

## 1WBa

B会場（神戸国際会議場 3F 国際会議室）/  
Room B (Kobe International Conference Center 3F International  
Conference Room)

6月24日（月）/ June 24 (Mon.) 9:00 ~ 11:30

## ペプチドライゲーションによる蛋白質設計 Peptide-ligation based protein design

ペプチドライゲーションは、蛋白質の主鎖を連結する方法であり、通常の遺伝子組換え技術では作り出せない新しい蛋白質骨格構造を作り出せる。本ワークショップでは、合成ペプチドの連結から、インテインやソルターゼを用いた組換えタンパク質の連結まで幅広い研究分野について発表を行う。ここから、主鎖環状化による安定な蛋白質医薬品の構築や、蛋白質翻訳後修飾の機能解析など、この分野の最新の話題について展望する。

Peptide ligation is a protein engineering technique that connects the backbone of two poly-peptide chains. It expands the limitation of general recombinant protein expression, such as protein cyclization or incorporation of non-natural amino acids. In this workshop, we will discuss the broad perspective of the technique from chemical synthesis of peptides to intein/sortase ligation.

オーガナイザー：本田 真也（産業技術総合研究所）、真壁 幸樹（山形大学）

Organizers: Shinya Honda (AIST), Koki Makabe (Yamagata University)

### 1WBa-01 [9:00] 様々なペプチドライゲーション反応による蛋白質骨格構造のリデザイン Redesign of protein backbone structures via various peptide ligation techniques

○真壁 幸樹 (Koki Makabe)  
山形大・理工 (Dept. Sci. Eng., Yamagata Univ.)

### 1WBa-02 [9:25] Chemo- and site-selective chemical transformations of peptides and proteins

○相馬 洋平 (Youhei Sohma)  
東大・薬・合成 (Synth. Org. Chem., Grad. Sch. Pharm. Sci., Univ. of Tokyo)

### 1WBa-03 [9:50] Sortase A の新規利用法の開発 Harnessing the sortase A-mediated peptide ligation

○松本 拓也 (Takuya Matsumoto)  
阪府大院・工・物化 (Dept. of Chem. Eng., Osaka Pref. Univ.)

### 1WBa-04 [10:15] Total chemical synthesis of glycoproteins for deciphering the glycode

○岡本 亮 (Ryo Okamoto)  
阪大院・理・化 (Grad. of Sci. Dep. of Che. Osaka Univ.)

**1WBa-05** [10:40] **Protein engineering for practical enzymatic protein/peptide ligation**

○平川 秀彦 (Hidehiko Hirakawa)

筑波大・生命環境 (Faculty of Life Environ. Sci., Univ. of Tsukuba)

**1WBa-06** [11:05] **主鎖環状化サイトカインの構造情報に基づく分子設計****Structure based design of backbone-circularized cytokine**○宮房 孝光<sup>1</sup> (Takamitsu Miyafusa)、渋谷 理紗<sup>2</sup> (Risa Shibuya)、二島 渉<sup>1</sup> (Wataru Nishima)、大原 璃恵<sup>2</sup> (Rie Ohara)、吉田 昼也<sup>1</sup> (Chuya Yoshida)、本田 真也<sup>1,2</sup> (Shinya Honda)<sup>1</sup>産総研・バイオメディカル (BMRI, AIST)、<sup>2</sup>東大・新領域 (Front. Sci., Univ. of Tokyo)**English Session****1WFa**

F 会場 (神戸国際会議場 5F 502) /

Room F (Kobe International Conference Center 5F 502)

6月24日(月) / June 24 (Mon.) 9:00 ~ 11:30

**RNA がつなく細胞生物学と蛋白質科学：  
転写装置から RNA 構造体まで構造 / 機能 / 進化の複合的  
アプローチで迫る！****Structural, functional, and evolutionary analyses of  
transcription apparatus and RNA architecture**

RNA は細胞機能を様々な階層において制御している。転写反応を介した制御に加え、近年は、RNA-蛋白質からなる "膜なし構造体" を介した制御、更には、転写反応と膜なし構造体の相関に関する知見が急速に深まっている。本ワークショップでは、RNA を作り出す蛋白質超複合体 (転写装置など)、並びに RNA を骨組みとする細胞内構造体に、構造 / 機能 / 進化の複合的アプローチで迫った研究に焦点をあて、これからの生物学が目指すべき新しい課題について議論することを目指したい。

RNA regulates numerous biological phenomena. Recent evidence suggests that RNA forms membraneless structures in vivo, which are functionally associated with transcriptional activity. Here, we present studies on the structure, function, and evolution of the transcription apparatus and RNA architecture. We will discuss the connection between cell biology and protein science through RNA function.

オーガナイザー：安達 成彦 (高エネルギー加速器研究機構)、多田隈 尚史 (大阪大学)

Organizers: Naruhiko Adachi (KEK), Hisashi Tadakuma (Osaka University)

[9:00] **Introduction****1WFa-01** [9:05] **RNA ポリメラーゼ II による "細胞内での" 転写の構造基盤****Structural basis of cellular transcription by RNA polymerase II**

○関根 俊一 (Shun-ichi Sekine)

理研・生命機能科学研究センター (RIKEN BDR)

- 1Wfa-02** [9:30] **Role of the transcriptional pre-initiation complex in Mediator recruitment and dynamics**  
○野澤 佳世 (Kayo Nozawa)  
東大・定量研 (The University of Tokyo, Institute for Quantitative Biosciences)
- 1Wfa-03** [9:50] **Structure analysis of transcription related complexes and installation of cryo-EM in KEK**  
○安達 成彦<sup>1,2</sup> (Naruhiko Adachi)、Evdokia Anastasia Giannopoulou<sup>1</sup>、川崎 政人<sup>1,2</sup> (Masato Kawasaki)、守屋 俊夫<sup>1</sup> (Toshio Moriya)、小祝 孝太郎<sup>1</sup> (Kotaro Koiwai)、湯本 史明<sup>1</sup> (Fumiaki Yumoto)、篠田 晃<sup>1</sup> (Akira Shinoda)、山田 悠介<sup>1,2</sup> (Yusuke Yamada)、千田 俊哉<sup>1,2</sup> (Toshiya Senda)  
<sup>1</sup>高エネ機構・物構研・構造生物 (SBRC, IMSS, KEK)、<sup>2</sup>総研大 (SOKEN Univ)
- 1Wfa-04** [10:10] **蛋白質集積型ナノチップを用いた、転写の理解と制御**  
**Protein integrated nano-chip for transcription analysis and regulation**  
○多田隈 尚史 (Hisashi Tadakuma)  
阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)
- 1Wfa-05** [10:30] **Emergence of a Prebiotic dsDNA-Binding Protein via Statistical Conversion of Ornithine to Arginine**  
(1P-157)  
○Liam M. Longo<sup>1</sup>、Dragana Despotovic<sup>1</sup>、Orit Ktorza<sup>2</sup>、Jagoda Jablonska<sup>1</sup>、Yael Fridmann-Sirkis<sup>1</sup>、Norman Metanis<sup>2</sup>、Dan S. Tawfik<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Dept. of Biomolecular Sciences, Weizmann Institute of Science、<sup>2</sup>Hebrew University of Jerusalem
- 1Wfa-06** [10:45] **出芽酵母におけるtRNA-LeuCAA 遺伝子からのイントロン削除が与える影響**  
(1P-228)  
**Intron removal from tRNA<sup>Leu</sup>CAA genes in *S. cerevisiae***  
○林 紗千子<sup>1</sup> (Sachiko Hayashi)、七野 悠一<sup>2</sup> (Yuichi Shichino)、岩崎 信太郎<sup>2,3</sup> (Shintaro Iwasaki)、吉久 徹<sup>1</sup> (Tohru Yoshihisa)  
<sup>1</sup>兵庫県立大・院・生命理学 (Grad. Sch. of Life Sci., Univ. of Hyogo)、<sup>2</sup>理研 (RIKEN)、<sup>3</sup>東大院・新領域 (Grad. Sch. Front. Sci., Univ. Tokyo)
- 1Wfa-07** [11:00] **Formation and function of RNA-induced phase-separated nuclear bodies**  
○山崎 智弘<sup>1</sup> (Tomohiro Yamazaki)、Sylvie Souquere<sup>2</sup>、高桑 央<sup>1</sup> (Hiro Takakuwa)、吉野 彪羅<sup>1</sup> (Hyura Yoshino)、Archa H. Fox<sup>3</sup>、Charles S. Bond<sup>3</sup>、中川 真一<sup>4</sup> (Shinichi Nakagawa)、Gerard Pierron<sup>2</sup>、廣瀬 哲郎<sup>1</sup> (Tetsuro Hirose)  
<sup>1</sup>北大・遺制研 (Inst. for Genet. Med., Hokkaido Univ.)、<sup>2</sup>CNRS-UMR-9196, Institut Gustave Roussy、<sup>3</sup>University of Western Australia、<sup>4</sup>北大・薬学 (Faculty of Pharm. Sci., Hokkaido Univ.)

[11:25] **Conclusion**

## 1WGa

G会場 (神戸国際会議場 5F 504 + 505) /  
 Room G (Kobe International Conference Center 5F 504+505)  
 6月24日 (月) / June 24 (Mon.) 9:00 ~ 11:30

## 天然物生合成の構造生物学と合成生物学の協奏

## Cross-talk between structural biology and synthetic biology of natural products biosynthesis

生物、特に微生物や植物は極めて多様な構造と有用な生物活性を示す化合物を生産する能力を持っている。近年、高速化・自動化が著しいX線結晶構造解析により、天然物生合成マシナリーによる物質生産メカニズムが多く明らかにされてきた。本シンポジウムでは、天然物生合成の構造生物学に加え、代謝工学による細胞の物質生産の改変等について最新の成果を報告し、構造生物学と合成生物学の協奏が照らし出す天然物生合成の領域の新たな地平を見通したい。

To date, X-ray crystallography has revealed the structures of numerous enzymes involved in the biosynthesis of natural products; this has led to great advances in this field. Natural product biosynthetic pathways provide important targets for synthetic biology-based studies because of their complexity and the modular structure of the natural product biosynthetic machinery. We would like to discuss a novel strategy for the biosynthesis of natural products through a combination of structural and synthetic biology-based techniques.

オーガナイザー：永野 真吾 (鳥取大学)、葛山 智久 (東京大学)

Organizers: Shingo Nagano (Tottori University), Tomohisa Kuzuyama (The University of Tokyo)

[9:00] Introduction

**1WGa-01** [9:02] **アミノ基キャリアタンパク質を利用する一次・二次代謝生合成経路**  
**Biosynthetic pathways of primary and secondary metabolites mediated by amino-group carrier protein**

○吉田 彩子<sup>1</sup> (Ayako Yoshida)、西山 真<sup>1,2</sup> (Makoto Nishiyama)  
<sup>1</sup>東大・生物工学セ (BRC, UTokyo)、<sup>2</sup>東大・微生物連携機構 (CRIIM, UTokyo)

**1WGa-02** [9:27] **Streptothricin 類縁抗生物質の生合成酵素群に見出した新規アミド合成酵素**  
**Amide bond-forming enzymes found from the biosynthetic enzymes for streptothricin-related antibiotics**

○丸山 千登勢 (Chitose Maruyama)、濱野 吉十 (Yoshimitsu Hamano)  
 福井県大院・生物資源 (Grad. Sch. Biosci. Biotech., Fukui Pref. Univ.)

**1WGa-03** [9:52] **放線菌のI型ポリケチドおよび非リボソームペプチド合成酵素の翻訳後修飾に関する包括的解析**

**Distribution and functional analysis of the phosphopantetheinyl transferase superfamily in Actinomycetales microorganisms**

○池田 治生 (Haruo Ikeda)  
 北里大院・感染制御科学府 (Graduate School of Infection Control Sciences, Kitasato University)

**1WGa-04** [10:17] シトクロム P450 の基質誤認識を利用する菌体内物質変換  
Whole-cell biotransformation using a substrate misrecognition of cytochrome P450

○ 莊司 長三 (Osami Shoji)  
名大・院理 (Nagoya university)

**1WGa-05** [10:42] ブラシノステロイド生成の構造生物学  
Structural Biology of Brassinosteroid Biosynthesis

○ 永野 真吾 (Shingo Nagano)  
鳥取大・院工・化学生物 (Dept. of Chem. Biotechnol., Grad. Schl. of Eng.,)

**1WGa-06** [11:07] ラン藻由来アルカン合成関連酵素の高活性化に重要な非保存部位の探索  
(1P-100) Search for non-conserved residues essential for improving activity of cyanobacterial enzymes for alkane biosynthesis

○ 工藤 恒<sup>1</sup> (Hisashi Kudo)、張 マリ<sup>2</sup> (Mari Chang)、  
大岡 紘治<sup>2</sup> (Koji Ooka)、季高 駿士<sup>1</sup> (Shunji Suetaka)、  
佐野 美桜<sup>1</sup> (Mio Sano)、林 勇樹<sup>1</sup> (Yuuki Hayashi)、  
新井 宗仁<sup>1,2</sup> (Munchito Arai)

<sup>1</sup>東大・総合文化・生命 (Dept. of Life Sci., Univ. of Tokyo)、

<sup>2</sup>東大・理・物理 (Dept. of Phys., Univ. of Tokyo)

[11:27] **Conclusion**

## 1WBp

B会場（神戸国際会議場 3F 国際会議室）/  
Room B (Kobe International Conference Center 3F International  
Conference Room)

6月24日（月）/ June 24 (Mon.) 16:45 ~ 19:15

## 蛋白質科学と規制科学からみるバイオ医薬品の現状と課題 Current status and issues of biopharmaceuticals from the view points of protein science and regulatory science

抗体医薬など蛋白質を主成分とするバイオ医薬品はがんや自己免疫疾患の治療を中心に盛んに利用されている。一方、溶液中での蛋白質の安定性は未解明な部分が多く科学的に解決すべき課題がある。加えて、より高品質で安全な医薬品開発のためには、規制科学的アプローチによる臨床安全性に影響する品質的要因の理解と管理戦略の構築も必要であり、例えば蛋白質凝集体の免疫原性についての理解に進展が見られつつある。本ワークショップではバイオ医薬品のキャラクターゼーションに焦点をあて、特に物性・構造・安定性、さらに安全性の観点から現状と課題について議論する。

Though the therapeutic proteins have been widely used recently, further studies on the protein stability and immunogenicity are necessary for developing therapeutic proteins with higher quality and safety. In this session, we will focus on the current status of therapeutic proteins from the viewpoints of protein and regulatory sciences.

