eng., UOsaka*)

2SCA-3　機械学習モデルによる新規酸素反応性 PLP 依存性酵素の発見
Machine learning-guided discovery of novel oxygen and PLP-dependent enzymes
○野口 智弘 [1,2], 淡川 孝義 [1], 齋藤 裕 [2]（[1] 北里大院・未来工学, [2] 理研・環境資源科学研究センター）
Tomohiro Noguchi[1,2], Takayoshi Awakawa[1], Yutaka Saito[2] ([1]*Graduate School of Frontier Engineering, Kitasato Univ*, [2]*CSRS, RIKEN*)

2SCA-4　Transformer 言語モデルを用いた天然化合物生合成遺伝子クラスターの予測と設計に向けて
A transformer-based platform for the prediction and design of biosynthetic gene clusters
○梅村 舞子（京工繊大・院）
Maiko Umemura (*Appl. Biol., Kyoto Inst. Tech.*)

2SCA-5　人工設計タンパク質を利用した新規酵素機能改変戦略
Engineering by Proxy: A Novel Strategy for Enzyme Function Redesign Using Synthetic Designer Proteins
○田中 俊一（京都府立大学・院生命環境科学）
Shun-ichi Tanaka (*Grad. Sch. Life and Environ. Sci., Kyoto Pref. Univ.*)

2SCA-6 **酵素反応の理論的予測と改良**
Computational prediction and improvement of enzymatic reactions
○新井 宗仁 [1,2]（[1] 東大・総合文化・生命環境, [2] 東大・理・物理）
Munehito Arai[1,2] ([1]*Dept. Life Sci., Univ. Tokyo*, [2]*Dept. Phys., Univ. Tokyo*)

おわりに
Closing Remarks

2SDA 化学による細胞と異世界のマリアージュ～界面の概念拡張による生命世界の拡大
A marriage of cells with “another world” produced by chemistry – Augmentation of the world of life through the innovative concept of interface

オーガナイザー：岸村 顕広（九州大学），金原 数（東京科学大学）
Organizers: Akihiro Kishimura (Kyushu Univ.), Kazushi Kinbara (Science Tokyo)

09:00～11:30
D 会場（会議室 107+108）／Room D（Meeting Room 107+108）

To pioneer the next generation of biophysics, it is essential to expand our concept of the world of life. Therefore, in this symposium, we will focus on the cellular-level world and discuss the possibility of augmenting the world surrounding cells through innovative technologies based on chemistry and materials science. We invite up-and-coming chemists and material scientists who are developing innovative interfaces, particularly to measure and manipulate living cells, to propose new concepts of artificial cells, and to develop new approaches using synthetic molecules. We hope everyone will join the discussion, using their imagination to consider how cells might behave in ‘another world.’

はじめに
Opening Remarks

2SDA-1 **液体足場：細胞の未知との遭遇**
Fluid Scaffolds: An Encounter with the Unknown for Cells
○中西 淳（物質・材料研究機構）
Jun Nakanishi (*NIMS*)

2SDA-2 Design of non-sticking microdroplets toward single cell analysis
Mizuki Tenjimbayashi (*National Institute for Materials Science*)

2SDA-3 **生体分子集合体の階層構造が導く非球形凝縮体の創生**
Supramolecular Hierarchical Assembly Involving Peptides and Oligonucleotides Forming Non-Spherical Biomolecular Condensates
○菅井 祥加（東京科学大・総合研究院）
Hiroka Sugai (*IIR, Science Tokyo*)

2SDA-4　低分子コアセルベートの形成と内部環境や機能化に対する化学構造の影響
Impact of Molecular Structure on Low-Molecular-Weight Coacervates: Formation, Internal Environments, and Functionalization
○東 小百合 [1,2,3], 藤本 竜太郎 [4], 廣澤 幸一朗 [5,6], 金丸 恒大 [7,8], 吉田 紀生 [7], 鈴木 健一 [5,6], 池田 将 [2,3,4,5]（[1] 岐阜大・高等研究院, [2] 岐阜大・院連創薬, [3] 岐阜大・COMIT, [4] 岐阜大・院自然科学技術, [5] 岐阜大・iGCORE, [6] 国立がん研・バイオイメージング, [7] 名古屋大・院情報学, [8] 京大・福井セ）
Sayuri Higashi[1,2,3], Ryutaro Fujimoto[4], Koichiro Hirosawa[5,6], Kodai Kanemaru[7,8], Norio Yoshida[7], Kenichi Suzuki[5,6], Masato Ikeda[2,3,4,5] ([1]*Inst. Adv. Study, Gifu Univ.*, [2]*Grad. Sch. Drug Disc. & Med. Info. Sci., Gifu Univ.*, [3]*COMIT, Gifu Univ.*, [4]*Dept. Life Sci. & Chem., Grad. Sch. Nat. Sci. & Technol., Gifu Univ.*, [5]*iGCORE, Gifu Univ.*, [6]*Div. Adv. Bioimaging, NCCRI*, [7]*Dept. Complex Syst. Sci., Grad. Sch. Informatics, Nagoya Univ.*, [8]*FIFC, Kyoto Univ.*)

2SDA-5　コアセルベートによる革新的生体高分子送達
Innovative Delivery of Biomacromolecules via Coacervates
○川口 祥正（京大化研）
Yoshimasa Kawaguchi (*Inst. Chem. Res*)

おわりに
Closing Remarks

2SEA　区画・領域依存的生命現象とその可視化
Compartment- and Region-Dependent Biological Phenomena and Visualization

オーガナイザー：田上 俊輔（理化学研究所），大友 康平（順天堂大学）
Organizers: Shunsuke Tagami (RIKEN), Kohei Otomo (Juntendo Ujniv.)

09:00〜11:30
E 会場（会議室 201）／Room E（Meeting Room 201）

This symposium will explore the spatial organization of biological systems and the visualization techniques that reveal their complexity. Topics will include molecular assemblies, organelles, membrane fusion, multicellular pattern formation, and large-scale imaging techniques for live and fixed samples. By integrating insights from biophysics, cell biology, and imaging technologies, we aim to uncover the fundamental principles governing compartmentalized biological processes. The symposium will provide a platform for discussing the latest advancements and future directions in understanding how spatial organization influences cellular and tissue functions.

はじめに
Opening Remarks

2SEA-1　生命の起源：ペプチド集合体・区画による RNA 合成の活性化
The origin of life: Enhancement of RNA synthesis by peptide aggregates and compartments
○田上 俊輔（理化学研究所 IMS）
Shunsuke Tagami (*RIKEN IMS*)

2SEA-2　RNA が導く膜のない細胞内区画の形成：その機構と分子論的理解
RNA-Guided Formation of Membraneless Intracellular Compartments: Mechanisms and Molecular Insights
○山崎 智弘（阪大・院生命機能）
Tomohiro Yamazaki (*Front. Biosci., The University of Osaka*)

2SEA-3　人工細胞回路による多細胞パターンのデザイン
Programming multicellular patterns with synthetic cell-cell communication
○戸田 聡（大阪大・蛋白研）
Satoshi Toda (*IPR, Univ. Osaka*)

2SEA-4　植物に寄生するシストセンチュウは破壊者か？建築家か？
Cyst nematodes: Destroyers or Architects? ~Insights from the 3D structure of host plant tissues~
○大津 美奈（奈良先端大・バイオ）
Mina Ohtsu (*NAIST, Bio.*)

2SEA-5　ライブイメージングのための透明化試薬の開発
Minimally invasive optical clearing media for live cell imaging ex vivo and in vivo
○稲垣 成矩（九州大学　医学研究院）
Shigenori Inagaki (*Grad. Sch. Med. Sci., Kyushu Univ*)

2SEA-6　区画・領域依存的生命現象を可視化する 3D 蛍光顕微鏡法の開発
Novel 3D Fluorescence Microscopy to Visualize Compartment- and Region-Dependent Biological Phenomena
○大友 康平 [1,2,3]（[1] 順天堂大・医, [2] 自然科学研究機構・生理研, [3] 自然科学研究機構・ExCELLS）
Kohei Otomo[1,2,3] ([1]*Sch. Med., Juntendo Univ.*, [2]*NIPS, NINS*, [3]*ExCELLS, NINS*)

おわりに
Closing Remarks

2SFA　力学が生みだす生体秩序
Self-transformation of living systems induced by mechanical forces

共催 学術変革領域研究（A）「生体秩序力学」

オーガナイザー：吉村 成弘（京都大学），柴田 達夫（理化学研究所）
Organizers: Shige H. Yoshimura (Kyoto Univ.), Tatsuo Shibata (RIKEN)

09:00〜11:30
F 会場（会議室 202）／Room F（Meeting Room 202）

An embryo produces cells with specific fates, forms, and functions during development. These cells are self-organized into an ordered pattern through collective interactions of biomolecules and mechanical forces at various spatio-temporal scales. We aim at developing new paradigms of the fundamental design principles of biological systems through holistic understanding of how mechanical forces elicit self-organizing feedback leading to progressive self-tuning transformation of multicellular systems. In this symposium, recent advances in this field, as well as cutting-edge technologies needed to interrogate the mechanical processes and establish a unique model for multi-disciplinary research that harnesses expertise from biomedical sciences, engineering, mathematics, physics, and chemistry will be introduced.

はじめに
Opening Remarks

2SFA-1　In vitro における微小管の機械的適応
Mechanical adaptation of in vitro microtubules
○井上 大介（九大院・芸工）
Daisuke Inoue (*Fac. Des., Kyushu Univ.*)

2SFA-2　CD44 を介した細胞集団内の力学ネットワーク感知と集団運動
CD44-Mediated Mechanical Network Sensing within Cell Populations and Collective Cell Migration
○柴田 桂太朗 [1], 浅野 千帆莉 [1], 石田 紘基 [2], 堀井 拓登 [2], 米村 重信 [1]（[1] 徳島大・院医歯薬学, [2] 徳島大・医学部）
Keitaro Shibata[1], Chihori Asano[1], Koki Ishida[2], Takuto Horii[2], Shigenobu Yonemura[1] ([1]*Grad. Sch. Biomed. Sci., Tokushima Univ.*, [2]*Med. Faculty, Tokushima Univ.*)

2SFA-3　カルマンフィルタで上皮組織の力の時間変化を推定する
Kalman force inference for epithelial deformation: a force inference method for time-lapse movies
○荻田 豪士 [1], 三好 建正 [2], 柴田 達夫 [1]（[1] 理研・BDR, [2] 理研・R-CCS）
Goshi Ogita[1], Takemasa Miyoshi[2], Tatsuo Shibata[1] ([1]*BDR, RIKEN*, [2]*R-CCS, RIKEN*)

2SFA-4　Mechanical Instability Induces Transition in Epithelial Layer Structure via Nucleation and Growth
Shuya Fukamachi[1], Datta Razib[1], Makiko Arai[1], Rei Yagasaki[2], Shuhei Horiguchi[2], Satoru Okuda[2] ([1]*Grad. Sch. NanoLS., Kanazawa Univ*, [2]*WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.*)

2SFA-5　変形可能細胞の数理モデルから迫る，高密度細胞集団動態
Modeling Collective Dynamics in Densely Packed Deformable Cells
○斉藤 稔（広島大・統合生命）
Nen Saito (*Grad. Sch. Integr. Sci. Life, Hiroshima Univ.*)

2SFA-6　メカノ勾配による Wnt モルフォゲンノイズ除去システムは組織パターン形成の頑強性を支える
“Mechano-gradients” drive morphogen-noise correction to ensure robust patterning
○青木 佳南, 石谷 太（大阪大・微研・生体統御）
Kana Aoki, Tohru Ishitani (*Dept. of Homeostatic regulation, RIMD, Univ. Osaka*)

2SFA-7　軟骨細胞のカラム形成を介して骨形態形成を制御する力学場
Mechanical stress field regulating bone morphogenesis through chondrocyte column formation
○横山 優花 [1], 亀尾 佳貴 [2], 須長 純子 [3], 牧 功一郎 [3,4], 安達 泰治 [3,4]（[1] 東京科学大・難治研, [2] 芝浦工大・工学, [3] 京大・医生研, [4] 京大・工学）
Yuka Yokoyama[1], Yoshitaka Kameo[2], Junko Sunaga[3], Koichiro Maki[3,4], Taiji Adachi[3,4] ([1]*Med. Res. Lab., Science Tokyo*, [2]*Col. Eng., Shibaura Inst. Tech.*, [3]*Inst. Life Med. Sci., Kyoto Univ.*, [4]*Grad. Sch. Eng., Kyoto Univ.*)

2SGA　情報科学とイメージングで迫るバイオロジカルクラスターの実態
Exploring the reality of biological clusters through information science and advanced imaging

共催 学術変革領域研究（A）「クラスター細胞学」

オーガナイザー：北村 朗（北海道大学），立川 正志（横浜市立大学）
Organizers: Akira Kitamura (Hokkaido Univ.), Masashi Tachikawa (Yokohama City Univ.)

09:00〜11:30
G 会場（会議室 203）／Room G（Meeting Room 203）

Complex structures formed by the high-order assembly of multiple biomolecules play a role in biological functions. Although these protein complexes are traditionally called ‘aggregates’ or ‘phase-separated biomolecular condensates’, highly ordered and non-phase-separated supramolecular complexes are involved in various biological functions and show different biophysical properties from those of aggregates and condensates: we call the supramolecular complexes with biological significance in cells as ‘biological cluster’. However, the formation of biophysical characteristics of biological clusters remains elusive. In this symposium, we discuss cutting-edge information science and advanced imaging techniques to clarify their formation and functional characteristics.

はじめに
Opening Remarks

2SGA-1 **走査型蛍光相関分光法により明らかとなったタンパク質凝集体内における低移動性 TDP-25**
Scanning fluorescence correlation spectroscopy reveals slowly mobile TDP-25 within protein aggregates
○濱田 悠太 [1], 北村 朗 [2]（[1] 北大・院生命科学, [2] 北大・院先端生命）
Yuta Hamada[1], Akira Kitamura[2] ([1]*Grad. Sch. Sci. of Life Sci., Hokkaido Univ.*, [2]*Fac. of Adv. Life Sci., Hokkaido Univ.*)

2SGA-2 **平衡および非平衡条件におけるアミロイド β 凝集の分子動力学シミュレーション**
Molecular dynamics simulation of amyloid-β aggregation under equilibrium and nonequilibrium conditions
○奥村 久士 [1,2,3]（[1] 生命創成探究センター, [2] 分子科学研究所, [3] 総合研究大学院大学）
Hisashi Okumura[1,2,3] ([1]*Exploratory Research Center on Life and Living Systems*, [2]*Institute for Molecular Science*, [3]*SOKENDAI*)

2SGA-3 **興奮性シナプス形成の開始誘導：ナノモラー濃度での SynGAP 液状凝縮体形成とそれが誘導する PSD95 と受容体のアセンブリー**
Initiation of excitatory synapse formation: SynGAP LLPS at nanomolar concentrations induces PSD95 and receptor oligomer recruitment
Saahil Acharya[1], Taka A. Tsunoyama[1], Christian Hoffmann[2], Perez Gerard Aguilar[2], Irina Meshcheryakova[1], Aya Nakamura-Norimoto[1], Tara Mastro[3], Ward G. Walkup IV[3], Takahiro Fujiwara[4], Mary B. Kennedy[3], Dragomir Milovanovic[2], Akihiro Kusumi[1,4] ([1]*Membrane Cooperativity Unit, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, Okinawa, Japan*, [2]*Laboratory of Molecular Neuroscience, German Center for Neurodegenerative Diseases (DZNE), Berlin, Germany*, [3]*Division of Biology and Biological Engineering, California Institute of Technology, Pasadena, California, U.S.A.*, [4]*Institute for Integrated Cell-Material Sciences (WPI-iCeMS), Kyoto University, Kyoto, Japan.*)

2SGA-4　トランスクリプトームおよび画像解析による枯草菌の遊走コロニーの時空間プロファイリング
Multimodal Spatiotemporal Profiling of *Bacillus subtilis* Swarm Development via Integrated Transcriptomics and Microscopy

○納庄 一樹 [1,2,3], Jeckel Hannah[3], Neuhaus Konstantin[3], Hastewell Alasdair[4], Skinner Dominic[4], Saha Dibya[3], Netter Niklas[3], Paczia Nicole[5], Dunkel Jörn[4], Drescher Knut[3]（[1] 東京大学 大学院農学生命科学研究科 応用生命工学専攻, [2] 東京大学 微生物科学イノベーション連携研究機構, [3] バーゼル大学 バイオセンター, [4] マサチューセッツ工科大学 数学科, [5] マックスプランク陸生微生物学研究所）

Kazuki Nosho[1,2,3], Hannah Jeckel[3], Konstantin Neuhaus[3], Alasdair Hastewell[4], Dominic Skinner[4], Dibya Saha[3], Niklas Netter[3], Nicole Paczia[5], Jörn Dunkel[4], Knut Drescher[3] ([1]*Department of Biotechnology, Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo*, [2]*Collaborative Research Institute for Innovative Microbiology, The University of Tokyo*, [3]*Biozentrum, University of Basel*, [4]*Department of Mathematics, Massachusetts Institute of Technology*, [5]*Max Planck Institute for Terrestrial Microbiology*)

2SGA-5　上皮の細胞間接着形成過程におけるダイナミクス
Dynamic processes of cell-cell adhesion in epithelial cells

○小田 裕香子（京都大学）
Yukako Oda (*Kyoto University*)

2SGA-6　クライオ光電子相関顕微鏡の開発と現在の状況
Development and Current Status of Cryogenic Correlative Light and Electron Microscopy

○藤芳 暁（Science Tokyo 物理）
Satoru Fujiyoshi (*Dept. Phys., Science Tokyo*)

おわりに
Closing Remarks

2SHA　鏡像生命の創成：創れるのか，創ってよいのか，創ってどうするのか？
Mirror-Life Synthesis: Its Possibility, Potential, and Problems

共催 石井石橋基金 慶應義塾大学若手研究者育成ものづくり特別事業「鏡像世界の構築から広がるマルチバース創成」

オーガナイザー：藤原 慶（慶應義塾大学），青木 航（大阪大学）
Organizers: Kei Fujiwara (Keio Univ.), Wataru Aoki (The Univ. of Osaka)

09:00〜11:30
H 会場（会議室 204）／Room H（Meeting Room 204）

Recent technological advances in synthetic biology and enantiomeric synthesis of biomolecules (L-DNA/RNA, and D-proteins) have paved the way for the synthesis of mirror-image life that will be self-replicated entirely using enantiomer of the molecules in present living organisms. However, the ethical implications of such research have become increasingly prominent, as claimed by a recent opinion article in Science that warns the potential threats by the synthesis of mirror-life. This symposium brings together experts in synthetic biology, bioengineering, evolutionary biology, chiral biopolymer synthesis, ethics, and policy to discuss the feasibility, advantages, and evolutionary potential of creating mirror-image life.

はじめに
Opening Remarks

2SHA-1 試験管内自律的セントラルドグマへの挑戦と鏡像生命に向けた展望
Challenges to realizing in vitro autonomous central dogma and prospects for mirror life
○青木 航（大阪大学）
Wataru Aoki (*The University of Osaka*)

2SHA-2 翻訳システムから考える鏡像生命創成への展望
Toward Mirror-Image Life: Insights from Translation Systems
○清水 義宏（理研 BDR）
Yoshihiro Shimizu (*RIKEN, BDR*)

2SHA-3 タンパク質化学合成と In vitro セレクションによる鏡像抗体ミメティックの創成
Mirror-image Antibody Mimetic Generated via Chemical Protein Synthesis and mRNA Display
○林 剛介（名大・院工）
Gosuke Hayashi (*Grad. Sch. Eng., Nagoya Univ.*)

2SHA-4 Perspective on the Evolution of Mirror-Life Based on Microbial Experimental Evolution
Chikara Furusawa[1,2] ([1]*BDR, RIKEN*, [2]*Univ. Biol. Inst., Univ. Tokyo*)

2SHA-5 新興技術における「責任ある研究イノベーション（RRI）」のあり方を考える
Navigating the Future of Emerging Technologies: Responsible Research and Innovation (RRI)
○松尾 真紀子（東大・公共政策）
Makiko Matsuo (*Grad. Sch. Public Policy, Univ. Tokyo*)

おわりに
Closing Remarks

2SIA 蛋白質液–液相分離の設計と制御
Design and control of liquid–liquid phase separation of proteins

オーガナイザー：池田 恵介（富山大学），鎌形 清人（岐阜大学）
Organizers: Keisuke Ikeda (Univ. of Toyama), Kiyoto Kamagata (Gifu Univ.)

09:00〜11:30
I 会場（会議室 205）／Room I（Meeting Room 205）

Intracellular proteins form condensed droplets by liquid–liquid phase separation via intermolecular interactions. It has become clear that these droplet formations play an important role in diverse biological processes as well as in diseases involving protein aggregation and amyloid formation. Therefore, exploring molecules that promote or inhibit protein phase separation, designing artificial systems that form phase-separated droplets, and developing technologies that control the droplets are required not only for elucidation of the mechanisms underlying the phase separation phenomenon, but also for drug discovery targeting droplet formation and protein aggregation. In the proposed symposium, five researchers working on the above issues will give lectures.

2SIA-1 人工液-液相分離ペプチドのデザインと物性制御
Design and control of physicochemical properties of artificial liquid-liquid phase-separating peptides
○池田 恵介（富山大・薬）
Keisuke Ikeda (*Fac. Pharm. Sci., Univ. Toyama*)

2SIA-2　**ペプチドによる α-シヌクレインの液-液相分離誘導と物性制御**
Peptide-Mediated Modulation of α-Synuclein Liquid–Liquid Phase Separation and Its Biophysical Properties
○池之上 達哉（大阪大・蛋白研）
Tatsuya Ikenoue (*IPR, Univ. Osaka*)

2SIA-3　**酵母プリオン Sup35 配列由来のデザインタンパク質を用いた液-液相分離に影響を及ぼすアミノ酸の解析**
Analysis of amino acids affecting liquid-liquid phase separation using a design protein based on the yeast prion Sup35 sequence
○大橋 祐美子 [1], 高畠 晴 [2], 田口 英樹 [1,2]（[1] 科学大・研究院・細胞センター, [2] 科学大・生命理工）
Yumiko Ohhashi[1], Haru Takabatake[2], Hideki Taguchi[1,2] ([1]*CBC, IIR, Science Tokyo*, [2]*Sch. of Life Sci. Tech, Science Tokyo*)

2SIA-4　**ALS 関連 FUS 変異体の相挙動に対する圧力・温度および低分子の影響**
Effects of pressure, temperature, and small molecules on phase behavior of amyotrophic lateral sclerosis-linked FUS variants
○北原 亮 [1,2]（[1] 立命館大・薬, [2] 立命館大・院薬）
Ryo Kitahara[1,2] ([1]*Coll. Pharm. Sci., Ritsumeikan Univ.*, [2]*Grad. Sch. Pharm., Ritsumeikan Univ.*)

2SIA-5　**タンパク質液滴を測り，操り，創る**
Watching, manipulating, and creating protein droplets
○鎌形 清人（岐阜大・工・化学生命工）
Kiyoto Kamagata (*Fac. Eng. & Grad. Sch. Eng., Gifu Univ.*)

2SJA　古くて新しいロドプシン研究最前線
Cutting Edge of Rhodopsin Research ~Where Tradition Meets Innovation~

オーガナイザー：片山 耕大（名古屋工業大学），加藤 英明（東京大学）
Organizers: Kota Katayama (Nagoya Inst. of Tech.), Hideaki Kato (The Univ. of Tokyo)

09:00〜11:30
J 会場（会議室 206）／Room J（Meeting Room 206）

Optogenetics, a revolutionary technique using light to control cellular and physiological functions, has become a vital tool in neuroscience and cell biology. At its core is rhodopsin, a molecule of significant interest due to its central role in vision, sensing, and energy conversion. First identified in animals in the 19th century and in microbes in 1971, rhodopsins have also served as testing ground for cutting-edge experimental methods. This symposium will revisit fundamental and applied rhodopsin research, examining their functions, novel techniques, and potential applications while fostering discussions to drive future breakthroughs in rhodopsin-based technologies.

はじめに
Opening Remarks

2SJA-1　**微生物ロドプシンにおけるプロトン移動の理論解析**
Theoretical investigation of proton transfer in microbial rhodopsins
○辻村 真樹 [1,2], 斉藤 圭亮 [1], 石北 央 [1]（[1] 東大・院工, [2] 理研・開拓研究所）
Masaki Tsujimura[1,2], Keisuke Saito[1], Hiroshi Ishikita[1] ([1]*Grad. Sch. Eng., Univ. Tokyo*, [2]*PRI, RIKEN*)

2SJA-2 光駆動プロトンポンプロドプシンの新たな視点：プロトン輸送メカニズムとその方向性
New Insights into Light-Driven Proton Pump Rhodopsins: Proton Transfer Mechanism and Directionality
○潤井 泰斗（阪大院理）
Taito Urui (*Grad. Sch. Sci., Univ. Osaka*)

2SJA-3 ウイルスヘリオロドプシン V2HeR3 のプロトン輸送メカニズム
Mechanism of Proton Transport in the Viral Heliorhodopsin V2HeR3
○水鳥 律 [1], Nuemket Nipawan[2,3], Fangjia Luo[3], 細島 頌子 [1,5], D'Ascenzi Jacopo[4], Oliveira Leonardo[4], 大橋 沙也佳 [1], 吉住 玲 [1], Palombo Riccardo[4], 角田 聡 [1,5], 古谷 祐詞 [1,5], Béjà Oded[6], Olivucci Massimo[4,7], 南後 恵理子 [3,8], 片山 耕大 [1,5], 神取 秀樹 [1,5]（[1] 名工大・院工, [2] 高輝度光科学研究センター, [3] 理研・SPring-8, [4]Univ. Siena, [5] 名工大・オプトバイオ, [6]Technion-Israel Inst. Tech., [7]Bowling Green State Univ., [8] 東北大・多元物質科学研究所）
Ritsu Mizutori[1], Nipawan Nuemket[2,3], Luo Fangjia[3], Shoko Hososhima[1,5], Jacopo D'Ascenzi[4], Leonardo Oliveira[4], Sayaka Ohashi[1], Rei Abe-Yoshizumi[1], Riccardo Palombo[4], Satoshi Tsunoda[1,5], Yuji Furutani[1,5], Oded Béjà[6], Massimo Olivucci[4,7], Eriko Nango[3,8], Kota Katayama[1,5], Hideki Kandori[1,5] ([1]*Grad. Sch. Eng., Nagoya Inst. Tech.*, [2]*Japan Synchrotron Radiation Research. Inst.*, [3]*RIKEN SPring-8*, [4]*Univ. Siena*, [5]*OptoBioTechnology Research Cent.*, [6]*Technion-Israel Inst. Tech.*, [7]*Bowling Green State Univ.*, [8]*Institute of Multidisciplinary Research for Advanced Materials, Tohoku Univ.*)

2SJA-4 光応答性神経による括約筋の制御と貫通型消化管の進化的起源
Light-modulated neural control of sphincter regulation in the evolution of through-gut
Junko Yaguchi[1], Kazumi Sakai[2], Atsushi Horiuchi[2], Takashi Yamamoto[3], Takahiro Yamashita[2], **Shunsuke Yaguchi[1]** ([1]*SMRC, Univ. Tsukuba*, [2]*Grad. Sch. Sci., Univ. Kyoto*, [3]*Genom. Edit. Innov. Cent., Hiroshima Univ.*)

2SJA-5 メダカでは脳下垂体に発現する光受容体が紫外線受容によって色素沈着促進ホルモンの分泌を誘導する
A Photoreceptor Expressed in Pituitary Endocrine Cells Mediates UV-Induced Hormone Release That Enhances Pigmentation in Medaka
○神田 真司 [1], 福田 彩華 [1,2], 佐藤 恵太 [3]（[1] 東京大学大気海洋研究所, [2] 基礎生物学研究所神経行動学研究部門, [3] 岡山大学医歯薬学総合研究科）
Sinji Kanda[1], Ayaka Fukuda[1,2], Keita Sato[3] ([1]*Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo*, [2]*Division of Behavioral Neurobiology, National Institute for Basic Biology*, [3]*Faculty of Medicine, Dentistry, and Pharmaceutical Sciences, Okayama University*)

おわりに
Closing Remarks

2SKA 日韓二国間シンポジウム： 拡大する日韓生物物理研究のフロンティア
Korea-Japan Bilateral Symposium: Expanding Frontiers of Biophysics in Two Countries

オーガナイザー：髙橋 聡（東北大学），Young-Ho Lee（Korea Basic Sci. Inst.）
Organizers: Satoshi Takahashi (Tohoku Univ.), Young-Ho Lee (Korea Basic Sci. Inst.)

09:00〜11:30
K 会場（天平ホール）／Room K（Tempyo Hall）

The 2026 annual meeting of the Biophysical Society of Japan will be held in Busan, Korea as the joint meeting with the Federation of Korean Societies for Biomolecular and Biophysical Sciences. This bilateral symposium, which is the pre-event of the 2026 meeting, aims to promote collaboration among scientists in both countries by facilitating the exchange of the latest research in various fields of biophysics. We invite scientists to share their expectations for the future of Korea-Japan collaboration.

はじめに
Opening Remarks

2SKA-1 Assessing druggability based on the structural features of human leucyl-tRNA synthetase 2
Seonha Park[1], Byeongmin Shin[1], Ingyo Park[1], Kyuhyeon Bang[1], Sulhee Kim[1], Ina Yoon[2], **Kwang Yeon Hwang[1]** ([1]*Departrment of Biotechnology, Korea University*, [2]*College of Pharmarcy, Yonsei University*)

2SKA-2 クライオ電子顕微鏡を用いた感染症治療薬・ワクチン開発の進展と日韓協力
Advancements in Therapeutic and Vaccine Development for Infectious Diseases Using Cryo-EM: A Potential Japan-Korea Collaboration
Katsumi Maenaka[1,2] ([1]*Facult. Pharm. Sci., Hokkaido Univ.*, [2]*Facult. Pharm. Sci., Kyushu University*)

2SKA-3 Accurate Conformational Ensembles of Intrinsically Disordered Proteins using Reweighting based on NMR Chemical Shift
Juhyeong Jeon[1], Wonjin Yang[1], Jin Hae Kim[2], Young-Ho Lee[3], **Wookyung Yu[1]** ([1]*Department of Brain Sciences, DGIST, Deagu, Republic of Korea*, [2]*Department of New Biology, DGIST, Daegu, Republic of Korea*, [3]*Research Center for Bioconvergence Analysis, Korea Basic Science Institute, Republic of Korea*)

2SKA-4 NMR を利用した天然変性タンパク質を標的とした創薬への挑戦
Challenges and perspectives in drug discovery and design against intrinsically disordered proteins by NMR
Hidekazu Hiroaki[1,2,3] ([1]*Grad. Sch. Pharm. Sci., Nagoya Univ.*, [2]*BeCellBar, LLC.*, [3]*COMIT, Nagoya Univ.*)

2SKA-5 Cellular Mechanobiology in Phagocytosis
Min Chanhyuk[1], Cho Hyeokjin[2], Yu Jeongmin[1], Park Daeho[2], **Lee Gwangrog[1]** ([1]*Department of Biological Sciences, Korea Advanced Institute of Science and Technology (KAIST)*, [2]*School of Life Sciences, Gwangju Institute of Science and Technology (GIST)*)

2SKA-6 Direct Visualization of Dynamics in Prokaryotic Motility Machinery
Takayuki Nishizaka[1], Masaki Mizutani[1], Daisuke Nakane[2] ([1]*Gakushuin Univ.*, [2]*Univ. Electro-Communications*)

おわりに
Closing Remarks

2SAP　エピゲノブリッジ: クロマチン構造形成におけるエピゲノムの役割とその複製機構の分子・細胞スケールに渡る理解

EpigenoBridge: Toward Understanding the Epigenome's Role in Chromatin Structure Formation and Replication Mechanisms from the Molecular to the Cellular Scale

共催 学術変革領域研究（B）「エピゲノブリッジ」

オーガナイザー：角南 智子（QST），寺川 剛（京都大学）

Organizers: Tomoko Sunami (QST), Tsuyoshi Terakawa (Kyoto Univ.)

16:15〜18:45

A 会場（会議室 101+102）／Room A（Meeting Room 101+102）

Eukaryotic genomic DNA is intricately packaged into nucleosomes, forming a dynamic beads-on-a-string structure. Various chemical modifications of histones define the “epigenome,” guiding chromatin structure and thus determining gene expression and cell function. Despite their importance, the precise mechanisms by which the epigenome regulates chromatin architecture and influences cell function remain elusive. Moreover, how these epigenetic marks are maintained and transmitted across cell generations through DNA replication is still poorly understood. This symposium brings together leading experts to explore cutting-edge research on epigenome-mediated chromatin formation, its interplay with DNA replication, and potential approaches for its artificial manipulation.

はじめに

Opening Remarks

2SAP-1　クロマチン構造の力学的解析：分子夾雑とエピゲノム継承の分子機構の理解に向けて

Mechanical Analysis of Chromatin by Optical Tweezers: Molecular Crowding and Inheritance of Epigenome

○角南 智子 [1], Kumar Amarjeet[1], 日詰 光治 [2], 河野 秀俊 [1,3]（[1]QST・量子生命, [2] 埼玉医科大・医学部・中央研究施設, [3] 千葉大院・量子構造創薬センター）

Tomoko Sunami[1], Amarjeet Kumar[1], Kohji Hizume[2], Hidetoshi Kono[1,3] ([1]*iQLS, QST*, [2]*BRC, Med, Saitama Med U*, [3]*cQUEST, Chiba U*)

2SAP-2　Structure and dynamics of reconstituted chromatin with defined histone modification patterns

Yohsuke T Fukai[1], **Kyogo Kawaguchi[1,2]** ([1]*RIKEN PRI*, [2]*Institute for Physics of Intelligence, Department of Physics, The University of Tokyo*)

2SAP-3　Cryo-EM analysis of basic chromatin architectures isolated from cells

Yoshimasa Takizawa[1,2], Haotong Zhuang[1,2], Takuro Shioi[1,3], Suguru Hatazawa[1], Yuki Kobayashi[1], Mitsuo Ogasawara[1], Yasuyuki Ohkawa[4], Hitoshi Kurumizaka[1,3,4] ([1]*IQB, Univ.Tokyo*, [2]*Grad. Sch. Fro. Sci., Univ.Tokyo*, [3]*Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo*, [4]*MIB, Kyushu Univ.*)

2SAP-4　化学触媒によるエピゲノム改変技術の開発

Development of epigenome modification technology by chemical catalysis

○川島 茂裕（東京大学大学院薬学系研究科）

Shigehiro Kawashima (*Graduate School of Pharmaceutical Sciences, The University of Tokyo*)

2SAP-5 **複製依存的ヒストン標識（Repli-Histo 標識）を用いて明らかにする，ヒト生細胞内のユークロマチン・ヘテロクロマチンのふるまい**
Replication-dependent histone (Repli-Histo) labeling dissects the physical properties of euchromatin/heterochromatin in living human cells
○南 克彦[1,2], 仲里 佳子[1,2], 井手 聖[1,2], 海津 一成[3,4], 東 光一[2,5], 田村 佐知子[1], 豊田 敦[6], 高橋 恒一[3], 黒川 顕[2,5], 前島 一博[1,2]（[1] 遺伝研・ゲノムダイナミクス研究室, [2] 総研大・先端学術院, [3] 理研 BDR・バイオコンピューティング研究チーム, [4] 生命創成研究センター・細胞シミュレーション研究グループ, [5] 遺伝研・ゲノム進化研究室, [6] 遺伝研・先端ゲノミクス支援センター）
Katsuhiko Minami[1,2], Kako Nakazato[1,2], Satoru Ide[1,2], Kazunari Kaizu[3,4], Koichi Higashi[2,5], Sachiko Tamura[1], Atsushi Toyoda[6], Koichi Takahashi[3], Ken Kurokawa[2,5], Kazuhiro Maeshima[1,2] ([1]*Genome Dynamics Laboratory, NIG*, [2]*SOKENDAI*, [3]*Laboratory for Biologically Inspired Computing, RIKEN BDR*, [4]*Cell Modeling and Simulation Group, ExCELLS*, [5]*Genome Evolution Laboratory, NIG*, [6]*Comparative Genomics Laboratory, NIG*)

おわりに
Closing Remarks

2SBP **動的溶液環境の観点から紐解く生体分子凝縮体**
Understanding Biomolecular Condensation from the Perspective of Dynamic Solution Environments

オーガナイザー：関山 直孝（京都大学），中村 秀樹（京都大学）
Organizers: Naotaka Sekiyama (Kyoto Univ.), Hideki Nakamura (Kyoto Univ.)

16:15〜18:45
B 会場（会議室 103+104）／Room B（Meeting Room 103+104）

Solution environments in living cells fluctuate spatiotemporally, influencing the formation of biomolecular condensates. This symposium will explore how dynamic changes in solution environments regulate liquid-liquid phase separation and amyloid fibril formation by modulating intermolecular interactions, as well as the subsequent effects on physiological functions and the formation of pathological aggregates. By integrating experimental, computational and theoretical approaches, we aim to uncover the intricate mechanisms underlying biomolecular condensate formation across scales, from microscopic molecular interactions to macroscopic biological outcomes.

2SBP-1 **シナプス後肥厚タンパク質のリン酸化による凝縮体および受容体集合への影響：分子シミュレーションによる検討**
Effects of phosphorylation of postsynaptic density proteins on condensates and receptor assembly studied by molecular simulations
○山田 莉彩, 高田 彰二（京大・理・生物物理）
Risa Yamada, Shoji Takada (*Dept. Biophys., Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*)

2SBP-2 Single-Molecule Studies of how Mug20-Rec25-Rec27 (MRR) Complex Mediates DNA Conformational Change and Biomolecular Condensates Formation
Hung-Wen Li[1], Chieh-Yu Tsai[1], Feng-Yu Wang[2], Ya-Ching Yang[2], Ya-Chen Gong[3], Shyh-Chyang Luo[3], Peter Chi[2] ([1]*Dept. Chemistry, National Taiwan Univ.*, [2]*Inst. Biochem. Sci., National Taiwan Univ.*, [3]*Dept. Materials Sci. Eng., National Taiwan Univ.*)

2SBP-3 **液体の積分方程式理論を用いた 4 残基ペプチドデータベースの構築**
A Comprehensive Tetrapeptide Database Using Integral Equation Theory of Liquid
○金丸 恒大[1,2], 吉田 紀生[2]（[1] 京大・福井セ, [2] 名大・院情報）
Kodai Kanemaru[1,2], Norio Yoshida[2] ([1]*FIFC, Kyoto Univ.*, [2]*Dept. Complex Syst. Sci., Grad. Sch. Informatics, Nagoya Univ.*)

2SBP-4　アミロイド多型とその形成メカニズム
Amyloid polymorphism and formation mechanisms
○宗 正智, 菅瀬 謙治（京大・院農）
Masatomo So, Kenji Sugase (*Grad. Sch. Agric., Kyoto Univ.*)

2SBP-5　動的溶液環境におけるアミロイド β タンパク質の分子集合
Molecular assembly of amyloid-β proteins in dynamic solution environments
○矢木 真穂 [1,2]（[1] 名市大・院薬, [2] 自然科学研究機構・生命創成探究セ）
Maho Yagi-Utsumi[1,2] ([1]*Grad. Sch. Pharm. Sci., Nagoya City Univ.*, [2]*ExCELLS, Natl. Inst. Nat. Sci.*)

2SBP-6　動的細胞内環境における機能性アミロイド線維の可能性の探索
Investigating Neuronal Amyloid Fibrils with Potential Functional Roles in a Dynamic Intracellular Environment
○杉江 淳 [1], 小坂 二郎 [2]（[1] 京都工芸繊維大学, [2] 東京科学大学）
Atsushi Sugie[1], Jiro Osaka[2] ([1]*Kyoto Institute of Technology*, [2]*Institute of Science Tokyo*)

2SCP　重力場における生命の適応進化戦略「細胞骨格ダイナミクス」「ホメオスタシス」から超高齢社会の QOL を考える～自己組織化・分子シャペロン・Hippo 経路・可視化と意識的活動

Adaptive Evolutionary Strategy of Life in a Gravitational Field "Cytoskeletal Dynamics" ,"Mechanical Homeostasis" for Quality of Life in a Super-aging Society - Self-organization, Molecular Chaperones, Hippo Pathway, Visualization and Conscious Activity

オーガナイザー：跡見 順子（帝京大学），井上 大介（九州大学）
Organizers: Yoriko Atomi (Teikyo Univ.), Daisuke Inoue (Kyushu Univ.)

16:15～18:45
C 会場（会議室 105+106）／Room C（Meeting Room 105+106）

Only intelligent human beings can apply the principles of life to their own existence and life to science themselves and present scientific strategies to revitalize the super-aging society. In this symposium, we aim to gain insight into the essence of "cytoskeletal dynamics" and "mechanical homeostasis" from key factors such as self-organization, molecular chaperones, Hippo pathways, visual understanding, and conscious activity, and to create a new field of biophysics through discussions that link the two horizontally and vertically.

はじめに
Opening Remarks

2SCP-1　微小管ダイナミックインスタビリティ 3.1：高精度多次元解析がもたらした意外な高次機能の発見
Microtubule Dynamic Instability 3.1: From Imaging to Insight into Hidden Functions
○清末 優子（関西医科大学 附属生命医学研究所 分子遺伝学部門）
Yuko Mimori-Kiyosue (*Department of Molecular Genetics, Institute of Biomedical Science, Kansai Medical University*)

2SCP-2　The Timing of the Acquisition of Eukaryotic Traits during Eukaryogenesis
Robert Charles Robinson (*Vidyasirimedhi Institute of Science and Technology (VISTEC) Thailand*)

2SCP-3　αB-クリスタリン，チューブリン/微小管のメカノシャペロン：階層的自己組織化とヒト特異性を活用した QOL 戦略
αB-Crystallin, mechanochaperon for tubulin/microtubule: A QOL strategy that utilizes hierarchical self-organization and human specificity
○跡見 順子（帝京大学先端総合研究機構）
Yoriko Atomi (*Teikyo University, ACRO*)

2SCP-4　再構成型ヒト翻訳・フォールディング連動システムを利用した変異 β-アクチンの生合成における異常ステップの解析
A Reconstituted Human Translation/Folding Coupled System Defines the Defective Step in the Biogenesis of Mutated β-Actin Proteins
○町田 幸大（兵庫県立大・院工・応用化学）
Kodai Machida (*Dept. of Appl. Chem., Grad. Sch. of Eng., Univ. of Hyogo*)

2SCP-5　量子ドットイメージングで観る細胞表面へのアミロイド β 凝集・沈着
Visualization of amyloid β aggregation and deposition on cell surface using quantum dot imaging
○倉賀野 正弘, 徳樂 清孝（室工大・院工）
Masahiro Kuragano, Kiyotaka Tokuraku (*Grad. Sch. Eng., Muroran Inst. Tech.*)

2SCP-6　細胞外環境を感知する Hippo シグナル伝達経路の役割
Roles of the Hippo signaling pathway sensing the extracellular environment
○仁科 博史（東京科学大学）
Hiroshi Nishina (*Institute of Science Tokyo*)

2SCP-7　The expression of the collagen chaperone Hsp47 is regulated by mechanical loading through the YAP/TEAD pathway
Ayano Kasai[1,2], Shinya Ito[3], Ryo Ushioda[1,2], Kazuhiro Nagata[1,2,4] ([1]*Fac. Life Sci., Kyoto Sangyo Univ.*, [2]*Inst. Protein Dynamics, Kyoto Sangyo Univ.*, [3]*Ctr. Mol. Biol., Heidelberg Univ.*, [4]*JT Biohistory Research Hall*)

おわりに
Closing Remarks

2SDP　多細胞生物の解明に向けて：組織内で細胞の特徴を捉えるための多彩なアプローチ
Towards the elucidation of multicellular organisms: Diverse approaches to capturing the characteristics of cells within tissues

オーガナイザー：北條 望（理化学研究所），神谷 真子（東京科学大学）
Organizers: Nozomi Hojo (RIKEN), Mako Kamiya (Science Tokyo)

16:15〜18:45
D 会場（会議室 107+108）／Room D（Meeting Room 107+108）

Recent advances in single-cell analysis technologies have revealed that multicellular organisms are composed of diverse cell types, which work in coordination to regulate tissues. Unraveling the detailed mechanisms requires not only the identification of cell types but also the integrated analysis of information such as the spatial location, morphology, and functional activity of cells within three-dimensional biological tissues. This symposium aims to focus on research that captures the characteristics of cells within tissues using various methods, with the goal of achieving a comprehensive understanding of multicellular organisms. We hope to have active discussion on this topic with participants.

はじめに
Opening Remarks

2SDP-1　一細胞 3 次元空間トランスクリプトーム解析を実現する新規細胞単離法
A novel single-cell isolation method enables single-cell 3D spatial transcriptomics
○北條 望, 城口 克之（理研・BDR）
Nozomi Hojo, Katsuyuki Shiroguchi (*BDR, Riken*)

2SDP-2 線虫の全脳活動計測と遺伝子発現解析
Whole brain activity measurement and gene expression analysis of neurons in *Caenorhabditis elegans*
○豊島 有 [1,2], 飯野 雄一 [1], 楊 暁雄 [2]（[1] 東大・院理・生物科学, [2] 東大・新領域・メディカル情報生命）
Yu Toyoshima[1,2], Yuichi Iino[1], Xiaoxiong Yang[2] ([1]*Grad. Sch. of Sci., Univ. of Tokyo*, [2]*Grad. Sch. of Front. Sci., Univ. of Tokyo*)

2SDP-3 Unraveling the Mechanisms of Collective Cell Migration in Epithelial Morphogenesis
Erina Kuranaga[1,2] ([1]*Grad Sch Pharmaceu Sci, Kyoto Univ*, [2]*Grad Sch Life Sci, Tohoku Univ*)

2SDP-4 生きた動物内で標的 GPCR を細胞種選択的に制御する化学遺伝学的アプローチ
Chemogenetic strategy for controlling target GPCRs in a cell-type-specific manner in vivo
○清中 茂樹（名大・院工）
Shigeki Kiyonaka (*Grad. Sch. Eng., Nagoya Univ.*)

2SDP-5 Functional Raman probes for multiplexed vibrational imaging
Mako Kamiya (*CLS, Science Tokyo*)

おわりに
Closing Remarks

2SEP 生物物理からのアクティブマターへのアプローチ
Approaching Active Matter from Biophysics Perspective

オーガナイザー：川又 生吹（京都大学），早川 雅之（京都工芸繊維大学）
Organizers: Ibuki Kawamata (Kyoto Univ.), Masayuki Hayakawa (Kyoto Institute of Technology)

16:15〜18:45
E 会場（会議室 201）／Room E（Meeting Room 201）

This symposium will focus on Active Matter, where the mechanism of active motion of a component is addressed, and further the interaction among them is of interest. Each component can be materialized in a variety of manners from natural organisms to artificially synthesized molecules. In the symposium, Active Matter will be discussed from a wide range of Biophysics, covering experimental research on cells, microorganism, droplets, molecular motors, colloids, and so on. Through the discussion of Active Matter, our symposium will provide insights into the origin and evolution of life, as well as the essence of emergence resulting from autonomy and complexity.

2SEP-1 アクティブに推進する生体分子エージェントとプログラムされた DNA 化学反応ネットワークの統合
Actively Gliding Biomolecular Agents Integrated with Programmed DNA Chemical Reaction Network
○川又 生吹（京都大学）
Ibuki Kawamata (*Kyoto University*)

2SEP-2 光照射で駆動される DNA 流体による生命的な動き
Life-like motion of active DNA fluid driven by photo-irradiation
○鵜殿 寛岳 [1], 野村 M. 慎一郎 [2], 瀧ノ上 正浩 [1]（[1] 東京科学大学 情報理工学院, [2] 東北大学大学院工学研究科 ロボティクス専攻）
Hirotake Udono[1], M. Shin-ichiro Nomura[2], Takinoue Masahiro[1] ([1]*Dept. Comp. Sci., Institute of Science Tokyo*, [2]*Dept. Robotics, Sch. Eng., Tohoku University*)

2SEP-3　**完全な運動一方向性のための DNA 人工分子モーターの構造改変**
Geometry engineering of DNA artificial molecular motor for perfect unidirectionality
○原島 崇徳 [1,2], 飯野 亮太 [1,2]（[1] 分子科学研究所, [2] 総合研究大学院大学）
Takanori Harashima[1,2], Ryota Iino[1,2] ([1]*Institute for Molecular Science*, [2]*Graduate Institute for Advanced Studies, SOKENDAI*)

2SEP-4　**非生物由来分子システムの自律的回帰性が駆動する生命性**
"Life" Actuated by Autonoumous Recursion of Non-Biological Molecular Systems
○松尾 宗征 [1,2]（[1] 広島大学, [2] 東京大学）
Muneyuki Matsuo[1,2] ([1]*Hiroshima University*, [2]*The University of Tokyo*)

2SEP-5　**アクティブマター研究としての単細胞の重力生物学**
Gravitational biology of unicellular organisms as active matter research
○鹿毛 あずさ（室蘭工業大学）
Azusa Kage (*Muroran Institute of Technology*)

2SEP-6　**磁場による遊泳バクテリア集団の秩序形成制御**
Magnetically controlled self-organization of swimming bacteria
Kazusa Beppu[1], Joakim Stenhammar[2], Jaakko V. I. Timonen[3] ([1]*Dept. of Chem. Eng., Kyoto Univ.*, [2]*Div. of Phys. Chem., Lund Univ.*, [3]*Dept. of Appl. Phys., Aalto Univ. Sch. of Sci.*)

2SEP-7　**走化性を示さない細胞性粘菌にみられる集団運動**
Self-organized collective dynamics in *Dictyostelium* cells lacking chemotaxis
○早川 雅之 [1,2], Bhattacherjee Biplab[2], 桑山 秀一 [3], 柴田 達夫 [2]（[1] 京都工芸繊維大学・機械工学系, [2] 理研・生命機能科学研究センター, [3] 筑波大学・生命環境系）
Masayuki Hayakawa[1,2], Biplab Bhattacherjee[2], Hidekazu Kuwayama[3], Tatsuo Shibata[2] ([1]*Dept. of Mech. Eng., Kyoto Institute of Technology*, [2]*RIKEN BDR*, [3]*Life Environ. Sci., Univ. Tsukuba*)

2SFP　**スーパーコンピュータ「富岳」による創薬と医療の促進**
Advancing drug discovery and healthcare through supercomputer Fugaku

共催　「富岳」成果創出加速プログラム「「富岳」で目指すシミュレーション・AI 駆動型次世代医療・創薬」

オーガナイザー：荒木 望嗣（京都大学），寺山 慧（横浜市立大学）
Organizers: Mitsugu Araki (Kyoto Univ.), Kei Terayama (Yokohama City Univ.)

16:15〜18:45
F 会場（会議室 202）／Room F（Meeting Room 202）

Drug discovery and medical technologies are being innovated by development of high performance computing (HPC). Large-scale molecular simulations performed on supercomputer Fugaku enable atomic-level observation of protein recognition processes of small-molecule ligands, peptides, antigens, and proteins, providing deeper insight into understanding pathogenesis mechanisms of many unexplained diseases and exploring drugs to control them. In this symposium, we will discuss about the forefront of next-generation molecular simulation and artificial intelligence (AI) techniques for drug discovery and medical treatment.

はじめに
Opening Remarks

2SFP-1 大規模 MD シミュレーションによる DHFR 阻害剤耐性メカニズムの微視的解析
Molecular Dynamics Simulation Unveils Multiple-Site Binding of Inhibitors with Reduced Activity on the Surface of Dihydrofolate Reductase
○荒木 望嗣, 奥野 恭史（京大・院医）
Mitsugu Araki, Yasushi Okuno (*Grad. Sch. Med., Kyoto Univ.*)

2SFP-2 富岳を用いた大規模レプリカ交換 MD シミュレーションによる，ペプチド認識に関与するプロテインキナーゼの構造ダイナミクスの解明
Massive Replica-Exchange MD Simulations on Fugaku Reveal Conformational Features of Protein Kinases Relevant to Peptide Recognition
○信夫 愛（大阪大学）
Ai Shinobu (*Osaka University*)

2SFP-3 In Silico Design of Inhibitors Targeting SARS-CoV-2 Non-Structural Proteins
Duy Tran, Akio Kitao (*School of Life Science and Technology, Institute of Science Tokyo*)

2SFP-4 スパコンによるマルチスケール解析でストレッチアクティベーションが心拍動と昆虫の羽ばたきになぜ必要かを解明する
Supercomputer-based multiscale analysis reveals why stretch activation is necessary for beating the heart and insects' wings
○鷲尾 巧 [1,2], 久田 俊明 [1]（[1]UT-Heart 研究所, [2] 東京大学）
Takumi Washio[1,2], Toshiaki Hisada[1] ([1]*UT-Heart Inc.*, [2]*University of Tokyo*)

2SFP-5 結合自由エネルギー計算に基づくキナーゼ阻害剤の心筋イオンチャネル阻害活性の予測
Prediction of cardiac ion channel inhibitory activities of kinase inhibitors based on binding free energy calculation
○根上 樹, 寺田 透（東大・院農）
Tatsuki Negami, Tohru Terada (*Grad. Sch. Agri. and Life Sci., Univ. Tokyo*)

2SFP-6 Enhancing Antibody Engineering with Automated Molecular Interaction Descriptors and Structure Modeling
Shuntaro Chiba[1], Tsutomu Yamane[1], Yasushi Okuno[1,2], Mitsunori Ikeguchi[1,3], Masateru Ohta[1] ([1]*R-CCS, RIKEN*, [2]*Grad. Sch. Med., Kyoto Univ.*, [3]*Grad. Sch. Med. Life Sci., YCU*)

2SFP-7 分子生成 AI とシミュレーションの融合による創薬分子設計
Integrating Molecular Generative AI and Simulation for Drug Discovery
○寺山 慧（横浜市大・院生命医科学）
Kei Terayama (*Grad.Sch.Med.Life.Sci, Yokohama City Univ.*)

おわりに
Closing Remarks

2SGP　あらゆる地球環境で光合成を可能とする超分子構造制御
Supramolecular Complexes and Their Regulations to Enable Photosynthesis All Around the Globe

共催 学術変革領域研究（A）「光合成ユビキティ」

オーガナイザー：斉藤 圭亮（東京大学），白井 剛（長浜バイオ大学）
Organizers: Keisuke Saito (The Univ. of Tokyo), Tsuyoshi Shirai (Nagahama Inst. of Bio-Sci. Tech.)

16:15〜18:45
G 会場（会議室 203）／Room G（Meeting Room 203）

Photosynthetic organisms convert water and carbon dioxide into organic compounds using solar energy. They have adapted to diverse environments, sustaining life on Earth. The structure and function of the photosynthetic apparatus dynamically respond to environmental changes. The research project Photosynthetic Ubiquity, supported by a Grant-in-Aid for Transformative Research Areas (A) from JSPS, explores how supramolecular complexes regulate physiological functions based on spatiotemporal structural information. In this symposium, project members from structural biology, plant physiology, biochemistry, and bioinformatics will discuss molecular mechanisms underlying the adaptation of photosynthetic supramolecular complexes to various environments.

はじめに
Opening Remarks

2SGP-1　暗所従属栄養条件でのシアノバクテリアの微小進化
Microevolution of cyanobacteria in the dark heterotrophic conditions
○藤田 祐一（名古屋大・院生命農）
Yuichi Fujita (*Grad. Sch. Bioagricultural Sci., Nagoya Univ.*)

2SGP-2　緑色硫黄細菌で見つかった嫌気的な非光化学的消光：その反応機構と生理的意義
Anaerobic non-photochemical quenching of photosynthetic green sulfur bacteria: Its reaction mechanism and physiological significance
○浅井 智広（中央大・理工）
Chihiro Azai (*Fac. Sci. & Eng., Chuo Univ.*)

2SGP-3　時間分解蛍光分光法による光合成色素–タンパク質複合体の機能解明
Functions of photosynthetic pigment-protein complexes, revealed by time-resolved fluorescence spectroscopy
○秋本 誠志（神戸大・院理）
Seiji Akimoto (*Grad. Sch. Sci., Kobe Univ.*)

2SGP-4　光合成タンパク質の分子構造と理論構造をつなぐ磁気構造
Linkage of the molecular and theoretical structures of photosynthetic proteins using magnetic spin configurations
○三野 広幸（名古屋大学・院理）
Hiroyuki Mino (*Grad. Sch. Sci., Nagoya Univ.*)

2SGP-5　光捕集複合体の構造に基づいた海洋性大型緑藻のカルボニルカロテノイドによる緑色光吸収の分子メカニズム
Mechanism of green light absorption by carbonyl carotenoids of marine macroalgae based on the structure of light-harvesting complexes
○藤井 律子 [1,2]（[1] 大阪公立大学人工光合成研究センター, [2] 大阪公立大学理学研究科化学専攻）
Ritsuko Fujii[1,2] ([1]*Research Center for Artificial Photosynthesis, Osaka Metropolitan University*, [2]*Department of Chemistry, Graduate School of Science, Osaka Metropolitan University*)

2SGP-6　光合成アンテナのデザインを目指して：in vitro 再構成光合成アンテナの構造解析
Toward the design of photosynthetic antennas: structural determination of in vitro reconstituted light-harvesting complex
○関 荘一郎[1], 川本 晃大[1,2], 宮田 知子[3,4], 難波 啓一[3,4], 藤井 律子[5], 栗栖 源嗣[1,2,4]（[1]阪大・蛋白研, [2]阪大・OTRI, [3]阪大・生命機能, [4]阪大・日本電子 YOKOGUSHI 協働研, [5]阪公大・人工光合成研究センター）
Soichiro Seki[1], Akihiro Kawamoto[1,2], Tomoko Miyata[3,4], Keiichi Namba[3,4], Ritsuko Fujii[5], Genji Kurisu[1,2,4] ([1]*IPR, Osaka Univ.*, [2]*OTRI, Osaka Univ.*, [3]*Grad. Sch. Frontier Biosci., Osaka Univ.*, [4]*JEOL YOKOGUSHI Res. Alliance Labs., Osaka Univ.*, [5]*ReCAP, Osaka Metropol. Univ.*)

2SGP-7　光センサータンパク質 RcaE における「水素結合のアクセプター」となるリシン
Deprotonated Lysine Serving as a “H-bond acceptor” in the Photoreceptor Protein RcaE
○三島 正規（東京薬科大・薬学）
Masaki Misima (*Sch. Pharm., Tokyo Univ. Pharm. and Life Sci.*)

2SGP-8　AlphaFold と MD シミュレーションを活用したオートファジー駆動機構の解明
Elucidating the mechanism of autophagy utilizing AlphaFold prediction and MD simulations
○野田 展生[1,2]（[1]北大・遺制研, [2]微化研）
Nobuo N. Noda[1,2] ([1]*IGM, Hokkaido Univ.*, [2]*Inst. Microbial Chem.*)

おわりに
Closing Remarks

2SHP　メゾ複雑体の機能解明に向けた計算科学と実験科学の統合的アプローチ
Towards the Elucidation of Structure of Meso-entangled Bodies through the Integration of Computational and Experimental Approaches

共催 学術変革領域研究（A）「クロススケール新生物学」

オーガナイザー：西田 紀貴（千葉大学），笠原 健人（大阪大学）
Organizers: Noritaka Nishida (Chiba Univ.), Kento Kasahara (The Univ. of Osaka)

16:15〜18:45
H 会場（会議室 204）／Room H（Meeting Room 204）

In cells, specific proteins form spatiotemporally regulated complexes, which we refer to as meso-entangled bodies, playing a vital role in maintaining normal cellular functions. To elucidate the structures of these protein complexes, cutting-edge experimental techniques such as cryo-EM, NMR, and X-ray crystallography, along with computational approaches like molecular dynamics simulations and AI-driven structure prediction, have made significant contributions. This symposium will present research that integrates these experimental and computational methods to deepen our understanding of the structural basis and biological functions of meso-entangled bodies.

2SHP-1　FUS の液滴形成・成熟過程の in-cell NMR 解析
Structural insights into liquid-liquid phase separation (LLPS) mechanism of FUS using in-cell NMR
○西田 紀貴（千葉大・院薬）
Noritaka Nishida (*Grad Sch Pharm Sci, Chiba Univ*)

2SHP-2 **統合的時分割構造解析で捉えるシャペロンのフォールディング制御における速度論的特性**
Kinetic Insights into Chaperone-Mediated Protein Folding from Integrative, Dynamic Structural Biology
○熊代 宗弘[1], 久米田 博之[2], 齋尾 智英[1]（[1]徳大・酵素研, [2]北大・先端生命）
Munehiro Kumashiro[1], Hiroyuki Kumeta[2], Tomohide Saio[1] ([1]*Inst. Adv. Med. Sci., Tokushima Univ.*, [2]*Fac. Adv. Life Sci., Hokkaido Univ.*)

2SHP-3 Modulation of Structure and Dynamics in Biomolecular Condensates Revealed by Large-Scale Molecular Dynamics Simulations
Cheng Tan, Yuji Sugita (*RIKEN Center for Computational Science*)

2SHP-4 PROTAC-induced Protein Structural Dynamics in Targeted Protein Degradation
Chia-en Chang, Kingsley Wu, Ta I David Tang (*University of California, Riverside*)

2SHP-5 Elucidation of the regulation of the Rac1/Cdc42 guanine nucleotide exchange factor DOCK6
Mutsuko Kukimoto-Niino (*RIKEN, Yokohama*)

2SHP-6 **カーゴ受容体 ERGIC-53 によるカーゴ輸送のクライオ電顕構造解析**
Cryo-EM analysis of cargo transport and release by a cargo receptor ERGIC-53
○渡部 聡, 本城 恵美, 稲葉 謙次（九大・生医研）
Satoshi Watanabe, Emi Honjo, Kenji Inaba (*MIB, Kyushu Univ*)

2SHP-7 **高速 AFM と cryo-EM による，CAMSAP2 によって誘導される微小管およびアスター構造形成過程の直接観察**
Direct observation of CAMSAP2-induced microtubule and aster formation processes using high-speed AFM and cryo-EM
Tsuyoshi Imasaki[1], Ayhan Yurtsever[2], Ryota Kitano[1], Kien Xuan Ngo[2], Takaaki Kato[1], Hanjin Liu[1], Hideki Shigematsu[3], Takeshi Fukuma[2], Ryo Nitta[1] ([1]*Kobe University Graduate School of Medicine*, [2]*WPI-NanoLSI*, [3]*JASRI*)

おわりに
Closing Remarks

2SIP **複雑な細胞機能を解き明かす：メカニズム解明と技術革新**
Deciphering complex cellular functions: Mechanistic insights and technological innovations

オーガナイザー：出口 真次（大阪大学），木戸秋 悟（九州大学）
Organizers: Shinji Deguchi (The Univ. of Osaka), Satoru Kidoaki (Kyushu Univ.)

16:15〜18:45
I 会場（会議室 205）／Room I（Meeting Room 205）

Cells exhibit a variety of complex functions that are vital for life, yet deciphering the mechanisms driving these processes remains a significant scientific challenge. This symposium will focus on recent progress in exploring cellular mechanisms, highlighting the connections between molecular interactions and cellular functions. The discussions will also focus on innovative methods, including advanced imaging and computational tools, that provide new perspectives on cell biology. By presenting these findings, the symposium aims to enhance our understanding of cellular processes and inspire further developments that integrate biological research with technological advancements.

はじめに
Opening Remarks

2SIP-1 ミスセンス変異モータータンパク質の機能評価に向けた力計測アプローチ
Functional Assessment of Missense Mutations in Motor Proteins via Force Measurements
○林 久美子（東大・物性研）
Kumiko Hayashi (*ISSP, Univ. Tokyo*)

2SIP-2 Mechanisms of intracellular force transmission revealed by coiled-coil mechano-sensors
Takumi Saito (*Grad. Sch. of Engineering Science, The University of Osaka*)

2SIP-3 Alternative Force Transmission Mechanisms at Adherens Junctions with Potential Roles in Cancer Progression
Cristina Bertocchi[1,2] ([1]*Pontificia Universidad Católica de Chile*, [2]*The University of Osaka*)

2SIP-4 A molecular basis for neuronal migration in confined spaces
Naotaka Nakazawa (*Kindai University*)

2SIP-5 突起形成による力不均衡がもたらすグリオーマの移動極性
Migratory polarity emerges from protrusion-mediated force imbalance in glioma cells
○作村 諭一 [1,2], 田川 晴奈 [2], 兼松 大介 [3], 勝間 亜沙子 [2,3], 稲垣 直之 [2], 金村 米博 [3]（[1] 奈良先端大・DSC, [2] 奈良先端大・先端科学技術, [3] 大阪医療センター）
Yuichi Sakumura[1,2], Haruna Tagawa[2], Daisuke Kanematsu[3], Asako Katsuma[2,3], Naoyuki Inagaki[2], Yonehiro Kanemura[3] ([1]*Data Science Center, Nara Inst. of Sci. and Tech.*, [2]*Grad. Sch. Sci. and Tech., Nara Inst. of Sci. and Tech.*, [3]*NHO Osaka National Hospital*)

2SIP-6 運動する細胞の応力ゆらぎ操作と計測
Dynamic Control and Analysis of Intracellular Stress Fluctuations during Cell Migration
○木戸秋 悟（九大・先導研）
Satoru Kidoaki (*IMCE, Kyushu Univ.*)

2SIP-7 細胞内の中間スケールにおけるゆらぎ駆動力の定量解析
Probing mesoscale physical forces in cells
○出口 真次 [1,2], 上田 唯花 [1]（[1] 阪大・基礎工, [2] 阪大・国際医工情報センター）
Shinji Deguchi[1,2], Yuika Ueda[1] ([1]*Grad Sch Eng Sci, Univ Osaka*, [2]*MEI-Center, Univ Osaka*)

おわりに
Closing Remarks

2SJP 日豪台三国間シンポジウム: 量子生命科学による最先端生体計測の新展開(国際量子科学技術年記念シンポジウム)
Japan-Australia-Taiwan Trilateral Symposium: New Frontiers in Biological Measurement Enabled by Quantum Life Science (International Quantum Science and Technology Year Commemorative Symposium)

オーガナイザー：石綿 整（QST），David Simpson（The Univ. of Melbourne）
Organizers: Hitoshi Ishiwata (QST), David Simpson (The Univ. of Melbourne)

16:15〜18:45
J 会場（会議室 206）／Room J（Meeting Room 206）

Quantum life science is an emerging interdisciplinary field at the intersection of quantum physics and biology, focused on exploring fundamental life processes at the molecular level. By applying principles of quantum measurement and quantum bioengineering, this field aims to develop advanced techniques for quantifying intracellular nanoscale environments, including temperature, pH, diffusion, and redox activities. This innovative approach has the potential to transform our understanding of biological systems and drive significant advancements in genetics, molecular biology, medicine, and bioengineering.

はじめに
Opening Remarks

2SJP-1 Sub-micron imaging of neuronal action potentials by defect charge-state conversion in diamond
Daniel McCloskey[1,2], Kathryn Munro[3], Nikolai Dontschuk[1], David Simpson[1,2] ([1]*Sch. of Phys., Univ. Melbourne*, [2]*ARC CoE in Quantum Biotechnology*, [3]*Dept. Anatomy & Physiology., Univ. Melbourne*)

2SJP-2 Computational 4D imaging for understanding pain-processing neural circuit
Takuma Sugi (*Grad. Sch. Integ. Sci. for Life, Hiroshima Univ.*)

2SJP-3 Quantum Sensing in Healthcare: Spin-Enhanced Immunoassays with Fluorescent Nanodiamonds
Huan-Cheng Chang (*Academia Sinica, Taiwan*)

2SJP-4 *Diamond quantum sensors for iron load quantification of ferritin proteins*
A. Simpson David (*School of Physics, University of Melbourne*)

2SJP-5 Interferometric Scattering Microscopy: Where Light Scatters and Life Reveals
Chia-Lung Hsieh (*Institute of Atomic and Molecular Sciences (IAMS), Academia Sinica*)

2SJP-6 ナノ量子センサが切り拓く細胞機能の新次元定量技術
Next-Generation Quantification of Cellular Functions Enabled by Nanoscale Quantum Sensors
○石綿 整[1,2]（[1]量子科学技術研究開発機構，量子生命科学研究所, [2]千葉大　量子生命構造創薬センター）
Hitoshi Ishiwata[1,2] ([1]*iQLS, QST*, [2]*Chiba Univ. cQUEST*)

2SKP 人工細胞そして生命ー非生命の境界
Artificial cell and boundary between living and non-living matters

共催 JST CREST「ゲノム合成」

オーガナイザー：野地 博行（東京大学），市橋 伯一（東京大学）
Organizers: Hiroyuki Noji (The Univ. of Tokyo), Norikazu Ichihashi (The Univ. of Tokyo)

16:15〜18:45
K 会場（天平ホール）／Room K（Tempyo Hall）

In recent years, the field of bottom-up construction of artificial cells as autonomously functioning molecular systems has advanced rapidly, bringing the realization of "living molecular systems" closer to reality. However, the boundary conditions that discriminate "living matters (life)" from "non-living matters (non-life)" remain unclear. This symposium aims to explore the factors that define the boundary between living- and non-living matters by integrating insights from cutting-edge artificial cell research with perspectives from researchers studying this boundary from different viewpoints.

