討論時間：奇数番号 15:15 ～ 16:15 / 偶数番号 16:15 ～ 17:15
Discussion：Odd Poster Number 15:15 ～ 16:15 / Even Poster Number 16:15 ～ 17:15

構造生物学 / Structural biology (3P-01 ～ 3P-31)

3P-01　**シマミミズ由来α -amylase I および II の結晶構造解析**
Crystal structure analysis of α-amylase I and II from *Eisenia fetida*
○平野 優[1] (Yu Hirano)、柄本 佳奈[2] (Kana Tsukamoto)、有木 慎吾[2] (Shingo Ariki)、中 裕規[2] (Yuki Naka)、上田 光宏[2] (Mitsuhiro Ueda)、玉田 太郎[1] (Taro Tamada)
[1]量研・量子生命 (Inst. for Quant. Life Sci., QST)、[2]大阪府大・院生命環境 (Grad. Sch. of Life and Env. Sci., Osaka Pref. Univ.)

3P-02　**Helix ペプチド周囲の水和水ダイナミクスの分子動力学的研究**
Molecular dynamics study of hydration dynamics around Helix peptides
○延永 慎吾[1] (Shingo Nobunaga)、笠原 浩太[2] (Kota Kasahara)、高橋 卓也[2] (Takuya Takahashi)
[1]立命館大・院・生命 (Grad. Sch. Life Sci., Ritsumeikan Univ.)、[2]立命館大・生命 (Coll. Life. Sci., Ritsumeikan Univ.)

3P-03　**赤色光照射による植物光受容蛋白質フィトクロム A の構造変化**
Red-light induced structural changes in plant photoreceptor protein phytochrome A
大出 真央[1,2] (Mao Oide)、○中迫 雅由[1,2] (Masayoshi Nakasako)
[1]慶應・理工・物理 (Dept. of Phys., Fac. of Sci. and Tech., Keio Univ.)、[2]理化学研究所・RSC (RIKEN RSC)

3P-04　**セラミド輸送蛋白質 CERT がクラミジア封入体の膜蛋白質 IncD に選択的にハイジャックされる分子機序の溶液 NMR 解析**
Molecular basis of interaction between the human ceramide transport protein CERT and the Chlamydia trachomatis membrane protein IncD
○杉木 俊彦[1] (Toshihiko Sugiki)、熊谷 圭悟[2] (Keigo Kumagai)、新家 粧子[1] (Shoko Shinya)、小林 直宏[1] (Naohiro Kobayashi)、藤原 敏道[1] (Toshimichi Fujiwara)、花田 賢太郎[2] (Kentaro Hanada)、児嶋 長次郎[1,3] (Chojiro Kojima)
[1]阪大・蛋白研 (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)、[2]国立感染研・細胞化学 (Dep. Biochem and Cell Biol., Natl. Inst. Infect. Des.)、[3]横浜国大院・工 (Grad. Sch. Eng., Yokohama Natl. Univ.)

3P-05　**グルタミン酸脱水素酵素活性クレフト周辺での補酵素結合経路探索**
Search for binding pathway of co-enzyme around the active-site cleft of glutamate dehydrogenase
○若林 大貴[1,2] (Taiki Wakabayashi)、大出 真央[1,2] (Mao Oide)、加藤 貴之[3] (Takayuki Kato)、中迫 雅由[1,2] (Masayoshi Nakasako)
[1]慶應・理工 (Dept. Phys., Fac. Sci. Tech., Keio Univ.)、[2]理研・RSC (RIKEN RSC)、[3]阪大・蛋白研 (Protein Inst., Osaka Univ.)

3P-06　***Desulfovibrio vulgaris* Miyazaki F 株由来 [NiFe]- ヒドロゲナーゼの中性子結晶構造解析**
Neutron structural analyses of [NiFe]-hydrogenase from *Desulfovibrio vulgaris* Miyazaki F
○玉田 太郎[1] (Taro Tamada)、廣本 武史[1,2] (Takeshi Hiromoto)、西川 幸志[2] (Koji Nishikawa)、平野 優[1] (Yu Hirano)、日下 勝弘[3] (Katsuhiro Kusaka)、Leighton Coates[4]、樋口 芳樹[2] (Yoshiki Higuchi)
[1]量研・量子生命 (iQLS, QST)、[2]兵県大・院生命理 (Grad. Sch. of Life Sci., Univ. Hyogo)、[3]茨城大・フロンティア (Front. Res. Cent. for Appl. Atom. Sci., Ibaraki Univ.)、[4]Neutron Scattering Division, ORNL

3P-07 **TEV プロテアーゼ認識配列に結合する抗体 87-4F のペプチド認識機構の解明と応用**

Structural analysis of 87-4F antibody that recognizes TEV protease cleavage sequence

○家森 健輔 [1] (Kensuke Yamori)、有森 貴夫 [1] (Takao Arimori)、金子 美華 [2] (Mika Kaneko)、
加藤 幸成 [2] (Yukinari Kato)、高木 淳一 [1] (Junichi Takagi)

[1]阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)、[2]東北大・医 (Med., Tohoku Univ.)