オーガナイザー：内山 進（大阪大学）、石井 明子（国立医薬品食品衛生研究所）

Organizers: Susumu Uchiyama (Osaka University), Akiko Ishii (National Institute of Health Sciences)

[16:45] Introduction

### 1WBp-01 [16:50] 規制科学からみるバイオ医薬品の現状と課題

—凝集体／不溶性微粒子の評価法—

**Current status and issues of biopharmaceuticals from regulatory  
perspective-evaluation of protein aggregates/subvisible particles-**

- 柴田 寛子 (Hiroko Shibata)、木吉 真人 (Masato Kiiyoshi)、  
原園 景 (Akira Harazono)、石井 明子 (Akiko Ishii-Watabe)  
国立衛研・生物薬品部 (NIHS)

### 1WBp-02 [17:12] Submicron and micron-sized protein-containing particles: formation, monitoring, and potential immunogenic consequences

- クラユヒナ エレナ<sup>1</sup> (Elena Krayukhina)、横山 雅美<sup>1</sup> (Masami Yokoyama)、  
林原 (角方) 加代子<sup>1</sup> (Kayoko Kakuhou Hayashihara)、  
丸野 孝浩<sup>1</sup> (Takahiro Maruno)、米田 早紀<sup>2</sup> (Saki Yoneda)、  
野田 勝紀<sup>1</sup> (Masanori Noda)、内山 進<sup>1,2,3</sup> (Susumu Uchiyama)  
<sup>1</sup>株式会社ユー・メディコ (U-medico Inc.)、  
<sup>2</sup>阪大・工・生命先端 (Dept. of Bioeng., Grad Sch. of Eng., Osaka Univ.)、  
<sup>3</sup>生命創成探究センター (ExCELLS)

- 1WBp-03** [17:34] **Quality of Biopharmaceuticals & Protein Science in Pharmaceutical Development**  
○齋藤 智 (Satoshi Saitoh)  
中外薬・品質研 (Quality Development Dept., Chugai Pharm.)
- 1WBp-04** [17:56] **Acid-Induced Unfolding and Aggregation of Therapeutic Antibodies: Mechanism, Detection, and Engineering**  
○本田 真也<sup>1,2</sup> (Shinya Honda)  
<sup>1</sup>産総研・バイオメディカル (Biomed Res Inst, Natl Inst Adv Indust Sci Tech (AIST)),  
<sup>2</sup>東大院・新領域・メディカル情報生命 (Grad Sch of Front Sci, Univ of Tokyo)
- 1WBp-05** [18:18] **拡散係数による種々の溶媒における抗体粘度予測手法の構築**  
**(1P-155)** **Comparative analysis of viscosity and diffusion interaction parameter in various condition of antibody solution**  
○下村 拓矢<sup>1</sup> (Takuya Shimomura)、竹田 礼紗<sup>1</sup> (Reisa Takeda)、  
山崎 美紀<sup>1</sup> (Miki Yamazaki)、関口 光広<sup>2</sup> (Mitsuhiro Sekiguchi)、  
横山 雅美<sup>3</sup> (Masami Yokoyama)、内山 進<sup>3</sup> (Susumu Uchiyama)  
<sup>1</sup>アステラス製薬 (Astellas Pharma Inc.)、  
<sup>2</sup>石川県大・生物資源環境 (Facul. Bioresour Env Sci., Iahikawa Pref Univ)、  
<sup>3</sup>阪大・工・生命先端 (Biotech., Grad Sch. Eng., Osaka Univ.)
- 1WBp-06** [18:36] **クライオ電子線トモグラフィー法による抗体の構造解析**  
**(1P-019)** **Visualizing various antibodies by Cryo Electron Tomography**  
○三瀬 武史<sup>1</sup> (Takeshi Mise)、前川 あゆ美<sup>1</sup> (Ayumi Maegawa)、  
福永 響<sup>1</sup> (Hibiki Fukunaga)、スコグランド ウルフ<sup>2</sup> (Ulf Skoglund)、  
亀井 朗<sup>1</sup> (Akira Kamei)  
<sup>1</sup>沖縄プロテイントモグラフィー (株) (Okinawa Protein Tomography Ltd.)、  
<sup>2</sup>沖縄科学技術大学院大 (OIST)
- 1WBp-07** [18:53] **Local hydrophobic exposure of proteins regulated by hydration changes and its adsorption on a COP plastic surface**  
○長門石 暁<sup>1</sup> (Satoru Nagatoishi)、津本 浩平<sup>2</sup> (Kouhei Tsumoto)  
<sup>1</sup>東大・医科研 (Inst. of Med. Sci., Univ. of Tokyo)、  
<sup>2</sup>東大院・工 (Sch. of Eng., Univ. of Tokyo)

## 1WCp

C会場 (神戸国際会議場 3F レセプションホール) /  
Room C (Kobe International Conference Center 3F Reception Hall)  
6月24日 (月) / June 24 (Mon.) 16:45 ~ 19:15

## 次世代計算創薬に向けて

## Towards next generation computational drug discovery

医薬品標的の殆どは蛋白質であるため、蛋白質の構造情報は、計算創薬において以前からよく利用されてきている。これにより様々な成果が挙げられてきたが、未だ確定的な方法論は存在していない。昨今の蛋白質科学の進展を最大活用することが新しい地平を切り開く一手であろう。そこで、産学双方からの多様なインシリコ研究者により計算創薬の現状と問題点、また先端蛋白質科学との接点を分析し、計算創薬の次世代化を展望したい。

There is an increasing level of research in in silico technologies for drug discovery. However, complex nature of molecular recognition still prevents us from establishing ideal "in silico drug discovery." In this workshop, we will capture the current status, problems, and future aspects of this field from the presentations and discussions by the renowned speakers from academia and industry.

Day 1 (June 24)  
Workshop

オーガナイザー：白井 宏樹 (アステラス製薬 (株))、池口 満徳 (横浜国立大学)  
Organizers: Hiroki Shirai (Astellas Pharma Inc.), Mitsunori Ikeguchi (Yokohama City University)

## 1WCp-01 [16:45] 分子動力学シミュレーションによる創薬支援

## Molecular dynamics simulations and drug discovery

○池口 満徳<sup>1,2</sup> (Mitsunori Ikeguchi)

<sup>1</sup>横浜市大・生命医 (Grad. Sch. Med. Life Sci., Yokohama City Univ.),

<sup>2</sup>理研・医科学イノベハブ (Med. Inov. Hub, RIKEN)

## 1WCp-02 [17:00] コンピュータ技術を用いた抗体立体構造予測と分子設計

## Computational modeling algorithms in antibody engineering:

## How precise are they?

○黒田 大祐<sup>1</sup> (Daisuke Kuroda)、津本 浩平<sup>1,2</sup> (Kouhei Tsumoto)

<sup>1</sup>東大院・工 (Sch. of Eng., Univ. of Tokyo),

<sup>2</sup>東大・医科研 (Inst. of Med. Sci., Univ. of Tokyo)

## 1WCp-03 [17:20] 天然変性タンパク質 p53 を標的としたペプチドの人工設計

## (P1-156) 一液相分離の制御ー

## Rational design of peptide targeting intrinsically disordered protein p53 -regulation of phase-separation-

○鎌形 清人<sup>1</sup> (Kiyoto Kamagata)、間野 絵梨子<sup>1</sup> (Eriko Mano)、

伊藤 優志<sup>1</sup> (Yuji Itoh)、上林 さおり<sup>1</sup> (Saori Kanbayashi)、

本多 優也<sup>1</sup> (Masaya Honda)、北原 亮<sup>2</sup> (Ryo Kitahara)、

亀田 倫史<sup>3</sup> (Tomoshi Kameda)

<sup>1</sup>東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.),

<sup>2</sup>立命大・薬 (Coll. Pharm. Sci., Ritsumeikan Univ.)、<sup>3</sup>産総研・創薬基盤 (AIRC, AIST)



**1WCp-04** [17:40] **AI が導くタンパク質の進化：指向性が強い変異体は必要か？**  
**(1P-195) Machine-learning-guided evolution of protein: Is a strong positive variant necessary ?**

及川 未早来<sup>1</sup> (Misaki Oikawa)、齋藤 裕<sup>2,4</sup> (Yutaka Saito)、  
 亀田 倫史<sup>2,4</sup> (Tomoshi Kameda)、中澤 光<sup>1</sup> (Hikaru Nakazawa)、  
 二井手 哲平<sup>1</sup> (Teppei Niide)、津田 宏治<sup>3,4</sup> (Koji Tsuda)、  
 ○梅津 光央<sup>1,4</sup> (Mitsuo Umetsu)

<sup>1</sup> 東北大・院工・バイオ工 (Dep. Biomol. Eng., Grad. Sch. Eng., Tohoku Univ.)、  
<sup>2</sup> 産総研・人工知能研究セ・オーミクス情報 (Comp. Omics Res. AIRC Res., AIST)、  
<sup>3</sup> 東大・院新領域・メデイカル情報 (Dep. Comp. Biol. Med. Sci., Grad. Sch. Frontier Sci.,  
 The Univ. of Tokyo)、  
<sup>4</sup> 理研・革新知能セ・分子情報 (Adv. Intell. Pro., RIKEN)

**1WCp-05** [18:00] **計算創薬における AI の有効利用**  
**AI for the Drug Discovery**

○黒田 正孝 (Masataka Kuroda)  
 田辺三菱製薬 (MTPC)

**1WCp-06** [18:20] **日本人大規模ゲノムコホート研究による個別化創薬の可能性**  
**Large scale genome cohort study toward the personalized drug development**

○木下 賢吾<sup>1,2</sup> (Kengo Kinoshita)  
<sup>1</sup> 東北大・情報 (Grad Sch Info, Tohoku Univ.)、  
<sup>2</sup> 東北大・東北メデイカル・メガバンク機構 (ToMMo, Tohoku Univ.)

**1WCp-07** [18:45] **インシリコ創薬 - 我々は何を目指し、どこに向かうべきか？ -**  
**In silico Drug Discovery - Where are We Going To? -**

○大田 雅照 (Masateru Ohta)  
 理化学研究所・科技ハブ産連本部 (Cluster for Science, Technology and Innovation Hub,  
 RIKEN)

1WFp

F会場（神戸国際会議場 5F 502）/  
Room F (Kobe International Conference Center 5F 502)  
6月24日（月）/ June 24 (Mon.) 16:45 ~ 19:15

## オルガネラゾーン：細分化されたオルガネラの機能と構造 Organelle Zone: Compartmentalized organelle structure and function

近年の研究により、オルガネラには機能的、構造的に特殊化された領域「オルガネラゾーン」が存在することがわかってきた。本シンポジウムでは、異なるオルガネラ同士が互いに直接相互作用し、物質や情報をやり取りする「連携ゾーン」と、小胞体、ゴルジ体内に存在する機能的に異なる「選別輸送ゾーン」の2つの異なる視点から、オルガネラ研究を推進する講演者を集結し、最新のオルガネラ像について発表、議論する。

Recent studies have revealed the existence of “organelle zones” that are functionally and structurally specialized organelle regions. In this workshop, we will introduce our recent findings of the organelle zones and discuss the latest pictures of organelles.

オーガナイザー：後藤 聡（立教大学）、田村 康（山形大学）

Organizers: Satoshi Goto (Rikkyo University), Yasushi Tamura (Yamagata University)

[16:45] Introduction

**1WFp-01** [16:47] ミトコンドリアクリステ構造維持にはミトコンドリア内リン脂質輸送が必要である

**Maintenance of Crista Structure Requires Intramitochondrial Phospholipid Transport**

○田村 康 (Yasushi Tamura)

山形大・理 (Fac. of Sci. Yamagata Univ.)

**1WFp-02** [17:08] Structure-function analysis of the prohibitin complexes in mitochondria

○小柴 琢己<sup>1,2</sup> (Takumi Koshihira)

<sup>1</sup>福岡大・理・化学 (Dept. of Chem., Fukuoka Univ.),

<sup>2</sup>九大・理・生物 (Dept. of Biol., Kyushu Univ.)