はじめに
Opening Remarks

2SKP-1 小さいゲノムを持つ微生物から見る生命と非生命の境界
The Boundary Between Life and Non-Life Seen in Microorganisms with Small Genomes
○鈴木 志野（理研・開拓研究所）
Shino Suzuki (*PRI, RIKEN*)

2SKP-2 ヌクレオサイトウイルス門の巨大ウイルスによる感染細胞に対する思いもよらぬ影響について
Giant viruses of the Phylum Nucleocytoviricota induce unexpected behaviors in infected host cells
○武村 政春, ペ ジワン（東京理科大・院理）
Masaharu Takemura, Jiwan Bae (*Grad. Sch. Sci., Tokyo Univ. Sci.*)

2SKP-3 Artificial cells with dissipative structures
Sakura Takada, Kei Fujiwara (*Dept. of Biosci. and Info., Keio Univ.*)

2SKP-4 LLPS ドロプレットを用いた自律成長型人工細胞モデル
Artificial protocell models based on LLPS droplet
○野地 博行, 皆川 慶嘉（東京大学）
Hiroyuki Noji, Yoshihiro Minagawa (*University of Tokyo*)

2SKP-5 生物みたいに自己再生産できる人工システムを作りたい：現状と展望
Toward a self-regenerative in vitro central dogma; progress and future
○市橋 伯一（東大総合文化）
Norikazu Ichihashi (*Grad. Sch. Arts Sci. Univ. Tokyo*)

2SKP-6 動的な人工細胞のための核酸ベースの知的な凝集体
Nucleic Acid-based Smart Condensates for Dynamic Artificial Cells
○瀧ノ上 正浩 [1,2,3]（[1] 東京科学大・情報理工, [2] 東京科学大・生命理工, [3] 東京科学大・自律システム材料学研究センター）
Masahiro Takinoue[1,2,3] ([1]*Sch. Computing, Science Tokyo*, [2]*Sch. Life Sci. Tech., Science Tokyo*, [3]*ASMat, IIR, Science Tokyo*)

2SKP-7 細胞死の理論と「安定に機能する生化学システム」の珍しさ
A theory of cell death and the rarity of stably functioning biochemical systems
○姫岡 優介（東京大学大学院理学系研究科生物普遍性研究機構）
Yusuke Himeoka (*Universal Biology Institute, The University of Tokyo*)

おわりに
Closing Remarks

3 日目（9 月 26 日（金））／Day 3（Sep. 26 Fri.）

3SAA ノルウェー・日本の二国間シンポジウム
Norway-Japan Bi-lateral Symposium

オーガナイザー：古池 美彦（分子科学研究所）
Organizers: Yoshihiko Furuike (IMS)

09:00〜11:30
A 会場（会議室 101+102）／Room A（Meeting Room 101+102）

What are the significances of sequence diversity and conformational polymorphism of proteins for biological phenomena? We will introduce cutting-edge research results from Norway and Japan to promote research exchange and future collaboration between the two countries.

3SAA-1 **ストレスファイバ直線収縮が引き起こす魚類表皮ケラトサイトの細胞体回転**
Cell body rotation by sequential linear contraction of stress fibers in a fish epidermal keratocyte
○沖村 千夏（山口大・理）
Chika Okimura (*Dept. Biol., Yamaguchi Univ.*)

3SAA-2 Nanoscale motion tracing of spermatozoa
Jean-Claude Tinguely[1], Sunil Bhatt[2], Ankit Butola[1], Mona Nystadq[3,4], Dalip Singh Mehta[2], Krishna Agarwal[1] ([1]*Institute of Physics and Technology, UiT The Arctic University of Norway, Tromsø, Norway*, [2]*Department of Physics, Indian Institute of Technology Delhi, New Delhi, India*, [3]*Department of Clinical Medicine, UiT The Arctic University of Norway, Tromsø, Norway*, [4]*Department of Obstetrics and Gynecology, University Hospital of North Norway, Tromsø, Norway*)

3SAA-3 Statistical Physics Meets AlphaFold: Universal Folding–Function Scaling and Evolutionary Trends
Qianyuan Tang[1], Zecheng Zhang[1], Weitong Ren[2], Jun Wang[3] ([1]*Hong Kong Baptist University, HKSAR, China*, [2]*Wenzhou Institute, Univ. Chin. Acad. Sci., China*, [3]*Nanjing Univ, China*)

3SAA-4 Fluorescence and label-free microscopy to study keratocytes from Atlantic salmon
Deanna Lynn Wolfson, Dhivya B. Thiyagarajan, Bilal M. Afzal, Marie Mikkelborg, Azeem Ahmad, Balpreet S. Ahluwalia, Roy A. Dalmo (*UiT The Arctic University of Norway*)

3SAA-5 **古代地球における時計タンパク質 KaiC の構造的進化**
Structural Evolution of Clock Protein KaiC on Ancient Earth
○古池 美彦（分子科学研究所）
Yoshihiko Furuike (*Institute for Molecular Science*)

3SAA-6 NANOSPACER: Nanofluidics for single molecule metrology of extracellular vesicles, biomacromolecules and amyloids in solution
Oliver Vanderpoorten (*UiT The Arctic University of Norway*)

おわりに
Closing Remarks

3SBA **生物発光における合成・定量計測・理論計算の融合研究**
Bioluminescence Interdisciplinary Collaboration between Experimental and Theoretical Approach

オーガナイザー：樋山 みやび（群馬大学），山本 典史（千葉工業大学）
Organizers: Miyabi Hiyama (Gunma Univ.), Norifumi Yamamoto (Chiba Inst. of Tech.)

09:00〜11:30
B 会場（会議室 103+104）／Room B（Meeting Room 103+104）

Bioluminescence, the emission by a substrate and an enzyme, is extensively utilised for investigation of temporal changes in cell proliferation, observation of drug and cancer cell metastasis pathways, detection of microbial pollution in food hygiene testing, and so on. Because of their usefulness, protein mutants and substrate analogues for different bioluminescence colours have been developed as emission probes. However, the emission mechanism, which can explain the colour change and high quantum yield of wild substrates, remains unknown. To understand the bioluminescence mechanisms, the interdisciplinary collaboration of organic synthesis, quantitative measurements, quantum chemistry calculations, molecular dynamics simulations, and molecular biology is indispensable. In this symposium, we exchange information for the newest results for interdisciplinary collaboration between experimental and theoretical studies of bioluminescence.

はじめに
Opening Remarks

3SBA-1 **生体内深部を観察可能な近赤外 in vivo 光イメージング材料**
Innovation of NIR luciferin analogues using firefly bioluminescence for in vivo imaging
Nobuo Kitada[1,2,3], Genta Kamiya[1], Jumpei Hatakeyama[1], Ryohei Moriya[4], Masahiro Kiyama[5], Satoshi Iwano[5], Takashi Hirano[1], Shojiro Maki[1,2,3] ([1]*Grad. Sch. Info. Eng., UEC*, [2]*Env. Saf. San. Mgmt. Ctr., UEC*, [3]*CNBE, UEC*, [4]*Fac. Sci., Kitasato Univ.*, [5]*Tenure-Track Prom. Off., Univ. Miyazaki*)

3SBA-2 **ホタル生物発光基質類似体の理論的研究**
Theoretical study for firefly bioluminescence substrate analogs
○樋山 みやび（群馬大学）
Miyabi Hiyama (*Gunma University*)

3SBA-3 **発光タンパク質イクオリンの時分割シリアルフェムト秒結晶構造解析**
Time-resolved serial femtosecond crystallography of the bioluminescent protein Aequorin
○森口 舞子, 中津 亨（和医大・薬）
Maiko Moriguchi, Toru Nakatsu (*Fac. Pharm. Sci., Wakayama Med. Univ.*)

3SBA-4 **ハイブリッド QM/MM 自由エネルギー法によるイクオリンの生物発光過程についての理論的研究**
Theoretical study on the bioluminescent process of Aequorin by hybrid QM/MM free energy method
○安東 智大 [1], 船橋 俊也 [2], 中津 亨 [3], 林 重彦 [1]（[1] 京大院理, [2] 京大院薬, [3] 和医大薬）
Tomohiro Ando[1], Toshiya Funahashi[2], Toru Nakatsu[3], Shigehiko Hayashi[1] ([1]*Grad. Sch. of Sci. Kyoto Univ.*, [2]*Grad. Sch. of Pharm. Sci. Kyoto Univ.*, [3]*Sch. of Pharm. Sci. Wakayama Med. Univ.*)

3SBA-5 **古代のルシフェラーゼを復元する**
Resurrecting the ancient luciferase
○大場 裕一（中部大・応用生物）
Yuichi Oba (*Dept. Env. Biol., Chubu Univ.*)

3SBA-6 **分子シミュレーションで探るホタルの太古の光**
Molecular Simulations of the Ancient Glow of Fireflies
○山本 典史（千葉工業大学）
Norifumi Yamamoto (*Chiba Tech*)

3SBA-7　ホシホウネンエソ発光器に局在する紫色素タンパク質の生化学的解析
Biochemical analysis of the purple pigment protein localized in the light organ of the hatchetfish
○水野 雅玖 [1], 矢野 大地 [2], 今井 日奈乃 [1], パイティオ ジョゼ [1,3], 磯貝 泰弘 [4], 白井 剛 [5], 大場 裕一 [1]（[1] 中部大・応用生物, [2] 和歌山高専・生物応用化学, [3] サンパウロ大学, [4] 富山県立大・工学・医薬品工学, [5] 長浜バイオ大・バイオサイエンス）
Gaku Mizuno[1], Daichi Yano[2], Hinano Imai[1], Jose Paitio[1,3], Yasuhiro Isogai[4], Tsuyoshi Shirai[5], Yuichi Oba[1] ([1]*Col. Biosci. Biotech., Chubu Univ.*, [2]*Dep. Apl. Chem. Biochem., Nat. Ins. Tech. Wakayama Col.*, [3]*Univ. Sao Paulo*, [4]*Dep. Pharm. Eng., Toyama Pref. Univ.*, [5]*Fac. Biosci.., Nagahama Ins. Biosci. Tech.*)

3SBA-8　全電子第一原理 GWΓ 法の開発
Development of all-electron first-principles GWΓ method
○野口 良史（静岡大院･工）
Yoshifumi Noguchi (*Grad. Sch. Eing., Shizuoka Univ.*)

3SBA-9　半導体レーザーを用いたポータブルピコ秒パルス光源と生物物理への応用
Semiconductor laser based portable picosecond pulse light source for biophysics applications
○小林 真隆 [1], 柴田 桂成 [1,2], 中前 秀一 [1], 金 昌秀 [1,3], 伊藤 隆 [3], 樋山 みやび [4,5], 秋山 英文 [1,3]（[1] 東大物性研, [2] 筑波大数理物質系, [3] ㈱ LDseed, [4] 群馬大院理工, [5] 群馬大食健康セ）
Masataka Kobayashi[1], Keisei Shibata[1,2], Hidekazu Nakamae[1], Changsu Kim[1,3], Takashi Ito[3], Miyabi Hiyama[4,5], Hidefumi Akiyama[1,3] ([1]*ISSP, Univ. of Tokyo*, [2]*Grad. Sch. Pure and Appl. Sci, Univ. of Tsukuba*, [3]*LDseed Co., Ltd.*, [4]*Grad. Sch. Sci. Tech., Gunma Univ.*, [5]*Gunma Univ. Center for Food Science and Wellness*)

おわりに
Closing Remarks

3SEA　NMR の方法論開発と複雑な生体分子系への応用の新展開
Advances in NMR Methodologies and Applications to Complex Biological Systems/Landscapes

オーガナイザー：石井 佳誉（東京科学大学），松木 陽（大阪大学）
Organizers: Yoshitaka Ishii (Science Tokyo), Yoh Matsuki (Univ. Osaka)

09:00〜11:30
E 会場（会議室 201）／Room E（Meeting Room 201）

This symposium highlights cutting-edge development of NMR technology, including ultra-high-field NMR (e.g., with ^{1}H frequencies exceeding 1 GHz) and hyperpolarization techniques, which enable the study of challenging biological targets, such as amyloid aggregates, glycolipids, high-molecular-weight proteins, and membrane-bound proteins, for structural biology. The program also highlights modern NMR methods/applications to characterize heterogeneous/complex proteins in motion and biological systems under conditions mimicking cells and tissues. Additionally, the symposium explores the integration of NMR with other complementary methods like cryo-electron microscopy (cryoEM) for structural/functional analyses.

はじめに
Opening Remarks

3SEA-1　Innovations in Sensitivity-Enhanced High-Dimensional Protein Solid-state NMR and Applications to Amyloid Proteins
Yoshitaka Ishii (*Institute of Science Tokyo*)

3SEA-2 **溶解 DNP-NMR 法を用いた蛋白質の相互作用，構造動態解析法の開発**
Development of protein interaction and structural dynamics studies using dissolved DNP and isotope-aided NMR
赤木 謙一, 池之上 達哉, ○宮ノ入 洋平（阪大・蛋白研）
Ken-ichi Akagi, Tatsuya Ikenoue, **Yohei Miyanoiri** (*Inst. Prot. Res., Univ. Osaka*)

3SEA-3 **固体 NMR を用いた微生物型ロドプシンの残基特異的な知見**
Residue-specific insights on microbial rhodopsins using solid-state NMR
○川村 出（横浜国大・院理工）
Izuru Kawamura (*Grad. Sch. Eng. Sci, Yokohama Natl. Univ.*)

3SEA-4 **分子シャペロンを対象とした構造・キネティクス解析**
Structural and kinetic insights into molecular chaperones
○齋尾 智英（徳島大・先端酵素）
Tomohide Saio (*IAMS, Tokushima Univ.*)

3SEA-5 **大腸菌における内在性糖脂質 MPIase の機能的役割**
Functional roles of the endogenous glycolipid MPIase in *Escherichia coli*
○野村 薫（サントリー生科財団）
Kaoru Nomura (*Suntory Foundation for Life Sciences*)

3SEA-6 Methods and Instruments for High-Field MAS DNP toward Intracellular Structural Biology
Yoh Matsuki (*Inst. Prot. Res., Univ. Osaka*)

おわりに
Closing Remarks

3SFA 学際研究で迫る生物物理的視点からの生命の起源研究
Interdisciplinary investigations into the biophysics of the origins of life

オーガナイザー：Tony Z. Jia（広島大学），車 兪澈（海洋研究開発機構）
Organizers: Tony Z. Jia (Hiroshima Univ.), Yutetsu Kuruma (JAMSTEC)

09:00〜11:30
F 会場（会議室 202）／Room F（Meeting Room 202）

The origins of life is an interdisciplinary field requiring collaboration and input from many disparate disciplines, including biophysics, chemistry, geology, and more. Each of these fields approaches the question of the origin of life with a different mindset, using different techniques and analyses. Only by combining ideas and research from multiple fields can we begin to approach answer such difficult questions. In this symposium, we highlight new research which combines biophysics with at least one other discipline to answer significant questions related to the origins and evolution of life both on Earth and elsewhere.

はじめに
Opening Remarks

3SFA-1 Enzymatic Condensates as self-regulating systems for metabolic efficiency
Paola Laurino[1,2] ([1]*Okinawa Inst. of Sci. & Tech. Graduate Univ.*, [2]*Institute for Protein Research, Osaka Univ*)

3SFA-2　**生命における代謝経路選択と熱力学的制約**
Thermodynamic constraints and the choice of metabolic pathways in life
○瀬戸 繭美 [1], 佐々木 里瑳 [1], 大岡 英史 [2], 中村 龍平 [2,3]（[1] 奈良女子大学, [2] 理化学研究所生体機能触媒研究チーム, [3] 東京科学大学地球生命研究所）
Mayumi Seto[1], Risa Sasaki[1], Hideshi Ooka[2], Ryuhei Nakamura[2,3] ([1]*Nara Women's University*, [2]*Biofunctional Catalyst Research Team, RIKEN Center for Sustainable Resource Scienc*, [3]*Earth- Life Science Institute (ELSI), Institute of Science Tokyo*)

3SFA-3　**深海における人工細胞の生存可能性について**
The Potential of Artificial Cells Functioning under *In Situ* Deep-Sea Conditions
○車 兪澈, 野牧 秀隆, 磯部 紀之, 松岡 大佑, 嶋根 康弘（海洋研究開発機構）
Yutetsu Kuruma, Hidetaka Nomaki, Noriyuki Isobe, Daisuke Matsuoka, Yasuhiro Shimane (*Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology*)

3SFA-4　**貨幣分子間のカップリングにおける熱力学的制約**
Thermodynamic constraint on the coupling of currency metabolites
○山岸 純平 [1], 畠山 哲央 [2]（[1] 理研・神戸 BDR, [2] 科学大・ELSI）
Jumpei Yamagishi[1], Tetsuhiro S. Hatakeyama[2] ([1]*BDR, Riken*, [2]*ELSI, Science Tokyo*)

3SFA-5　**電子が導いた生命の起源と生物最古の枝分かれ**
Electrons and the origin of three divisions of life
○延 優（海洋研究開発機構・超先鋭）
Masaru Konishi Nobu (*JAMSTEC*)

3SFA-6　**超臨界 CO_2 による脱水反応を介した前生物的な核酸合成**
Supercritical CO_2 promotes prebiotic nucleotide synthesis via dehydration condensation
○藤島 皓介 [1], 田川 翔大朗 [2], 森野 航平 [3]（[1] 東京科学大学 地球生命研究所, [2] 海洋研究開発機構 超先鋭研究開発プログラム, [3] 東京科学大学 生命理工学院）
Kosuke Fujishima[1], Shotaro Tagawa[2], Kohei Morino[3] ([1]*Earth-Life Science Institute, Science Tokyo*, [2]*Institute for Extra-cutting-edge Science and Technology Avant-garde Research Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology*, [3]*School of Life Science and Technology, Science Tokyo*)

3SGA　**計測科学 x 情報科学が切り開く生物学の地平線**
Integrating Measurement and Information Science: Unlocking New Frontiers in Biology
共催 JST CREST「革新的計測解析」

オーガナイザー：小松崎 民樹（北海道大学）
Organizers: Tamiki Komatsuzaki (Hokkaido Univ.)

09:00〜11:30
G 会場（会議室 203）／Room G（Meeting Room 203）

Cutting-edge research, like AlphaFold, highlights the transformative role of information science in life sciences. The integration of measurement and information science is redefining how we approach data acquisition. Traditionally, efforts have focused on optimizing experimental conditions beforehand or analyzing data post-measurement. However, reinforcement learning now enables real-time optimization during measurements, drastically accelerating processes while maintaining mathematical accuracy. This symposium brings together experts from diverse fields, including biophysics and information science, to explore the forefront of measurement informatics in biology. Join us to discover how this interdisciplinary collaboration is reshaping the future of biological research and innovation.

はじめに
Opening Remarks

3SGA-1 計測インフォマティクスの発展と展開 ー情報計測から革新的計測解析へー
Development and Evolution of Measurement Informatics - From Intelligent Measurement Analysis to Innovative Measurement and Analysis -
○鷲尾 隆（関西大学ビジネスデータサイエンス学部）
Takashi Washio (*Faculty of Business Data Science, Kansai University*)

3SGA-2 血小板生物学 x 人工知能
Intelligent platelet biology
○合田 圭介[1,2,3,4]（[1] 東京大学大学院理学系研究科化学専攻, [2] カリフォルニア大学ロサンゼルス校工学部生体工学科, [3] 武漢大学工業科学研究院, [4] 東北大学国際放射光イノベーション・スマート研究センター）
Keisuke Goda[1,2,3,4] ([1]*Department of Chemistry, University of Tokyo*, [2]*Department of Bioengineering, University of California, Los Angeles*, [3]*Institute of Technological Sciences, Wuhan University*, [4]*International Center for Synchrotron Radiation Innovation Smart, Tohoku University*)

3SGA-3 Theoretical Perspectives on the Hidden Structures in Biological Systems
Ayaka Sakata[1,2] ([1]*Dept. Infor. Sci. Ochanomizu Univ.*, [2]*RIKEN AIP*)

3SGA-4 2 細胞計測技術を用いた免疫細胞とがん細胞の 1 細胞相互作用解析
Single-cell analysis of interactions between immune cells and cancer cells using dual-cell measurement technology
○山口 哲志（大阪大学産業科学研究所）
Satoshi Yamaguchi (*SANKEN, Univ. of Osaka*)

3SGA-5 電圧マトリックスを用いたナノポア測定によるタンパク質混合物の識別
Voltage-Matrix Nanopore Profiling for the Discrimination of Protein Mixtures
Sotaro Uemura[1], Ryo Akita[1], Lysenko Artem[1], Keith Boroevich[1], Tatsuya Yokota[2], Daiki Kawai[1], Ryo Iizuka[1], Tatsuhiko Tsunoda[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo*, [2]*Dep.Comp.Sci, Nagoya Inst.Tech*)

3SGA-6 多階層マルチオミックスデータの統合理解に向けた挑戦：ラマンスペクトルとトランスクリプトームを用いたケーススタディ
Toward a Cross-Layer Understanding through Biological Multimodal Data: A Case Study Using Raman Spectroscopy and Transcriptomes
○渡邉 朋信[1,2]（[1] 理化学研究所生命機能科学研究センター, [2] 広島大学原爆放射線医科学研究所）
Tomonobu M Watanabe[1,2] ([1]*RIKEN BDR*, [2]*RIRBM, Hiroshima University*)

3SGA-7 計測介入型 AI が拓く生物学の展開
Unveiling New Frontiers in Biology with Measurement-Intervening AI
○小松崎 民樹（北大・電子研，化学反応創成拠点）
Tamiki Komatsuzaki (*RIES, WPI-ICReDD, Hokkaido Univ.*)

3SHA　生命の高次元システムを予測と検証により合理的に理解する
Understanding the high-dimensional biological systems rationally through prediction and verification

共催 JST CREST「予測数学基盤」

オーガナイザー：望月 敦史（京都大学），今吉 格（京都大学）
Organizers: Atsushi Mochizuki (Kyoto Univ.), Itaru Imayoshi (Kyoto Univ.)

09:00〜11:30
H 会場（会議室 204）／Room H（Meeting Room 204）

It is thought that biological phenomena such as cell differentiation, homeostasis or intelligence arise from the dynamics of high-dimensional systems consisting of the interactions of numerous biomolecules. In recent years, there has been rapid development in three areas: 1) measurement technology that can capture the dynamics of multiple variables with sufficient time and spatial resolution, 2) information science and theoretical science that can not only interpret dynamics but also provide predictions and experimental guidelines, and 3) technology for dynamically manipulating biomolecules to provide feedback between measurement and prediction. In this symposium, we will invite researchers who have developed these new technologies and have achieved elucidation of the dynamics of high-dimensional biological systems to give presentations and hold discussions. We hope that this symposium will lead to increased interaction between different methods and open up new avenues for systems biology.

はじめに
Opening Remarks

3SHA-1　光遺伝学的手法を用いた神経幹細胞の新規転写制御メカニズムの同定
Uncovering Novel Transcriptional Regulatory Mechanisms of Neural Stem Cells Using Optogenetic Approaches

○今吉 格[1,2]（[1] 京大・院生命科学, [2] 京大・医生研）
Itaru Imayoshi[1,2] ([1]*Grad. Sch. Biostudies., Univ. Kyoto*, [2]*LiMe., Univ. Kyoto*)

3SHA-2　Nano-electrokinetics が隠れた転写動態と単一細胞の確率的挙動を結びつける
Nano-Electrokinetics Links Hidden Transcriptomic Dynamics to Stochastic Single-Cell Behavior

○新宅 博文[1,2], 塩見 晃史[1,2], 金子 泰洸ポール[1,2], 峯岸 美紗[1,2], 鳥井 孝太郎[1,2], 土田 新[2]（[1] 京大・医生研, [2] 理研・開拓）
Hirofumi Shintaku[1,2], Akifumi Shiomi[1,2], Taikopaul Kaneko[1,2], Misa Minegishi[1,2], Kotaro Torii[1,2], Arata Tsuchida[2] ([1]*LiMe, Kyoto University*, [2]*CPR, RIKEN*)

3SHA-3　De co de, predict, and control biological systems through single-cell omics and modelling approaches

Kenji Kamimoto[1,2,3] ([1]*Research Institute for Microbial Diseases, The University of Osaka*, [2]*Premium Research Institute for Human Metaverse Medicine (WPI-PRIMe), The University of Osaka*, [3]*Bioinformatics Center, The University of Osaka*)

3SHA-4　高速・広視野 Ca^{2+} イメージングが明らかにする大脳皮質の機能的ネットワーク構造
High-speed, Large-FOV Ca^{2+} Imaging Reveals Functional Cortical Network Architecture

○村山 正宜（理化学研究所　脳神経科学研究センター）
Masanori Murayama (*RIKEN Center for Brain Science*)

3SHA-5　ネットワークトポロジーに由来する生命機能と機能単位
Biological functions and functional modules originated in the topology of chemical reaction networks
○望月 敦史 [1], 山内 悠平 [1], 杉山 博紀 [2], 後藤 祐平 [3,4], 青木 一洋 [3,4,5]（[1] 京都大・医生研, [2] 東京大・院工学, [3] 京都大・院生命科学, [4] 自然科学研究機構・基礎生物学研究所, [5] 自然科学研究機構・生命創成探究センター）
Atsushi Mochizuki[1], Yuhei Yamauchi[1], Hironori Sugiyama[2], Yuhei Goto[3,4], Kazuhiro Aoki[3,4,5] ([1]*LiMe, Kyoto Univ.*, [2]*Sch. Eng., Univ. Tokyo*, [3]*Grad. Sch. Biostudies, Kyoto Univ.*, [4]*NIBB, NINS*, [5]*ExCELLS, NINS*)

おわりに
Closing Remarks

3SIA　人工細胞膜をつくる・つかう分子テクノロジー
Molecular technologies for creating and utilizing artificial cell membranes

オーガナイザー：安原 主馬（奈良先端科学技術大学院大学），森垣 憲一（神戸大学）
Organizers: Kazuma Yasuhara (NAIST), Kenichi Morigaki (Kobe Univ.)

09:00〜11:30
I 会場（会議室 205）／Room I（Meeting Room 205）

The cell membrane performs complex functions through the supramolecular assembly of lipids and membrane proteins. Despite significant advances in molecular biology, complete understanding of the intricate design principles remains a challenge. Efforts to construct artificial cell membranes by the hybridization of synthetic and natural molecules provide a reconstructive approach to unravel the functional design principles. This symposium will explore cutting-edge molecular technologies, such as the creation of artificial membranes and membrane protein mimicking molecules, aiming to replicate the complex structures and functions observed in the natural cell membranes.

はじめに
Opening Remarks

3SIA-1　合成両親媒性高分子で膜活性ペプチドを真似る
Mimicking Membrane-Active Peptides with Synthetic Amphiphilic Polymers
○安原 主馬 [1,2,3,4]（[1] 奈良先端大院物質, [2] 奈良先端大院デジタルグリーンイノベーションセンター, [3] 奈良先端大院データ駆動型サイエンス創造センター, [4] 奈良先端大院メディルクス研究センター）
Kazuma Yasuhara[1,2,3,4] ([1]*Div. Mat. Sci., Grad. Sch. Sci. Tech., Nara Inst. Sci. Tech.*, [2]*Ctr. Digital Green-innovation, Nara Inst. Sci. Tech.*, [3]*Data Sci. Ctr., Nara Inst. Sci. Tech.*, [4]*Medilux Res. Ctr., Nara Inst. Sci. Tech.*)

3SIA-2　ペプチドと脂質がもたらす膜相分離型ハイブリッド細胞膜とその応用
Peptide-Lipid Hybrid Vesicle with Phase-Separated Domains
○上田 一樹 [1,2]（[1] 都立大院 環境応用化学, [2] 理研 CSRS）
Motoki Ueda[1,2] ([1]*Dept. Appl. Chem., Tokyo Metropolitan Univ.*, [2]*RIKEN CSRS*)

3SIA-3　次世代分子ロボティクスのための脂質膜通型 DNA デバイス
Lipid Membrane-Translocating DNA Devices for Next-Generation Molecular Robotics
○野村 慎一郎（東北大院工・ロボ）
Shin-ichiro M. Nomura (*Dept. Robotics, Grad. Sch. Eng., Tohoku Univ.*)

3SIA-4　触媒システムの構築に向けた赤血球ゴースト-金属化合物ハイブリッドの設計
Design of red blood cell ghost-metal compound hybrids for construction of catalytic systems
○越山 友美（立命館大 生命科学）
Tomomi Koshiyama (*Coll. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*)

3SIA-5　人工膜と蛍光 1 分子観察を用いた，膜分子の機能解析
Combining an artificial membrane and a single-molecule imaging technique to investigate the function of membrane protein
○笠井 倫志（国立がん研究センター研究所）
Rinshi Kasai (*Natl. Cancer Ctr. Res. Inst.*)

3SIA-6　人工生体膜分子およびドメインの光操作
Optical Manipulation of Molecules and Domains in Biological Membranes Models
○谷本 泰士, 森山 俊哉, 増井 恭子, 細川 千絵（阪公大・院理）
Yasushi Tanimoto, Shunya Moriyama, Kyoko Masui, Chie Hosokawa (*Grad. Sch. Sci., Osaka Metropolitan Univ.*)

3SIA-7　ペプチドナノディスクを用いたパターン化人工膜への膜タンパク質導入技術の開発
Reconstitution of membrane proteins in a micro-patterned model membrane using peptide nanodisc
○森垣 憲一 [1,2], 小松 愛華 [2], 肥塚 雅人 [2], 杭田 芙子 [2], 谷本 泰士 [1,4], 林 文夫 [3]（[1] 神戸大・バイオシグナル, [2] 神戸大・院農学, [3] 神戸大・院理学, [4] 大阪公立大・院理学）
Kenichi Morigaki[1,2], Aika Komatsu[2], Masato Koezuka[2], Fuko Kueda[2], Yasushi Tanimoto[1,4], Fumio Hayashi[3] ([1]*Biosignal, Kobe Univ.*, [2]*Grad. Sch. Agri. Sci., Kobe Univ.*, [3]*Grad. Sch. Sci., Kobe Univ.*, [4]*Grad. Sch. Sci., Osaka Metropol. Univ.*)

おわりに
Closing Remarks

3SJA　時間タンパク質学: 生命現象の時間をタンパク質から理解する
Chronoproteinology: protein-driven understanding of biological time

共催 学術変革領域研究（A）「時間タンパク質学」

オーガナイザー：大出 晃士（東京大学），原田 慶恵（大阪大学）
Organizers: Koji Ode (The Univ. of Tokyo), Yoshie Harada (The Univ. of Osaka)

09:00〜11:30
J 会場（会議室 206）／Room J（Meeting Room 206）

Neuronal firing, circadian clocks, and circa-annual rhythms—life's phenomena span a vast range of time scales. "Chroproteinology", launched at 2024 as a KAKENHI Transformative Research Areas, seeks to understand how the biochemical and biophysical properties of specific proteins generate the distinct time information characteristic of each biological process. In this symposium, we will introduce ongoing efforts to elucidate the time scales—from minutes to years—and the protein properties that underlie them.

はじめに
Opening Remarks

3SJA-1 **開花まで 120 年：タケにおける超長周期タイマーへの挑戦**
120 years for flowering: Challenge to the ultra-long timer in bamboo
○村中 智明 [1], 高橋 望 [2], 遠藤 求 [2], 久本 洋子 [3]（[1] 名古屋大・院生命農学, [2] 奈良先端大, [3] 東京大・院農学生命）
Tomoaki Muranaka[1], Nozomu Takahashi[2], Motomu Endo[2], Yoko Hisamoto[3] ([1]*Grad. Sch. Bio. Agri., Naoyga Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci. Tech., NAIST*, [3]*Grad. Sch. Agri., Univ. of Tokyo*)

3SJA-2 **緑藻における転写非依存的な概日時計**
Transcription-Independent Circadian Rhythms in Green Algae
○松尾 拓哉（北里大学　理学部　生物科学科　分子生物学講座）
Takuya Matsuo (*Laboratory of Molecular Biology, Department of Biosciences, School of Science, Kitasato University*)

3SJA-3 Exploring the molecular origin of self-sustained circadian oscillator through clock protein evolution
Atsushi Mukaiyama (*Dept. of Biosci. and Biotech., Fukui Pref. Univ.*)

3SJA-4 **シアノバクテリアの試験管内概日リズムに反応液の pH が与える影響**
Effect of pH on the cyanobacterial circadian oscillator in vitro
○三輪（伊藤） 久美子 [1,2], 尾上 靖宏 [3], 近藤 孝男 [1,2], 寺内 一姫 [3]（[1] 名古屋大・院理, [2] 名古屋大・高等研究院, [3] 立命館大・生命科学）
Kumiko Ito-Miwa[1,2], Yasuhiro Onoue[3], Takao Kondo[1,2], Kazuki Terauchi[3] ([1]*Grad. Sch. Sci., Nagoya Univ.*, [2]*IAR, Nagoya Univ.*, [3]*Ritsumeikan Univ.*)

3SJA-5 **概日リズムの温度補償および同期化に関わる波形歪み**
Waveform distortion for temperature compensation and synchronization in circadian rhythms
Shingo Gibo[1,3], Teiji Kunihiro[2], Tetsuo Hatsuda[1], **Gen Kurosawa[1]** ([1]*RIKEN iTHEMS*, [2]*Yukawa Institute for Theoretical Physics, Kyoto University*, [3]*Institute for Basic Science*)

3SJA-6 **細胞内在性発熱による温度シグナリング機構**
A thermal signaling mechanism driven by intracellular endogenous heat generation
中馬 俊祐 [1], 原田 慶恵 [2], ○岡部 弘基 [1]（[1] 東大・院薬, [2] 阪大・ヒューマン・メタバース疾患研究拠点）
Shunsuke Chuma[1], Yoshie Harada[2], **Kohki Okabe[1]** ([1]*Graduate School of Pharmaceutical Sciences, The University of Tokyo*, [2]*PRIMe, The University of Osaka*)

3SJA-7 **反復刺激による神経オルガノイド回路組織の再編と機能性獲得**
Repetitive Input Drives Network Refinement and Stimulus-Specific Output in Connected Neural Organoids
Yoshiho Ikeuchi[1,2] ([1]*Institute of Industrial Science, The University of Tokyo*, [2]*Institute for AI and Beyond, The University of Tokyo*)

1 日目（9 月 24 日（水））／Day 1（Sep. 24 Wed.）

1MSF　ベシクルダイナミクスの最前線：先端イメージング，AI，メディカル応用
Unlocking Vesicle Dynamics: Advanced Imaging, AI, and Biomedical Applications

オーガナイザー：Seohyun Lee（東京大学），樋口 秀男（東北大学）
Organizers: Seohyun Lee (The Univ. of Tokyo), Hideo Higuchi (Tohoku Univ.)

18:50〜20:30
F 会場（会議室 202）／Room F（Meeting Room 202）

This symposium introduces advanced analytical methods and imaging techniques to explore vesicle dynamics and their broad implications in biology and disease. Topics include cutting-edge approaches to vesicle transport analysis using advanced imaging techniques and artificial intelligence, comprehensive studies on microbial vesicles with potential applications in vaccine development, and pioneering efforts to understand molecular machinery through exosome engineering as well as synthetic vesicle membrane research. Notably, the symposium will highlight MINFLUX, a revolutionary super-resolution imaging technique recently published in Science, which enables nanometer-scale insights into molecular mechanisms within live cells. By integrating diverse biophysical perspectives with the latest techniques, this session seeks to enhance our understanding of vesicle dynamics and their implications in the biomedical field.

1MSF-1　AI 技術を活用した生細胞内小胞輸送の理解に向けて
AI-Powered Characterization of Vesicle Transport in Live-Cell Systems
○イ ソヒョン（東京大学）
Seohyun Lee (*The University of Tokyo*)

1MSF-2　High-precision tracking of kinesin-1 stepping inside cells using single- and dual-color MINFLUX nanoscopy
Takahiro Deguchi[1], Tobias Engelhardt[2], Nikolay Sergeev[3], Malina Iwanski[4], Roman Schmidt[2], Christopher Heidebrecht[5], Savannah Cattarius[5], Lukas Kapitein[4], Timo Zimmermann[1], Jonas Ries[3] ([1]*European Molecular Biology Laboratory*, [2]*Abberior Instruments GmbH*, [3]*Max Perutz Labs, University of Vienna*, [4]*Utrecht University*, [5]*University of Heidelberg*)

1MSF-3　Structural analysis and advanced live imaging reveal vesicle dynamics of SID1-mediated uptake of large dsRNA molecules
Akira Takai[1,2], Kaoru Kumazaki[3], Toshikuni Awazu[2,4], Taketoshi Kambara[2], Shunya Murakoshi[3], Takafumi Kato[5], Masahiro Hiraizumi[6], Yoshiaki Kise[3], Tsukasa Kusakizako[3], Tomohiro Nishizawa[7], Yasushi Okada[1,2,4,8,9,10], Osamu Nureki[3] ([1]*Grad. Sch. Med., Univ. Tokyo*, [2]*BDR, RIKEN*, [3]*Dept. Bio. Sci., Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo*, [4]*Grad. Sch. Front. Biosci., Osaka Univ.*, [5]*Dept. Biochem., Univ. Oxford*, [6]*Grad. Sch. Eng., Univ. Tokyo*, [7]*Grad. Sch. Med. Life Sci., Yokohama City Univ.*, [8]*Dept. Phys., Grad. Sch. Sci., Univ Tokyo*, [9]*UBI, Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo*, [10]*WPI-IRCN, IAS, Univ. Tokyo*)

1MSF-4　Bacterial Membrane Vesicles: Biology, Functions, and Medical Applications
Ryoma Nakao, Takehiro Yamaguchi, Kimihiro Abe, Yukihiro Akeda (*Dept Bacteriol. I, Natl. Inst. Infect. Dis., JIHS*)

1MSF-5　Creation of biological phenomena using asymmetric vesicles
Koki Kamiya (*Grad. Sch. Sci. & Tech., Gunma Univ.*)

1MSG　若手の会が紡いだ生物物理学のフロンティア
Frontiers in Biophysics Spun by the Society of Young Scientists

オーガナイザー：柴垣 光希（北海道大学），藤井 真子（神戸大学）
Organizers: Mitsuki Shibagaki (Hokkaido Univ.), Masako Fujii (Kobe Univ.)

18:50〜20:30
G 会場（会議室 203）／Room G（Meeting Room 203）

The Society of Young Scientists has played an important role in training future generations in scientific research. In biophysics, the Society of Young Scientists in Biophysics started its activities before the foundation of the Biophysical Society of Japan and has produced many prominent researchers. This symposium aims to present the latest development of the Society of Young Scientists in Biophysics and the state-of-the-art science of young researchers who have been involved in the recent advances of this Society.

はじめに
Opening Remarks

1MSG-1　**凝集傾向のある抗菌ペプチドの溶解化戦略およびその多様な多量体化特性の評価**
Solubilization strategy of aggregation-prone antimicrobial peptides and evaluation of their diverse multimerization properties
Mitsuki Shibagaki, Jeremia Oktavian Chrisnanto, Kosuke Maeda, Tatsuya Arai, Dessalegn Abeje Tefera, Hiroyuki Kumeta, Fumi Hirai, Tomoyasu Aizawa (*Grad. Sch. Life Sci., Hokkaido Univ.*)

1MSG-2　**分光研究から見えてきたウイルスヘリオロドプシンの多様性**
Diversity of Viral Heliorhodopsins Uncovered through Spectroscopic Analysis
○水鳥 律（名工大・院工）
Ritsu Mizutori (*Grad. Sch. Eng., Nagoya Inst. Tech.*)

1MSG-3　**細菌アクチンの微小管化**
Microtubulation of the bacterial actin
○高橋 大地 [1,2], 沼本 修孝 [1], 宮田 真人 [2,3], 沈 建仁 [1,4], Robert C. Robinson[1,5]（[1] 岡山大・異分野基礎, [2] 大阪公大・院理, [3] 大阪公大・複合先端, [4] 岡山大・環境生命自然科学, [5] ウィタヤシリメティ技大・生物工学）
Daichi Takahashi[1,2], Nobutaka Numoto[1], Makoto Miyata[2,3], Jian-Ren Shen[1,4], Robert C. Robinson[1,5] ([1]*RIIS, Okayama Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci., Osaka Met. Univ.*, [3]*OCARINA, Osaka Met. Univ.*, [4]*Grad. Sch. Environ. Life. Nat. Sci. Tech., Okayama Univ.*, [5]*Sch. Biol. Sci. Eng., Vidyasirimedhi Inst. Sci. Tech.*)

1MSG-4　**葉緑体 ATP 合成酵素に特有の部位によるレドックス制御機構**
Mechanism of redox regulation by region specific to chloroplast F_oF_1-ATP synthase
○秋山 健太郎 [1], 若林 憲一 [2], 久堀 徹 [3]（[1] 産業技術総合研究所, [2] 京都産業大学, [3] 総合研究大学院大学）
Kentaro Akiyama[1], Ken-ichi Wakabayashi[2], Toru Hisabori[3] ([1]*The National Institute of Advanced Industrial Science and Technology*, [2]*Kyoto Sangyo University*, [3]*The Graduate University for Advanced Studies*)

1MSG-5　**構造解析および反応速度論を用いたアセト酢酸脱炭酸酵素 AAD の触媒機構の解明**
Structural and kinetic insights into the catalytic mechanism of acetoacetate decarboxylase AAD
○石坂 優人 [1,2], Rindfleisch Sören[1,2], Auer Florian[1,2], Gingeleit Lukas[1,2], 鄭 達翔 [3], Bielecki Michael[4], Rabe von Pappenheim Fabian[1,2], Penka Elke[1,2], Kluger Ronald[4], 坂田 絵理 [3], Tittmann Kai[1,2]（[1] ゲッティンゲン大・分子酵素学, [2]MPI・複合科学, [3] ゲッティンゲン大・聴覚神経科学, [4] トロント大・化学）
Masato Ishizaka[1,2], Sören Rindfleisch[1,2], Florian Auer[1,2], Lukas Gingeleit[1,2], Tat Cheung Cheng[3], Michael Bielecki[4], Fabian Rabe von Pappenheim[1,2], Elke Penka[1,2], Ronald Kluger[4], Eri Sakata[3], Kai Tittmann[1,2] ([1]*Dept. Mol. Enzymol., Univ. Göttingen*, [2]*Multidisciplinary Sci., MPI*, [3]*Inst. Auditory Neurosci., Univ. Med. Center Göttingen*, [4]*Dept. Chem., Univ. Toronto*)

1MSG-6 古細菌 SMC 複合体は DNA セグメント捕捉機構によって DNA 上を一方向にトランスロケーションする
DNA Segment Capture Drives Unidirectional DNA Translocation of a Prokaryotic SMC Complex: A Multiscale Simulation Study
○山内 仁喬, ブランダーニ ジョバンニ, 寺川 剛, 高田 彰二（京都大学・理学）
Masataka Yamauchi, Giovanni Brandani, Tsuyoshi Terakawa, Shoji Takada (*Dept. of Biophys., Kyoto Univ.*)

1MSG-7 データベース探索とドッキングシミュレーションを活用した，中鎖アルカン合成酵素の創出と機能解析
Creation of the medium-chain alkane producing enzyme by using the enzyme database search and the docking simulation
○工藤 恒, 近藤 昭彦, 蓮沼 誠久（神戸大・先端バイオ）
Hisashi Kudo, Akihiko Kondo, Tomohisa Hasunuma (*Engineering Biology Research Center., Kobe Univ.*)

おわりに
Closing Remarks

1MSH 日本のタンパク質水素可視化最近の動き
Recent developments in protein hydrogen visualization in Japan

オーガナイザー：田中 伊知朗（茨城大学），栗原 和夫（QST）
Organizers: Ichiro Tanaka (Ibaraki Univ.), Kazuo Kurihara (QST)

18:50〜20:30
H 会場（会議室 204）／Room H（Meeting Room 204）

Determining the positions of hydrogen atoms in biomolecules is an essential theme in life science. A groundbreaking neutron detector developed in Japan about 30 years ago has spread to research reactors around the world and has been of great help in determining hydrogen positions. Nowadays, neutron analysis technology is steadily improving thanks to the next generation of accelerator-based neutron sources in Japan and US. On the other hand, cryo-EM has also been attracting attention for its ability to obtain hydrogen position information, and we are now in an era where AI can predict the structure of biomolecules one after another. In addition to classical neutrons, we will consider future directions, including recent efforts to visualize hydrogen position information.

1MSH-1 導入と中性子回折装置を中心とした世界的現状
Introduction and current status of neutron diffractometers worldwide
○田中 伊知朗（茨城大学）
Ichiro Tanaka (*Ibaraki University*)

1MSH-2 TOF 型単結晶中性子回折装置 iBIX の現状と将来計画
Current status and future prospects for TOF type single crystal neutron diffractometer iBIX
Katsuhiro Kusaka, Terutoshi Sakakura, Haruki Sugiyama (*NIAPC, CROSS*)

1MSH-3 Measurement of hydrogen properties using cryo-EM and ED
Koji Yonekura[1,2] ([1]*RIKEN SPring-8/*, [2]*IMRAM, Tohoku University*)

1MSH-4 中性子 D/H コントラスト結晶解析による鶏卵白リゾチームの水和構造の研究
Neutron D/H contrast crystallographic study of hydration structure of hen-egg-white lysozyme
○茶竹 俊行 [1], 角南 智子 [2], 藤原 悟 [2], 田中 伊知朗 [3], 日下 勝弘 [4]（[1] 京大・複合研, [2]QST, [3] 茨大・院理工, [4]CROSS）
Toshiyuki Chatake[1], Tomoko Sunami[2], Satoru Fujiwara[2], Ichiro Tanaka[3], Katsuhiro Kusaka[4] ([1]*KURNS*, [2]*QST*, [3]*Grad. Sch. Sci. Eng., Ibaraki Univ.*, [4]*CROSS*)

1MSH-5 タンパク質の主鎖のやわらかさをデザインする。-中性子と ^{15}N NMR が示唆する主鎖ペプチド結合の部位特異的緩和の原理とその利用-
Designing main-chain flexibility of proteins. Principle of site-specific relaxation of peptide bonds and an application in protein design
○千葉 かおり（茨城高専）
Kaori Chiba (*National Institute of Technology, Ibaraki College*)

1MSH-6 単色法を用いたタンパク質用中性子回折装置の日本における現状と将来
Monochromatic Neutron Diffractometers for Protein Crystallography at Present and in the Future in Japan
○栗原 和男 [1], 河野 史明 [1], 清水 瑠美 [1], 田村 格良 [2], 大原 高志 [3], 茶竹 俊行 [4], 井上 倫太郎 [4], 平野 優 [1,5], 玉田 太郎 [1,5]（[1]QST・量生研, [2] 原子力機構・新試験研究炉, [3] 原子力機構・J-PARC セ, [4] 京大・複合研, [5] 千葉大・cQUEST）
Kazuo Kurihara[1], Fumiaki Kono[1], Rumi Shimizu[1], Itaru Tamura[2], Takashi Ohhara[3], Toshiyuki Chatake[4], Rintaro Inoue[4], Yu Hirano[1,5], Taro Tamada[1,5] ([1]*iQLS, QST*, [2]*New Res. Reactor Promo. Office, JAEA*, [3]*J-PARC Center, JAEA*, [4]*KURNS, Kyoto Univ.*, [5]*cQUEST, Chiba Univ.*)

1MSI タンパク質デザインへの誘い
Invitation to Protein Design

オーガナイザー：小杉 貴洋（分子科学研究所），新津 藍（理化学研究所）
Organizers: Takahiro Kosugi (IMS), Ai Niitsu (RIKEN)

18:50〜20:30
I 会場（会議室 205）／Room I（Meeting Room 205）

The field of protein design has been honored with the 2024 Nobel Prize in Chemistry, highlighting its transformative potential and the promising future. Now, the technology is expected to be of interest to many researchers and to be applied across a broad range of research fields. In this symposium, talented early-career researchers introduce their cutting-edge technologies, the latest advancements, and forthcoming challenges in protein design and its applied fields. We aim to provide useful information for researchers in diverse fields, enabling them to incorporate protein design technologies into their own research. Furthermore, we hope this symposium serves as a catalyst for innovations and increased excitement in protein design.

はじめに
Opening Remarks

1MSI-1 AI が導くバイオ分子デザイン：タンパク質と，その先へ
AI-guided biomolecule design: protein and beyond
○齋藤 裕（北里大学・未来工）
Yutaka Saito (*Dept. Front. Eng., Kitasato Univ.*)

1MSI-2 進化的アルゴリズムとネットワーク理論を融合した酵素リデザイン法の開発
Development of enzyme redesign strategy combining evolutionary algorithm and network theory
○中野 祥吾（静岡県大・食栄）
Shogo Nakano (*Grad. Div. Nut. Sci., Univ. Shizuoka*)

1MSI-3 Molecular Programming Using De Novo Designed Proteins
Zibo Chen (*School of Life Sciences, Westlake University*)

1MSI-4 A Rapid and Universal Pipeline for GPCR Structure Determination through In Silico Construct Optimization and de novo Protein Design
Hideaki Kato (*The University of Tokyo*)

おわりに
Closing Remarks

1MSJ　ゲノム構造の原理を紐解く：理論と実験の融合
Elucidating the Principles of Genome Organization: Bringing Together Theory and Experiments

オーガナイザー：Giovanni Brandani（京都大学），河野 秀俊（QST）
Organizers: Giovanni Brandani (Kyoto Univ.), Hidetoshi Kono (QST)

18:50〜20:30
J 会場（会議室 206）／Room J（Meeting Room 206）

Functional genome organization emerges from a complex interplay of structural and dynamic factors across multiple scales. This symposium will bring together experimentalists and theoreticians to discuss key aspects of genome organization, including the action of SMC complexes, chromatin structure and dynamics, and 3D genome compartmentalization. By fostering interactions between theory and experiments, we aim to stimulate new insights, where experimental observations inspire theoretical models and computational predictions guide new experiments. This symposium includes contributions from diverse perspectives to advance our understanding of genome organization and create a dynamic exchange of ideas within this rapidly evolving field.

はじめに
Opening Remarks

1MSJ-1　生きたヒト細胞内の分裂期染色体の化学的・物理的性質
Chemical and physical properties of human mitotic chromosomes in living cells
○日比野 佳代（阪大・蛋白研）
Kayo Hibino (*Inst. Protein Res., Univ. Osaka*)

1MSJ-2　DNA 複製動態から染色体の振る舞いを明らかにする
Deciphering the behavior of chromosomes through DNA replication dynamics
○平谷 伊智朗（理化学研究所　生命機能科学研究センター）
Ichiro Hiratani (*RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research*)

1MSJ-3　ヒトゲノムのデータ駆動的アノテーションを目指した大規模立体構造比較解析
Large-scale comparative analysis of the 3D genome structure for data-driven annotation of the human genome
○中戸 隆一郎（東京大学定量生命科学研究所）
Ryuichiro Nakato (*Institute for Quantitative Biosciences, the University of Tokyo*)

1MSJ-4　Enhanced A/B Compartment Assignment: Improved Consistency, Orientation, and Resolution with HiC-SCA
○ジャスティン チャン スオン [1], 河野 秀俊 [1,2]（[1]QST, [2] 千葉大学）
Justin Chan[1], Hidetoshi Kono[1,2] ([1]*iQLS, QST*, [2]*Center of Quantum Life Science for Structural Therapeutics (cQUEST), Chiba University*)

1MSJ-5　コヒーシンサブユニット Scc1 ヘリックス領域の構造機能解析
Structural and Functional Analysis of Conserved Helical Regions in the Cohesin Subunit Scc1
○木下 慶美, 西山 朋子（京都大・院生物）
Yoshimi Kinoshita, Tomoko Nishiyama (*Grad. Sch. Sci., Kyoto University*)

1MSJ-6　Phase diagram approach to elucidate the organization principle of mitotic chromosome
Tetsuya Yamamoto (*ICReDD, Hokkaido Univ.*)

1MSJ-7　クロマチンドメインの生物種間サイズ分布を説明する普遍的な理論
A universal theory describes chromatin domain size distributions across species
○藤城 新（京大・福井謙一）
Shin Fujishiro (*FIFC, Kyoto Univ.*)

おわりに
Closing Remarks

1 日目（9 月 24 日（水））／Day 1（Sep. 24 Wed.）

1GA　タンパク質：構造，機能
Protein: Structure, Function

座長：菅瀬 謙治（京都大学），加藤 英明（東京大学）
Session Chairs: Kenji Sugase (Kyoto Univ.), Hideaki Kato (Univ. Tokyo)

15:10〜18:25
A 会場（会議室 101+102）／Room A（Meeting Room 101+102）

1GA001　**赤痢アメーバ由来 adenosine 5'-phosphosulfate kinase の構造解析**
Structural analysis of adenosine 5'-phosphosulfate kinase from *Entamoeba histolytica*
○畑中 涼[1], 湯淺 日菜[1], 見市 文香[2], 岸川 淳一[1], 志波 智生[1]（[1]京都工芸繊維大学大学院 工芸科学研究科 応用生物学専攻, [2]長崎大学 熱帯医学研究所）
Ryo Hatanaka[1], Hina Yuasa[1], Fumika Mi-ichi[2], Jyun-ichi Kishikawa[1], Tomoo Shiba[1] ([1]*Fac. Applied Biol., Kyoto Inst. Tech.*, [2]*Inst. Tropical Medicine, Nagasaki University.*)

1GA002　**ペプチド結合の平面性の歪みを用いたタンパク質の原子座標データの一次スクリーニング**
Primary screening of structural data obtained by electron microscopy using planar distortion of peptidebonds
○國井 真帆[1], 茶竹 俊行[2], 大原 高志[3], 千葉 かおり[1]（[1]茨城高専, [2]京大 複合研, [3]原科研 J -PARC センター）
Mahan Kunii[1], Toshiyuki Chatake[2], Takashi Ohhara[3], Kaori Chiba[1] ([1]*National Institute of Technology, Ibaraki College*, [2]*KURNS, Kyoto Univ*, [3]*J-PARC, JAEA*)

1GA003　**PRMT1 と基質 EWS の複合体構造から考察する基質認識機構**
Substrate recognition mechanism considered from the complex structure of PRMT1 with substrate EWS
○遠藤 伸幸[1], 藤間 祥子[2,3], 越村 日向子[2], 川本 晃大[1], 廣瀬 未果[1], 池上 暁子[2], 葛原 美和[2], 大徳 浩照[3,4], 加香 孝一郎[5], 加藤 貴之[1], 深水 昭吉[3,4], 上久保 裕生[2], 栗栖 源嗣[1]（[1]阪大・蛋白研, [2]奈良先端大, [3]革新的先端研究開発支援事業, [4]筑波大・生存ダイナミクス研究センター, [5]筑波大・生命環境系）
Nobuyuki Endo[1], Sachiko Toma-Fukai[2,3], Hinako Koshimura[2], Akihiro Kawamoto[1], Mika Hirose[1], Akiko Ikegami[2], Miwa Kuzuhara[2], Hiroaki Daitoku[3,4], Koichiro Kako[5], Takayuki Kato[1], Akiyoshi Fukamizu[3,4], Hironari Kamikubo[2], Genji Kurisu[1] ([1]*IPR, Univ. Osaka*, [2]*NAIST*, [3]*AMED-CREST*, [4]*TARA*, [5]*LES. Univ. Tsukuba*)

1GA004　**ダイズ由来メチオニン γ-リアーゼの基質侵入口ループ構造による酵素活性への影響**
Effects on the enzymatic activity of the loop structures in methionine γ-lyase from *Glycine max*
○森田 宗[1], 牧野 晴菜[1], 井上 幹太[1], 横山 大輝[2], 大川 敦司[2], 手嶋 琢[3], 岸川 淳一[1], 松井 健二[3], 稲垣 賢二[2], 志波 智生[1]（[1]京工繊大・院・応生, [2]岡山大・院・環境生命, [3]山口大・院・創成科学）
Shu Morita[1], Haruna Makino[1], Kanta Inoue[1], Daiki Yokoyama[2], Atsushi Okawa[2], Taku Teshima[3], Jun-ichi Kishikawa[1], Kenji Matsui[3], Kenji Inagaki[2], Tomoo Shiba[1] ([1]*Fac. Appl. Biol., Grad. Sch. Sci. and Tech., Kyoto Inst. Tech.*, [2]*Grad. Sch. Env. & Life Sci., Okayama Univ.*, [3]*Grad. Sch. Sci. & Tech., Yamaguchi Univ.*)

1GA005 **天然変性タンパク質 FUS の分子動力学シミュレーションによる構造領域と天然変性領域の協調的な核酸結合機構の普遍性の解明**
A Universal Mechanism of Nucleic Acid Binding by Protein Structured and Intrinsically Disordered Regions Revealed by Molecular Simulations
○木島 壮一朗, 北尾 彰朗（東京科学大学生命理工学院）
Soichiro Kijima, Akio Kitao (*Inst. Sci. Tokyo, Sch. Life Sci. Tech.*)

1GA006 **放線菌由来 L-メチオニン脱炭酸酵素 MetDC における Tyr421 の役割**
Role of Tyr421 in L-Methionine Decarboxylase, MetDC, from *Kitasatospora aureofaciens*
○井上 幹太 [1], 牧野 晴菜 [1], 森田 宗 [1], 茶堂 快渡 [1], 大川 敦司 [2], 稲垣 賢二 [2], 岸川 淳一 [1], 志波 智生 [1]（[1] 京工繊大・院・応生, [2] 岡山大・院・環境生命）
Kanta Inoue[1], Haruna Makino[1], Shu Morita[1], Kaito Chadou[1], Atsushi Okawa[2], Kenji Inagaki[2], Jun-ichi Kishikawa[1], Tomoo Shiba[1] ([1]*Dept. Appl. Biol., Grad. Sch. Sci. and Tech., Kyoto Inst. of Tech.*, [2]*Grad. Sch. Env. & Life Sci., Okayama Univ.*)

1GA007 ***E. coli*-expressed Influenza H1N1 Receptor Binding Domain is immunogenic in mice and produces neutralizing antibodies against live virus**
Le Ngoc Thao Tu[1], Md. Din Islam[1], Ching-yu Tseng[2], Wei-li Hsu[2,3], Toshio Yamazaki[4], Trong Thang Ha[1,5], Allen Huynh[1], Yutaka Kuroda[1,3] ([1]*Dept. of Biotech and Life Sci., Grad. Sch. of Engr., TUAT*, [2]*Grad. Inst. of Microbiol. & Public Health, Coll. Vet. Med., NCHU*, [3]*GIR, TUAT*, [4]*RIKEN Cent. for Biosyst. Dyn. Res.*, [5]*Inst. Biotech & Food, CTU*)

1GA008 **ペプチド結合型 GPCR に対する小分子化合物の異なる作用機構**
Small chemical molecules exhibit distinct mechanisms of action towards a peptide-binding GPCR
○顧 羽中 [1], 新開 有紗 [3,4], 小林 和弘 [1,2], 川上 耕季 [1,2], 小島 朝翔 [6], 斉藤 毅 [4,5], 加藤 英明 [1,2]（[1] 東京大学大学院理学系研究科, [2] 東京大学先端科学技術センター, [3] 筑波大学院数理物質, [4] 筑波大睡眠研究機構(IIIS), [5] 筑波大医学医療系, [6] 東京大学大学院総合文化研究科）
Yuzhong Gu[1], Arisa Shinkai[3,4], Kazuhiro Kobayashi[1,2], Kouki Kawakami[1,2], Asato Kojima[6], Tsuyoshi Saitoh[4,5], Hideaki Kato[1,2] ([1]*Graduate School of Science, The University of Tokyo.*, [2]*Research Center for Advanced Science and Technology, The University of Tokyo*, [3]*Graduate School of Pure and Applied Sciences, University of Tsukuba*, [4]*International Institute for Integrative Sleep Medicine (WPI-IIIS), University of Tsukuba*, [5]*Institute of Medicine, University of Tsukuba*, [6]*Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo*)

1GA009 **M_2 および M_4 ムスカリン受容体のサブタイプ選択的活性化に関する赤外分光解析**
Infrared Spectroscopic Insights into Subtype-Selective Activation of M_2 and M_4 Muscarinic Receptors
○水野 萌香 [1], 杉浦 勇也 [1], 井上 明俊 [2], 寿野 千代 [2], 寿野 良二 [2], 神取 秀樹 [1,3], 片山 耕大 [1,3]（[1] 名工大・院工, [2] 関西医大・医, [3] 名工大・オプトバイオテクノロジー研究センター）
Moeka Mizuno[1], Yuya Sugiura[1], Akitoshi Inoue[2], Chiyo Suno[2], Ryoji Suno[2], Hideki Kandori[1,3], Kota Katayama[1,3] ([1]*Grad. Sch. Eng., Nagoya Inst. Tech.*, [2]*Kansai Medical University. Medical.*, [3]*OptoBioTechnology Research Center., Nagoya Inst. Tech.*)

1GA010 **オスモライト添加による水のダイナミクス変化が α-アミラーゼ活性に及ぼす影響**
Change in water dynamics by osmolytes affect the activity of α-amylase
○古川 幸佳 [1], 城田 秀明 [2], 菱田 真史 [1]（[1] 東理大・院理学, [2] 千葉大・院理学）
Sachika Furukawa[1], Hideaki Shirota[2], Mafumi Hishida[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. TUS*, [2]*Grad. Sch. Sci., Univ. Chiba*)

1GA011 **ラクダムシ由来甲虫型不凍タンパク質の発見と機能解析**
Discovery and Functional Characterization of Beetle-type Antifreeze Proteins in Snakeflies
○内澤 風穂 [1], 前田 皓丞 [1], 津田 栄 [2], 相沢 智康 [1,2], 新井 達也 [1,2]（[1] 北大・理, [2] 北大・先端生命）
Kaho Uchizawa[1], Kosuke Maeda[1], Sakae Tsuda[2], Tomoyasu Aizawa[1,2], Tatsuya Arai[1,2] ([1]*Sch. Sci., Hokkaido Univ.*, [2]*Fac. Adv. Life Sci., Hokkaido Univ.*)

1GA012 **複数のプロトン輸送ユニットを持った天然 F_oF_1-ATP 合成酵素の探索**
Exploring natural F_oF_1-ATP synthase with multiple proton transport units
○片野 真熙 [1], 丸井 里駆 [2], 上野 博史 [1], 野地 博行 [1,3]（[1] 東京大学工学系研究科応用化学専攻, [2] 東京大学 大学院工学系研究科 バイオエンジニアリング専攻, [3] 東京大学プラネタリーヘルス研究機構）
Mahiro Katano[1], Riku Marui[2], Hiroshi Ueno[1], Hiroyuki Noji[1,3] ([1]*Department of Applied Chemistry, School of Engineering, University of Tokyo.*, [2]*Department of Bioengineering School of Engineering, University of Tokyo.*, [3]*Research Institute of Planetary Health (RIPH), The University of Tokyo*)

1GA013 **脂質二重膜中でチャネル活性を有する両親媒性 β ヘリックスペプチドの会合状態の解析**
Analysis of the association state of amphiphilic β-helix peptides with channel activity in lipid bilayers
○中嶋 悠人 [1], 佐藤 大輔 [1], 彭 祖癸 [2], 栢森 史浩 [3], 臼井 健二 [3], 新津 藍 [4], 川野 竜司 [2], 川村 出 [1]（[1] 横浜国立大学 大学院理工学府, [2] 東京農工大学 工学研究院, [3] 甲南大学 フロンティアサイエンス学部, [4] 理化学研究所 生命医科学研究センター）
Haruto Nakajima[1], Daisuke Sato[1], Zugui Peng[2], Fumihiro Kayamori[3], Kenji Usui[3], Ai Niitsu[4], Ryuji Kawano[2], Izuru Kawamura[1] ([1]*Graduate School of Engineering Science, Yokohama National University.*, [2]*Department of Biotechnology and Life Science, Tokyo University of Agriculture and Technology.*, [3]*Faculty of Frontiers of Innovative Research in Science and Technology, Konan University*, [4]*Laboratory for Dynamic Biomolecule Design, Riken Center for Integrative Medical Science.*)

1GB タンパク質：物性，天然変性
Protein: Property, Intrinsic disorder

座長：櫻井 一正（近畿大学），西田 紀貴（千葉大学）
Session Chairs: Kazumasa Sakurai (KINDAI Univ.), Noritaka Nishida (Chiba Univ.)