3P-08 ***Methylomonas*属由来 L-ribulose 3-epimerase の基質複合体の構造解析**

The X-ray structures of *Methylomonas* sp. L-ribulose 3-epimerase in complexes with substrates

○吉田 裕美 [1,2] (Hiromi Yoshida)、吉原 明秀 [2,3] (Akihide Yoshihara)、何森 健 [2,3] (Ken Izumori)、
神鳥 成弘 [1,2] (Shigehiro Kamitori)

[1]香川大・医・総合生命セ (Life Sci. Res. Center & Fac. Med., Kagawa Univ.)、
[2]香川大・国際希少糖 (Int'l Inst. Rare Sugar Res. and Educ., Kagawa Univ.)、[3]香川大・農 (Fac. Agric., Kagawa Univ.)

3P-09 **クライオ電子顕微鏡を用いたシトクロム酸化酵素とシトクロム *c* の複合体構造解析**

The structural analysis of cytochrome *c* oxidase complexed with cytochrome *c* using cryo-electron microscopy

○島田 敦広 [1] (Atsuhiro Shimada)、香西 大輔 [2] (Daisuke Kozai)、西川 幸希 [3,4] (Kouki Nishikawa)、
藤吉 好則 [3,4] (Yoshinori Fujiyoshi)、谷 一寿 [5] (Kazutoshi Tani)

[1]岐大・応用生物・応用生命 (Dept. Appl. Life Sci., Fac. Appl. Biol. Sci., Gifu Univ.)、
[2]名大・細胞生理学研究センター (Cell. Struct. Phys. Inst., Nagoya Univ.)、
[3]東京医科歯科大・高等研 (TMDU Adv. Res. Inst., Tokyo Med. & Dent. Univ.)、[4]（株）CeSPIA (CeSPIA Inc.)、
[5]三重大・院医 (Grad. Sch. Med., Mie Univ.)

3P-10 **二重スピンラベル ESR 分光法を用いたヘムインポーター BhuUV-T の構造ダイナミクスの解析**

Structural Dynamics of the Heme Importer BhuUV-T by Double Spin-Labeled ESR Spectroscopy

○仲 絢香 [1] (Ayaka Naka)、小堀 康博 [1,2] (Yasuhiro Kobori)、鍔木 基成 [1] (Motonari Tsubaki)、
城 宜嗣 [3] (Yoshitsugu Shiro)、杉本 宏 [4] (Hiroshi Sugimoto)、木村 哲就 [1] (Tetsunari Kimura)

[1]神戸大・院理・化 (Dept. of Chem., Grad Sch. of Sci., Kobe Univ.)、[2]神戸大・分子フォト (Mol. Photo. Res. Cent., Kobe Univ.)、
[3]兵県大・院生命理 (Dept. of Life. Sci., Grad. Sch. of Sci., Kobe Univ.)、[4]理研・SPring-8 (SPring-8, RIKEN)

3P-11 **タンパク質用中性子回折装置 BIX-3,4 の高性能化**

Upgrading of Diffractometer for Protein Crystallography, BIX-3,4

○栗原 和男 [1] (Kazuo Kurihara)、平野 優 [1] (Yu Hirano)、廣本 武史 [1] (Takeshi Hiromoto)、
田村 格良 [2] (Itaru Tamura)、玉田 太郎 [1] (Taro Tamada)

[1]量研・量子生命 (Inst. for Quantum Life Sci., QST)、[2]原子力機構・原科研 (Nucl. Sci. Res. Inst., JAEA)

3P-12 **膜タンパク質の構造解析・機能解析のためのアフィニティ精製システムの構築**

Establishment of affinity purification system for structural and functional analyses of membrane proteins

○小笠原 諭 (Satoshi Ogasawara)、稲村 光亮 (Kousuke Inamura)、陳 思思 (Sisi Chen)、中川 史 (Fuhito Nakagawa)、
安田 賢司 (Satoshi Yasuda)、村田 武士 (Takeshi Murata)

千葉大・院・理 (Grad Sch. of Sci., Chiba Univ.)