**1WFp-03** [17:29] Identification of the novel components of ER-Mitochondria contact sites using proximity labeling system

○山本 真寿<sup>1,2</sup> (Masatoshi Yamamoto)、山崎 昌哉<sup>1</sup> (Masaya Yamazaki)、山口 知也<sup>1,2,3,4</sup> (Tomoya Yamaguchi)

<sup>1</sup>熊本大・医・がん生物学 (Dept. of Cancer Biol., Grad. Sch. of Med. Sci., Kumamoto Univ.),

<sup>2</sup>熊本大・健康長寿代謝制御研究センター (Center for Metabolic Regulation of Healthy Aging, Faculty of Life Sci., Kumamoto Univ.),

<sup>3</sup>熊本大・大学院先端機構 (Priority Organization for Innovation and Excellence, Kumamoto Univ.),

<sup>4</sup>JST さきがけ (PRESTO, JST)

- 1WFp-04** [17:50] **ミトコンドリアポアタンパク質を介したミトコンドリア-エンドソーム間相互作用によるエンドサイトーシス制御機構**  
(1P-236) **A role of mitochondria-endosome interaction in the regulation of endocytosis**
- 佐藤 絢 (Aya Satoh)、藤岡 容一朗 (Yoichiro Fujioka)、  
笹島 仁 (Hitoshi Sasajima)、南保 明日香 (Asuka Nanbo)、  
大場 雄介 (Yusuke Ohba)  
北大・院医・細胞生理 (Dept. Cell Physiol., Fac. Med. and Grad. Sch. Med. Hokkaido Univ.)
- 1WFp-05** [18:11] **核膜障害における小胞体膜貫通型転写因子 OASIS の役割**  
**The roles of an ER-resident transmembrane transcription factor OASIS in the response to impairment of nuclear envelope integrity**
- 今泉 和則 (Kazunori Imaizumi)  
広島大・医・分子細胞情報学 (Dept. of Biochem, Med, Hiroshima Univ.)
- 1WFp-06** [18:32] **新規・小胞体-エンドソーム膜接触部位における脂質交換輸送機構とその生理機能の解明**  
(1P-237) **Identification and characterization of a novel ER-endosome contact site**
- 河崎 麻実<sup>1</sup> (Asami Kawasaki)、酒井 晶子<sup>2</sup> (Akiko Sakai)、  
荒川 聡子<sup>3</sup> (Satoko Arakawa)、中西 広樹<sup>5</sup> (Hiroki Nakanishi)、  
佐々木 雄彦<sup>4,5</sup> (Takehiko Sasaki)、清水 重臣<sup>3</sup> (Shigeomi Shimizu)、  
五十嵐 道弘<sup>1</sup> (Michihiro Igarashi)、中津 史<sup>1</sup> (Fubito Nakatsu)  
<sup>1</sup>新潟大・院医歯・分子細胞機能 (Dept. of Neurochem. and Mol. Cell Biol., Grad. Sch. of Med. Dent. Sci., Niigata Univ.)、  
<sup>2</sup>新潟大・院医歯・神経発達 (Lab. of Neuronal Devel., Grad. Sch. of Med. and Dent. Sci., Niigata Univ.)、  
<sup>3</sup>東京医科歯科大学・難治研・病態細胞生物 (Dept. of Pathol. Cell Biol., Med. Res. Inst., Tokyo Med. and Dent. Univ.)、  
<sup>4</sup>東京医科歯科大・難治研・病態生理 (Dept. of Biochem. Pathophysiology, Med. Res. Inst. Tokyo Med. and Dent. Univ.)、  
<sup>5</sup>秋田大・生体情報研究センター (Res. Ctr. for Biosignal, Akita Univ.)
- 1WFp-07** [18:53] **翻訳後修飾を司るオルガネラ・ゾーン**  
**An Organelle Zone executing a posttranslational modification of proteins**
- 後藤 聡<sup>1</sup> (Satoshi Goto)、山本 (日野) 美紀<sup>1</sup> (Miki Yamamoto-Hino)、  
川口 紘平<sup>1</sup> (Kohei Kawaguchi)、尾野 雅哉<sup>2</sup> (Masaya Ono)  
<sup>1</sup>立教大学理学部生命理学科 (Dept. of Life Sci., Rikkyo Univ.)、  
<sup>2</sup>国立がん研究セ・研・臨床プロテオーム (Dep. of Clin. Proteomics, Natl. Cancer Ctr.)

[18:14] **Conclusion**

## 1WGp

G会場 (神戸国際会議場 5F 504 + 505) /  
Room G (Kobe International Conference Center 5F 504+505)  
6月24日 (月) / June 24 (Mon.) 16:45 ~ 19:15

## 生命金属とタンパク質による細胞機能の協奏的制御 Cooperative regulation of cellular functions by bio-metals and proteins

鉄・亜鉛・銅といった「生命金属」は、酵素活性の中心として機能するほかにも、タンパク質に結合することで様々な細胞機能を制御することが近年明らかとなってきた。生命金属とタンパク質の絶妙な協奏が複雑な生命現象を可能とし、その破綻は病態につながる事が示唆される。そこで本WSでは、生命金属による細胞機能の制御メカニズムに関する最新の研究成果を通じて、化学・構造生物学・細胞生物学・医学を含む幅広い視点から、生命における金属の重要性について議論する。

Various physiological processes are realized by well-organized collaboration between metal ions and proteins in vivo. Breakdown of such collaborative actions will thus result in diseases. In this WS, relevance of metal ions in our physiologies as well as pathologies will be discussed from various perspectives including chemical, biological, and medical points of view.

オーガナイザー：古川 良明 (慶應義塾大学)、神戸 大朋 (京都大学)  
Organizers: Yoshiaki Furukawa (Keio Univrsity), Taiho Kambe (Kyoto University)

### 1WGp-01 [16:45] 生命金属等による脳の水チャネル、アクアポリン4の活性調節機構 Molecular mechanisms of regulation of aquaporin-4 by metals

○安井 正人 (Masato Yasui)、阿部 陽一郎 (Yoichiro Abe)  
慶大・医・薬理 (Pharmacology, School of Med. Keio Univ.)

### 1WGp-02 [17:10] 亜鉛トランスポーター ZIP13 の制御に基づくベージュ脂肪細胞の運命決定機構の解明 Zinc transporter ZIP13 controls the fate-determination of beige fat cells

○福中 彩子 (Ayako Fukunaka)  
群大・生体調節研究所 (IMCR, Univ. of Gunma)

### 1WGp-03 [17:35] 亜鉛イオンとシャペロンタンパク質 ERp44 による新たなタンパク質品質管理機構 New mechanism for protein quality control mediated by Zn<sup>2+</sup> and chaperone ERp44 in the early secretory pathway

○渡部 聡<sup>1</sup> (Satoshi Watanabe)、天貝 佑太<sup>1</sup> (Yuta Amagai)、  
山田 桃<sup>1</sup> (Momo Yamada)、Roberto Sitia<sup>2</sup>、稲葉 謙次<sup>1</sup> (Kenji Inaba)  
<sup>1</sup>東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)、<sup>2</sup>San Raffaele Institute

**1WGp-04** [18:00] **コンディショナルプロテオミクスによる金属関連タンパク質群の同定**  
**A conditional proteomics approach to identify metal-related proteins**

○田村 朋則<sup>1</sup> (Tomonori Tamura)、三木 卓幸<sup>2</sup> (Takayuki Miki)、  
西川 雄貴<sup>1</sup> (Yuki Nishikawa)、浜地 格<sup>1</sup> (Itaru Hamachi)  
<sup>1</sup>京大・工 (Grad. Sch. of Eng., Kyoto Univ.)、  
<sup>2</sup>東工大・生命理工 (Grad. Sch. of Biosci. and Biotech., Tokyo Tech.)

**1WGp-05** [18:25] **病原菌の鉄獲得システムで機能するヘムセンサー蛋白質の多機能性とその**  
**1P-101) 構造的機序**

**Multifunctionality and its structural mechanism of a heme sensor protein involved in pathogenic bacterial iron acquisition system**

西永 恵<sup>1</sup> (Megumi Nishinaga)、長井 聖奈<sup>1</sup> (Seina Nagai)、  
村木 則文<sup>2</sup> (Norifumi Muraki)、青野 重利<sup>2</sup> (Shigetoshi Aono)、  
杉本 宏<sup>1,3</sup> (Hiroshi Sugimoto)、城 宜嗣<sup>1</sup> (Yoshitsugu Shiro)、  
○澤井 仁美<sup>1,3</sup> (Hitomi Sawai)  
<sup>1</sup>兵庫県大・院・生命理学 (Grad. Life Sci., Univ. of Hyogo)、  
<sup>2</sup>分子研 (Inst. Mol. Sci.)、<sup>3</sup>理研・播磨 (RIKEN SPring-8 Cent.)

**1WGp-06** [18:50] **病原性微生物における鉄獲得関連蛋白質の特性評価及び抗体阻害剤の探索**  
**Biophysical characterization of Fe acquisition machinery in a pathogen and exploring a novel antibacterial antibody**

中木戸 誠<sup>1,2</sup> (Makoto Nakakido)、竹内 美結<sup>1</sup> (Miyu Takeuchi)、  
○津本 浩平<sup>1,2,3</sup> (Kouhei Tsumoto)  
<sup>1</sup>東大院・工・バイオエンジニア (Dept. of Bioeng., Sch. of Eng., Univ. of Tokyo)、  
<sup>2</sup>東大院・工・化生 (Dept. of Chem. Biotech., Sch. of Eng., Univ. of Tokyo)、  
<sup>3</sup>東大・医科研 (Inst. of Med. Sci., Univ. of Tokyo)

2WFa

F会場（神戸国際会議場 5F 502）/  
Room F (Kobe International Conference Center 5F 502)  
6月25日（火）/ June 25 (Tue.) 8:45 ~ 11:15

## 複数回膜貫通タンパク質研究の新たな地平 —その多面的機能と新しい解析技術—

### The new horizon of the multiple transmembrane proteins -These structures, multiple functions and new technologies-

4回膜貫通型タンパク質のトラスパニンやクローディン、7回膜貫通型 GPCR などは膜脂質との機能相関を持ちつつ機能が多種に亘り、かつ分子構造解析ははじめ解析技術についても困難な点も多い。これら分子群については想定を超えた様々な機能が明らかになりつつあり、その多様性と解析技術を多方面から捉えることの重要性が認識されつつある。今回、構造生物学からの知見、分子進化解析から様々な領域における解析技術・方法論、さらに機能の多面性について、これら複数回膜タンパク質を統合して考え、蛋白質科学（分子構造）・細胞生物学（分子機能と多様性）として新たな地平を共有することを目的とする。

The purpose of this workshop is trying to unify the latest studies of GPCR, Tetraspanin and claudin family, to discover clues and elucidate the molecular structure and functions of these multiple transmembrane proteins.

Day 2 (June 25)  
Workshop

オーガナイザー：武内 恒成（愛知医科大学）、田村 淳（大阪大学）

Organizers: Kosei Takeuchi (Aichi Medical University), Atsushi Tamura (Osaka University)

#### 2WFa-01 [8:45] 複数回膜タンパク質の構造と機能解析に向けて

##### The new horizon of the multiple transmembrane proteins, from new analysis, technology and multiple functions

○武内 恒成 (Kosei Takeuchi)

愛知医科大学医学部細胞生物学 (Dept. of Cell Biol., Sch. of Med., Aichi Medical Univ.)

#### 2WFa-02 [8:47] タイトジャンクション-クローディンによる細胞間バリア制御と、その異常と病態—クローディン欠損マウス解析の視点から—

##### Paracellular Barrier and Channel Role of TJ Claudins in Biological Systems: Advances in the Field of Barriology

○田村 淳 (Atsushi Tamura)、田中 啓雄 (Hiroo Tanaka)、

矢野 智樹 (Tomoki Yano)、鈴木 浩也 (Koya Suzuki)、

月田 早智子 (Sachiko Tsukita)

阪大・生命機能・分子生体 (Lab. of Biol. Sci., Osaka Univ.)

#### 2WFa-03 [9:10] Claudin-3 の結晶構造が明らかにするタイトジャンクション形態の決定要素 Morphologic determinant of tight junctions revealed by crystal structures of claudin-3 and its mutants

○中村 駿<sup>1,2</sup> (Shun Nakamura)、入江 克雅<sup>1,2</sup> (Katsumasa Irie)、

田中 啓雄<sup>3</sup> (Hiroo Tanaka)、田村 淳<sup>3</sup> (Atsushi Tamura)、

月田 早智子<sup>3</sup> (Sachiko Tsukita)、藤吉 好則<sup>1,4</sup> (Yoshinori Fujiyoshi)

<sup>1</sup>名大院・CeSPI (CeSPI, Nagoya Univ.)、<sup>2</sup>名大院・創薬 (Pharm. Sci., Nagoya Univ.)、

<sup>3</sup>阪大院・医 (Med., Osaka Univ.)、<sup>4</sup>(株)CeSPIA (CeSPIA Inc.)

**2Wfa-04** [9:34] テトラスパニン・Dual oxidase 複合体の活性酸素シグナルによる寿命延長効果  
(2P-296)

**Lifespan extension by Dual oxidase complex-mediated ROS signaling in *C. elegans***

○森部 弘樹<sup>1</sup> (Hiroki Moribe)、池本 一人<sup>2</sup> (Kazuto Ikemoto)

<sup>1</sup>久留米大・医・生物 (Dept. of Biol., Kurume Univ. Sch. of Med.)、

<sup>2</sup>三菱ガス化学 (株)・新潟研 (Niigata Res. Lab., Mitsubishi Gas Chemical Co., Inc.)

**2Wfa-05** [9:47] 分子オーガナイザー：テトラスパニン ～肺の恒常性維持から老化まで～  
**Molecular organizers : Tetraspanins in emphysema, fibrosis and aging**

○武田 吉人 (Yoshito Takeda)

阪大・医・呼内 (Dept. of Resp Med, Univ. of Osaka)

**2Wfa-06** [10:12] 幅広い温度受容レンジを賦活するニューロン特異的 GPCR の解析  
**Thermosensory neuron specific GPCR regulates a wide-range of temperature sensation in *C. elegans***

○笹倉 寛之<sup>1,2</sup> (Hiroyuki Sasakura)、池野 正史<sup>1</sup> (Masashi Ikeno)、

武内 恒成<sup>1</sup> (Kosei Takeuchi)、森 郁恵<sup>2</sup> (Ikue Mori)

<sup>1</sup>愛知医大・医・細胞生物 (Department of Medical Biology, Aichi Medical University)、

<sup>2</sup>名大・生命理学・分子神経生物 (Group of Molecular Molecular Neurobiology, Graduate School of Science, Nagoya University)

**2Wfa-07** [10:24] 統計熱力学から理解する膜タンパク質の熱安定性の原理  
**Principle of membrane protein thermostability based on statistical thermodynamics**

○村田 武士 (Takeshi Murata)

千葉大・理・化 (Dept. of Chem., Sci., Chiba Univ.)