15:10〜18:10
B 会場（会議室 103+104）／Room B（Meeting Room 103+104）

1GB001 **モルテングロビュール状態を介した同時翻訳的フォールディング経路の可視化**
Visualizing co-translational folding pathway mediated by Molten-Globule (MG) state
○小西 雄一朗 [1,2], 赤松 香奈子 [3], 丹澤 豪人 [1], 加藤 貴之 [1]（[1] 大阪大学・蛋白質研究所, [2] 大阪大学・大学院生命機能研究科, [3] 大阪大学ワクチン開発拠点・先端モダリティ DDS 研究センター）
Yuichiro Konishi[1,2], Kanako Akamatsu[3], Takehito Tanzawa[1], Takayuki Kato[1] ([1]*Institute for Protein Research, The University of Osaka.*, [2]*Graduate School Frontier Biosciences, The University of Osaka.*, [3]*Center for Advanced Modalities and DDS, The University of Osaka.*)

1GB002 **FUS-ALS 疾患型変異体の相分離や不可逆的凝集に対する ATP の抑制メカニズム**
Mechanistic insights into ATP's inhibition of phase separation and aggregation of ALS-linked FUS variants, R495X and P525L
○北村 奎時 [1], 津久井 一太 [1], 荒山 みゆ [2], 大島 彩乃 [1], 北沢 創一朗 [1], 亀田 倫史 [3], 北原 亮 [1,2]（[1] 立命館大学・院薬学, [2] 立命館大学・薬学部, [3] 産総研・人工知能研究センター）
Keiji Kitamura[1], Itta Tsukui[1], Miyu Arayama[2], Ayano Ohshima[1], Soichiro Kitazawa[1], Tomoshi Kameda[3], Ryo Kitahara[1,2] ([1]*Grad. Sch. Pharm., Ritsumeikan Univ.*, [2]*Col. Pharm., Ritsumeikan Univ.*, [3]*Art. Int. Res. Ctr., AIST.*)

1GB003 ***Corynebacterium glutamicum* における反応サイクルと関連したクエン酸合成酵素の集合体形成メカニズム**
Catalysis-dependent mechanism of citrate synthase condensation in *Corynebacterium glutamicum*
○長岡 誠 [1], 西山 真 [1,2], 古園 さおり [1,2,3]（[1] 東大・院農生科, [2] 東大・CRIIM, [3] 理研 CSRS）
Makoto Nagaoka[1], Makoto Nishiyama[1,2], Saori Kosono[1,2,3] ([1]*Grad. Sch. Agric. Life Sci., UTokyo*, [2]*CRIIM, UTokyo*, [3]*RIKEN CSRS*)

1GB004 **圧力ジャンプ分光法によるタンパク質液液相分離に関する速度論的解析**
Kinetic analysis for Protein liquid-liquid phase separation by pressure-jump spectroscopy
○白砂 雄太郎 [1], 森下 愛大 [2], 北村 奎時 [1], 北原 亮 [1,2]（[1] 立命館大・院薬学, [2] 立命館大・薬学）
Yutaro Shiramasa[1], Manato Morishita[2], Keiji Kitamura[1], Ryo Kitahara[1,2] ([1]*Grad. Sch. Pharm. Sci., Univ. Ritsumeikan*, [2]*Coll. Pharm. Sci., Univ. Ritsumeikan*)

1GB005 **sm-FRET および蛍光相関分光法による SARS-CoV-2 の N タンパク質リンカー領域の RNA への結合における役割の解明**
Roles of the linker region of the N protein of SARS-CoV-2 in the association to RNA by sm-FRET and fluorescence correlation spectroscopies
Shion Ishikawa[1,2], Takahiro Kimura[1,2], Takuya Katayama[1,2], Syamil MA Husna[2,3], Yuji Itoh[1,2,3], Satoshi Takahashi[1,2,3] ([1]*Graduate School of Life Sciences, Tohoku University*, [2]*Institute of Multidisciplinary Research for Advanced Materials, Tohoku University*, [3]*Department of Chemistry, Graduate School of Science, Tohoku University*)

1GB006 **αB-クリスタリン及びその断片による α シヌクレイン液滴の老化の阻害**
αB-Crystallin and its fragment prevent aging of α-Synclein droplets
○藤塚 健次 [1], 柚 佳祐 [1], 道上 佑希 [1], Carver John A.[2], 茶谷 絵理 [1]（[1] 神戸大院・理, [2]Res. Sch. Chem., ANU.）
Kenji Fujitsuka[1], Keisuke Yuzu[1], Yuki Michiue[1], John A. Carver[2], Eri Chatani[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Kobe Univ.*, [2]*Res. Sch. Chem., ANU.*)

1GB007 **トランスサイレチン 49-127 断片が形成するプロトフィブリルの解析**
Characterization of Protofibril Formed by Transthyretin 49-127 Fragment
○益田 優月 [1], 中尾 星哉 [1], 柚 佳祐 [1], 山本 直樹 [2], 守島 健 [3], 井上 倫太郎 [3], 杉山 正明 [3], 茶谷 絵理 [1]（[1] 神戸大・院理, [2] 自治医科大・医, [3] 京都大複合研）
Yuzuki Masuda[1], Seiya Nakao[1], Keisuke Yuzu[1], Naoki Yamamoto[2], Ken Morishima[3], Rintaro Inoue[3], Masaaki Sugiyama[3], Eri Chatani[1] ([1]*Grad. Sch. Sci, Kobe Univ.*, [2]*Sch. Med., Jichi Med. Univ.*, [3]*KURNS, Kyoto Univ.*)

1GB008 **アルキル化ペプチドによる液-液相分離液滴の分子取り込みの制御**
Controlling the molecular uptake of liquid-liquid phase separated droplets using Alkylated peptides
○山下 息吹（富山大学　薬学部）
Ibuki Yamashita (*Fac. Pharm. Sci., Univ. Toyama*)

1GB009 **アコヤガイの貝殻に含まれる天然変性タンパク質 nacrein の構造ダイナミクス解析**
Structural dynamics of nacrein, an intrinsically disordered protein in a shell of *Pinctada fucata*
○浪川 勇人 [1], 守島 健 [2], 井上 倫太郎 [2], 杉山 正明 [2], 鈴木 道生 [1]（[1] 東大院農, [2] 京大複合研）
Yuto Namikawa[1], Ken Morishima[2], Rintaro Inoue[2], Masaaki Sugiyama[2], Michio Suzuki[1] ([1]*GSALS*, [2]*KURNS*)

1GB010 **IDP 相分離液滴を用いたオリゴ DNA からの効率的なタンパク質発現系**
Oligo assembly enhanced by IDP droplet for efficient cell-free expression
○上野 大慈 [1], 皆川 慶嘉 [1], 野地 博行 [1,2]（[1] 東京大学・工学系・応用化学, [2] 東京大学プラネタリーヘルス研究機構）
Taiji Ueno[1], Yoshihiro Minagawa[1], Hiroyuki Noji[1,2] ([1]*Dept. Applied Chemistry, Sch. Eng., Univ. Tokyo.*, [2]*Research Institute of Planetary Health (RIPH), Univ. Tokyo*)

1GB011 **TIA-1 における RRM 間および RRM–LCD 相互作用による相分離制御機構の解明**
Mechanistic analysis of TIA-1 phase separation driven by intramolecular RRM–RRM and RRM–LCD interactions
○近藤 千月 [1], 楯 真一 [1,2,3,4], 安田 恭大 [1,2,3], 多根 奈津美 [1], 磯 僚海 [1], 荒木 優香 [1]（[1] 広島大・院統合生命, [2] 広島大・核内クロマチン・ライブダイナミクスの数理研究拠点, [3] 広島大・持続可能性に寄与するキラルノット超物質拠点, [4] 明治大・先端数理科学インスティテュート）
Kazuki Kondo[1], Shinichi Tate[1,2,3,4], Kyota Yasuda[1,2,3], Natsumi Tane[1], Tomomi Iso[1], Yuka Araki[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. Hiroshima*, [2]*RcMcD, Univ. Hiroshima*, [3]*WIP-SKCM2, Univ. Hiroshima*, [4]*MIMS, Univ. Meiji*)

1GB012　核小体タンパク質 Nopp140 のハイパーリン酸化は有糸分裂期脱凝集を加速させる
Hyperphosphorylation of nucleolar protein Nopp140 accelerates mitotic nucleolar disassembly
○嶋村 悠 [1], 乗添 祐樹 [2], 坂上 貴洋 [2], 吉村 成弘 [1] ([1] 京都大学生命科学研究科, [2] 青山学院大学理工学部)
Hisashi Shimamura[1], Yuki Norizoe[2], Takahiro Sakaue[2], Shige H. Yoshimura[1] ([1]*Grad. Sch. Biostudies, Kyoto Univ*, [2]*Coll. Sci. Engr, Aoyama Gakuin Univ*)

1GC　タンパク質：計測，タンパク質工学，膜タンパク質，バイオエンジニアリング
Protein: Measurement, Engineering, Membrane proteins, Bioengineering

座長：古賀 信康（大阪大学），鎌形 清人（岐阜大学）
Session Chairs: Nobuyasu Koga (Osaka Univ.), Kiyoto Kamagata (Gifu Univ.)

15:10〜18:25
C 会場（会議室 105+106）／Room C（Meeting Room 105+106）

1GC001　高速 AFM 観察による真菌機能性アミロイドの線維表面触媒による線維伸長機構の解明
High-speed atomic force microscopy reveals surface-catalyzed elongation mechanism of fungal functional amyloid
○髙橋 尚央 [1], 木村 竜也 [2], 寺内 裕貴 [3], 吉見 啓 [4,5], 中山 隆宏 [2], 阿部 敬悦 [1] ([1] 東北大院・農, [2] 金沢大・ナノ生命化学研究所, [3] 山口大・中高温研, [4] 京大院・農, [5] 京大院・地環学)
Nao Takahashi[1], Tatsuya Kimura[2], Yuki Terauchi[3], Akira Yoshimi[4,5], Takahiro Watanabe-Nakayama[2], Keietsu Abe[1] ([1]*Grad. Sch. Agri., Tohoku Univ.*, [2]*WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.*, [3]*RCTMR, Yamaguchi Univ.*, [4]*Grad. Sch. Agri., Kyoto Univ.*, [5]*Grad. Sch. Glob. Env. Stud., Kyoto Univ.*)

1GC002　一分子蛍光顕微鏡と近接依存性標識による一細胞ミトコンドリアプロテオームの網羅的解析
Single-cell mitochondrial proteome profiling via combining single-molecule fluorescence microscopy and proximity labeling
○土田 美咲 [1,2], カマルザマン ラティファ [1,3], 金 水縁 [1], 谷口 雄一 [1,3,4] ([1] 京都大学 物質-細胞統合システム拠点（iCeMS）, [2] 京都大学 農学部, [3] 大阪大学 生命機能研究科, [4] 京都大学大学院 生命科学研究科)
Misaki Tsuchida[1,2], Latiefa Kamarulzaman[1,3], Sooyeon Kim[1], Yuichi Taniguchi[1,3,4] ([1]*Institute for Integrated Cell-Material Sciences (iCeMS), Kyoto University*, [2]*Faculty of Agriculture, Kyoto University*, [3]*Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University*, [4]*Graduate School of Biostudies, Kyoto University*)

1GC003　構造的制約をタンパク質デザインで取り入れた進化モデルによる祖先ヌクレオソームの再構築
Reconstruction of ancestral nucleosomes using an evolutionary model that incorporates structural constraints through protein design
○林 泰瑶 [1], 佐久間 航也 [2], 寺川 剛 [1], 高田 彰二 [1] ([1] 京大・院理・生物物理, [2] 名大・細胞生理学研究センター)
Taiyo Hayashi[1], Koya Sakuma[2], Tsuyoshi Terakawa[1], Shoji Takada[1] ([1]*Dept. Biophys., Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*, [2]*CeSPI, Nagoya Univ.*)

1GC004　複数狭窄部をもつ Epx4 ナノポアのペプチド識別能力の探索
Exploring the peptide discrimination capabilities of multiple constriction Epx4 nanopores
○伊集院 綾子 [1], 内藤 航大 [2], 田中 良和 [2], 川野 竜司 [1] ([1] 農工大・院生命工学, [2] 東北大学・院生命科学研究科)
Ayako Ijuin[1], Kota Naito[2], Yoshikazu Tanaka[2], Ryuji Kawano[1] ([1]*Grad. Sch. Biotech and Life Sci., TUAT*, [2]*Grad. Sch. Life Sci., Tohoku Univ*)

1GC005　演題取り下げ Withdrawn

1GC006 Minimal RNA polymerase reconstruction

Riddhi Prashant Gondhalekar[1,2], Shunsuke Tagami[3], Sota Yagi[4], Kosuke Fujishima[1,2,5] ([1]*School of Life Science and Technology, Institute of Science Tokyo*, [2]*Earth-Life Science Institute, Institute of Science Tokyo*, [3]*RIKEN IMS*, [4]*Faculty of Human Sciences, Waseda University*, [5]*Graduate School of Media and Governance, Keio University*)

1GC007 ***De novo* ペプチドナノポアのキメラ化とセンシング精度向上に向けた改変**

Chimeric integration of a *de novo* peptide nanopore and its sequence optimization for improving sensing resolution

○中田 彩夏 [1], 内藤 航大 [2], 田中 良和 [2], 川野 竜司 [1]（[1] 東京農工大・院生命工学, [2] 東北大学・院生命科学研究科）

Ayaka Nakada[1], Kota Naito[2], Yoshikazu Tanaka[2], Ryuji Kawano[1] ([1]*Department of Biotechnology and Life Science, Tokyo University of Agriculture and Technology.*, [2]*Graduate School of Life Sciences, Tohoku University.*)

1GC008 **膜透過性ペプチドを介した汎用的なタンパク質輸送システムの開発**

Development of a wide range of protein delivery systems mediated by cell-penetrating peptides

○三輪 明星, 神谷 厚輝（群大・院理工）

Akari Miwa, Koki Kamiya (*Grad. Sch. Sci & Tech., Gunma Univ.*)

1GC009 **酵素間相互作用の強化による二段階アルカン合成反応の効率化**

Improving efficiency of two-step alkane synthesis reactions by enhancing enzyme interactions

○岡田 隼弥 [1], 季高 駿士 [1], 新井 宗仁 [1,2]（[1] 東大・総合文化・生命環境, [2] 東大・理・物理）

Shunya Okada[1], Shunji Suetaka[1], Munehito Arai[1,2] ([1]*Department of Life Sciences, The University of Tokyo*, [2]*Department of Physics, The University of Tokyo*)

1GC010 **酵素を合理的に活性化する普遍的手法の開発**

Development of a universal method to rationally activate enzymes

○渡辺 敦也 [1], 季高 駿士 [1], 新井 宗仁 [1,2]（[1] 東大・総合文化・生命環境, [2] 東大・理・物理）

Atsuya Watanabe[1], Shunji Suetaka[1], Munehito Arai[1,2] ([1]*Department of Life Sciences, The University of Tokyo*, [2]*Department of Physics, The University of Tokyo*)

1GC011 **アゴニスト誘導コンフォメーションを捉えた TRPM8 の X 線 1 分子動態計測**

Single-molecule X-ray analysis capturing the agonist-induced conformation of TRPM8

○町田 温登 [1,2], 大久保 達成 [2,3], 佐々木 大輔 [1,2], 三尾 和弘 [2,3], 佐々木 裕次 [1,2,4]（[1] 東京大・院新領域, [2] 産総研, [3] 横市大・院生命医, [4] 高輝度光科学研究センター）

Haruto Machida[1,2], Tatsunari Ohkubo[2,3], Daisuke Sasaki[1,2], Kazuhiro Mio[2,3], Yuji. C Sasaki[1,2,4] ([1]*Grad. Sch. Frontier Sci., Univ. Tokyo*, [2]*Natl. Inst. Adv. Ind. Sci. & Technol.*, [3]*Grad. Sch. Med. Life Sci., Yokohama City Univ.*, [4]*JASRI*)

1GC012 **電気エネルギー依存性細胞死の電気回路モデルによる解析**

Explaining Electrical Energy Dependent Cell Death Mechanisms Through Electrical Circuit-Based Modeling

○廣畠 大輝, 田中 蒼大, 本村 英樹, 池田 善久, 神野 雅文（愛媛大学大学院　理工学研究科）

Taiki Hirohata, Sota Tanaka, Hideki Motomura, Yoshihisa Ikeda, Masafumi Jinno (*Dept. of EEE, Grad. Sch. of Sci. and Eng., Ehime Univ.*)

1GC013 **新規高輝度蛍光 RNA アプタマーの取得とその特性解析**

Isolation and characterization of novel bright fluorogenic RNA aptamers

○田山 智嵩, 伊藤 敬佑, 上村 想太郎, 飯塚 怜（東大・院理・生科）

Tomotaka Tayama, Keisuke Ito, Sotaro Uemura, Ryo Iizuka (*Dept. Biol. Sci., Grad. Sch. Sci., The Univ. Tokyo*)

1GD　細胞生物学的課題，神経・感覚
Cell biology, Neuroscience & Sensory systems

座長：細川 千絵（大阪公立大学），角田 聡（名古屋工業大学）
Session Chairs: Chie Hosokawa (Osaka Metropolitan Univ.), Satoshi Tsunoda (Nagoya Inst. Tech.)

15:10〜18:10
D 会場（会議室 107+108）／Room D（Meeting Room 107+108）

1GD001　**線維芽細胞の外環境の弾性率に対する受動的応答と心筋細胞への能動的影響**
Passive responses of fibroblasts to extracellular stiffness and their active influence on cardiomyocytes
○長井 新[1,2], 桒原 宙歩[2], 守山 裕大[2], 三井 敏之[2]（[1]京大・院生命科学, [2]青学大・院理工）
Arata Nagai[1,2], Hiromu Kuwabara[2], Yuuta Moriyama[2], Toshiyuki Mitsui[2] ([1]*Grad. Sch. Bio., Kyoto Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci. and Eng., Aoyamagakuin Univ.*)

1GD002　**三次元位置検出顕微鏡による繊毛虫テトラヒメナの遊泳および繊毛運動解析**
Three-dimensional tracking of swimming and ciliary beating in *Tetrahymena*
○石井 裕人, 丸茂 哲聖, 山口 真, 山岸 雅彦, 矢島 潤一郎（東京大学大学院総合文化研究科）
Hiroto Ishii, Akisato Marumo, Shin Yamaguchi, Masahiko Yamagishi, Junichiro Yajiama (*Grad. Sch. of Arts and Sci., Univ. Tokyo*)

1GD003　Modified model with myosin accumulation effect for mechanosensitive migration
Yuki Kimura[1], Chika Okimura[2], Yoshiaki Iwadate[2], Tatsunari Sakurai[1] ([1]*Dept. Math. Eng., Musashino Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci. & Tech. Innov., Yamaguchi Univ.*)

1GD004　**ドリル細菌は鞭毛フックの曲げ剛性を調節する**
Bacteria capable of drill-like propulsion adjust bending stiffness of the flagellar hooks
○小倉 尚樹[1], 吉岡 青葉[2], 中根 大介[2], 村山 能宏[1]（[1]農工大・院生体医用シス工, [2]電通大・院基盤理工）
Naoki Ogura[1], Aoba Yoshioka[2], Daisuke Nakane[2], Yoshihiro Murayama[1] ([1]*Grad. Sch. Bio-Med. Sys. Eng., TUAT*, [2]*Grad. Sch. Fund. Sci. & Eng., UEc*)

1GD005　**改良版 Vicsek モデルによるイエユウレイグモ初期胚の細胞集団運動のシミュレーションと解析**
Simulation and Analysis of Collective Cell Migration in Early Embryos of Pholcus phalangioides Using a Modified Vicsek Model
○庄司 紘都（同志社大学生命医科学部）
Hiroto Shoji (*Faculty of Life and Medical Sciences, Doshisha University*)

1GD006　**ヘリコバクターの多彩な移動戦略はドリル運動によって最適化される**
Flagellar wrapping facilitates directional movement in *Helicobacter*
○横濵 さらら[1], 上村 直輝[1], 島田 佳季[2], 見理 剛[3], 林原 絵美子[3], 菅 哲朗[2], 中根 大介[1]（[1]電通大院・基盤理工, [2]電通大院・機械知能, [3]感染研・細菌二部）
Sarara Yokohama[1], Naoki Uemura[1], Yoshiki Shimada[2], Tsuyoshi Kenri[3], Emiko Rimbara[3], Tetsuo Kan[2], Daisuke Nakane[1] ([1]*Dep. Eng. Sci., UEC*, [2]*Dep. Mech. Intell. Syst., UEC*, [3]*Dep. Bact. II, NIID*)

1GD007　**魚類表皮ケラトサイト集団同士の高速な融合は互いのアクトミオシンケーブルを消失させ合うことで実現する**
Rapid Integration of Two Keratocyte Sheets by Disassembling Each Other's Actomyosin Cables
○清水 和眞, 沖村 千夏, 岩楯 好昭（山口大・院創成科学・生物）
Kazuma Shimizu, Chika Okimura, Yoshiaki Iwadate (*Grad. Sch. Sci. Tech., Univ. Yamaguchi*)

1GD008 MreB が合成細菌にスピロプラズマ運動能を発生させる方法を *in vivo* で可視化する
In vivo visualization of how MreBs drive *Spiroplasma* motility in minimal synthetic bacterium
○田中 芳樹 [1], 木山 花 [2], 水谷 雅希 [1], 森本 雄祐 [3], 宮田 真人 [2], 西坂 崇之 [1]（[1] 学習院大・理・物理, [2] 阪公大・院理, [3] 九工大・情報工学）
Yoshiki Tanaka[1], Hana Kiyama[2], Masaki Mizutani[1], Yusuke V. Morimoto[3], Makoto Miyata[2], Takayuki Nishizaka[1] ([1]*Dept. Phys., Gakushuin Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci., Osaka Metropolitan Univ.*, [3]*Fac. Comp. Sci. and Sys. Eng., Kyushu Inst. Tech.*)

1GD009 脂肪酸代謝酵素 HADH の核内機能において制御される線虫 *C.elegans* の温度順化現象の分子機構解析
Molecular mechanism of temperature acclimation in *C. elegans* regulated by the nuclear function of fatty acid metabolizing enzyme HADH
○森 雪永 [1], 福本 晃久 [1], 岡畑 美咲 [1], 三浦 徹 [1], 水口 洋平 [2], 豊田 敦 [2], 太田 茜 [1], 久原 篤 [1,3]（[1] 甲南大学 自然科学研究科生物学専攻 生体調節学 研究室, [2] 国立遺伝学研究所, [3]PRIME, AMED）
Yukina Mori[1], Akihisa Fukumoto[1], Misaki Okahata[1], Toru Miura[1], Yohei Minakuchi[2], Atsushi Toyoda[2], Akane Ohta[1], Atushi Kuhara[1,3] ([1]*Laboratory of Molecular and Cellular Regulation Graduate school of Natural Science Konan University*, [2]*National Institute of Genetics, Japan*, [3]*PRIME, AMED*)

1GD010 高速 AFM による分子間相互作用を介した CaMKII クラスターダイナミクスの観察
High-speed AFM revealed dynamics of CaMKII clusters through intermolecular interactions
○鈴木 大晴 [1], 炭竈 享司 [2], 村越 秀治 [3], 柴田 幹大 [2,4]（[1] 金沢大・院ナノ生命, [2] 金沢大・WPI-NanoLSI, [3] 生理研・脳機能計測支援センター, [4] 金沢大・新学術創成）
Taisei Suzuki[1], Takashi Sumikama[2], Hideji Murakoshi[3], Mikihiro Shibata[2,4] ([1]*Grad. Sch. NanoLS., Kanazawa Univ.*, [2]*WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.*, [3]*Supportive Center for Brain Research, NIPS*, [4]*InFiniti, Kanazawa Univ.*)

1GD011 高速 AFM による CaMKIIα/β ヘテロオリゴマーの構造と動態の観察
Architecture and Dynamics of CaMKIIα/β heterooligomers revealed by High-Speed AFM
○松島 啓介 [1], 炭竈 享司 [2], 村越 秀治 [3], 柴田 幹大 [2,4]（[1] 金沢大・院数物, [2] 金沢大・WPI-nanoLSI, [3] 生理研・脳機能計測支援センター, [4] 金沢大・新学術創成）
Keisuke Matsushima[1], Takashi Sumikama[2], Hideji Murakoshi[3], Mikihiro Shibata[2,4] ([1]*Grad. Sch. Math. & Phys., Kanazawa Univ.*, [2]*WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.*, [3]*Supportive Center for Brain Research, National Institute for Physiological Sciences*, [4]*InFiniti, Kanazawa Univ.*)

1GD012 プラス帯電性ナノバブルが及ぼす神経細胞への影響
Influence of positively charged nanobubbles to neurons
○劉 一帆 [1], 大平 猛 [2], 北方 恵美 [2], 原田 慈久 [2], 林 久美子 [2]（[1] 東京大学　大学院新領域創成科学研究科, [2] 東京大学　物性研究所）
Yifan Liu[1], Takeshi Ohdaira[2], Emi Kitakata[2], Yoshihisa Harada[2], Kumiko Hayashi[2] ([1]*Graduate School of Frontier Science, The University of Tokyo*, [2]*The Institute for Solid State Physics, The University of Tokyo*)

1GE 分子モーター，核酸：結合タンパク質，ナノテクノロジー
Molecular motor, Nucleic acid: binding protein, nanotechnology

座長：横田 浩章（光産業創成大学院大学），坂上 貴洋（青山学院大学）
Session Chairs: Hiroaki Yokota (Grad. Sch. New Photon. Indust.), Takahiro Sakaue (Aoyama Gakuin Univ.)

15:10〜18:10
E 会場（会議室 201）／Room E（Meeting Room 201）

1GE001 YY1 による DNA スーパークラスターの濃度依存的制御
Concentration-dependent modulation of DNA superclusters by YY1
○晏 晞, 寺川 剛（京都大学 大学院理学研究科）
Xi Yan, Tsuyoshi Terakawa (*Graduate School of science, Kyoto University*)

1GE002 一分子 FRET 分光法が示す SARS-CoV-2 のゲノム RNA の構造
Single molecule FRET spectroscopy reveals the structure of genomic RNA of SARS-CoV-2 virus
Takahiro Kimura[1,2], Takuya Katayama[1,2], Shinnosuke Saitou[1,2], Kamila Putridifa Priyambada[1], Yuuhei Yamano[1], Kazumitsu Onizuka[1,3], Fumi Nagatsugi[1,3], Shilpi Laha[4], Athi N Naganathan[4], Yuji Itoh[1,2,3], Satoshi Takahashi[1,2,3] ([1]*IMRAM, Univ. Tohoku*, [2]*Grad. Sch. Life Sci., Univ. Tohoku*, [3]*Grad. Sch. Sci, Univ. Tohoku*, [4]*IITM*)

1GE003 シリカナノ液滴による DNA 情報処理系の 3D-固体材料化
3D-Solid Materialization of DNA Data Processing Systems by silica nano droplets
○呉松 健吾, 川野 竜司（東京農工大学　工学部　生命工学科）
Kengo Kurematsu, Ryuji Kawano (*Department of Biotechnology and Life Science, Tokyo University of Agriculture and Technology (TUAT)*)

1GE004 異種ポリアミンによる協調/阻害効果：DNA 高次構造転移による遺伝子発現スイッチング制御
Cooperation/inhibition of polyamines on regulation of gene expression switching in relation to higher-order structural changes of DNA
○小川 遥士 [1], 西尾 天志 [1,2], 吉川 祐子 [1], 剣持 貴弘 [1], 吉川 研一 [1]（[1] 同志社大・院生命医科学, [2] 産総研・モレキュラーバイオシステム）
Haruto Ogawa[1], Takashi Nishio[1,2], Yuko Yoshikawa[1], Takahiro Kenmotsu[1], Kenichi Yoshikawa[1] ([1]*Grad. Sch. Life and Med Sci., Doshisha Univ.*, [2]*MolBiS, AIST*)

1GE005 *In silico* 解析による GTP 駆動型 F_1-ATPase の設計
Design of GTP-driven F_1-ATPase by *in silico* analysis
○大矢 辰哉 [1], 小林 稜平 [1], 上野 博史 [1], 岡崎 圭一 [2], 野地 博行 [1,3]（[1] 東大 院工 応化, [2] 分子科学研究所, [3] 東大 プラネタリーヘルス研究機構）
Tatsuya Oya[1], Ryohei Kobayashi[1], Hiroshi Ueno[1], Kei-ichi Okazaki[2], Hiroyuki Noji[1,3] ([1]*Grad. Eng. Appl. Chem., Univ. of Tokyo*, [2]*Institute for Molecular Science*, [3]*RIPH., Univ. of Tokyo*)

1GE006 複数のプロトン駆動トルク発生ユニットを有する F_oF_1ATP 合成酵素の設計手法の拡張
Attempt to extend the design strategy for F_oF_1-ATP synthase with multiple proton-driven torque-generating units
○丸井 里駆 [1], 上野 博史 [1], 野地 博行 [1,2]（[1] 東京大・院工学, [2] 東京大・プラネタリーヘルス研究機構）
Riku Marui[1], Hiroshi Ueno[1], Hiroyuki Noji[1,2] ([1]*Grad. Sch. Eng., Univ. Tokyo*, [2]*RIPH., Univ. Tokyo*)

1GE007 axle-less F_1-ATPase の 1 分子回転観察によって発見された新たな回転中間体の解析
A new dwell-time discovery by single-molecule rotation assay of axle-less F_1-ATPase
○内山 友 [1], 上野 博史 [1], Sobti Meghna[2,3], Stewart Alastair G.[2,3], 野地 博行 [1,4]（[1] 東大・院工, [2]Mol. Struct. & Comput. Biol. Div., VCCRI, NSW, Australia, [3]St Vincent's Clin. Sch., Fac. Med., UNSW Sydney, NSW, Australia, [4] 東大・プラネタリーヘルス研機構）
Tomo Uchiyama[1], Hiroshi Ueno[1], Meghna Sobti[2,3], Alastair G. Stewart[2,3], Hiroyuki Noji[1,4] ([1]*Grad. Sch. Eng., The Univ. of Tokyo.*, [2]*Mol. Struct. & Comput. Biol. Div., VCCRI, NSW, Australia*, [3]*St Vincent's Clin. Sch., Fac. Med., UNSW Sydney, NSW, Australia*, [4]*Res. Inst. Planet. Health (RIPH), Univ. Tokyo*)

1GE008 1 分子計測及び機械学習を用いた高活性 F_1-ATPase の探索
Exploration of high-speed F_1-ATPase with single-molecule assay and machine-learning
○三宅 皓大 [1], 小林 稜平 [1], 上野 博史 [1], 田口 真衣 [1], 齋藤 裕 [2], 野地 博行 [1,3]（[1] 東大・工・応化, [2] 北里大・未来工・データサイエンス, [3] 東大・プラネタリーヘルス研究機構）
Kodai Miyake[1], Ryohei Kobayashi[1], Hiroshi Ueno[1], Mai Taguchi[1], Yutaka Saito[2], Hiroyuki Noji[1,3] ([1]*Dep. Appl. Chem., Grad. Sch. Eng., Univ. Tokyo*, [2]*Dep. Data Sci., Sch. Fro. Eng., Univ. Kitasato*, [3]*RIPH, Univ. Tokyo*)

1GE009 マイコバクテリア ATP 合成酵素における α サブユニット C 末端伸長による阻害メカニズムの解明
Revealing a Unique Inhibitory Mechanism of C-terminal Extension of α-Subunit in Mycobacterial ATP Synthase
○田村 遼太 [1], 渡邉 亮 [1], Meghna Sobti[2,3], 上野 博史 [1], Alastair Stewart[2,3], 野地 博行 [1,4]（[1] 東大・院工学応化, [2]Mol. Struct. & Comput. Biol. Div., VCCRI, NSW, Australia, [3]St Vincent's Clin. Sch., Fac. Med., UNSW Sydney, NSW, Australia, [4] 東大プラネタリー研究機構）
Ryota Tamura[1], Ryo Watanabe[1], Sobti Meghna[2,3], Hiroshi Ueno[1], Stewart Alastair[2,3], Hiroyuki Noji[1,4] ([1]*App. Chem., Grad. Sch. Eng., Univ. Tokyo*, [2]*Mol. Struct. & Comput. Biol. Div., VCCRI, NSW, Australia*, [3]*St Vincent's Clin. Sch., Fac. Med., UNSW Sydney, NSW, Australia*, [4]*RIPH, Univ. Tokyo*)

1GE010 計算機で設計したサプレッサー変異による疾患型 KIF1A キネシンの運動性能の改善と神経機能の修復
Computationally identified suppressors rescue pathogenic mutations in KIF1A kinesin and restore neurological function
○北 智輝 [1], 丹羽 伸介 [1,2]（[1] 東北大・生命科学, [2] 東北大・学際研）
Tomoki Kita[1], Shinsuke Niwa[1,2] ([1]*Grad. Life. Sci., Tohoku Univ.*, [2]*FRIS., Tohoku Univ*)

1GE011 全原子分子動力学シミュレーションによる F_1-ATPase の 40°サブステップ回転機構の解析
Investigating the 40° substep rotation mechanism of F_1-ATPase using all-atom MD simulations
○本橋 昌大 [1,2], 宗行 英朗 [1], 杉田 有治 [2,3]（[1] 中央大・院理工学, [2] 理研・開拓研究所, [3] 理研・計算科学研究センター）
Masahiro Motohashi[1,2], Eiro Muneyuki[1], Yuji Sugita[2,3] ([1]*Grad. Sch. Sci. Eng., Univ. Chuo*, [2]*RIKEN Pioneering Research Institute*, [3]*RIKEN Center for Computational Science*)

1GE012 DNA オリガミ製ナノスプリングを用いた Kinesin-3 モータータンパク質 KIF1A の力計測
Force measurement of the kinesin-3 motor KIF1A using a programmable DNA origami nanospring
○髙松 宣道 [1,2], 古元 礼子 [3], 有賀 隆行 [4], 岩城 光宏 [4,5,6], 林 久美子 [2]（[1] 東大・院新領域, [2] 東大・物性研, [3] 山口大・院医系, [4] 阪大・院生命機能, [5]NICT・未来 ICT, [6] 阪大・IFReC）
Nobumichi Takamatsu[1,2], Hiroko Furumoto[3], Takayuki Ariga[4], Mitsuhiro Iwaki[4,5,6], Kumiko Hayashi[2] ([1]*Grad. Sch. Frontier Sci., Univ. Tokyo*, [2]*Inst. Solid State Phys., Univ. Tokyo*, [3]*Grad. Sch. Med., Yamaguchi Univ.*, [4]*Grad. Sch. Frontier Biosci., Osaka Univ.*, [5]*Adv. ICT Res. Inst., NICT*, [6]*IFReC, Osaka Univ.*)

1GF 生体膜・人工膜：構造，物性，ダイナミクス，情報伝達
Biological & Artificial membrane: Structure, Property, Dynamics, Signal transduction

座長：末次 志郎（奈良先端科学技術大学院大学），渡邊 千穂（広島大学）
Session Chairs: Shiro Suetsugu (NAIST), Chiho Watanabe (Hiroshima Univ.)

15:10〜18:10
F 会場（会議室 202）／Room F（Meeting Room 202）

1GF001 嗅覚受容体と温度感受性チャネル TRPV1 の細胞内クロストークの解析
Investigation of Crosstalk between Olfactory Receptors and TRPV1 Channels
○森山 さくら [1,2], 日沼 州司 [2], 黒田 俊一 [1,2]（[1] 大阪大学大学院 生命機能研究科, [2] 大阪大学 産業科学研究所）
Sakura Moriyama[1,2], Shuji Hinuma[2], Shun'ichi Kuroda[1,2] ([1]*Graduate School of Frontier Biosciences, The University of Osaka*, [2]*SANKEN, The University of Osaka*)

1GF002 **超解像・1 分子観察による細胞膜階層構造ドメイン形成機構の解明**
Mechanisms of hierarchical domain organization on cell membranes revealed by super-resolution and single-molecule imaging
○川合 登偉 [1], 笠井 倫志 [2], 廣澤 幸一朗 [2,3], 藤原 敬宏 [4], 楠見 明弘 [5], 横田 康成 [6], 鈴木 健一 [1,2,3]
([1] 岐阜大院・連農, [2] 国立がん研究センター研究所, [3] 岐阜大・iGCORE, [4] 京都大・iCeMS, [5] 沖縄科学技術大学院大学, [6] 岐阜大・工)
Toui Kawai[1], Rinshi S. Kasai[2], Koichiro M. Hirosawa[2,3], Takahiro K. Fujiwara[4], Akihiro Kusumi[5], Yasunari Yokota[6], Kenichi G. N. Suzuki[1,2,3] ([1]*UGSAS, Gifu Univ*, [2]*Natl. Cancer. Ctr. Res. Inst,*, [3]*iGCORE, Gifu Univ*, [4]*iCeMS, Kyoto Univ*, [5]*OIST*, [6]*Dept. Eng., Gifu Univ*)

1GF003 Development of nanoforce polydiacetylene-based biosensors and tailoring their properties by integrating additives
Fabiano Altieri[1,2], Kaori Sugihara[2,3] ([1]*Graduate School of Engineering, University of Tokyo*, [2]*Institute of Industrial Science, University of Tokyo*, [3]*Department of Physical Chemistry, University of Geneva*)

1GF004 Synergistic Interaction between LL-37 and HNP-1 for Reducing Cytotoxicity on MDCK-I
Jing Zhang[1], Yuge Hou[1], Takashi Yasuda[2], Siu Yu Angela Chow[1], Soshi Ito[1], Mizuho Otuska[1], Yoshiho Ikeuchi[1], Xiang Li[2], Kaori Sugihara[1] ([1]*The University of Tokyo*, [2]*Hokkaido University*)

1GF005 **蛍光脂質を用いた DHA 含有リン脂質の相分離膜に対する影響評価**
Evaluation of the Effects of DHA-Containing Phospholipids on Phase-Separated Membranes Using Fluorescent Derivatives of Phospholipids
○清水 浩太郎 [1], 木下 祥尚 [2], 松森 信明 [1] ([1] 九大・院理, [2] 群大・院理工)
Kotaro Shimizu[1], Masanao Kinoshita[2], Nobuaki Matsumori[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. Kyushu*, [2]*Grad. Sch. Sci. & Tech., Univ. Gunma*)

1GF006 **ミニマル合成細菌 JCVI-syn3B の膜電位計測**
Measurement of membrane potential in the minimal synthetic bacterium JCVI-syn3B
○金森 智士, 木山 花, 信元 健智, 宮田 真人（大阪公立大・院理学）
Satoshi Kanamori, Hana Kiyama, Kenji Nobumoto, Makoto Miytata (*Grad. Sch. Sci., OMU*)

1GF007 **細胞膜の非対称性と不均一性**
Asymmetry and Heterogeneity in the Plasma Membrane
○山田 哲平 [1], 篠田 渉 [2] ([1] 岡山大・院環境生命自然, [2] 岡山大・異分野基礎研)
Teppei Yamada[1], Wataru Shinoda[2] ([1]*Grad. Sch. Env., Life, Sci. and Tech., Okayama Univ.*, [2]*Research Institute for Interdisciplinary Science, Okayama Univ.*)

1GF008 Single Amino Acid Drives LL-37/HNP1 Synergy: Unveiling Antimicrobial Peptide Interactions
Ariane Schwitter[1], Kaori Sugihara[2] ([1]*Grad. Sch. Eng., Univ. Tokyo*, [2]*Inst. Ind. Sci., Univ. Tokyo*)

1GF009 Bilayer lipid packing effects on the structure and electron transfer activity of cytochrome *c* oxidase
Bon Leif Dominguez Amalla[1], Atsuhiro Shimada[2], Satoshi Nagao[3], Hiroyuki Kumeta[4], Takeshi Uchida[1,5], Koichiro Ishimori[1,5] ([1]*Grad. Sch. of Chem. Sci. Eng., Hokkaido Univ.*, [2]*Fac. of Appl. Biol. Sci., Gifu Univ.*, [3]*JASRI*, [4]*Fac. of Adv. Life Sci., Hokkaido Univ.*, [5]*Fac. of Sci., Hokkaido Univ.*)

1GF010 **マイクロ流体デバイスで作製したリポソームの微小管重合による膜変形制御**
Liposomes synthesized by microfluidic devices change shape in response to microtubule polymerization
○西村 拓真, 石井 裕人, 佐藤 優成, 山岸 雅彦, 矢島 潤一郎（東京大学・総合文化研究科）
Takuma Nishimura, Hiroto Ishii, Yusei Sato, Masahiko Yamagishi, Junichiro Yajima (*Graduate School Art and Science, The University of Tokyo*)

1GF011 Machine Learning-Driven Functional Screening of Peptides Using Mechanochromic Lipid Sensors
Jiali Chen, Kaori Sugihara (*IIS., Univ. Tokyo*)

1GF012 **コレラ菌走化性受容体 Mlp24 による GABA および L-オルニチンのリガンド認識機構**
Ligand recognition mechanisms of GABA and L-ornithine by the chemoreceptor Mlp24 in *Vibrio cholerae*
○飯田 莉梨香 [1], 大森 楓河 [2], 竹川 宜宏 [3], 西山 宗一郎 [4], 川岸 郁朗 [2,5,6], 今田 勝巳 [3]（[1] 阪大・理, [2] 法政大・院理工, [3] 阪大・院理, [4] 新潟薬大・応用生命, [5] 法政大・生命科学, [6] 法政大・マイクロ・ナノテクセンター）
Ririka Iida[1], Fuga Omori[2], Norihiro Takekawa[3], So-ichiro Nishiyama[4], Ikuro Kawagishi[2,5,6], Katsumi Imada[3] ([1]*Sch. Sci., Osaka Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci. and Engin., Hosei Univ.*, [3]*Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.*, [4]*Dept. Appl Life Sci, Niigata Univ of Pharm and Appl Life Sci.*, [5]*Dept. Front Biosci., Hosei Univ.*, [6]*Res. Cen. Micro-Nano Tech,. Hosei Univ.*)

1GG　生命の起源・進化，理論生物学，バイオイメージング
Origin of life & Evolution, Theoretical biology, Bioimaging

座長：市橋 伯一（東京大学），望月 敦史（京都大学）
Session Chairs: Norikazu Ichihashi (Univ. Tokyo), Atsushi Mochizuki (Kyoto Univ.)

15:10〜18:10
G 会場（会議室 203）／Room G（Meeting Room 203）

1GG001 Molecular Simulation of Prebiotically Plausible Interactions Between Amino Acids and Fatty Acid Membranes
Taren Ginter[1,2], Ryoji Abe[1,2], Masayuki Imai[3], Akiko Baba[3], Wataru Shinoda[4,5], Yusuke Miyazaki[4,5], Kosuke Fujishima[1,6] ([1]*Earth-Life Science Institute*, [2]*Institute of Science Tokyo, School of Life Science and Technology*, [3]*Tohoku University, Department of Physics*, [4]*Okayama University, Research Institute for Interdisciplinary Science*, [5]*Okayama University, Department of Chemistry*, [6]*Keio University, Graduate School of Media and Governance*)

1GG002 **液液相分離系を反応場とした遺伝子の複雑化を伴う進化の実現**
Evolution with genomic complexity acquisition under LLPS droplet as a reaction field
○佐々木 弥来 [1], 皆川 慶嘉 [1], 野地 博行 [1,2]（[1] 東京大・院工学, [2] 東京大・プラネタリーヘルス研究機構）
Mirai Sasaki[1], Yoshihiro Minagawa[1], Hiroyuki Noji[1,2] ([1]*Grad. Sch. Eng., Univ. Tokyo*, [2]*RIPH., Univ. Tokyo*)

1GG003 **核酸分子と脂肪酸膜系の相互作用機構および脂肪酸膜系存在下での核酸分子の拡散挙動の全原子分子動力学シミュレーションを用いた解析**
Analysis of the interaction and diffusion behavior of nucleic acid molecules with the fatty acid membrane system using AA-MD simulations
○安部 稜士 [1], ギンター テーレン [1], 藤島 皓介 [1,2,3]（[1] 東京科学大学 生命理工学院, [2] 東京科学大学 地球生命研究所, [3] 慶應義塾大学大学院 政策・メディア研究科）
Ryoji Abe[1], Taren Ginter[1], Kosuke Fujishima[1,2,3] ([1]*School of Life Science and Technology, Science Tokyo.*, [2]*Earth-Life Science Institute, Science Tokyo.*, [3]*Graduate School of Media And Governance, Keio University.*)

1GG004 **遺伝子間の量比保存関係を通した遺伝的摂動効果のグローバルな波及**
Global propagation of genetic perturbation effects through stoichiometry conservation architecture
○千葉 元太 [1], 亀井 健一郎 [1], 小田 有沙 [1,2], 太田 邦史 [1,2,3], 若本 祐一 [1,2,3]（[1] 東大・院総合文化, [2] 東大・複雑系生命システム研究センター, [3] 東大・生物普遍性研究機構）
Genta Chiba[1], Ken-ichiro F Kamei[1], Arisa H Oda[1,2], Kunihiro Ohta[1,2,3], Yucihi Wakamoto[1,2,3] ([1]*Grad. Sch. Arts Sci., Univ. Tokyo*, [2]*Res. Cent. Complex Syst. Biol., Univ. Tokyo*, [3]*UBI, Univ. Tokyo*)

1GG005 **生命システムにおける生体要素間相互作用の一般化勾配流モデルに基づく数理表現**
Describing Interaction Dynamics in Living Systems via the Generalized Gradient Flow Model of Adaptive Components
○鈴木 龍之介[1,2], 安達 泰治[1,2,3]（[1] 京大・医生研, [2] 京大・院工, [3] 京大・院生命）
Ryunosuke Suzuki[1,2], Taiji Adachi[1,2,3] ([1]*LiMe, Kyoto Univ.*, [2]*Grad. Sch. Eng., Kyoto Univ.*, [3]*Grad. Sch. Life Sci., Kyoto Univ.*)

1GG006 **機械学習を用いた細胞形状情報とストレスファイバー形成機構を考慮した細胞の牽引力推定**
Cell Morphology and Stress Fiber Formation Mechanisms-Informed Traction Force Microscopy Using Machine Learning
○藤原 弘貴[1], 藤川 良祐[1], 鈴木 文丈[1], 鈴木 健大[1,2], 作村 諭一[1,2]（[1] 奈良先端大・院科学技術, [2] 奈良先端大・データ駆動センター）
Koki Fujiwara[1], Ryosuke Fujikawa[1], Yukihiro Suzuki[1], Kenta T. Suzuki[1,2], Yuichi Sakumura[1,2] ([1]*Grad. Sch. Sci. Tech., NAIST*, [2]*DSC, NAIST*)

1GG007 **麻酔または光遺伝学制御による生きている線虫 *C. elegans* の赤外イメージング手法の開拓**
Development of infrared imaging methods for a living nematode, *C. elegans*, using anesthetics or optogenetic control
○脇田 和佳[1], 伊藤 明子[1], 佐藤 龍[2], 錦野 達郎[1,3], 小柳 光正[2,4], 古谷 祐詞[1,3] ([1] 名古屋工業大学大学院工学研究科, [2] 大阪公立大学大学院理学研究科, [3] オプトバイオテクノロジー研究センター, [4] 大阪公立大学複合先端研究センター）
Nodoka Wakita[1], Akiko Ito[1], Ryu Sato[2], Tatsuro Nishikino[1,3], Mitsumasa Koyanagi[2,4], Yuji Furutani[1,3] ([1]*Graduate School of Engineering, Nagoya Institute of Technology*, [2]*Graduate School of Science, Osaka Metropolitan University*, [3]*Optobiotechnology Research Center*, [4]*The OMU Advanced Research Institute for Natural Science and Technology, Osaka Metropolitan University*)

1GG008 **X 線回折イメージング・トモグラフィーにおける三次元構造精密化手法の開発とデンプン粒子構造解析への応用**
Development of structure refinement protocol for XDIT and its application to structure analysis of rice-starch
○原田 康生[1,4], 高山 裕貴[2,4], 中迫 雅由[3,4]（[1] 慶應義塾大学 大学院理工学研究科, [2] 東北大学 国際放射光イノベーション・スマート研究センター, [3] 慶應義塾大学 理工学部 物理学科, [4] 理化学研究所 放射光科学研究センター）
Kosei Harada[1,4], Yuki Takayama[2,4], Masayoshi Nakasako[3,4] ([1]*Graduate School of Science and Technology, Keio University*, [2]*International Center for Synchrotron Radiation Innovation Smart, Tohoku University*, [3]*Department of Physics, Faculty of Science and Technology, Keio University*, [4]*RIKEN SPring-8 Center*)

1GG009 **超解像顕微鏡による非凍結性低温環境下における不凍タンパク質の細胞部位特異的局在の解析**
Subcellular Localization of Antifreeze Proteins in a Non-Freezing Cold Environment Revealed by Super-Resolution Microscopy
○前田 皓丞[1], 内澤 風穂[1], 津田 栄[2], 相沢 智康[1,2], 新井 達也[1,2]（[1] 北海道大学 理学部, [2] 北海道大学 先端生命科学研究院）
Kosuke Maeda[1], Kaho Uchizawa[1], Sakae Tsuda[2], Tomoyasu Aizawa[1,2], Tatsuya Arai[1,2] ([1]*School of Science, Hokkaido University*, [2]*Faculty of Advanced Life Science, Hokkaido University*)

1GG010 **蛍光ナノ粒子を用いた細胞質の特性計測**
Probing cytoplasmic physics with Genetically Encoded Multimeric nanoparticles
○廣兼 空[1], 岡田 康志[1,2,3]（[1] 東大・理, [2] 東大・医, [3] 理研 BDR）
Sora Hirokane[1], Yasushi Okada[1,2,3] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo*, [2]*Grad. Sch. Med., Univ. Tokyo*, [3]*BDR, Riken*)

1GG011 **神経突起伸長過程におけるシナプス接着分子の蛍光 1 分子追跡による時空間動態解析**
Spatiotemporal dynamics analysis of synaptic adhesion molecules during neurite outgrowth by single molecule fluorescence imaging
○佐々木 洸大, 並木 繁行, 浅沼 大祐, 廣瀬 謙造（東大・院医）
Kodai Sasaki, Shigeyuki Namiki, Daisuke Asanuma, Kenzo Hirose (*Grad. Sch. Med., Univ. Tokyo*)

1GG012 **トランススケール生細胞イメージングによる希少細胞融合現象から形成されるハイブリッド腫瘍細胞の動態解析**

Visualizing rare cell fusion events leading to hybrid tumor cell formation using trans-scale live-cell imaging

○ラフィダー イッザティ [1,2], 福島 俊一 [2], 垣塚 太志 [2,3], 和沢 鉄一 [2], 市村 垂生 [3], 熊ノ郷 淳 [4], 永井 健治 [2,3]（[1] 大阪大学薬学研究科, [2] 大阪大学産業科学研究所, [3] 大阪大学先導的学際研究機構, [4] 大阪大学大学院医学系研究科）

Izzati Rafidah[1,2], Shun-ichi Fukushima[2], Taishi Kakizuka[2,3], Tetsuichi Wazawa[2], Taro Ichimura[3], Atsushi Kumanogoh[4], Takeharu Nagai[2,3] ([1]*The University of Osaka Graduate School of Pharmaceutical Sciences*, [2]*SANKEN, The University of Osaka*, [3]*OTRI, The University of Osaka*, [4]*The Univeristy of Osaka Graduate School of Medicine*)

1GH 計算生物学: 分子シミュレーション，モデリング

Computational biology: Molecular simulation, Modeling

座長：奥村 久士（自然科学研究機構），川口 一朋（金沢大学）

Session Chairs: Hisashi Okumura (ExCELLS), Kazutomo Kawaguchi (Kanazawa Univ.)

15:10〜18:10

H 会場（会議室 204）／Room H（Meeting Room 204）

1GH001 **分子動力学シミュレーションとアンブレラサンプリングによる神経疾患関連フィラミン A 変異の構造解析**

Molecular Dynamics and Umbrella Sampling Reveal Structural Changes in Filamin-A Mutants associated with Neurodegenerative disorders

○伊藤 翔太 [1], 辻河 高陽 [2], 佐橋 健太郎 [1], 川崎 猛史 [3,4], 榮 慶丈 [5], 勝野 雅央 [1]（[1] 名古屋大学大学院医学系研究科 総合医学専攻 脳神経病態制御学 神経内科学分野, [2] 名古屋大学 環境医学研究所 発生遺伝分野, [3] 大阪大学 D3 センター 大規模計算科学研究部門, [4] 大阪大学大学院理学研究科 物理学専攻, [5] 一般財団法人 高度情報科学技術研究機構）

Shota Ito[1], Koyo Tsujikawa[2], Kentaro Sahashi[1], Takeshi Kawasaki[3,4], Yoshitake Sakae[5], Masahisa Katsuno[1] ([1]*Department of Neurology, Nagoya University Graduate School of Medicine*, [2]*Department of Genetics, Research Institute of Environmental Medicine, Nagoya University*, [3]*D3 center, Osaka University*, [4]*Department of Physics, Osaka University*, [5]*Research Organization for Information Science and Technology*)

1GH002 **脂質漏洩下におけるナノディスク中の膜タンパク質の構造安定性**

Effect of Lipid Leakage on the Structural Stability of Membrane Proteins in Nanodiscs

○井上 紗良, 森 貴治（東理大院・理）

Sara Inoue, Takaharu Mori (*Tokyo University of Science*)

1GH003 **AlphaFold で予測された多状態の強化サンプリングに基づくタンパク質の自由エネルギー計算手法の開発**

Development of Free Energy Calculation Method Based on Enhanced Sampling of Various Protein Conformations Predicted by AlphaFold

○青木 斗真 [1], 重田 育照 [2], 原田 隆平 [2]（[1] 筑波大学 生命環境学群, [2] 筑波大学 計算科学研究センター）

Toma Aoki[1], Yasuteru Shigeta[2], Ryuhei Harada[2] ([1]*School of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba*, [2]*Center for Computational Sciences, University of Tsukuba*)

1GH004 In silico study of transmembrane allosteric effect of CBD on CB1 receptor activation

Vi Toan Lam, Duy Phuoc Tran, Akio Kitao (*Institute of Science Tokyo*)

1GH005 Differences in Conformational Dynamics of Glycans on FcγRIIIb Revealed by Molecular Simulation

Yue Zhang[1], Hirokazu Yagi[2,3], Koichi Kato[2,3], Takumi Yamaguchi[1,2,3] ([1]*Sch. Materials Sci., JAIST*, [2]*Grad. Sch. Pharm. Sci., Nagoya City Univ.*, [3]*ExCELLS, NINS*)

1GH006 **構造に基づく機構的理解：SAM を基質とする求核型・求電子型 PLP 酵素の比較**
Structure-Based Mechanistic Insights into Nucleophilic and Electrophilic PLP Enzymes Using SAM

○島田 和樹 [1], 淡川 孝義 [2], 寺田 透 [1]（[1] 東大・院農, [2] 理研・環境資源科学研究センター）

Kazuki Shimada[1], Takayoshi Awakawa[2], Tohru Terada[1] ([1]*Grad. Sch. of Agri. and Life Sci., Univ. of Tokyo*, [2]*CSRS, Riken*)

1GH007 Theoretical Study of Drug Resistance Caused by G13D and Q99L Secondary Mutations in KRAS G12C Against Sotorasib and Adagrasib

Riksa Meidy Karim, Kazutomo Kawaguchi, Hidemi Nagao (*Graduate School of Natural Science and Technology, Kanazawa University*)

1GH008 **細胞スケールの生命現象の解明に向けた新規粗視化分子動力学法の開発**
Innovating Coarse-grained Molecular Dynamics Simulation: beyond Temporal/Spatial Limits

○手代木 陽介, 寺田 透（東大・院農・応生工）

Yosuke Teshirogi, Tohru Terada (*Dept. of Biotechnol., Grad. Sch. of Agri. and Life Sci., Univ. of Tokyo*)

1GH009 **血流中の酸素の拡散のシミュレーション**
Simulation of oxygen diffusion in blood flow

○山本 哲也 [1,2], 野口 博司 [2], Dmitry Fedosov[3]（[1] 慶應大・院理工, [2] 東大物性研, [3]FZ Jülich）

Tetsuya Yamamoto[1,2], Hiroshi Noguchi[2], Dmitry Fedosov[3] ([1]*Grad. Sch. Sci. and Tech., Keio Univ.*, [2]*ISSP, Univ. Tokyo*, [3]*FZ Jülich*)

1GH010 De Novo ATPase **の触媒活性の合理的改善**
Rational Enhancement of De Novo ATPase Activity

○織田 拓也 [1], 小杉 貴洋 [2], 林 重彦 [1]（[1] 京都大学大学院理学研究科, [2] 分子科学研究所 協奏分子システム研究センター）

Takuya Orita[1], Takahiro Kosugi[2], Shigehiko Hayashi[1] ([1]*Graduate School of Science, Kyoto University*, [2]*Research Center of Integrative Molecular Systems, Institute for Molecular Science*)

1GH011 Mesoscale Modeling of Amyloid Formation in Heterogeneous Membraneless Organelles

Kento Fujita, Yusuke Takagi, Eiji Yamamoto (*Grad. Sci., Univ. Keio*)

1GH012 **メロテルペノイドの生合成経路におけるプレニル基転移酵素 Fur7 の触媒機構の計算的研究**
Computational Study on the Catalytic Mechanism of Prenyltransferase Fur7 in the Biosynthetic Pathway of Meroterpenoids

○大村 拓登 [1], 趙 凡 [1], 森脇 由隆 [2], 野口 智弘 [1], 白石 太郎 [1], 葛山 智久 [1], 寺田 透 [1]（[1] 東大・院農生工, [2] 科学大・難治疾患研）

Takuto Ohmura[1], Fan Zhao[1], Yoshitaka Moriwaki[2], Tomohiro Noguchi[1], Taro Shiraishi[1], Tomohisa Kuzuyama[1], Tohru Terada[1] ([1]*Dept. of Biotechnol., Grad. Sch. of Agri and Life Science., The Univ. of Tokyo.*, [2]*Med. Res. Lab., Inst. Integr. Res., Science Tokyo,*)

1GI 光生物学：光受容，光合成，生態/環境
Photobiology: Photoreception, Photosynthesis, Ecology & Environment

座長：栗栖 源嗣（大阪大学），三野 広幸（名古屋大学）
Session Chairs: Genji Kurisu (Osaka Univ.), Hiroyuki Mino (Nagoya Univ.)

15:10〜18:10
I 会場（会議室 205）／Room I（Meeting Room 205）

1GI001 **紫外光吸収型色覚視物質の構造的洞察**

Structural insights into UV sensitivity of mouse SWS1 opsin revealed by low-temperature FTIR spectroscopy

○水野 陽介[1], 新井 想空[1], 神取 秀樹[1,2], 片山 耕大[1,2]（[1] 名工大 院工, [2] 名工大 オプトバイオテクノロジー研究センター）

Yosuke Mizuno[1], Sora Arai[1], Hideki Kandori[1,2], Kota Katayama[1,2] ([1]*Grad. Sch. Eng., Nagoya inst. Tech.*, [2]*OptoBio Technology Research Center., Nagoya inst. Tech.*)

1GI002 **Chrimson に近縁な新奇チャネルロドプシン HulaChrimson の青色シフト吸収スペクトルとその起源**

HulaChrimson—a novel channelrhodopsin homologous to Chrimson with a distinctly blue-shifted absorption spectrum

Hiroto Takahashi[1], Shunki Takaramoto[1], Takashi Nagata[1], Shai Fainsod[2], Yoshitaka Kato[1], Andrey Rozenberg[2], Oded Béjà[2,3], Keiichi Inoue[1] ([1]*The Institute for Solid State Physics, The University of Tokyo.*, [2]*Faculty of Biology, Technion — Israel Institute of Technology.*, [3]*The Nancy and Stephen Grand Technion Energy Program (GTEP), Technion—Israel Institute of Technology.*)

1GI003 **キラル分光を用いた先祖型 Photoactive Yellow Protein 活性部位の構造解析**

Structural analysis of the active site of ancestral photoactive yellow protein using chiral spectroscopy

○尾中 良充[1], Dohmen Rosalie[2], 藤澤 知績[1], Hoff Wouter D.[2], 海野 雅司[1]（[1] 佐賀大・院理工学, [2] オクラホマ州立大）

Yoshimitsu Onaka[1], Rosalie Dohmen[2], Tomotsumi Fujisawa[1], Wouter D. Hoff[2], Masashi Unno[1] ([1]*Fuc. Sci. Eng., Saga Univ.*, [2]*Dep. Microbiol. Mol Gen., Oklahoma State Univ.*)

1GI004 **新規チャネルロドプシン ChR024 の長波長光吸収メカニズムおよびイオン透過機構の構造基盤**

Structural basis for the red-shifted absorption and the channel conducting mechanism of the novel channelrhodopsin ChR024

○竹野 有香[1], 渡部 誠也[2], 岸 孝一郎[2], 但馬 聖也[3], 福田 昌弘[3], 辻村 真樹[4], 寶本 俊輝[5], 伊藤 侑真[6], 山下 陽[6], 杉浦 雅大[6], 金 穂香[3], 片山 耕大[6], 古谷 祐詞[6], 神取 秀樹[6], 石北 央[3,4], 井上 圭一[5], 加藤 英明[1,2,3]（[1] 東大・院理, [2] 東大・院総文, [3] 東大・先端研, [4] 東大・院工, [5] 東大・物性研, [6] 名工大・院工）

Yuka E. Takeno[1], Masaya Watanabe[2], Koichiro E. Kishi[2], Seiya Tajima[3], Masahiro Fukuda[3], Masaki Tsujimura[4], Shunki Takaramoto[5], Yuma Ito[6], Yo Yamashita[6], Masahiro Sugiura[6], Suhyang Kim[3], Kota Katayama[6], Yuji Furutani[6], Hideki Kandori[6], Hiroshi Ishikita[3,4], Keiichi Inoue[5], Hideaki E. Kato[1,2,3] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo*, [2]*Grad. Sch. Arts and Sci., Univ. Tokyo*, [3]*RCAST, Univ. Tokyo*, [4]*Grad. Sch. Eng., Univ. Tokyo*, [5]*ISSP, Univ. Tokyo*, [6]*Grad. Sch. Eng., Nagoya Inst. Tech.*)

1GI005 **L/M 錐体視物質の三次元構造から導く波長制御機構**

Unveiling the spectral tuning mechanism through three-dimensional structures of red and green cone pigments

Sayaka Ohashi[1], Kota Katayama[1,2], Asato Kojima[3], Masahiro Fukuda[4], Xuchun Yang[5], Ryoji Suno[6], Yukihiko Sugita[7], Nipawan Nuemket[8,9], Hiroo Imai[10], So Iwata[9,11], Eriko Nango[9,12], Takuya Kobayashi[6], Takeshi Noda[7], Massimo Olivucci[5,13], Hideaki Kato[3,4], Hideki Kandori[1,2] ([1]*Life Science and Applied Chemistry, Nagoya Institute of Technology*, [2]*OptoBioTechnology Research Center*, [3]*The Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo*, [4]*Research Center for Advanced Science and Technology, The University of Tokyo*, [5]*University of Siena*, [6]*Kansai Medical University*, [7]*Institute for Life and Medical Sciences, Kyoto University*, [8]*Japan Synchrotron Radiation Research Institute*, [9]*RIKEN Spring-8 Center*, [10]*Center for the Evolutionary Origins of Human Behavior, Kyoto University*, [11]*The Graduate School of Medicine, Kyoto University*, [12]*Institute of Multidisciplinary Research for Advanced Materials, Tohoku University*, [13]*Bowling Green State University*)

1GI006 **ヘリオロドプシンの光反応ダイナミクスを決める SNap bond の赤外分光法による水素結合解析**
Direct detection of a crucial Hydrogen Bond in Heliorhodopsin, SNap bond, using Low-Temperature IR Spectroscopy
○中村 敏規 [1], Singh Manish[1], 神取 秀樹 [1,2], 古谷 祐詞 [1,2] ([1] 名古屋工業大学大学院工学研究科生命応用化学専攻, [2] 名古屋工業大学オプトバイオテクノロジー研究センター)
Toshiki Nakamura[1], Manish Singh[1], Hideki Kandori[1,2], Yuji Furutani[1,2] ([1]*Department of Life Science and Applied Chemistry, Nagoya Institute of Technology, Nagoya, Japan*, [2]*OptoBioTechnology Research Center, Nagoya Institute of Technology, Nagoya, Japan*)

1GI007 **クラゲロドプシンにおける特異な構造変化が示す Gs タンパク質活性化の作用メカニズム**
Distinct structural transition in jellyfish rhodopsin reveals the mechanistic basis for Gs protein activation
○犬飼 紫乃 [1], 小柳 光正 [2], 永田 崇 [3], 井上 圭一 [3], 寺北 明久 [2], 神取 秀樹 [1,4], 片山 耕大 [1,4] ([1] 名工大・院工, [2] 大阪公大・院理, [3] 東大・物性研, [4] 名工大・オプトバイオテクノロジー研究センター)
Shino Inukai[1], Mitsumasa Koyanagi[2], Takashi Nagata[3], Keiichi Inoue[3], Akihisa Terakita[2], Hideki Kandori[1,4], Kota Katayama[1,4] ([1]*Grad. Sch. Eng., Nagoya Inst. Tech.*, [2]*Grad. Sch. Sci., Osaka Met. Univ.*, [3]*ISSP, The Univ. Tokyo.*, [4]*OptoBioTechnology Research Center, Nagoya Inst. Tech.*)

1GI008 **多周波 EPR による光化学系 II マンガンクラスター S_2 $g \sim 5$ 状態の構造と機能の解析**
Role of S_2 $g \sim 5$ state in photosystem II manganese cluster revealed by multifrequency EPR
○小﨑 慎也 [1], 中島 芳樹 [2], 沈 建仁 [2], 三野 広幸 [1] ([1] 名大・院理, [2] 岡山大・異分野基礎研)
Shinya Kosaki[1], Yoshiki Nakajima[2], Jian-Ren Shen[2], Hiroyuki Mino[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Nagoya Univ.*, [2]*Res. Inst. Interdiscip. Sci., Okayama Univ.*)

1GI009 **外向きプロトンポンプロドプシンにおける弱有機酸結合の研究**
Study of weak organic acid binding on outward proton-pumping rhodopsin
○呂 子琨 [1], 宝本 俊輝 [2], 井上 圭一 [1,2] ([1] 東京大学 大学院新領域創成科学研究科 物質系専攻, [2] 東京大学 物性研究所)
Zikun Lyu[1], Shunki Takaramoto[2], Keiichi Inoue[1,2] ([1]*The Department of Advanced Materials Science, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo*, [2]*The Institute for Solid State Physics, University of Tokyo*)

1GI010 **内向きプロトンポンプロドプシン *Ns*XeR の新しいプロトン移動メカニズム**
A new proton transfer mechanism for inward proton pump rhodopsin *Ns*XeR
○伊藤 侑真 [1], 錦野 達郎 [1,2], 神取 秀樹 [1,2], 古谷 祐詞 [1,2] ([1] 名工大・院工, [2] 名工大・オプトバイオ)
Yuma Ito[1], Tatsuro Nishikino[1,2], Hideki Kandori[1,2], Yuji Furutani[1,2] ([1]*Department of Life Science and Applied Chemistry, Nagoya institute of technology*, [2]*OptoBioTechnology Research Center, Nagoya institute of technolocy*)

1GI011 **摂食による細菌のけいれん運動の制御**
Controlling Bacterial Twitching Motility by Feeding
Shufeng Zhao[1], Corrado Salvatore[2], Nozomu Obana[3], Andrew Utada[4] ([1]*Graduate School of Science and technology, University of Tsukuba, Japan*, [2]*Department of Computer Engineering, Modelling, Electronics and Systems Engineering, University of Calabria, Italy*, [3]*Institute of Medicine, University of Tsukuba, Japan*, [4]*Institute of Life and Environment Science, Microbial research Center for Sustainability, and Tsukuba Institute for Advanced Research, University of Tsukuba, Japan*)

1GI012 **油水界面における生物膜の剪断駆動型不安定性**
Shear-driven instability in biofilms at oil–water interfaces
Hongtao Zhang[1], Shufeng Zhao[1], Andrew Utada[2,3,4] ([1]*Graduate School of Life and Earth Sciences, Univ. Tsukuba*, [2]*Institute of Life and Environment Science, Univ. Tsukuba*, [3]*Microbial research Center for Sustainability, Univ. Tsukuba*, [4]*Tsukuba Institute for Advanced Research, Univ. Tsukuba*)

1GJ　合成生物学・人工細胞，計測，その他
Synthetic biology & Artificial cells, Measurements, Miscellaneous topics

座長：日比野 佳代（大阪大学），内橋 貴之（名古屋大学）
Session Chairs: Kayo Hibino (Osaka Univ.), Takayuki Uchihashi (Nagoya Univ.)