3P-13 **X 線結晶構造に基づいた phosphatidylinositol 5-phosphate 4-kinase β (PI5P4K β) の分子進化解析**

Molecular evolutionary analysis of phosphatidylinositol 5-phosphate 4-kinaseβ (PI5P4Kβ) based on X-ray crystal structure

○長瀬 里沙 [1] (Lisa Nagase)、原田 彩佳 [1] (Ayaka Harada)、千田 美紀 [1] (Miki Senda)、竹内 恒 [2] (Koh Takeuchi)、
佐々木 敦朗 [3] (Atsuo Sasaki)、中川 草 [4] (So Nakagawa)、千田 俊哉 [1] (Toshiya Senda)

[1]高エネ機構・物構研・構造生物 (SBRC, IMSS, KEK)、
[2]産総研・創薬分子プロファイリング (Mol. Profiling Res. Ctr. for Drug Discovery, AIST)、
[3]シンシナティ大・医・内科 (Dept. of Internal Med., Univ. of Cincinnati Coll. of Med)、
[4]東海大・医・分子生命科学 (Dept. of Mol. Life Sci., Tokai Univ. Sch. of Med.)

3P-14 **家族性筋萎縮性側索硬化症 ALS の原因遺伝子産物 VAP-B の NMR 構造解析**

NMR structural analysis of VAP-B, the causative gene product of familial Amyotrophic Lateral Sclerosis, ALS

○戸川 航 [1] (Wataru Togawa)、古板 恭子 [2] (Kyoko Furuita)、小林 直宏 [3] (Naohiro Kobayashi)、
藤原 敏道 [2] (Toshimichi Fujiwara)、児嶋 長次郎 [1,2] (Chojiro Kojima)

[1]横浜国立大学大学院理工学府 (Graduate School of Engineering Science, Yokohama National University)、
[2]大阪大学蛋白質研究所 (Institute for Protein Research, Osaka University)、
[3]理化学研究所放射光科学研究センター (RIKEN, RIKEN Spring-8 Center)

3P-15 **SPring-8 共用タンパク質結晶回折ビームラインの現状**

Current status of SPring-8 MX public beamlines

○馬場 清喜 (Seiki Baba)、長谷川 和也 (Kazuya Hasegawa)、水野 伸宏 (Nobuhiro Mizuno)、
奥村 英夫 (Hideo Okumura)、河村 高志 (Takashi Kawamura)、村上 博則 (Hironori Murakami)、
仲村 勇樹 (Yuki Nakamura)、増永 拓也 (Takuya Masunaga)、熊坂 崇 (Takashi Kumasaka)

（公財）高輝度光科学研究センター (JASRI)

3P-16 **酸化チタンナノシートと非界面活性剤スルフォベタインを用いた蛋白質の NMR 構造解析法の開発**

Development of NMR structural analysis method for protein using titania nanosheets and non-detergent sulfobetaine

○板坂 佑真 [1] (Yuma Itasaka)、小篭 蒼 [1] (Aoi Kokago)、古板 恭子 [2] (Kyoko Furuita)、
杉木 俊彦 [2] (Toshihiko Sugiki)、若松 馨 [3] (Kaori Wakamatsu)、内田 紀之 [4] (Noriyuki Uchida)、
石田 康博 [4] (Yasuhiro Ishida)、相田 卓三 [5] (Takuzo Aida)、藤原 敏道 [2] (Toshimichi Fujiwara)、
児嶋 長次郎 [1,2] (Chojiro Kojima)

[1]横浜国立大学大学院理工学府 (Graduate School of Engineering Science, Yokohama National University)、
[2]大阪大学蛋白質研究所 (Institute for Protein Research, Osaka University)、
[3]群馬大学大学院理工学府 (Graduate School of Science, Gunma University)、
[4]理化学研究所創発物性科学研究センター (Center for Emergent Matter Science, RIKEN)、
[5]東京大学大学院工学系研究科 (School of Engineering, The University of Tokyo)

3P-17 **SPring-8 ビームラインにおけるタンパク質結晶からの自動データ収集の現状**

Current status of the automatic data collection from protein crystals at SPring-8

○平田 邦生 [1] (Kunio Hirata)、松浦 滉明 [1] (Hiroaki Matsuura)、坂井 直樹 [1] (Naoki Sakai)、
河野 能顕 [1] (Yoshiaki Kawano)、馬場 清喜 [2] (Seiki Baba)、水野 伸宏 [2] (Nobuhiro Mizuno)、
仲村 勇樹 [2] (Yuki Nakamura)、熊坂 崇 [2] (Takashi Kumasaka)、山本 雅貴 [1] (Masaki Yamamoto)

[1]理化学研究所 (RIKEN/SPring-8 Center)、[2]高輝度光科学研究センター (JASRI/SPring-8)