**2Wfa-08** [10:49] GPCR であるグレリン受容体の結晶構造解析による受容体活性化機構の解明  
**Crystal structure of the GPCR ghrelin receptor: insight into its activation mechanism**

○児島 将康 (Masayasu Kojima)、椎村 祐樹 (Yuki Shiimura)

久留米大学・分子生命研 (Institute of Life Science, Kurume Univ.)

[11:14] **Conclusion**

2WGa

F会場（神戸国際会議場 5F 502）/  
 Room F (Kobe International Conference Center 5F 502)  
 6月25日（火）/ June 25 (Tue.) 8:45 ~ 11:15

## タンパク質状態遷移のバイオロジー

### Biology of state transition of proteins

遺伝の本質はDNA構造に内在されている。同様にタンパク質の構造解析から機能の本質を探る研究が行われてきた。しかしDNAとは異なりタンパク質は構造のゆらぎに潜む状態遷移に本質が宿っていると考えられる。セントラルドグマにより分子生物学的手法が浸透し、細胞の機能解析は容易になっている一方で、タンパク質の状態遷移という現象はセントラルドグマの外側の現象であり、遺伝子産物であるタンパク質の機能制御の観点から新たなアプローチが求められている。本ワークショップでは、マクロからミクロへの細胞生物学的視点と、ミクロからマクロへむかう構造生物学的視点でタンパク質の機能を再考察することで、タンパク質に与えられた生物学的使命を発掘してみたい。

The nature of protein function is supposed to exist in state transition originating from the fluctuation of protein structure, rather than the structure itself. In this workshop, we will reconsider the protein function through cell-biological, macro to micro viewpoint as well as structural biological, micro-to-macro viewpoint, to decipher the biological mission of protein.

オーガナイザー：田中 耕三（東北大学）、米澤 康滋（近畿大学）

Organizers: Kozo Tanaka (Tohoku University), Yasushige Yonezawa (Kindai University)

[8:45] Introduction

#### 2WGa-01 [8:50] 活性化B細胞の多様な応答機構のシングルセル解析 Single cell analysis of B cell immune responses

- 武藤 哲彦 (Akihiko Muto)、渡部 (松井) 美紀 (Miki Watanabe (Matsui))、  
 五十嵐 和彦 (Kazuhiko Igarasi)  
 東北大・院医・生物化学 (Dept. of Biochem. Grd. Sch. of Med. Tohoku Univ.)

#### 2WGa-02 [9:07] クロマチンのゆらぎと転写調節機構の関係性を転写因子1分子計測によって解析する

##### The relationships between single molecular dynamics of transcription factors and diffusion movement of chromatin

- 岡本 和子<sup>1</sup> (Kazuko Okamoto)、岡田 康志<sup>1,2</sup> (Yasushi Okada)、  
 渡邊 朋信<sup>1</sup> (Tomonobu M Watanabe)

<sup>1</sup>理研 生命機能科学研究センター (RIKEN BDR)、

<sup>2</sup>東京大学 理学研究科 (School of Sci. Univ. of Tokyo)



**2WGa-03** [9:24] **ゲノム安定性維持における天然変性タンパク質 CAMP の動的制御**  
**Dynamic regulation of an intrinsically-disordered protein CAMP in the maintenance of genome stability**

○池田 真教<sup>1</sup> (Masanori Ikeda)、成田 知恕<sup>2</sup> (Tomoyuki Narita)、  
 清水 将裕<sup>2</sup> (Masahiro Shimizu)、古寺 哲幸<sup>2</sup> (Noriyuki Kodera)、  
 田中 耕三<sup>1</sup> (Kozo Tanaka)

<sup>1</sup>東北大・加齢研・分子腫瘍 (Dept. of Mol. Oncol., Inst. of Dev., Aging and Cancer, Tohoku Univ.)、<sup>2</sup>金沢大・WPI-NanoLSI (WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.)

**2WGa-04** [9:41] **キナーゼは長い天然変性領域をリン酸化する**  
**Phosphosites of phosphoproteins are in long intrinsically disordered regions**

○太田 元規 (Motonori Ota)  
 名大・情 (Sch. Inf., Nagoya U.)

**2WGa-05** [9:58] **ディスオーダー蛋白質の結合 - 解離状態遷移に関する分子動力的解析**  
**Molecular dynamics study for bound-unbound state transitions of intrinsically disordered proteins**

○笠原 浩太<sup>1</sup> (Kota Kasahara)、肥後 順一<sup>2</sup> (Junichi Higo)、  
 高橋 卓也<sup>1</sup> (Takuya Takahashi)

<sup>1</sup>立命館大・生命 (Coll. Life Sci., Ritsumeikan Univ.)、  
<sup>2</sup>兵庫県立大・院・シミュレーション (Grad. Sch. Simulation Studies, Univ. Hyogo)

**2WGa-06** [10:15] **次元の削減と拡張：細胞応答性の分子機構**  
**Dimensionality reduction and increment in biological process**

○白木 琢磨 (Takuma Shiraki)  
 近大・生物理工 (BOST, Kindai Univ.)

**2WGa-07** [10:32] **RAF 分子の生細胞中での3つの構造状態の混在とその変化をとらえる1分**  
**分子計測**

**Coexistence of RAF's three structural states and distributional variation in live cells detected by single-molecule measurements**

○岡本 憲二<sup>1</sup> (Kenji Okamoto)、日比野 佳代<sup>2</sup> (Kayo Hibino)、  
 佐甲 靖志<sup>1</sup> (Yasushi Sako)

<sup>1</sup>理研 (RIKEN)、<sup>2</sup>遺伝研 (Natl. Inst. Genet.)

**2WGa-08** [10:49] **プロテイントモグラフィー法を用いた低分子化合物の結合に伴うタンパク**  
**質の一分子構造変化解析**  
**Reveal the protein structural change after binding of a small molecule using protein tomography method**

○前川 あゆ美<sup>1</sup> (Ayumi Maegawa)、三瀬 武史<sup>1</sup> (Takeshi Mise)、  
 福永 響<sup>1</sup> (Hibiki Fukunaga)、スコグランド ウルフ<sup>2</sup> (Ulf Skoglund)、  
 亀井 朗<sup>1</sup> (Akira Kamei)

<sup>1</sup>沖縄プロテイントモグラフィー (株)・研究開発部 (R&D Dept., Okinawa Protein Tomography Ltd.)、<sup>2</sup>沖縄科学技術大学院大 (OIST)

[11:06] **Conclusion**

2WBp

B会場（神戸国際会議場 3F 国際会議室）/  
Room B (Kobe International Conference Center 3F International  
Conference Room)

6月25日（火）/ June 25 (Tue.) 16:30 ~ 19:00

## APPA/PS/PSSJ ワークショップ： 2020 蛋白質科学世界会議への助走

### APPA/PS/PSSJ Workshop:

### The approach for 2020 World Conference on Protein Science

2004年に横浜で開催された第1回環太平洋蛋白質科学国際会（PRICPS）後、アジア太平洋地域での蛋白質科学研究における連携と発展を目指して Asia Pacific Protein Association (APPA) が設立され、3年ごとに国際シンポジウムが開催されている。来々年2020年に、APPA 国際シンポジウム、PSSJ の年会及び Protein Society (PS) のシンポジウムを合同した2020 蛋白質科学世界会議を開催し、蛋白質科学研究における世界の研究者を結集することになった。本ワークショップでは、APPA との研究交流と同時に、蛋白質科学研究における世界連携について議論したい。

After the 1st International Pacific Conference on Protein Science (PRICPS) held in Yokohama in 2004, the Asia Pacific Protein Association (APPA) was established with the aim of collaboration and development in protein science research in the Asia-Pacific region. APPA has organized international symposia every three years. Next year 2020, we will hold the 2020 World Conference on Protein Science, combining the APPA International Symposium, the Annual Meeting of PSSJ and the Symposium of Protein Society (PS), and will gather researchers from all over the world in protein science research. In this workshop, we would like to discuss the world in protein science research as well as research exchange with APPA.

オーガナイザー：後藤 祐児（大阪大学）、  
James Ketudat Cairns（Suranaree University of Technology）、  
養王田 正文（東京農工大学）

Yuji Goto (Osaka University), James Ketudat Cairns (Suranaree University of Technology),  
Masafumi Yohda (Tokyo University of Agriculture and Technology)

[16:30] **Opening Remark**

### 2WBp-01 [16:40] **The Asia Pacific Protein Association and the Protein Society of Thailand**

○ James R. Ketudat Cairns<sup>1,2,3</sup>、Jisnusun Svasti<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Institute of Science,

<sup>2</sup>Center for Biomolecular Structure Function and Engineering, Suranaree  
University of Technology, Nakhon Ratchasima 30000, THAILAND,

<sup>3</sup>Laboratory of Biochemistry, Chulabhorn Research Institute, Bangkok 10320?,  
THAILAND

- 2WBp-02** [17:00] **Structure, function and potential application of Cold active lipase from Antarctic *Pseudomonas***
- Mohd Shukuri Mohamad Ali<sup>1,2</sup>, Norhayati Yaacob<sup>1</sup>,  
Nor Hafizah Ahmad Kamarudin<sup>1</sup>, Adam Thean Chor Leow<sup>1,3</sup>,  
Abu Bakar Salleh<sup>1</sup>, Raja Noor Zaliha Raja Abd Rahman<sup>1,4</sup>
- <sup>1</sup>Enzyme and Microbial Technology Research Centre (EMTech), Universiti Putra Malaysia,  
<sup>2</sup>Department of Biochemistry, Faculty of Biotechnology and Biomolecular Sciences, Universiti Putra Malaysia,  
<sup>3</sup>Department of Cell and Molecular Biology, Faculty of Biotechnology and Biomolecular Sciences, Universiti Putra Malaysia,  
<sup>4</sup>Department of Microbiology, Faculty of Biotechnology and Biomolecular Sciences, Universiti Putra Malaysia
- 2WBp-03** [17:20] **Conformational analysis and structural details of space-grown and earth-grown T1 lipase crystal structures through molecular dynamic simulation study**
- Raja Noor Zaliha Raja Abd. Rahman<sup>1,2,3</sup>, Siti Nor Hasmah Ishak<sup>1</sup>,  
Sayangku Nor Ariati Mohamad Aris<sup>1</sup>, Khairul Bariyyah Abd Halim<sup>4</sup>,  
Mohd Shukuri Mohamad Ali<sup>1,2</sup>, Thean Chor Leow<sup>1,2</sup>,  
Nor Hafizah Ahmad Kamarudin<sup>1</sup>, Malihe Masomian<sup>1</sup>
- <sup>1</sup>Enzyme and Microbial Technology Research Centre, Faculty of Biotechnology and Biomolecular Sciences, Universiti Putra Malaysia,  
<sup>2</sup>Institute of Bioscience, Universiti Putra Malaysia,  
<sup>3</sup>Laboratory of Halal Science Research, Halal Products Research Institute, Universiti Putra Malaysia,  
<sup>4</sup>Kuliyah of Science, International Islamic University Malaysia
- 2WBp-04** [17:40] **Mechanisms for liquid-liquid phase separation of intrinsically disordered proteins and its modulation by ATP and nucleic acids**
- Jianxing Song  
Department of Biological Sciences, National University of Singapore
- 2WBp-05** [18:00] **Structure and Dynamics of Membrane Proteins by X-ray Crystallography and Xfel**
- Ji-Hye Yun<sup>1</sup>, Sam-Yong Park<sup>2</sup>, Mark S. Hunter<sup>3</sup>, Haiguang Liu<sup>4</sup>,  
○ Weontae Lee<sup>1</sup>
- <sup>1</sup>Department of Biochemistry, College of Life Science & Biotechnology, Yonsei University,  
<sup>2</sup>Drug Design Laboratory, Graduate School of Medical Life Science, Yokohama City University,  
<sup>3</sup>Linac Coherent Light Source, SLAC National Accelerator Laboratory,  
<sup>4</sup>Complex Systems Division, Beijing Computational Science Research Center
- 2WBp-06** [18:20] **Exploring proteins in living cells: uncovering the regrowth-delay body as a novel reversible subcellular structure assembled in non-growing bacterial cells**
- Zengyi Chang  
School of Life Sciences and Center for Protein Sciences, Peking University
- [18:40] **Discussion**

2WCp

C会場 (神戸国際会議場 3F レセプションホール) /  
Room C (Kobe International Conference Center 3F Reception Hall)  
6月25日 (火) / June 25 (Tue.) 16:30 ~ 19:00

## タンパク質が機能する瞬間を捉える ～タンパク質ダイナミクス研究の新時代

### Capturing proteins in action ~ a new era of investigating protein structural dynamics

「静止したタンパク質の構造を見て、本当に機能を理解できるのだろうか？」誰もがそんな疑問を抱いたことがあるだろう。タンパク質の機能は動いている間に発揮される。タンパク質のダイナミクス研究は、この問題解決を目指す次世代の構造生物学である。本ワークショップでは、X線自由電子レーザー、高速原子間力顕微鏡、時分割X線溶液散乱法によるリアルタイム測定解析や wet と dry とを繋ぐ計算科学による新たな取り組みなどタンパク質ダイナミクス研究の最新成果を紹介し、今後の展望についての討論を行う。

There is a limit in interpreting protein function based on a protein structure in a static state because structural changes occur in a protein at work. Therefore, a study of protein dynamics is expected as next generation structural biology. In this workshop, we present the latest results of the studies of protein dynamics performed using X-ray free electron lasers, atomic force microscopy, time-resolved X-ray solution scattering, or molecular simulation.