15:10〜18:10
J 会場（会議室 206）／Room J（Meeting Room 206）

1GJ001　tRNA array 法による 21 種類の tRNA の in vitro 同時発現
Simultaneous in vitro expression of minimal 21 transfer RNAs by tRNA array method
○宮地 亮多 [1], 益田 恵子 [2], 清水 義宏 [2], 市橋 伯一 [1,3,4]（[1] 東京大院　総合文化研究科　広域科学専攻, [2] 理研 BDR, [3] 東京大　先進科学研究機構, [4] 東京大　生物普遍性研究機構）
Ryota Miyachi[1], Keiko Masuda[2], Yoshihiro Shimizu[2], Norikazu Ichihashi[1,3,4] ([1]*Grad. Sch. Arts Sci., Univ. Tokyo*, [2]*Riken BDR*, [3]*Komaba Institute for Sci., Univ. Tokyo*, [4]*Research Center for Complex System Biology, Universal Biology Institute Univ. Tokyo*)

1GJ002　Versatile control of a minimal synthetic bacterium JCVI-syn3B for morphology and fusion
Muhammad Algiffari[1], Hana Kiyama[1], Yoshiki Tanaka[2], Makoto Miyata[1,3] ([1]*Grad. Sch. Sci., Osaka Metropolitan Univ.*, [2]*Dept. Phys., Gakushuin Univ.*, [3]*OCARINA, Osaka Metropolitan Univ.*)

1GJ003　脂質小胞への改変型 β バレルナノポアの再構成手法と分子輸送の検討
Reconstitution method and molecular transport of modified β-barrel nanopore into lipid vesicles
○登坂 俊行, 神谷 厚輝（群大・院理工）
Toshiyuki Tosaka, Koki Kamiya (*Grad. Sch. Sci. & Tech., Gunma Univ.*)

1GJ004　人工 DNA 皮質構造による GUV 膜における分子分布制御に向けて
Toward regulation of molecular distribution in giant unilamellar vesicles based on artificial DNA cortex
○吉永 琢朗, 佐藤 佑介（九州工業大学 大学院 情報工学府）
Takuro Yoshinaga, Yusuke Sato (*Graduate School of Computer Science and Systems Engineering, Kyushu Institute of Technology.*)

1GJ005　Design of bioluminescent biosensors via enzymatic kinetic contrast: Demonstration with a Cu^{2+} Sensor
Ti Wu[1,2], Hossain Md Nadim[1], Mitsuru Hattori[1], Takeharu Nagai[1,2] ([1]*SANKEN, The University of Osaka*, [2]*The Graduate School of Pharmaceutical Sciences, The University of Osaka*)

1GJ006　蛍光ナノダイヤモンドを用いた細胞内温度と粒子拡散の同時計測による細胞内環境の解析
Analysis of the intracellular environment by simultaneous measurement of temperature and particle diffusion using fluorescent nanodiamonds
○加藤 祐基 [1], 藤田 恵介 [2], 外間 進悟 [3], 原田 慶恵 [2,4]（[1] 阪大理・生物, [2] 阪大 WPI-PRIMe, [3] 京都工繊 分子化学, [4] 阪大 QIQB）
Yuki S. Kato[1], Keisuke Fujita[2], Shingo Sotoma[3], Yoshie Harada[2,4] ([1]*Sch. Sci., Univ. Osaka*, [2]*WPI-PRIMe, Univ. Osaka*, [3]*Fac. Mol. Chem. Eng., Kyoto Inst. Tech.*, [4]*QIQB, Univ. Osaka*)

1GJ007　液液相分離に基づいた新規マイクロリアクタの開発によるデジタル核酸検出の簡便化の実現
New Microreactors from Aqueous Two-Phase Emulsion for the Simplification of Digital Nucleic Acid Detection
○張 畢澄 [1], 友原 貫志 [2], 皆川 慶嘉 [1], 野地 博行 [1,3]（[1] 東京大学大学院工学研究科応用化学専攻, [2]Laboratoire Guilliver, UMR7083 CNRS/ESPCI Paris, [3] 東京大学プラネタリーヘルス研究機構）
Bicheng Zhang[1], Kanji Tomohara[2], Yoshihiro Minigawa[1], Hiroyuki Noji[1,3] ([1]*Graduate School of Engineering, The University of Tokyo, Tokyo, Japan*, [2]*Laboratoire Guilliver, UMR7083 CNRS/ESPCI Paris*, [3]*Research Institute of Planetary Health (RIPH), The University of Tokyo*)

1GJ008 **ハイスループットイメージングによる適応酵素 CheB 細胞内動態の解析**
Quantification of CheB's behavior in a single cell by high throughput imaging
○黒木 陽一, 内田 裕美子, 石島 秋彦, 福岡 創（阪大・院生命機能研究）
Yoichi Kuroki, Yumiko Uchida, Akihiko Ishijima, Hajime Fukuoka (*Grad. Sch. Front, Biosci., Univ. Osaka*)

1GJ009 **原子間力顕微鏡を用いたアフリカツメガエル初期胚の単一細胞力学マッピング測定**
Mapping Single-Cell Mechanics in Xenopus laevis Embryos during Early Development Using Atomic Force Microscopy
○山本 実季 [1], 小谷 崇博 [1], 山元 孝佳 [2], 道上 達男 [3], 岡嶋 孝治 [1]（[1] 北海道大学・大学院情報科学院 / 研究院, [2] 東京学芸大学・教育学部, [3] 東京大学・大学院総合文化研究科）
Miki Yamamoto[1], Takahiro Kotani[1], Takayoshi Yamamoto[2], Tatsuo Michiue[3], Takaharu Okajima[1] ([1]*Graduate School / Faculty of Information Science and Technology, Hokkaido University*, [2]*Graduate School / Faculty of Education, Tokyo Gakugei University*, [3]*Graduate School / Faculty of Arts and Sciences, The University of Tokyo*)

1GJ010 **生体内 3D 温度計測技術の開発と応用**
In vivo 3D thermometry by light-field fluorescent nanodiamond microscopy and deep learning
○中根 有梨奈 [1], 前岡 遥花 [1], 高橋 真奈美 [2], 神長 輝一 [2], 田桑 弘之 [2], 臼杵 深 [3], 五十嵐 龍治 [2], 杉 拓磨 [1]（[1] 広島大学大学院統合生命科学研究科, [2] 量子科学技術研究開発機構, [3] 静岡大学電子工学研究所）
Yurina Nakane[1], Haruka Maeoka[1], Manami Takahashi[2], Kiich Kaminaga[2], Hiroyuki Takuwa[2], Shin Usuki[3], Ryuji Igarashi[2], Takuma Sugi[1] ([1]*Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University*, [2]*National Institutes for Quantum and Radiological Science and Technology*, [3]*Research Institute of Electronics, Shizuoka University*)

1GJ011 Developing a label-free and non-destructive method to resolve single cell transition paths
Tobias Frick[1,2], Katsuyuki Shiroguchi[1] ([1]*RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research (BDR)*, [2]*Osaka University*)

1GJ012 **透過型電子顕微鏡によるヒドラとグリーンヒドラの組織構造比較研究**
Transmission Electron Microscopy Comparative Study of Histological Structure of Hydra and Green Hydra
○梁瀬 智輝（九工大・情報工）
Tomoki Yanase (*Information Engineering, Univ. Kyusyu kougyou*)

1 日目（9 月 24 日（水））／Day 1（Sep. 24 Wed.）

1EA 核酸：結合タンパク質，ナノテクノロジー
Nucleic acid: binding protein, nanotechnology

座長：西尾 天志（産総研・モレキュラーバイオシステム），Archer Richard James（東京科学大）
Session Chairs: Takashi Nishio (MolBis, AIST), Richard James Archer (Inst. Sci. Tokyo)

18:50〜20:30
A 会場（会議室 101+102）／Room A（Meeting Room 101+102）

1EA001 **細胞サイズ液滴内における DNA 高次構造変化と局在・液滴物性の相関**
Higher-order structure of DNA confined in cell-size droplets modulates its localization and droplet material properties
○西尾 天志（産総研・モレキュラーバイオシステム）
Takashi Nishio (*MolBis, AIST*)

1EA002 Nuclease-induced stepwise photodropping (NISP) to investigate single-stranded DNA degradation behaviors of exonucleases and endonucleases
Hsiufang Fan (*National Sun Yat-sen University, Kaohsiung, Taiwan*)

1EA003 Modulation of RNA transcription through DNA condensates reactions' encapsulation as a model for Chromatin micro rheology studies
Nathan Evangelista[1], Takahiko Chimura[2], Masahiro Takinoue[1,2,3] ([1]*Dept. of Life Sci. and Tech., Inst. of Science Tokyo*, [2]*Dept. of Comp. Sci., Inst. of Science Tokyo*, [3]*Research Center for Autonomous Systems Materialogy (ASMat), Inst. of Integrated Research (IIR), Inst. of Science Tokyo*)

1EA004 Dynamic assembly of complex hierarchical DNA polymer networks by biomolecular active agents
Farhana Afroze[1], **Richard James Archer[2,6]**, Mahammad Mustakim[3], Rakesh Das[4], Arif Md. Rashedul Kabir[1], Yuuto Miura[1], Rubaya Rashid[5], Tetsuya Hiraiwa[3], Shin-ichiro M. Nomura[2], Shogo Hamada[6,7], Akira Kakugo[1,5] ([1]*Department of Chemistry, Hokkaido University, Sapporo, Japan.*, [2]*Department of Robotics, Tohoku University, Sendai, Japan.*, [3]*Institute of Physics, Academia Sinica, Taipei, Taiwan*, [4]*Max Planck, Institute for the Physics of Complex Systems, Dresden, Germany.*, [5]*Department of Physics and Astronomy, Kyoto University, Kyoto, Japan.*, [6]*Department of Computer Science, Institute of Science Tokyo, Yokohama, Japan.*, [7]*Biomolecular Design Institute, CBI Research Institute, Tokyo, Japan.*)

1EB バイオイメージング，計測
Bioimaging, Measurement

座長：山崎 健（金沢大・ナノ生命科学研究所），楊 倬皓（東大・先端研）
Session Chairs: Takeru Yamazaki (WPI Nano Life Science Institute (WPI-NanoLSI), Kanazawa Univ.), Zhuohao Yang (RCAST, Univ. Tokyo)

18:50〜20:30
B 会場（会議室 103+104）／Room B（Meeting Room 103+104）

1EB001 FLIM による温度測定のために粘度応答を抑制した赤色蛍光温度計
Red Fluorescent Thermometer with Suppressed Viscosity Response for FLIM-based Thermometry
○山崎 健[1], 山澤 徳志子[2], 平田 修造[3], 新井 敏[1]（[1] 金沢大・ナノ生命科学研究所, [2] 東京慈恵医大・基盤研究施設, [3] 東京電通大・院情報理工）
Takeru Yamazaki[1], Toshiko Yamazawa[2], Syuzo Hirata[3], Satoshi Arai[1] ([1]*WPI Nano Life Science Institute (WPI-NanoLSI), Kanazawa Univ.*, [2]*Core Research Facilities, The Jikei Univ. Sch. of Med.*, [3]*Dept. of Eng. Sci., Univ. of Electro-Commun.*)

1EB002 The maturation state of dengue virus particles affects their structural dynamics and nanomechanical properties
Steven John McArthur, Kenichi Umeda, Noriyuki Kodera (*Nano Life Science Inst., Kanazawa Univ.*)

1EB003 Comprehensive profiling of single-cell proteome based on 3D single-molecule imaging
Latiefa Kamarulzaman[1,2], Sooyeon Kim[1], Takuya Hidaka[4], Yuichi Taniguchi[1,2,3] ([1]*Institute for Integrated Cell-Material Sciences (iCeMS), Kyoto University*, [2]*Graduate School of Frontier Biosciences, The University of Osaka*, [3]*Graduate School of Biostudies, Kyoto University*, [4]*Institute of Molecular Biotechnology of the Austrian Academy of Sciences (IMBA), Vienna BioCenter (VBC)*)

1EB004 Single aptamer-modified DNA origami nanopore for specific chemical detection
Hiromu Akai, Kan Shoji (*Nagaoka University of Technology*)

1EB005 Pixel-Wise Deconvolution of Antibody Binding Kinetics Enables Visualization of Instantaneous Secretion Dynamics
Zhuohao Yang[1], Takashi Kamatani[2], Mai Yamagishi[3], Nobutake Suzuki[1], Yuto Kurisu[4], Takashi Funatsu[1,5], Yasuyuki Ozeki[1], Yoshitaka Shirasaki[1] ([1]*RCAST, Univ. Tokyo*, [2]*Inst. Integrated Res., Inst. Sci. Tokyo*, [3]*Live Cell Diagnosis, Ltd.*, [4]*Grad. Sch. Pharm. Sci., Univ. Tokyo*, [5]*Grad. Sch. Integrated Sci. for Life, Hiroshima Univ.*)

1EC 細胞生物学的課題，分子モーター，非平衡
Cell biology, Molecular motor, Nonequilibrium

座長：藤瀬 賢志郎（金沢大・医薬保健研究域・医），新谷 正嶺（中部大学 生命健康科学部 生命医科学科）
Session Chairs: Kenshiro Fujise (Dept. FSIR, Faculty of Medicine, Kanazawa Univ.), Seine A. Shintani (Department of Biomedical Sciences, College of Life and Health Sciences, Chubu University)

18:50〜20:30
C 会場（会議室 105+106）／Room C（Meeting Room 105+106）

1EC001 細胞内再構成アプローチによるドーパミンシナプス小胞の形成機構の解析
Distinct synaptic vesicle populations in dopaminergic neurons: insights into organization and sorting by *in cellulo* reconstitution assay
○藤瀬 賢志郎[1], ニーシャ モハド ラフィク[2], ピエトロ デカミリ[3], 齋藤 敦[1]（[1] 金沢大・医薬保健研究域・医, [2] テュービンゲン大・学際的生化学, [3] イエール大・医・神経科学）
Kenshiro Fujise[1], Nisha Mohd Rafiq[2], Pietro De Camilli[3], Atsushi Saito[1] ([1]*Dept. FSIR, Faculty of Medicine, Kanazawa Univ.*, [2]*IFIB, Univ Tübingen, Germany*, [3]*Dept Neurosci, YSM, Yale Univ, USA*)

1EC002 「遅い」キネシンから「速い」キネシンへのギアチェンジにより実現される高速・高効率な軸索輸送メカニズム
Gear change to go through: Cooperation of two different kinesins enables fast and efficient axonal transport
○岩﨑 奏子[1,2], 岩城 光宏[2,3], 岡田 康志[1,2]（[1] 東京大・院医学, [2] 理研　生命機能科学研究センター, [3] 情報通信研究機構）
Kanako Iwasaki[1,2], Mitsuhiro Iwaki[2,3], Yasushi Okada[1,2] ([1]*Grad. Sch. Med., Univ. Tokyo*, [2]*BDR, Riken*, [3]*NICT*)

1EC003 **がん細胞の増殖と免疫逃避を担う，液状ナノ信号プラットフォームの発見**
Nano-liquid signaling platform responsible for both cancer cell growth and immune evasion
Taka-aki Tsunoyama[1], Christian Hoffmann[2], Daiki Sasaki[1], Bo Tang[1], Koichiro M Hirosawa[3], Yuri L Nemoto[4], Rinshi S Kasai[5], Takahiro K Fujiwara[6], Kenichi GN Suzuki[3,5,6], Reinhard Fässler[7], Hiroki Ishikawa[1], Dragomir Milovanovic[2], Akihiro Kusumi[1,6] ([1]*OIST*, [2]*DZNE*, [3]*iGCORE, Gifu Univ.*, [4]*Biosig. Res. Cent., Kobe Univ.*, [5]*Div. Adv. Bioimag., Natl. Cancer Cent. Res. Inst.*, [6]*WPI-iCeMS, Kyoto Univ.*, [7]*Max Planck Inst. Biochem.*)

1EC004 **拍動心筋サルコメアに潜む秩序とカオスの動的恒常性**
Localized Chaos within Periodic Beating of Cardiomyocyte Sarcomeres: Evidence for Chaordic Homeodynamics
○新谷 正嶺 [1,2,3] ([1] 中部大学 生命健康科学部 生命医科学科, [2] 中部大学 AI 数理データサイエンスセンター, [3] 名古屋大学 高等研究院)
Seine A. Shintani[1,2,3] ([1]*Department of Biomedical Sciences, College of Life and Health Sciences, Chubu University*, [2]*Center for Mathematical Science and Artificial Intelligence, Chubu University*, [3]*Institute for Advanced Research, Nagoya University*)

1ED 生体膜，合成生物学，理論生物学
Biological membrane, Synthetic biology, Theoretical biology

座長：栗栖 実（東北大・院理物理），木幡 愛（科学大・生命理工）
Session Chairs: Minoru Kurisu (Dept. Physics, Grad. Sch. Sci., Tohoku Univ.), Ai Kohata (Sch. Life Science and Technology, Science Tokyo)

18:50〜20:30
D 会場（会議室 107+108）／Room D（Meeting Room 107+108）

1ED001 **浸透圧を利用して出芽型分裂するベシクル系の開発**
Osmotic spawning vesicle
○栗栖 実, 今井 正幸（東北大・院理物理）
Minoru Kurisu, Masayuki Imai (*Dept. Physics, Grad. Sch. Sci., Tohoku Univ.*)

1ED002 PDA-Based Microfluidic Sensor for pathogenic bacteria Detection
Bratati Das, Kaori Sugihara (*Institute of Industrial Science, The university of Tokyo*)

1ED003 **グラフによる生態系の定常分布と応答の表現**
Diagrammatic expressions for steady-state distribution and static responses in population dynamics
○片山 康矢, 永山 龍那, 伊藤 創祐（東大理）
Koya Katayama, Ryuna Nagayama, Sosuke Ito (*Dept. of Phys., U Tokyo*)

1ED004 **界面活性剤の自己集合化による水面に浮かぶ油滴の自律的な振動**
Spontaneous oscillation of oil droplets on water surface by self-assembly of surfactants
○木幡 愛 [1], 山田 雄平 [2], 前田 真吾 [2,3], 金原 数 [1,2]（[1] 科学大・生命理工, [2] 科学大・総合・自律システム材料学研究センター, [3] 科学大・工）
Ai Kohata[1], Yuhei Yamada[2], Shingo Maeda[2,3], Kazushi Kinbara[1,2] ([1]*Sch. Life Science and Technology, Science Tokyo*, [2]*ASMat, IIR, Science Tokyo*, [3]*Sch. Mechanical Engineering, Science Tokyo*)

1EE　計算生物学: 分子シミュレーション，モデリング
Computational biology: Molecular simulation and modeling

座長：ジェラン ムハマド　ディルガンタラ（医薬基盤・健康・栄養研究所　AI 健康・医薬研究センター），
Fan Shujie（Institute of Organic Chemistry and Biochemistry, Czech Academy of Sciences）

Session Chairs: Jelang Muhammad Dirgantara (Laboratory of In SIlico Design, Artificial Intelligence Center for Health and Biomedical Research, National Institutes of Biomedical Innovation, Health and Nutrition, Osaka, Japan),
Shujie Fan (Institute of Organic Chemistry and Biochemistry, Czech Academy of Sciences)

18:50〜20:30
E 会場（会議室 201）／Room E（Meeting Room 201）

1EE001　親和性を超えて：ペプチドの親和性と生物学的機能との関係性の解明
To Affinity and Beyond: Investigating the Relationship Between Peptide Affinity and Biological Functions

Jelang Muhammad Dirgantara[1], Takuto Nogimori[2], Kazuma Kiyotani[3], Takuya Yamamoto[2], Suyong Re[1] ([1]*Laboratory of In SIlico Design, Artificial Intelligence Center for Health and Biomedical Research, National Institutes of Biomedical Innovation, Health and Nutrition, Osaka, Japan*, [2]*Laboratory of Precision Immunology, Center for Intractable Diseases and ImmunoGenomics, National Institutes of Biomedical Innovation, Health and Nutrition, Osaka, Japan*, [3]*Laboratory of Immunogenomics, Center for Intractable Diseases and ImmunoGenomics, National Institute of Biomedical Innovation, Health and Nutrition, Osaka, Japan*)

1EE002　Bayesian Inference of the Transport Mechanism of the Zn^{2+}/H^{+} Antiporter YiiP from Microscale Thermophoresis and Simulations

Shujie Fan[1], David L. Stokes[3], Oliver Beckstein[2] ([1]*Institute of Organic Chemistry and Biochemistry, Czech Academy ofSciences*, [2]*Dept. of Physics, Arizona State University*, [3]*Dept. of Cell Biology, NYU School of Medicine*)

1EE003　An Integrative Computational Framework Using Sequence, Structural, and Functional Analyses to Predict Novel Pathogenic Troponin C Mutants

Pooja Pradipta Bandyopadhyay (*School of Computational and Integrative Sciences, Jawaharlal Nehru University, New Delhi- 110067*)

1EE004　演題取り下げ Withdrawn

1EE005　Learning Transcription Machinery from Minimal Model, Molecular Dynamics, Genome Profiling, and Directed Evolution

Carmen Masri[1], Biao Wan[2], Liqiang Dai[2], Chao E[3], **Jin Yu**[1] ([1]*Department of Physics and Astronomy, University of California-Irvine, USA*, [2]*Wenzhou Institute, UCAS, Wenzhou, Zhejiang, China*, [3]*Beijing Computational Science Research Center, Beijing, China*)

3 日目（9 月 26 日（金））／Day 3（Sep. 26 Fri.）

3HL

オーガナイザー：上久保 裕生（奈良先端科学技術大学院大学），安原 主馬（奈良先端科学技術大学院大学），末次 志郎（奈良先端科学技術大学院大学），作村 諭一（奈良先端科学技術大学院大学）
Organizers: Hironari Kamikubo (NAIST), Kazuma Yasuhara (NAIST), Shiro Suetsugu (NAIST), Yuichi Sakumura (NAIST)

09:00〜11:45
D 会場（会議室 107+108）／Room D（Meeting Room 107+108）

3HL0900 NARAKITA 放置竹林拡大問題解決プロジェクト〜竹コンポスト開発への道のり〜
NARAKITA Project to Address the Expansion Abandoned Bamboo Forests: The Road to Bamboo Compost Development
老本 蓮叶, 谷 明琉乃, 田口 主馬, ○仲村 慶大, 山本 優果, 河野 友乃助, 武内 菜穂子（奈良県立奈良北高等学校）
Rento Oimoto, Aruno Tani, Kazuma Taguchi, **Keita Nakamura**, Yuka Yamamoto, Yunosuke Kono, Nahoko Takeuchi (*Nara Prefectural Narakita Senior High School*)

3HL0915 チャコウラナメクジのカフェインに対する忌避反応を用いた作物への食害防除
Prevention of crop damage using *Ambigolimax valentianus*' repellent reaction to caffeine
○高原 佑真, 飯沼 快友, 塩見 岳（奈良県立奈良北高等学校）
Yuma Takahara, Kaito Iinuma, Gaku Shiomi (*Nara Prefectural Narakita Senior High School*)

3HL0930 奈良学園の里山における地下水と植生の関係
Investigation the relationship between the distribution of the groundwater and the ground vegetation at satoyama in Naragakuen High School
○手塚 陽琉, 安田 悠人, 硲 隆喜, 西田 有希（奈良学園高等学校）
Ataru Tezuka, Haruto Yasuda, Takayoshi Hazama, Yuki Nishida (*Naragakuen High School*)

3HL0945 深部静脈血栓症の発生因子の定量的評価
Quantitative Evaluation of Risk Factors for Deep Vein Thrombosis
○髙瀬 祐理菜（西大和学園高等学校）
Yurina Takase (*Nishiyamato Gakuen High School*)

3HL1000 プラナリアの再生における活性酸素の二面的機能の評価
Evaluation of the Dual Functions of Reactive Oxygen Species in Planarian Regeneration
○髙島 柚衣, 山田 壮真, 王 鋭瑾萱（西大和学園高等学校）
Yui Takashima, Soma Yamada, Ruikinshinn Ou (*Nishiyamato Gakuen High School*)

3HL1015 学校設備を用いた酵母菌（*Saccharomyces cerevisiae*）のコールドスリープ条件の検討
Investigation of conditions for the freeze tolerance of *Saccharomyces cerevisiae* using school facilities
○髙木 宏輔, 辻 翔成, 錦 一磨, 濱田 勝太, 阮 暁米（西大和学園高等学校）
Kosuke Takagi, Shosei Tsuji, Kazuma Nishiki, Shota Hamada, Xiaomi Ruan (*Nishiyamato Gakuen High School*)

3HL1030 葛乳酸菌と植物性ミルクでヨーグルトをつくる 〜完全なゲル化を達成する条件の検討〜
Make yogurt with kudzu lactobacillus and plant milk~Investigation of conditions to achieve complete gelation~
○奥田 桃加, 川崎 愛花里, 川本 紗弥（奈良県立青翔高等学校）
Momoka Okuda, Akari Kawasaki, Saya Kawamoto (*Nara Prefectural Seisho Senior High School*)

3HL1045 **ヤマトマナの高亜鉛化**

The increasing zinc content of Yamatomana and the number of days of zinc treatment

○島村 冴矢, 阪口 裕哉, 吉川 英里, 田邊 あゆ美（奈良県立青翔高等学校）

Saya Shimamura, Yuya Sakaguchi, Eri Yoshikawa, Ayumi Tanabe (*Nara Prefectural Seisho Senior High School*)

3HL1100 **アンモニア中のバクテリアの行動の観察**

Observation of Bacterial Behavior in Ammonia

○幸田 稜平, 本道 主樹, 濵田 理公, 中田 俊壱（石川県立小松高等学校）

Ryohei Kouta, Kazuki Hondou, Riku Hamada, Shunichi Nakada (*Komatsu high school*)

3HL1115 **タンパク質の主鎖原子の温度因子が高いとペプチド結合が歪みすぎてしまう？**

When the temperature factor of the main chain atoms in a protein molecule is high, does the peptide bond become more twisted?

○島田 明星 [1], 國井 真帆 [1], 茶竹 俊行 [2], 大原 高志 [3], 千葉 かおり [1]（[1] 茨城高専, [2] 京大 複合研, [3] 原科研 J-PARC センター）

Akari Shimada[1], Mahan Kunii[1], Toshiyuki Chatake[2], Takashi Ohhara[3], Kaori Chiba[1] ([1]*Indust. Eng. Natl. Inst. Tech, Ibaraki Coll. Japan*, [2]*KURNS, Kyoto Univ.*, [3]*J-PARC, JAEA*)

3HL1130 **β バレル型タンパク質の生合成におけるループの DGG 配列がもつ折り目効果**

ORIME effect of the DGG sequence on the loop in the biosynthesis of β-barrel proteins

○田上 大輝 [1], 大島 広夢 [1], 星野 大 [2], 鈴木 喜大 [3], 千葉 かおり [1]（[1] 茨城高専, [2] 京大・薬, [3] 農研機構）

Daiki Tagami[1], Hiromu Ohshima[1], Masaru Hoshino[2], Nobuhiro Suzuki[3], Kaori Chiba[1] ([1]*Indust. Eng. Natl. Inst. Tech, Ibaraki Coll.*, [2]*Pharm., Kyoto Univ.*, [3]*NARO*)

ポスター発表　Poster Presentations

1 日目（9 月 24 日（水））／Day 1（Sep. 24 Wed.） 13:00 〜 15:00

01A. タンパク質：構造／01A. Protein: Structure

1Pos001 Mutation Effect of Terpene Cyclase CotB2 Revealed by Ambient Temperature Crystallography
Atika Nur Rochmah[1], Takaaki Fujiwara[1], Tomohiko Kuzuyama[2], Eriko Nango[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ Tohoku*, [2]*Grad. Sch. Agr. Life. Sci., Univ. Tokyo*)

1Pos002 クライオ電子顕微鏡を用いたヒトパネキシン 3 チャネルの脂質ナノディスク中での構造解析
Cryo-EM structure of human Pannexin-3 in lipid nanodiscs
Shota Kawaguchi[1], Shota Suzuki[2], Koki Nishikawa[3], Yoshinori Fujiyoshi[2], Atsunori Oshima[1,4] ([1]*Grad. Sch. PharmSci., Nagoya Univ.*, [2]*CeSPL, Inst. Integrated Research, Inst. Science Tokyo*, [3]*Tokyo Univ. Agri. and Tech.*, [4]*CeSPI, Nagoya Univ.*)

1Pos003 生細胞内での近接ラベリング法で検出された RAF 複合体の分子構成
Molecular composition of RAF kinase complexes in living cells revealed by proximity labeling
Kenji Okamoto, Yasushi Sako (*RIKEN PRI*)

1Pos004 Structural rearrangement of DNMT3B driven by histone modifications stimulates its DNA methylation activity
Cho Chao-Cheng[1], Chu Woei-Chyn[2], **Hanna S. Yuan[1]** ([1]*Academia Sinica*, [2]*National Yang Ming Chiao Tung University*)

1Pos005 Structural insight into the mechanism of amyloid fibril formation by hen egg-white lysozyme
Haruka Kawabata[1], Yan Li[2,3], Haruka Umezawa[1], Yuxi Lin[2], Naito Ishimoto[1], Yunseok Heo[2], Jae-Hyun Park[1,4], Jeremy R.H. Tame[1], Young-Ho Lee[2,5,6,7,8], Sam-Yong Park[1] ([1]*Graduate School of Medical Life Science, Yokohama City University*, [2]*Biopharmaceutical Research Center, Korea Basic Science Institute (KBSI)*, [3]*Research Institute of Biomedical and Health Science, Konkuk University*, [4]*Department of Molecular Cell Biology, Sungkyunkwan University*, [5]*Bio-Analytical Science, University of Science and Technology (UST)*, [6]*Graduate School of Analytical Science and Technology, Chungnam National University*, [7]*Department of Systems Biotechnology, Chung-Ang University (CAU)*, [8]*Frontier Research Institute for Interdisciplinary Sciences (FRIS)*)

1Pos006 集光アンテナ複合体であるフィコビリソームの高分解能構造解析に向けた取り組み
Approaches to high-resolution structural analysis of the phycobilisome, a photosynthetic light-harvesting antenna complex
Yuya Fujita[1,2], Soichiro Seki[2], Akihiro Kawamoto[1,2], Yuu Hirose[3], Genji Kurisu[1,2] ([1]*The University of Osaka, Grad. Sch. Engineering, Japan*, [2]*The University of Osaka, Institute for Protein Research (IPR), Japan*, [3]*Toyohashi University of Technology, Grad. Sch. Engineering, Applied chemistry and Life science, Japan*)

1Pos007 Co-crystal structure of a human 8-oxoguanine DNA glycosylase with photocaged substrate toward time-resolved crystallography
Momoko Yumita[1], Tomoki Imura[1], Yuhei Hosokawa[2], Kai-Chun Yang[2], Hsuan-Yu Shih[2], Manuel Maestre-Reyna[2], Junpei Yamamoto[1] ([1]*Graduate School of Engineering Science, Osaka University Department of Chemistry*, [2]*National Taiwan University*)

1Pos008 Structural basis for the mechanisms of complex assembly by the Influenza A virus nucleoprotein and importin
Haruka Umezawa (*Yokohama City Univ., Medical Life Science, Drug Design Lab.*)

1Pos009 巨大マルチドメインタンパク質の構造予測
Structure prediction of large multidomain proteins
Ryota Kobayashi[1], Suguru Fujita[1], Yoshitaka Moriwaki[2], Tohru Terada[1] ([1]*Grad. Sch. Agri. and Life Sci., Univ. Tokyo*, [2]*Med. Res. Lab., Inst. Integr. Res., Science Tokyo*)

1Pos010 Improved Resolution of *Enterococcus hirae* V-ATPase by cryo-EM: Structural Insights into the Full Complex
Yuan-E Lee[1], Raymond N. Burton-Smith[1,2], Akihiro Otomo[2,3], Kano Suzuki[4], Tsukasa Nakamura[5], Toshio Moriya[5], Takeshi Murata[4], Ryota Iino[2,3], Kazuyoshi Murata[1,2] ([1]*ExCELLS/NIPS, Okazaki*, [2]*SOKENDAI, Okazaki*, [3]*IMS, Okazaki*, [4]*Chiba University, Chiba*, [5]*KEK, Tsukuba*)

1Pos011 Crystal structure elucidation of *Rubricoccus marinus* halorhodopsin
Naithok Khachuk Debbarma[1], Takaaki Fujiwara[1,2], Eriko Nango[1,2] ([1]*Grad. Sch. Life Sci., Univ. Tohoku*, [2]*IMRAM .,Univ. Tohoku*)

01B. タンパク質：物性（安定性，折れたたみなど）／01B. Protein: Physical property

1Pos012 Kinetic Analysis of heparin-induced fibrillation of α-synuclein
Takashi Ohgita, Norihiro Namba, Nao Minami, Hiroyuki Saito (*Kyoto Pharm. Univ.*)

1Pos013 Rose Bengal を用いたタンパク質凝集プロセスの評価
Evaluation of Protein Aggregation Process Using Rose Bengal
Gen Takebe[1], Shigetoshi Okazaki[1], Heidi Ottevaere[2] ([1]*Hamamatsu Photonics K.K.*, [2]*Department of Applied Physics and Photonics, Vrije Universiteit Brussel*)

1Pos014 残基間距離と局所環境の相関によるアデニル酸キナーゼのアロステリックコミュニケーション経路の同定
Allosteric communication pathway within adenylate kinase elucidated by correlation between interresidue distances and local environments
Shinichi Kurino, Tomoki P. Terada (*Dept. Appl. Phys., Grad. Sch. Eng., Nagoya Univ.*)

1Pos015 VCD を用いたスパイクタンパク質フラグメントのアミロイド多形性および超分子キラリティの解析
Amyloid Polymorphism and Supramolecular Chirality in Spike Protein Fragment as Studied by Vibrational Circular Dichroism
Shunsaku Nagai[1], Hisako Sato[2], Izuru Kawamura[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Yokohama Natl Univ.*, [2]*Sch. Sci., Univ. Ehime*)

1Pos016 フッ素化アミノ酸を用いた膜貫通イオンチャネルの設計と特性評価
Design and characterization of transmembrane ion-channel peptide containing fluorinated amino acids
Keiya Saito[1], Daisuke Sato[2], Peng Zugui[3], Ai Niitsu[4], Ryuji Kawano[3], Izuru Kawamura[1] ([1]*Grad. Sch. Eng. Sci., Yokohama Natl. Univ.*, [2]*Inst. Sci. Eng., Ibaraki Univ.*, [3]*Inst. Eng., Tokyo Univ. of Agri. & Tech.*, [4]*Yokohama Inst., Riken*)

1Pos017 Gum Ghatti の乳化微粒子構造の解析
Structural Analysis of Emulsified Nanoparticles of Gum Ghatti
Kento Yonezawa[1,2], Sawa Fusamae[2], Yuya Iwao[2], Ryuki Iida[2], Shoma Igarashi[2], Naoya Sagawa[3], Keigo Kinoshita[3], Yoichi Yamazaki[2], Sachiko Toma[2], Hironari Kamikubo[1,2] ([1]*NAIST, CDG*, [2]*NAIST, M.S.*, [3]*San-Ei Gen F.F.I., inc.*)

1Pos018 エピガロカテキンガレートが LDL の物性に与える影響
Effect of the binding of epigallocatechin gallate to LDL on physical properties of LDLs
Seiji Takeda, Moeko Kitagawa, Naoya Ishihara, Takahisa Hiruma (*Faculty Parm. Sci. Hokkaido Univ. Sci.*)

1Pos019 シアノバクテリアの概日リズムを司る Kai 時計タンパク質の会合解離挙動
Association-dissociation behavior of Kai-clock proteins regulating cyanobacterial circadian rhythm
Ken Morishima, Ritsuki Sakamoto, Rintaro Inoue, Masaaki Sugiyama (*KURNS, Kyoto Univ.*)

01C. タンパク質：機能（反応機構，生物活性など）／01C. Protein: Function

1Pos020 Molecular Dynamics Study on the Taste-Recognition Mechanism of Human Taste Receptor Heterodimers
Yu Yamamori, Rikuri Morita, Yasuteru Shigeta, Ryuhei Harada (*center of computational science, University of Tsukuba*)

1Pos021 Structural and functional characterization of novel ice-binding protein isoforms discovered via genome and transcriptome analyses
Tatsuya Arai[1,2], Kaho Uchizawa[2], Kosuke Maeda[2], Sakae Tsuda[1], Tomoyasu Aizawa[1,2] ([1]*Faculty of Advanced Life Science, Hokkaido University*, [2]*School of Science, Hokkaido University*)

1Pos022 Effect of phospholipid composition on binding behavior of α-synuclein to lipid membranes
Norihiro Namba, Shiori Ariyoshi, Honori Shiroshita, Takashi Ohgita, Hiroyuki Saito (*Kyoto Pharm. Univ.*)

1Pos023 KaiC のリン酸化率に依存した KaiC-KaiA 結合強度の変化
Phosphorylation-Level-Dependent Changes in KaiC–KaiA Binding Strength
Arisa Nakao[1], Risako Aoyama[1], Yoichi Yamazaki[1], Shuji Akiyama[2,3], Kento Yonezawa[1,4], Hironari Kamikubo[1,4] ([1]*NAIST, MS*, [2]*CIMos, IMS, NINS*, [3]*SOKENDAI*, [4]*NAIST, CDG*)

1Pos024 Biochemical assay development for kinetic analysis of ATPase cycle of KaiC
Yasuhiro Onoue[1], Yoshihiko Furuike[1,2], Shuji Akiyama[1,2] ([1]*Institute for Molecular Science, NINS*, [2]*The Graduate University for Advanced Studies (SOKENDAI)*)

1Pos025 トリプシン様蛋白質分解酵素のプロペプチド領域による酵素活性阻害機構
Mechanism of Enzyme Activity Inhibition by the Propeptide Region of a Trypsin-Like Protease
Orika Ashida[1], Nana Sakata[1], Kairi Ogawa[1], Miki Matsuzaki[1], Mitsuhiro Miyazawa[2], Shigeru Shimamoto[1], Yuji Hidaka[1] ([1]*Grad. Sch. Sci. Eng., Univ. Kindai*, [2]*PrevenTec Inc.*)

1Pos026 メダカ由来プロスタグランジン結合蛋白質とリボフラビンの相互作用解析
Interaction analysis of medaka prostaglandin binding protein with riboflavin
Kazuki Mitani[1], Koichi Uegaki[2], Shigeru Shimamoto[1] ([1]*Faculty of Science and Engineering, Kindai University*, [2]*Faculty of Agriculture, Kindai University*)

1Pos027 リポカリン型プロスタグランジン D 合成酵素の系統解析
Phylogenetic and Functional Analysis of Lipocalin-type Prostaglandin D Synthase
Kodai Nakamoto, Chinatsu Noma, Kei Iida, Shigeru Shimamoto (*Faculty of Science and Engineering, Kindai University*)

01D. タンパク質：計測・解析の方法論／01D. Protein: Measurement & Analysis

1Pos028 マルチドメインタンパク質のダイナミクスを特徴づける粗視化アプローチ
A coarse-grained approach to characterizing the dynamics of multi-domain proteins
Chigusa Kobayashi[1], Yuji Sugita[1,2] ([1]*RIKEN R-CCS*, [2]*RIKEN PRI*)

1Pos029 リン酸結合タンパクを含む液滴チャンバーアレイにより高感度で検出する F_1-ATPase および PPase からの無機リン酸解離
Highly sensitive detection of phosphate released from F_1-ATPase and PPase using phosphate-binding protein in droplet chamber arrays
Waren Imaoka[1], Tomohiro Aoyama[1], Yoshihiro Minagawa[2], Hiroshi Ueno[2], Nobukiyo Tanaka[1], Hiroyuki Noji[2], Tomoko Masaike[1] ([1]*Dept. Appl. Biol. Sci., Tokyo Univ. Sci.*, [2]*Dept. Appl. Chem., Univ. Tokyo*)

1Pos030 細胞内タンパク質結晶生成過程とその可視化
The process of intracellular protein crystal formation and its visualization
Etsuko Tokunaga, Yasufumi Umena (*NUSR, Univ. Nagoya*)

1Pos031 MD シミュレーションとニューラルネットワークを組み合わせたタンパク質の高速 AFM 画像解析
Analysis of HS-AFM images of proteins combining MD simulation and Neural Network
Katsuki Sato[1], Yui Kanaoka[2], Tomoya Tsukazaki[3], Takayuki Uchihashi[2], Takaharu Mori[1] ([1]*Tokyo University of Science*, [2]*Nagoya University*, [3]*Nara Institute of Science and Technology*)

1Pos032 デキストラン結合酵素グルカンスクラーゼはデキストラン–ポリエチレングリコール混合系での液滴形成を誘導する
Dextran-Binding Enzyme Glucansucrase Induces Droplet Formation in Dextran– Polyethylene Glycol Mixtures
Mikage Iwakiri, Hideyuki Komatsu (*Department of Bioscience and Bioinformatics, Faculty of Systems Engineering and Computer Science,, Kyushu Institute of Technology*)

1Pos033 ロボット機構学に基づくタンパク質の内部運動特性予測のための計算フレームワークの開発
Development of a Computational Framework for Predicting the Internal Motion Properties of Proteins Based on Robot Kinematics
Keisuke Arikawa (*Fcl. Eng., Kanagawa Inst. of Tech.*)

01E. タンパク質：タンパク質工学／進化工学／01E. Protein: Engineering

1Pos034 多様なカーゴ分子を媒介とした非ウイルス性タンパク質カプシドの試験管内形成と形態制御
In vitro assembly of a nonviral protein capsid and its morphological control mediated by versatile cargos
Kenya Tajima[1], Yusuke Sakai[2,3], Naohiro Terasaka[1] ([1]*Earth-Life Science Institution, Institute of Future Science, Institute of Science Tokyo*, [2]*RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research*, [3]*Institute for Quantitative Biosciences, The University of Tokyo*)

1Pos035 Model screening of an epitope-tag peptide from a random library consisting of a reduced set of amino acids using PL display
Shingo Ueno, Fumi Toshioka, Takanori Ichiki (*iCONM, Kawasaki Inst. Industry. Promo.*)

1Pos036 分子進化によるウイルス模倣粒子の構造多様化と機能化
Functionalization and structural diversification of artificial nucleocapsids by laboratory evolution
Naohiro Terasaka (*Earth-Life Sci. Inst., Inst. Future Sci., Inst. Sci. Tokyo*)

1Pos037 細胞内タンパク質結晶エンジニアリングによる刺激応答固相転移
Engineering in-cell protein crystals for the stimuli-responsive solid-solid phase transitions
Kosuke Kikuchi[1], Misaki Nagama[1], Junko Tanaka[1], Haonan Kong[1], Satoshi Abe[2], Takafumi Ueno[1,3] ([1]*Sch. of Life Sci. and Tech., Science Tokyo*, [2]*Grad. Sch. of Life and Env. Sci., KPU*, [3]*IIR-ASMat, Science Tokyo*)

1Pos038 アクティブ・ラーニングによる ATP 合成酵素の阻害タンパク質 IF_1 の再設計
Redesign of the inhibitor protein IF_1 for ATP synthase via an active-learning framework
Ryohei Kobayashi[1,2], Constantin Guyot[2,3], Jun Ohnuki[2,3], Hiroyuki Noji[1,4], Kei-ichi Okazaki[2,3] ([1]*Dep. Appl. Chem., Grad. Sch. Eng., Univ. Tokyo*, [2]*Institute for Molecular Science*, [3]*SOKENDAI*, [4]*RIPH, Univ. Tokyo*)

01F. タンパク質：天然変性／01F. Protein: Intrinsic disorder

1Pos039 高速 AFM・生化学手法による E6AP/E6/p53 複合体の構造動態の統合的解析
Integrated analysis of structural dynamics of E6AP/E6/p53 complex by HS-AFM and biochemical methods
Soma Yamamoto[1,2], Holger Flechsig[3], Hiroki Konno[3] ([1]*Grad. Sch. of Nat. Sci. & Technol., Kanazawa Univ.*, [2]*WISE Program for Nano-Precision Medicine, Science, and Technology, Kanazawa Univ.*, [3]*WPI Nano Life Sci. Inst. (WPI-Nano LSI), Kanazawa Univ.*)

1Pos040 MAP7 は微小管結合を介して FUS の相分離を制御する：ALS 関連変異体との相互作用比較からの示唆
MAP7 Regulates FUS Condensate Formation via Microtubule Binding: Insights from ALS-Linked Mutant Interactome Analysis
Kyota Yasuda[1,5,7], Hyun-woo Rhee[4,7], Tomonobu Watanabe[1,2,3], Shin-ichi Tate[1,5,6,7] ([1]*Grad. Sch. Int. Sci. Life., Univ. Hiroshima*, [2]*Res. Int. Radiation. Bio. Med., Univ. Hiroshima*, [3]*BDR, RIKEN*, [4]*Chem., SNU*, [5]*RcMcD, Univ. Hiroshima*, [6]*MIMS, Univ. Meiji*, [7]*WPI-SKCM2*)

1Pos041 高速原子間力顕微鏡を用いたヒストンテール動態モニタリング
Histone tail dynamics monitoring using high-speed atomic force microscopy
Ryota Imada[1], Quynh Pham[2], Yusuke Miyanari[3], Shoko Sato[4], Hitoshi Kurumizaka[4], Mikihiro Shibata[3,5] ([1]*Grad. Sch. Math. & Phys., Kanazawa Univ.*, [2]*Grad. Sch. NanoLS., Kanazawa Univ.*, [3]*WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.*, [4]*Institute for Quantitative Biosciences, Tokyo Univ.*, [5]*InFiniti, Kanazawa Univ.*)

1Pos042 酵母プリオン Sup35 の液滴形成過程の高速 AFM 観察
High-speed AFM observation of the droplet formation process of yeast prion Sup35
Aya Ogino[1], Yumiko Ohhashi[2], Hideki Taguchi[2], Hiroki Konno[3] ([1]*Grad. Sch. of Nat. Sci. & Technol., Kanazawa Univ.*, [2]*Inst. of Integ. Res., Science Tokyo.*, [3]*WPI Nano Life Sci. Inst. (WPI-Nano LSI), Kanazawa Univ.*)

02. ヘムタンパク質／02. Heme proteins

1Pos043 単結晶およびシリカゲル中機能解析でヘモグロビンのアロステリック平衡を読み解く
Deciphering hemoglobin allosteric equilibria through functional analysis in single crystals and silica gels
Naoya Shibayama (*Div. Biophys., Jichi Med. Univ.*)

1Pos044 ウシ心筋シトクロム酸化酵素の核 DNA 由来サブユニットにより形成される疎水性チャネルの構造解析
Structural analysis of a hydrophobic channel formed by nuclear DNA-coded subunit of bovine heart cytochrome *c* oxidase
Kazumasa Muramoto, Kyoko Shinzawa-Itoh (*Grad. Sch. Sci., Univ. Hyogo*)

03. 膜タンパク質／03. Membrane proteins

1Pos045 海洋性ビブリオ菌におけるプロトン駆動べん毛モーターのストマチン様タンパク質 FliL と MotAB 固定子複合体の相互作用
Association of stomatin-like protein FliL and MotAB stator complex of proton-driven flagellar motor in marine *Vibrio*
Michio Homma[1,2], Kazuki Yokoyama[3], Norihiro Takekawa[4], Tatsurou Nishikino[5], Hajime Nakatani[1], Seiji Kojima[3] ([1]*Dep. Biomol. Eng., Grad. Sch. Eng., Nagoya Univ.*, [2]*Dep. of Physics, Grad. Sch. Sci., Nagoya Univ.*, [3]*Div. Biol. Sci., Grad. Sch. Sci., Nagoya Univ.*, [4]*Dep. Macromol. Sci., Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.*, [5]*Dep. Life Sci. Appl. Chem., Nagoya Inst.Tech.*)

1Pos046 ATR-FTIR による環状ヌクレオチド依存性カリウムチャネル SthK のリガンド選択の分子機構研究
Investigation of molecular mechanisms of ligand selection in a cyclic nucleotide dependent potassium channel SthK by using ATR-FTIR
Taisei Maeda[1], Tatsuro Nishikino[1,2], Hiroki Ogasawara[3], Hiroto Fukuda[3], Yuji Furutani[1,2] ([1]*Graduate School of Engineering, Nagoya Institute of Technology*, [2]*Optobiotechnology Research Center*, [3]*Nagoya Institute of Technology*)

1Pos047 Visualization and analysis of P-glycoprotein dynamics by using HS-AFMVisualization and analysis of P-glycoprotein dynamics by using HS-AFM
Yui Kanaoka[1], Takeshi Murata[2], Takayuki Uchihashi[1,3] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. Nagoya*, [2]*Grad. Sch. Sci., Univ. Chiba*, [3]*ExCELLS*)

1Pos048 異種タンパク質結合 OmpG ナノポアの開閉挙動観察
Observation of gating behavior of OmpG nanopore conjugating other protein
Kazuha Endo, Koki Kamiya (*Grad. Sch. Sci. & Tech., Gunma univ.*)

04. DNA・DNA 結合タンパク質／04. DNA & DNA binding proteins

1Pos049 近接した標的 DNA 配列のタンデムリピートに集積する Dof 転写因子の 1 分子観察
Single-molecule observation of Dof transcription factor accumulating to neighboring tandem repeats of target DNA sequences
Hayato Yamashita[1], Akihiro Tsuji[1], Hirotake Furihata[2], Zhangliang Zhu[2,3], Takuya Miyakawa[2,3], Masayuki Abe[1] ([1]*Grad. Sch. Eng. Sci., Univ. Osaka*, [2]*Grad. Sch. Agr. Sci., Univ. Tokyo*, [3]*Grad. Sch. Bio., Kyoto Univ.*)

1Pos050 UvrD ヘリカーゼの野生型と C 末端欠失変異体間の DNA を介した相互作用
DNA-mediated interaction between wild-type and C-terminal deletion mutants of UvrD helicase
Hiroaki Yokota (*Grad. Sch. New Photon. Indust.*)

1Pos051 液液相分離により形成するナノスケール凝縮体の蛍光寿命相関解析
Fluorescence lifetime correlation analysis on nanoscale liquid condensates formed through liquid-liquid phase separation
Rene Toyama, Miyuki Sakaguchi, Shoichi Yamaguchi, Takuhiro Otosu (*Grad. Sch. Sci. Eng., Saitama Univ.*)

05. RNA・RNA 結合タンパク質／05. RNA & RNA binding proteins

1Pos052 Folding of Frameshift-Stimulating RNA Pseudoknots Is Modulated by the Upstream Structures
Jin-Der Wen (*National Taiwan University*)

06. DNA/RNA ナノテクノロジー／06. DNA/RNA nanotechnology

1Pos053 自己複製を目指した成長する DNA 液滴の設計
Design of Growing DNA Droplets Toward Self-Replication
Yusei Kudo[1], Tomoya Maruyama[3], Masahiro Takinoue[1,2,3] ([1]*Sch. of Computer Science, Institute of Science Tokyo*, [2]*Sch. of Life Science and Technology, Institute of Science Tokyo*, [3]*Research Center for Autonomous Systems Materialogy (ASMat), Institute of Integrated Research, Institute of Science Tokyo*)

1Pos054 miRNA の濃度を認識する DNA 液滴コンピュータ構築を目指した化学反応シミュレーション
Chemical reaction simulation for development of DNA droplet computers which recognize concentration of miRNAs
Chisa Kato[1], Yuko Yoshida[1], Masahiro Takinoue[1,2,3] ([1]*Sch. Comp. Sci., Inst. Sci. Tokyo*, [2]*Sch. Life Sci. Tech., Inst. Sci. Tokyo*, [3]*ASMat, Inst. Sci. Tokyo*)

1Pos055 自動分注ロボットと機械学習を用いた DNA 論理回路の自動設計
Automated design of DNA logic circuits using automated pipetting robots and machine learning
Yuko Yoshida[1], Kanta Takagi[1], Masahiro Takinoue[1,2,3] ([1]*School of Computer Science, Institute of Science Tokyo*, [2]*School of Life Science and Technology, Institute of Science Tokyo*, [3]*Research Center for Autonomous Systems Materialogy (ASMat), Institute of Science Tokyo*)

1Pos056 DNA ナノミウラ折り：力学的に変形可能なナノ折り紙構造
DNA-Based Miura-ori: A Mechanically transformable Nano-Origami Architecture
Daisuke Ishikawa[1], Ibuki Kawamata[2], Masahiko Hara[3], Masashi Ikeuchi[1] ([1]*LBB, Science Tokyo*, [2]*Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*, [3]*Sch. Mater. Chem. Technol., Tokyo Tech*)

07. 核酸：その他／07. Nucleic acid: Others

1Pos057 CRISPR Cas13a システムを用いた *Salmonella* RNA のデジタル検出
Digital Detection of *Salmonella* RNA with CRISPR Cas13a system
Svitlana Kovalchuk[1], Yoshihiro Minagawa[1], Hiroyuki Noji[1,2] ([1]*Graduate School of Engineering, The University of Tokyo*, [2]*Research Institute of Planetary Health (RIPH), The University of Tokyo*)

1Pos058 静電相互作用により誘起された不均一な DNA 溶液中の力の伝搬
Force propagation in heterogeneous DNA solution induced by electrostatic interactions
Miku Nakao[1], Saki Matsuyama[1], Akinori Miyamoto[2], Yoshihiro Murayama[1,2] ([1]*Dep. Biomedical Engineering., Grad. Sch. Engineering., Tokyo University of Agriculture and Technology*, [2]*Dep. Applied Physics., Grad. Sch. Engineering., Tokyo University of Agriculture and Technology*)

08. クロマチン・染色体／08. Chromatin & Chromosomes

1Pos059 分子動力学シミュレーションを用いたインターカレーションした DNA とヌクレオソームの構造ダイナミクス解析
The conformation and dynamics of intercalated DNA and nucleosome analyzed by molecular dynamics simulation
Hisashi Ishida[1], Hidetoshi Kono[1,2] ([1]*Inst. Quantum Life Sicence, QST*, [2]*cQUEST, Chiba Univ.*)

1Pos060 Unveiling the centromere/kinetochore structure in chicken DT40 cells using expansion microscopy and fluorescence correlation spectroscopy
Yasuhiro Hirano[1,2], Akira Kitamura[3], Toru Hirota[2], Tatsuo Fukagawa[1] ([1]*Graduate School of Frontier Biosciences, The University of Osaka*, [2]*Cancer Institute of JFCR*, [3]*Faculty of Advanced Life Science, Hokkaido University*)

1Pos061 凝縮体形成と共役した転写動態の粒子ベース反応動力学モデリング
Particle-based modeling of reactive dynamics of transcription coupled with condensate formation
Daiki Sugata, Shoji Takada (*Grad. Sch. Biol., Univ. Kyoto*)

09. 電子状態／09. Electronic

1Pos062 エネルギー準位統計によるペプチドの分類
Classification of peptides by energy level statistics
Masanori Yamanaka (*CST, Nihon Univ.*)

10. 水・水和／電解質／10. Water & Hydration & Electrolyte

1Pos063 物理学の知識を組み込んだ AI 創薬の開発
Development of drug discovery AI incorporating physics-based knowledge
Yuuka Ogawa[1], Tatsuki Kawauchi[2], Tomohiko Hayashi[2] ([1]*Faculty of Engineering, Niigata Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci. and Tech., Niigata Univ.*)

1Pos064 トレハロース水溶液を用いた AQP 過剰発現 CHO 細胞の凍結保存
Cryopreservation of AQP4-overexpressing CHO cells using trehalose aqueous solution
Sumire Matsuo[1], Masato Yasui[2], Youichiro Abe[2], Tsutomu Uchida[3] ([1]*Graduate school of engineering, Hokkaido University*, [2]*School of Medicine, Keio University*, [3]*Faculty of Engineering, Hokkaido University*)

12. 発生・分化／12. Development & Differentiation

1Pos065 人工ヒト胚モデルにおける細胞移動とパターン形成
Cell Migration and Pattern Formation in Engineered Human Embryo Models
Kiyoshi Ohnuma[1], Chihiro Takeuchi[1], Hazuki Tsuboi[1], Ryo Kojima[1], Tsuji Shota[1], Emilio Macias Estrada Raul[1], Hayashi Yohei[2], Miyu Mori[1] ([1]*Nagaoka University of Technology*, [2]*RIKEN*)

1Pos066 画像からの細胞間力の推定と多細胞形態形成
Image-based force inference of pairwise cell-cell interactions for multicellular morphogenesis
Hiroshi Koyama[1,2], Toshihiko Fujimori[1,2] ([1]*Div. Embryology, NIBB*, [2]*SOKENDAI (Graduate University for Advanced Studies)*)

13. 筋肉（筋蛋白質・収縮）／13. Muscle

1Pos067 ミオシン頭部の 1 分子実験と筋繊維実験の両方を再現する計算モデルの構築
Construction of a simulation model which reproduces both of the single molecule experiment of myosin head and the muscle fiber experiment
Kenshiro Kaneko, Tomoki P. Terada (*Dept. Appl. Phys., Grad. Sch. Eng., Nagoya Univ.*)

1Pos068 ファシンにより形成されたアクチン束の崩壊過程ダイナミクスのリアルタイム観察
Real-Time observation of the Disassembly of Fascin-Mediated Actin Bundles
Masayuki Hoshida[1,2], Takumi Toji[2], Tatsuya Iwata[3], Noriko Takeuchi[1], Hajime Honda[2], Ikuko Fujiwara[2] ([1]*School of Health Sciences, Kitasato University*, [2]*Materials Sci. & Bioeng., Nagaoka Univ. of Tech.*, [3]*Faculty of Pharmaceutical Sciences, Toho University*)

14. 分子モーター／14. Molecular motor

1Pos069 バクテリア鞭毛モーターにおける MotAB の駆動機構：理論モデルによるアプローチ
Exploring the Driving Mechanism of MotAB in the Bacterial Flagellar Motor via Theoretical Modeling
Shintaroh Kubo[1,2], Yasushi Okada[3], Shoji Takada[4] ([1]*Wako, RIKEN*, [2]*Dept. of Applied Chem., the Univ. of Tokyo*, [3]*Dept. of Med., the Univ. of Tokyo*, [4]*Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*)

1Pos070 ADP-Pi ミオシン S1 と F-actin 間駆動力の物理原理について
On the physical principle of the driving force between myosin S1 with ADP-Pi and F-actin
Makoto Suzuki (*Tohoku University*)

1Pos071 キネシン 1 の協調的運動における情報ラチェット機構
Information ratchet mechanism for the coordinated unidirectional movement of kinesin-1
Michio Tomishige[1], Hiroshi Isojima[2], Kohei Matsuzaki[1] ([1]*Dept. Phys. Sci., Aoyama Gakuin Univ.*, [2]*Dept. Appl. Phys., Univ. Tokyo*)

1Pos072 動的水チャネルを介したべん毛モーターの回転運動の全原子分子動力学解析
All-atom molecular dynamics analysis of rotational motion of flagellar motor mediated by dynamic water channels
Yukinari Kamiyama, Takumi Matsumoto, Tsubasa Nakai, Mitsunori Takano (*Grad. Sch. Adv. Sci. & Eng., Waseda Univ.*)

1Pos073 DNA 人工分子モーターの合理的性能向上
Rational performance improvement of DNA artificial molecular motor
Takanori Harashima[1,2], Akihiro Otomo[1,2], Ryota Iino[1,2] ([1]*Institute for Molecular Science*, [2]*Graduate Institute for Advanced Studies, SOKENDAI*)

1Pos074 Modulating potential alignment to enhance molecular motor speed
Akihiro Fukuda, Yohei Nakayama, Shoichi Toyabe (*Grad. Sch. Eng., Tohoku Univ.*)

1Pos075 Rhodamine-Phalloidin によって可視化されたアクチンフィラメントの構造多型性は，リン酸および ATP ＋ミオシン II によって抑制される
Structural polymorphism of actin filaments revealed by Rhodamine Phalloidin is suppressed by phosphate and ATP + myosin II
Kenta Toshino, Taro Q.P. Uyeda (*Dept. Pure. & Appl. Phys., Grad. Sch. Adv. Sci. & Eng., Waseda Univ.*)

1Pos076 最高速 AFM によって明らかになった回転子のない F_1-ATPase の化学-力学カップリング
Chemomechanical coupling in rotor-less F_1-ATPase revealed by high-speed atomic force microscopy
Shingo Fukuda[1], Akihiro Otomo[2,3], Ryota Iino[2,3], Toshio Ando[1] ([1]*WPI NanoLSI, Kanazawa Univ.*, [2]*Inst. for Mol. Sci., NINS*, [3]*SOKENDAI*)

1Pos077 テザーの改変によるキネシン-1 モータードメインの基本的運動機構の解明
Tether-dependent regulation reveals core motility mechanism of the kinesin-1 motor domain
Rieko Sumiyoshi[1], Masahiko Yamagishi[1,2], Junichiro Yajima[1,2,3] ([1]*Grad. Arts & Sci., Univ. Tokyo*, [2]*Komaba Inst. Sci., Univ. Tokyo*, [3]*RCCSB, UBI, Univ. Tokyo*)

1Pos078 C.elegans キネシン BMK-1 と有糸分裂キネシン Eg5 阻害剤の生化学的特性と相互作用
Biochemical Characterization and Interaction of *C.elegans* kinesin BMK-1 with Mitotic Kinesin Eg5 Inhibitors
Fofou Yonta Tostani, Shunsuke Kumagai, Nur Fatin Liyana Binti Salwadi, Shinsaku Maruta (*Grad.Sch., Soka Univ.Tokyo*)

1Pos079 KIF6 による鞭毛運動とエネルギー調節の分子メカニズム
KIF6's Role in Ciliary Motility and Energy Regulation
Tsukasa Makino[1], Chizuru Ito[2], Takeshi Masuda[3], Kazuho Ikeda[1], Daisuke Takao[1,4], Yasushi Okada[1,5], Kiyotaka Toshimori[2], Masahide Kikkawa[1] ([1]*Univ. Tokyo*, [2]*Chiba Univ.*, [3]*Keio Univ.*, [4]*Huazhong Agricultural Univ.*, [5]*RIKEN BDR*)

15A. 細胞生物学的課題：接着／15A. Cell biology: Adhesion

1Pos080 歯周病菌の線毛の先端蛋白質 FimD の X 線結晶構造解析
Structure of FimD, a tip protein of the pili of gum disease bacterium *Porphyromonas gingivalis*
Norihiro Takekawa, Yusuke Ando, Rei Kojima, Katsumi Imada (*Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.*)

1Pos081 細胞形態切り替え材料による細胞周期の進行速度操作への試み
Modulating Cell Cycle Progression by Dynamic Control of Cell Shape Using Stimuli-Responsive Substrates
Sayaka Masaike, Satoru Kidoaki (*IMCE, Univ. Kyushu*)

15B. 細胞生物学的課題：運動／15B. Cell biology: Motility

1Pos082 巨大繊毛虫 *Spirostomum ambiguum* の細胞伸長に関わる表層微小管束間の滑り運動
Active sliding between microtubule ribbons extending from the ciliary basal bodies elongates the giant ciliate *Spirostomum ambiguum*
Kosuke Nakamura[1], Seiji Sonobe[1], **Kazuhiro Oiwa[1,2]** ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. Hyogo*, [2]*Adv. ICT Res. Inst., NICT, Kobe*)

1Pos083 時間情報を用いたアメーバ細胞の牽引力場測定
Inference of cellular traction forces using temporal information
Kazuko Hamaoka, Hirokazu Tanimoto (*Grad. Sch. Nanobiosci., Yokohama City Univ.*)

1Pos084 CheY Phosphorylation-Mediated Turning Enables Polarity Alignment at the Swarming Front in *Vibrio alginolyticus*
Kakeru Sumitomo, Ikuro Kawagishi, Masatoshi Nishikawa (*Grad. Sch. Sci., Univ. Hosei*)

1Pos085 Mechanosensitive adhesion complexes that lead to complex cell crawling behaviors in a one-dimensional track.
Hsuan-Yi Chen (*National Central University*)

1Pos086 制御された局所外力印加により明らかにする細胞境界の変形と分子応答の因果関係
Reveal the causal relationship between tissue deformation and molecular response through optical manipulation
Kenji Nishizawa[1], Shao-Zhen Lin[3], Claire Chardès[2], Jean-François Rupprecht[3], Pierre-François Lenne[2] ([1]*Graduate School of Engineering, Tohoku University*, [2]*CNRS, Centre de Physique Théorique.*, [3]*CNRS, The Institute of Developmental Biology of Marseille.*)

1Pos087 リアルタイムフィードバック機構を用いたサブストレイトの硬さによる機械刺激への拍動応答
Modulation of Beating Response to Mechanical Stimulation by Substrate Stiffness Using Real-Time Feedback Control
Ayaka Namiki, Arisa Mizutani, Yuuta Moriyama, Toshiyuki Mitsui (*Dept. Phys. Sch. Sci., Aoyamagakuin Univ.*)

1Pos088 Integrative Spatiotemporal Analysis of Collective Cell Migration and ERK Dynamics in Epithelial MDCK Wound Healing
Lisna Hidayati[1], Kazuhiro Aoki[2], Yuichi Sakumura[1] ([1]*Graduate School of Science and Technology, Nara Institute of Science and Technology*, [2]*Graduate School of Biostudies, Kyoto University*)

15C. 細胞生物学的課題：細胞骨格・膜骨格／15C. Cell biology: Cytoskeleton & Membrane skeleton

1Pos089 破骨細胞融合における membrane-cortex attachment と BAR タンパク質の機械的制御
Mechanical control of cell-cell fusion during osteoclastogenesis by membrane-cortex attachment and BAR proteins
Yuri L. Nemoto[1,2], Yumeng Wan[2], Tsukasa Oikawa[3], Kazunori Takano[4], Takahiro K. Fujiwara[5], Kazuya Tsujita[1,2], Toshiki Itoh[1,2] ([1]*Biosignal Research Center, Kobe University*, [2]*Kobe University Graduate School of Medicine*, [3]*Graduate School of Medicine, Hokkaido University*, [4]*Graduate School of Science, Chiba University*, [5]*Institute for Integrated Cell-Material Sciences (WPI-iCeMS), Kyoto University*)

1Pos090 幅広い細胞種に適応した中心体単離手法の開発
Development of centrosome isolation methods adaptable to various cell types
Momoko Miyazawa, Shohei Yamamoto, Daiju Kitagawa (*Grad. Pharm., Univ. Tokyo*)

1Pos091 TIRF 解析によるアクチン重合ダイナミクスにおける His161 の役割解明
Elucidating the role of His161 in actin polymerization dynamics using TIRF analysis
Kota Onozato[1], Mitsusada Iwasa[2], Shuichi Takeda[2], Toshiro Oda[3], Hajime Honda[1], Ikuko Fujiwara[1] ([1]*Materials Sci. & Bioeng., Nagaoka Univ. of Tech.*, [2]*Grad. Sch. Info., Nagoya Univ.*, [3]*Facaulty of Health and Welfare, Tokai Gakuin University*)

1Pos092 アクチン重合制御における古細菌ゲルゾリン各ドメインの TIRF および構造解析による機能解明
Dissecting Domain Functions of Archaeal Gelsolin in Actin Assembly by TIRF and Structural Analyses
Houryou Mizuki[1], Shuichi Takeda[2,3], Robert Robinson[3,4], Ikuko Fujiwara[1] ([1]*Materials Sci. & Bioeng., Nagaoka Univ. of Tech.*, [2]*Grad. Sch. Info., Nagoya Univ.*, [3]*RIIS, Okayama Univ.*, [4]*VISTEC, Thailand.*)

1Pos093 TIRF 顕微鏡と構造解析により明らかになった Cytochalasin D のアクチンフィラメント作用機構
Cytochalasin D Inhibits Actin Dynamics through Transient Capping and Severing
Takahiro Mitani[1], Shuichi Takeda[2], Toshiro Oda[3], Akihiro Narita[4], Yuichiro Maéda[2], Hajime Honda[1], Ikuko Fujiwara[1] ([1]*Materials Sci. & Bioeng., Nagaoka Univ. of Tech.*, [2]*Grad. Sch. Info., Nagoya Univ.*, [3]*Fac. Health & Welf., Tokai-gakuin Univ.*, [4]*Grad. Sch. Sci., Nagoya Univ.*)

1Pos094 初期胚における一過的な核の物性変化と転写のバーストの促進
Changes in the physical properties of early embryonic nuclei promote a transcriptional burst
Masahito Tanaka[1], Rin Sakanoue[2], Atsushi Takasu[2], Yasuki Miyagawa[3], Naoko Watanabe[1], Yu-Chia Chen[4], Aussie Suzuki[4], Kei Miyamoto[2,3], Yuta Shimamoto[1,5] ([1]*Laboratory of Physics and Cell Biology, National Institute of Genetics.*, [2]*Graduate School of Biology-Oriented Science and Technology, Kindai University*, [3]*Faculty of Agriculture, Kyushu University*, [4]*McArdle Laboratory for Cancer Research, Department of Oncology, University of Wisconsin-Madison*, [5]*Department of Genetics, Sokendai University*)

15D. 細胞生物学的課題：情報伝達・細胞膜／15D. Cell biology: Signal transduction & Cell membrane

1Pos095 The mechanical properties of cells grown at the interface of ferroelectric domain walls
Alexis Borowiak, Takeshi Shimi, Yohei Kono, Takeshi Fukuma (*NanoLSI, Kanazawa University*)

1Pos096 1 分子 SuperPAINT 法による細胞膜全体にわたる動的ナノスケール不均一性の可視化
SuperPAINT visualization of dynamic nanoscale heterogeneity of the entire plasma membrane
Maoji Wang[1], Bo Tang[1], Takahiro Fujiwara[2], Taka-Aki Tsunoyama[1], Akihiro Kusumi[1] ([1]*Okinawa Institute of Science and Technology*, [2]*Institute for Integrated Cell-Material Sciences, Kyoto University*)

1Pos097 大腸菌細胞内 Ca^{2+}恒常性の再検討
A reconsideration of intracellular Ca^{2+} homeostasis in *Escherichia coli*
Takemasa Nakamura[1], Hiroyuki Noji[1,2], Kazuhito Tabata[1,2] ([1]*Department of Applied Chemistry, School of Engineering, University of Tokyo*, [2]*Research Institute of Planetary Health (RIPH), The University of Tokyo*)