3P-18 **イネ花成ホルモン蛋白質の液 - 液相分離**

Liquid-liquid phase separation of rice flowering hormone proteins

○榎本 麻由 [1] (Mayu Enomoto)、安澤 すあい [1] (Suai Anzawa)、小泉 優香 [1] (Yuka Koizumi)、
田岡 健一郎 [2] (Kenichiro Taoka)、児玉 高志 [3] (Takashi Kodama)、白木 賢太郎 [4] (Kentaro Shiraki)、
藤原 敏道 [3] (Toshimichi Fujiwara)、辻 寛之 [2] (Hiroyuki Tsuji)、児嶋 長次郎 [1,3] (Chojiro Kojima)

[1]横浜国大学大学院理工学府 (Graduate School of Engineering Science, Yokohama National University)、
[2]横浜市立大学木原生物学研究所 (Kihara Institute for Biological Research, Yokohama City University)、
[3]大阪大学蛋白質研究所 (Institute for Protein Research, Osaka University)、
[4]筑波大学数理物質系 (Faculty of Pure and Applied Sciences, University of Tsukuba)

3P-19 **理研 SPring-8 におけるハイスループットリガンドスクリーニングパイプラインの開発**

The high-throughput ligand screening pipeline at RIKEN SPring-8 Center

○坂井 直樹 (Naoki Sakai)、竹下 浩平 (Kohei Takeshita)、松浦 滉明 (Hiroaki Matsuura)、平田 邦生 (Kunio Hirata)、
山本 雅貴 (Masaki Yamamoto)

理研・放射光科学研究センター (RIKEN SPring-8 Center)

3P-20 Gating-modifier toxin APETx1 による電位依存性カリウムイオンチャネル hERG 阻害機構の解析
Mechanism of hERG inhibition by gating-modifier toxin, APETx1, deduced by functional characterization

松村 一輝 [1] (Kazuki Matsumura)、下村 拓史 [2] (Takushi Shimomura)、久保 義弘 [2] (Yoshihiro Kubo)、
岡 貴之 [3] (Takayuki Oka)、小林 直宏 [4,5] (Naohiro Kobayashi)、今井 駿輔 [6] (Shunsuke Imai)、
簗瀬 尚美 [1] (Naomi Yanase)、秋元 まどか [1] (Madoka Akimoto)、福田 昌弘 [1] (Masahiro Fukuda)、
横川 真梨子 [1] (Mariko Yokogawa)、池田 和由 [1] (Kazuyoshi Ikeda)、栗田 順一 [7] (Jun-ichi Kurita)、
西村 善文 [7] (Yoshifumi Nishimura)、嶋田 一夫 [6] (Ichio Shimada)、○大澤 匡範 [1] (Masanori Osawa)

[1]慶應大院・薬 (Grad. Sch. Pharm. Sci., Keio Univ.)、[2]生理研・分子細胞生理 (Dept. Mol. Cell. Physiol., NIPS)、
[3]ナニオンテクノロジーズジャパン (Nanion Technologies Japan)、[4]阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)、
[5]理研・放射光科学研 (RSC, RIKEN)、[6]東大・院薬 (Grad. Sch. Pharm. Sci., Univ. of Tokyo)、
[7]横浜市大・院生命医科学 (Grad. Sch. Med. Life Sci., Yokohama City Univ.)

3P-21 溶液 NMR 法による抗酸化酵素 GPx4 の構造解析
Solution NMR study of the antioxidant enzyme GPx4

○猪俣 光稀 [1] (Kouki Inomata)、古板 恭子 [2] (Kyoko Furuita)、杉木 俊彦 [2] (Toshihiko Sugiki)、
高尾 敏文 [2] (Toshifumi Takao)、小林 直宏 [3] (Naohiro Kobayashi)、藤原 敏道 [2] (Toshimichi Fujiwara)、
児嶋 長次郎 [1,2] (Chojiro Kojima)

[1]横浜国大院・理工学府 (Grad. Sch. Eng. Sci., Yokohama National Univ.)、[2]大阪大・蛋白研 (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)、
[3]理研 RSC (RIKEN RSC)

3P-22 Na+/Ca2+ 交換輸送体 NCX の大量精製系の構築と単粒子解析
Structural analysis of mammalian Na+/Ca2+ exchanger NCX

○山之内 大地 (Daichi Yamanouchi)、木瀬 孔明 (Yoshiaki Kise)、濡木 理 (Osamu Nureki)

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

3P-23 アミロイドβ凝集体形成初期過程の分子機構
Molecular mechanism of early process of amyloid β aggregate formation