オーガナイザー：南後 恵理子 (理化学研究所)、日野 智也 (鳥取大学)  
Organizers: Eriko Nango (RIKEN), Tomoya Hino (Tottori University)

[16:30] Introduction

#### 2WCp-01 [16:35] SACLA 自由電子レーザーによるタンパク質分子動画法の現状と展望 Molecular Movies of Proteins using SACLA: Current Status and Future

○岩田 想<sup>1,2</sup> (So Iwata)

<sup>1</sup>京大院・医・分子細胞情報 (Grad.Sch.of Med., Kyoto Univ.)、

<sup>2</sup>理研・放射光化学総合研究センター (SPring-8 Center, Riken)

#### 2WCp-02 [16:55] Cl<sup>-</sup>イオンポンプロドプシンの時分割 XFEL 結晶構造解析 Time-resolved serial femtosecond crystallography at an XFEL to reveal conformational changes in Cl<sup>-</sup> pump rhodopsin

○保坂 俊彰 (Toshiaki Hosaka)

理研・生命機能科学研究センター (RIKEN BDR)

#### 2WCp-03 [17:15] CRISPR-Cas9 の動的構造解析と分子改造 Structure, Dynamics and Engineering of CRISPR-Cas9

○西増 弘志 (Hiroshi Nishimasu)

東大・理・生科 (Dept. of Biol. Sci., Grad. Sch. of Sci., Univ. of Tokyo)

**2WCp-04** [17:35] **酸化のフォールディングを触媒する PDI の可視化**  
**(2P-155)** **Dynamic assembly of protein disulfide isomerase in catalysis of oxidative folding**

- 奥村 正樹<sup>1,2</sup> (Masaki Okumura)、野井 健太郎<sup>3,4,8</sup> (Kentarō Noi)、  
 金村 進吾<sup>1,2</sup> (Shingo Kanemura)、木下 岬<sup>1</sup> (Misaki Kinoshita)、  
 斉尾 智英<sup>5</sup> (Tomohide Saio)、井上 裕一<sup>2</sup> (Yuichi Inoue)、  
 引間 孝明<sup>6</sup> (Takaaki Hikima)、秋山 修志<sup>6,7</sup> (Shuji Akiyama)、  
 小椋 光<sup>3,8</sup> (Teru Ogura)、稲葉 謙次<sup>2,8</sup> (Kenji Inaba)  
<sup>1</sup>東北大・学際研 (FRIS, Tohoku Univ.)、<sup>2</sup>東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)、  
<sup>3</sup>熊本大・発生研 (IMEG, Kumamoto Univ.)、  
<sup>4</sup>大阪大・工 (Grad. Sch. of Eng., Osaka Univ.)、  
<sup>5</sup>北大・理 (Sch. of Sci., Hokkaido Univ.)、<sup>6</sup>理研播磨 (RIKEN SPring-8 Center)、  
<sup>7</sup>分子研 (IMS)、<sup>8</sup>CREST, JST

**2WCp-05** [17:55] **24 量体球殻状蛋白質のアセンブリメカニズム**  
**Assembly mechanism of 24-meric spherical shell-shaped protein**

- 佐藤 大輔 (Daisuke Sato)、池口 雅道 (Masamichi Ikeguchi)  
 創価大・理工 (Fac. of Sci. and Eng., Soka Univ.)

**2WCp-06** [18:15] **IgG のフコシル化による Fc のダイナミクスの変化が Fc γ 受容体との相互**  
**(2P-020)** **作用に及ぼす影響**

**Dynamic conformational effects of IgG fucosylation for interaction between Fc and Fcγ receptor**

- 谷中 冴子<sup>1,2,3,5</sup> (Saeko Yanaka)、與語 理那<sup>1,2,3</sup> (Rina Yogo)、  
 矢木 宏和<sup>3</sup> (Hirokazu Yagi)、伊藤 暁<sup>1,2,5</sup> (Satoru G. Itoh)、  
 奥村 久士<sup>1,2,5</sup> (Hisashi Okumura)、山口 拓実<sup>4</sup> (Takumi Yamaguchi)、  
 加藤 晃一<sup>1,2,3,5</sup> (Koichi Kato)  
<sup>1</sup>自然科学研究機構・ExCELLS (ExCELLS, Natl. Inst. Nat. Sci.)、  
<sup>2</sup>自然科学研究機構・分子研 (IMS., Natl. Inst. Nat. Sci.)、  
<sup>3</sup>名市大院薬 (Grad. Sch. Pharma. Sci., Nagoya City Univ.)、  
<sup>4</sup>北陸先端科学技術大学院大学・マテリアルサイエンス系 (Sch. Mat. Sci., JAIST)、  
<sup>5</sup>総研大 (SOKENDAI)

**2WCp-07** [18:35] **シミュレーションと 1 分子計測を統合したタンパク質ダイナミクスのモデ**  
**リング**

**Integrative modeling of protein dynamics from time-series data of single-molecule experiments and molecular dynamics simulations**

- 松永 康佑<sup>1,2</sup> (Yasuhiro Matsunaga)、杉田 有治<sup>1,3,4</sup> (Yuji Sugita)  
<sup>1</sup>理研・R-CCS (RIKEN R-CCS)、<sup>2</sup>JST・さきがけ (JST PRESTO)、  
<sup>3</sup>理研・CPR (RIKEN CPR)、<sup>4</sup>理研・BDR (RIKEN BDR)

[18:55] **Conclusion**

2WFp

F会場 (神戸国際会議場 5F 502) /  
Room F (Kobe International Conference Center 5F 502)  
6月25日 (火) / June 25 (Tue.) 16:30 ~ 19:00

## ミトコンドリアの機能理解におけるタンパク質科学からのアプローチ Protein scientific approaches for understanding mitochondrial functions

近年、モデル生物を利用した遺伝学的な研究手法の飛躍的な進歩により、ミトコンドリアの研究も一段と発展し、細胞内における形態やこれまでに知られていない新たな役割 (例えば自然免疫) も次第に明らかになってきた。本企画では、日本国内で活躍している中堅、及び若手のミトコンドリア研究者を招待し、現在進められているミトコンドリアの多面的な側面をタンパク質科学的な観点から紹介してもらい、新たなミトコンドリア像に関して活発な議論を進めていく。

The mitochondrion, a double-membraned organelle, is the powerhouse of eukaryotic cells which plays an important role in generating ATP and controlling calcium levels. Recent genetic studies in many model species have demonstrated that mitochondria are not just limited to respiration and apoptosis. In this symposium, we invited domestic young investigators, and they will discuss about current topics regarding new aspects of mitochondrial functions and we would like to share this knowledge to get to the next stage of mitochondrial studies.

Day 2 (June 25)  
Workshop

オーガナイザー：小柴 琢己 (九州大学)、岡本 浩二 (大阪大学)

Organizers: Takumi Koshiba (Kyushu University), Koji Okamoto (Osaka University)

[16:30] Introduction

### 2WFp-01 [16:30] Porin proteins have critical functions in mitochondrial phospholipid homeostasis in yeast

○宮田 暖 (Non Miyata)、藤井 悟 (Satoru Fujii)、久下 理 (Osamu Kuge)  
九大・院理・化学 (Dept. of Chem., Fac. of Sci., Kyushu Univ.)

### 2WFp-02 [16:58] mtDNA からなる核様体の形態や配置を制御する因子の探索 (2P-258) RNAi screening to identify regulators of morphology and distribution of mtDNA nucleoids

○太田 あずさ<sup>1,2</sup> (Azusa Ota)、石原 孝也<sup>1,2</sup> (Takaya Ishihara)、  
石原 直忠<sup>1,2</sup> (Naotada Ishihara)  
<sup>1</sup>阪大・院理・生物科学 (Dept. of Biol. Sci., Grad. Sch. of Sci., Osaka Univ.)、  
<sup>2</sup>久留米大・分子生命研・高分子化学 (Dept. of Prot. Biochem., Inst. Life Sci., Kurume Univ.)

### 2WFp-03 [17:10] Influenza A virus triggers mitochondrial DNA-mediated antiviral immunity

○森山 美優<sup>1</sup> (Miyu Moriyama)、小柴 琢己<sup>2</sup> (Takumi Koshiba)、  
一戸 猛志<sup>1</sup> (Takeshi Ichinohe)  
<sup>1</sup>東大医科研 (IMSUT)、<sup>2</sup>九大・理 (Faculty of Sciences, Kyushu Univ.)

**2WFp-04** [17:34] シアン耐性末端酸化酵素を標的にした抗寄生虫薬剤の開発**The alternative oxidase as antitrypanosomal drug target**

○稲岡 ダニエル健<sup>1,2,3,4</sup> (Daniel Ken Inaoka)、志波 智生<sup>5</sup> (Tomoo Shiba)、  
 柘植 千明<sup>4</sup> (Chiaki Tsuge)、城戸 康年<sup>4</sup> (Yasutoshi Kido)、  
 Emmanuel O. Balogun<sup>6</sup>、Luke Young<sup>7</sup>、Anthony Moore<sup>7</sup>、  
 齋本 博之<sup>8</sup> (Hiroyuki Saimoto)、原田 繁春<sup>5</sup> (Shigeharu Harada)、  
 北 潔<sup>1,3,4</sup> (Kiyoshi Kita)

<sup>1</sup>長大・熱医・グローバルヘルス (Scho. of Trop. Med. and Glob. Health, Nagasaki Univ.)、

<sup>2</sup>長大・熱研・分子感染ダイナミクス解析分野 (Dept. of Mol. Infect. Dynamics, Inst. of Trop. Med. (NEKKEN), Nagasaki Univ.)、

<sup>3</sup>長大・熱研・感染生化学 (Dept. of Host-Defense Biochem., Inst. of Trop. Med. (NEKKEN), Nagasaki Univ.)、

<sup>4</sup>東大・医・生物医化学 (Dept. of Biomed. Chem., Grad. Sch. of Med., The Univ. of Tokyo)、

<sup>5</sup>京都工繊大・院・応用生物学・構造生物工学 (Dept. of Appl. Biol., Grad. Sch. of Sci. and Tech., Kyoto Inst. of Tech.)、<sup>6</sup>Dept. of Biochem., Ahmadu Bello Univ.、

<sup>7</sup>Biochem. and Biomater. Sci., Sch. of Life Sci., Univ. of Sussex、

<sup>8</sup>鳥大・工・化学・生物応用工学専攻・応用化学講座 (Dept. of Mat. Sci., Grad. Sch. of Eng., Tottori Univ.)

**2WFp-05** [17:58]  
(2P-021)**クライオ電子顕微鏡により明らかとなったミトコンドリア外膜トランスロケーター SAM 複合体の構造****Cryo-EM structure of mitochondrial outer membrane translator SAM complex**

○竹田 弘法<sup>1</sup> (Hironori Takeda)、包 明久<sup>2</sup> (Akihisa Tsutsumi)、  
 吉川 雅英<sup>2</sup> (Masahide Kikkawa)、遠藤 斗志也<sup>1</sup> (Toshiya Endo)

<sup>1</sup>京産大・総合生命 (Facu. of Life Sci., Kyoto Sangyo Univ.)、

<sup>2</sup>東大・医 (Grad Sch of Med., Univ of Tokyo)

**2WFp-06** [18:10]**Electron microscopic analysis of mitophagy during erythrocyte maturation**

○荒川 聡子 (Satoko Arakawa)、本田 真也 (Shinya Honda)、  
 清水 重臣 (Shigeomi Shimizu)

東京医歯大・難研・病態細胞生物学 (Pathol. Cell Biol., Med. Res Inst., Tokyo Med. and Dent. Univ (TMDU))

**2WFp-07** [18:34]**TORC1 シグナリング経路を介したミトコンドリア特異的オートファジーの制御****Regulation of mitochondria-specific autophagy via the TORC1 signaling pathway**

劉 洋 (Yang Liu)、○岡本 浩二 (Koji Okamoto)

阪大・生命機能 (Grad. Sch. of Front. Biosci., Osaka Univ.)

[18:58] **Conclusion**

2WGp

G会場 (神戸国際会議場 5F 504 + 505) /  
 Room G (Kobe International Conference Center 5F 504+505)  
 6月25日 (火) / June 25 (Tue.) 16:30 ~ 19:00

## 新しいコラボの在り方を探る～細胞生物学 x 蛋白質科学

### A brand-new way of collaboration; Cell biology x Protein science

近年の細胞生物学と蛋白質科学の飛躍的な発展から、細胞機能の制御機構やその破綻によって引き起こされる疾患の病態を蛋白質の構造や相互作用、修飾といった側面から解明し、さらには創薬に繋げることも可能となってきた。ここでは、パディーを組んだ細胞生物学者と蛋白質科学者の五分五分のコラボによって分子から細胞レベルまでのシームレスな研究が展開されている。本シンポジウムでは、新しい試みとして、そのような細胞生物学 x 蛋白質科学のコラボ研究を進めておられる研究者にその成果を二人一組でご講演いただく。

Mutual cooperation between cell biology and protein science is indispensable for understanding of the pathogenesis of diseases from the viewpoint of protein structure, protein-protein interplay, and protein modification in the dysregulation of multiple cellular functions. In this workshop, a cell biologist and a protein scientist give a talk in pairs on a brand-new way of collaboration to achieve their goal.