1Pos098 抑制性シナプス形成の開始機構：ゲフリンと Ena/VASP の共凝縮体形成によるアクチン重合
Initiators for inhibitory synapse formation: actin polymerization induced by co-condensation of gephyrin and Ena/VASP family proteins
Amine Aladag[1], Taka-Aki Tsunoyama[1], Irina Meshcheryakova[1], Maoji Wang[1], Jun-Seok Lee[1], Bo Tang[1], Hiroko Hijikata[3], Takahiro K Fujiwara[3], Sawako Yamashiro[2], Akihiro Kusumi[1] ([1]*Okinawa Institute of Science and Technology*, [2]*Kyoto University Graduate School of Biostudies*, [3]*Kyoto University Institute for Integrated Cell-Material Sciences, KUIAS*)

1Pos099 ホスホリパーゼ D によるミリストイル化タンパク質の拡散および Ras/PIP3 ドメインの制御
Phospholipase D regulates on-membrane diffusivity of a myristoylated protein and defines the Ras/PIP3 patch territory
Gen Honda[1,2], Satoshi Sawai[1,3], Miho Yanagisawa[1,2,3] ([1]*Department of Basic Science, Graduate School of Arts and Sciences, University of Tokyo*, [2]*Komaba Institute for Science, Graduate School of Arts and Sciences, University of Tokyo*, [3]*Research Center for Complex Systems Biology, Graduate School of Arts and Sciences, University of Tokyo*)

1Pos100 Two distinct regulatory mechanisms limiting macrophage phagocytosis: membrane backtracking and inhibition of phagocytosis initiation
Dan Horonushi[1], Souta Suzuki[1], Maiha Ando[1], Haruka Yuki[1], Shinya Kato[1], Kenji Yasuda[1,2] ([1]*Dept. Pure & Appl. Phys., Grad. Sch. Adv. Sci. & Eng., Waseda Univ.*, [2]*Dept. Phys., Sch. Adv. Sci. & Eng., Waseda Univ.*)

1Pos101 神経細胞による心筋細胞集団間の興奮伝導接続
Excitatory Connection Between Cardiomyocyte Populations Mediated by Neurons
Ayuri Sakaguchi, Kentaro Kito, Tomoyuki Kaneko (*LaRC, FB, Grad. Sch. Sci. & Eng., Hosei Univ., Tokyo, Japan*)

1Pos102 複数微粒子貪食数に対する細胞膜最大伸長量の応答変化計測からの最大貪食機能の解明
Determining Maximum Macrophage Phagocytosis by Measuring Membrane Extension Response During Sequential Particle Uptake
Shinya Kato[1], Dan Horonushi[1], Haruka Yuki[1], Kei Shibata[2], Syunya Morikawa[2], Kenji Yasuda[1,2] ([1]*Dept. Pure & Appl. Phys., Grad. Sch. Adv. Sci. & Eng., Waseda Univ.*, [2]*Dept. Phys., Sch. Adv. Sci. & Eng., Waseda Univ.*)

1Pos103 オプソニン化マイクロニードルに対するマクロファージ応答の極性を明らかにする貪食膜伸長と細胞運動の相関解析
Coupled coordination of phagocytic membrane extension and cell migration reveals polarity in macrophage response to opsonized microneedles
Haruka Yuki[1], Dan Horonushi[1], Maiha Ando[1], Sinya Kato[1], Kenji Yasuda[1,2] ([1]*Dept. Pure & Appl. Phys., Grad. Sch. Adv. Sci. & Eng., Waseda Univ.*, [2]*Dept. Phys., Sch. Adv. Sci. & Eng., Waseda Univ.*)

1Pos104 単一細胞レベルにおける直線状心筋細胞ネットワークの伝導速度
Conduction Velocity of Linear Cardiomyocyte Networks at single-cell level
Shinnosuke Mori, Tomoyuki Kaneko (*LaRC, FB, Hosei Univ.*)

16A. 生体膜・人工膜：構造・物性／16A. Biological & Artificial membrane: Structure & Property

1Pos105 環境応答性蛍光色素によるモデル脂質膜とタウタンパク質の相互作用解析
Interactions between Lipid Membranes and Tau Protein Probed by Environment-Sensitive Fluorescent Probes
Chiho Watanabe (*Grad. Sch. Int. Sci. Life, Hiroshima Univ.*)

1Pos106 Computational studies of the disruption mechanism of pathogenic bacterial membrane by coco-glucoside from coconut oil
Phonphiphat Bamrung (*คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์*)

1Pos107 人工甘味料スクラロースによる DPPC モデル生体膜における指組ゲル相形成
The artificial sweetener sucralose induces the formation of an interdigitate gel phase in DPPC model biomembranes
Emika Matsumoto[1], Michael Postrado[2], **Hiroshi Takahashi[2]** ([1]*Sch. Sci. Tech. Gunma Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci. Tech. Gunma Univ.*)

1Pos108 2本のうち1本の疎水鎖末端を部分フッ素化したリン脂質が膜タンパク質バクテリオロドプシン(bR)の四次構造と光サイクルに及ぼす影響
Quaternary structure and photocycle of bR in bilayers composed of phospholipids with a single partially fluorinated hydrophobic chain
Ai Nakagawara[1], Takafumi Shimoaka[1], Toshiyuki Takagi[2], Hiroshi Takahashi[1], Takashi Kikukawa[3], Hideki Amii[1,4], Masashi Sonoyama[1,4,5] ([1]*Grad. Sch. Sci. & Tech., Gunma Univ.*, [2]*AIST*, [3]*Fac. Adv. Life. Sci., Hokkaido Univ.*, [4]*GIAR, Gunma Univ.*, [5]*GUCFW, Gunma Univ.*)

16B. 生体膜・人工膜：ダイナミクス／16B. Biological & Artificial membrane: Dynamics

1Pos109 表層糖鎖が関与する細菌の細胞外膜小胞形成
Involvement of the surface carbohydrates in bacterial membrane vesicle formation
Jun Kawamoto[1], Taiku Tsudzuki[1], Tomoya Imai[2], Takuya Ogawa[1], Tatsuo Kurihara[1] ([1]*Institute for Chemical Research, Kyoto University*, [2]*Research Institution for Sustainable Humanosphere*)

1Pos110 Giant Plasma Membrane Vesicle の膜粘度測定
Viscosity of Giant Plasma Membrane Vesicls
Tatsuya Itoi (*Dept. of Physics, Tohoku University*)

1Pos111 自動化技術による膜粘度の顕微鏡画像データ解析の精度向上
Improving accuracy of microscopic image data analysis for membrane viscosity measurement using automation technique
Kenya Haga, Yuka Sakuma, Masayuki Imai (*Grad. Sch. Sci., Tohoku Univ.*)

1Pos112 パターン化人工膜と光ピンセットによる人工生体膜分子の時空間操作
Spatiotemporal Manipulation of Membrane Molecules in Artificial Membranes Using Membrane Patterning and Optical Tweezers
Yasushi Tanimoto[1], Shunya Moriyama[1], Kyoko Masui[1], Fumio Hayashi[2], Kenichi Morigaki[3,4], Chie Hosokawa[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Osaka Metropolitan Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci., Kobe Univ.*, [3]*Biosignal Res. Center, Kobe Univ.*, [4]*Grad. Sch. Agri., Kobe Univ.*)

16C. 生体膜・人工膜：興奮・チャネル／16C. Biological & Artificial membrane: Excitation & Channels

1Pos113 電位依存性プロトンチャネル活性化の N 末端制御
N-terminal control of voltage-gated proton channels
Ryuya Nawata, **Akira Kawanabe**, Yuichiro Fujiwara (*Grad. Sch. Biomed. Health Sci., Hiroshima Univ.*)

1Pos114 高速原子間力顕微鏡による非競合阻害剤結合状態の AMPA 受容体ナノダイナミクスの解明
High-speed atomic force microscopy reveals nano-dynamics of AMPARs with the non-competitive inhibitors
Keisuke Sato[1], Yimeng Zhao[2], Motoyuki Hattori[2], Mikihiro Shibata[3,4] ([1]*Grad. Sch. NanoLS., Kanazawa Univ.*, [2]*Sch. Life Sci., Fudan Univ.*, [3]*WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.*, [4]*InFiniti, Kanazawa Univ.*)

1Pos115 油中水滴接触膜を用いた膜張力定量下でのアクアポリンの水透過性測定
Measuring aquaporin water permeability using pressure-determined droplet interface bilayers with defined membrane tension
Misuzu Ueki, Takahisa Maki, **Masayuki Iwamoto** (*Dep. Mol. Neurosci., Facul. Med. Sci., Univ. Fukui*)

16D. 生体膜・人工膜：輸送・情報伝達／16D. Biological & Artificial membrane: Transport & Signal transduction

1Pos116 Ion translocation mechanism of Na^+-pumping NADH-quinone oxidoreductase from molecular dynamics simulations

Takehito Seki[1,2], Moe Ishikawa-Fukuda[3,4], Jun-ichi Kishikawa[5], Masatoshi Murai[3], Takahiro Masuya[3], Hideto Miyoshi[3], Danielle McFee[4], Blanca Barquera[4], Kei-ichi Okazaki[1,2] ([1]*SOKENDAI*, [2]*Institute for Molecular Science*, [3]*Graduate School of Agriculture, Kyoto University*, [4]*Department of Biological Science, Rensselaer Polytechnic Institute*, [5]*Department of Applied Biology, Kyoto Institution of Technology*)

1Pos117 糖脂質 MPIase が関与する膜タンパク質輸送機構の物理化学的解析
Exploring the Role of a Glycolipid MPIase in Membrane Protein Transport through Physicochemical Studies

Shoko Mori[1], Kaoru Nomura[1], Kohki Fujikawa[1], Tsukiho Osawa[1], Ken-ichi Nishiyama[2], Keiko Shimamoto[1,3] ([1]*Bioorg. Res. Inst., Suntory Fdn. Life Sci.*, [2]*Fac. Agric., Iwate Univ.*, [3]*Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.*)

17. 化学受容／17. Chemoreception

1Pos118 コレラ菌アミノ酸走性受容体の広範かつ特異的な検知プロファイル
The versatile and specific sensing profiles of *Vibrio cholerae* amino-acid chemoreceptors

So-ichiro Nishiyama[1], June Minaki[1], Taisei Kumakura[1], Yuta Nogami[1], Fuga Omori[2,3], Katsumi Imada[4], Ikuro Kawagishi[2,3] ([1]*Fac. App. Life Sci., Niigata Univ. Pharm. Med. Life Sci.*, [2]*Grad. Sch. Sci. and Engin., Hosei Univ.*, [3]*Res. Cen. Micro-Nano Tech., Hosei Univ.*, [4]*Dep. MacroMol. Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.*)

18. 神経・感覚（細胞・膜タンパク質・分子）／18. Neuroscience & Sensory systems

1Pos119 Abnormal differentiation of olfactory sensory neurons in ATF5 upstream open reading frame mutant mice

Haruo Nakano, Sanetoki Koide, Shuya Yoshida, Mariko Umemura, Shigeru Takahashi, Yuji Takahashi, Yasuhiro Shinkai (*Environ. Biol., Life Sci., Tokyo Univ. Pharm. Life Sci.*)

1Pos120 飢餓状態における線虫 *C. elegans* の低温耐性獲得機構と人工進化解析による新規因子の探索
Mechanism of acquisition of cold tolerance in C. elegans during starvation and search for novel factors by artificial evolution analysis

Seiya Kamino[1], Miina Fuzisawa[1], Atsushi Doi[2], Hideki Doi[2], Akane Ohta[1], Atsushi Kuhara[1,3] ([1]*Institute for Integrative Neurobiology , Konan University*, [2]*Kinki University ・School of Agriculture Medical Institute of Bioregulation*, [3]*PRIME, AMED*)

1Pos121 *C. elegans* の低温耐性に関わる転写伸長因子 TCEB の機能細胞の絞り込み
Narrowing down the functional cells of TCEB, a transcription elongation factor involved in cold tolerance in *C. elegans*

Sho Yabuuchi[1,2], Hiroaki Teranishi[1,2], Toshihiro Iseki[1,2], Natsune Takagaki[1,2], Yohei Minakuchi[3], Atsushi Toyoda[3], Akane Ohta[1,2], Atsushi Kuhara[1,2,4] ([1]*Dept.Biol. Grad. Sch. Sci. Konan Univ*, [2]*Inst. of Integral NeuroBiol. Konan Univ*, [3]*National Institute of Genetics, Japan*, [4]*PRIME AMED*)

19. 神経回路・脳の情報処理／19. Neuronal circuit & Information processing

1Pos122 **カエル神経筋接合部シナプスにおけるカゼインキナーゼ阻害剤の効果: 単発刺激放出の抑制と連続刺激での放出増大短期可塑性の強化**
Investigation of effect of a casein kinase 2 inhibitor at the frog NMJ: EPP was reduced and short-term plasticity was intensified
Naoya Suzuki (*Grad.Sch.Sci., Nagoya Univ.*)

1Pos123 Thermosensory signal processing by multiple thermoreceptors within a single thermosensary neuron in C. elegans
Nanako Kanamura[1,2], Akane Ohta[1,2], Yuki Sato[1,2], Akira Kawanabe[3], Yuichiro Fujiwara[3,4], Atsushi Kuhara[1,2,5] ([1]*Graduate School of Natural Science, Konan University, Kobe, Japan*, [2]*Institute for Integrative Neurobiology, Konan University, Kobe, Japan*, [3]*Faculty of Medicine, Kagawa University, Kagawa*, [4]*Graduate School of Biomedical and Health Sciences (Medical), Hiroshima University, Hiroshima, Japan*, [5]*PRIME, AMED*)

21A. 光生物：視覚・光受容／21A. Photobiology: Vision & Photoreception

1Pos124 **クロライドイオンを対イオンとしてもつサンゴオプシンの分光研究**
Spectroscopic studies of a coral opsin with chloride ion as a counterion
Yuri Tominaga[1], Shino Inukai[1], Yusuke Sakai[2], Mitsumasa Koyanagi[2], Akihisa Terakita[2], Hideki Kandori[1,3], Kota Katayama[1,3] ([1]*Grad. Sch. Eng., Nagoya Inst. Tech.*, [2]*Grad. Sch. Sci., Osaka Met. Univ.*, [3]*OptoBio Technology Center, Nagoya Inst. Tech.*)

1Pos125 **アプソモナドが持つ新奇紫外・青色光受容アニオンチャネルロドプシン ApuRs の分光学的特性**
Spectroscopic characterization of ApuRs, novel UV- and blue-absorbing anion channel rhodopsins from Apusomonads
Takashi Nagata[1], Luis Javier Galindo[2], Shunki Takaramoto[1], Andrey Rozenberg[3], Hiroto Takahashi[1], Oded Béjà[3], Keiichi Inoue[1] ([1]*Inst. Solid State Phys., Univ. Tokyo*, [2]*Inst. Water Res., Univ. Granada, Spain*, [3]*Faculty Biol., Technion – Israel Inst. Tech., Haifa, Israel*)

1Pos126 **固体 NMR によるヘリオロドプシンのアミノ酸残基特異的なダイナミクスとプロトン化状態の解析**
Residue-Specific Characterization of Heliorhodopsin Dynamics and Protonation States by solid-state NMR
Yuki Samatsu[1], Sari Kumagai[1], Kota Katayama[2], Hideki Kandori[2], Izuru Kawamura[1] ([1]*Grad. Sch. Eng. Sci., Yokohama Natl. Univ.*, [2]*Grad. Sch. Eng., Nagoya Inst. Tech.*)

1Pos127 Time-resolved crystallography reveals structural transitions of a bifunctional cryptochrome bearing a light-harvesting antenna chromophore
Junpei Yamamoto[1], Wei-Ting Lin[2], Meng-Iao Fong[2], Kai-Chun Yang[2], Hikaru Saito[1], Yuhei Hosokawa[2], Manuel Maestre-Reyna[2] ([1]*Grad. Sch.Eng.Sci., Univ. Osaka*, [2]*Dep. Chem., National Taiwan Univ.*)

1Pos128 **短波長シフトした光駆動内向きプロトンポンプロドプシンの波長制御機構の研究**
Study on the color-tuning mechanism of a blue-shifted light-driven inward proton-pumping rhodopsin
Yoshitaka Kato[1], Borja Aldeguer-Riquelme[2], Oded Béjà[3,4], Josefa Antón[2], Keiichi Inoue[1] ([1]*ISSP, Univ. Tokyo*, [2]*Department of Physiology, Genetics and Microbiology, University of Alicante*, [3]*Faculty of Biology, Technion—Israel Institute of Technology*, [4]*The Nancy and Stephen Grand Technion Energy Program, Technion—Israel Institute of Technology*)

1Pos129 無脊椎動物由来繊毛型オプシンの G タンパク質共役特異性の解析
G protein-coupling specificity of ciliary opsins in invertebrates
Kazuki Ohmichi[1], Tomoki Kawaguchi[1], Keita Sato[2], Hideyo Ohuchi[2], Hisao Tsukamoto[1] ([1]*Grad. Sch. Sci. Kobe Univ.*, [2]*Okayama Univ.*)

1Pos130 自動化プラットフォームを用いたロドプシン吸収波長変異体の効率的作製
Automated System for High-Throughput Production of Spectral-Tuning Rhodopsin Variants
Masae Konno, Takashi Nagata, Keiichi Inoue (*ISSP, Univ. Tokyo*)

1Pos131 Expression analysis of heliorhodopsin genes in actinomycetes
Rei Abe-Yoshizumi[1], Hideki Kandori[1,2] ([1]*Grad. Sch. Eng., Nagoya Inst. Tech.*, [2]*OptoBio., Nagoya Inst. Tech.*)

1Pos132 *Stretomyces alkaliphilus* 由来ヘリオロドプシンは，固相培養で発現する
Heliorhodopsin from *Stretomyces alkaliphilus* is expressed in solid phase culture
Koyo Yamada[1], Rei Abe-Yoshizumi[1], Tatsuro Nishikino[1,2], Hideki Kandori[1,2] ([1]*Grad. Sch. of Eng., Nagoya Inst. of Tech.*, [2]*OptoBio Tech. Res. Cent., Nagoya Inst. of Tech.*)

1Pos133 中温性細菌 *Modestobacter muralis* 由来のロドプシンの発現と光反応
Expression and photoreaction of rhodopsin from the mesothermal bacterium *Modestobacter muralis*
Haruna Matsumura[1], Shota Takahashi[1], Takafumi Shimoaka[1], Fumio Hayashi[2], Takashi Kikukawa[3], Masashi Sonoyama[1,4,5] ([1]*Grad. Sch. Sci. Tech., Gunma Univ.*, [2]*Ctr. Inst. Analysis, Gunma Univ.*, [3]*Fac. Adv. Life. Sci., Hokkaido Univ.*, [4]*GIAR, Gunma Univ.*, [5]*GUCFW, Gunma Univ.*)

21B. 光生物：光合成／21B. Photobiology: Photosynthesis

1Pos134 最先端の蛍光顕微分光法による細胞内の多様な光合成超複合体を観る
Capturing *in vivo* dynamic photosynthetic supercomplexes using state-of-the-art fluorescence excitation-emission microscopy
Xianjun Zhang[1,2], Ryutaro Tokutsu[3], Jun Minagawa[4], Shen Ye[1], Yutaka Shibata[1] ([1]*Tohoku University*, [2]*Massachusetts Institute of Technology*, [3]*School of Veterinary Science, Kitasato University*, [4]*National Institute for Basic Biology*)

1Pos135 光化学系 II 結晶を用いた Mn_4CaO_5 クラスターの構築機構の時間分解赤外分光解析
Time-resolved infrared study of the photoassembly process of the Mn_4CaO_5 cluster using photosystem II crystals
Yuki Kato[1], Kazuki Ogura[1], Yoshiki Nakajima[2], Jian-Ren Shen[2], Takumi Noguchi[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Nagoya Univ.*, [2]*Res. Inst. Interdiscip. Sci., Okayama Univ.*)

1Pos136 Spectral Shifts in Chromophore Absorption Wavelengths Caused by Three Linkers in the Phycobilisome Rod of *Synechocystis* PCC 6803
Hiroto Kikuchi (*Dept. Phys., Sch. Med., Nippon Med. Sch.*)

1Pos137 紅色光合成細菌 *Phaeospirillum molischianum* の LH2 タンパク質の再構築：カロテノイドと界面活性剤の影響
Reconstruction of LH2 protein from a purple photosynthetic bacterium *Phaeospirillum molischianum*: effects of carotenoids and detergents
Taiga Miura, Yoshitaka Saga (*Grad. Sch. Sci. Eng, Kindai Univ.*)

1Pos138 光合成酸素発生系における翻訳後アミノ酸修飾によるシステインスルホン酸配位子の形成
Formation of a cysteine sulfonate ligand via post-translational modification in the photosynthetic oxygen-evolving complex
Kazuha Nakamura[1], Takehiro Suzuki[2], Hatsune Mizue[1], Tomomi Kitajima-Ihara[1], Minako Hirano[1], Yuki Kato[1], Naoshi Dohmae[2], Takumi Noguchi[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Nagoya Univ.*, [2]*RIKEN, CSRS.*)

1Pos139 遠赤色利用可能な光化学系 II の光捕集機能におけるカロテノイドの役割
Light-harvesitng functions of carotenoids in the far-red light utilizing photosystemII from *Acaryochloris marina*
Vasco Joris[1], Naoki Suenaga[2], Miki Bando-Uotani[1,3], Kyoko Shinzawa-Ito[4], Natsuko Inoue-Kashino[4], Yasuhiro Kashino[4], Keisuke Kawakami[5], Koji Yonekura[5], **Daisuke Kosumi[6]** ([1]*Grad. Sch. Sci. and Tech., Kumamoto Univ.*, [2]*Facul. Sci., Kumamoto Univ.*, [3]*Dev. Tech., Kumamoto Univ.*, [4]*Grad. Sch. Sci, Hyogo Univ.*, [5]*RIKEN, SPring-8*, [6]*IINa, Kumamoto Univ.*)

1Pos140 光化学系 I 超複合体の高分解能 AFM 観察
High-resolution AFM imaging of photosystem I supercomplex in thylakoid membrane
Azusa Owada[1], **Daisuke Yamamoto[2]** ([1]*WDB Co., LTD.*, [2]*Fac. Sci., Fukuoka Univ.*)

1Pos141 光合成酸素発生系における脂肪族アミノ酸の非天然カルボキシラート配位子への翻訳後変換
Post-translational conversion of aliphatic amino acids to non-natural carboxylate ligands in the photosynthetic oxygen-evolving complex
Hatsune Mizue[1], Takehiro Suzuki[2], Takumi Matsubara[1], Tomomi Kitajima-Ihara[1], Minako Hirano[1], Yuichiro Shimada[1], Yuki Kato[1], Naoshi Dohmae[2], Takumi Noguchi[1] ([1]*Department of Physics, Graduate School of Science, Nagoya University*, [2]*Biomolecular Characterization Unit, RIKEN Center for Sustainable Resource Science*)

21C. 光生物：光遺伝学・光制御／21C. Photobiology: Optogenetics & Optical control

1Pos142 カリウムチャネルロドプシン B1ChR2 の K+選択性メカニズムの解明と応用に向けて
Towards a mechanistic understanding and application of K+ selectivity of potassium channelrhodopsin B1ChR2
Ryotaro Shimamura[1], Shoko Hososhima[1,2], Hideki Kandori[1,2], Satoshi Tsunoda[1,2] ([1]*Grad. School of Engineering., Nagoya Institute of Technology*, [2]*Opto Bio Technology Research Center*)

1Pos143 PYP を用いた光可逆的タンパク質性液液相分離形成の解析
Analysis of photo-reversible proteinaceous liquid-liquid phase separation formation using PYP
Yoichi Yamazaki[1], Ranmaru Shirahama[1], Kento Yonezawa[1,2], Hironari Kamikubo[1,2] ([1]*NAIST MS*, [2]*NAIST CDG*)

1Pos144 Disordering of cell membrane lipids induced by THz irradiation
Hiromichi Hoshina (*RIKEN RAP*)

1Pos145 H^+輸送活性の低いナトリウムポンプロドプシンにおけるプロトン化レチナール塩基周辺の水素結合ネットワーク
Hydrogen-Bonding Network Around the Protonated Retinal Schiff Base in a Sodium-Pumping Rhodopsin with Low H^+ Transport Activity
Hiroto Takizuka[1], Yuma Ito[1], Akiko Ito[1], Hideki Kandori[1,2], Yuji Furutani[1,2] ([1]*Graduate School of Engineering, Nagoya Institute of Technology*, [2]*Optobiotechnology Research Center, Nagoya Institute of Technology*)

1Pos146 チャネルロドプシン GtCCR3 の波長制御とチャネル開閉機構
Color tuning and channel gating mechanism of cation-channelrhodopsin GtCCR3
Jinichiro Tabe[1], Shoko Hososhima[1,2], Hideki Kandori[1,2], Satoshi Tsunoda[1,2] ([1]*Graduate School of Engineering, Nagoya Institute of Technology*, [2]*Opto Bio Technology Research Center*)

23. 生命の起源・進化／23. Origin of life & Evolution

1Pos147 Unveiling Calcium's Role in the Emergence of Molecular Chirality
Chen Chen[1], Ruiqin Yi[2], Tony Z. Jia[3] ([1]*Biofunctional Catalyst Research Team, RIKEN Center for Sustainable Resource Science (CSRS)*, [2]*Guangzhou Institute of Geochemistry, Chinese Academy of Sciences*, [3]*Earth-Life Science Institute, Institute of Future Science, Institute of Science Tokyo*)

1Pos148 緑藻類の光応答に及ぼす細胞数と細胞分化の影響
Effects of cell number and cell differentiation on the photo-response of green algae
Daito Seito, Yoshihiro Murayama (*Tokyo University of Agriculture and Technology, Faculty of engineering, Department of Biomedical Engineering*)

1Pos149 最小ゲノム細菌の実験室適応進化
Adaptive laboratory evolution of minimal genome bacterium
Masaki Mizutani[1], Minoru Moriyama[2], Ryuichi Koga[2], Takema Fukatsu[2,3,4], Shigeyuki Kakizawa[2] ([1]*Faculty of Science, Gakushuin University*, [2]*Bioproduction Research Institute, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST)*, [3]*Graduate School of Science, University of Tokyo*, [4]*Graduate School of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba*)

1Pos150 短いランダムな RNA 集団に創発する遺伝の解析
Exploring emergent heritability in short random RNA pools
Jiro Kakizaki[1], Alika Andjani Widada[1], Norikazu Ichihashi[2], Ryo Mizuuchi[1] ([1]*Fac. Sci. Eng., Waseda Univ.*, [2]*Grad. Sch. Arts and Sci. Univ. Tokyo*)

24. 合成生物学・人工細胞／24. Synthetic biology & Artificial cells

1Pos151 膜結合アクトミオシンネットワークによる人工細胞の形態変化
Morphological modification of artificial cell encapsulating membrane-bound actomyosin system
Yusei Sato[1,2], Rieko Sumiyoshi[2], Masahiko Yamagishi[2], Takeshi Haraguchi[3], Kyohei Matsuda[2], Suguru Sato[3], Kohji Ito[3], Junichiro Yajima[2] ([1]*X-star, JAMSTEC*, [2]*Dep. of Life Sci., Grad. Sch. of Arts and Sci., The Univ. of Tokyo*, [3]*Dep. of Biology, Grad. Sch. of Sci., Chiba Uni.*)

1Pos152 DNA で操る合成細胞のアクチン骨格：DNA とタンパク質の橋渡しによる機能拡張
DNA-Regulatable Actin Cytoskeleton in Synthetic Cells: Bridging DNA and Proteins toward Enhanced Functionality
Daichi Nakajima[1], Keita Abe[1], Satoshi Murata[1], Shinichiro M. Nomura[1], Hideaki Matsubayashi[2] ([1]*Department of Robotics, Graduate School of Engineering, Tohoku University*, [2]*Frontier Research Institute for Interdisciplinary Sciences, Tohoku University*)

1Pos153 人工分子の化学修飾による微小管のプログラム可能な配列制御
Programmable Microtubule Arrangement *via* Synthetic Molecular Modification
Kenta Tamaki[1], Hiroto Morita[1], Ryota Iino[2], Takayuki Uchihashi[1] ([1]*Grad. Sch. of Sci., Nagoya Univ.*, [2]*IMS, NINS*)

1Pos154 翻訳因子の持続的な再生産による *in vitro* 自己増殖系の構築
Sustainable regeneration of translation factors toward *in vitro* self-regeneration
Kentaro Shoji[1], Katsumi Hagino[1], Norikazu Ichihashi[1,2,3] ([1]*Department of Life Science, Graduate School of Arts and Science, The University of Tokyo*, [2]*Komaba Institute for Sciences, University of Tokyo*, [3]*Universal Biology Institute, University of Tokyo*)

1Pos155 A Hybrid *In Silico*/In-Cell Controller for Robust Optimization of Microbial Bioprocesses
Katsuyuki Kunida[1,2], Tomoki Ohkubo[2], Yuichi Sakumura[2] ([1]*Department of Computational Biology, School of Medicine, Fujita Health University*, [2]*Data-Driven Biology, Division of Biological Science, Nara Institute of Science and Technology*)

1Pos156 生体制御モジュールを用いたリボソームの人工制御
Artificial regulation of ribosomes using the trans-acting engineered regulatory module
Maho Fujino, Yoshikazu Tanaka, Takeshi Yokoyama (*Grad. Sch. Life Sci., Tohoku Univ.*)

1Pos157 マイクロ流路内での水/水相分離が創り出す細胞サイズ液滴の規則配列
Spontaneous generation of linearly-arranged uniform microdroplets through phase separation in microfluidic channel
Mayu Shono[1], Ken Hirano[2], Akihisa Shioi[3], Kenichi Yoshikawa[4] ([1]*Komaba Institute for Science, Graduate School of Arts and Sciences*, [2]*Health and Medical Research Institute, National Institute of Industrial Science and Technology (AIST)*, [3]*Department of Chemical Engineering and Materials Science, Doshisha University*, [4]*Faculty of Life and Medical Sciences, Doshisha University*)

1Pos158 多細胞様液滴による翻訳と共役した RNA ゲノム複製の空間的分離
Multicell-like communicating droplets enabling spatial control of translation-coupled genomic RNA replication
Hidekazu Sono[1], Keiji Murayama[2], Kensuke Ueda[3], Norikazu Ichihashi[3,4,5], Ryo Mizuuchi[1,6] ([1]*Dept. Elect. Eng. & Biosci., Fac. Sci. & Eng., Waseda Univ.*, [2]*Dept. Biomol. Eng., Grad. Sch. Eng., Nagoya Univ.*, [3]*Komaba Inst. for Sci., Univ. Tokyo*, [4]*Dept. Life Sci., Grad. Sch. Arts & Sci., Univ. Tokyo*, [5]*Universal Biol. Inst., Univ. Tokyo*, [6]*FOREST, JST*)

1Pos159 Organization of multicellular-like liposome structures with specific shapes
Shun Okada, Kan Shoji (*Nagaoka Univwersity of Technology*)

26A. 計算生物学: 生命情報学／26A. Computational biology: Bioinformatics

1Pos160 構造揺らぎを想定した変異体タンパク質のアンサンブルドッキングによる相互作用解析
Interaction analysis by ensemble docking of mutant proteins assuming structural fluctuations
Nobuyuki Uchikoga[1], Yuri Matsuzaki[2] ([1]*Dept. Network Design, Sch. Interdisip. Math. Sci., Meiji Univ.*, [2]*Acad. Leadership, Sci. Tokyo*)

1Pos161 Towards automation in HS-AFM data analysis and interpretation
Romain Amyot, Holger Flechsig (*NanoLSI, Kanazawa University*)

1Pos162 乳がん組織における TP53 ホットスポット変異と発現変動の関連機構
Association between TP53 hotspot mutations and expression alterations in breast cancer tissues
Takaharu Naito, Takanori Sasaki (*Fac. Adv. Math. Sci., Meiji Univ.*)

1Pos163 RNA-seq を用いた相関分析による転移性乳がんの miRNA 予後予測因子の選出
Selection of miRNA Prognostic Factors for Metastatic Breast Cancer by Correlation Analysis Using RNA-seq
Sota Kageyama, Takanori Sasaki (*1. Fac. Adv. Math. Sci., Meiji Univ.*)

1Pos164 内分泌療法による乳がんの予後に関与する効果修飾遺伝子と PPI network 領域の予測
Prediction of effect modifiers and PPI network regions involved in endocrine therapy-induced breast cancer prognosis
Shoya Oba, Takanori Sasaki (*1. Fac. Adv. Math. Sci., Meiji Univ.*)

1Pos165 大規模なデータセットで学習した事前学習モデルを利用したタンパク質・リガンド結合親和性の予測
Predicting protein-ligand binding affinity using pre-trained models on large-scale dataset
Sei Inoue, Tohru Terada (*Dept. of Biotechnol., Grad. Sch. of Agri. and Life Sci., Univ. of Tokyo*)

1Pos166 蛋白質リガンド相互作用の pIC50 の機械学習予測
pIC50 Prediction Using Protein–Ligand Interactions
Shuji Endo, Masanori Yamanaka (*Grad. Sch. Sci. & Tech., Nihon Univ*)

1Pos167 深層学習モデル gr Predictor を用いたタンパク質 2 量体界面の水和分布予測
Predicting the Hydration Structures at the Protein-Protein Interfaces of Dimers using a Deep-Learning Model “gr Predictor
Yuki Ito, **Takashi Yoshidome** (*Dep. of Appl. Phys., Tohoku Univ.*)

1Pos168 Analysis of water dynamics around antifreeze proteins by molecular dynamics simulations
Nao Abe[1], Simon Hikiri[2], Takuya Takahashi[2] ([1]*Grad. Sch. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*, [2]*Coll. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*)

1Pos169 QM/MM Study of the Reaction Mechanism of a SAM-Dependent 3-Amino-3-Carboxypropyl Transferase in Nocardicin Biosynthesis
Masayuki Karasawa[1], Takayoshi Awakawa[2], Takahiro Mori[3,4,5], Ikuro Abe[3,4], Tohru Terada[1,4] ([1]*Dept. of Biotechnol., Grad. Sch. of Agri. and Life Sci., Univ. of Tokyo*, [2]*RIKEN Cent. Sustain. Res. Sci. (CSRS)*, [3]*Grad. Sch. of Pharm. Sci., Univ. of Tokyo*, [4]*Collab. Res. Inst. Innov. Microbiol. (CRIIM)*, [5]*JST PRESTO*)

1Pos170 Elucidating the Binding Pathway of Abltide to Abl Kinase through Enhanced 2D Replica Exchange Molecular Dynamics Simulations
Yichao Wu, Ai Shinobu (*Premium Research Institute for Human Metaverse Medicine (WPI-PRIMe), The University of Osaka*)

1Pos171 Free energy analysis of drug inclusion in polymeric micelles using molecular dynamics simulation
Mai Ukawa[1], Simon Hikiri[2], Takuya Takahashi[2] ([1]*Grad. Sch. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*, [2]*Coll. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*)

1Pos172 BEMM-GEN: A Toolkit for Generating a Biomolecular Environment-Mimicking Model for Molecular Dynamics Simulation
Takunori Yasuda, Rikuri Morita, Yasuteru Shigeta, **Ryuhei Harada** (*CCS, Univ. of Tsukuba*)

1Pos173 Effects of Phosphorylation in the Naturally-Denatured Region of TGIF-1 on Functional Regulation
Madoka Nakatani[1], Simon Hikiri[2], Junichi Higo[3], Takuya Takahashi[2] ([1]*Grad. Sch. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*, [2]*Coll. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*, [3]*Grad. Sch. Info. Sci., Univ. Hyogo*)

1Pos174 Binding Free Energy Analysis of PD-L1 and Macrocyclic Peptide Inhibitors
Hyunji Kim[1], Simon Hikiri[2], Takuya Takahashi[2] ([1]*Grad. Sch. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*, [2]*Coll. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*)

1Pos175 Elucidation of the binding mechanism between botulinum toxin and antibodies through binding free energy analysis
Yuka Maeda[1], Simon Hikiri[2], Takuya Takahashi[2] ([1]*Grad. Sch. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*, [2]*Coll. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*)

1Pos176 アクチンの分子揺らぎに内在する複数の機能運動
Multiple functional motions of actin are embedded in its intrinsic molecular fluctuation
Ryotaro Koike[1], Kei Moritsugu[2], Motonori Ota[1] ([1]*Grad. Sch. Info., Nagoya Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci., Osaka Metro. Univ.*)

1Pos177 MD シミュレーションを用いた膜の伝熱性解析
Analysis of the Thermal Insulation Properties of Lipid Bilayers Using Molecular Dynamics (MD) Simulations
Ayaka Kiyota[1], Yuichi Togashi[1,2] ([1]*Grad. Sch. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*, [2]*RIKEN*)

1Pos178 Molecular Simulation Study on the Conformational Dynamics and Activation Pathway of Melanopsin
Ruisi Zou[1], Kohe Obayashi[2], Hisao Tsukamoto[2], Toshifumi Mori[1,3] ([1]*Grad. Sch. Integr. Sci. & Eng., Univ.kyushu*, [2]*Grad. Sch. Sci., Kobe Univ.*, [3]*Inst. Mater. Chem. & Eng., Kyushu Univ.*)

1Pos179 Investigating Protein Condensation and Ion Contributions with Explicit Solvent Coarse-Grained Models

Yangyang Zhang[1], Cheng Tan[1], Yuji Sugita[1,2] ([1]*RIKEN R-CCS, Kobe, Japan*, [2]*RIKEN PRI, Wako, Japan*)

1Pos180 Neuropsin (KLK8)の触媒活性に対する金属添加効果の計算化学的検討
Effect of metal ion addition on the catalytic activity of Neuropsin (KLK8): a computational study

Masami Lintuluoto[1], Mari Fujimoto[1], Humika Nakamura[1], Souma Kai[1], Yoshifumi Fukunishi[2], Hideki Tamura[3], Jua Mikael Lintuluoro[4] ([1]*Graduate School of Life and Environmental Sciences, Kyoto Prefectural University,*, [2]*Cellular and Molecular Biotechnology Research Institute, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST)*, [3]*Laboratory of Biofunctional Science, Hoshi University School of Pharmacy and Pharmaceutical Sciences*, [4]*Graduate School of engineering, Kyoto University,*)

1Pos181 分子動力学シミュレーションを用いた多剤排出輸送体 MdfA の基質特異性と排出機構の解析
Analysis of substrate specificity and efflux mechanism of the multidrug transporter MdfA using MD simulations

Hodaka Tanabe, Tohru Terada (*Dept. of Biotechnol., Grad. Sch. of Agri. and Life Sci., Univ of Tokyo*)

1Pos182 阻害剤の柔軟性がレセプタータンパク質への結合に与える影響の拡張アンサンブルによる検証
Verification of the effect of ligand and receptor flexibility on inhibitory activity by generalized-ensemble algorithms

Suzuka Saitou[1], Simon Hikiri[2], Junichi Higo[3], Takuya Takahashi[2] ([1]*Grad. Sch. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*, [2]*Coll. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*, [3]*Grad. Sch. Info Sci., Hyogo Univ.*)

1Pos183 計算化学を用いた 2-オキソグルタル酸依存性ジオキシゲナーゼによるオロバンコール環拡大反応の触媒機構の解明
Computational study on the catalytic mechanism of 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase in the ring expansion of orobanchol

Hanting Jiang[1], Takatoshi Wakabayashi[2], Hajime Sato[1], Yoshitaka Moriwaki[1,4], Masato Homma[3], Yukihiro Sugimoto[3], Tohru Terada[1] ([1]*Dept. of Biotechnol., Grad. Sch. of Agri. and Life Sci., Univ. of Tokyo*, [2]*Dept. of Appl. Biol. Chem., Grad. Sch. of Agri. and Life Sci., Univ. of Tokyo*, [3]*Dept. of Biochem., Grad. Sch. of Agri. and Life Sci., Kove Univ.*, [4]*Med. Res. Inst., Inst. of Integr. Res., Science Tokyo.*)

1Pos184 薬剤設計のための AQP7 チャネルへの阻害剤侵入に関するインシリコ解析
In silico analysis of inhibitor intrusion into the AQP7 channel for efficient drug design

Koryo Obata[1], Yasuteru Shigeta[2], Ryuhei Harada[2] ([1]*Grad. Sch. degree programs in life and earth sciences, University of Tsukuba*, [2]*Center for Computational sciences, University of Tsukuba*)

1Pos185 分子動力学を用いた 超音波誘導性の piezo 1 立体構造変化解析
Analysis of ultrasound-induced structure changes in piezo1 using Molecular Dynamics

Yoshio Nakano, Kazuki Arita, Satoka Kasai, Kazumi Yoshizawa, Tsugumi Yamauchi, Daisuke Yamada, Akiyoshi Saitoh, Satoru Miyazaki (*Fac. Pharm. Tokyo Univ. Sci.*)

1Pos186 分子動力学計算による脂質スクランブラーゼ Atg9 の開閉運動における脂質及び水分子の挙動解析
Lipid and Water Dynamics during the Functional Cycle of the Lipid Scramblase Atg9: A Molecular Dynamics Study

Ayaka Shimbo, Takaharu Mori (*Grad. Sci., Tokyo Univ. of Sci.*)

1Pos187 拡散モデルによる全原子シミュレーションからの粗視化力場の学習
Learning coarse-grained force fields from all-atom simulations via diffusion models

Ryounosuke Kouriki, Tsuyoshi Terakawa (*Dept. Biophys., Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*)

1Pos188 AlphaFold と MD シミュレーションによるコラーゲン三重らせん構造の解析
Structural Analysis of Collagen Triple Helices Using AlphaFold and Molecular Dynamics Simulations

Rikuto Noguchi[1], Taiyo Eguchi[1], Aimi Yamashita[1], Kohsuke Adachi[2], Masato Kinoshita[3], Yuuta Moriyama[1], Toshiyuki Mitsui[1] ([1]*Grad. Sch. Sci. and Eng., Aoyamagakuin Univ.*, [2]*Fac. Agr. and Mar. Sci., Kochi Univ.*, [3]*Grad. Sch. Agr., Kyoto Univ.*)

26C. 計算生物学：生体モデリングとシミュレーション／ 26C. Computational biology: Biological modeling and simulation

1Pos189 **細胞の剥離を含む頂点モデルにおける破壊パターンの解析**
Analysis of fracture patterns in a vertex model including detachment of cells
Nozomi Fujita[1], Yuichi Togashi[1,2] ([1]*Grad. Sch. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*, [2]*BDR, RIKEN*)

1Pos190 **粗視化格子モデルによるタンパク質の進化とアロステリック制御**
Coarse-Grained Lattice Modeling of Protein Evolution and Allostery
Jin Kousaka[1,2], Radek Erban[3], Yuichi Togashi[1] ([1]*Graduate School of Life Sciences, Ritsumeikan University*, [2]*Kobe Inst., Riken*, [3]*Mathematical Institute University of Oxford*)

1Pos191 Boosting weak signals with incorrect ligands in the sensory system
Yan-Ru Chen (*Department of Physics, National Central University*)

27. 数理生物学・理論生物学／27. Mathematical & Theoretical biology

1Pos192 **グリオブラストーマ細胞の移動メカニズムを解明するための数理モデリングと解析**
Mathematical modeling and analysis to elucidate the migration mechanism of glioblastoma cells
Hauna Tagawa[1], Daisuke Kanematsu[2], Asako Katsuma[2], Yonehiro Kanemura[2], Yuichi Sakumura[1] ([1]*Graduate School of Science and Technology, Nara Institute of Science and Technology*, [2]*National Hospital Organization Osaka National Hospital*)

1Pos193 Modeling hysteresis in protrusion mechanics during neuronal polarization
Akane Uchida, Naoyuki Inagaki, Yuichi Sakumura (*Graduate School of Science and Technology, Nara Institute of Science and Technology*)

1Pos194 **シグナル伝達系における時間符号化の進化**
Evolution of temporal encoding in signaling network
Thoma Itoh[1,2], Yohei Kondo[3], Kazuhiro Aoki[4], Nen Saito[2] ([1]*Dept. Basic Biol., Grad. Sch. Life Sci., SOKENDAI*, [2]*Grad. Sch. Integrated Sciences for Life, Univ. Hiroshima*, [3]*Grad. Sch. Med., Univ. Nagoya*, [4]*Grad. Sch. Biostudies., Univ. Kyoto*)

1Pos195 Mathematical Modeling and Simulation of Epithelial Wound Closure Dominated by Fingering Instability
Hikaru Emoto, Nen Saito (*Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University*)

1Pos196 Mechanical balance of adhesions mediates chiral collective rotation induced by cell chirality
Ryohei Nishizawa[1,2], Tomoki Ishibashi[1], Goshi Ogita[1], Tatsuo Shibata[1,2] ([1]*BDR, Riken*, [2]*Grad Sch. of FBS., Osaka Univ.*)

28. 生態／環境／28. Ecology & Environment

1Pos197 Multiphase chemistry of bio-related molecules in microdroplets studied aerosol optical tweezers
Yuan-Pin Chang (*Dept. of Chem., National Sun Yat-sen Univ., Taiwan*)

29. 非平衡・生体リズム／29. Nonequilibrium state & Biological rhythm

1Pos198 **非平衡ナノ逆ミセルのテラヘルツ振動凝縮**
Terahertz vibrational condensation in out-of-equilibrium nanoscale reverse micelles
Hiroshi Murakami (*QST*)

1Pos199 ナノ内視鏡 AFM 法を用いた上皮間葉転換による細胞内核膜硬さ変化測定
Nanoendoscopy-AFM based nanomechanical measurements reveal changes in nuclear elasticity during epithelial-mesenchymal transition
Takehiko Ichikawa, Yohei Kono, Makiko Kudo, Takeshi Shimi, Takeshi Fukuma (*NanoLSI, Kanazawa Univ.*)

1Pos200 ナノスケール構造・化学変化ダイナミクス分析のための高速 AFM・顕微ラマン複合装置
High-speed AFM/micro-Raman multimodal system for studying nanoscale conformational and chemical dynamics
Keishi Yang[1], Feng-Yueh Zhan[2], Verma Prabhat[1], Takayuki Uchihashi[2,3], Takayuki Umakoshi[1,4] ([1]*Grad. Sch. Eng., Univ. Osaka*, [2]*Grad. Sch. Sci., Univ. Nagoya*, [3]*ExCELLS*, [4]*Inst. Adv. Co-creation Studies, Univ. Osaka*)

1Pos201 機械学習画像解析を活用した 3 次元バクテリアバイオフィルムの In vivo マイクロレオロジー計測
In vivo microrheological measurement for 3D bacterial biofilm with machine learning image analysis
Takuya Ohmura[1], Dominic J. Skinner[2], Konstantin Neuhaus[3,4], Gary P.T. Choi[5], Jörn Dunkel[6], Knut Drescher[3] ([1]*RIES, Hokkaido Univ.*, [2]*Cent. Comput. Biol., Flatiron Instit.*, [3]*Biozentrum, Univ. of Basel*, [4]*Dept. Phys., Univ. of Marburg*, [5]*Dept. Math., Chinese Univ. of Hong Kong*, [6]*Dept. Math., MIT*)

1Pos202 レーザーマニピュレーション法を用いた超微量ナノポア計測の開発
The development of the ultralow concentration detection using laser manipulation method and nanopore sensing
Masaya Yokono (*Nagaoka Univ. of Tech.*)

1Pos203 酸化物/a-Si:H 積層薄膜による光触媒の作製とフラバン分子を用いた水素生成量の検出システム
Fabrication of photocatalysts based on oxide/a-Si:H stacked thin films and detection system of hydrogen production using flavan molecules
Yuki Sato[1], Kohei Saito[1], Akiko Hinoguchi[1], Hiroshi Masumoto[2], Yutaka Tsujiuchi[1,2] ([1]*Mat. Sci., Akita UNIV.*, [2]*FRIS, Tohoku UNIV.*)

1Pos204 ゲル，紫外可視光変換物質，FLAVAN 分子，半導体，を用いた光照射ダイオード特性制御システム
Light irradiation diode characteristic control system using gels, UV-Visible light converting materials, FLAVAN molecules, semiconductors
Yutaka Tsujiuchi[1,2], Hiroshi Masumoto[2], Yuto Takayama[1], Kohei Saito[1], Akiko Hinoguchi[1] ([1]*Mat. Sci., Akita UNIV*, [2]*FRIS, Tohoku UNIV*)

1Pos205 分子混雑効果が誘起する HIV-1 グアニン四重鎖 RNA の構造不均一性の単一分子レベルの解析
Analysis of structural heterogeneity in HIV-1 G-quadruplex RNA induced by molecular crowding at the single-molecule level
Miyuki Sakaguchi[1], Atsuki Harada[1], Kunihiko Ishii[2,3], Tahei Tahara[2,3], Takuhiro Otosu[1], Shoichi Yamaguchi[1] ([1]*Grad. Sch. Sci. Eng., Saitama Univ.*, [2]*Molecular Spectroscopy Lab., RIKEN*, [3]*RIKEN Center for Advanced Photonics*)

1Pos206 Single power-law rheology of crowded cytoplasm in living cells
Hiroyuki Ebata, **Daisuke Mizuno** (*Department of Physics, Kyushu University*)

1Pos207 抗血清由来プローブを使った IRIS 多色超解像顕微鏡法による内在性の分子複合体の構成
The composition of endogenous molecular complexes by IRIS, multiplexed super-resolution imaging using antiserum-derived probes
Tai Kiuchi[1], Ryouhei Kobayashi[2], Shuichiro Ogawa[1], Louis Elverston[2], Dimitrios Vavylonis[3], Naoki Watanabe[2] ([1]*Grad. Sch. Med., Kyoto Univ.*, [2]*Grad. Sch. Bio., Kyoto Univ.*, [3]*Dept. Phys., Lehigh Univ.*)

1Pos208 Fluorescence lifetime imaging for quantification of subcellular GTP/GDP ratios in mammalian cells
Loan Thi Ngoc Nguyen[1], Cong Quang Vu[2], Satoshi Arai[1,2] ([1]*Div. NanoLSI, Univ. Kanazawa*, [2]*WPI-NanoLSI, Univ. Kanazawa*)

1Pos209 Development of Organelle Heating Technology to Study the Spatiotemporal Dynamics of HSP Expression
Hettimudalige Dilini Nisansala[1], B.M.K.D. Basnayake[1], Takeru Yamazaki[2], Kayoko Nomura[2], Satoshi Arai[1,2] ([1]*Grad. Sch. of Frontier Science Initiative, Division of Nano Life Science, Kanazawa University*, [2]*WPI Nano Life Science Institute (WPI-NanoLSI), Kanazawa University*)

1Pos210 酵素のナノスケール運動観察を目指したラベルフリー高精度一分子イメージングシステムの開発
Label-free high-precision single-molecule imaging system for nanoscale enzyme motion
Masato Sawa[1], Yasushi Okada[1,2,3,4,5] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo*, [2]*Grad. Sch. Med., Univ. Tokyo*, [3]*Kobe Inst., Riken*, [4]*WPI-IRCN, Univ. Tokyo*, [5]*UBI, Univ. Tokyo*)

1Pos211 EMCCD の高精度ノイズモデルを用いた機械学習による細胞の高倍率生物発光イメージングのためのデノイジング
Denoising for high-magnification bioluminescence imaging of cells through machine learning with precise noise modeling of EMCCD
Tetsuichi Wazawa[1], Haiyang Jiang[2], Ryohei Ozaki-Noma[1], Yinqiang Zheng[2], Imari Sato[3], Takeharu Nagai[1] ([1]*SANKEN, Univ of Osaka*, [2]*AI Center, Univ of Tokyo*, [3]*Digital Content and Media Sciences Research, NII*)

1Pos212 高速 AFM を用いた PfDYN2 の膜構造認識に基づくマラリア原虫分裂機構の探究
Investigation of Plasmodium division mechanisms based on membrane recognition by PfDYN2 using high-speed AFM
Hirona Osaka[1], Hiroshi Yamada[2], Kohji Takei[2], Takayuki Uchihashi[1,3] ([1]*Grad. Phys. Sci., Univ. Nagoya*, [2]*Grad. Sch. Med., Dent. and Pharm. Sci., Okayama Univ.*, [3]*ExCELLS*)

1Pos213 ミオシン分子に結合したアクチン線維の超解像顕微像解析
Super-resolution images of actin filaments bound to myosin molecules using a microscope with a home-built illumination system
Daichi Kobayashi, Taiki Tsujimoto, Kuniyuki Hatori (*Graduate School of Science and Engineering, Yamagata University*)

1Pos214 一分子蛍光イメージングを用いた分子シャペロンによるアミロイド脱凝集過程のメカニズムの解明
Amyloid conformation-dependent disaggregation of chaperone revealed by single molecule fluorescent imaging
Yoshiko Nakagawa[1], Shingo Tamai[1], Takashi Nomura[1], Takahiro Nakayama[2], Motomasa Tanaka[1] ([1]*RIKEN, CBS*, [2]*WPI Nano Life Science Institute, Kanazawa University*)

1Pos215 温度ジャンプ高速原子間力顕微鏡の開発と性能評価
Development and characterization of a temperature jump high-speed atomic force microscopy
Mai Tambo, Ayumi Sumino (*Grad. Sch. of biostudies, Kyoto univ.*)

32. バイオエンジニアリング／32. Bioengineering

1Pos216 Load-induced remodeling of mechanosensing proteins in suspended cell sheets
Madoka Suzuki[1], Keiko Kawauchi[2], Hiroaki Machiyama[3], Hiroaki Hirata[4], Shin'ichi Ishiwata[5], Hideaki Fujita[6] ([1]*Inst. Protein Res., Univ. Osaka*, [2]*Fac. Front. Innov. Res. Sci. Technol., Konan Univ.*, [3]*Dept. Immunol., Tokyo Med. Univ.*, [4]*Dept. Life Sci. Biotechnol., Kanazawa Inst. Technol.*, [5]*Fac. Sci. Eng., Waseda Univ.*, [6]*Res. Inst. Radiation Biol. Med., Hiroshima Univ.*)

1Pos217 金ナノ粒子を用いる酸化還元蛋白質の電子移動制御と電気バイオものづくり
Efficacy of uncapped gold nanoparticles for electron transfer to redox proteins and its application for bioproduction
Yasuhiro Mie[1], Chitose Mikami[1], Kentaro Akiyama[2], Yoshiaki Yasutake[1] ([1]*Biomanufacturing Production Res. Ctr., AIST*, [2]*Molecular Biosystems Res. Inst., AIST*)

1Pos218 ARTIFICIAL CONTROL OF A HIGHLY ACTIVATED PLASTIC DEGRADING ENZYME BY PHOTOCHROMIC NANODEVICES
Ateke Yanick Besong, Shota Nishida, Shinsaku Maruta (*Grad.Sch.Sci.Eng., Soka.Univ*)

34. Miscellaneous topics その他／34. Miscellaneous topics

1Pos219 異常拡散系の初期通過問題における系の総数依存性とその役割
The role of population for first passage time problem with anomalous diffusion
Yuta Sakamoto, Takahiro Sakaue (*Aoyama Gakuin University*)

1Pos220 2 点 MSD 解析の基礎と応用
Two-Point MSD Analysis for Eliminating External Motion
Naoya Katayama, Takahiro Sakaue (*Dept. of Phys. Aoyama Gakuin Univ.*)

2 日目（9 月 25 日（木））／Day 2（Sep. 25 Thu.） 14:00 〜 16:00

01A. タンパク質：構造／01A. Protein: Structure

2Pos001 マウスノロウイルスカプシドと細胞レセプター sCD300lf の結合様式の解明
Elucidation of the binding mechanism between murine norovirus capsid and sCD300lf receptor
Kentaro Hiraka[1,2], Reiko Todaka[3], Kei Haga[3], Kazuhiko Katayama[3], Kazuyoshi Murata[1,2] ([1]*ExCELLS, NINS*, [2]*NIPS, NINS*, [3]*Grad. Sch. Infection Control Sci., Kitasato Univ.,*)

2Pos002 細菌の細胞分裂に関与するタンパク質 FtsZ の構造遷移機構の解析
Structural transition mechanism of Bacterial cell division protein FtsZ
Kodai Yamamoto[1], Taichi Takasawa[1], Takumi Oshiro[1], Yoshio Kodera[1,2], Go Watanabe[3], Takashi Matsui[1,2] ([1]*Grad. Sch. Sci., Kitasato Univ.*, [2]*Center for Disease Proteomics, Sch. Sci., Kitasato Univ.*, [3]*Sch. of Front. Eng., Kitasato Univ.*)

2Pos003 溶液 NMR による自然免疫シグナルタンパク質 MyD88 の多量化および相互作用解析
NMR analysis of the interactions of the MyD88 TIR domain in innate immune signaling
Shiho Nukui, Yudai Ito, Kazuki Kasai, Hidehito Tochio (*Dept. of Biol. Sci., Grad. Sch. of Sci., Kyoto Univ.*)

2Pos004 ATR-FTIR 分光法によるアデノシン A2a 受容体のリガンド誘起構造変化解析
Ligand-induced conformational changes in the adenosine A2a receptor probed by ATR-FTIR spectroscopy
Shuma Tajima[1], Kento Watanabe[1], Shota Nakamura[2], Mika Hirose[2], Akitoshi Inoue[3], Takayuki Kato[2], Ryoji Suno[3], Hideki Kandori[1,4], Kota Katayama[1,4] ([1]*Nagoya Institute of Technology Graduate School of Engineering*, [2]*Institute for Protein Research, Osaka University*, [3]*Kansai Medical University*, [4]*Nagoya Institute of Technology OptoBioTechnology Research Center*)

2Pos005 性繊毛 H-Pilus の構造が明らかにした TrhA pilin の環状化
Structural basis of the conjugation H-pilus reveals the cyclic nature of the TrhA pilin
Naito Ishimoto[1,2,3], Joshua Wong[2], Shan Heb[2], Sally Shirranc[4], Olivia Paramio[2], Chloe Seddon[2,3], Nanki Singha[2,3], Carlos Balsalobred[5], Ravi Sonanie[6], Abigail Clements[3], Edward Egelman[6], Gad Frankel[2], Konstantinos Beis[2,3] ([1]*Grad. Sch. Life Sci., Yokohama City Univ.*, [2]*Department of Life Sciences, Imperial College London*, [3]*Rutherford Appleton Laboratory, Research Complex at Harwell*, [4]*Biomedical Sciences Research Complex Mass Spectrometry & Proteomics Facility, University of St Andrews*, [5]*Department de Genètica, Universitat de Barcelona*, [6]*Department of Biochemistry and Molecular Genetics, University of Virginia*)

2Pos006 Structural insights into calcium selectivity of channelrhodopsin CapChR2
Jie Ma[1], Masahiro Fukuda[2], Seiwa Nakamura[3], Seiya Tajima[1], Koichiro Kishi[3], Suhyang Kim[2], Hideaki Kato[1,2,3] ([1]*Graduate School of Science, The University of Tokyo*, [2]*Research Center for Advanced Science and Technology, The University of Tokyo*, [3]*Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo*)

2Pos007 非準等価ウイルスカプシドにおけるサブユニット形状の幾何学的制約
Geometric Constraints on Subunit Shapes in Non-Quasi-Equivalence Viral Capsids
Sakura Homma[1], Seri Nishimoto[2], Tomoya Tendo[3], Kanata Warisaya[2], Hiroki Minami[2], Issei Tanaka[2], Ryuya Toyooka[3], Takashi Horiyama[4], Tomohiro Tachi[3], Yasuhiro Matsunaga[1,5] ([1]*Grad. Sch. Sci. & Eng., Saitama Univ.*, [2]*Grad. Sch. Eng., Univ. Tokyo*, [3]*Grad. Sch. Arts & Sci., Univ. Tokyo*, [4]*Grad. Sch. Fac. Inf. Sci. & Tech., Hokkaido Univ.*, [5]*RIKEN*)

2Pos008 Universal scaling laws linking Dynamics and Folding revealed by AlphaFold Database
Zecheng Zhang[1], Qianyuan Tang[1], Weitong Ren[2], Jun Wang[3] ([1]*Hong Kong Baptist University, HKSAR, China*, [2]*Wenzhou Institute, Univ. Chin. Acad. Sci, China*, [3]*Nanjing University, China*)

2Pos009 クライオ電子顕微鏡を用いた V-ATPase の構造機能解析
Structural and Functional Analysis of V-ATPase Using Cryo-Electron Microscopy
Fuka Ueda[1], Yui Nishida[1], Atsuki Nakano[1], Atsuko Nakanishi[2], Kaoru Mitsuoka[3], Ken Yokoyama[1] ([1]*Grad.Sch. Life Sci., Kyoto Sangyo Univ.*, [2]*IPR, Osaka Univ.*, [3]*Research Center for Ultra-High Voltage Electron Microscopy, Osaka Univ.*)

2Pos010 酵母プリオンタンパク質の構造・細胞表現系相関解析
Structural and Phenotypic Correlation Analysis of Yeast Prion Proteins
Takashi Nomura[1], David Boyer[2], Yusuke Komi[1], Atsushi Yamagata[3], Mikako Shirouzu[3], Carlos Bustamante[4], David Eisenberg[2], Motomasa Tanaka[1,5] ([1]*Wako Inst., Riken*, [2]*Dept. Bio. Chem., UCLA*, [3]*Yokohama Inst., Riken*, [4]*QB3, UC Berkeley*, [5]*Dept. Life Sci. & Tech., TMDU*)

2Pos011 放線菌由来新規プレニル基転移酵素の構造-機能相関の解明
Structure-function relationship of novel prenyltransferase from *Streptomyces* sp. KS84
Takumi Oshiro[1], Shuta Uehara[1], Yoshikazu Tanaka[2], Takuya Ito[3], Yoshio Kodera[1,4], Takashi Matsui[1,4] ([1]*Grad. Sch. Sci., Kitasato Univ.*, [2]*Grad. Sch. Life Sci., Tohoku Univ.*, [3]*Fac. of Pharm., Osaka Ohtani Univ.*, [4]*Center for Disease Proteomics, Sch. Sci., Kitasato Univ.*)

2Pos012 Protein Language Models Capture Evolutionary Trends via Embedding Variation
Yuxiang Zheng, Zecheng Zhang, Qian-Yuan Tang (*Hong Kong Baptist Univ*)

01B. タンパク質：物性（安定性，折れたたみなど）／01B. Protein: Physical property

2Pos013 **時間分解真空紫外円二色性による SDS ミセル結合過程における β-ラクトグロブリンの構造ダイナミクス観測**
Observing structural dynamics of β-Lactoglobulin Binding to SDS Micelle by Time-Resolved Vacuum-Ultraviolet Circular Dichroism
Satoshi Hashimoto[1], Koichi Matsuo[1,2] ([1]*Grad. Sch. Adv. Sci. Eng., Hirosima Univ.*, [2]*HiSOR*)

2Pos014 **ペプチド結合の折り目効果の強化による黄色蛍光タンパク質 Venus の収量増加の試み**
Attempts to increase the yield of the yellow fluorescent protein Venus by enhancing the ORIME effect of a peptide bond
Erika Gunji[1], Manami Suwa[1], Masaru Hoshino[2], Nobuhiro Suzuki[3], Kaori Chiba[1] ([1]*Indust. Eng. Natl. Inst. Tech, Ibaraki Coll. Japan*, [2]*Kyoto Univ. Pharm.*, [3]*NARO*)

2Pos015 **トリプシン様蛋白質分解酵素のプロ領域による立体構造形成の解明**
Propeptide-Mediated Folding of a Trypsin-Like Protease
Kairi Ogawa[1], Nana Sakata[1], Orika Ashida[1], Mitsuhiro Miyazawa[2], Shigeru Shimamoto[1], Yuji Hidaka[1] ([1]*Grad. Sch. Sci. Eng., Univ. Kindai*, [2]*PrevenTec Inc.*)

2Pos016 **変性状態下における BDPA の non-local 相互作用とフォールディング機構の再検討**
Revisiting the Folding Mechanism of BDPA through non-local interactions in the Denatured State
Seiichiro Hayashi[1], Saeko Yanaka[1,2,3], Maho Yagi[1,2,4], Yukiko Isono[1,2], Koichi Kato[1,2,4], Kunihiro Kuwajima[5] ([1]*Institute for Molecular Science, National Institutes of Natural Sciences*, [2]*Exploratory Research Center on Life and Living Systems, National Institutes of Natural Sciences*, [3]*Materials and Structures Laboratory at Institute of Integrated Research, Institute of Science Tokyo*, [4]*Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Nagoya City University*, [5]*Department of Physics, School of Science, University of Tokyo*)

2Pos017 **構造に基づく単純な統計力学モデルを用いた骨形成タンパク質 2 のフォールディング反応過程の予測**
Prediction of the folding process of bone morphogenetic protein 2 using a simple structure-based statistical mechanical model
Yusaku Hirata[1], Koji Ooka[2], Munehito Arai[1,2,3] ([1]*Department of Physics, The University of Tokyo*, [2]*College Arts and Sciences, The University of Tokyo*, [3]*Department of Life Sciences, The University of Tokyo*)

2Pos018 **RNA によるタウ凝集の速度論的解析**
Kinetics of RNA-induced Tau Aggregation
Hiyori Araki, Hide Miyaguchi, Hideyuki Komatsu (*Department of Bioscience and Bioinformatics, Faculty of Systems Engineering and Computer Science,, Kyushu Institute of Technology*)

2Pos019 **がん抑制タンパク質 p53 のアセンブリ形態制御法の確立**
Control of the assembly morphology of the tumor suppressor protein p53
Emi Hibino[1], Reiji Hijikata[1], Haruna Yoshida[1], Hidekazu Hiroaki[1,2,3] ([1]*Grad. Sch. Pharm. Sci., Nagoya Univ.*, [2]*BeCellBar*, [3]*COMIT*)

01C. タンパク質：機能（反応機構，生物活性など）／01C. Protein: Function

2Pos020 Molecular Shape Evolution of the Clock Protein KaiC
Shuji Akiyama[1,2], Yoshihiko Furuike[1,2] ([1]*NINS, IMS*, [2]*SOKENDAI*)

2Pos021 **オワンクラゲ由来蛍光タンパク質における二量体形成の比較**
Comparison of Dimerization Behavior of Fluorescent Proteins from the Jellyfish *Aequorea Victoria*
Yuna Kinoshita, Haruko Hosoi (*Grad. Sch. Sci., Toho Univ.*)

2Pos022 グライコプロテオミクスのための *O*-glycoprotease IMPa 活性部位付近の相互作用解析
Analysis around the Active Site of *O*-glycoprotease IMPa for Glycoproteomics
Hiromitsu Shimoyama, Tomoaki Tamano, Issaku Yamada (*The Noguchi Institute*)

2Pos023 Functional and Structural Analyses on Clock Protein KaiC to Identify the Essential Step for the Temperature Compensation
Kanta Kondo[1,2], Yoshihiko Furuike[1,2], Kota Horiuchi[1,2], Yasuhiro Onoue[2], Shuji Akiyama[1,2] ([1]*SOKENDAI*, [2]*IMS*)

2Pos024 シトクロム P450 還元酵素におけるフラビン補因子の還元によるアロステリック応答の分子動力学解析
Molecular dynamics analysis of the allosteric response to reduction of flavin cofactors in cytochrome P450 reductase
Mikuru Iijima, Mitsunori Takano (*Grad. Scl. of Adv. Sci. & Eng., Waseda Univ.*)

2Pos025 一本鎖抗体の活性に対する大腸菌外膜タンパク質 OmpF の効果
Effect of Escherichia coli outer membrane protein, OmpF, on the activity of single-chain variable fragments
Keiko Okano, Anna Ogi, Takao Izuka, Toshiyuki Okano (*Department of Electrical Engineering and Bioscience, School of Advanced Science and Engineering, Waseda University*)

2Pos026 時計タンパク質 KaiC における第三の周期調節部位
The third period-regulating site in the clock protein of KaiC
Kota Horiuchi[1,2], Yoshihiko Furuike[1,2], Kumiko Ito-miwa[3], Shuji Akiyama[1,2] ([1]*Institute for Molecular Science*, [2]*SOKENDAI*, [3]*Nagoya University*)