○児玉 高志 [1] (Takashi Kodama)、赤木 謙一 [2,4] (Ken-ichi Akagi)、高井 朋代 [2] (Tomoyo Takai)、
山口 りつ子 [2] (Ritsuko Yamaguchi)、物部 容子 [2] (Yoko Monobe)、児嶋 長次郎 [1,3] (Chojiro Kojima)、
藤原 敏道 [1] (Toshimichi Fujiwara)

[1]阪大蛋白研 (IPR Osaka Univ.)、[2]医薬基盤研 (NIBIO)、[3]横浜国大 (YNU)、[4]理研 (RIKEN)

3P-24 階層的クラスタリングを用いた回折データの分類と構造多型の解析
Polymorph analysis by hierarchical clustering of mixed-state diffraction data

○松浦 滉明 (Hiroaki Matsuura)、平田 邦生 (Kunio Hirata)、坂井 直樹 (Naoki Sakai)、
河野 能顕 (Yoshiaki Kawano)、山本 雅貴 (Masaki Yamamoto)

理研・放射光科学研究センター (RIKEN SPring-8 Center)

3P-25 LNX3 PDZ ドメインによる CLDN16 の C 末端の分子認識機構
Structural basis of molecular recognition of LNX3 PDZ domain to CLDN16 C-terminus

成田 一仁 [1] (Kazuto Narita)、沼本 修孝 [2] (Nobutaka Numoto)、天野 剛志 [1,3] (Takeshi Tenno)、
伊藤 暢敏 [2] (Nobutoshi Ito)、○廣明 秀一 [1,3] (Hidekazu Hiroaki)

[1]名大・創薬 (Grad. Sch. Pharm. Sci., Nagoya Univ.)、[2]東京医歯大・難治研 (Med. Res. Inst. Tokyo Med. Dent. Univ.)、
[3]合同会社 BeCellBar (BeCellBar. LLC)

3P-26 溶液 NMR による膜コンタクトサイトの形成と機能に関与する VAP-A：FFAT-like モチーフ相互作用の研究
Solution NMR studies of the VAP-A: FFAT-like motif interactions that regulate the formation and function of membrane contact sites

○古板 恭子 [1] (Kyoko Furuita)、平岡 万里菜 [2] (Marina Hiraoka)、花田 賢太郎 [3] (Kentaro Hanada)、
藤原 敏道 [1] (Toshimichi Fujiwara)、児嶋 長次郎 [1,3] (Chojiro Kojima)

[1]阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)、[2]横浜国大院・理工 (Grad. Sch. of Eng., YNU)、[3]感染研 (NIID)

3P-27 **立体構造に基づく Sphingobium sp. SYK-6 由来 MTHFR の機能解析**

Structure-based evolutionary study of methylenetetrahydrofolate reductase (MTHFR) from Sphingobium sp. SYK-6

○于 宏洋 [1,2] (Hongyang Yu)、桑原 直之 [1] (Naoyuki Kuwabara)、上村 直史 [3] (Naofumi Kamimura)、加藤 諒 [3] (Ryo Kato)、千田 美紀 [1] (Miki Senda)、政井 英司 [3] (Eiji Masai)、千田 俊哉 [1,2] (Toshiya Senda)

[1]構造生物学研究センター・高エネ研 (SBRC, KEK)、[2]総研大 (SOKENDAI)、
[3]長岡技術科学大学 (Nagaoka University of Technology)

3P-28 **複数のフラビウイルスを中和するモノクローナル抗体の認識機構**

Recognition mechanism of a monoclonal antibody which neutralizes different species of flavivirus

○小林 淳 [1] (Jun Kobayashi)、小澤 龍彦 [2] (Tatsuhiko Ozawa)、正木 秀幸 [3] (Hideyuki Masaki)、加藤 龍一 [1] (Ryuichi Kato)

[1]高エネ研・物構研・構造生物 (SBRC, IMSS, High Energy Accelerator Research Organization (KEK))、
[2]富山大・医 (Dept. Immunol., Fac. Med., Univ. of Toyama)、
[3]近畿大・生物理工 (Faculty of Biology-Oriented Science and Technology, Kindai Univ.)