オーガナイザー：坂根 亜由子 (徳島大学)、土屋 裕子 (産業技術総合研究所)

Organizers: Ayuko Sakane (Tokushima University), Yuko Tsuchiya (AIST)

[16:30] Introduction

#### 2WGp-01 [16:35] 多彩な細胞機能を構造生物学から解く - 前説も兼ねて

##### Structural biology brings a new solution for the understanding of multiple cellular functions

○坂根 亜由子<sup>1</sup> (Ayuko Sakane)、○土屋 裕子<sup>2,3</sup> (Yuko Tsuchiya)、  
 水口 賢司<sup>3</sup> (Kenji Mizuguchi)、佐々木 卓也<sup>1</sup> (Takuya Sasaki)

<sup>1</sup>徳島大院・医歯薬学研究部・生化学分野 (Dept of Biochem, Tokushima Univ, Grad Sch of Med Sci), <sup>2</sup>産総研・人工知能研究センター (AIRC, AIST), <sup>3</sup>医薬健康研 (NIBIOHN)

#### 2WGp-02 [17:05] ダイナミンの動的分子イメージング：in vitro 再構成系 x 高速 AFM

##### Dynamic molecular imaging of dynamin: in vitro reconstitution system x High-speed AFM

○竹居 孝二<sup>1</sup> (Kohji Takei)、○内橋 貴之<sup>2</sup> (Takayuki Uchihashi)、  
 竹田 哲也<sup>1</sup> (Tetsuya Takeda)、山田 浩司<sup>1</sup> (Hiroshi Yamada)、  
 安藤 敏夫<sup>3</sup> (Toshio Ando)

<sup>1</sup>岡大院・医歯薬学・生化学 (Dept. Neuroscience, Okayama Univ. Grad. Sch. Med., Dent., Pharmaceutical Sci.),

<sup>2</sup>名古屋大学大学院理学研究科物質理学 (Dept. Chem. Graduate Sch. Sci., Nagoya Univ.),

<sup>3</sup>金沢大・理工・バイオ AFM 先端研究センター (Bio- AFM Frontier Research Ctr, Coll. Sci. and Engin., Kanazawa Univ.)



**2WGp-03** [17:35] **線虫遺伝学×プロテオミクスのコラボ：  
父性オルガネラオートファジー制御機構の解明を目指して**  
**Collaboration of worm genetics and proteomics toward  
understanding mechanisms of paternal organelle autophagy**

○佐藤 美由紀<sup>1</sup> (Miyuki Sato)、佐藤 健<sup>1</sup> (Ken Sato)、

○小迫 英尊<sup>2</sup> (Hidetaka Kosako)

<sup>1</sup>群大・生調研 (IMCR, Gunma Univ.)、

<sup>2</sup>徳島大・先端酵素研藤井セ (Fujii Memorial Inst. of Med. Sci., Tokushima Univ.)

**2WGp-04** [18:05] **光刺激によりタンパク質機能阻害・細胞死を誘導する単量体光増感緑色蛍  
(1P-102) 光タンパク質の開発**

**Monomeric photosensitizing green fluorescent protein for photo-  
inducible protein inactivation and cell death**

Yemima Dani Riani<sup>1</sup>、○松田 知己<sup>1,2</sup> (Tomoki Matsuda)、

竹本 研<sup>3</sup> (Kiwamu Takemoto)、永井 健治<sup>1,2</sup> (Takeharu Nagai)

<sup>1</sup>阪大・工 (Grad Sch. of Eng., Osaka Univ.)、<sup>2</sup>阪大・産研 (ISIR, Osaka Univ.)、

<sup>3</sup>横浜市大・医 (Grad Sch. of Med., Yokohama City Univ.)

**2WGp-05** [18:25] **どれを標的にするか、どこを標的にするか？タンパク質間相互作用標的が  
ん治療創薬を加速させる異分野融合**

**How to identify target proteins and target sites: an interdisciplinary  
approach to cancer therapy by protein-protein interactions inhibition**

○片桐 豊雅<sup>1</sup> (Toyomasa Katagiri)、○水口 賢司<sup>2</sup> (Kenji Mizuguchi)

<sup>1</sup>徳島大・先端酵素・ゲノム制御 (Div. Genome Med., Inst. Genome Res., Tokushima Univ.)、

<sup>2</sup>医薬基盤・健康・栄養研究所 (NIBIOHN)

[18:55] **Conclusion**

3WCa

C会場（神戸国際会議場 3F レセプションホール）/  
 Room C (Kobe International Conference Center 3F Reception Hall)  
 6月26日（水）/ June 26 (Wed.) 8:45 ~ 11:15

## 高次生命体の恒常性維持と破綻

### Maintenance and Dysregulation of Homeostasis in Living Organisms

多細胞からなる高次生命体は、様々な外部及び内部環境変化に対応するために細胞内及び細胞間において複雑かつ精巧に作動するシグナルにより、恒常性が維持されている。恒常性の破綻は疾患に繋がる。本ワークショップでは、最近新たに見出された恒常性維持のシグナルとその制御異常を伴う疾患（の発症・悪性化）との関連性に焦点を当て、様々な分野の研究者に異なる視点から最新の話題を提供して頂き、恒常性維持機構の破綻の多様性と普遍性について理解を深める。

Multicellular organisms maintain their homeostasis via intricate and sophisticated mechanisms that operate intracellular/intercellular signaling to respond to various environmental factors. In this workshop, we will focus on recent data regarding the associations between signals of homeostatic maintenance, as well as diseases resulting from its dysregulation, to deepen our understanding of the molecular mechanisms underlying the diversity/universality of dysregulated homeostatic maintenance.

オーガナイザー：橋本 あり（北海道大学）、小根山 千歳（愛知がんセンター研究所）  
 Organizers: Ari Hashimoto (Hokkaido University), Chitose Oneyama (Aichi Cancer Ctr. Res. Inst.)

[8:45] Introduction

#### 3WCa-01 [8:47] Srcによるエクソソーム形成分泌制御とがん進展

##### Src-mediated exosome secretion and tumor progression

○小根山 千歳<sup>1,2</sup> (Chitose Oneyama)、疋田 智也<sup>1</sup> (Tomoya Hikita)、  
 山内 友恵<sup>1</sup> (Tomoe Yamauchi)

<sup>1</sup> 愛知がんセ研・腫瘍制御 (Div. of Cancer Cell Regulation., Aichi Cancer Center Res. Inst.),

<sup>2</sup> JST さきがけ (JST, PRESTO)

#### 3WCa-02 [9:08] 新規ポリペプチドによる恒常性維持機構

##### Regulation of homeostasis by novel polypeptides

○松本 有樹修 (Akinobu Matsumoto)、中山 敬一 (Keiichi I. Nakayama)  
 九大・生医研・分子医科学 (Mol. Cell. Biol., Med. Inst. Bioreg., Kyushu Univ.)

**3WCa-03** [9:28]

組織特異的ポリコム抑制複合体 1(PCR1) の構成要素 Samd7 は網膜桿体視細胞のアイデンティティーの確立に重要である

**A cell type-specific polycomb repressive complex 1 (PCR1) component, Samd7, establishes rod photoreceptor identity in the retina**

- 大森 義裕<sup>1,3</sup> (Yoshihiro Omori)、久保 竣<sup>1</sup> (Shun Kubo)、  
今 鉄男<sup>1</sup> (Tetsuo Kon)、成田 宏隆<sup>2</sup> (Hirotaka Narita)、  
上野 明希子<sup>1</sup> (Akiko Ueno)、堤 峻太郎<sup>1</sup> (Ryotaro Tsutsumi)、  
茶屋 太郎<sup>1</sup> (Taro Chaya)、山本 悠<sup>1</sup> (Haruka Yamamoto)、  
中川 敦史<sup>2</sup> (Atsushi Nakagawa)、古川 貴久<sup>1</sup> (Takahisa Furukawa)  
<sup>1</sup>大阪大・蛋白研・分子発生 (Mol. Dev. Bio., IPR, Osaka Univ.)、  
<sup>2</sup>大阪大・蛋白研・超分子構造 (Supramolecular Crystallography, IPR, Osaka Univ.)、  
<sup>3</sup>長浜バイオ大学・バイオサイエンス・ゲノム機能科学 (Functional Genomics, Grad. Sch. Biosci., Nagahama Inst. Biosci. Tech.)

**3WCa-04** [9:49]

**KRAS シグナルの主要標的は eIF4A/4E 依存的翻訳促進である**  
**Upregulation of eIF4A/4E-dependent mRNA translation is the major target of KRAS signaling**

- 橋本 あり<sup>1</sup> (Ari Hashimoto)、橋本 茂<sup>1</sup> (Shigeru Hashimoto)、  
古川 聖太郎<sup>1,2</sup> (Shotaro Furukawa)、蔦保 暁生<sup>1,2</sup> (Akio Tsutaho)、  
深尾 亜喜良<sup>3</sup> (Akira Fukao)、小野寺 康仁<sup>1</sup> (Yasuhito Onodera)、  
半田 悠<sup>1</sup> (Haruka Handa)、及川 司<sup>1</sup> (Tsukasa Oikawa)、  
畑 宗一郎<sup>1</sup> (Soichiro Hata)、西川 善浩<sup>4</sup> (Yoshihiro Nishikawa)、  
水上 裕輔<sup>5</sup> (Yusuke Mizukami)、児玉 裕三<sup>4</sup> (Yuzo Kodama)、  
村上 正晃<sup>6</sup> (Masaaki Murakami)、藤原 俊伸<sup>3</sup> (Toshinobu Fujiwara)、  
平野 聡<sup>2</sup> (Satoshi Hirano)、佐邊 壽孝<sup>1</sup> (Hisataka Sabe)  
<sup>1</sup>北大・院医・分子生物 (Dept. of Mol.Biol., Hokkaido Univ. Grad. Sch. Med.)、  
<sup>2</sup>北大・院医・消化器外科 II (Dept. of Gastroent. Surg. II, Hokkaido Univ. Grad. Sch. Med.)、  
<sup>3</sup>近畿大学 (Grad. Sch. Pharmaceu. Sci., Kindai Univ.)、  
<sup>4</sup>京都大学 (Dept. of Gastroent. and Hepatol., Kyoto Univ. Grad. Sch. Med.)、  
<sup>5</sup>旭川医科大学・医・内科学講座 (Dept. of Internal Sci., Asahikawa Med. Univ.)、  
<sup>6</sup>北大・遺制研・分子神経免疫 (Inst. for Genet. Med., Hokkaido Univ.)

**3WCa-05** [10:10]  
(2P-307)

細胞極性制御因子 PAR-3 の細胞間接着部位への局在は、脱リン酸化によるクラスター形成によって制御されている

**Molecular mechanism of the clustering of the PAR complex at the cell-cell adhesion sites**

- 山下 和成<sup>1,2</sup> (Kazunari Yamashita)、水野 恵子<sup>2</sup> (Keiko Mizuno)、  
大野 茂男<sup>2</sup> (Shigeo Ohno)  
<sup>1</sup>東北大・生命・分子細胞 (Dept. of Mol. Cel. Biol., Grad. Sch. of Lif. Sci., Tohoku Univ.)、  
<sup>2</sup>横浜市大・医・分子細胞 (Dept. of Mol. Biol., Sch. of Med., Yokohama City Univ.)

**3WCa-06** [10:30]

**Ras-PI3K シグナルによるエンドサイトーシスの制御機構**  
**Regulation of endocytosis by Ras-Pi3K signaling**

- 大場 雄介 (Yusuke Ohba)  
北大・院医・細胞生理 (Dept. Cell Physiol., Fac. Med., Hokkaido Univ.)

### 3WCa-07 [10:51] 腸内細菌叢による生体恒常性維持機構

#### Homeostasis maintenance by gut microbiota

○大谷 直子 (Naoko Ohtani)

大阪市大・院・医・病態生理 (Dept. Pathophysiology, Osaka City Univ, Grad Schl of Med)

[11:12] Conclusion

Japanese Session

## 3WDa

D会場 (神戸国際会議場 4F 401 + 402) /

Room D (Kobe International Conference Center 4F 401 + 402)

6月26日 (水) / June 26 (Wed.) 8:45 ~ 11:15

### 蛋白質科学会アーカイブ WS: 蛋白質科学研究の幅を広げる共同利用施設 ー利用方法から最新技術までー

### Protein Science Society Archive WS : Joint use facilities to expand research activity of protein science ー From “How to use” to latest technologies

本ワークショップでは、蛋白質科学会ホームページで実験プロトコル等を公開している蛋白質科学会アーカイブの企画により、共同利用施設の運用に携わる研究者の方々から利用方法から最新技術までの幅広い情報をご紹介します。単独の研究室や大学で維持できない大型の設備でなければ取得できないデータが必要になった際に頼りになる共同利用施設に関してまとめて聞くことのできるこの機会に、いざ利用する時に備えて情報を仕入れていただければと思います。

In this workshop, joint research facilities related to the protein science are introduced by the researchers managing them. Aiming at a broad audience, topics of their talk covers from utilization procedure to cutting-edge technologies. We hope audiences to take back useful information to overcome one's limitations of research by using these outstanding facilities.

オーガナイザー：松田 知己 (大阪大学)、矢木 真穂 (生命創成探究センター)

Organizers: Tomoki Matsuda (Osaka University),

Maho Yagi (Exploratory Research Center on Life and Living Systems)

[8:45] Introduction

### 3WDa-01 [8:48] Photon Factory におけるタンパク質溶液試料の小角 X 線散乱解析 Small-angle X-ray scattering analysis of protein solution samples at the Photon Factory

○清水 伸隆 (Nobutaka Shimizu)

高エネ機構・物構研 (IMSS, KEK)

### 3WDa-02 [9:12] 蛋白質科学研究への先端的 NMR 研究開発基盤の活用 Advanced NMR infrastructure for protein science research

○木川 隆則 (Takanori Kigawa)

理研・BDR (RIKEN BDR)

**3WDa-03** [9:36] **クライオ電子顕微鏡の共同利用施設利用と解析例**  
**An example of joint-use facility for cryo-electron microscopy and several analyzed results**

○光岡 薫 (Kaoru Mitsuoka)  
 阪大・超高压電顕センター (Center for Ultra-High Voltage EM, Osaka Univ.)

**3WDa-04** [10:00] **生命創成探究センター (ExCELLS) の共同利用研究**  
**Joint Research Projects organized by ExCELLS**

○加藤 晃一 (Koichi Kato)、白瀧 千夏子 (Chikako Shirataki)  
 自然科学研究機構・ExCELLS (ExCELLS, Natl. Inst. Nat. Sci.)