2Pos027 Time-Resolved Study of Light Intensity-Dependent Clustering Dynamics of TePixD
Chihiro Aramoto[1], Yusuke Masuda[1], Shunro Tokonami[2], Masahide Terazima[1], Yusuke Nakasone[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Kyoto University*, [2]*Grad. Sch. Sci., Gakushuin University*)

2Pos028 細菌膜内切断プロテアーゼ RseP の基質結合構造と光架橋解析から提案する基質ドッキング機構
Substrate docking mechanism of intramembrane protease RseP revealed by the substrate-bound cryoEM structure and photocrosslinking analysis
Yosuke Shimizu[1], Tatsuya Kobayashi[1], Kikuko Asahi[2], Terukazu Nogi[2], Yoshinori Akiyama[1], **Yohei Hizukuri[1]** ([1]*Inst. Life Med. Sci., Kyoto Univ.*, [2]*Grad. Sch. Med. Life Sci., Yokohama City Univ.*)

01D. タンパク質：計測・解析の方法論／01D. Protein: Measurement & Analysis

2Pos029 ナノ秒蛍光相関分光法を用いたタンパク質と RNA の高速ダイナミクスの観測
Ultrafast dynamics of protein and RNA investigated by nanosecond fluorescence correlation spectroscopy
Yuji Itoh[1,2], Yutaka Sano[1,2], Ibuki Soshino[1,2], Shrutarshi Mitra[1,2], Divya Rajendran[3], Athi N. Naganathan[3], Satoshi Takahashi[1,2] ([1]*Grad. Sch. Sci., Tohoku Univ.*, [2]*IMRAM*, [3]*IIT Madras*)

2Pos030 酸化 LDL の高感度検出を目指したバイオセンサーの合成研究
Synthetic study of biosensors for measurement of oxidized LDL
Takahisa Hiruma, Ryota Kumakura, Seiji Takeda (*Pharm. Sci., Hokkaido Univ. of Sci.*)

2Pos031 酵素反応を用いたタンパク質の部位特異的蛍光色素ラベル化法の開発
Development of site-specific fluorophore labeling to target protein by using enzymatic reactions
Ai Hanano[1,2], Saori Kanbayashi[1], Cassidy Schmitt[1], Hiroyuki Oikawa[3], Tateki Suzuki[4], Takao Hashiguchi[4], Yuji Itoh[1,2], Satoshi Takahashi[1,2] ([1]*Institute of Multidisciplinary Research for Advanced Materials, Tohoku University*, [2]*Graduate School of Life Sciences, Tohoku University.*, [3]*Molcure Inc*, [4]*Institute for Life and Medical Sciences, Kyoto University*)

2Pos032 分子動力学計算とニューラルネットワークの連携による生体分子小角散乱プロファイルの解析
Interpretation of small-angle scattering profiles of biomolecules by molecular dynamics simulation and neural networks
Masahiro Shimizu (*KURNS, Kyto Univ.*)

2Pos033 AlphaFold3 を用いた AFM 画像から 3 次元立体構造の高速な再構築手法
Rapid Reconstruction of Atomic 3D Configurations from an AFM image by AlphaFold3
Tsuyoshi Kawai, Yasuhiro Matsunaga (*Grad. School. Sci. Eng., Univ. Saitama*)

01E. タンパク質：タンパク質工学／進化工学／01E. Protein: Engineering

2Pos034 The development of AMP-based antibiotics for drug-resistant Gram-negative bacteria
Wei Chun Weng, Kaori Sugihara (*Institute of Industrial Science, The University of Tokyo*)

2Pos035 Development of red-color fluorescence lifetime biosensors for quantification of ATP levels in living cells
Tri Minh Phan[1], B.M.K.D Basnayake[1], Quang Vu Cong[2], Satoshi Arai[1,2] ([1]*Graduate School of Frontier Science Initiative, Division of Nano Life Science, Kanazawa University*, [2]*WPI Nano Life Science Institute (WPI-NanoLSI), Kanazawa University*)

2Pos036 タンパク質工学を利用した人工セルロソームの構築とセルロース分解の効率化
Construction of an artificial cellulosome using protein engineering toward improvement of cellulose degradation
Momoka Takazawa, Koki Kamiya (*Grad. Sch. Sci. & Tech., Gunma Univ.*)

2Pos037 De novo design of sensor proteins: calcium-binding protein
Rie Tatsumi, Nobuyasu Koga (*IPR, Univ. Osaka*)

2Pos038 遺伝子にコードされた蛍光バイオセンサーのためのモジュール型設計戦略：VEGF 検出への応用
Modular design strategy for genetically-encoded fluorescent biosensors: Application to VEGF Detection
Momoko Oya[1,2], Ryohei Ozaki-Noma[1], Tetsuichi Wazawa[1], Kazunori Sugiura[1], Mitsuru Hattori[1], Masataka Michigami[3], Daisuke Fujiwara[3], Ikuo Fujii[3], Takeharu Nagai[1] ([1]*SANKEN, The Univ. of Osaka*, [2]*Grad. Sch. Pharm. Sci., The Univ. of Osaka*, [3]*Grad. Sch. Sci., Osaka Metropolitan Univ.*)

01F. タンパク質：天然変性／01F. Protein: Intrinsic disorder

2Pos039 FUS タンパク質の天然変性領域と RNA の相互作用機構の解明
Unveiling the Interaction Mechanism between a FUS Intrinsically Disordered Region and RNA by Molecular Dynamics Simulation
Yoshie Iijima, Soichiro Kijima, PhuocDuy Tran, Akio Kitao (*Grad. Sch. Life Sci. and Tech., Science Tokyo*)

2Pos040 TIA1 の自己集合における核酸の寄与の解明
Investigating the contribution of nucleic acids to the self-assembly of TIA1
Anupap Chauyjaroensuk[1], Naotaka Sekiyama[1], Aya Ogino[2], Hiroki Konno[3], Hidehito Tochio[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*, [2]*Grad. Sch. of Nat. Sci. & Technol., Kanazawa Univ.*, [3]*WPI Nano Life Sci. Inst. (WPI-Nano LSI), Kanazawa Univ.*)

2Pos041 実験とシミュレーションによる Hero 蛋白質のヘリックス形成の研究
The α-Helix Formation of Hero Proteins Studied by Experiments and Simulations
Takao Yoda[1], Ai Niitsu[2], Cheng Tan[3], Naoya Tochio[2], Haeri Im[3,4], Takanori Kigawa[2], Jaewoon Jung[3,4], Yuji Sugita[3,4] ([1]*Nagahama Institute of Bio-Science and Technology*, [2]*RIKEN IMS*, [3]*RIKEN R-CCS*, [4]*RIKEN PRI*)

2Pos042 超音波照射を用いた夾雑環境下における α-シヌクレインシードの高感度検出
Ultrasonic Cavitation Enhances Selective Detection of α-Synuclein Amyloid Fibrils from a Crowded Environment
Tomoki Ota, Kichitaro Nakajima, Keiichi Yamaguchi, Yuji Goto, Hirotsugu Ogi (*Grad. Sch. Eng., Osaka Univ.*)

02. ヘムタンパク質／02. Heme proteins

2Pos043 **脱窒タンパク質超分子複合体の可溶化条件の最適化**
Optimization of Solubilization Conditions for suparmolecular complex of denitrification proteins
Sara Tanibayashi (*Grad. Sch. Sci., Univ. Hyogo*)

2Pos044 **オリゴマー型アロステリック蛋白質の機能に於ける両親媒性溶質の影響 - 疎水性相互作用の役割**
Effect of Amphipathic Solutes on the Function of an Oligomeric Allosteric Protein - Role of Hydrophobic Interactions
Antonio Tsuneshige[1,2], Takehiko Haga[2] ([1]*Frontier Bioscience, HOSEI UNIVERSITY*, [2]*Micro-Nano Tech. Ctr., HOSEI UNIVERSITY*)

03. 膜タンパク質／03. Membrane proteins

2Pos045 **オレキシン受容体 2 の C 末端 IDR と受容体コアドメインとの分子内相互作用に関する溶液 NMR 解析**
Solution NMR Analysis of the Intramolecular Interaction between the C-terminal IDR and the Receptor Core Domain of Orexin Receptor 2
Riki Kato[1], Yuki Kanazaki[1], Ken-Ichi Akagi[2], Yohei Miyanoiri[2], Kayo Imamura[1], Hidehito Tochio[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. Kyoto*, [2]*Inst. Protein Research, Univ. Osaka*)

2Pos046 **抗体を用いた膜結合型 CLIC1 を標的としたモノクローナル抗体の作製と機能解析**
Development of Monoclonal Antibodies Specifically Targeting Membrane-bound CLIC1 and Their Functional Characterization
Kazuki Imai[1,2], Ayana Yamagishi[1,2], Masumi Iljima[3], Chikashi Nakamura[1,2] ([1]*Grad. Sch. Eng., Tokyo Univ. Agric. Technol.*, [2]*CMB, AIST*, [3]*Fac. Appl. BioSci., Tokyo Univ. of Agri.*)

2Pos047 **多剤排出トランスポーター EmrE の pH 依存的基質結合駆動力変換には Asp84 が関与する**
Asp84 Is Involved in the pH-Dependent Driving Force Conversion for Substrate Binding in the Multidrug Efflux Transporter EmrE
Kazumi Shimono[1], Daisuke Takahashi[1], Shuichi Miyamoto[1], Seiji Miyauchi[2] ([1]*Fac. Pharm. Sci., Sojo Univ.*, [2]*Fac. Pharm. Sci., Toho Univ.*)

2Pos048 Allosteric Effects of Sodium Binding on the κ-Opioid Receptor Revealed by FTIR Spectroscopy
Ryo Nishikawa[1], Seiya Iwata[1], Shun Yokoi[2], Ryoji Suno[3], Chiyo Suno-Ikeda[3], Ayori Mitsutake[2], Takuya Kobayashi[3], Hideki Kandori[1,4], **Kota Katayama[1,4]** ([1]*Grad. Sch. Engi. Univ. Nagoya. Inst.*, [2]*Grad. Sch. Phys. Univ. Meiji*, [3]*Grad. Sch. Med. Univ. Kansai. Med.*, [4]*OptBioTech. Res. Cent. Univ. Nagoya. Inst.*)

04. DNA・DNA 結合タンパク質／04. DNA & DNA binding proteins

2Pos049 **分子動力学シミュレーションを用いた CRISPR Type I-C における DNA 切断前後のダイナミクスの違い**
Molecular dynamics simulation study of the differences in dynamics before and after DNA cleavage in CRISPR Type I-C
Ryusei Haruna[1], Yoshihiro Kashiyama[1], Ryota Kiyooka[1], Shota Shimogoochi[1], Naoyuki Miyashita[1,2] ([1]*Grad. Sch. BOST, KINDAI Univ.*, [2]*BOST KINDAI Univ.*)

2Pos050 Advancing Biophysical Protein-DNA Interaction and Dynamics Studies Through Enhanced Sampling
Mohamed Marzouk Sobaih, Ai Shinobu (*Premium Research Institute for Human Metaverse Medicine (WPI-PRIMe), The University of Osaka*)

2Pos051 高速 AFM を用いた ATP 依存的な Smc5/6 の構造ダイナミクスの可視化
ATP dependent dynamics of Smc5/6 by high-speed atomic force microscopy
Kenichi Umeda[1,2], Yumiko Kurokawa[3], Yasuto Murayama[3], Noriyuki Kodera[1] ([1]*Nano Life Science Institute, Kanazawa University*, [2]*PRESTO/JST*, [3]*Department of Chromosome Science, National Institute of Genetics*)

05. RNA・RNA 結合タンパク質／05. RNA & RNA binding proteins

2Pos052 NMR による α-シヌクレインと G4RNA の相互作用メカニズム解析
NMR study of the interaction between α-Synuclein and G4RNA
Yiran Chen[1], Yasushi Yabuki[2], Norifumi Shioda[2], Hidehito Tochio[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. Kyoto*, [2]*IMEG, Univ. Kumamoto*)

2Pos053 Valosin-containing protein behaved like an ATPase for FUS granules
Hitomi Kimura[1,2], Shin-ichi Tate[1,2,3], Kyota Yasuda[1,2,3] ([1]*Department of Mathematical and Life Sciences, Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University*, [2]*International Institute for Sustainability with Knotted Chiral Meta Matter*, [3]*Research Center for the Mathematics on Chromatin Live Dynamics*)

06. DNA/RNA ナノテクノロジー／06. DNA/RNA nanotechnology

2Pos054 DNA 液滴の個数制御された分裂を実現する酵素カスケード反応
Enzymatic cascade reactions for number-controlled division of DNA droplets
Tatsumi Sakuma[1], Tomoya Maruyama[2], Masahiro Takinoue[1,2,3] ([1]*Department of Life Science and Technology, Institute of Science Tokyo*, [2]*Research Center for Autonomous Systems Materialogy, Institute of Integrated Research, Institute of Science Tokyo*, [3]*Department of Computer Science, Institute of Science Tokyo*)

2Pos055 核酸増幅システムの特性検証
Characterization of Responsive Nucleic Acid Amplification systems
Ken Komiya[1], Chizuru Noda[1], Takashi Nakakuki[2] ([1]*X-star, JAMSTEC*, [2]*Faculty of Comp. Sci. & Sys. Engi., Kyutech*)

2Pos056 酵素反応によって活性化された DNA 凝集体
Active DNA condensates coupled with enzymatic reactions
Tomoya Maruyama[1], Masahiro Takinoue[1,2] ([1]*Research Center for Autonomous Systems Materialogy, Institute of Integrated Research, Institute of Science Tokyo*, [2]*Department of Computer Science, Institute of Science Tokyo*)

2Pos057 PEG-mediated regulation of DNA droplets: Stabilization with bulk PEG and transition to vesicle-like structures via DNA-PEG conjugates
Naoki Yoshida[1], Mayu Shono[2], Kenichi Yoshikawa[3], Masahiro Takinoue[1,4,5] ([1]*Sch. Life Sci. & Tech., Science Tokyo*, [2]*Grad. Sch. Art. & Sci., Univ. Tokyo*, [3]*Self-organization Sci. Res. Ctr., Doshisha Univ.*, [4]*Sch. Comp., Science Tokyo*, [5]*ASMat, IIR, Science Tokyo*)

07. 核酸：その他／07. Nucleic acid: Others

2Pos058 **サブテラヘルツ波照射が DNA 塩基対の形成に与える影響の溶液 NMR 研究**
Investigation of sub-terahertz irradiation effects on DNA base pair formation by solution NMR
Yuji Tokunaga[1], Koh Takeuchi[1], Hiromichi Hoshina[2], Masahiko Imashimizu[3] ([1]*Grad. Sch. Pharm. Sci., UTokyo*, [2]*RIKEN Center for Advanced Photonics*, [3]*CMB, AIST*)

2Pos059 **ポリアミンによる遺伝子発現活性の温度依存性**
Temperature dependence of gene expression activity in the presence of polyamines
Shotaro Kato[1], Takashi Nishio[1,2], Yuko Yoshikawa[1], Koichiro Sadakane[1], Kenichi Yoshikawa[1] ([1]*Grad. Sch. Life and Med Sci., Doshisha Univ.*, [2]*MolBis, AIST*)

08. クロマチン・染色体／08. Chromatin & Chromosomes

2Pos060 **Hi-C コンタクトマップのスペクトル分解解析**
Spectral decomposition analysis of Hi-C contact maps
Ai Ito, Takahiro Sakaue (*Aoyama Gakuin University*)

2Pos061 **クロマチンドメインの熱力学的サイズ制限について**
Thermodynamic size limits in chromatin domains
Fujishiro Shin (*FIFC, Kyoto Univ.*)

2Pos062 **複製依存的ヒストン標識（Repli-Histo 標識）を用いて明らかにする，ヒト生細胞内のユークロマチン・ヘテロクロマチンのふるまい**
Replication-dependent histone (Repli-Histo) labeling dissects the physical properties of euchromatin/heterochromatin in living human cells
Katsuhiko Minami[1,2], Kako Nakazato[1,2], Satoru Ide[1,2], Kazunari Kaizu[3,4], Koichi Higashi[2,5], Sachiko Tamura[1], Atsushi Toyoda[6], Koichi Takahashi[3], Ken Kurokawa[2,5], Kazuhiro Maeshima[1,2] ([1]*Genome Dynamics Laboratory, NIG*, [2]*SOKENDAI*, [3]*Laboratory for Biologically Inspired Computing, RIKEN BDR*, [4]*Cell Modeling and Simulation Group, ExCELLS*, [5]*Genome Evolution Laboratory, NIG*, [6]*Comparative Genomics Laboratory, NIG*)

10. 水・水和／電解質／10. Water & Hydration & Electrolyte

2Pos063 **水中でのタンパク質分子間結合の高速計算に向けた GBSA 陰溶媒モデルの精査**
Scrutiny of GBSA implicit solvent model for fast simulation of protein-protein binding in water
Fangqian Wei, Yukinari Kamiyama, Wataru Moriya, Mitsunori Takano (*Grad. Scl. of Adv. Sci. & Eng., Waseda Univ.*)

2Pos064 **長距離静電相互作用のカットオフ計算で生じる水の層状構造：格子スピン模型による検証**
The electrostatic problem of water revisited: Strange layer structure emerging from the truncated long-range interactions
Yoshiteru Yonetani (*National Institutes for Quantum Science and Technology (QST)*)

2Pos065 **機械学習による過冷却水のローカル構造と水素結合エネルギーの解析**
Machine-Learning Analysis of Local Structural Motifs and Hydrogen-Bond Energetics in Supercooled Water
Taku Mizukami[1], Nguyen Viet Cuong[3], Dam Hieu Chi[2] ([1]*Japan Advanced Institute of Science and Technology, Materials Science*, [2]*Japan Advanced Institute of Science and Technology, Knowledge Science*, [3]*HPC Systems*)

11. 分子遺伝・遺伝情報制御／11. Molecular genetics & Gene expression

2Pos066 *Atoh1* 依存的な遺伝子ネットワーク構築に向けたドライ解析
In silico prediction of *Atoh1*-dependent gene networks using target genes of *lin-32, a homolog of Atoh1,* in *Caenorhabditis elegans*
Saki Imamura[1], Sayaka Hori[2] ([1]*Graduate School of Humanities and Sciences, Nara Women's University*, [2]*Faculty Division of Natural Sciences, Nara Women's University*)

12. 発生・分化／12. Development & Differentiation

2Pos067 高速 AFM による Afamin–Wnt3a 相互作用と動態の解明
Unveiling Afamin–Wnt3a interactions and dynamics using high-speed AFM
Hikaru Ichida[1], Kosuke Mizuno[1,3], Amyot Romain[2], Flechsig Holger[2], Satoshi Toda[3], Noriyuki Kodera[2] ([1]*Grad. Sch. NanoLS., Kanazawa Univ*, [2]*WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.*, [3]*Institute for Protein Research, Osaka Univ.*)

2Pos068 神経分化における細胞内の発熱が関与する転写機構の解明
Elucidation of the Transcriptional Mechanisms Involving Intracellular Heat Generation in Neural Differentiation
Yukiho Shimazaki[1,2], Kohki Okabe[3], Yoshie Harada[4,5] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. Osaka*, [2]*IPR, Univ. Osaka*, [3]*Grad. Sch. Pharm. Sci., Univ. Tokyo*, [4]*WPI-PRIMe, Univ. Osaka*, [5]*QIQB, Univ. Osaka*)

2Pos069 赤血球可視化ゼブラフィッシュを用いた血液循環における物理量評価
Quantitative Analysis of Hemodynamic Parameters in Blood Circulation Using Red Blood Cell-Visualized Zebrafish
Yusei Inoue, Mana Okada, Toshiyuki Mitsui, Yuuta Moriyama (*Grad. Sch. Sci. and Eng., Aoyamagakuin Univ*)

13. 筋肉（筋蛋白質・収縮）／13. Muscle

2Pos070 重合阻害物質を用いた短いアクチンフィラメントの構造解析
Structural analysis of short actin filaments using polymerization inhibitors
Yuta Arimura, Takuo Yasunaga (*Grad. Sch. Comp. Sci. & Eng., Kyutech*)

14. 分子モーター／14. Molecular motor

2Pos071 アミロライド誘導体フェナミルがビブリオ菌べん毛モーター固定子のナトリウムイオン輸送を阻害する分子機構
Inhibition mechanism of phenamil, an amiloride derivative of sodium channel inhibitor, for the rotation of the *Vibrio* flagellar stator
Tatsuro Nishikino[1,2], Norihiro Takekawa[3], Jun-ichi Kishikawa[4], Mika Hirose[5], Seiji Kojima[6], Michio Homma[7], Takayuki Kato[5], Katsumi Imada[3] ([1]*Dep. of Life Sci. and Applied Chem., Nagoya Inst. of Tech.*, [2]*OptoBioTech. Res. Cent., Nagoya Inst. of Tech.*, [3]*Dept. of Macromol. Sci., Grad. Sch. of Sci., Osaka Univ.*, [4]*Dep. of Applied Bio., Kyoto Inst. of Tech.*, [5]*Inst. for Protein Res., Univ. of Osaka*, [6]*Dep. of Bio. Sci., Grad. Sch. of Sci., Nagoya Univ.*, [7]*Dep. of Biomole. Eng., Grad. Sch. of Eng., Nagoya Univ*)

2Pos072 Design and Development of a Novel Photoswitchable Inhibitor Targeting Mitotic Kinesin Eg5
Nur Fatin Liyana Binti Salwadi[1], Islam Md Alradzi[2], Shinsaku Maruta[2] ([1]*Grad. Sch. Sci. Eng., Soka Univ.*, [2]*Sch. Sci. Eng., Soka Univ.*)

2Pos073 Loop-tethered kinesin-14 reveals factors underlying motility and directionality
Taisei Sano, Rieko Sumiyoshi, Masahiko Yamagishi, Junichiro Yajima (*Grad. Arts & Sci., Univ. Tokyo*)

2Pos074 混雑環境下におけるキネシンの動態解析のためのマイクロレオロジー計測
Micro-rheology measurement for dynamic analysis of kinesin in crowded environments
Gai Ohashi[1], Takeshi Yokoyama[2], Takayuki Ariga[1] ([1]*Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University*, [2]*Graduate school of life science, Tohoku University*)

2Pos075 変異体解析による海洋性ビブリオ菌側べん毛固定子 MotA/MotB 複合体活性化の探求
Mutational analysis to explore activation of the *Vibrio alginolyticus* lateral flagellar stator, MotA/MotB complex
Kazuki Yokoyama[1], Michio Hommma[2], Norihiro Takekawa[3], Seiji Kojima[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Nagoya Univ*, [2]*Grad. Sch. Eng*, [3]*Grad. Sch. Sci*)

2Pos076 細菌べん毛モーターにおける固定子 MotB の N 末端へのタンパク質融合はローター-固定子相互作用を阻害する
Inhibition of rotor-stator interaction by protein fusion to the N-terminus of the stator protein MotB in the bacterial flagellar motor
Yumiko Uchida, Akihiko Ishijima, Hajime Fukuoka (*Grad. Sch. Front. Biosci., Univ. Osaka*)

2Pos077 バクテリアべん毛モーターの回転データにおける揺らぎ評価手法の開発
Development of a method for evaluating fluctuations in rotational data of bacterial flagellar motors
Kenta Takemori, Yusuke V. Morimoto (*Grad. Sch. Comput. Sci. and Syst. Eng., Kyushu Inst. Tech*)

2Pos078 微小管 C 末端 Tail の伸長と単量体 KIF1A の微小管結合の分子動力学解析
Molecular Dynamics Analysis on the Extension of C-terminal Tail of Tubulin and Monomeric KIF1A Binding to Microtubule
Koki Adachi, Mitsunori Takano (*Grad. Scl. of Adv. Sci. & Eng., Waseda Univ.*)

2Pos079 Unveiling the N-type ATPase: A Hidden Player in the Rotary ATPase Family
Hiroshi Ueno, Atsuki Nakano, Tatsuaki Matsui, Hiroyuki Noji (*Grad. Sch. Eng., Univ. Tokyo*)

2Pos080 ミオシンの 2D 投影像の深層学習による構造分類に関する研究
Deep Learning-Based Structural Classification of Myosin from 2D Projection Images
Hikaru Iwasaki, Hitomi Wada, Takuo Yasunaga (*Grad. School. Comp. Sci. Syst., KIT*)

15A. 細胞生物学的課題：接着／15A. Cell biology: Adhesion

2Pos081 蛍光顕微鏡と AFM を併用した細胞-基質接着間構造の解析
Analysis of cell–substrate adhesion structures by combined fluorescence microscopy and atomic force microscopy
Shun Sato, Shinji Deguchi (*Grad. Sch. Eng. Sci., The Univ. of Osaka*)

2Pos082 高速原子間力顕微鏡を用いた液中における Notch レセプターと Delta リガンドの構造解析
Structural analysis of Notch receptor and Delta ligand in solution using high-speed atomic force microscopy
Shigetaka Nishiguchi (*Kansai Center, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology*)

15B. 細胞生物学的課題：運動／15B. Cell biology: Motility

2Pos083 微小管結合 RhoGEF である GEF-H1 の *in vitro* 動態解析
In vitro kinetic analysis of microtubule-binding RhoGEF, GEF-H1
Tatsuki Kondo[1], Yukako Nishimura[1], Taketoshi Kambara[2], Kaori Kuribayashi-Shigetomi[3], Yasushi Okada[2,4,5], Fumio Motegi[1] ([1]*Inst. Gen. Med., Hokkaido Univ.*, [2]*RIKEN, BDR*, [3]*Inst. Adv. Grad. Edu., Hokkaido Univ.*, [4]*Grad. Sch. Sci., Tokyo Univ.*, [5]*Grad. Sch. Med., Tokyo Univ.*)

2Pos084 細菌べん毛モーターにおける固定子ユニットへの FliL 結合の定量化
Characterising the stoichiometry of FliL binding to stator units in bacterial flagellar motors
Momoka Kumagai[1], Tomoya Shoji[1], Tsubasa Ishida[2], Naoki Hidaka[2], Yong-Suk Che[4], Yumiko Uchida[4], Hajime Fukuoka[4], Akihiko Ishijima[4], Yoshiyuki Sowa[1,2,3] ([1]*Grad. Frontier Biosci., Hosei Univ*, [2]*Res. Cent. Micro-nano Tech., Hosei Univ*, [3]*Dept. Frontier Biosci., Hosei Univ*, [4]*Grad. Frontier Biosci., Osaka Univ*)

2Pos085 単一微生物の活発な運動を追跡するための広視野顕微鏡法
Wide-field microscopy for tracking active locomotion of single microorganisms
Kaname Kuroda, Seiichiro Kinoshita, Masayoshi Nishiyama (*Grad. Sch. Sci. Eng., Kindai Univ.*)

2Pos086 多孔質培地中における周毛性細菌の運動性
Motility of peritrichous bacteria in porous media
Naoki Kanda, Shuichi Nakamura (*Grad. Sch. Eng., Tohoku Univ.*)

2Pos087 サルモネラにおける cAMP 濃度と運動能の相関の計測
Measurement of the correlation between cAMP levels and motility in *Salmonella* cells
Keisuke Sakai, Yusuke V. Morimoto (*Grad. Sch. Comp. Sci. and Syst. Eng., Kyushu Inst. Tech.*)

2Pos088 高圧力下にある哺乳類精子細胞の鞭毛運動の直接観察
Direct observation of flagellar motility in mammalian sperm cells at high pressure
Koji Matsuura[1], Yuka Asano[1], Masatoshi Morimatsu[2], Yuhkoh Satouh[3], Toshiki Yagi[4], Keiji Naruse[2], **Masayoshi Nishiyama**[5] ([1]*Okayama Univ. Sci.*, [2]*Grad. Sch. Med. Dent. Pharm. Sci., Okayama Univ.*, [3]*Gunma Univ.*, [4]*Pref. Univ. Hiroshima*, [5]*KINDAI Univ.*)

2Pos089 イオンチャネル領域に変異を持つキメラ固定子複合体 PomA/PotB の機能解析
Mutational analysis of the ion channel region of PomA/PotB, a chimeric stator of bacterial flagellar motor
Kaito Nagano (*Grad.Sch.Sci.,Osaka Univ.*)

15C. 細胞生物学的課題：細胞骨格・膜骨格／15C. Cell biology: Cytoskeleton & Membrane skeleton

2Pos090 *Spiroplasma* 由来の MreB を発現した Syn3B 破砕液を内包したリポソームの形態変化
Deformation of Liposomes by Encapsulation of Syn3B expressing *Spiroplasma* MreB
Ikuko Fujiwara[1], Takahiro Mitani[1], Taiki Nishimura[1], Hana Kiyama[2], Ali Ahsan[2], Mone Mimura[2], Satoshi Kanamori[2], Hideaki Matsubayashi[3], Masahito Hayashi[4], Kingo Takiguchi[5], Makoto Miyata[2] ([1]*Materials Sci. & Bioeng., Nagaoka Univ. of Tech.*, [2]*Grad. Sch. Sci., OMU*, [3]*FRIS, Tohoku Univ.*, [4]*UBI, UTokyo*, [5]*Grad. Sch., Nagoya Univ.*)

2Pos091 Regulation of Epithelial Homeostasis by Stretch and Cell Density
Rosario Ibanez[1], Honghan Li[2], Shinji Deguchi[1] ([1]*Osaka University, Graduate School of Engineering Sciences, Deguchi Laboratory*, [2]*University of Science and Technology Liaoning, School of Computer Science and Software Engineering*)

2Pos092 直接の力学摂動に対する微小管とアクチン骨格の構造応答
Structural response of microtubule and actin cytoskeletons to direct intracellular load
Ryota Orii, Hirokazu Tanimoto (*Yokohama City Univ.*)

2Pos093 機械的ストレス下における微小管束の粘弾性応答
Viscoelastic Behavior of Microtubule Bundles Under Mechanical Stress
Syeda Rubaiya Nasrin[1], Marie Tani[1], Gadiel Saper[2], Masatoshi Ichikawa[1], Ibuki Kawamata[1], Henry Hess[2], Akira Kakugo[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*, [2]*Dept. Biomed. Engg. Columbia Univ.*)

2Pos094 Actin Network Morphogenesis: From Spots to Rings and Interconnected Bundles
Vivek Semwal, Biplab Bhattacherjee, Tatsuo Shibata (*RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research Laboratory for Physical Biology*)

2Pos095 電子顕微鏡による細胞性粘菌の多細胞体における細胞間構造の可視化
Intercellular structures in the multicellular body of *Dictyostelium discoideum* visualized by electron microscopy
Yuki Gomibuchi, Yusuke V. Morimoto, Takuo Yasunaga (*Grad. Sch Comp. Sci and Sys. Eng., Kyushu Inst. Tech.*)

15D. 細胞生物学的課題：情報伝達・細胞膜／15D. Cell biology: Signal transduction & Cell membrane

2Pos096 膜リモデリングを介した TRPV4-GPCR のクロストーク
TRPV4–GPCR crosstalk mediated by membrane remodeling
Masataka Yanagawa[1,2], Kota Shimizume[1], Ryoji Kise[1], Asuka Inoue[1,3] ([1]*Grad. Sch. Pharm., Kyoto Univ.*, [2]*Riken, CPR*, [3]*Grad. Sch. Pharm., Tohoku Univ.*)

2Pos097 ATP 濃度は CBASS 応答の活性化と抑制を調節する
ATP levels modulate the activation and suppression of CBASS responses
Yoshiaki Kinosita, Rikiya Watanabe (*RIKEN, PRI*)

2Pos098 Thermal regulation on EML4-ALK condensates dynamics and signaling activation
Chongxia Zhong[1], Josephina Sampson[2], Richard Bayliss[2], Madoka Suzuki[1] ([1]*Inst. Protein Res., Univ. Osaka*, [2]*2. Astbury Ctr. Struct. Mol. Biol., Univ. Leeds, UK*)

2Pos099 細胞膜脂質による上皮成長因子受容体の活性制御機構の解析
Bilateral regulation of EGFR activity and local PI(4,5)P_2 dynamics in mammalian cells observed with single-molecule microscopy
Mitsuhiro Abe[1], Masataka Yanagawa[1,2], Yasushi Sako[1] ([1]*RIKEN PRI*, [2]*Grad. Sch. Pharm. Sci., Kyoto Uni.*)

2Pos100 2 回の忌避刺激に対する大腸菌忌避応答と受容体脱メチル化酵素 CheB 動態
Repellent response of *Escherichia coli* to twice repellent stimuli and kinetics of the receptor demethylase CheB
Yugo Tomoda, Yoichi Kuroki, Yumiko Uchida, Akihiko Ishijima, **Hajime Fukuoka** (*Grad. Sch. Front. Biosci., Univ. Osaka*)

2Pos101 心筋細胞集団間の線維芽細胞接続における心筋細胞同期
Synchronization of Cardiomyocytes in Fibroblasts Connections between Cardiomyocyte Clusters
Mayu Yamada, Tomoyuki Kaneko (*LaRC.FB.Hosei Univ.*)

2Pos102 溶液中の細胞性粘菌多細胞体への薬物添加
Drug addition to multicellular bodies of *Dictyostelium discoideum* in solution
Sotaro Fukuda[1], Tomohiro Shima[2], Yusuke V. Morimoto[3] ([1]*Grad. Sch. Comput. Sci. Syst. and Eng, Kyushu Inst. Tech*, [2]*Grad. Sch. Sci, Univ. Tokyo*, [3]*Grad. Sch. Comput. Sci. Syst. and Eng, Kyushu Inst. Tech*)

2Pos103 海洋性バクテリア *Vibrio alginolyticus* の情報伝達タンパク質 CheY 動態の 1 細胞観察
Observation of CheY-GFP dynamics in a single *Vibrio alginolyticus* cell
Eito Kawamura, Ryoya Takase, Yumiko Uchida, Akihiko Ishijima, Hajime Fukuoka (*Grad. Sch. Front. Biosci., Univ. Osaka*)

2Pos104 心筋細胞クラスターサイズによる薬剤応答の違いの解析
Effect of Cardiomyocyte Cluster Size on Drug Response
Chinatsu Fujita, Kentaro Kito, Tomoyuki Kaneko (*LaRC.FB.Hosei Univ*)

2Pos105 細胞性粘菌における新規細胞巨大化法による細胞内高分解能計測
High-resolution intracellular measurements using a novel cell enlargement method in *Dictyostelium discoideum*
Yukihisa Hayashida[1], Yuki Gomibuti[2], Chikoo Oosawa[2], Takuo Yasunaga[2], Yusuke V Morimoto[2] ([1]*Grad. Sch. Comp. Sci. and Sys. Eng., Kyushu Inst. Tech*, [2]*Dept. Phys. and Info. Eng., Fac. Comp. Sci. and Sys. Eng., Kyushu Inst. Tech*)

16A. 生体膜・人工膜：構造・物性／16A. Biological & Artificial membrane: Structure & Property

2Pos106 スフィンゴミエリンのナノドメイン形成に対するコレステロールの影響
Cholesterol assists gel-like nanodomain formation of biologically relevant sphingomyelins
Masanao Kinoshita[1], Koki Yamane[2], Nobuaki Matsumori[2] ([1]*Grad. Sch. Sci. Tech., Gunma Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci. Tech., Kyushu Univ.*)

2Pos107 DPPH アッセイとハイパースペクトル顕微鏡を用いた炎症性腸疾患に対する抗酸化ナノザイムの評価
Evaluation of Antioxidant Nanozymes for Inflammatory Bowel Disease Using DPPH Assay and Hyperspectral Microscopy
Ami Saito (*Institute of Industrial Science, The University of Tokyo*)

2Pos108 アシル鎖長の異なるスフィンゴミエリンは脂質ラフト様秩序膜ドメイン内で異なるナノドメインを形成する
Sphingomyelins with varying acyl chain lengths form segregated nanodomains within lipid raft-like ordered membrane domains
Akane Nakamoto[1], Masanao Kinoshita[2], Nobuaki Matsumori[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Kyushu Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci. & Tech., Gunma Univ.*)

2Pos109 パターン化モデル膜における電気泳動を用いた膜タンパク質の分離
Separation of membrane proteins by electrophoresis in a patterned model membrane
Keigo Kitayama[1], Kenichi Morigaki[2] ([1]*Grad. Sch. Agr., Kobe University*, [2]*Biosignal Research Center, Kobe University*)

2Pos110 両親媒性モデルペプチド 18A の改変による脂質膜曲率を認識するペプチドの開発
Development of curvature sensitive peptides based on the amphipathic model peptide 18A
Kazuna Ikeuchi, Keisuke Ikeda, Hiroyuki Nako, Minoru Nakano (*Fac. Pharm. Sci. Univ. Toyama*)

16B. 生体膜・人工膜：ダイナミクス／16B. Biological & Artificial membrane: Dynamics

2Pos111 F_1Fo-ATP 合成酵素の複合体状態によるミトコンドリア形態と機能の制御機構
Regulatory mechanism of mitochondrial dynamics and function via the complex state of F_1F_o-ATP synthase
Aoi Ichikawa[1], Takaya Ishihara[1,2], Naotada Ishihara[1] ([1]*Dept. Biol. Sci., Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.*, [2]*Dept. Life Sci., Faculty of Med., Shimane Univ.*)

2Pos112 長さ分布を調製したアクチン封入リポソームの形態変化
Morphological changes in actin-encapsulated liposomes with adjusted length distribution
Yuki Mizutani, Mahito Kikumoto, Ken Bessho, Kingo Takiguchi (*Grad. Sch. Sci., Univ. Nagoya*)

2Pos113 脂質二重膜小胞の安定性に対するアクチンの影響
Effect of Actin on the Stability of Lipid Bilayer Vesicles
Ken Bessho, Mahito Kikumoto, Yuki Mizutani, Kingo Takiguchi (*Grad. Sch. Sci., Nagoya Univ.*)

2Pos114 Reconstitution of actin cytoskeleton into artificial membranes
Yosuke Senju[1,2], Feng-Ching Tsai[3], Zack Jarin[4], Ilpo Vattulainen[1], Gregory Voth[4], Patricia Bassereau[3], Pekka Lappalainen[1] ([1]*Univ. Helsinki*, [2]*Okayama Univ.*, [3]*Institut Curie*, [4]*Univ. Chicago*)

16C. 生体膜・人工膜：興奮・チャネル／16C. Biological & Artificial membrane: Excitation & Channels

2Pos115 細胞質側とペリプラズム側の張力センサーの異なる役割により明らかになった MscL の非対称な機械刺激感受性
Asymmetric Mechanosensitivity of MscL Channel Revealed by Differential Roles of Cytoplasmic and Periplasmic Tension Sensors
Takeshi Nomura[1], Yasuyuki Sawada[2], Masahiro Sokabe[3] ([1]*Sch. Human Sci. Environ., Univ. Hyogo*, [2]*Institute of Materials Innovation, Nagoya Univ.*, [3]*Human Information Systems Labs, Kanazawa Institute of Technology*)

2Pos116 点突然変異によるクラミドモナス TRP チャネル TRP11 の機能解析
Functional analysis of a TRP channel in Chlamydomonas, TRP11, by point mutagenesis
Takanao Miyake, Miyu Kimura, Kenjiro Yoshimura (*Col. Sys. Engineer. Sci., Grad. Sch. Engineer. Sci., Shibaura Inst. Technol.*)

2Pos117 MscL での二箇所での張力感受：F7 と F78 の間にある機能的関連性
Dual-Site Tension Sensing in MscL: Functional Link Between F7 and F78
Yasuyuki Sawada[1], Takeshi Nomura[2], Masahiro Sokabe[3] ([1]*Inst. Materials, InFuS, Nagoya Univ.*, [2]*Sch. Human Sci and Env., Univ. Hyogo*, [3]*Human Information Systems Labs, Kanazawa Inst. Tech.*)

16D. 生体膜・人工膜：輸送・情報伝達／16D. Biological & Artificial membrane: Transport & Signal transduction

2Pos118 DNA チャネル内部の官能基修飾とイオン輸送特性の相関の分子論的解析
Molecular analysis of the correlation between functional group modifications inside DNA channels and ion transport properties
Taichi Hirano[1,2], Hiromu Akai[3], Yusuke Sato[4], Kan Shoji[3], Takuya Mabuchi[1,2] ([1]*Graduate School of Engineering, Tohoku University*, [2]*Institute of Fluid Science, Tohoku University*, [3]*Department of Mechanical Engineering, Nagaoka University of Technology*, [4]*Department of Intelligent and Control Systems, Kyushu Institute of Technology*)

17. 化学受容／17. Chemoreception

2Pos119 ストレス応答センサーキナーゼ BaeS のマルチリガンド認識機構
Multiple ligand recognition mechanisms of the membrane stress sensor kinase BaeS
Hirotaka Tajima[1,2], Riku Takei[3], Kentaro Yamamoto[4], Ikuro Kawagishi[1,2,3] ([1]*Dept. Frontier Biosci., Hosei Univ.*, [2]*Res. Cen. Micro-Nano Tech., Hosei Univ.*, [3]*Grad. Sch. Sci. Eng., Hosei Univ.*, [4]*Dept. Mycobacteriol., Lepr. Res. Ctr., NIID*)

18. 神経・感覚（細胞・膜タンパク質・分子）／18. Neuroscience & Sensory systems

2Pos120 **動物と植物間で保存された miRNA 合成分子に関わる遺伝子によって制御される温度耐性機構**
Temperature tolerance regulated by a miRNA processing molecule conserved between animals and plants
Sakura Sengoku[1,2], Akane Ohta[1,2], Teruaki Taji[3], Atsushi Kuhara[1,2,4] ([1]*Graduate School of Natural Science, Konan University*, [2]*Institute for Integrative Neurobiology, Konan University*, [3]*Department of Bioscience, Tokyo University of Agriculture*, [4]*AMED-PRIME, Japan Agency for Medical Research and Development*)

2Pos121 **神経ネットワークを構成する細胞数がバースト発火に与える影響**
Effect of Number of Cells in Neural Network on Burst Firing
Takumi Yamaguchi, Kentaro Kito, Tomoyuki Kaneko (*FB, Grad. Sch. Sci. & Eng., Hosei Univ.*)

19. 神経回路・脳の情報処理／19. Neuronal circuit & Information processing

2Pos122 **方位選択性を備えた深層ニューラルネットワークモデルによるハーマン格子錯視の定量解析**
Quantitative analysis of the Hermann grid illusion using a minimal deep neural network with orientation-specific edge detection
Masayo Inoue[1], Izumi Ohzawa[2,3], Kazufumi Hosoda[2,3,4] ([1]*Grad. Sch. Eng., Kyutech*, [2]*Grad. Sch. Frontier Biosciences, Osaka Univ.*, [3]*CiNet, NICT*, [4]*Kobe Univ. Grad. Sch. Health Sciences*)

2Pos123 **ミミズ古典的条件づけの神経メカニズムの解明**
Molecular mechanism of associative learning in earthworm, *Eisenia fetida*
Yoshiichiro Kitamura[1], Sukehiro Kabayama[2] ([1]*Dept. Math. Sci. Phys., Col. Sci. Eng., Kanto Gakuin Univ.*, [2]*Appl. Matl. Life. Sci., Grad. Sch. Eng., Kanto Gakuin Univ.*)

20. 行動／20. Behavior

2Pos124 **牧羊犬はどのように羊を追い立てるのか？：視覚情報に基づく誘導方法**
How Do Shepherd Dogs Herd Sheep? – A Visual Perception-Based Guiding Rule
Kosuke Miyoshi[1], Nen Saito[1,2] ([1]*Graduate School of Integrated Science for Life, Hiroshima University*, [2]*Exploratory Research Center on Life and Living Systems, National Institutes of Natural Sciences*)

21A. 光生物：視覚・光受容／21A. Photobiology: Vision & Photoreception

2Pos125 **発光プローブを用いた哺乳類メラノプシンとアレスチンとの相互作用解析**
Analyses of the interaction between mammalian melanopsin and arrestin using bystander BRET probes
Kento Takano, Hisao Tsukamoto (*Grad. Sch. Sci., Kobe Univ.*)

2Pos126 **光依存的シグナル伝達に関与する新奇ロドプシンの分子特性**
Molecular properties of novel microbial rhodopsins with a photosensory function in light-dependent signal transduction
Qianfan Zhou, Masae Konno, Keiichi Inoue (*ISSP, Univ. Tokyo*)

2Pos127 PYP と PBP の光依存的多量化反応における PBPC 末端領域の寄与
Contribution of the PBP C-terminal region to the light-dependent multimerization reaction of PYP and PBP
Yusuke Kuwahara[1], Youichi Yamazaki[1], Kento Yonezawa[1,2], Sachiko Toma-Fukai[1], Hironari Kamikubo[1,2] ([1]*NAIST, MS*, [2]*NAIST, CDG*)

2Pos128 ラマン分光およびアミノ酸置換体を用いたシアノバクテリオクロム RcaE の光変換機構の研究
Photoconversion mechanism of cyanobacteriochrome RcaE studied by Raman spectroscopy and Mutagenesis
Taisei Koga[1], Masako Hamada[2], Yuu Hirose[2], Tomotsumi Fujisawa[1], Masashi Unno[1] ([1]*Fac. Sci. Eng., Saga Univ.*, [2]*Dept. Appl. Che. Life Sci. Toyohashi Univ. of Tech.*)

2Pos129 真骨魚類が特異的に持つ緑感受性ピノプシンの解析
Characterization of the unique green-sensitive pinopsin found in teleost fish
Chihiro Fujiyabu[1], Gyoja Fuji[2], Keita Sato[3], Emi Kawano-Yamashita[4], Hideyo Ohuchi[3], Takehiro Kusakabe[2], **Takahiro Yamashita[1]** ([1]*Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*, [2]*Grad. Sch. Nat. Sci., Konan Univ.*, [3]*Fac. Med., Dent. & Pharm. Sci., Okayama Univ.*, [4]*Fac. Sci., Nara Women's Univ.*)

2Pos130 ラマン分光法によるセンサリーロドプシン II（*Natronomonas pharaonis* 由来）の O 中間体の発色団構造の特定
Retinal Chromophore Configuration in the O Intermediate of Sensory Rhodopsin II from *Natronomonas pharaonis*
Tomotsumi Fujisawa[1], Nozomi Tanaka[1], Jun Tamogami[2], Masashi Unno[1] ([1]*Fac. Sci. Eng., Saga Univ.*, [2]*Coll. Pharm. Sci., Matsuyama Univ.*)

2Pos131 無脊椎動物の非視覚オプシン・アルスロプシンの分子特性の多様性
Molecular diversity of protostome non-visual opsin arthropsin
Kazumi Sakai[1], Kengo Fujii[1], Chihiro Fujiyabu[1], Yasuhiro Shiga[2], Takahiro Yamashita[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*, [2]*Tokyo Univ. of Pharm. and Life Sci.*)

2Pos132 可視光感受性を示す甲殻類由来 Opn5 の分子機能解析
Molecular characterization of visible-light sensitive Opn5 from crustaceans
Kuto Takahashi[1], Yuya Nagata[1], Keita Sato[2], Kohei Obayashi[3], Hisao Tsukamoto[3], Hideyo Ohuchi[2], Takahiro Yamashita[4], Yuki Sudo[2], Keiichi Kojima[2] ([1]*Grad. Sch. Med. Dent. & Pharm. Sci., Okayama Univ.*, [2]*Fac. Med, Dent & Pharm Sci., Okayama Univ.*, [3]*Grad. Sch. Sci., Kobe Univ.*, [4]*Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*)

2Pos133 幅広い時間スケールでの時分割結晶構造解析により明らかになったクリプトクロムのシグナル伝達機構
Cryptochrome signal transduction mechanism revealed by time-resolved crystallography across broad timescales
Yuhei Hosokawa[1,2,3,4], Po-Hsun Wang[2,5], Nicolas Caramello[6], Mai Nakamura[3], Sylvain Engilberge[6], Antoine Royant[6], Lars-Oliver Essen[5], Ming-Daw Tsai[2], Junpei Yamamoto[3], Manuel Maestre-Reyna[1,2] ([1]*Dept. Chem., National Taiwan Univ.*, [2]*Inst. Biol. Chem., Academia Sinica*, [3]*Grad. Sch. Eng. Sci., Osaka Univ.*, [4]*PRI, RIKEN*, [5]*Dept. Chem., Philipps Univ. Marburg*, [6]*ESRF*)

21B. 光生物：光合成／21B. Photobiology: Photosynthesis

2Pos134 緑色硫黄細菌の光合成反応中心複合体のカロテノイド配糖体を介する三重項エネルギー移動
Energy transfer pathway forming triplet-excited state of carotenoid in the photosynthetic reaction center of green sulfur bacteria
Tomomi Inagaki[1], Masatoshi Kida[2], Daisuke Kosumi[3], Chihiro Azai[4] ([1]*Graduate School of Life Sciences, Ritsumeikan University*, [2]*Graduate School of Science and Technology, Kumamoto University*, [3]*Institute of Industrial Nanomaterials, Kumamoto University*, [4]*Faculty of Science and Engineering, Chuo University*)

2Pos135 Evaluating the mobility of LHCII in plant thylakoid membrane using high-speed AFM
Nami Yamano, Yudai Nishitani, Daisuke Yamamoto (*Fukuoka University*)

2Pos136 モデル植物苔類ゼニゴケ由来の光化学系 I 二量体のクライオ電子顕微鏡単粒子構造解析
Cyro-EM structures of dimeric PSI-LHCI supercomplex from the model organism *Marchantia polymorpha*
Pi-Cheng Tsai[1], Romain La Rocca[1], Hiroyasu Motose[2], Jian-Ren Shen[1], Fusamichi Akita[1] ([1]*Adv. Res., Univ. Okayama*, [2]*Grad. Sch. Envir. Life, Nat. Sci. & Tech., Univ. Okayama*)

2Pos137 光化学系 II の Mn 高親和性サイトの配位環境
Coordination environment of Mn high-affinity site in Photosystem II
Naohiko Nakamura, Shinya Kosaki, Hiroyuki Mino (*Grad. Sch. Sci., Univ. Nagoya*)

2Pos138 The most stable LH1-RC architecture from a thermophilic purple sulfur bacterium, *Caldichromatium japonicum*
Yukihiro Kimura[1], Mohit. K. Saini[2], Endang R. Purba[3], Malgorzata Hall[3], Shinji Takenaka[1], Vera Thiel[4], Bruno M. Humbel[5], Michael T. Madigan[6], Zheng-Yu Wang-Otomo[7], Kazutoshi Tani[8] ([1]*Grad. Sch. Agric., Kobe Univ.*, [2]*Inst. Microbiol., Centre Algatech*, [3]*Sci. Imag. Sec., OIST*, [4]*Leibniz Inst., DSMZ*, [5]*Provost Office, OIST*, [6]*Dept. Microbiol., Southern Illinois Univ.*, [7]*Fac. Sci., Ibaraki Univ.*, [8]*Cent. Comp. Sci, Univ. Tsukuba*)

2Pos139 Spectroscopic characterization of the light-harvesting 1 reaction center complexes from psychrophilic photosynthetic purple bacteria
Kazuki Inada[1], Seiji Akimoto[2], Michael T. Madigan[3], Zheng-Yu Wang-Otomo[4], Yukihiro Kimura[1] ([1]*Grad. Sch. Agric., Kobe Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci., Kobe Univ.*, [3]*Dept. Microbiol., Southern Illinois Univ.*, [4]*Fac. Sci., Ibaraki Univ.*)

2Pos140 Spectroscopic and structural characterization of purple bacterial LH1–RC complexes containing bacteriochlorophyll b
Kouta Hirose[1], Kaisei Mori[1], Shinji Takenaka[1], Michael T. Madigan[2], Zheng-Yu Wang-Otomo[3], Kazutoshi Tani[4], Yukihiro Kimura[1] ([1]*Grad. Sch. Agric., Kobe Univ.*, [2]*Sch. Biol. Sci., Southern Illinois Univ.*, [3]*Fac. Sci., Ibaraki Univ.*, [4]*Cent. Comp. Sci., Univ. Tsukuba*)

21C. 光生物：光遺伝学・光制御／21C. Photobiology: Optogenetics & Optical control

2Pos141 赤色光に応答するアニオンチャネルロドプシンのイオン輸送機構
Ion transport mechanism of channel rhodopsin in response to red ligh
Keito Minamisawa[1], Shoko Hososhima[1,2], Satoshi Tsunoda[1,2], Hideki Kandori[1,2] ([1]*Graduate School of Engineering, Nagoya Institute of Technology*, [2]*Opto Bio Technology Research Center, Nagoya Institute of Technology*)

2Pos142 新規内向きプロトンポンプ，PhXeR の分光学的解析
Spectroscopic Analysis of a Novel Inward Proton Pump, PhXeR
Nanako Hattori[1], Yuma Ito[1], Yuji Furutani[1,2], Tatsuro Nishikino[1,2], Hideki Kandori[1,2] ([1]*Department of Life Science and Applied Chemistry, Nagoya institute of technology*, [2]*OptoBioTechnology Research Center, Nagoya institute of technology*)

2Pos143 Photoregulation of Ras Function Using Photoresponsive Protein
Nobuyuki Nishibe[1], Zhang Ziyun[2], Kazunori Kondo[1], Shinsaku Maruta[1,2] ([1]*Department of Science and Engineering for Sustainable Innovation, Faculty of Science and Engineering, Soka University*, [2]*Department of Biosciences, Graduate School of Science and Engineering, Soka University*)

2Pos144 Autonomous Multicolor Bioluminescence Imaging in Bacteria, Mammalian, and Plant Hosts
Subhan Hadi Kusuma (*SANKEN, The University of Osaka*)

2Pos145 Na$^+$ポンプから Cl$^-$ポンプに変異させた光駆動イオンポンプロドプシンの時間分解赤外分光に関する研究
Time-resolved FTIR study of light-driven ion pump rhodopsin mutants converted from Na $^+$ to Cl $^-$ pump
Masahiro Yamamoto[1], Yuma Ito[1], Tatsuya Sakamoto[1], Hideki Kandori[1,2], Yuji Furutani[1,2] ([1]*Grad. Sch. Eng., Nagoya Institute of Technology*, [2]*OptoBioTechnology Research Center, Nagoya Institute of Technology*)

2Pos146 環状ヌクレオチド依存性チャネルを用いた光活性化アデニル酸シクラーゼの活性測定系の開発
Development of a system to measure activity of photoactivated adenylyl cyclase using cyclic nucleotide-gated channels
Shunsuke Kiguchi[1], Kosei Higuchi[1], Koshiro Morita[1], Mami Asakura[1,2], Toru Ide[1], Minako Hirano[1] ([1]*Graduate School of Interdisciplinary Science and Engineering in Health Systems, Okayama University*, [2]*Dept. of Comp. Tech. Soln., Okayama Univ.*)

23. 生命の起源・進化／23. Origin of life & Evolution

2Pos147 Structural and functional analysis of Heimdallarchaeaota tubulin reveals the origin of eukaryotic microtubules
Linh Tran[1], Makito Miyazaki[1,2,3], Samson Ali[4], Akihiro Narita[5], Robert Robinson[4,6] ([1]*Center for Integrative Medical Sciences, RIKEN*, [2]*Center for Biosystems Dynamics Research, RIKEN*, [3]*Graduate School of Medicine, Science and Technology, Shinshu University*, [4]*Research Institute for Interdisciplinary Science, Okayama University*, [5]*Division of Biological Science, Graduate School of Science, Nagoya University*, [6]*School of Bio-molecular Science and Engineering (BSE), Vidyasirimedhi Institute of Science and Technology (VISTEC),*)

2Pos148 古生代ミオグロビンによる高酸素環境への適応
Adaptation of Paleozoic Myoglobins to the Oxygenized Environments
Yasuhiro Isogai[1], Antonio Tsuneshige[2], Hiroshi Imamura[3], Tsuyoshi Shirai[3] ([1]*Dept. Pharm. Engin., Toyama Pref. Uni.*, [2]*Dept. Frontier Biosci., Micro-Nano Tech. Res. Center, Hosei Uni.*, [3]*Dept. Frontier Bio-Sci., Nagahama Inst. Bio-Sci. Tech.*)

2Pos149 数千種の細菌における走化性遺伝子群の組み合わせ進化ダイナミクス
Combinatorial evolutionary dynamics of chemotaxis genes across thousands of bacterial species
Takao Suzuki (*Juntendo Univ. Grad. Sch. Med.*)

24. 合成生物学・人工細胞／24. Synthetic biology & Artificial cells

2Pos150 PURE system 内における翻訳阻害効果の解消
Relieving Translation Repression Caused by Inhibitory DNA Sequences in the PURE System
Akari Sakurai (*Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo*)

2Pos151 タンパク質集積による脂質-タンパク質非対称膜小胞内膜での効率的な酵素反応
Protein accumulation enhances enzymatic reactions on inner leaflet of asymmetric lipid-protein vesicles
Masato Suzuki, Koki Kamiya (*Grad. Sch. Sci. & Tech., Gunma Univ.*)

2Pos152 組織再構築を目指したリポソーム内細胞培養系の開発
Development of Cell Culture System in Liposomes for Tissue Reconstruction
Reika Hibi[1], Masahito Hayashi[1,2], Tomoyuki Kaneko[1] ([1]*Dept. FB., Hosei Univ.*, [2]*Dept. Biotech. Life Sci., Tokyo Univ. Agri. Tech.*)

2Pos153 ポリリン酸–塩水溶液の液–液相分離における一価イオンの影響
Monovalent Ion Effect on Liquid–Liquid Phase Separation of Aqueous Polyphosphate–Salt Mixtures
Tomohiro Furuki[1,2], Azusa Togo[3], Hatsuho Usuda[4], Tomohiro Nobeyama[2,5], Atsushi Hirano[4], Kentaro Shiraki[2] ([1]*Dept. Life Sci. Tech., Sci. Tokyo*, [2]*Pure and Appl. Sci., Univ. Tsukuba*, [3]*ISC, AIST*, [4]*NMRI, AIST*, [5]*WPI-iCeMS, Kyoto Univ.*)

2Pos154 Retrofitting of antibiotic target sites on ribosomes: A synthetic approach to reveal the molecular basis of antimicrobial resistance
Ryo Muramatsu, Yoshikazu Tanaka, Takeshi Yokoyama (*Grad. Sch. Life Sci., Univ. Tohoku*)

2Pos155 細胞サイズ空間への閉じ込めがもたらすタンパク質の遅い拡散と反応拡散波による緩和効果
Enhanced repulsive interactions suppress protein diffusion in membrane-confined systems, alleviated by propagating protein waves
Hiroki Sakuta[1,2], Sakura Takada[3], Naoya Yanagisawa[2], Tatsuro Oda[4], Koichi Mayumi[4], Koichiro Sadakane[5], Kei Fujiwara[3], Miho Yanagisawa[1,2,6] ([1]*Univ. Biol. Inst., Univ. Tokyo*, [2]*Grad. Sch. Arts Sci., Univ. Tokyo*, [3]*Dept. Biosci. and Info., Keio Univ.*, [4]*Inst. Solid State Phys., Univ. Tokyo*, [5]*Facul. Life Med. Sci., Doshisha Univ.*, [6]*Dept. Phys., Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo*)

2Pos156 クラミドモナス封入リポソームの遊泳速度決定要因の解析と光スイッチング
Analysis of Swimming Velocity Determinants and Optical Switching of Chlamydomonas-Encapsulated Liposomes
Koichiro Akiyama[1], Sota Hamaguchi[2], Hiromasa Shiraiwa[1], Shunsuke Shiomi[1], Daiki Matsunaga[2], Masahito Hayashi[1,3], Tomoyuki Kaneko[1] ([1]*Grad. Sch. Eng. Sci., Univ. Hosei*, [2]*Grad. Sch. Sci. Eng., Univ. Osaka*, [3]*Dept. Biotech. Life Sci., Tokyo Univ. Agri. Tech.*)

2Pos157 細菌べん毛と Rbody により誘導されるリポソームの能動的変形
Active deformation of liposomes induced by bacterial flagella and R-bodies
Yuto Kobashigawa[1], Tsubasa Ishida[3], Naoki Hidaka[2], Masahito Hayashi[2,4], Yoshiyuki Sowa[1,2,3] ([1]*Grad. Frontier Biosci., Univ. Hosei*, [2]*Dept. Frontier Biosci., Univ. Hosei*, [3]*Res. Cent. Micro-nano Tech., Univ. Hosei*, [4]*Dept. Biotech. Life Sci., Tokyo Univ. Agri. Tech.*)

2Pos158 異なるリポソーム表面で作動する DNA 回路をつなぐ「DNA シナプス」
"DNA Synapse" Wiring DNA Circuits Operating on Separate Liposome Surfaces
Masahito Hayashi, Taro Toyota (*Grad. Sch. Arts Sci., Univ. Tokyo*)

26A. 計算生物学: 生命情報学／26A. Computational biology: Bioinformatics

2Pos159 Pfam ドメイン AlphaFold 構造の特徴探索
Features of Pfam domain in Alpha Fold DB
Yamato Nakaya, Ryotaro Koike, Motonori Ota (*Graduate School of Informatics, Nagoya University*)

2Pos160 タンパク質参照構造との立体構造比較に基づくタンパク質と結合分子の変形構造のモデリング
Deformation Modeling of Proteins and Ligands Based on Structural Comparison with Reference Protein Structures
Takeshi Kawabata, Kengo Kinoshita (*Grad. Scl. Info. Sci., Tohoku Univ.*)

2Pos161 水和構造を考慮したタンパク質ー基質結合親和性予測機械学習モデル
Machine learning prediction model of protein-ligand binding affinity considering hydration structures
Yukihide Yoshimura, Hazime Satou, Terada Tohru (*Graduate School of Agricultural and Life Science, The University of Tokyo*)

2Pos162 AlphaFold3 の予測構造に基づく Type-51 R-body 構造変化機構の解明
Mechanism of Type-51 R-body conformational change based on structural predictions using AlphaFold3
Hiroaki Oheda[1], Toru Ekimoto[1], Tsutomu Yamane[2], Kosuke Kikuchi[3], Koki Date[3], Takafumi Ueno[3], Mitsunori Ikeguchi[1,2] ([1]*Yokohama City University, Graduate School of Medical Life Science*, [2]*RIKEN, Center for Computational Science*, [3]*Institute of Science Tokyo, School of Life Science and Technology*)

2Pos163 深層学習でリガンド結合状態の RNA 構造を生成する
Generate RNA Conformations in Ligand-binding States with Deep Learning
Ikuo Kurisaki[1], Michiaki Hamada[2,3,4] ([1]*Waseda Research Institute for Science and Engineering, Waseda University*, [2]*Faculty of Science and Technology, Waseda University*, [3]*AIST-Waseda University Computational Bio Big-Data Open Innovation Laboratory*, [4]*Graduate School of Medicine, Nppon Medical School*)

2Pos164 インシリコ解析による RseP 阻害剤候補のスクリーニングと構造予測をベースとした基質選択の分子基盤の解明
In Silico Screening of RseP Inhibitor Candidates and Elucidation of the molecular basis of substrate selectivity by Structure Prediction
Remii Takahashi[1], Hiroaki Oheda[1], Masao Inoue[1], Toru Ekimoto[1], Tsutomu Yamane[2], Yohei Hizukuri[3], Terukazu Nogi[1], Yoshinori Akiyama[3], Mitsunori Ikeguchi[1,2] ([1]*Yokohama City University, Graduate School of Medical Life Science*, [2]*RIKEN Center for Computational Science*, [3]*Institute for Life and Medical Sciences, Kyoto University*)

2Pos165 ESM 埋め込みのアテンションプーリングを用いたタンパク質機能同一性予測
Protein Functional Identity Prediction Using Attention-Pooling of ESM Embeddings
Kotaro Ukai, Tohru Terada, Suguru Fujita (*Grad. Sch. of Agri. and Life Sci., Univ. of Tokyo*)

2Pos166 AlphaFold3 versus AlphaFold2 in Sampling Alternative Conformational States of Transporter Proteins
Jun Ohnuki, Kei-ichi Okazaki (*Institute for Molecular Science*)

26B. 計算生物学: 分子シミュレーション／26B. Computational biology: Molecular simulation

2Pos167 インフルエンザウイルス・ノイラミニダーゼの薬剤耐性機構に関する理論的研究： 酵素反応の自由エネルギープロファイル解析
Computational study of the drug resistance mechanism of influenza virus neuraminidase: Free energy profile analysis of enzyme reaction
Ryotaro Katsumata[1], Manabu Igarashi[2], Norifumi Yamamoto[1] ([1]*Chiba Tech*, [2]*Hokkaido University*)

2Pos168 ネットワーク解析による 3α-HSD の二量体間における信号伝達機構の解明
Signal transduction mechanism between the subunits of 3α-HSD by network analysis
Naoya Hirooka[1], Niino Yoshiki[2], Kahoru Amakawa[2], Daiki Suzuki[2], Masayuki Oda[1], Juha Lintuluoto[3], Masami Lintuluoto[1] ([1]*Grad. Sch. Life and Env. Sci., Univ. Kyoto Prefectural*, [2]*Fac. Life and Env., Univ. Kyoto Prefectural*, [3]*Grad. Sch. Eng., Univ. Kyoto*)

2Pos169 Prediction of Cross-Species Binding Affinities of GPCR-Targeting Drugs
Ruigeng Ji[1], Masaru Ihara[2], Han Zhang[3], Tohru Terada[1] ([1]*Grad. Sch. Agr. Life Sci., Univ. Tokyo*, [2]*Fac. Agr. Mar. Sci., Kochi Univ.*, [3]*School of Environmental Science and Technology, Dalian University of Technology*)

2Pos170 FtsZ 重合ダイナミクスの 10 分規模にわたるメソスコピック反応動力学シミュレーション
Mesoscopic Reactive Dynamics Simulation of FtsZ Polymerization Dynamics on the order of 10 minutes
Yoshiki Bessho, Shoji Takada (*Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*)

2Pos171 全ての側鎖の動きを含めた AI を用いたタンパク質の構造変化モーフィング手法の開発: MOVE-DM 3.0
Development of a Protein Structural Change Morphing method with All Side-Chain Consideration using an AI-based approach: MOVE-DM 3.0
Yoshihiro Kashiyama[1], Shota Shimogochi[1], Yuma Shiota[1], Kazuya Iwano[1], Ryota Kiyooka[1], Naoyuki Miyashita[1,2] ([1]*Grad. Sch. of BOST, KINDAI Univ.*, [2]*BOST, KINDAI Univ.*)

2Pos172 Aβ 凝集における相互作用ダイナミクスの解明：Aβ40/Aβ42 各種会合状態の比較
Unraveling the Role of Interaction Dynamics in Aβ Aggregation: A Comparative Study of Aβ40/Aβ42 Monomers, Homodimers, and Heterodimers
Ayumu Koike, Norifumi Yamamoto (*ChibaTech*)

2Pos173 pH 一定の分子動力学シミュレーション由来のトラジェクトデータに基づく結合自由エネルギー計算：FabI 酵素での検証
Binding free energy calculation based on constant-pH molecular dynamics simulation-derived trajectory: application to FabI enzyme
Shin-ichi Fujiwara (*Fac. Med., Tottori Univ.*)

2Pos174 分子シミュレーションを用いた PET トレーサー PBB3 と TMEM 繊維の結合と安定性
Binding and Stability of PET Tracer PBB3 with TMEM Fibrils using molecular simulations
Nanami Matsumoto[1], Yoshitaka Tadokoro[1], Naoyuki Miyashita[1,2] ([1]*Grad. Sch. of BOST, KINDAI Univ.*, [2]*BOST, KINDAI Univ.*)

2Pos175 Markov state Model に基づいた環状ペプチド膜透過過程の多次元の反応座標における速度論的な解析
Kinetic analysis of membrane permeation processes of cyclic peptides on multiple reaction coordinates based on the Markov state model
Masatake Sugita[1,2], Kei Terakura[1], Takuya Fujie[1,2], Keisuke Yanagisawa[1,2], Yutaka Akiyama[1,2] ([1]*Sch.Computing, Science Tokyo*, [2]*MIDL, Science Tokyo*)

2Pos176 Molecular dynamics simulations of peptide aggregation properties
Joe Mori[1,2], Satoru G Itoh[1,2,3], Hisashi Okumura[1,2,3] ([1]*SOKENDAI*, [2]*IMS*, [3]*ExCELLS*)