3P-29 **Rebuilding and altering ring-type assembly of peroxiredoxin by chemical modification**

○氷見山 幹基 (Tomoki Himiyama)、中村 努 (Tsutomu Nakamura)

産総研・バイオメディカル (AIST)

3P-30 (WS10-2) **ヒトプロスタグランジン E2 受容体 EP3-G タンパク質複合体のクライオ電子顕微鏡単粒子解析**

Cryo-EM structure of human prostaglandin E2 receptor EP3-G protein complex

○寿野 良二 [1] (Ryoji Suno)、杉田 征彦 [2] (Yukihiko Sugita)、森本 和志 [3] (Kazushi Morimoto)、辻本 浩一 [3] (Hirokazu Tsujimoto)、廣瀬 未果 [4] (Mika Hirose)、寿野 千代 [1] (Chiyo Suno)、野村 紀通 [3] (Norimichi Nomura)、岩崎 憲治 [5] (Kenji Iwasaki)、加藤 貴之 [3] (Takayuki Kato)、岩田 想 [3] (So Iwata)、小林 拓也 [1] (Takuya Kobayashi)

[1]関西医科大学・医 (Med., KMU)、[2]京大・ウイルス再生研 (IVR, Kyoto Univ.)、[3]京大・医 (Med, Kyoto Univ.)、
[4]阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)、[5]筑波大・生存ダイナミクス (TARA)

3P-31 (WS10-4) **相関構造生物学による FACT を介したヒストン H3 テイルの動的構造変化の解明**

Structural characterization of dynamic changes of histone H3 N-tails through FACT using synergistic structural biology approaches

○津中 康央 [1] (Yasuo Tsunaka)、大友 秀明 [1] (Hideaki Ohtomo)、森川 耿右 [2] (Kosuke Morikawa)、西村 善文 [1,3] (Yoshifumi Nishimura)

[1]横浜市大・院・生命医科学 (Grad. Sch. of Med. Life Sci., Yokohama City Univ.)、
[2]京大・院・生命科学 (Grad. Sch. of Biostudies, Kyoto Univ.)、
[3]広島大・院・統合生命 (Grad. Sch. of Int. Sci. Life, Hiroshima Univ.)

計算科学・情報科学 / Computation/Information science (3P-32 ～ 3P-47)

3P-32 **pH 依存の配座サンプリングを利用したタンパク質の物性推算と developability の評価**

Protein property prediction and developability assessment using pH-dependent conformational sampling

○阿部 紘一 [1] (Koichi Abe)、池上 貴史 [1] (Takashi Ikegami)、John Gunn[2]、Paul Labute[2]、Nels Thorsteinson[2]、Will Long[2]

[1]株式会社モルシス (MOLSIS Inc.)、[2]Chemical Computing Group ULC

3P-33 **蛋白質力学的安定性を評価する高精度の新規計算手法の開発**

A novel computational method to assess mechanical stability of proteins with high accuracy

○グエン トゥイズオン [1] (Thuy Duong Nguyen)、齋藤 裕 [1,2,3] (Yutaka Saito)、亀田 倫史 [1] (Tomoshi Kameda)

[1]産総研・人工知能 (AIRC, AIST)、[2]産総研・早大ビッグデータ (CBBD-OIL)、
[3]東大・新領域 (Grad. Sch. of Fron. Sci., Univ. of Tokyo)

3P-34 クライオ電顕像からの De novo モデリング構造最適化法の開発

Efficient flexible fitting refinement for de novo structure modeling from cryo-EM density maps

○森 貴治 [1] (Takaharu Mori)、寺師 玄記 [2] (Genki Terashi)、松岳 大輔 [1] (Daisuke Matsuoka)、
木原 大亮 [2] (Daisuke Kihara)、杉田 有治 [1,3,4] (Yuji Sugita)

[1]理研・開拓研究本部 (RIKEN CPR)、[2]パデュー大 (Purdue University)、[3]理研・生命機能 (RIKEN BDR)、
[4]理研・計算科学 (RIKEN R-CCS)

3P-35 非線型次元削減手法による蛋白質動態解析

Nonlinear-dimensionality reduction analysis of protein dynamics

○大出 真央 [1] (Mao Oide)、杉田 有治 [1,2,3] (Yuji Sugita)

[1]理研・CPR (RIKEN CPR)、[2]理研・R-CCS (RIKEN R-CCS)、[3]理研・BDR (RIKEN BDR)

3P-36 イオンモビリティ質量分析と分子シミュレーションのデータ同化による構造解析：H2A-H2B 二量体への適用

Structure analysis by data assimilation using ion mobility mass spectrometry and molecular simulation: Application to H2A-H2B dimer

七種 和美 [1,2] (Kazumi Saikusa)、明石 知子 [2] (Satoko Akashi)、○渕上 壮太郎 [3] (Sotaro Fuchigami)

[1]産総研・計量標準総合センター (NMIJ, AIST)、[2]横浜市大院・生命医科学 (Grad. Sch. of Med. Life Sci., Yokohama City Univ.)、
[3]京大院・理 (Grad. Sch. of Science, Kyoto Univ.)