**3WDa-05** [10:24] **大型放射光施設 SPring-8 における生命科学研究**  
**Life science research using synchrotron radiation at SPring-8**

○熊坂 崇 (Takashi Kumasaka)  
 高輝度光科学研究セ・タンパク質 (Prot. Cryst. Anal. Div., JASRI)

**3WDa-06** [10:48] **KEK 構造生物学研究センターにおけるタンパク質結晶構造解析実験の自動化**  
**Automation of macromolecular crystallography experiments at KEK SBRC**

○山田 悠介<sup>1,2</sup> (Yusuke Yamada)、平木 雅彦<sup>2,3</sup> (Masahiko Hiraki)、  
 松垣 直宏<sup>1,2</sup> (Naohiro Matsugaki)、引田 理英<sup>1,2</sup> (Masahide Hikita)、  
 田辺 幹雄<sup>1,2</sup> (Mikio Tanabe)、加藤 龍一<sup>1,2</sup> (Ryuichi Kato)、  
 千田 俊哉<sup>1,2</sup> (Toshiya Senda)

<sup>1</sup>高エネ機構・物構研・構造生物 (KEK, IMSS, SBRC)、

<sup>2</sup>総研大・高エネ (Sch. of High Ener. Acce. Sci., The grad. Univ. of Adv. Study)、

<sup>3</sup>高エネ機構・共通・機械工学 (MEC, ARL, KEK)

[11:12] **Conclusion**

3WGa

G会場 (神戸国際会議場 5F 504 + 505) /  
 Room G (Kobe International Conference Center 5F 504+505)  
 6月26日 (水) / June 26 (Wed.) 8:45 ~ 11:15

## 分子と細胞のダイナミクスに基づく 1 回膜貫通型受容体のシグナル伝達機構の理解

### Understanding the signal transduction mechanisms of 1TM receptors based on the molecular and cellular dynamics

1回膜貫通型受容体は、細胞表面受容体の中でも大きな割合を占めており、発生や分化の制御を初めとして、その生理的機能は多岐に渡る。本セッションでは、フレキシブルな分子構造を生かして細胞外からの情報を受け取り、細胞内での存在様式を変化させながら情報を受け渡す1回膜貫通型受容体を取り上げ、分子レベルから細胞レベルまでを網羅するダイナミクスの視点に基づいて、活性化とシグナル伝達の作用機序を議論する。

Single-pass transmembrane (1TM) receptors constitute a large family in the cell surface proteins and exhibit pleiotropic functions in eukaryotic cells. This workshop will showcase some advances in research to elucidate the mechanisms of receptor activation and signal transduction from the viewpoint of molecular and cellular dynamics.

Day 3 (June 26)  
Workshop

オーガナイザー：禾 晃和 (横浜市立大学)、佐甲 靖志 (理化学研究所)  
 Organizers: Terukazu Nogi (Yokohama City University), Yasushi Sako (RIKEN)

#### 3WGa-01 [8:45] リガンド結合と解離を調節する 1 回膜貫通型受容体の pH 依存的な構造変化の追跡

##### Examination of pH-dependent conformational change regulating ligand capture and release in 1TM receptors

○禾 晃和 (Terukazu Nogi)

横浜市大・院生命医 (Grad. Sch. of Med. Lif. Sci., Yokohama City Univ.)

#### 3WGa-02 [9:10] 小胞体-エンドソームコンタクトサイトにおける EGFR 活性制御機構 Regulation of EGFR activity at ER-endosome contact site

○花房 洋 (Hiroshi Hanafusa)

名大・院・理 (Div. of Biol. Sci., Nagoya University)

**3WGa-03** [9:35]  
(2P-244)

**変異型 Kit チロシンキナーゼのゴルジ体への異常局在とそこから発信される増殖シグナル-GIST・急性骨髄性白血病におけるオルガネラシグナル - Oncogenic Kit kinase mutant mis-localizes to intracellular compartments - Growth signals from the Golgi apparatus in GIST and AML-**

- 小幡 裕希<sup>1,2</sup> (Yuuki Obata)、原 泰志<sup>2</sup> (Yasushi Hara)、  
椎名 勇<sup>3</sup> (Isamu Shiina)、村田 貴嗣<sup>3</sup> (Takatsugu Murata)、  
津川 翔<sup>1,3</sup> (Shou Tsugawa)、山脇 康平<sup>1,4</sup> (Kouhei Yamawaki)、  
高橋 剛<sup>5</sup> (Tsuyoshi Takahashi)、岡本 康司<sup>1</sup> (Koji Okamoto)、  
西田 俊朗<sup>6</sup> (Toshirou Nishida)、安部 良<sup>2,7</sup> (Ryo Abe)

<sup>1</sup>国がん・がん分化制御 (Div. of Cancer Differ., NCCRI)、

<sup>2</sup>東京理科大・生命研 (RIBS, Tokyo Univ. of Sci.)、

<sup>3</sup>東京理科大・理・応用化学 (Dept. of Appl. Sci., Faculty of Sci., Tokyo Univ. of Sci.)、

<sup>4</sup>北里大・理・分生 (Dept. of Mol. Biol., Faculty of Sci., Kitasato Univ.)、

<sup>5</sup>阪大・医・外科 (Dept. of Surgery, Grad. Sch. of Med., Osaka Univ.)、

<sup>6</sup>国がん・中央病院 (NCC Hospital)、

<sup>7</sup>帝京大・戦略イノベーション (Teikyo Univ., SIRC)

**3WGa-04** [10:00]

**シナプスオーガナイザーの選択的相互作用の構造基盤**

**Structural basis of selective bindings between synapse organizers**

- 深井 周也 (Shuya Fukai)  
東大・定量研 (IQB, Univ. of Tokyo)

**3WGa-05** [10:25]

**一回膜貫通型 Toll 様受容体のリガンド認識とシグナル伝達機構の構造基盤**

**Structural basis for ligand recognition and signal transduction mechanism of single-pass transmembrane Toll-like receptor**

- 大戸 梅治 (Umeharu Ohto)、清水 敏之 (Toshiyuki Shimizu)  
東大院・薬 (Grad. Sch. of Pharm. Sci., Univ. of Tokyo)

**3WGa-06** [10:50]

**上皮成長因子受容体の活性化ダイナミクス**

**Dimerization, clustering, and signal transduction of epidermal growth factor receptor**

- 佐甲 靖志 (Yasushi Sako)  
理化学研究所・開拓研究本部 (CPR, RIKEN)

3WCp

C会場（神戸国際会議場 3F レセプションホール）/  
 Room C (Kobe International Conference Center 3F Reception Hall)  
 6月26日（水）/ June 26 (Wed.) 14:00 ~ 16:30

## 相分離生物学

### Phase Separation Biology

個々のタンパク質分子の物性に関する知見が急速に蓄積されつつある一方、その知見はタンパク質が機能する場である細胞における構造形成や統合的に進行する諸反応の制御を完全には説明できていない。このギャップが、細胞内に高濃度に存在するタンパク質間の静電的相互作用を介した分子集合、いわゆる相分離、という文脈で埋められるのではないかとアイデアが勃興している。本ワークショップでは、これらの視点から新たな学問分野「相分離生物学」を提唱し、蛋白質科学、細胞生物学のそれぞれの立場からこの問題に取り組んでいる研究者が一堂に会して現状と将来について議論することを目指す。

The concept that liquid-liquid phase separation is one of the organizing principles for cells has emerged, which makes a great impact on the fields of protein science and cell biology. In this workshop scientists studying the topics related to “Phase Separation Biology” will gather to discuss recent advances and future direction of this field.

オーガナイザー：白木 賢太郎（筑波大学）、松浦 彰（千葉大学）、野田 健司（大阪大学）

Organizers: Kentaro Shiraki (University of Tsukuba),  
 Akira Matsuura (Chiba University), Takeshi Noda (Osaka University)

#### 3WCp-01 [14:00] 相分離生物学、はじめに

##### Introduction of Phasing Biology

- 白木 賢太郎 (Kentaro Shiraki)  
 筑波大・数理解物質 (Pure Appl. Sci., Univ. Tsukuba)

#### 3WCp-02 [14:05] からまる相分離：LC ドメインのポリマー化

##### Phase separated into LC domain polymers

- 森 英一郎 (Eiichiro Mori)  
 奈良医大・医・未来基礎医 (Dept. of Future Basic Med., Nara Med. Univ.)

#### 3WCp-03 [14:18] ほどける相分離：シャペロンとしてはたらく核輸送タンパク質

##### Dissolving LLPS : Nuclear import receptor working as chaperone

- 吉澤 拓也 (Takuya Yoshizawa)  
 立命館大・生命 (College of Life Sciences, Ritsumeikan Univ)

#### 3WCp-04 [14:31] 液相分離蛋白質の過剰による増殖阻害

##### Growth defects triggered by overexpression of phase-separation proteins

- 守屋 央朗 (Hisao Moriya)  
 岡大・異分野コア (RCIS, Okayama Univ.)



- 3WCp-05** [14:44] **核小体の構造、機能、物性に関わる 60S リボソームタンパク質**  
**60S ribosomal proteins involved in structure, function and physicochemical properties of the nucleolus**  
松森 はるか<sup>1</sup> (Haruka Matsumori)、中尾 光善<sup>1</sup> (Mitsuyoshi Nakao)、  
○斉藤 典子<sup>1,2</sup> (Noriko Saitoh)  
<sup>1</sup>熊本・発生研 (Kumamoto Univ, IMEG)、<sup>2</sup>がん研究会がん研究所 (Cancer Institute, JFCR)
- 3WCp-06** [14:57] **相同染色体ペアリングにおける液相分離の役割**  
**Phase separation of RNA-protein complexes mediates pairing of homologous chromosomes during meiosis**  
○丁 大橋<sup>1</sup> (Da-Qiao Ding)、岡正 華澄<sup>1</sup> (Kasumi Okamasa)、  
原口 徳子<sup>1,2</sup> (Tokuko Haraguchi)、平岡 泰<sup>1,2</sup> (Yasushi Hiraoka)  
<sup>1</sup>情報通信研究機構未来 ICT 研究所 (Advanced ICT Research Institute Kobe, NICT)、  
<sup>2</sup>阪大・生命機能 (Frontier Biosciences, Osaka Univ.)
- 3WCp-07** [15:10] **酵母のグルタミン検知に関与する天然変性タンパク質 Pib2 の液滴形成**  
**Liquid droplet formation of the intrinsically disordered Pib2 protein involved in glutamine-sensing in yeast**  
谷川 美頼<sup>1,2</sup> (Mirai Tanigawa)、山本 勝良<sup>2</sup> (Katsuyoshi Yamamoto)、  
○前田 達哉<sup>1</sup> (Tatsuya Maeda)  
<sup>1</sup>浜医大・医・生物 (Dept. Biol., Hamamatsu Univ. Sch. Med.)、<sup>2</sup>東大・定量研 (IQB, Univ. Tokyo)
- 3WCp-08** [15:23] **相分離したタンパク質の選択的オートファジーの試験管内再構成**  
**In vitro reconstitution of selective autophagy of phase separated proteins**  
山崎 章徳 (Akinori Yamasaki)、Jahangir Md. Alam、  
能代 大輔 (Daisuke Noshiro)、○野田 展生 (Nobuo Noda)  
微化研・構造生物 (Lab. Struct. Biol., Inst. Microbial Chem.)
- 3WCp-09** [15:36] **シャペロニン GroEL/ES の細胞内での反応サイクルの解析**  
**The analysis of reaction cycle of chaperonin GroEL/GroES in cell**  
○榎木 康祐<sup>1</sup> (Kousuke Kashiki)、丹羽 達也<sup>1,2</sup> (Tatsuya Niwa)、  
田口 英樹<sup>1,2</sup> (Hideki Taguchi)  
<sup>1</sup>東工大・生命理工 (School of Life Science and Technology, Tokyo Tech)、  
<sup>2</sup>科学技術創成研究院・細胞制御工学研究センター (Cell Biology Center, Institute of Innovative Research)
- 3WCp-10** [15:49] **液・液相分離による IgG の濃縮法**  
**Enrichment of IgG by liquid-liquid phase separation**  
○三村 真大<sup>1</sup> (Masahiro Mimura)、津村 圭亮<sup>1</sup> (Keisuke Tsumura)、  
栗田 僚二<sup>1,2</sup> (Ryoji Kurita)、白木 賢太郎<sup>1</sup> (Kentaro Shiraki)  
<sup>1</sup>筑波大院・数理 (Pure and Appl. Sci, Univ. Tsukuba)、  
<sup>2</sup>産総研・バイオメディカル (Biomed. Res. Inst., AIST)

**3WCp-11** [16:02] **天然変性タンパク質 p53 を標的としたペプチドの人工設計  
—液液相分離の制御—**

**Rational design of peptide targeting intrinsically disordered protein  
p53 -r egulation of phase-phase separation-**

鎌形 清人<sup>1</sup> (Kiyoto Kamagata)、間野 絵梨子<sup>1</sup> (Eriko Mano)、  
伊藤 優志<sup>1</sup> (Yuji Itoh)、上林 さおり<sup>1</sup> (Saori Kanbayashi)、  
本多 優也<sup>1</sup> (Masaya Honda)、北原 亮<sup>2</sup> (Ryo Kitahara)、  
○亀田 倫史<sup>3</sup> (Tomoshi Kameda)

<sup>1</sup>東北大・多元 (IMRAM, Tohoku Univ.)、<sup>2</sup>立命館大・薬 (Pharm. Sci., Ritsumeikan Univ.)、  
<sup>3</sup>産総研・人工知能 (AIRC, AIST)

**3WCp-12** [16:15] **人工メンブレンレスオルガネラの構築と生体分子操作への展開  
(2P-113) Construction of synthetic membraneless organelles for biomolecular  
manipulation**

○吉川 優<sup>1</sup> (Masaru Yoshikawa)、生田 雅裕<sup>1</sup> (Masahiro Ikuta)、  
吉井 達之<sup>1,2</sup> (Tatsuyuki Yoshii)、築地 真也<sup>1,3</sup> (Shinya Tsukiji)

<sup>1</sup>名工大・院工 (Grad Sch. of Eng., NITech)、<sup>2</sup>JST さきがけ (PRESTO, JST)、

<sup>3</sup>名工大・フロンティア (FRIMS, NITech)

[16:28] **Conclusion**

3WDp

D会場 (神戸国際会議場 4F 401 + 402) /  
 Room D (Kobe International Conference Center 4F 401 + 402)  
 6月26日 (水) / June 26 (Wed.) 14:00 ~ 16:30

## タンパク質結晶の合理設計を目指して Toward rational design of protein crystals

結晶構造解析は構造生物学の主要手段として今後も電子顕微鏡と相補的な発展が期待されるが、タンパク質の結晶化は未だ容易なものではない。このタンパク質結晶化の問題は創薬応用を含む今後の構造生物学の発展のためぜひ解決すべきである。本ワークショップでは、天然タンパク質を僅かに改変してより結晶化しやすくする「タンパク質結晶の合理設計」を中心に技術および知見を紹介し、タンパク質結晶化の今後の展開を議論したい。

Although the protein crystallography is a major tool for the structural biology, obtaining suitable crystals for the structure determination has not yet been straightforward. In this workshop, the rational design of protein crystals and the other technologies that resolve the crystallization problem will be introduced and will be discussed.