2Pos177 Implementation of Modeling Employing Limited Data in GENESIS
Azuki Mizutani[1], Alberto Perez[2], Yuji Sugita[1,3] ([1]*Riken, PRI*, [2]*Dept. of Chem., Univ. Florida*, [3]*Riken, R-CCS*)

2Pos178 メチル化ヒストン断片と LEDGF の結合安定性に関する分子動力学シミュレーション
Molecular dynamics simulations of the binding stability of methylated histone fragments to LEDGF
Hinako X. Suzuki[4], Hisashi Okumura[2,3,4], **Satoru Itoh**[1,2,3] ([1]*IMS*, [2]*ExCELLS*, [3]*SOKENDAI*, [4]*Dept. Sci., Shinshu Univ.*)

2Pos179 Atomic-Level Analysis of pH-Dependent Switchable Binding in Ipilimumab-CTLA-4 Complex for Designing Therapeutic Antibodies
Wanda Destiarani[1,2], Kowit Hengphasatporn[2], Yasuteru Shigeta[2], Ryuhei Harada[2] ([1]*Grad. Sch. Sci. Tech., Univ. Tsukuba*, [2]*CCS., Univ. Tsukuba*)

2Pos180 タンパク質の形状を考慮した粗視化モデル分子動力学シミュレーションを用いた ECMO 中空糸膜モデル中の血漿と酸素・二酸化炭素の浸透機構
Permeation Mechanism of Plasma, O2 and CO2 in ECMO Hollow Fiber Membrane model Using CG MD Simulation Considering Protein Shape
Ryota Shibasaki[1], Makoto Hukuda[1,2], Naoyuki Miyashita[1,2] ([1]*Grad. Sch. BOST, KINDAI Univ.*, [2]*BOST KINDAI Univ.*)

2Pos181 N 結合型糖鎖修飾による Neuropsin (KLK8) の触媒活性の調節機構
Modulation of enzymatic activity in Neuropsin (KLK8) by N-glycosylation
Mai Fujiwara[1], Masami Lintuluoto[1], Yoshifumi Fukunishi[2], Hideki Tamura[3], Juha Lintuluoto[4] ([1]*Grad. Sch. Life and Env. Sci., Univ. Kyoto Pref*, [2]*CMB, AIST.*, [3]*Lab. Biofunct. Sci., Univ. Hoshi Sch. of Pharm. Sci*, [4]*Grad. Sch. Eng., Univ. Kyoto*)

2Pos182 Theoretical study of competitively ligands binding to AMP-activated protein kinase
Taiga Murakami, Kazutomo Kawaguchi, Hidemi Nagao (*Grad. Sch. Natu. Sci. Tech., Univ. Kanazawa*)

2Pos183 分子シミュレーションを用いた p53N 末端天然変性領域の結合におけるリン酸化と結合相手の影響
Investigating Binding Modes of p53 N-terminal IDR by dPaCS-MD: Impact of Phosphorylation and Partners
Yoshito Hasegawa, Duy Phuoc Tran, Akio Kitao (*Life Science and Technology, Science Tokyo Univ.*)

2Pos184 KaiC におけるリン酸化状態変化により誘起されるアロステリック応答の全原子分子動力学解析
All-atom molecular dynamics analysis of allosteric response in KaiC induced by phosphorylation state change
Riki Ueno[1], Yudai Terui[1], Koki Adachi[1], Toshifumi Mori[2], Shuji Akiyama[3,4], Mistunori Takano[1] ([1]*Grad. Sch. Adv. Sci. Eng., Waseda Univ.*, [2]*Inst. Mat. Chem. Eng., Kyushu Univ.*, [3]*CIMos, IMS, NINS*, [4]*SOKENDAI*)

2Pos185 フラグメント分子動力学を用いたニューロセルピン新規阻害剤の研究開発
Development of Novel Inhibitors for Neuroserpin Using Fragment Molecular Dynamics
Nanase Sakashita[1], Hiroto Terada[1], Daiki Akai[1], Bunzo Mikami[2,3], Maki Onda[1], Kei Moritsugu[1] ([1]*Grad. Sch. Sci. OMU*, [2]*RISH Kyoto Univ.*, [3]*IAE Kyoto Univ.*)

2Pos186 部位選択的 Gaussian accelerated Molecular Dynamics の開発
Development of site-selective Gaussian accelerated Molecular Dynamics
Hiraku Oshima (*Grad. Sch. Sci., Univ. Hyogo*)

2Pos187 gREST-ABMD 法によるマルチスケールな自由エネルギー地形探索
New enhanced conformational sampling method for multi-scale molecular dynamics simulations
Shingo Ito[1], Hiraku Oshima[2], Yuji Sugita[1,3] ([1]*RIKEN Center for Computational Science*, [2]*Graduate School of Life Science, University of Hyogo*, [3]*Cluster for Pioneering Research, RIKEN*)

26C. 計算生物学：生体モデリングとシミュレーション／ 26C. Computational biology: Biological modeling and simulation

2Pos188 Predicting structural and functional properties of albumins from pets and economic animals by molecular modeling and machine learning
Darunee Traiphothon (*Grad. Sch. Sci., Univ. Kasetsart*)

2Pos189 シミュレーションによる細菌べん毛周辺の正電荷分布の動態解析
Analysis of the Dynamics of Charged Particle Distributions near a Bacterial Flagellum
Suguru Ushioda, Masashi Tachikawa (*Grad. Sch. Nanobio., Yokohama City Univ.*)

2Pos190 Cryo-EM and MDSPACE Reveal Continuous Conformational Heterogeneity in Glutamate Dehydrogenase
Tingting Wang[1], Osamu Miyashita[1], Hideki Shigematsu[2], Masaki Yamamoto[3], Florence Tama[1,4] ([1]*R-CCS, RIKEN*, [2]*JASRI, SPring-8*, [3]*RIKEN SPring-8 Center*, [4]*Department of Physics and ITbM, Nagoya Univ.*)

2Pos191 A tension gradient in a noncoserved cell membrane generates a divergent pattern of cell shape and motility
Valentina Tyukosova[1], Satoru Okuda[2] ([1]*Kanazawa University, Division of Nano Life Science*, [2]*Kanazawa University, Nano Life Science Institute*)

27. 数理生物学・理論生物学／27. Mathematical & Theoretical biology

2Pos192 「細胞死」の理論
Theoretical Basis for Cell Death
Yusuke Himeoka[1], Shuhei A. Horiguchi[2,3], Tetsuya J. Kobayashi[1,3] ([1]*Universal Biology Institute, The University of Tokyo*, [2]*Nano Life Science Institute, Kanazawa University*, [3]*Institute of Industrial Science, The University of Tokyo*)

2Pos193 物理と生物の統一理論；公平な増幅と崩壊による自律的最適化
A Unified Theory of Biology and Physics; Self-Optimization by Martingale Turnover with Amplification
Tomoyuki Yamaguchi (*Research Institute, Nozaki Tokushukai Hospital*)

2Pos194 脱分化の力学系モデリング
Dynamical Systems Modeling of Dedifferentiation
Kansuke Sasamori[1], Yusuke Himeoka[1], Chikara Furusawa[1,2] ([1]*Sch. Sci., Univ. Tokyo*, [2]*BDR, Riken*)

2Pos195 空間変化を伴う反応拡散系
Reaction-diffusion system with spatial deformation
Naoto Yonekura, Shinji Deguchi (*Grad. Sch. Eng. Sci., Univ. Osaka*)

28. 生態／環境／28. Ecology & Environment

2Pos196 Changes of microbial interactions among core members are one of major driving force to induce community succession
Reika Mimoto[1], Takashi Okada[2], Yasuhisa Saito[3], Hiroyuki Futamata[1,4,5] ([1]*Grad. Sch. Integr. Sci. Tech., Shizuoka Univ.*, [2]*Inst. Med. Biol. Kyoto Univ.*, [3]*Grad. Sch. Sci. Eng. Shimane Univ.*, [4]*Grad. Sch. Sci. Tech. Shizuoka Univ.*, [5]*Res. Inst. Green Sci. Tech., Shizuoka Univ.*)

29. 非平衡・生体リズム／29. Nonequilibrium state & Biological rhythm

2Pos197 Effects of combined period-modulating mutations on circadian rhythm in a cyanobacterial clock protein system
Eri Hiraiwa, Yuji Nishimura, Kosuke Maki (*Grad. Sch. Sci., Univ. Nagoya*)

30. 計測／30. Measurements

2Pos198 Polydiacetylene biosensor detecting different binding affinities
Niklas Urs Brenner, Kaori Sugihara (*Institute of Industrial Science, The University of Tokyo*)

2Pos199 Selective IR measurement of only the chromophore part in fluorescent proteins by resonance IR method
Konoka Mifune[1], Hirona Takahashi[1,2], Minori Yamakawa[1], Makoto Sakai[1,2] ([1]*Graduate school of Science and Engineering, Okayama University of Science*, [2]*Faculty of Science, Okayama University of Science*)

2Pos200 Direct observation of single integrin-mediated forces on soft substrates using a DNA-based force sensor
Hiroki Fukunaga[1], Hitomi Matsubara[2], Yoshihiko Kobayashi[3], Fumiko Toyoshima[3], Mitsuhiro Iwaki[1,4,5,6] ([1]*Adv ICT Res Inst, NICT*, [2]*IMS, RIKEN*, [3]*IIR, Science Tokyo*, [4]*IFReC, Osaka Univ.*, [5]*FBS, Osaka Univ.*, [6]*BDR, RIKEN*)

2Pos201 低温ラマン光学活性分光装置の開発及び光受容タンパク質への応用
Development of low-temperature Raman optical activity spectrometer and its application to photoreceptor proteins
Naoya Sasaki, Tomotsumi Fujisawa, Masashi Unno (*Fac. Sci. Eng., Saga Univ.*)

2Pos202 Analysis of *Alcanivorax borkumensis* biofilm on binary oil mixtures
Rei Shimizu[1], Shufeng Zhao[1], Tatsuya Yamamoto[3], Andrew S. Utada[2,3,4] ([1]*Grad. Sch. of Sci. and Tech., Univ. of Tsukuba*, [2]*Faculty of Life and Environmental Sci., Univ. of Tsukuba*, [3]*Microbial Research Center for Sustainability (MiCS), Univ. of Tsukuba*, [4]*Tsukuba Inst. for Advanced Research, Univ. of Tsukuba*)

2Pos203 光ファイバ型蛍光相関分光法によるヒト血清中の細胞外小胞の定量計測
Measurement of extracellular vesicles in human serum using fiber-optic fluorescent correlation spectroscopy
Johtaro Yamamoto (*Health & Med. Res. Inst., AIST*)

2Pos204 ソリッドステートナノポアによる tRNA の柔軟性の評価
Flexibility Evaluation of tRNA by Solid State Nanopore
Gaku Ogino[1], Kazuki Nagashima[1], Hikaru Nozawa[1], Artem Lysenko[1], Tatsuhiko Tsunoda[1], Tsutomu Suzuki[2], Sotaro Uemura[1] ([1]*Graduate School of Science, The University of Tokyo*, [2]*Graduate School of Engineering, The University of Tokyo*)

2Pos205 Contactless Stiffness Measurement of Biomolecular Condensates through Acoustic Trapping
Kichitaro Nakajima, Hirotsugu Ogi (*Graduate School of Engineering, Osaka University*)

31. バイオイメージング／31. Bioimaging

2Pos206 癌の生体ナノイメージングを指向した遠赤色発光性白金ナノクラスターバイオナノプローブの開発
Far red-emitting Pt nanoclusters based bio-nanoprobes for *in vivo* tumor-targeted imaging
Shin-ichi Tanaka[1,2], Hiroki Wadati[3,4], Kazuhisa Sato[5,6] ([1]*National Institute of Technology (KOSEN), Kure College*, [2]*NHO Kure Medical Center and Chugoku Cancer Center*, [3]*Department of Material Science, Graduate School of Science, University of Hyogo*, [4]*Institute of Laser Engineering, Osaka University*, [5]*Research Center for Ultra-High Voltage Electron Microscopy, Osaka University*, [6]*Division of Materials and Manufacturing Science, Graduate School of Engineering, Osaka University*)

2Pos207 ルーピング期心臓形成にエタノールが与える影響の SS-OCT 観測
Swept-source OCT analysis of ethanol effects on embryonic heart looping
Aimi Yamashita, Taiyo Eguchi, Rikuto Noguchi, Ryuichiro Yamazaki, Yuuta Moriyama, Toshiyuki Mitsui (*Dept. Phys. Sch. Sci., Aoyamagakuin Univ.*)

2Pos208 Recent Updates to Post-acquisition Super Resolution for Cryo-electron Microscopy
Ray Burton-Smith, Kazuyoshi Murata (*National Institute of Physiological Sciences*)

2Pos209 生体分子機能の増強に向けた分子局所加温技術の開発
Development of Molecular Heating Technology toward the Enhancement of Biomolecular Functions
Yuya Matsuda[1], Kayoko Nomura[2], Cong Quang Vu[2], Takeru Yamazaki[2], Satoshi Arai[1,2] ([1]*Division of Nano Life Science, Kanazawa University*, [2]*WPI Nano Life Science Institute (WPI-NanoLSI), Kanazawa University*)

2Pos210 Ensemble of Deep Neural Network Models for Drug Screening Using 3D Images of *Drosophila* Larvae
Md Al Mehedi Hasan[1], Jean-Emmanuel Clement[2], Walker Peterson[3], Tsubasa Kobayashi[3], Soichiro Hata[4], Takuya Otsuka[4], Koji Tabata[1,2], Masahiro Sonoshita[4], Keisuke Goda[3,5], Tamiki Komatsuzaki[1,2] ([1]*Research Institute for Electronic Science, Hokkaido University, Sapporo, Japan*, [2]*Institute for Chemical Reaction Design and Discovery, Hokkaido University, Sapporo, Japan*, [3]*Department of Chemistry, Graduate School of Science, The University of Tokyo, Tokyo, Japan*, [4]*Institute for Genetic Medicine, Hokkaido University, Sapporo, Japan*, [5]*Department of Bioengineering, University of California, Los Angeles, California 90095, USA*)

2Pos211 オプティカル光熱赤外分光法（O-PTIR）の液ー液相分離分析への応用可能性についての考察
Consideration of the applicability of optical photothermal infrared spectroscopy (O-PTIR) to liquid-liquid phase separation analysis
Naoki Baden (*Nihon Thermal Consulting Co.*)

2Pos212 生物発光による多色同時観察法の開発
A method for simultaneous observation of multiple bioluminescence colors
Mitsuru Hattori[1], Tetsuichi Wazawa[1], Yuki Hiruta[2], Takeharu Nagai[1] ([1]*SANKEN, The University of Osaka*, [2]*Faculty of Science and Technology, Keio University*)

2Pos213 Development of X-ray fluorescence microscope toward non-destructive nanoscale investigation of phase-separated structures in cell nucleus
Yosuke Tomioka[1], Yukako Oma[1], Masahiko Harata[1,2], Yuki Takayama[1,2] ([1]*Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University*, [2]*International Center for Synchrotron Radiation Innovation Smart, Tohoku University*)

2Pos214 黄金の蝶々型ナノ粒子を用いた液液相分離液滴の生成消滅制御テクノロジー
Regulatory nanotechnology of liquid-liquid phase separated condensates formation/deformation dynamics by using gold nano-butteflies
Tomohiro Nobeyama[1], Koji Takata[3], Tatsuya Murakami[3], Yoichi Yamada[2], Kentaro Shiraki[2] ([1]*Institute for Advanced Study iCeMS, Kyoto University*, [2]*Pure and Applied Physics, University of Tsukuba*, [3]*Graduate School of Engineering, Toyama Prefectural University*)

2Pos215 発蛍光プローブを用いた入れ替わり可能なタンパク質ラベル化システムの開発
Development of Exchangeable Protein Labeling System Using Fluorogenic Probe
Masafumi Minoshima[1], Shahi Imam Reja[2], Kohei Iijima[1], Kazuya Kikuchi[1,2] ([1]*Grad. Sch. Eng. The University of Osaka*, [2]*IFReC, The University of Osaka*)

32. バイオエンジニアリング／32. Bioengineering

2Pos216 CaM–M13 システムを用いたイオンによる生体分子機械の組み立て制御
Controlling the Assembly of Biomolecular Machines by Ions Using the CaM-M13 System
Ziyun Zhang[1], Nobuyuki Nishibe[1], Shinsaku Maruta[1,2] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. Soka*, [2]*Sch.Sci., Univ. Soka*)

2Pos217 大気圧プラズマによるマウス筋芽細胞 C2C12 の成長促進
Growth promotion of murine myoblast cells C2C12 by non-thermal atmospheric pressure plasma exposure
Takeru Kobayashi, **Miho Tsuji**, Kumagai Shinya (*Meijo Univerisity*)

2Pos218 An enzyme discovery approach based on microbial growth in water-in-oil microdroplets
Fumika Hemmi, Kazuma Kouno, Sotaro Uemura, **Ryo Iizuka** (*Dept. Biol. Sci., Grad. Sch. Sci., The Univ. Tokyo*)

34. Miscellaneous topics その他／34. Miscellaneous topics

2Pos219 インクジェットパターン植菌法による大腸菌のコロニー成長の評価
Evaluation of microbial colony growth of *Escherichia coli* inoculated via bioprinting
Mikiko Tsudome[1,2], Shigeru Deguchi[1], Yutetsu Kuruma[1,2] ([1]*Jamstec*, [2]*Yokohama City Univ.*)

2Pos220 膜のゆらぎを制御した膜面上の相分離
Phase separation on a membrane surface with controlled membrane fluctuations
Naoki Iso[1], Takahiro Sakaue[1], Shunsuke Yamazaki[2], Tsutomu Hamada[2] ([1]*Department of Physical Sciences, Aoyama Gakuin University*, [2]*School of Materials Science, Japan Advanced Institute of Science and Technology*)

01A. タンパク質：構造／01A. Protein: Structure

3Pos001 ミオシン II の化学反応と力学反応との共役の分子メカニズムに関する進捗報告
Progress report on the molecular mechanism of the conjugation of chemical and mechanical reactions of myosin II
Riho Sato, Takuo Yasunaga (*Grad. Sch. Comput. Sci. Syst. and Eng, Kyushu Inst. Tech*)

3Pos002 ファージの宿主認識の構造解析
Structural analysis of phage host recognition
Shuji Kanamaru (*Department of Life Science and Technology, Institute of Science Tokyo*)

3Pos003 HOIL-1L による HOIP の活性制御機構の構造生物学的解析
Structural biology of the regulation of HOIP activity by HOIL-1L
Marina Koga[1], Kazuki Kasai[2], Kayo Imamura[1], Kazuhiro Iwai[3], Takayuki Kato[4], Mika Hirose[4], Keiichi Namba[2], Tomoko Miyata[2], Rie Motohashi[1], Hidehito Tochio[1] ([1]*Grad. Sch. of Sci., Kyoto Univ.*, [2]*Grad. Sch. of Fro., Osaka Univ.*, [3]*Grad. Sch. of Med., Kyoto Univ.*, [4]*inst. for pro., Osaka Univ.*)

3Pos004 AcrB による薬剤排出の分子基盤の解析
Analysis of the molecular basis of drug efflux by AcrBAnalysis of the molecular basis of drug efflux by AcrB
Wataru Sakaguchi[1], Yuto Muto[1], Atsuki Nakano[1], Kaoru Mitsuoka[2], Ken Yokoyama[1] ([1]*Department of Molecular Biosciences, Kyoto Sangyo University*, [2]*Reseach Center for Ultra-High Voltage Electron Microscopy, Osaka University*)

3Pos005 Liposome に再構成した LRRC8A の構造解析
Structural analysis of LRRC8A reconstituted into liposome
Ryuga Teramura[1], Atsuki Nakano[1], Kaoru Mitsuoka[2], Ken Yokoyama[1] ([1]*Life,Sci.,KSU*, [2]*Research Center.,Univ.Osaka*)

3Pos006 ウシ心筋ミトコンドリアの SMP における ATP 合成酵素のオリゴマー構造
Structure of ATP synthase oligomer in SMP membranes of bovine heart mitochondria
Atsuki Nakano[1], **Katsuya Matsuki**[1], Shunsuke Akisada[1], Kaoru Mitsuoka[2], Ken Yokoyama[1] ([1]*Department of Molecular Biosciences, Kyoto Sangyo University*, [2]*Research Center for Ultra-High Voltage Electron Microscopy, Osaka University*)

3Pos007 人工赤色蛋白質 AzamiRed1.0 に復帰変異を導入した変異体シリーズの構造と分光学的性質
Structures and spectroscopic properties of a series of revertant mutant proteins of AzamiRed1.0, an engineered red fluorescent protein
Isamu Nagatomi[1], Hiromi Imamura[2], Norihiro Takekawa[1], Katsumi Imada[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.*, [2]*Grad. Sch. Biost., Kyoto Univ.*)

3Pos008 HeLa S3 細胞内のヒト UCHL3 の立体構造解析
In-cell NMR study of human UCHL3 in HeLa S3 cells
Hikari Sato[1], Moeka Nagamine[1], Yuiri Akae[1], Shigeharu Kubota[1], Hiroki Miyata[1], Haruka Sugasawa[1], Kohsuke Inomata[1,2,3], Teppei Ikeya[1], Yutaka Ito[1] ([1]*Department of Chemistry, Tokyo Metropolitan University*, [2]*Insititute for Molecular Science, National Insititutes of Natural Sciences*, [3]*Okazaki Collaborative Platform, National Institutes of Natural Sciences*)

3Pos009 分子クラウディング環境下での蛋白質の立体構造
Protein 3D structures under macromolecular crowding environment
Shuto Kubo, Seito Kato, Ryouma Tagishi, Akio Horikawa, Sayeesh P.M., Kousuke Inomata, Teppei Ikeya, Yutaka Ito (*Department of Chemistry, Tokyo Metropolitan University*)

3Pos010 Cryo-EM structure of a putative bicarbonate channel PtBEST1 from diatom *Phaeodactylum tricornutum*
Hiroyasu Koteishi[1], Akihiro Kawamoto[1], Ginga Shimakawa[3], Hiroaki Matsui[2], Yoshinori Tsuji[2], Yusuke Matsuda[2], Genji Kurisu[1] ([1]*IPR, Osaka Univ.*, [2]*Dept. Biosci., Sch. Biol & Environ. Sci., Kwansei Gakuin Univ.*, [3]*Grad. Sch., Agri. Sci., Kobe Univ.*)

3Pos011 Structural analysis of Ib mutants by cryo-electron microscopy to reveal the membrane pore formation process of Ib
Ren Nakanishi (*kyoto sangyo university*)

01B. タンパク質：物性（安定性，折れたたみなど）／01B. Protein: Physical property

3Pos012 分子動力学シミュレーションを用いた IL3Rα N 末端領域の構造揺らぎが IL-3 結合親和性に与える影響評価
Molecular dynamics simulation for IL-3/IL3Rα complexes to verify the effects of fluctuations of IL3Rα N-terminal domain on affinity
Toshiaki Ueda[1], Aiko Hasegawa[2], Yozo Nakazawa[1,2], Koji Umezawa[1] ([1]*Grad. Sch. of Sci. & Tech., Shinshu Univ.*, [2]*Sch. of Med., Shinshu Univ.*)

3Pos013 分泌発現量に関わる α 接合因子プレプロリーダー配列の動的構造特性
Dynamical structural property of α-mating factor pre-pro-leader sequence and relationship with the expression yield
Kazumasa Sakurai (*Inst. Adv. Tech., Kindai Univ.*)

3Pos014 The relationship between initial structure and polymorphism of amyloid fibrils from SARS-CoV-2 spike peptide
Manami Yamaguchi[1], Emi Hibino[1], Natsuko Goda[1], Takeshi Tenno[1,2], Hidekazu Hiroaki[1,2,3] ([1]*Grad. Sch. Pharm. Sci., Nagoya Univ.*, [2]*BeCellBar, LLC*, [3]*COMIT*)

3Pos015 GFPuv の発色団形成反応におけるカルボニル基の役割
Role of carbonyl groups in the chromophore formation of GFPuv
Tomoya Adachi[1], Masaru Hoshino[2], Kaori Chiba[1] ([1]*Indust. Eng. Natl. Inst. Tech, Ibaraki Coll. Japan*, [2]*Kyoto Univ. Pharm.*)

3Pos016 GFP 様タンパク質 mCherry が分子の内部にもつ酸性アミノ酸の役割
Role of acidic Amino Acids inside the molecule of GFP-like Proteins
Pattarisa Rerganan[1], Masaru Hoshino[2], Nobuhiro Suzuki[3], Kaori Chiba[1] ([1]*Indust. Eng. Natl. Inst. Tech, Ibaraki Coll. Japan*, [2]*Kyoto Univ. Pharm.*, [3]*NARO*)

3Pos017 E222DGFPuv は中性 pH で acidic form の発色団のみを持つ
E222DGFPuv has only chromophores in acidic form at neutral pH
Yutsuki Mimura[1], Masaru Hoshino[2], Kaori Chiba[1] ([1]*Indust. Eng. Natl. Inst. Tech, Ibaraki Coll. Japan*, [2]*Kyoto Univ. Pharm.*)

3Pos018 タンパク質をモデルとした生物の超高圧力耐性のラマン分光研究
Raman Spectroscopic Study on Ultra-High Pressure Resistance in Small Organisms Using Proteins as a Model
Kantaro Iwasa[1], Toshiki Nakao[1], Minoru Kato[1,2] ([1]*Grad. Sch. of Life Sci. Univ. Ritsumei*, [2]*Col. of Life Sci. Univ. Ritsumei*)

3Pos019 部位特異的変異体を用いた α-イソプロピルリンゴ酸合成酵素(IPMS)のロイシン認識メカニズムの解明
Elucidation of the leucine recognition mechanism of α-isopropylmalate synthase (IPMS) using site-directed mutants
Hanane Nakamura[1], Yuto Miura[1], Hana Kitazume[1], Kanon Sugao[2], Yoko Akazawa[3], Shigeru Shimamoto[4], Takayuki Ohnuma[2], Atsushi Kurata[2], Koichi Uegaki[2] ([1]*Grad.Sch.Agric.Kindai univ.*, [2]*Agric.Kindai univ.*, [3]*AIST*, [4]*Fac.Sci. &Eng.Kindai univ*)

3Pos020 α-イソプロピルリンゴ酸合成酵素のロイシン感受性とリンカードメインの構造変化
Leucine Sensitivity and Structural Changes in the Linker Domain of *α-Isopropylmalate Synthase*
Yuto Miura[1], Hanane Nakamura[1], Hana Kitadume[1], Kanon Sugao[2], Yoko Akazawa[3], Kazuki Mitani[4], Shigeru Shimamoto[4], Kazuki Kawahara[5,6], Hiroya Oki[7] ([1]*Grad. Sch. Agric., Kindai Univ.*, [2]*Agric., Kindai Univ.*, [3]*AIST*, [4]*Fac. Sci. & Eng., Kindai Univ.*, [5]*Grad. Sch. Pharm. Sci., Osaka Univ.*, [6]*CiDER, Osaka Univ.*, [7]*Res. Inst. Microbial Dis., Osaka Univ.*)

3Pos021 均一基質バインダーのダイナミクスと進化
Dynamics and Evolution of Uniform Substrate Binder
Yusran Abdillah Muthahari[1], Yovin Sugijo[1], Paola Laurino[1,2] ([1]*Protein Engineering and Evolution Unit, Okinawa Institute of Science and Technology*, [2]*Institute for Protein Research, Osaka University*)

3Pos022 ヘイムダルアクチンは短いフィラメントを形成し，骨格筋トロポミオシントロポニン複合体と共沈する
Heimdall actin forms short filaments and coprecipitates with the muscle tropomyosin-troponin complexes
Kaoru Takahashi[1], Tomoharu Matsumoto[2], Akihiro Narita[2], Taro Q.P. Uyeda[1] ([1]*Dept. Pure. & Appl. Phys., Grad. Sch. Adv. Sci. & Eng., Waseda Univ.*, [2]*Dept. Physics, Grad. Sch. of Science, Nagoya Univ.*)

3Pos023 EPR 法による南極海および深海細菌由来無機ピロフォスファターゼの低温適応機構の解明
EPR Spectroscopy Reveals the Cold Adaptation Mechanism for Di-Mn^{2+} Inorganic Pyrophosphatase
Ren Sugawara, Yuri Kusu, Kantaro Sakamoto, **Masaki Horitani** (*Fac. Agri., Saga Univ.*)

3Pos024 ヒト H 鎖フェリチン内部に形成される鉄コアに対するリン酸の影響
Effect of phosphate on the iron core formed in human H-ferritin
Katsuaki Hanabusa[1], Takumi Kuwata[2], Haruki Sakakibara[1], Kazuo Fujiwara[1], Masamichi Ikeguchi[1,2] ([1]*Department of Biosciences., Graduate School of Science and Engineering, Soka University*, [2]*Department of Science and Engineering for Sustainable Innovation, Soka University*)

3Pos025 NMR による Ubiquitin C-terminal Hydrolase (UCHL3)のユビキチンとの相互作用とダイナミクス解析
NMR analysis of the intermolecular interaction between Ubiquitin C-terminal Hydrolase (UCHL3) and ubiquitin, and their molecular dynamics
Shigeharu Kubota, Hiroki Miyata, Haruka Sugasawa, Yutaka Ito, Teppei Ikeya (*Department of Chemistry, Tokyo Metropolilitan University*)

3Pos026 Purification and functional analysis of Loki archaea actin
Haruka Tatsuta[1], Gaku Sakai[1], Yuta Yanase[1], Tomoharu Matsumoto[2], Akihiro Narita[2], Taro Uyeda[1] ([1]*Grad. Sch. Adv. Sci. Eng., Univ. Waseda*, [2]*Grad. Sch. Sci., Univ. Nagoya*)

01D. タンパク質：計測・解析の方法論／01D. Protein: Measurement & Analysis

3Pos027 A high-performance software suite for 3D reconstruction from single-particle X-ray scattering
Wenyang Zhao[1], Osamu Miyashita[1], Florence Tama[1,2,3] ([1]*RIKEN Center for Computational Science*, [2]*Institute of Transformative Bio-Molecules, Nagoya University*, [3]*Graduate School of Science, Nagoya University*)

3Pos028 CaMKII と GluN2B ペプチドの結合を可視化する高速 AFM 基板の開発
Development of a HS-AFM substrate to visualize the binding between CaMKII and GluN2B peptides
Kodai Hasegawa[1], Taiki Kobayashi[2], Hiroki Konno[3,4], Yusuke Miyanari[3,4], Mikihiro Shibata[3,4] ([1]*Grad.Sch.NanoLS.,Kanazawa Univ.*, [2]*Sch.Math.&Phys.,Kanazawa Univ.*, [3]*WPI-NanoLSI,Kanazawa Univ.*, [4]*InFiniti,Kanazawa Univ.*)

3Pos029 高速 AFM 用超微小カンチレバーの変位検出レーザーの自動位置アライメント
Automatic position alignment of the deflection detection laser to ultra-small high-speed AFM cantilever
Taiyo Ogawa[1], Noriyuki Kodera[2], Kenichi Umeda[2] ([1]*Grad.Sch.Math. & Phys.,Kanazawa Univ.*, [2]*WPI-NanoLSI,Kanazawa Univ.*)

3Pos030 蛍光明滅を併用した TDP-43–核酸相互作用の定量性向上
Improving quantitative detection of TDP-43-nucleic acid interactions by combining fluorescence blinking analysis
Haruki Kawai[1], Akira Kitamura[2] ([1]*Grad. Sch. of Life Sci., Hokkaido Univ.*, [2]*Fac. of Adv. Life Sci., Hokkaido Univ.*)

3Pos031 磁気コンパスの機構解明に向けた共焦点顕微鏡による FAD-Trp 系の蛍光測定
Fluorescence measurement of the FAD-Trp system by confocal microscopy to elucidate the mechanism of the magnetic compass
Akihiro Tateno[1], Toru Kondo[1,2] ([1]*ExCELLS*, [2]*NIBB*)

01E. タンパク質：タンパク質工学／進化工学／01E. Protein: Engineering

3Pos032 Tag/Catcher システムを用いたタンパク質構造体への異種タンパク質の取り込みの検討
Incorporation of heterologous proteins into protein structures using the Tag/Catcher system
Yume Kosuge, Koki Kamiya (*Grad. Sch. Sci. & Tech., Gunma Univ.*)

3Pos033 耐熱性酵素を用いた無細胞アルカン合成
Cell-free alkane synthesis using thermostable enzymes
Kaisei Nagao[1], Shunji Suetaka[1], Munehito Arai[1,2] ([1]*Dept. Life Sci., Univ. Tokyo*, [2]*Dept. Phys., Univ. Tokyo*)

3Pos034 大腸菌における翻訳促進ペプチドの機械学習による予測と実証
Machine learning-guided identification and validation of translation-enhancing peptides in *Escherichia coli*
Chie Motono[1], Yokoyama Gentaro[2], Hideo Nakano[3], Teruyo Ojima-Kato[3], Michiaki Hamada[2] ([1]*Cellular and Molecular Biotechnology Research Institute, AIST*, [2]*Graduate School of Advanced Science and Engineering, Waseda University*, [3]*Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University*)

3Pos035 タンパク質ファミリー 2 種の配列を深層学習により混合させた新規タンパク質の特性
Deep Learning-Guided Generation of "Marble-Type" Hybrid Transcription Factors Bridging Two Subfamilies
Michio Aiko, Atsushi Minami, Sota Okuda, Kazumasa Ohtake, **Daisuke Kiga** (*Waseda U, Dept. Elect Eng and Biosci*)

3Pos036 A platform for developing thermogenetic tools to control protein function
Quang Cong Vu, Satoshi Arai (*WPI Nano Life Science Institute (WPI-NanoLSI), Kanazawa University*)

01F. タンパク質：天然変性／01F. Protein: Intrinsic disorder

3Pos037 SOS1 天然変性領域(IDR)の GRB2 との多価相互作用と液液相分離形成機構の溶液 NMR 解析
NMR analysis of the multivalent interaction between SOS1 intrinsically disordered region and GRB2 and its liquid–liquid phase separation
Rina Kamimura[1], Sangya Yu[1], Maho Watanabe[1], Toshifumi Hayashi[1], Haruka Sugasawa[1], Tsutomu Mikawa[2], Yutaka Ito[1], Teppei Ikeya[1] ([1]*Department of Chemistry, Graduate School of Science, Tokyo Metropolitan University*, [2]*RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research*)

3Pos038 Kinetic Study on LLPS of Pbp1 by Combining Stopped-Flow and Transient Grating Methods
Ryo Taniguchi, Masahide Terazima, Yusuke Nakasone (*Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*)

3Pos039 SAXS-guided prediction of animal-like cryptochrome from green alga Chlamydomonas reinhardtii structure via coarse-grained MD simulations
Petlada Rattanasombat[1], Osamu Miyashita[2], Tsubura Yoshimi[3], Sachiko Yanagisawa[3], Minoru Kubo[3], Florence Tama[1,2,4] ([1]*Graduate School of Science, Nagoya University*, [2]*RIKEN Center for Computational Science*, [3]*Graduate School of Science, University of Hyogo, Ako-gun, Hyogo, Japan*, [4]*Institute of Transformative Bio-Molecules, Nagoya University*)

3Pos040 高速ＡＦＭによる結核菌休眠制御タンパク質ＭＤＰ1 のサブ分子観察
Sub-molecular imaging of MDP1, a dormancy-regulating intrinsically disordered protein in *Mycobacterium tuberculosis*, by high-speed AFM
Yuna Goto[1], Kaho Nakamoto[1], Kenichi Umeda[2], Akihito Nishiyama[3], Sohkichi Matsumoto[3], Noriyuki Kodera[2] ([1]*Grad. Sch. Math. & Phys., Kanazawa Univ.*, [2]*WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.*, [3]*Dept. Bacteriol., Niigata Univ. Sch. Med.*)

02. ヘムタンパク質／02. Heme proteins

3Pos041 Modification of intramolecular electron transfer membrane protein for photo-induced iron reduction
Kanta Kondo[1], Hiroshi Sugimoto[2,3], Kimura Tetsunari[1,4] ([1]*Dept. of Chem., Grad Sch. of Sci., Kobe Univ.*, [2]*SPring-8Cent., RIKEN.*, [3]*Dept. of Life Sci., Grad Sch. of Sci., Hyogo Prefectural Uni.*, [4]*Research Cent. for Molecular Photo Sci., Kobe Uni.*)

3Pos042 Analysis of the Transport Mechanism in the ABC transporter Based on Spectroscopic Tracking of Heme
Kaito Nakagawa[1], Yoshitsugu Shiro[2], Hiroshi Sugimoto[2,3], Tetsunari Kimura[1,4] ([1]*Dept. of Chem., Grad. Sch. of Sci., Kobe Univ.*, [2]*Dept. of Life Sci., Grad. Sch. of Sci., Univ. of Hyogo*, [3]*SPring-8 Cent., RIKEN*, [4]*Mol. Photo. Res. Cent., Kobe Univ.*)

03. 膜タンパク質／03. Membrane proteins

3Pos043 QM/MM シミュレーションを用いたハロロドプシンの光活性化状態に関する理論的研究
Theoretical studies on halorhodopsin photoactivation using QM/MM simulations
Tomo Ejiri, Shigehiko Hayashi (*Grad. Sci., Univ. Kyoto*)

3Pos044 全長構造から読み解く KcsA の構造ダイナミクスと機能
Structural dynamics and function of KcsA revealed by the full-length structures
Kotaku Yano[1], Hiroko Takazaki[2], Hirofumi Shimizu[3], Takuo Yasunaga[1] ([1]*Grad. Sch. Comp. Sci. and Sys. Eng. Kyushu Inst. Tech*, [2]*IPR, Osaka University*, [3]*University of Fukui*)

3Pos045 脂質過酸化能の評価に向けた BRIL 融合型シトクロム b561D2 のナノディスク化
Preparation of BRIL-fused cytochrome b561D2 in nanodisc to evaluate its peroxidation activity for lipid membrane
Haruka Yoshimura[1], Motonari Tsubaki[1], Hisroshi Sugimoto[2,3], Tetsunari Kimura[1,4] ([1]*Graduate School of Science, Kobe University*, [2]*SPring-8 Center, RIKEN*, [3]*Graduate School of Science, University of Hyogo*, [4]*Molecular PhotoScience Research Center, Kobe University*)

3Pos046 Affinity between of the ABC transporter BhuUV and the periplasmic binding protein BhuT, investigated by biolayer interferometry
Yusei Toyoda[1], Yoshitsugu Shiro[2], Hiroshi Sugimoto[2,3], Tetsunari Kimura[1,4] ([1]*Dept. of Chem., Grad. Sch. of Sci., Kobe Univ.*, [2]*Dept. of Life Sci., Grad. Sch. of Sci., Univ. of Hyogo*, [3]*SPring-8 Cent., RIKEN*, [4]*Mol. Photo. Res. Cent., Kobe Univ.*)

04. DNA・DNA 結合タンパク質／04. DNA & DNA binding proteins

3Pos047 Molecular Simulations Reveal Phase Separation Mechanisms of Pluripotency Transcription Factor Combinations
Samuel Blazquez Fernandez, Yutaka Murata, Shoji Takada, Tsuyoshi Terakawa (*Department of Biophysics, Graduate School of Science, Kyoto University, Kyoto, Japan*)

3Pos048 高速 AFM による形状測定とナノ力学測定を用いた DNA-MDP1 複合体の薬剤応答解析
Structural and nano-mechanical analysis of drug effects on DNA-MDP1 complexes using high-speed AFM
Kaho Nakamoto[1], Yuna Goto[1], Kenichi Umeda[2], Akihito Nishiyama[3], Sohkichi Matsumoto[3], Noriyuki Kodera[2] ([1]*Grad. Sch. Math. & Phys., Kanazawa Univ.*, [2]*WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.*, [3]*Dept. Bacteriol., Niigata Univ. Sch. Med.*)

3Pos049 Slippage Dynamics of Trinucleotide Hairpins and Their Disruption of the Genome-Maintaining Function of Human Replication Protein A (hRPA)
I-Ren Lee, Yu-Chi Kuang, Cheng-Wei Ni, Szu-Yu Chen (*Department of Chemistry, National Taiwan Normal University*)

05. RNA・RNA 結合タンパク質／05. RNA & RNA binding proteins

3Pos050 グルタミル tRNA 合成酵素の分子機構に関する理論的研究
Theoretical study on a molecular mechanism of the glutamyl-tRNA synthetase
Ayaka Matsuyama[1], Masahiko Taguchi[2], Shigehiko Hayashi[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*, [2]*IMRAM, Tohoku Univ.*)

06. DNA/RNA ナノテクノロジー／06. DNA/RNA nanotechnology

3Pos051 紫外線損傷 DNA の低分子化合物による光修復
Photorepair of UV-damaged DNA by small molecules
Tatsuya Iwata, Rina Fuchigami, Risa Inomata, Manato Okabe, Yumika Ochiai, Fumio Takahashi, Mineo Iseki (*Fac. Phar. Sci., Toho Univ.*)

3Pos052 A Systematic Approach for Integrating DNA Aptamers and DNA-Responsive Nanosystems via Strand Displacement Reactions
Satofumi Kato[1], Masahiro Takinoue[2], Hiroaki Onoe[1] ([1]*Graduate School of Science and Technology, Keio University*, [2]*Department of Computer Science, Institute of Science Tokyo*)

3Pos053 Self-limited assembly of shape-adjustable DNA origami modules into desired polygonal shapes
Ayu Sakamoto, **Yuki Suzuki** (*Grad. Sch. Eng., Mie Univ.*)

07. 核酸：その他／07. Nucleic acid: Others

3Pos054 DNA 超らせん構造のねじれと伸長による力学的制御
Mechanical control of DNA supercoils by torsion and extension
Shinnosuke Inui, Anzu Kawamura, Yoshihiro Murayama (*Department of Biomedical Engineering, Faculty of Engineering, Tokyo University of Agriculture and Technology*)

08. クロマチン・染色体／08. Chromatin & Chromosomes

3Pos055 ESR 分光学で捉えた液液相分離中のヘテロクロマチンタンパク質 1(HP1)のダイナミクス
Dynamics of heterochromatin protein 1 (HP1) during phase separation, as studied by ESR spectroscopy
Isao Suetake[2], Kazunobu Sato[1], Toshiki Takei[3], Tomoaki Sugishiata[3], Yuichi Mishima[3], Yoh Matuski[3], Toshimichi Fujuwara[3], Takeji Takui[1], Makoto Miyata[1], Hironobu Hojo[3], **Toshiaki Arata[1,3]** ([1]*Grad. Sch. Sci., Osaka Met. Univ.*, [2]*Grad. Sch. Home Economics, Kobe Women's Univ.*, [3]*Inst. Protein Res., Univ. Osaka*)

3Pos056 Mechanical Insights into Nucleosome Remodeling by divalent Cations: A Single-molecule study
Amarjeet Kumar[1], Tomoko Sunami[1], Shoko Sato[2], Hitoshi Kurumizaka[2], Hidetoshi Kono[1,3] ([1]*Inst. Quant. Life Sci., Nat. Inst. Quant. Sci. Tech., Chiba, Japan*, [2]*Inst. Quant. BioSci., Univ. of Tokyo, Tokyo, Japan*, [3]*Cent. Quant Life Sci. Str. Therap., Chiba Univ., Chiba, Japan*)

3Pos057 ヌクレオソーム DNA 引き剥がしダイナミクスの解読：ナノポアが明らかにするヒストン N 末端テイルの役割
Decoding Nucleosomal DNA Unwrapping Dynamics: The Role of Histone N-Terminal Tails Revealed by Nanopores
Satoshi Ogihara[1], Hikaru Nozawa[1], Takumi Oishi[2], Fritz Nagae[3], Munetaka Akatsu[2], Shoji Takada[3], Hitoshi Kurumizaka[2], Sotaro Uemura[1] ([1]*Department of Biological Sciences, Graduate School of Science, The University of Tokyo*, [2]*Institute for Quantitative Biosciences, The University of Tokyo*, [3]*Department of Biophysics, Graduate School of Science, Kyoto University*)

10. 水・水和／電解質／10. Water & Hydration & Electrolyte

3Pos058 回折 X 線明滅法を用いた不凍液中の再結晶過程に伴う水分子動態解析
Molecular dynamics analysis of the recrystallization behavior of water in antifreeze solutions by Diffracted X-ray Blinking
Daisuke Sasaki[1], Umena Yasufumi[2], Yuji C. Sasaki[1] ([1]*Department of Advanced Materials Science, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo*, [2]*Synchrotron Radiation Research Center,Nagoya University*)

3Pos059 サブテラヘルツ波照射による DNA 塩基対形成の非熱的促進
Non-thermal acceleration of DNA base-pair rearrangement using sub-THz irradiation
Masahiko Imashimizu, Johtaro Yamamoto, Tomoya Inose (*AIST*)

12. 発生・分化／12. Development & Differentiation

3Pos060 ショウジョウバエ胚の後腸の捻転と伸長は異なる集団細胞移動によって独立して制御される
Distinct collective cell behaviors independently regulate the rotation and elongation of the embryonic gut in *Drosophila*
Mikiko Inaki[1,2], Satoru Okuda[3], Kenji Matsuno[2] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. Hyogo*, [2]*Grad. Sch. Sci., Univ. Osaka*, [3]*Nano LSI, Kanazawa Univ.*)

3Pos061 細胞性粘菌における細胞分化・脱分化と細胞内 Ca^{2+}動態の相関分析
Correlative analysis of intracellular Ca^{2+} dynamics with cell differentiation and dedifferentiation in *Dictyostelium*
Rintaro Aono, Yusuke V. Morimoto (*Grad. Sch. Comput. Sci. Syst. and Eng, Kyushu Inst. Tech.*)

3Pos062 人工ヒト胚モデルにおけるサイズ依存的なパターン形成：胚葉形成のダイナミクスに関する考察
Size-Dependent Pattern Formation in Engineered Human Embryo Models: Insights into Gastrulation Dynamics
Miyu Mori[1], Hazuki Tuboi[1], Ryo Kojima[1], Chihiro Takeuchi[1], Yohei Hayashi[2], Kiyoshi Ohnuma[1] ([1]*Nagaoka University of Technology*, [2]*BioResource Research Center, RIKEN*)

13. 筋肉（筋蛋白質・収縮）／13. Muscle

3Pos063 昆虫飛翔筋の回転平均化された 2 次元 X 線回折像からサルコメアの 3 次元構造を復元する
Restoration of the 3D structure of insect flight muscle from a rotationally averaged 2D X-ray diffraction pattern
Hiroyuki Iwamoto (*SPring-8・JASRI*)

14. 分子モーター／14. Molecular motor

3Pos064 Cilia-like Beating of Clamped Microtubules Driven by Kinesin Motors
Jane Wanja Karanja, Douglas K. Ng'ang'a, Takahiro Nitta (*Applied Physics Course, Faculty of Engineering, Gifu University, Gifu 501-1193, Japan*)

3Pos065 Buckling and Trajectory Deflections of Microtubules Driven by Kinesin Motors
Douglas Kagoiya Ng'ang'a, Takahiro Nitta (*Applied Physics Course, Faculty of Engineering, Gifu University*)

3Pos066 Cryo-EM visualization of the conformational states of G_1-ATPase, a rotary motor driving *Mycoplasma mobile* gliding
Takuma Toyonaga[1], Daisuke Unabara[1], Tasuku Hamaguchi[1], Koji Yonekura[1,2] ([1]*IMRAM, Tohoku Univ.*, [2]*RIKEN SPring-8 Center*)

3Pos067 Development of gold nanoparticle-based optical switches for reversible artificial muscles driven by kinesin motor proteins
Kensei Hori[1], Taiyo Sato[1], Yuich Hiratsuka[2], Keisuke Morishima[4], Takahiro Nitta[3] ([1]*Grad. Sch. Nat. Sci. & Tech., Univ.Gifu*, [2]*JAIST*, [3]*Univ.Gifu*, [4]*Univ.Osaka*)

3Pos068 二重オプトジェネティックツールによるキネシン 14 のアンカー位置制御を介した微小管運動方向の光制御
Light-controlled directional reversal of microtubule motility via dual optogenetic switches regulating kinesin-14 anchoring
Masahiko Yamagishi[1,2], Junichiro Yajima[1,2,3] ([1]*Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo*, [2]*Komaba Institute for Science, The University of Tokyo*, [3]*Research Center for Complex Systems Biology, Universal Biology Institute, The University of Tokyo*)

3Pos069 LOV トロポニンによるアクトミオシンの光制御
Light control of myosin-actin based motility by LOV-Troponin
Koki Yasuda (*JAIST*)

3Pos070 脂質二重膜中で機能する ATP 合成酵素のクライオ電子顕微鏡構造解析
Cryo-EM structures of ATP synthases functioning in lipid bilayers
Atsuki Nakano[1], Jun-Ichi Kishikawa[2], Christoph Gerle[5], Hideki Shigematsu[4], Kaoru Mitsuoka[3], Ken Yokoyama[1] ([1]*Fac. of Life Sci., Kyoto Sangyo Univ.*, [2]*Applied Biology, Kyoto Institute of Technology*, [3]*Research Center for Ultra-High Voltage Electron Microscopy, Osaka University*, [4]*JASRI*, [5]*RIKEN SPring-8 Center*)

3Pos071 骨格筋の収縮原理を細胞外で模倣したアクトミオシンーフィブリンゲル混合アクチュエータ
Actomyosin–fibrin gel composite actuator mimicking contraction mechanism of skeletal muscle extracellularly
Takuro Kawasumi[1], Koki Yoshida[2], Yuichi Hiratsuka[3], Hiroaki Onoe[1] ([1]*Keio University*, [2]*Shibaura Institute of Technology*, [3]*Japan Advanced Institute of Science and Technology*)

3Pos072 情報熱力学による F_1-ATPase 内の相互作用の実験的評価
Experimental evaluation of interactions within F_1-ATPase based on information thermodynamics
Ken Takagi[1], Yohei Nakayama[1], Chun-Biu Li[2], Stefano Bo[3], Takahiro Sagawa[4], Shoichi Toyabe[1] ([1]*Department of Applied Physics, Tohoku University, Japan*, [2]*Department of Mathematics, Stockholm University, Sweden*, [3]*Department of Physics, King's College London, United Kingdom*, [4]*Department of Applied Physics, The University of Tokyo, Japan*)

3Pos073 *Enterococcus hirae* V-ATPase の Na^+能動輸送を支える a サブユニットの 2 つのハーフチャネルの非対称な Na^+結合親和性
Asymmetric Na^+ binding affinities of two half-channels in a-subunit support active Na^+ transport of *Enterococcus hirae* V-ATPase
Akihiro Otomo[1,2], Yuan-E Lee[3,4], Juliette Lahore[5], Raymond Burton-Smith[2,3,4], Kano Suzuki[6], Takeshi Murata[6], Kazuhoshi Murata[2,3,4], Ryota Iino[1,2] ([1]*Institute for Molecular Science*, [2]*SOKENDAI*, [3]*ExCELLs*, [4]*National Institute for Physiological Sciences*, [5]*Chmie ParisTech*, [6]*Grad. Sch. Sci., Univ. Chiba*)

3Pos074 Elucidating Dynein Velocity Enhancement via Binding Affinity Modulation
Haruki Kawase[1,2], Kenta Ishibashi[2], Akane Furuta[2], Ken'ya Furuta[1,2] ([1]*The university of Osaka*, [2]*National institute of information and communications technology*)

15A. 細胞生物学的課題：接着／15A. Cell biology: Adhesion

3Pos075 アクチン架橋タンパク質による細胞間境界の力安定性維持機構
Actin Crosslinking Proteins Maintain Force Stability at Cell–Cell Boundaries
Hiroki Katsuta[1], Satoru Okuda[2], Nobutomo Fujimoto[3], Duc Doan Manh[1], Hiroaki Hirata[4], Keiji Naruse[1] ([1]*Faculty of Med. Dent. and Pharm Sci., Okayama Univ.*, [2]*Nano LSI, Kanazawa Univ.*, [3]*Dept. Med., Okayama Univ.*, [4]*Dept. Life Sci. and Biotech., KIT*)

3Pos076 Scale-dependent mechanobiological responses of focal adhesions
Gento Takeshima, Takumi Saito, Shinji Deguchi (*Grad. Sch. Eng. Sci.Univ. Osaka*)

3Pos077 歯周病菌の Fim 線毛先端タンパク質 FimE の C 末端領域の構造
Structure of the C-terminal region of FimE, a tip protein of the Fim pili from *Porphyromonas gingivalis*
Hikaru Tanizaki[1], Norihiro Takekawa[2], Katsumi Imada[2] ([1]*Sch. Sci., Osaka Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.*)

15B. 細胞生物学的課題：運動／15B. Cell biology: Motility

3Pos078 Light-Guided Actin Dynamics Drives Protocell Migration
Hideaki Matsubayashi[1], Shiva Razavi[2], Daichi Nakajima[3], Hideki Nakamura[4], Tomoaki Matsuura[5], Shin-ichiro Nomura[3], Takanari Inoue[2] ([1]*Frontier Research Institute for Interdisciplinary Sciences (FRIS), Tohoku University*, [2]*School of Medicine, Johns Hopkins University*, [3]*Graduate School of Engineering, Tohoku University*, [4]*Hakubi Center for Advanced Research, Kyoto University*, [5]*Earth-Life Science Institute, Science Tokyo*)

3Pos079 Elucidating the role of *Spiroplasma* fibril protein using synthetic bacterium, JCVI syn3
Ali Ahsan, Hana Kiyama, Makoto Miyata (*Grad. Sch. Sci., Osaka Metropolitan Uni.*)

3Pos080 Manipulation of rotational direction of the archaeal flagella motor in *Halobacterium salinarum* by light modulation
Jumpei Sega[1], Masaki Mizutani[1], Daisuke Nakane[2], Takayuki Nishizaka[1] ([1]*Gakushuin University*, [2]*University of Electro-Communications*)

3Pos081 クラミドモナス鞭毛におけるマスティゴネマ線維の構造と機能
Strucutre and function of mastigoneme filaments in *Chlamydomonas* cilium
Toshiki Yagi, Ryuta Yoshizawa, Kakeru Komori (*Dept. Life and Env. Sci, Pref. Univ. Hiroshima*)

3Pos082 マイクロ構造体を用いた運動性を持つ微生物の運動方向の操作
Manipulation of the direction of movement of motile microbes using microstructures
Masaru Kojima[1], Mitsuhiro Horade[2] ([1]*Grad. Sch. Eng.Sci., The Univ. of Osaka*, [2]*Fac. of Sci. and Eng., Setsunan Univ.*)

3Pos083 機械的な力の付加による細胞集団運動の変化から機械走性メカニズムに迫る
Approaching the Mechanism of Mechanotaxis via Collective Cell Migration Induced by Mechanical Force Loading
Chihori Asano[1], Keitaro Shibata[2], Shigenobu Yonemura[2] ([1]*Grad. Sch. Med., Tokushima Univ.*, [2]*Grad. Sch. Biomed. Sci., Tokushima Univ.*)

3Pos084 Phototaxis and light-driven accumulation in wild isolates of *Heterosigma akashiwo*
Naoki Uemura[1], Shoko Ueki[2], Daisuke Nakane[1] ([1]*Dept. Eng. Sci., Univ. Electro-Communications*, [2]*Inst. Plant Sci. Res., Univ. Okayama*)

15C. 細胞生物学的課題：細胞骨格・膜骨格／15C. Cell biology: Cytoskeleton & Membrane skeleton

3Pos085 Dynamic response of keratin assemblies to thermal stress in mutant keratinocytes implicated in Epidermolysis bullosa simplex
Doyin Rachael Abiola[1], Tetsuya Kitaguchi[2], Birgitte E. Lane[3], Madoka Suzuki[1] ([1]*Inst. Protein Res., Univ. Osaka*, [2]*Inst. Integr. Res., Sci. Tokyo*, [3]*SRIS, Singapore*)

3Pos086 植物左右ねじれ伸長創発メカニズムの解明
Elucidating the mechanisms of plant chiral growth
Eiki Meguro[1], Masayoshi Nakamura[2], Toshifumi Mori[3] ([1]*Grad. Sch. Sci., Nagoya Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci. and Eng., Saitama Univ.*, [3]*Institute for Materials Chemistry and Engineering, Kyushu Univ.*)

3Pos087 出芽酵母アクチンフィラメントの in situ 構造解析に向けた取り組み
Towards in situ Structural Analysis of Actin Filaments in Budding Yeast
Hiroko Takazaki[1], Kana Shimamoto[1,2], Stephen Mwaniki[1], Misaki Arie[1], Akira Shinohara[1], Takayuki Kato[1] ([1]*IPR., Univ. Osaka*, [2]*Grad. Sch. Sci., Univ. Osaka*)

3Pos088 ケモメカニカルモデルによる焦点接着斑とアクトミオシン動態の解析
Chemomechanical Model of Focal Adhesion–Actomyosin Dynamics
Eiji Matsumoto, Shinji Deguchi (*Graduate School of Engineering Science, The University of Osaka*)

3Pos089 分子シャペロン αBークリスタリンはチューブリン凝集を抑え微小管会合活性を維持する
The molecular chaperone αB-crystallin delays thermal aggregation of tubulin and maintains microtubule polymerization activity
Shinya Horinouchi[1,2], Daisuke Inoue[3], Shohei Yamamoto[4], Eri Fujita[5], Miho Shimizu[2], Toshiyuki Watanabe[1], Yoriko Atomi[2] ([1]*Grad. Sch. of Eng., Tokyo Univ. Agric. and Technol.*, [2]*ACRO, Teikyo Univ.*, [3]*Faculty of Design, Kyushu Univ.*, [4]*Grad. Sch. of Pharmaceutical Sci., The University of Tokyo*, [5]*Faculty of Medical Tech., Teikyo Univ.*)

3Pos090 生細胞内における力伝播
Force propagation inside a living cell
Ayama Tokuyasu, Hirokazu Tanimoto (*Graduate School of Nanobioscience., Univ. Yokohama city*)

15D. 細胞生物学的課題：情報伝達・細胞膜／15D. Cell biology: Signal transduction & Cell membrane

3Pos091 High Hydrostatic Pressure Regulates the TGF-β Signaling Pathway
Xinxuan Li (*Okayama University*)

3Pos092 大腸菌のアレイブリンキングにおける活性伝搬の役割
The role of signal transduction in *E. coli* array blinking
Kaho Yoshinari, Yong-Suk Che, Akihiko Ishijima, Hajime Fukuoka, Yumiko Uchida (*Grad. Sch. Frontier Biosci. Univ. Osaka*)

3Pos093 大腸菌の走光性情報伝達の FRET 解析
Investigation of blue light-induced phototaxis in Escherichia coli using FRET
Satomi Itoki[1], Naoki Hidaka[3], Ikuro Kawagishi[1,2,3], Yoshiyuki Sowa[1,2,3] ([1]*Grad. Frontier Biosci., Hosei Univ*, [2]*Res. Cent. Micro-nano Tech., Hosei Univ*, [3]*Dept. Frontier Biosci., Hosei Univ*)

3Pos094 環状心筋細胞ネットワーク中の伝導障害部位による伝導変化
Conduction Changes at Sites of Conduction Defects in Circular Cardiomyocyte Network
Moeno Furuya[1], Momo Akada[2], Tomoyuki Kaneko[1,2] ([1]*FB. Hosei Univ.*, [2]*FB. Grad. Sch. Sci. &Eng., Hosei Univ.*)

3Pos095 近赤外線レーザー光による周期刺激に対する心筋細胞の応答
Cyclic responses of cardiomyocytes induced by periodic near-infrared laser stimulation
Kanan Tominaga, Takaaki Nishikawa, Tomoyuki Kaneko (*LaRC. FB. Hosei Univ.*)

3Pos096 心筋細胞と線維芽細胞を縞状に配置した心筋梗塞線維化モデル心筋細胞ネットワーク
Fibrotic heart model cardiomyocyte network with stripes of cardiomyocytes and fibroblasts
Yuna Honda, Kentaro Kito, **Tomoyuki Kaneko** (*LaRC, FB, Hosei Univ.*)

3Pos097 環状心筋細胞ネットワークにおける発火起点からの細胞外電位の振幅の変化
Variation of Extracellular Potential Amplitude in Circular Cardiomyocyte Network from Active Firing Origin
Momo Akada, Kentaro Kito, Tomoyuki Kaneko (*FB, Grad. Sch. Sci. & Eng., Hosei Univ.*)

3Pos098 高フレーム撮影による 2 つの心筋細胞の拍動同期解析
Analysis of two Cardiomyocytes beating synchronization with high-frame-rate imaging
Sasa Shimizu, Tomoyuki Kaneko (*LaRC, FB, Hosei Univ.*)

3Pos099 近赤外線レーザー照射による心筋細胞の FPD 評価
Variation in Field Potential Duration of cardiomyocytes induced by near-infrared laser irradiation
Yuka Motoyama, Tomoyuki Kaneko (*FB. Hosei Univ.*)

3Pos100 Single-molecule imaging analysis of mutual inhibition and positive feedback for Ras excitability in eukaryotic migrating cells
Satomi Matsuoka, Koji Iwamoto, Masahiro Ueda (*Grad. Sch. Frontier Biosciences, Univ. Osaka*)

16A. 生体膜・人工膜：構造・物性／16A. Biological & Artificial membrane: Structure & Property

3Pos101 脂質凝集体の脂質分子パッキングに対するスクラロースとスクロースの効果の比較
Comparison of the effects of sucralose and sucrose on the lipid molecular packing in lipid aggregates
Yuki Homma, Hiroshi Takahashi (*Grad. sch. Sci. Tech. Gunma Univ.*)

3Pos102 ハイドロゲルで被覆されたモデル生体膜アレイ
Model membrane array sealed with a hydrogel layer
Masako Fujii[1], Kenichi Morigaki[1,2] ([1]*Grad. of Agri. Sci., Kobe Univ.*, [2]*Biosignal Res. Ctr., Kobe Univ.*)

3Pos103 バイオフィルム脱離因子 DspI が関連する膜リモデリングは緑膿菌バイオフィルムにおける細胞外小胞形成を誘発する
Membrane remodeling by a biofilm dispersion factor DspI enhances vesicle formation in *Pseudomonas aeruginosa* biofilms
Mizuki Kanno[1], Hiroyuki Futamata[1,2,3], Yosuke Tashiro[1,2] ([1]*Grad. Sch. Sci. Tech., Shizuoka Univ.*, [2]*Grad. Sch. Integr. Sci. Tech., Shizuoka Univ.*, [3]*Res. Inst. Green Sci. Tech., Shizuoka Univ.*)

3Pos104 人工膜とナノ空間を用いた生体分子・膜小胞解析技術の開発
Analyzing biomolecules and vesicles using model membranes and nanometric gap junction
Yu Yoshimura[1], Nanami Nagatsuka[1], Taisei Higashihara[1], Rinshi S. Kasai[2], Kenichi G.N. Suzuki[2,3], Kenichi Morigaki[4] ([1]*Grad. Sch. Agri., Kobe Univ.*, [2]*National Cancer Center Japan*, [3]*iGCORE., Gifu Univ.*, [4]*Biosignal Research Center., Kobe Univ.*)

3Pos105 粗視化分子動力モデルによる SARS-CoV-2 エンベロープ膜の構造と形成の探索
Exploring SARS-CoV-2 envelope structure and formation by coarse-grained molecular dynamics simulation
Ryo Urano, Wataru Shinoda (*Okayama Univ. RIIS*)

16B. 生体膜・人工膜：ダイナミクス／16B. Biological & Artificial membrane: Dynamics

3Pos106 Curcumin and its derivatives modulate membrane domains and induce IL-6 receptor shedding in monocytes
Toshiyuki Murai[1], Yoshikazu Masaki[2], Kazuma Yasuhara[2] ([1]*Grad. Sch. Med., Osaka Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci. Tech., NAIST*)

3Pos107 微細穴にマニュピレートしたヒト培養細胞と基板支持脂質膜間の脂質移行の促進
Enhanced Lipid Transfer Between Micropore-Manipulated Human Cells and Supported Lipid Bilayers
Asahi Gono[1], Takayuki Nakaya[2], Reibun Sakane[2], Naoki Shimura[2], Takashi Okuno[3,4] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. Yamagata*, [2]*Orbray CO., Ltd.*, [3]*Fac. Sci., Univ. Yamagata*, [4]*CID, Univ. Yamagata*)

3Pos108 反応拡散方程式に基づく真核細胞の小胞体におけるタンパク質ドメイン形成に関する数理モデル
Modeling the formation of protein domains on the endoplasmic reticulum in eukaryotic cells with reaction-diffusion equations
Tomoyo Nishigaki, Masashi Tachikawa (*Grad. Sch. of Nanobiosci., Yokohama City Univ.*)

3Pos109 無細胞合成されたタンパク質における疎水領域の長さとアミノ酸配列が引き起こすリポソームのエンドサイトーシス様の分裂
Endocytosis-like fission of liposomes induced by the length of hydrophobic domains in cell-free synthesized proteins
Aika Yamamoto, Yuki Nagai, Koki Kamiya (*Grad. Sch. Sci. &Tech., Gunma Univ.*)

16C. 生体膜・人工膜：興奮・チャネル／16C. Biological & Artificial membrane: Excitation & Channels

3Pos110 Development of a simple method for the reconstitution of ion channels using agarose gel beads
Mami Asakura[1,2], Kohta Takagi[3], Miho Ohnishi[3], Minako Hirano[2], Toru Ide[2] ([1]*Dept. of Comp. Tech. Soln., Okayama Univ.*, [2]*Grad. Sch. Health Sys., Okayama Univ.*, [3]*Fac. Eng., Okayama Univ.*)

3Pos111 脂質-オレオシン非対称膜小胞の内膜湾曲による機械刺激依存性チャネルを介した物質輸送
Molecular transportation via mechanosensitive channel in response to membrane curvature of the asymmetric lipid-oleosin vesicles
Kotaro Baba, Koki Kamiya (*Grad. Sch. Sci & Tech, Gunma Univ.*)

16D. 生体膜・人工膜：輸送・情報伝達／16D. Biological & Artificial membrane: Transport & Signal transduction

3Pos112 脂質膜で隔てられた DNA 振動子の結合に関する研究
Coupling of DNA oscillators separated by lipid membranes
Kazumo Takahashi[1], Keita Abe[1], Hideaki Matsubayashi[2], Shinichiro Nomura[1], Ibuki Kawamata[3], Satoshi Murata[1] ([1]*Department of Robotics, Graduate School of Engineering, Tohoku University*, [2]*Frontier Research Institute for Interdisciplinary Sciences, Tohoku University*, [3]*Division of Physics, Graduate School of Science, Kyoto University*)

3Pos113 Membrane Translocation of Nucleic Acids via Cholesterol-modified DNA Hybridization
Rinka Aoki, Satoshi Murata, Hideaki Matsubayashi, Keita Abe, Shin-ichiro M. Nomura (*Grad. Sch. Eng., Univ. Tohoku*)

17. 化学受容／17. Chemoreception

3Pos114 コレラ菌セロトニン走性受容体の同定および機能解析
Identification and characterization of the serotonin chemoreceptor in *Vibrio cholerae*
Fuga Omori[1], Sotaro Asaoka[1], Hirotaka Tajima[2,3], Ikuro Kawagishi[1,2,3] ([1]*Grad. Sch. Sci. and Engin., Hosei Univ*, [2]*Fac. of Biosci. and Appl. Chem., Hosei Univ*, [3]*Res. Cent. for Micro-Nano Tech., Hosei Univ*)

18. 神経・感覚（細胞・膜タンパク質・分子）／18. Neuroscience & Sensory systems

3Pos115 GPCR-mediated signaling in heat tolerance of C. elegans
Shiori Mototake[1,2], Yuki Sato[1,2], Kohei Ohnishi[1,2,3], Tohru Miura[1,2,3], Akane Ohta[1,2,3], Atsushi Kuhara[1,2,3,4] ([1]*Dept. Biol., Facul. Sci & Engineer. Konan Univ.*, [2]*Dept. Biol. Grad. Sch. Sci. Konan Univ.*, [3]*Inst. of Integral NeuroBiol. Konan Univ.*, [4]*PRIME AMED*)

3Pos116 培地中 Na+上昇による神経活動変化
Neural Activity by Increasing Concentration of Sodium Ion in Culture Medium
Kaito Watanabe[1], Takumi Yamaguchi[2], Tomoyuki Kaneko[1,2] ([1]*LaRC.FB.Hosei Univ*, [2]*LaRC.FB.Grab.Sch.Sci.&Eng.,Hosei Univ.*)

3Pos117 The synaptic vesicle cluster restricts the diffusion of cytosolic α-Synuclein via boundary confinement

Kye Kudo[1], Adekunle T. Bademosi[1], S. Sean Millard[2], Frédéric A. Meunier[1,2] ([1]*Queensland Brain Institute, The University of Queensland*, [2]*School of Biomedical Sciences, Faculty of Medicine, The University of Queensland*)

19. 神経回路・脳の情報処理／19. Neuronal circuit & Information processing

3Pos118 ヨーロッパモノアラガイの味覚嫌悪学習に関係する CGC の mGluR を介した抑制作用
Metabotropic glutamate receptor–mediated inhibition of CGCs associated with conditioned taste aversion memory in *Lymnaea*

Yoshimasa Komatsuzaki[1], Samui Chiba[1], Ayaka Itoh[2], Ken Lukowiak[3], Minoru Saito[2] ([1]*Grad. Sch. Sci. and Tech, Nihon Univ.*, [2]*Grad. Sch. Integ. Basic. Sci., Nihon Univ.*, [3]*Univ of Calgary, Calgary*)

3Pos119 mGluR1 と GHS-R1a のクロストークによる小脳シナプス可塑性の制御
Cross-talk between mGluR1 and GHS-R1a signaling modulates cerebellar synaptic plasticity

Moritoshi Hirono[1], Boyang Zhang[1], Hiroshi Hosoda[2], Masanori Nakata[1] ([1]*Dept. Physiol., Wakayama Med. Univ.*, [2]*Dept. Mol. Pathophysiol., Shinshu Univ.*)

20. 行動／20. Behavior

3Pos120 流れ刺激に対するハルテリアの逃避遊泳行動
Flow-induced escape behavior of *Halteria* sp.