3P-37 タンパク質界面の相互作用のデータベース解析

Database analysis of protein-protein interactions

○佐川 航 (Wataru Sagawa)、千見寺 浄慈 (George Chikenji)

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

3P-38 SLC26A9 トランスポーターの分子動力学シミュレーションが明らかにした、塩化物イオン輸送経路のゲート開閉運動における細胞質ドメインの役割

Gating motion mediated by the cytoplasmic domain of SLC26A9 in chloride ion transport revealed by the molecular dynamics simulations

○大森 聡 [1] (Satoshi Omori)、花園 祐矢 [2] (Yuya Hanazono)、西 羽美 [1,3] (Hafumi Nishi)、
木下 賢吾 [1,4,5] (Kengo Kinoshita)

[1]東北大・院・情報・応用・生命 (GSIS, Tohoku Univ.)、[2]量研・量子生命 (Inst. for Quantum Life Sci., QST)、
[3]お茶の水大・基幹研究院 (Faculty of Core Res., Ochanomizu Univ.)、[4]東北大・メディカルメガバンク (ToMMo, Tohoku Univ.)、
[5]東北大・加齢研 (Inst. of Dev. Aging and Cancer, Tohoku Univ.)

3P-39 グラフニューラルネットワークを用いたタンパク質の低分子リガンド結合予測

Prediction of ligand binding on proteins by graph neural network

○塩生 真史 (Masafumi Shionyu)、土方 敦司 (Atsushi Hijikata)

長浜バイオ・バイオサイエンス (Fac. Biosci., Nagahama Inst. Bio-Sci. Tech.)

3P-40 Drug Target eXcavator: 新規ヒト創薬ターゲット探索ツールの開発

Drug Target eXcavator: An integrative tool for exploring new potential drug targets

○土方 敦司 (Atsushi Hijikata)、塩生 真史 (Masafumi Shionyu)、白井 剛 (Tsuyoshi Shirai)

長浜バイオ大・バイオサイエンス (Facl. of Biosci., Nagahama Inst. of Bio-Sci. Tech.)

3P-41 深層学習と溶液理論のハイブリッドアプローチで可能にするタンパク質水和分布予測

Prediction of the hydration of proteins using a hybrid of a deep learning and the solvation theory

河間 光祐 [1] (Kousuke Kawama)、福島 悠朔 [1] (Yusaku Fukushima)、○吉留 崇 [1] (Takashi Yoshidome)、
池口 満徳 [2,3] (Mitsunori Ikeguchi)、大田 雅照 [3] (Masateru Ohta)

[1]東北大・院工 (Dept. of Appl. Phys., Tohoku Univ.)、[2]横浜市立大・生命医科学 (Grad. Sch. of Med. Life Sci., Yokohama City Univ.)、
[3]理研 (RIKEN)

3P-42 SE(3)-Transformer を用いた蛋白質間相互作用部位予測についての検討

Towards protein interface prediction using SE(3)-Transformer

○中村 司 (Tsukasa Nakamura)

学振 PD/ 東北大・院情報科学 (JSPS-PD/Grad. Sch. Info. Sci., Tohoku Univ.)

3P-43 天然物データベースの高度化と構造創薬への応用

Application of KNApSAcK Database to SBDD

塩生 くらら [1] (Clara Shionyu-Mitsuyama)、塩生 真史 [1] (Masafumi Shionyu)、土方 敦司 [1] (Atsushi Hijikata)、
太田 元規 [2] (Motonori Ota)、金谷 重彦 [3] (Shigehiko Kanaya)、○白井 剛 [1] (Tsuyoshi Shirai)

[1]長浜バイオ・バイオサイエンス (Fac. Biosci., Nagahama Inst. Bio-Sci. Tech.)、[2]名大・情 (Dept. of Info., Nagoya Univ.)、
[3]奈良先・先端科学 (Div. of Infosci., NAIST)

3P-44 タンパク質二次構造の網羅的予測

Comprehensive prediction of the secondary structure of proteins

○森田 陸離 (Rikuri Morita)、重田 育照 (Yasuteru Shigeta)、原田 隆平 (Ryuhei Harada)

筑波大・計セ (CCS, Univ. of Tsukuba)

3P-45 SARS-CoV-2 の RNA 依存性 RNA ポリメラーゼにおける「バケツリレー」リガンド認識メカニズム

"Bucket brigade" ligand recognition mechanism in the RNA-dependent RNA polymerase of SARS-CoV-2

○谷本 勝一 [1] (Shoichi Tanimoto)、伊藤 暁 [1,2,3] (Satoru Itoh)、奥村 久士 [1,2,3] (Hisashi Okumura)