オーガナイザー：国島 直樹 (株式会社リガク / 理化学研究所)、  
 富井 健太郎 (産業技術総合研究所)

Organizers: Naoki Kunishima (Rigaku Corporation/RIKEN), Kentaro Tomii (AIST)

Day 3 (June 26)  
Workshop

### 3WDp-01 [14:00] タンパク質結晶の合理設計を目指して Toward rational design of protein crystals

- 国島 直樹<sup>1,2</sup> (Naoki Kunishima)  
<sup>1</sup>株式会社リガク (Rigaku Corporation)、  
<sup>2</sup>理研・放射光センター (RIKEN SPring-8 Center)

### 3WDp-02 [14:21] 結晶コンタクト形成尤度の統計解析に基づいた残基置換導入によるタンパク質結晶の合理的デザイン Rational crystal designing by amino acid mutations based on statistical analysis of crystal-packing propensity

- 山田 和範<sup>1,2</sup> (Kazunori Yamada)  
<sup>1</sup>東北大・情報 (GSIS, Tohoku Univ.)、<sup>2</sup>産総研・人工知能研究センター (AIRC, AIST)

### 3WDp-03 [14:42] パッキングのコントロールにより、難結晶性蛋白質の結晶化を促進する結晶化法 Induced crystallization of the hard-to-crystallize proteins by packing control

- 小坂 恵<sup>1</sup> (Megumi Kosaka)、山田 秀徳<sup>2</sup> (Hidenori Yamada)、  
 二見 淳一郎<sup>3</sup> (Junichiro Futami)、多田 宏子<sup>1</sup> (Hiroko Tada)、  
 今村 維克<sup>2</sup> (Koreyoshi Imamura)、玉田 太郎<sup>4</sup> (Taro Tamada)  
<sup>1</sup>岡山大・自然生命セ (Ad. Science Research Center, Okayama Univ.)、  
<sup>2</sup>岡山大・院・自然科学 (Grad. Natural Science and Technology, Okayama Univ.)、  
<sup>3</sup>岡山大・院・ヘルスシステム (Grad., Health Systems, Okayama Univ.)、  
<sup>4</sup>量研機構・量子ビーム (QuBS, QST)

**3WDp-04** [15:03] **タンパク質結晶化プロセスにおける自由エネルギーは実測可能か？**  
**Is it possible to actually measure the free energies on the process of protein crystallization ?**

- 牧 祥<sup>1</sup> (Syuu Maki)、国島 直樹<sup>2</sup> (Naoki Kunishima)  
<sup>1</sup>大阪大谷大・薬 (Faculty of Pharmacy, Osaka Ohtani Univ.),  
<sup>2</sup>株式会社リガク (Rigaku Corporation)

**3WDp-05** [15:24] **タンパク質結晶化の総合戦略**  
**A comprehensive strategy to obtain high quality crystals**

- 千田 美紀 (Miki Senda)、千田 俊哉 (Toshiya Senda)  
 高エネ機構・物構研・構造生物 (SBRC, IMSS, KEK)

**3WDp-06** [15:45] **多孔性タンパク質結晶の空隙を利用した新しい結晶化法**  
**(2P-024) A novel crystallization technique using highly-porous protein crystal**

- 真板 宣夫 (Nobuo Maita)  
 徳島大・先端酵素研 (Inst. Adv. Med. Sci., Tokushima Univ.)

**3WDp-07** [16:06] **蛋白質・結晶工学を利用した結晶の質改善事例**  
**Improvements of crystal quality by protein/crystal engineering**

- 佐分 元 (Hajime Saburi)、谷村 隆次 (Ryuji Tanimura)  
 東レ株式会社・医薬研究所・デジタルライフサイエンスグループ (Toray Industries, Inc., Pharmaceutical Research Laboratories, Digital Life Science Group)

[16:27] **Conclusion**

3WEp

E会場 (神戸国際会議場 5F 501) /  
Room E (Kobe International Conference Center 5F 501)  
6月26日 (水) / June 26 (Wed.) 14:00 ~ 16:30

## 細胞環境における蛋白質・蛋白質および蛋白質・核酸相互作用の 計算機シミュレーション

### Computer simulations of protein-protein and protein/DNA interactions in cellular environments

スーパーコンピュータ「京」によって従来は不可能であった大規模な生体分子系(細胞質、ウイルス、ヌクレオソーム・クロマチンなど)の計算機シミュレーションが可能になった。さらに次世代のスーパーコンピュータなどを利用することによりシミュレーションで解析可能な時空間は拡大し、様々な計測と直接比較することが容易になる。今回のWSでは国内外の著名な研究者を招待し、大規模な分子動力学シミュレーションにより細胞環境における蛋白質間相互作用や蛋白質・DNA相互作用についてどのような新しい知見が明らかになってきたか紹介する。また、今後どのような理論・実験の連携が必要であるかを議論したい。

Recent progress of supercomputers have allowed us to study large biological systems, such as biological membrane, membrane proteins, crowding in the cytoplasm, virus, nucleosome, and chromatin, by computer simulations. In these simulations, it is essential to investigate interactions between multiple biomolecules for understanding biological functions in cellular environments. We show new insight obtained by computer simulations and discuss collaboration with experiments.

オーガナイザー：杉田 有治 (理化学研究所)、森 貴治 (理化学研究所)

Organizers: Yuji Sugita (RIKEN), Takaharu Mori (RIKEN)

Day 3 (June 26)  
Workshop

#### 3WEp-01 [14:00] Exploring free energy landscapes in pH, chemical and sequence spaces

○ Charles L. Brooks III<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup>Cyrus Levinthal Distinguished University Professor of Chemistry and Biophysics,

<sup>2</sup>Warner-Lambert/Parke-Davis Professor of Chemistry, Professor of Chemistry and Professor of Biophysics,

<sup>3</sup>Dept. of Chemistry and Biophysics, Univ. of Michigan

#### 3WEp-02 [14:30] Insights into nucleosome dynamics from coarse-grained simulations

○ Giovanni Bruno Brandani, Shoji Takada

Graduate School of Science, Kyoto University

#### 3WEp-03 [14:50] Crowding in the cellular context: Tales of Clusters and Dynamics

○ Michael Feig

Dept. of Biochemistry & Molecular Biology, Michigan State Univ.

#### 3WEp-04 [15:20] Coarse-grained molecular dynamics study for protein-lipid complexes

徐 相宰 (Sangjae Seo), Huihui Liu, ○篠田 渉 (Wataru Shinoda)

名大・院・工 (Eng. Sch., Nagoya Univ.)

#### 3WEp-05 [15:40] Bacterial Outer Membranes and Interactions with Membrane Proteins

○ Wonpil Im

Dept. of Biological Sciences and Bioengineering, Lehigh Univ.

## 3WEp-06 [16:10] Protein-protein and protein-ligand interaction in cellular environments

○杉田 有治<sup>1,2,3</sup> (Yuji Sugita)

<sup>1</sup>理研・開拓研究本部 (RIKEN CPR)、<sup>2</sup>理研・計算科学センター (RIKEN R-CCS)、

<sup>3</sup>理研・生命機能科学研究センター (RIKEN BDR)

Japanese Session

## 3WFp

F 会場 (神戸国際会議場 5F 502) /

Room F (Kobe International Conference Center 5F 502)

6月26日(水) / June 26 (Wed.) 14:00 ~ 16:30

### 生体分子の構造機能解明に向けた計測と情報の融合

## Coalition between measurement and information to investigate biomolecular structure and function

近年、多様な計測・解析技術が開発・適用され、生体分子の構造や機能の解明が精力的に進められている。さらに、シミュレーションやAI、機械学習などの情報科学の最先端手法を融合させることによって、これまで困難であったより高度で詳細な解析が可能となってきている。本ワークショップでは、このような計測・解析技術と情報科学を融合させた手法に関する最新動向を概観し、生体分子の構造機能解明の実現に向けて何が必要であるのかを議論することを目的とする。

By combining various experimental measurements with state-of-the-art techniques of information science such as simulation, AI, and machine learning, it is becoming possible to investigate the structure and function of biomolecules in unprecedented detail. This workshop aims to overview the latest developments in such combined methods, and to discuss the usefulness and limitations of these methods.

オーガナイザー： 瀧上 壮太郎 (京都大学)、松永 康佑 (理化学研究所)

Organizers: Sotaro Fuchigami (Kyoto University), Yasuhiro Matsunaga (RIKEN)

[14:00] Introduction

### 3WFp-01 [14:03] シミュレーションモデルと計測のベイズ型統合によるシステム機能の理解と予測

#### Understanding and prediction of system function based on Bayesian synthesis of models and measurements

○中村 和幸 (Kazuyuki Nakamura)

明治大・総合数理・現象数理 (IMS, Meiji Univ.)

### 3WFp-02 [14:27] 意図的に翻訳エラーを増大させることによる進化の加速

#### Increased error rate in translation can accelerate protein evolution

榎本 利彦 (Toshihiko Enomoto)、○木賀 大介 (Daisuke Kiga)

早稲田・理工・電気情報生命 (Dept of Electrical Engineering and Biosci. Waseda U)

**3WFp-03** [14:51] 深層学習による低解像度電子密度データからの構造予測  
**Protein structure prediction from low resolution electron density data using deep learning**

○佐藤 美和<sup>1</sup> (Miwa Sato)、中川 寛之<sup>1</sup> (Hiroyuki Nakagawa)、  
 小甲 裕一<sup>1</sup> (Yuichi Kokabu)、宮口 郁子<sup>2</sup> (Ikuko Miyaguchi)、  
 鹿島 亜希子<sup>2</sup> (Akiko Kashima)、馬 彪<sup>3</sup> (Biao Ma)、  
 徳久 淳師<sup>4</sup> (Atsushi Tokuhisa)、大田 雅照<sup>4</sup> (Masateru Ohta)、  
 池口 満徳<sup>4,5</sup> (Mitsunori Ikeguchi)

<sup>1</sup>三井情報 (MKI)、<sup>2</sup>田辺三菱製薬 (Mitsubishi Tanabe Pharma)、

<sup>3</sup>神戸医療産業都市推進機構 (FBRI)、<sup>4</sup>理研 (RIKEN)、<sup>5</sup>横浜市大 (YCU)

**3WFp-04** [15:15] 化学シフト帰属に依存せず時間軸データから直接情報を取り出すタンパク質 NMR 解析法

**Direct analysis of time-domain raw NMR data without chemical shift assignments for protein characterization**

○葛西 卓磨<sup>1,2</sup> (Takuma Kasai)、小野 峻佑<sup>2,3</sup> (Shunsuke Ono)、  
 田中 利幸<sup>4</sup> (Toshiyuki Tanaka)、池田 思朗<sup>5</sup> (Shiro Ikeda)、  
 木川 隆則<sup>1,6</sup> (Takanori Kigawa)

<sup>1</sup>理研・生命機能 (RIKEN BDR)、<sup>2</sup>JST さきがけ (PRESTO, JST)、

<sup>3</sup>東工大・科学技術創成 (Inst. Innov. Res., Tokyo Inst. Tech.)、

<sup>4</sup>京大院・情報 (Grad. Sch. Inform., Kyoto Univ.)、

<sup>5</sup>統数研・数理推論 (Dept. Stat. Infer. Math., Inst. Stat. Math.)、

<sup>6</sup>東工大・情報理工 (Sch. Comput., Tokyo Inst. Tech.)

**3WFp-05** [15:39] 高速原子間力顕微鏡 1 分子計測と分子シミュレーションの融合による生体分子 4 次元構造の解明

**Coalition between single molecule measurement by HS-AFM and molecular simulation to investigate four-dimensional structure of biomolecules**

○瀧上 壮太郎<sup>1,2</sup> (Sotaro Fuchigami)、新稲 亮<sup>1</sup> (Toru Niina)、  
 高田 彰二<sup>1,2</sup> (Shoji Takada)

<sup>1</sup>京大院・理 (Grad. Sch. of Science, Kyoto Univ.)、<sup>2</sup>JST・CREST (CREST, JST)

**3WFp-06** [16:03] 物理的にデザイン可能なタンパク質フォールドの条件: 立体構造データベース解析による知識抽出  
 (2P-066)

**The requirement of physically designable protein folds: Knowledge extraction by protein structure database analysis**

○千見寺 浄慈 (George Chikenji)

名大・工・応物 (Dept. of App. Phys., Nagoya Univ.)

[16:27] **Conclusion**