Koki Kanda[1], Yukinori Nishigami[1,2], Takuya Ohmura[1,2], Katsuhiko Sato[3], Toshiyuki Nakagaki[1,2] ([1]*Graduate School of Life Science, Hokkaido University*, [2]*Research Institute for Electronic Science, Hokkaido University*, [3]*Faculty of Science, University of Toyama*)

21A. 光生物：視覚・光受容／21A. Photobiology: Vision & Photoreception

3Pos121 Uncovering light-sensitive mechanism of non-visual opsins

Seiwa Nakamura[1], Asato Kojima[1], Kazuhiro Kobayashi[2], Masahiro Fukuda[2], Koki Kawakami[2], Suhyang Kim[2], Takashi Nagata[3], Kota Katayama[4,5], Hideki Kandori[4,5], Keiichi Inoue[3], Hideaki E. Kato[2,6] ([1]*Grad. Sch. Art. Sci., Univ. Tokyo*, [2]*RCAST, Univ. Tokyo*, [3]*ISSP, Univ. Tokyo*, [4]*Life Sci. Appl. Chem., Grad. Sch. Eng., Nagoya Inst. Tech.*, [5]*OptoBio Tech. Res. Cent.*, [6]*Grad. Sch. of Sci, Univ. Tokyo*)

3Pos122 A Structural Approach to the Potassium-Selective Channelrhodopsin HcKCR1 for Its Development as an Optogenetic Tool

Seiya Tajima[1], Seiwa Nakamura[2], YoungJu Jo[3,4], Joseph J. Noh[3,5], Peter Y. Wang[3], Antonia Drinnenberg[3], Chelsea Li[3], Masatoshi Inoue[3], Masaki Tsujimura[6], Eamon F. X. Byrne[3], Thanh-Nga C. Shenoy[3], Sung-Soo Jang[7], Ki Eun Pyo[3], Nadya Andini[3], Jenny Shi[3], Kishandra A. Patron[3], Joseph M. Paggi[8], Masahiro Fukuda[1], Yuma Ito[9], Masahiro Sugiura[9], Kota Katayama[9,10], Yuji Furutani[9,10], Hisako Ikeda[1], Charu Ramakrishnan[11], Linlin Z. Fan[3], Sean Quirin[3], Hiroshi Ishikita[1,6], John R. Huguenard[7], Hideki Kandori[9,10], Ron O. Dror[5,8,12], Yoon Seok Kim[3], Karl Deisseroth[3,11,13], Hideaki E. Kato[1,2,14] ([1]*RCAST, Univ. Tokyo*, [2]*Grad. Sch. Arts. Sci., Univ. Tokyo*, [3]*Dept. Bioeng., Stanford Univ.*, [4]*Dept. Appl. Phys., Stanford Univ.*, [5]*Biophys. Prog., Stanford Univ.*, [6]*Grad. Sch. Eng., Univ. Tokyo*, [7]*Dept. Neurol. & Neurol. Sci., Stanford Univ.*, [8]*Dept. Comput. Sci., Stanford Univ.*, [9]*Dept. Life Sci. & Appl. Chem., Nagoya Inst. Technol.*, [10]*OptoBioTechnology Research Center, Nagoya Inst. Technol.*, [11]*CNC Prog., Stanford Univ.*, [12]*Inst. Comput. Math. Eng., Stanford Univ.*, [13]*Dept. Psychiatry & Behav. Sci., Stanford Univ*, [14]*Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo*)

3Pos123 低温ラマン分光法による Cl^-ポンプロドプシン(*Mastigocladopsis repens* 由来)の発色団構造変化の解明

Cryogenic Raman Study of Chromophore Structural Changes during the Photocycle of a Light-Driven Cl^- Pump from *Mastigocladopsis repens*

Kana Miyazaki[1], Takashi Kikukawa[2], Masashi Unno[1], Tomotsumi Fujisawa[1] ([1]*Fac. Sci. Eng., Saga Univ.*, [2]*Fac. Adv. Life Sci., Hokkaido Univ.*)

3Pos124 細胞性粘菌の発生と細胞骨格に対するレチナールの影響

Effect of retinal on development and cytoskeleton in *D. discoideum*

Shuhei Tsuchihashi[1], Kazuki Akiyama[1], Yusuke V. Morimoto[2] ([1]*Grad. Sch. Comput. Sci. Syst. and Eng, Kyushu Inst. Tech.*, [2]*Grad. Sch. Comput. Sci. Syst. and Eng, Kyushu Inst. Tech.*)

3Pos125 有機溶媒中における微生物ロドプシンの物理化学的特性の解析

Comparative analysis of the physicochemical properties of microbial rhodopsins in organic solvents

Miyu Inokuchi[1], Keiichi Kojima[2], Yuki Sudo[2] ([1]*Grad. Sch. Med. Dent. & Pharm. Sci., Okayama Univ.*, [2]*Fac. Med, Dent & Pharm Sci., Okayama Univ.*)

3Pos126 微生物ロドプシンによる光駆動型有機アニオン輸送の発見

Discovery of light-powered organic anion transport by microbial rhodopsins

Simiao Shen[1], Kaisei Ohno[2], Takashi Tsukamoto[1,2,3], Kwang-Hwan Jung[4], Yuki Sudo[5], **Takashi Kikukawa**[1,2,3] ([1]*Grad. Sch. Life Sci., Hokkaido Univ.*, [2]*Sch. Sci., Hokkaido Univ.*, [3]*Fac. Adv. Life Sci., Hokkaido Univ.*, [4]*Dept. Life Sci. & Bionano Cent., Sogang Univ.*, [5]*Fac. Med., Dent. & Pharm. Sci., Okayama Univ.*)

3Pos127 一分子蛍光 in situ hybridization 法によるメダカ組織におけるオプシン発現細胞の解析

Single-Molecule FISH Analysis of Opsin-Expressing Cells in Medaka

Keita Sato, Hideyo Ohuchi (*Fac. Med, Dent & Pharm Sci., Okayama Univ.*)

3Pos128 Light Intensity-Dependent Reaction Dynamics of the Photoresponsive Enzyme MsLadC

Dai Takeuchi, Masahide Terazima, Yusuke Nakasone (*Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*)

3Pos129 センサリーロドプシン II (SRII) からトランスデューサー (HtrII) への情報伝達におけるシグナリング中間体の同定

Identification of signaling states of sensory rhodopsin II (SRII) in the signal transduction to its cognate transducer protein (HtrII)

Jun Tamogami[1], Miki Takeguchi[1], Risa Matsunami-Nakamura[1], Takashi Kikukawa[2], Naoki Kamo[2], Toshifumi Nara[1] ([1]*College Pharm. Sci., Matsuyama Univ.*, [2]*Fac. Adv. Life Sci., Hokkaido Univ.*)

3Pos130 高速原子間力顕微鏡を用いた植物光合成膜におけるタンパク質複合体のダイナミクス解析
Analysis of protein complex dynamics in plant photosynthetic membranes by high-speed atomic force microscopy
Yudai Nishitani, Daisuke Yamamoto (*Fac. Sci., Fukuoka Univ.*)

3Pos131 機械学習を用いた光合成タンパク質複合体における環境適応アミノ酸残基の推定
Estimating environmentally adaptive residues in photosynthetic complexes using machine learning
Atsushi Hijikata[1], Ryuhei Minei[2], Satoshi Omori[2], Yuko Tsuchiya[3], Tsuyoshi Shirai[2] ([1]*Tokyo Univ. of Pharm. Life Sci.*, [2]*Nagahama Inst. Bio-Sci. Tech.*, [3]*AIST*)

3Pos132 暗発酵および光発酵による最適化
Optimization by dark and photo fermentation
Masahiro Hibino, Kousei Miyamoto (*Div. Sust. Enviro. Eng., Muroran Inst. Tech.*)

3Pos133 光合成タンパク質超複合体の空間分解分光にむけた超解像吸収顕微鏡の開発
Super-resolution absorption microscopy toward spatially-resolved spectroscopy of photosynthetic protein supercomplexes
Yoshihiro Tojo[1,2], Tomomi Inagaki[3], Chihiro Azai[4], Toru Kondo[2,5] ([1]*Dept. of Life Sci. Tech., Science Tokyo*, [2]*NIBB*, [3]*Grad. Sch. of Life Sciences, Ritsumeikan Univ.*, [4]*Grad. Sch. of Sci. Eng., Chuo Univ.*, [5]*ExCELLS*)

3Pos134 網羅的単一分子分光を用いた光阻害修復途上光化学系 II の観測
Observation of photosystem II under repair from photoinhibition by exhaustive single-molecule spectroscopy
Kyosuke Watanabe, Shen Ye, Yutaka Shibata (*Graduate school of science, Tohoku Univ.*)

3Pos135 Localization of auxiliary proteins of LHC assembly during its insertion into thylakoid membrane
Yuiki Shimamura[1], Hiroshi Kuroda[2], Yuichiro Takahashi[2], Shen Ye[3], Yutaka Shibata[3] ([1]*Grad. Sch. Sci., Tohoku Univ.*, [2]*Research Institute for Interdisciplinary Science, Okayama University*, [3]*Grad. Sch. Sci., Tohoku Univ.*)

3Pos136 重合脂質膜鋳型法による再構成チラコイド膜のタンパク質込み合いの評価
Evaluation of protein crowding in reconstituted thylakoid membrane supported by polymerized lipid membranes
Hayata Sakai[1], Koki Takagi[2], Kenichi Morigaki[3], Shen Ye[1], Yutaka Shibata[1] ([1]*Graduate School of Science Tohoku Univ.*, [2]*Agricultural Science, Graduate School of Kobe Univ*, [3]*Graduate School of Biosignal Reserch Center Kobe Univ.*)

3Pos137 一分子時間分解蛍光分光測定による光合成光捕集アンテナ複合体のエネルギー移動解析
Single-molecule time-resolved fluorescence spectroscopy of energy transfer in photosynthetic antenna complex
Shinnosuke Masuda[1,2,3], Mai Watanabe[4], Toru Kondo[1,2,3] ([1]*SOKENDAI*, [2]*NIBB*, [3]*ExCELLS*, [4]*Dept. of Science, Tokyo Metropolitan Univ.*)

21C. 光生物：光遺伝学・光制御／21C. Photobiology: Optogenetics & Optical control

3Pos138 *Oscillatoria acuminata* 由来の光活性化アデニル酸シクラーゼの C 末端領域による活性制御機構の解明
The role of the C-terminal region in regulating the activity of the photoactivated adenylyl cyclase from *Oscillatoria acuminata*
Reito Yasui[1], Masahiko Taguchi[2,3], Syun Sakuraba[4,5], Masumi Takebe[6], Saiko Akizuki[1], Mami Asakura[1,7], Akiya Hukuda[2], Eriko Nango[2,3,8], Hidetoshi Kono[4,5], Toru Ide[1], Minako Hirano[1] ([1]*Graduate School of Interdisciplinary Science and Engineering in Health Systems, Okayama University*, [2]*Graduate School of Science, Tohoku University*, [3]*Institute of Multidisciplinary Research for Advanced Materials, Tohoku University*, [4]*Institute for Quantum Life Science, National Institutes for Quantum Science and Technology*, [5]*Center of Quantum Life Science for Structural Therapeutics, Chiba University*, [6]*Hamamatsu Photonics K.K.*, [7]*Dept. of Comp. Tech. Soln., Okayama Univ.*, [8]*International Center for Synchrotron Radiation Innovation Smart, Tohoku University*)

3Pos139 光活性化アデニル酸シクラーゼの活性調節機構の解明
Regulatory mechanism of photoactivated adenylyl cyclase activity
Hinase Kondo[1], Masahiko Taguchi[2,3], Syun Sakuraba[4,5], Masumi Takebe[6], Koki Shimomae[1], Mei Kawamoto[1], Mami Asakura[1,7], Akiya Hukuda[2], Eriko Nango[2,3,8], Hidetoshi Kono[4,5], Toru Ide[1], Minako Hirano[1] ([1]*Grad. Sch. Health Sys., Okayama Univ.*, [2]*Graduate School of Science, Tohoku Univ.*, [3]*IMRAM, Tohoku Univ*, [4]*iQLS, QST*, [5]*cQUEST, Chiba Univ.*, [6]*Hamamatsu Photonics K.K.*, [7]*Dept. of Comp. Tech. Soln., Okayama Univ.*, [8]*SRIS, Tohoku Univ.*)

3Pos140 リジン主鎖同位体標識ロドプシンの赤外分光解析
FTIR Analysis of microbial rhodopsins with ^{15}N-labeled lysine backbone
Mako Ooka[1], Tatsuro Nishikino[1,2], Teppei Sugimoto[1], Yuma Ito[1], Yuji Furutani[1,2], Hideki Kandori[1,2] ([1]*Graduation school of Engineering, Nagoya institute of technology*, [2]*OptoBio Technology Research Center, Nagoya institute of technology*)

3Pos141 低温赤外分光法によるウイルス由来カチオンチャネルロドプシンの構造解析
Structural analysis of viral cation channelrhodopsin using low-temperature FTIR spectroscopy
Mako Aoyama[1], Kota Katayama[1,2], Hideki Kandori[1,2] ([1]*Grad. Sch. Eng., Nagoya Inst. Tech.*, [2]*Nagoya Inst. Tech., OptoBioTechnology Research Center*)

3Pos142 短波長応答チャネルロドプシン KnChR の分子機能
Unraveling the Functional Mechanism of KnChR: A Short-Wavelength Absorbing Cation Channelrhodopsin
Satoshi Tsunoda[1,2], Koki Natsume[1], Yuzhu Wang[3], Tatsuki Tanaka[3], Shoko Hososhima[1,2], Wataru Shihoya[4], Osamu Nureki[3], Hideki Kandori[1,2] ([1]*Grad. Sch. Eng., Nagoya Institute of Technology*, [2]*OptoBio Technology Research Center, Nagoya Institute of Technology*, [3]*Grad. Sch. Sci., The University of Tokyo*, [4]*Keio University School of Medicine*)

3Pos143 Photocontrol of GTPase Cycle of the small G-protein H-Ras using its regulator RASGRF1 with photochromic moleculer devices
Isra Lilatul, Nobuyuki Nishibe, Shinsaku Maruta (*Grad.Sch.Sci.Eng.,Univ.Soka*)

23. 生命の起源・進化／23. Origin of life & Evolution

3Pos144 ペプチド液滴による原始的な自己区画の確立
Establishment of Primitive Self-Compartments with Peptide-Droplets
Yota Tabata, Tomoyuki Kaneko (*FB, Grad. Sch. Sci. & Eng., Hosei Univ.*)

3Pos145 ベイズ学習と統計力学による進化の理論：タンパク質を例に
An Evolutionary Theory Based on Bayesian Learning and Statistical Mechanics: The Case of Proteins
Tomoei Takahashi[1], George Chikenji[2], Kei Tokita[3], Yoshiyuki Kabashima[1] ([1]*Inst. for Physics of Intelligence, Grad. Sch. of Sci., The Univ. of Tokyo*, [2]*Grad. Sch. of Eng., Nagoya Univ.*, [3]*Grad. Sch. of Inf., Nagoya Univ.*)

3Pos146 微生物進化実験を用いた進化可能性ランドスケープと増殖ー死滅トレードオフの定量
Quantifying Evolutionary Landscapes and the Growth–Death Trade-off in Microbial Experimental Evolution
Atsushi Shibai[1], Riku Kamiura[1], Shumpei Sato[1], Shigeyuki Kakizawa[3], **Chikara Furusawa**[1,2] ([1]*BDR, RIKEN*, [2]*UBI, Univ. Tokyo*, [3]*AIST*)

24. 合成生物学・人工細胞／24. Synthetic biology & Artificial cells

3Pos147 ミニマル合成細菌 syn3B のゲノムサイレンシング
Silencing a genome of minimal synthetic bacterium syn3B
Hana Kiyama[1], Sohkichi Matsumoto[2], Makoto Miyata[1,3] ([1]*Grad. Sch. Sci., Osaka Metropolitan Univ.*, [2]*Grad. Sch. Med., Niigata Univ.*, [3]*OCARINA, Osaka Metropolitan Univ.*)

3Pos148 ミニマル合成細菌 syn3B のゾンビと生き返り
Zombie cells and revival of minimal synthetic bacterium syn3B
Nanase Oda[1], Hana Kiyama[1], Yuhei O Tahara[1,2], Masaki Mizutani[3], Shigeyuki Kakizawa[4], Makoto Miyata[1,5] ([1]*Grad. Sch. Sci., Osaka Metropolitan Univ.*, [2]*Grad. Sch. Eng., Osaka Metropolitan Univ.*, [3]*Dept. Phys., Gakushuin Univ.*, [4]*MolBiS, AIST*, [5]*OCARINA, Osaka Metropolitan Univ.*)

3Pos149 Myosin distribution and the deformation and behavior of the droplets formed by phase separation
Tatsuyuki Waizumi[1], Hiroki Sakuta[2], Mahito Kikumoto[1], Kanta Tsumoto[3], Kingo Takiguchi[1], Kenichi Yoshikawa[4] ([1]*Grad. sch. Sci., Univ. Nagoya*, [2]*Grad. Sch. Arts and Sci., Univ. Tokyo*, [3]*Grad. Sch. Eng., Univ. Mie*, [4]*Sci Ctr. Self-Organization., Univ. Doshisha*)

3Pos150 Scalable preparation of GUVs using freeze-dried gelatin gel
Takumi Furusawa[1], Keita Abe[1], Hideaki Matsubayashi[2], Satoshi Murata[1], Shin-Ichiro Nomura[1], Richard James Archer[3] ([1]*Department of Robotics, Graduate School of Engineering, Tohoku University*, [2]*Frontier Research Institute for Interdisciplinary Sciences, Tohoku University*, [3]*Department of Computer Science, School of Computing, Institute of Science Tokyo*)

3Pos151 巨大リポソーム内でのクラミドモナスの片腕変異株の運動解析
Motion Analysis of Uniflagellate *Chlamydomonas* Mutants inside Giant Liposomes
Yuka Matsukawa[1], Koichiro Akiyama[2], Masahito Hayashi[3], Tomoyuki Kaneko[1,2] ([1]*LaRC, FB, Hosei Univ.*, [2]*LaRC, FB. Grad. Sch. Sci. &Eng., Hosei Univ.*, [3]*Dept. Biotech. Life Sci., Tokyo Univ. Agri. Tech.*)

3Pos152 クラミドモナス封入リポソームの運動能力の解明に向けた微小物質の共封入
Co-encapsulation of Micro-objects in *Chlamydomonas*-Encapsulated Liposomes for Motility Characterization
Hiromasa Shiraiwa[1], Koichiro Akiyama[1], Shunsuke Shiomi[1], Masahito Hayashi[1,2], Tomoyuki Kaneko[1] ([1]*LaRC, FB, Grad. Sch. Sci. & Eng., Hosei Univ.*, [2]*Dept. Biotech. Life Sci., Tokyo Univ. Agri. Tech.*)

3Pos153 リン脂質添加による細胞モデル液滴の界面張力変化
Interfacial Tension Changes of Cell-Mimicking Droplets Induced by Phospholipid Addition
Sota Miura, Koichiro Sadakane (*Grad. Sch. Life and Med Sci., Doshisha Univ.*)

3Pos154 Insights into Gel-in-Giant Unilamellar Vesicle System as Artificial Cell Model
Wancheng Zhang[1], Aileen Cooney[2], Lorenzo Di Michele[3], Yuval Elani[2], Tomoaki Matsuura[1] ([1]*Earth-Life Science Institute, Institute of Science Tokyo*, [2]*Department of Chemical Engineering, Imperial College London*, [3]*Department of Chemical Engineering and Biotechnology, University of Cambridge*)

3Pos155 PEG/DEX 系における相分離に対するリン脂質・界面活性剤等の影響：光散乱測定を用いた解明
Effects of Phospholipids, Surfactants, etc. on Phase Separation in PEG/DEX Systems: Elucidation Using Light Scattering
Ryuya Bamba, Koichiro Sadakane (*Grad. Sch. Life and Med Sci., Doshisha Univ.,*)

25. ゲノム生物学／25. Genome biology

3Pos156 膜タンパク質の膜—内外領域における同義コドン使用頻度解析：原核ー真核生物の比較
Synonymous Codon Usage Comparison in Membrane Protein Inner/Extra transmembrane Regions Between Prokaryotes and Eukaryotes
Riki Haida[1], Makiko Suwa[1,2], Kenji Etchuya[2] ([1]*Biological Science Course, Graduate School of Science and Engineering, Aoyama Gakuin University, Kanagawa, Japan*, [2]*Chem. Biological Science Course, Department. Science and Engineering, Aoyama Gakuin University, Kanagawa, Japan*)

26A. 計算生物学: 生命情報学／26A. Computational biology: Bioinformatics

3Pos157 Evaluating Protein Generative AI for Exploring Uncharted Sequence Space
Hafumi Nishi[1,2,3] ([1]*Grad. Sch. Info. Sci., Tohoku Univ.*, [2]*Fac. Core. Res, Ochanomizu Univ.*, [3]*ToMMo, Tohoku Univ.*)

3Pos158 Structure prediction of protein complexes using cross-linking mass-spectrometry data with the estimated error rate
Hiroto Matsubara, Takaharu Mori (*Tokyo University of Science*)

3Pos159 EpiLoop：説明可能なグラフ・トランスフォーマーによる細胞特異的クロマチンループのストライプ型／ドット型識別と分類
EpiLoop: explainable graph transformer for identifying and classifying cell-specific chromatin loops into stripe or dot structures
Bingxin Xie[1,2], Yuichi Taniguchi[1,2,3] ([1]*Grad. Sch. Biostudies, Kyoto Univ.*, [2]*iCeMS, Kyoto Univ.*, [3]*Inst. for Advanced Study, Kyoto Univ.*)

3Pos160 金属イオン結合部位を予測する機械学習モデルの開発
Development of Machine Learning Models for Predicting Metal Ion-binding Sites
Yamato Maehara, **Masafumi Shionyu** (*Grad. Sch. Biosci, Nagahama Inst. Bio-Sci. and Tech.*)

3Pos161 アルツハイマー病特異的タウ線維構造の Inverse folding
Inverse folding of Alzheimer disease-specific tau filaments
Motoharu Tajitsu[1], Maria Kano[2], Taeko Kimura[2], Sakura Homma[1], Taisuke Tomita[2], Yasuhiro Matsunaga[1,3] ([1]*Grad. Sch. Sci. Eng., Saitama Univ.*, [2]*Grad. Sch. Pharm. Sci.,Tokyo Univ.*, [3]*RIKEN*)

3Pos162 環境変化と損傷に対するロバストネスの進化
Evolution of Robustness to Environmental Change and Damage
Mao Sakae (*Ritsumeikan LifeScience*)

3Pos163 The Impact of Environmental Factors on the Predatory Behavior of Marine Organisms
Haruki Kawakami (*Ritsumeikan university*)

3Pos164 深層学習を用いた筋小胞体形態と Ca^{2+}濃度の関係の解析
Analysis of the relationship between sarcoplasmic reticulum morphology and Ca^{2+} concentration using deep learning
Katsuya Saito[1], Kenji Etchuya[2], Jun Nakamura[3], Chikara Sato[1,3,4,5], Makiko Suwa[1,2] ([1]*Biol. Sci., Grad. Sch. Sci. Eng., Aoyama Gakuin Univ.*, [2]*Chem. Biol. Sci., Dept. Sci. Eng., Aoyama Gakuin Univ.*, [3]*Natl. Inst. Adv. Ind. Sci. Techno. (AIST)*, [4]*Div. Immune Homeostasis, Dept. Pathol. Microbiol., Nihon Univ. Sch. Med.*, [5]*Div. Microbiol., Dept. Pathol. Microbiol., Nihon Univ. Sch. Med.*)

3Pos165 ヌクレオチド三リン酸の長時間結合は細胞質中の蛋白質間相互作用を抑制する
Prolonged Bindings of Nucleoside Triphosphates Reduces Protein-Protein Interaction in Cytoplasm
Isseki Yu[1], Michael Feig[2], Yuji Sugita[3] ([1]*Maebashi Institute of Technology*, [2]*Michigan State Univ.*, [3]*Riken*)

3Pos166 光応答性膜モジュレータ分子の分子動力学シミュレーション
Molecular Dynamics of Light-Responsive Twistable Membrane Modulators
Reo Kadowaki[1], Huo Wenting[2], Koji Miki[2], Kouichi Ohe[2], Wataru Shinoda[3] ([1]*Grad. Sch. Env. Life and Nat. Sci., Univ. Okayama*, [2]*Grad. Sch. Eng. Sci., Univ. Kyoto*, [3]*Res. Inst. Interdiscip. Sci., Univ. Okayama*)

3Pos167 Binding free energy shift of Barnase-Barstar complex due to single and double mutations
Kazutomo Kawaguchi, Hidemi Nagao (*Inst. Sci. Eng., Kanazawa Univ.*)

3Pos168 Molecular Dynamics Study of Potential Inhibitors Targeting VP28 from White Spot Syndrome Virus in Tiger Shrimp
Fachruddin Hari Anggara Putera, Kazutomo Kawaguchi, Hidemi Nagao (*Graduate School of Natural Science and Technology, Kanazawa University*)

3Pos169 MD シミュレーションによる脂質フリッパーゼ MurJ の構造変化とイオン相互作用の解析
Analysis of Structural Changes and Ion Interactions of the Lipid Flippase MurJ by Molecular Dynamics Simulations
Keina Murata, Takaharu Mori (*Tokyo Univ. of Science*)

3Pos170 Investigation of the Reason Why Ornithine Was Excluded from the Proteinogenic Amino Acids by Quantum Chemical Calculations
Ayato Mizuno[1], Tomoki Nakayoshi[1,2], Koichi Kato[1,3], Akifumi Oda[1,4] ([1]*Grad. Sch. Pharm., Meijo Univ.*, [2]*Inst. Adv. Res., Nagoya Univ.*, [3]*Fac. Pharm. Sci., Shonan Univ. Med. Sci.*, [4]*Inst. Protein Res., Osaka Univ.*)

3Pos171 MD 計算によるタンパク質透過チャネル SecY と分泌モニタータンパク質 VemP との相互作用解析
Elucidating the interactions between the protein-conducting channel SecY and translocating VemP via steered MD simulations
Shunsuke Muraoka[1], Hiroyuki Mori[2], Takaharu Mori[1] ([1]*Tokyo University of Science*, [2]*Kyoto University*)

3Pos172 分子動力学シミュレーションによる HaloKbp1a$_{635}$ 蛍光タンパク質の理論研究
Theoretical Study of HaloKbp1a$_{635}$ Fluorescence Protein Sensor by Molecular Dynamics Simulations
Natthanan Kongchu, Shigehiko Hayashi (*Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*)

3Pos173 Analysis of water dynamics around antifreeze proteins by molecular dynamics simulations
Shinnosuke Nakamura[1], Nao Abe[1], Simon Hikiri[2], Takuya Takahashi[2] ([1]*Grad. Sch. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*, [2]*Coll. Life Sci., Ritsumeikan Univ.*)

3Pos174 カーボンドットとがん細胞膜脂質との相互作用に関する Steered 分子動力学シミュレーション
Steered Molecular Dynamics Study of Carbon Dot Interactions with Cancer Cell Membrane Lipids
Atsunori Yuki (*Grad. Sch. Bioinformatics. Ritsumeikan University. Shiga*)

3Pos175 水中およびクロロホルム中における鎖状と環状のグリシンペプチドに関する立体構造集団解析
Conformational ensembles of linear and cyclic glycine peptides in water and chloroform
Koji Umezawa[1,2], Yoshiyuki Yamaoka[1], Yuzuki Takase[1], Rei Kitajima[1], Jumpei Morimoto[3], Shinsuke Sando[3] ([1]*Agri., Shinshu Univ.*, [2]*Grad. Sch. of Sci. & Tech., Shinshu Univ.*, [3]*Grad. Sch. of Eng., Univ. of Tokyo*)

3Pos176 Thermal Modulation of NOMPC Gating Springs in Aedes aegypti: Insights from Comparative Modeling and MD Simulations
Roberto Carlos Pestana Nobles[1], Martin Pavlovich[1], YuMin M. Loh[1,2], Matthew P. Su[1,2,3], Azusa Kamikouchi[1,2], Osamu Miyashita[4], Florence Tama[1,2,4] ([1]*Institute of Transformative Bio-Molecules (ITbM), Nagoya University, Nagoya, Japan*, [2]*Graduate School of Science, Nagoya University, Nagoya, Japan*, [3]*Institute for Advanced Research, Nagoya University, Nagoya, Japan*, [4]*RIKEN Center for Computational Science, Kobe, Hyogo, Japan*)

3Pos177 Analysis of the Interconversion Mechanisms of “CO-in” and “CO-out” Conformations of Ferredoxin Using Molecular Dynamics Simulations
Tomoki Nakayoshi[1,2,3], Yusuke Ohnishi[4,5], Hideaki Tanaka[5], Genji Kurisu[5], Akifumi Oda[1], Yu Takano[2] ([1]*Fac. Pharm., Meijo Univ.*, [2]*Inst. Adv. Res., Nagoya Univ.*, [3]*Grad. Sch. Inf. Sci., Hiroshima City Univ.*, [4]*Core Facility Center, Univ. Osaka*, [5]*Inst. Protein Res., Univ. Osaka*)

3Pos178 Distinct Structural Responses of CRY1 and CRY2 to Small Molecule Binding: A Coarse-Grained Molecular Dynamics Simulation Study
Ajeet Kumar Yadav[1], Florence Tama[1,2,3] ([1]*Deaprtment of Physics, Nagoya University*, [2]*ITbM, Nagoya University*, [3]*Riken Center for Computational Science*)

3Pos179 Multiscale modeling of spatiotemporal heterogeneity in biomolecular condensates
Eiji Yamamoto[1], Kento Fujita[2], Yusuke Takagi[2], Youtaro Takeda[2] ([1]*Dept. Sys. Des. Eng., Keio Univ.*, [2]*Grad. Sch. Sci. Tech., Keio Univ.*)

3Pos180 High-throughput virtual screening and *de novo* design of functionalised nanographenes targeting the FAD binding site of CRY clock proteins
Ben Cree[1], Manami Hayashi[2], Masaya Hagai[2], Kazuhiro J. Fujimoto[2], Hideya Kono[4], Kazuma Amaike[4], Takeshi Yanai[2,3], Kenichiro Itami[4], Florence Tama[1,2,3] ([1]*Computational Structural Biology Research Team, RIKEN R-CCS*, [2]*Graduate School of Science, Nagoya University*, [3]*Institute of Transformative bioMolecules, Nagoya University*, [4]*Molecule Creation Laboratory, RIKEN*)

3Pos181 Temperature-Dependent Conformational Changes of Dengue Virus Envelop protein
Dokainish Hisham, Yoshimasa Takahashi (*Research Center for Vaccine Development, NIID, Japan Institute for Health Security*)

3Pos182 シスチン/グルタミン酸アンチポーター xCT 輸送体の基質輸送過程の分子シミュレーション
Molecular Simulation of Substrate Transport Mechanisms in the Cystine/Glutamate Antiporter xCT
Ikumi Mizuno, Kei Moritsugu (*Grad. Sch. Sci., OMU*)

3Pos183 ALS における SOD1 の構造動態・金属結合部位の反応性・毒性機構に関する理論的解析
Computational Insights into SOD1 Conformational Dynamics, Metal Site Reactivity, and Toxic Mechanisms in ALS
Shun Fujimaki[1], Shinya Tahara[2], Takakazu Nakabayashi[2], Norifumi Yamamoto[1] ([1]*Chiba Tech*, [2]*Tohoku Univ*)

3Pos184 D30N/L90M 変異を持つ HIV-1 プロテアーゼにおける薬剤耐性メカニズムの解明：残基間相互作用ネットワーク解析
Unveiling Drug Resistance Mechanisms in HIV-1 Protease with D30N and L90M Mutations: Residue Interaction Network Analysis
Keidai Yamase (*Chiba Tech*)

3Pos185 D2-L29/卵白リゾチーム複合体の変異による親和性向上メカニズム
Molecular Dynamics Elucidation of Mutation-Induced Affinity Enhancement in the D2-L29 VHH/Hen Egg Lysozyme Complex
Rika Munakata, Motoki Inoue, Takefumi Yamashita (*Univ. Hoshi*)

26C. 計算生物学：生体モデリングとシミュレーション／ 26C. Computational biology: Biological modeling and simulation

3Pos186 ニューラルネットワークを用いた溶液系の adaptive QM/MM 法の改善
Enhancement of Adaptive QM/MM Approaches for Solution-Phase Systems via Neural Networks
Hiroshi Watanabe, Takuma Ikeda, Haruyuki Nakano (*Dep. Chem., Fac. Sci., Kyushu Univ.*)

3Pos187 Engineering Epithelial Layer Structures via Cell Surface Tension Using a 3D Vertex Model
Chayanit Thiticharoentam[1], Satoru Okuda[2] ([1]*Division of Nano Life Science, Kanazawa University*, [2]*WPI Nano Life Science Institute, Kanazawa University*)

3Pos188 Discovery of novel inhibitor candidate compounds using accurate *in silico* screening protocol
Hiroto Terada, Kei Moritsugu (*Grad. Sch. Sci., OMU*)

3Pos189 Structural dynamics analysis of actin filament formation using molecular dynamics simulation
Kenta Omoto (*Grad. Sch. Sci., OMU*)

27. 数理生物学・理論生物学／27. Mathematical & Theoretical biology

3Pos190 変動環境下での代謝恒常性を支える Bowtie 型代謝ネットワーク
Bowtie-Structured Metabolic Networks Maintain Homeostasis under Fluctuating Environments
Yudai Iyoda[1], Chikara Furusawa[1,2], Yusuke Himeoka[1] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo*, [2]*BDR, Riken*)

3Pos191 一細胞と組織における力学応答の矛盾を統合する張力ホメオスタシスモデルの構築
Tension homeostasis model integrating contradictory mechanical responses in a single cell and tissues
Yoshihito Sawazaki[1], Yohei Kondo[2], Naoki Honda[1,2] ([1]*Grad. Sch. Integr. Life Sci., Univ. Hiroshima*, [2]*Grad. Sch. med., Univ. Nagoya*)

3Pos192 代謝動力学モデルを用いた細胞の低温ストレス応答解析
Analysis of Cellular Responses to Cold Stress Using a Metabolic Kinetics Model
Atsuki Hishida[1], Yusuke Himeoka[2], Chikara Furusawa[2,3] ([1]*Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.*, [2]*Univ. Biol. Inst., Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo*, [3]*BDR., Riken*)

3Pos193 液滴勾配による遺伝子誘導の数理モデル
Gene Guidance by Droplet Gradients: A Theory
Takeshi Sugawara (*Center for Data Science, Kochi Univ.*)

29. 非平衡・生体リズム／29. Nonequilibrium state & Biological rhythm

3Pos194 回帰的な無機膜ダイナミクスで歩行するソフトロボット
A Walking Soft Robot Actuated by Recursive Inorganic Membrane Dynamics
Ryusei Kubota, Muneyuki Matsuo (*Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University*)

3Pos195 擬二次元環境下における繊毛虫テトラヒメナの疎密波形成と伝播
Formation and propagation of the density wave by Ciliate *Tetrahymena* under a Quasi-2D Environment
Ryuhei Itoh[1], Kohei Okuyama[1], Ibuki Kawamata[1], Marie Tani[1], Akira Kakugo[1], Masatoshi Ichikawa[1,2] ([1]*Grad. Sch. of Sci., Kyoto Univ.*, [2]*Grad. Sch. Integ. Sci. Life, Hiroshima Univ.*)

30. 計測／30. Measurements

3Pos196 Development of a Micro-Acoustic Resonator for Micro-Rheological Measurement of Biomolecular Condensates
Taichi Yoshikawa, Hirotsugu Ogi, Kichitaro Nakajima (*Graduate School of Engineering, Osaka University*)

3Pos197 光学的手法を用いた選択的 DNA 増幅技術の開発
Development of selective DNA amplification technology by optical method
Ren Saito[1], Hironori Sugiyama[3], Yoshihiro Minagawa[1], Hiroyuki Noji[1,2] ([1]*Dep. Appl. Chem., Grad. Sch. Eng., Univ. Tokyo*, [2]*RIPH., Univ. Tokyo*, [3]*ELSI., Science Tokyo*)

3Pos198 硫酸アンモニウム混合液で加工したナノポアを用いた高解像度一分子構造解析
High-resolution single-molecule structural analysis of nanopore sensing using ammonium sulfate assisted fabrication
Wataru Tsuchiya[1], Lin Liu[2], Kyosuke Matsuda[1], Fan-Yan Wei[3], Hirohito Yamazaki[4] ([1]*Grad.Mech.,Nagaoka Univ. of Tech.*, [2]*Grad.Sch.Med,Tohoku Univ.*, [3]*IDAC,Tohoku Univ.*, [4]*Mech.,Nagaoka Univ. of Tech.*)

3Pos199 Vibrational relaxation process of flavin compounds measured by resonance IR method
Minori Yamakawa[1], Hirona Takahashi[1,2], Konoka Mifune[1], Makoto Sakai[1,2] ([1]*Graduate School of Science and Engineering, Okayama University of Science*, [2]*Faculty of Science, Okayama University of Science*)

3Pos200 Design of nanodiamonds for subcellular thermal manipulation
Daisuke Watanabe[1], Yoshie Harada[1,2] ([1]*WPI-PRIMe, Univ. Osaka*, [2]*QIQB, Univ. Osaka*)

3Pos201 液性相分離を用いたオイルフリーデジタルバイオアッセイ
Oil-free Digital Bioassay with Aqueous Two-Phase Separation
Yoshihiro Minagawa[1], Kai Matsumoto[1], Hiroyuki Noji[1,2] ([1]*Dept. App. Chem., Univ. Tokyo*, [2]*RIPH., Univ. Tokyo*)

3Pos202 プログラム可能な DNA 応答型発光センサープラットフォーム：スプリット Cas12a とルシフェラーゼ再構成に基づくシステム
Programmable DNA-responsive bioluminescent sensor platform based on split Cas12a and luciferase reconstitution
Figueiredo Diogo[1,2], Mitsuru Hattori[2], Takeharu Nagai[1,3] ([1]*Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University, Suita, Osaka*, [2]*Department of Biomolecular Science and Engineering, SANKEN, Osaka University, Ibaraki, Osaka*, [3]*Trans dimensional Life Imaging Division, Institute for Open and Transdisciplinary Research Initiatives, Osaka University, Suita, Osaka*)

3Pos203 細胞内温度変動を支配する非伝導性熱散逸
Non-conductive heat dissipation governs intracellular temperature variations
Masaharu Takarada[1], Takashi Funatsu[2], Kohki Okabe[1] ([1]*Graduate School of Pharmaceutical Sciences, The University of Tokyo,*, [2]*Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University*)

31. バイオイメージング／31. Bioimaging

3Pos204 Development of a Homo-FRET-Based Approach to Monitor Protein Conformational Changes
Tomoya Mukai[1,3], Yasushi Okada[1,2,3] ([1]*Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo*, [2]*Grad. Sch. Med., Univ. Tokyo*, [3]*Kobe Inst., Riken*)

3Pos205 蛍光多重イメージングのための，青色と緑色光で光スイッチングする緑色蛍光タンパク質の開発
A green fluorescent protein reversibly photoswitched by blue and teal light for multiplexed imaging
Ryohei Ozaki-Noma, Tetsuichi Wazawa, Kazunori Sugiura, Takeharu Nagai (*SANKEN, The Univ. of Osaka*)

3Pos206 鶏卵の孵卵中のレーザースペックル法による血管の可視化に適した露光時間の探索
Searching for Optimal Exposure Time for Visualization of Blood Vessel of Chicken Egg During Incubation Using Laser Speckle Imaging Method
Hiroki Tamura[1,2,3], Tetsuhito Suzuki[4], Keiichiro Shiraga[1,5], Naoshi Kondo[1], Yuichi Ogawa[6] ([1]*Graduate School of Agriculture, Kyoto University*, [2]*Distinguished Doctoral Program of Platforms (WISE), Kyoto University*, [3]*JSPS Research Fellowship for Young Scientists DC1*, [4]*Graduate School of Bioresources, Mie University*, [5]*PRESTO, JST*, [6]*Department of Medicine, Hyogo Medical University*)

3Pos207 XY クロストークを低減した高速 AFM スキャナーの開発
Development of a high-speed AFM scanner with reduced XY crosstalk
Sora Nishida[1], Kenichi Umeda[2], Noriyuki Kodera[2] ([1]*Grad. Sch. Math & Phys., Kanazawa Univ.*, [2]*WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.*)

3Pos208 Correlation Analysis of Intracellular Temperature Heterogeneity and Subcellular Structures
Keisuke Fujita[1], Yoshie Harada[1,2] ([1]*WPI-PRIMe, Univ. Osaka*, [2]*QIQB, Univ. Osaka*)

3Pos209 急速凍結ディープエッチングレプリカ電子顕微鏡を用いた滑走細菌のペプチドグリカン層の可視化
Visualization of peptidoglycan layer of gliding bacteria by using quick-freeze deep-etch replica electron microscope
Yuhei Tahara[1,2], Makoto Miyata[2] ([1]*Grad. Sch. Eng., Osaka Metropolitan Univ*, [2]*Grad. Sch. Sci., Osaka Metropolitan Univ*)

3Pos210 電子顕微鏡における複素観測：シェルツァー限界を超える
Complex Observation in Electron Microscopy : Surpassing the Scherzer Limit
Kuniaki Nagayama (*Science Communication Laboratory LLC*)

3Pos211 Non-invasive Evaluation of iPSC-derived Cardiomyocytes Using Deep Learning
Taishi Kakizuka[1,2], Taro Ichimura[2], Takeharu Nagai[1,2] ([1]*SANKEN, Univ. Osaka*, [2]*OTRI, Univ. Osaka*)

3Pos212 赤外 STED と共焦点顕微鏡の組み合わせによる，細胞周期と細胞内の構造の同時計測
Observation of cell cycle and fine structures by using the combination of confocal and Infrared STED microscopy
Kaoru Katoh[1,2,3], Totai Mitsuyama[1,2] ([1]*ExCELLS, National Institutes of Natural Sciences*, [2]*AIRC, AIST*, [3]*SIGMA, Univ Tsukuba*)

3Pos213 High-speed in-line force mapping - imaging of mechanical properties from microtubules to bacteria
Christian Ganser[1], Shigetaka Nishiguchi[2], Feng-Yueh Chan[3], Takayuki Uchihashi[1,3] ([1]*National Institutes of Natural Sciences, Exploratory Research Center on Life and Living Systems*, [2]*National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, Department of Life Science and Biotechnology*, [3]*Nagoya University, Department of Physics*)

32. バイオエンジニアリング／32. Bioengineering

3Pos214 Fabrication of Periodic Inorganic Nanoparticles Using a Fusion Protein of Dps and Nanofiber-Forming Peptide
Mitsuhiro Okuda[1,2,3], Gabriela Pretre[2,3] ([1]*Meiji Univ.*, [2]*CIC nanoGUNE*, [3]*Komie Corp.*)

3Pos215 淘汰圧制御に向けた溶液交換技術の開発
Development of Solution Exchange Technology for Controlling Selection Pressure
Nanato Takaso[1], Yoshihiro Minagawa[1], Hiroyuki Noji[1,2] ([1]*Graduate School of Engineering, The University of Tokyo*, [2]*Research Institute of Planetary Health (RIPH), The University of Tokyo*)

3Pos216 キネシン-微小管系を内包したゲル人工筋肉の収縮特性評価
Characterization of contractile behavior of artificial muscle gel incorporating Kinesin-Microtubule networks
Shuichi Ishino (*JAIST*)

3Pos217 油気界面における生体分子からなる膜状構造の形成とその応用
Film-like biomolecular structures at the oil-air interface and their potential application
Daichi Tominaga[1], Shogo Hamada[2], Yusuke Sato[1] ([1]*Grad. Sch. Com., Kyushu. Inst. Tech*, [2]*Grad. Sch. Com., Inst. Sci. Tokyo*)

34. Miscellaneous topics その他／34. Miscellaneous topics

3Pos218 The Role of Fluid Dynamics in Active Phase-Separating Systems
Charu Datt[1,3], Jonathan Bauermann[2,3], Nazmi Burak Budanur[3], Frank Julicher[3] ([1]*Department of Mechanical Engineering, Keio University*, [2]*Department of Physics, Harvard University*, [3]*Max Planck Institute for the Physics of Complex Systems, Dresden*)

3Pos219 OptoChaperone – A biohybrid tool for regulating protein condensates in cells and *in vitro*
Thanh Tuan Do, Motonori Matsusaki, Soichiro Kawagoe, Hiroyuki Kumeta, Tomohide Saio (*Division of Molecular Science (Saio's Lab), Institute of Advanced Medical Sciences, Tokushima University, Tokushima, Japan*)

3Pos220 Attenuation of TDP-43 proteinopathy by graphene quantum dots in amyotrophic lateral sclerosis
Yunseok Heo, Yuxi Lin, Young-Ho Lee (*Korea Basic Science Institute*)

名字（Family Name）のアルファベット順にソートしています。すべて，オンラインで入力されたデータのまま，表示しています。

第63回 日本生物物理学会年会

浜松ホトニクス株式会社
BP セミナー

日時：2025年 9月 24日（水）11:50-12:40

会場：奈良県コンベンションセンター　F会場（202）

演題 1　コンピュテーショナル４Ｄイメージングによる脳の情報処理機構の解明

演 者　杉 拓磨 先生

広島大学 大学院統合生命科学研究科
超階層システム数理行動学研究室　准教授

セミナー内容

光工学と情報科学が融合したコンピュテーショナルイメージングの１つのライトフィールドイメージングでは、空間スキャン無しにシングルショットで３Ｄ撮影できる。我々はこの技術の汎用化を妨げる低解像度の問題を解決し、ユーザーの顕微鏡にアドオンするだけで誰でも共焦点顕微鏡の100倍以上の速度で３Ｄ動態を計測可能な４Ｄイメージング技術を開発した。本発表ではこの４Ｄ技術と線虫やマウスの神経回路における情報処理機構の研究を紹介する。

演題2　浜松ホトニクスの最新イメージング技術

演 者　豊田 浩

浜松ホトニクス株式会社　画像計測機器営業推進部

SHIMADZU
Excellence in Science

島津製作所
バイオフィジックスセミナー2

日時　9月24日(水) 11:50～12:40

会場　I会場〈205〉

生体のナノ領域での組織構造や物理特性を解き明かす!

走査電子顕微鏡SUPERSCANシリーズの特長とSPM/AFMを用いた測定事例をご紹介

セミナー内容

SUPERSCANシリーズは、操作性や観察能力、拡張性に優れた最新の走査電子顕微鏡です。
生体組織の構造や働きを解明するのに役立つ、各種の拡張システムにも幅広く対応します。
これらの特長について、動画や図説などを交えて詳しくご説明します。
また、SPM/AFMは、ナノ領域での形態観察に留まらず、様々な物理的特性を測ることもできます。
様々な生体試料についてSPM/AFMを用いてナノ領域での力学特性を測定した例をご紹介します。
幅広い倍率レンジでのイメージングが可能であるという、両者の特長を活かした複合的な
解析方法についても考察します。

演者　坂前 浩（株式会社 島津製作所）

司会　北村 孝平（株式会社 島津製作所）

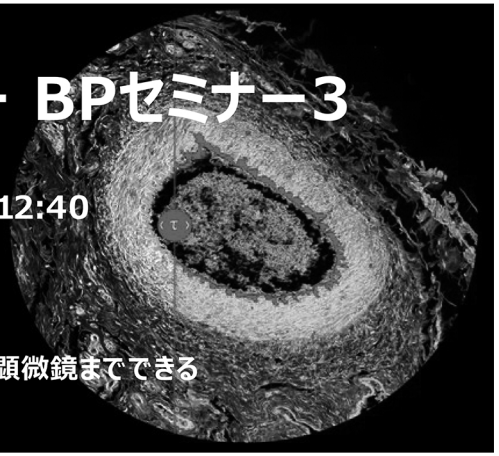
お問合せ　(株)島津製作所　分析計測事業部　営業企画部
〒604-8511 京都市中京区西ノ京桑原町1　メールアドレス：an_seminar@group.shimadzu.co.jp

From Eye to Insight

Leica
MICROSYSTEMS

第63回 日本生物物理学会年会

ランチョンセミナー BPセミナー3



日時 2025年
9月24日（水）11:50–12:40

会場 **J会場（206）**
奈良コンベンションセンター

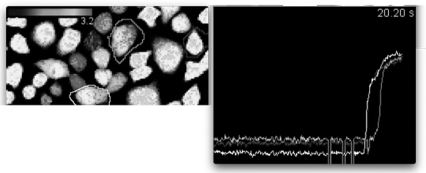
FRET、バイオセンサーから超解像顕微鏡までできる 蛍光寿命イメージング

蛍光寿命は、励起スペクトルや蛍光のスペクトルと同様に、蛍光物質がもつ固有の物理特性の一つであり、輝度とは異なる情報を持っています。共焦点顕微鏡STELLARISを用いた蛍光寿命イメージング(Fluorescence Lifetime Imaging Microscopy、FLIM)により、これまでの輝度イメージングと全く異なる情報が得られ、より定量的なFRET効率の測定、カルシウムイオン濃度測定などバイオセンサーとしての利用、蛍光物質同士や蛍光物質と自家蛍光の分離、そして超解像顕微鏡STEDの分解能の向上などが可能となりました。本セミナーでは、新井 敏 先生（金沢大学ナノ生命科学研究所）をお招きし、絶え間無く起こる細胞内での複雑な現象をとらえるバイオセンサー研究の最先端について、実例とともにご発表いただきます。またLeicaからは、STELLARISを用いた蛍光寿命イメージングの有用性について紹介します。

演者1 **新井 敏 先生**
金沢大学 ナノ生命科学研究所

演者2 **長利 卓**
ライカマイクロシステムズ株式会社

▲高速蛍光寿命イメージング顕微鏡 STELLARIS FALCON



▲ イオノマイシンを添加したHeLa細胞のカルシウムレベルの変動。

共催：第63回 日本生物物理学会年会／ライカマイクロシステムズ株式会社

横河電機株式会社 BP セミナー

隠れた生命現象を可視化する 蛍光偏光イメージング

YOKOGAWA
Co-innovating tomorrow™

講演者

東京科学大学 教授 寺田 純雄 先生

セミナー番号 BP セミナー 4

日時 9 月 25 日（木）11:45-12:35

会場 E 会場（201）

● 関連製品

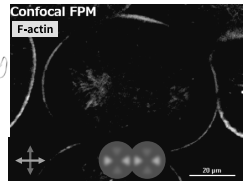
共焦点スキャナユニット CSU

隠れた生命現象を可視化する蛍光偏光イメージング

蛍光偏光は利用の進んでいない蛍光の性質であるが、その観測により蛍光分子の向きを知ることができる。生体分子を蛍光分子により相互の分子の位置関係を固定した状態で標識すれば、蛍光偏光観測により標識された分子の位置と向きの同時観測が可能となる。進化分子工学的スクリーニング法を利用した組換えバインダを足場とした蛍光標識法 POLArIS 法の開発により、任意の生体分子につき蛍光偏光観測可能な標識が実現する（PNAS 118, e2019071118, 2021; BBRC 565:50-56, 2021）。超解像法を含め従来の蛍光イメージングはいわば蛍光輝点の位置情報の精密計測による「点描画」であり、１分子イメージングは蛍光輝点の並進運動の観測が大勢であった。しかし、POLArIS 法による蛍光偏光観測では分子の位置と向きの変化が同時かつ経時的に可視化される。ニポウディスク方式の共焦点スキャナユニットは褪色を抑えつつ高速なライブイメージングを可能とするが、蛍光偏光特性への攪乱が少ない点で、蛍光偏光イメージングにおいても優れた性能を発揮する。

本セミナーでは POLArIS 法開発とその発展の経緯、ニポウディスク方式の共焦点スキャナユニット利用による蛍光偏光イメージングを中心とする実験例を提示し、新しい手法により隠れた生命現象が可視化される様子を共有したい。

Crystal structure of POLArIS^{act}



横河電機株式会社

〒 180-8750　東京都武蔵野市中町 2-9-32
E-mail：CSU@CSV.yokogawa.co.jp
URL　：https://www.yokogawa.co.jp/solutions/products-and-services/life-science/spinning-disk-confocal/

[Ed:01/d]

YOKOGAWA Co-innovating tomorrow™

LF 80C01D06-01JA

第63回 日本生物物理学会年会 ZEISS BPセミナーのご案内

「マルチモーダル共焦点レーザー顕微鏡 LSM 990のご紹介」

Seeing beyond

森と木を見ることを可能にした革新的共焦点レーザー顕微鏡
新たに1分子レベルの拡散や濃度計測を可能とした様々な蛍光相関分光機能と共にイメージング機器の新たな時代の幕を開く

開催日時 9月25日(木) 11:45-12:35

開催会場 F会場（部屋番号 202）

カールツァイス株式会社 プロダクト&アプリケーションセールス
座 長 **滝口 正人** 光学顕微鏡スペシャリスト
演 者 **佐藤 康彦** 光学顕微鏡エキスパート

ZEISSは新しい共焦点レーザー顕微鏡 LSM 990を2025年3月に発表した。これまでの技術に更に磨きをかけた高度な共焦点技術として13色を超える多色イメージングを1スキャンで達成できるスペクトルマルチプレキシング技術を基軸に、高速広範囲マッピング画像の作成から共焦点超解像撮影までを誰もが手軽に操作できるように仕上げている。上位機種では最大分解能をXY軸80nm、Z軸200nmまで飛躍させ、超解像顕微鏡専用機とも言える分解能にまで進化をさせた。

そして革新的とも言える 1 volume / 1 Snap を実現する Lightfield 顕微鏡技術を加えることで3次元顕微鏡の新たな時代の幕を開いた。Lightfield 4D と名付けたこの技術は Widefield ベースの蛍光顕微鏡技術を応用。共焦点レーザー顕微鏡が苦手とする森をタイムラグなしに一気に見るような Volume イメージングをカバーできるようになった。

さらに木を見る、というより、木の間を縫って飛ぶ虫を見るかのような分子レベルの拡散挙動計測を２つも備えている。一つは分子の拡散情報や濃度だけではなく、液-液相分離にも見られる膜を持たない構造境界面での拡散非対称性や分子フローを解析できる技術。二つ目は、画像全体の分子の拡散挙動や近接蛍光によるクロストークの影響を除外した相互相関解析をヒートマップ化して客観的に捉える技術である。ZEISSは古くから分子蛍光相関解析を共焦点レーザー顕微鏡に取り入れてきたが、新たな２手法により、従来のFRAPなどの拡散計測手法と合わせて強力な細胞内分子挙動解析を後押しすることとなる。

本セミナーでは新たに加わったLightfield 4Dと合わせてユーザの期待する実験を包括的にサポートすることができる革新的なマルチモーダル共焦点レーザー顕微鏡LSM 990をご紹介させていただく。

皆様のご来場をお待ち申し上げます。

カールツァイス株式会社
ZEISS Research Microscopy Solutions

SSBD: バイオイメージングデータのグローバルな共有

理化学研究所生命機能科学研究センター
大浪 修一・**SSBD** チーム

SSBDは、NBDC統合化推進プログラムの支援を受けて2013年より構築・運用を開始した、**バイオイメージングデータを共有・再利用するための公共リポジトリおよびデータベース**です。論文に基づいた多様な画像データを受け入れる**SSBD:repository**と、再利用性の高いキュレート済みデータを提供する**SSBD:database**の二階層で構成され、国際的なバイオイメージングデータ共有ネットワーク（GIDE）とも連携し、世界規模でのデータ公開・利活用を推進しています。

さらに、2025年度の科研費公募分からは、**論文発表時に根拠データの即時公開が義務化される**こととなっており、これまで以上にデータ公開と、信頼できる公開先の選定が求められています。**SSBD**は、こうした要請に応えることができる国内のデータ公開基盤のひとつとして活用されています。

本セミナーでは、バイオイメージングデータ共有に関する国際的な動向、**SSBD:repository**へのデータ登録方法、データ公開時に求められるメタデータやフォーマットの実際について、具体的な事例とともに紹介します。

論文データの公開対応に悩む方、これからバイオイメージングデータの共有を検討している方は、ぜひご参加ください。研究データ公開の第一歩をこの機会にサポートします。

第63回日本生物物理学会2025年会 BPセミナー

プログラム番号 BPセミナー7 (E会場: 201)
開催日時 2025年9月26日 (金) 12:00 – 12:50

演題1：招待講演

タンパク質プロトタイピング技術に対する展望もしくは妄想

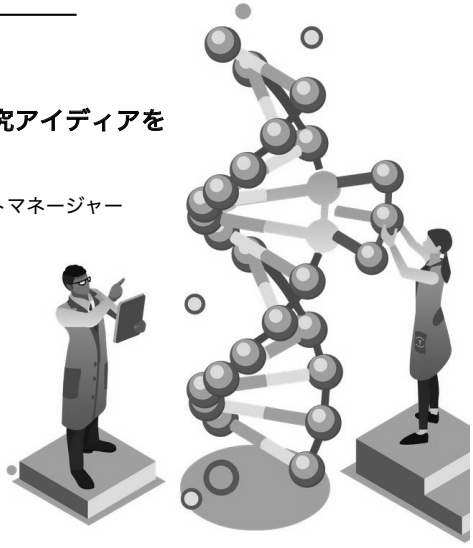
東京大学大学院 工学系研究科 応用化学専攻 教授
野地 博行 先生

近年、計算的なタンパク質モデリング技術や配列設計手法の進展により、in silico でタンパク質構造を合理的に設計することが可能となってきた。一方で、機能を持つタンパク質分子や分子システムの合理的設計は依然として大きな課題であり、実験的な検証を必要とする。こうした背景のもと、多数の候補タンパク質を迅速かつ低コストで合成・評価するためのプロトタイピング技術の刷新が求められている。特に、oligonucleotide library mix から目的配列を選択的に取得し、高効率にDNAを構築する分子操作技術の開発が重要である。一方、各種一分子計測技術の確立により、プロトタイピングに必要なDNAやタンパク質は微量で済むケースも増えている。本講演では、現行の設計・評価技術を俯瞰した上で、１分子スケールでの分子操作・分子評価を前提とした、将来的な超高効率プロトタイピング技術の可能性について展望（妄想）する。

演題2：企業講演

Writing the Future: あなたの最高の研究アイディアを実現するTwist人工遺伝子ツール

Twist Bioscienceシニアビジネスディベロップメントマネージャー
金城 一貴



【お問い合わせ先】
Twist Bioscience
Email: jsalescustomer@twistbioscience.com
Phone: 045-345-5840

または、こちらのフォームから→

PDBj
Protein Data Bank Japan

第 63 回日本生物物理学会 BPセミナー
2025 年 9 月 26 日 (金)
BPセミナー8 I会場（205）12:00-12:50

1．PDBj の最近の活動と wwPDB の今後の活動方針について
Activity report of PDBj and activity plan of wwPDB

栗栖源嗣 (大阪大学蛋白質研究所)
Genji Kurisu, Institute for Protein Research
The University of Osaka

PDBj（https://pdbj.org）は，worldwide PDB(https://wwpdb.org) の設立メンバーとしてアジア・中東地区で決定された蛋白質等の生体高分子の構造をwwPDBが管理するコアアーカイブ（PDB,BMRB,EMDB）に登録処理し，国際的に協調して座標と実験データを全世界へ無償で公開しています。今回のセミナーでは，wwPDBが管理するコアアーカイブの今後の運営体制とデータ検証の方向性について説明いたします。さらに2024年PDBjが主催し日本で行ったwwPDB運営諮問委員会で議論されたPDB周辺の最近の状況を紹介します。PDBjの最近の活動として昨年10月に新しくスタートしたUniProtポータルの機能を中心に複数の新サービスについて解説します。

2．計算によって得られたデータと結晶回折像のPDBjへの登録
Deposition of computationally derived data and crystal diffraction images to PDBj

Gert-Jan Bekker (大阪大学蛋白質研究所)
Institute for Protein Research
The University of Osaka

PDBj has developed two novel archives for deposition of data beyond structures to the PDB. The Biological Structure Model Archive (BSMA or BSM-Arc, https://bsma.pdbj.org/) enables researchers to submit data derived from computational methods, such as molecular dynamics simulations. On the other hand, the Xtal Raw Data Archive (XRDa, https://xrda.pdbj.org/) enables researchers to submit raw crystal diffraction images to PDBj. For both archives, depositors login using their ORCID ID to submit or modify an entry. Data can either be uploaded via a web form, or via RSYNC/SFTP, and upon publication, the data becomes publicly available and can be downloaded via HTTPS or RSYNC. Each entry is also assigned a unique DOI for linking from publications. We invite researchers to submit their raw data to BSM-Arc and XRDa to publicly share the data in a similar manner as structural data is being shared via the PDB.

Protein Data Bank Japan
https://pdbj.org

日本蛋白質構造データバンク（PDBj）事務局
〒565-0871 大阪府吹田市山田丘 3-2
大阪大学蛋白質研究所 蛋白質構造データバンク構築研究室
TEL: 06-6879-4311 (事務局) 8634 (登録事務局)

本学会の連絡先は下記の通りです.

1. 事務局
   〒602-8048 京都府京都市上京区下立売通小川東入ル
   中西印刷株式会社　学会部内
   TEL 075-415-3661　FAX 075-415-3662　E-mail bsj@nacos.com
2. 正会員（学生会員を含む），機関会員および賛助会員の入会，退会，会費納入，住所変更などの手続き，会誌発送
   〒602-8048 京都府京都市上京区下立売通小川東入ル
   中西印刷株式会社　学会部内　日本生物物理学会　事務局
   TEL 075-415-3661　FAX 075-415-3662　E-mail bsj@nacos.com
3. 会誌の広告
   〒101-0003 東京都千代田区一ツ橋 2-4-4
   一ツ橋別館 4F　株式会社エー・イー企画
   TEL 03-3230-2744　FAX 03-3230-2479
4. 学会ウェブサイトニュース欄の原稿（無料および有料），その他学会の運営に関すること
   〒602-8048 京都府京都市上京区下立売通小川東入ル
   中西印刷株式会社　学会部内
   TEL 075-415-3661　FAX 075-415-3662　E-mail bsj@nacos.com
5. 学会誌の編集に関連する業務（投稿を含む）
   〒602-8048 京都府京都市上京区下立売通小川東入ル
   中西印刷株式会社内　日本生物物理学会編集室
   TEL 075-441-3155　FAX 075-417-2050
   E-mail biophys@nacos.com
6. 日本生物物理学会のウェブサイト
   https://www.biophys.jp

本誌記事の遺伝子組み換え実験および動物実験における実験動物の扱いは，所属機関のルールに従っています.

生物物理 SEIBUTSU BUTSURI

日本生物物理学会　THE BIOPHYSICAL SOCIETY OF JAPAN

Vol.65 Supplement 1-1　2025 年 8 月 27 日発行

編集発行　一般社団法人日本生物物理学会
制作　中西印刷株式会社
〒602-8048　京都市上京区下立売通小川東入ル
TEL 075-441-3155　FAX 075-417-2050

第 63 回日本生物物理学会年会
ご協賛一覧

※ご協賛いただきました以下の企業・団体に厚く御礼申し上げます。

◆ バイオフィジックスセミナー

カールツァイス株式会社
株式会社島津製作所
ツイストバイオサインス
日本蛋白質構造データバンク
浜松ホトニクス株式会社
横河電機株式会社
ライカマイクロシステムズ株式会社
理化学研究所生命機能科学研究センター

◆ 附設展示会

International Conference on Biophysics and Biomedical Sciences: The 64th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan and the Federation Meeting of Korean Societies for Biomolecular and Biophysical Sciences (ICBBS 2026)
株式会社 NanoAndMore ジャパン
SG サイエンス合同会社
株式会社 Visualix
株式会社アグロデザイン・スタジオ
株式会社イーシーフロンティア
株式会社エビデント
株式会社エマージングテクノロジーズ
株式会社エムエステクノシステムズ
オックスフォード・インストゥルメンツ株式会社
株式会社オプトサイエンス
株式会社オプトライン
キコーテック株式会社
クロマテクノロジジャパン合同会社
公益財団法人高輝度光科学研究センター
一般財団法人　高度情報科学技術研究機構
シグマ光機株式会社
株式会社 島津製作所
正晃テック株式会社
セイコーフューチャークリエーション株式会社
株式会社 生体分子計測研究所
株式会社セルフリーサイエンス
ソーラボジャパン株式会社
タイテック株式会社
ティー・エイ・インスツルメント・ジャパン株式会社
デル・テクノロジーズ株式会社
株式会社東京インスツルメンツ
東京応化工業株式会社
株式会社トッケン
トプティカフォトニクス株式会社
公益財団法人中谷財団
株式会社ナックイメージテクノロジー
ナニオンテクノロジーズジャパン株式会社
株式会社ニコンソリューションズ
日本カンタム・デザイン株式会社
株式会社日本レーザー
日本電気株式会社
浜松ホトニクス株式会社
ピンポイントフォトニックス株式会社
フィジオマキナ株式会社
株式会社フォトロン
プネウム株式会社
株式会社ブラスト
ブルカージャパン株式会社
株式会社堀場製作所
株式会社モルシス
横河電機株式会社

◆ プログラム集広告掲載

アメテック株式会社
株式会社雨林製作所
株式会社エビデント
クロマテクノロジジャパン合同会社
株式会社ステム
ストレックス株式会社
株式会社セルフリーサイエンス
ソーラボジャパン株式会社
大陽日酸株式会社
東ソー株式会社
株式会社ニコンソリューションズ
株式会社花市電子顕微鏡技術研究所
ブルカージャパン株式会社
ベックマン・コールター株式会社
ヘルツ株式会社
丸善出版株式会社
理化学研究所バイオリソース研究センター
ワケンビーテック株式会社

◆ シンポジウム協賛プレゼンテーション

キコーテック株式会社
デル・テクノロジーズ株式会社

◆ 幕間動画広告配信サービス

株式会社セルフリーサイエンス
東京応化工業株式会社

◆ 懇親会協賛

株式会社アグロデザイン・スタジオ
レフェイン・ジャパン株式会社

◆ ホームページバナー広告

公益財団法人中谷財団

◆ 寄附

八洲薬品株式会社

（五十音順 /2025 年 7 月 23 日現在）