[1]分子研 (IMS)、[2]生命創成探究センター (ExCELLS)、[3]総研大 (SOKENDAI)

3P-46 非平衡分子動力学シミュレーションで見る赤外自由電子レーザーによるアミロイド線維の破壊

Amyloid-fibril disruption by the infrared-free electron laser observed by nonequilibrium molecular dynamics simulations

○奥村 久士 [1,2,3] (Hisashi Okumura)、伊藤 暁 [1,2,3] (Satoru Itoh)、中村 和裕 [4] (Kazuhiro Nakamura)、
川崎 平康 [5,6] (Takayasu Kawasaki)

[1]生命創成探究センター (ExCELLS)、[2]分子研 (IMS)、[3]総研大 (SOKENDAI)、[4]群馬大 (Gunma Univ.)、
[5]東京理科大 (Tokyo University of Science)、[6]高エネ研 (KEK)

3P-47 拡張分子シミュレーションで探るグルコーストランスポーター GLUT3 の構造変化

Structual changes of the glucose transporter GLUT3 explored by enhanced molecular simulations

中田 康太 (Kota Nakada)、櫻井 実 (Minoru Sakurai)、○古田 忠臣 (Tadaomi Furuta)

東工大・生命理工 (Sch. Life Sci. Tech., Tokyo Tech)

機能解析・細胞・イメージング / Protein/cellular functions, Imaging (3P-48 ～ 3P-55)

3P-48 シャペロン介在性オートファジー機構を利用した標的蛋白質を人工的に分解する新規手法の検討

Development of a novel method to artificially degrade target proteins using chaperone-mediated autophagy mechanism

宮本 佑馬 (Yuuma Miyamoto)、田村 理紗 (Risa Tamura)、森 雅正 (Masatada Mori)、
立澤 桜子 (Sakurako Tatsuzawa)、○鳥越 秀峰 (Hidetaka Torigoe)

東理大・理 (Fac. Sci., Tokyo Univ. of Sci.)

3P-49 in vitro 膜融合解析によるミトコンドリア膜融合機構の解明

Elucidating molecular mechanism of membrane fusion in mitochondria using in vitro reconstitution

○伴 匡人 [1] (Tadato Ban)、石原 直忠 [2] (Naotada Ishihara)

[1]久留米大・分生研 (Inst. of Life Sci., Kurume Univ.)、[2]阪大・理・生物 (Dept. of Biol. Sci., Osaka Univ)

3P-50 亜鉛に依存した ERp44- クライアント複合体の解離機構の解明

Dissociation mechanism of complexes between a zinc-binding chaperone ERp44 and its clients

○渡部 聡 (Satoshi Watanabe)、三宅 杏美子 (Amiko Miyake)、天貝 佑太 (Yuta Amagai)、稲葉 謙次 (Kenji Inaba)

東北大・多元研 (IMRAM., Tohoku Univ.)

3P-51 紅色細菌由来の時計タンパク質 KaiC ホモログの生化学的解析

Biochemical analysis of a clock protein KaiC homolog from a purple bacteriurm

○尾上 靖宏 (Yasuhiro Onoue)、山田 貴淳 (Takatoshi Yamada)、寺内 一姫 (Kazuki Terauchi)

立命館・生命科学 (College of Life Sciences, Ritsumeikan Univ.)

3P-52 グラム陰性菌外膜タンパク質の膜挿入に必須な新規シグナルの同定

Identification of novel signals essential for membrane insertion of outer membrane proteins of Gram-negative bacteria

○塩田 拓也 [1] (Takuya Shiota)、Edward Germany[1]、Yue Ding[2]、中島 由香里 [1] (Yukari Nakajima)、Hsin Hui Shen[2]

[1]宮大・テニュアトラック (Org. of Tenure Track., Univ. of Miyazaki)、
[2]モナッシュ大 , Materials Science and Engineering (Dept. Materials Science and Engineering, Monash Univ.)

3P-53 Re-evaluating the biological function of an essential tRNA methyltransferase by experimental evolution

○ Ben E. Clifton、Paola Laurino

PEE Unit, OIST

3P-54 Structural insight into the interaction of the Sendai virus C protein with Alix stimulating the ESCRT-dependent viral budding

○小田 康祐 [1] (Kosuke Oda)、的場 康幸 [2] (Yasuyuki Matoba)、杉山 政則 [1] (Masanori Sugiyama)、坂口 剛正 [1] (Takemasa Sakaguchi)

[1]広大・医 (Inst. of Biomed. sci., Hiroshima Univ.)、[2]安田女・薬 (Fac. of Phar., Yasuda Women's Univ.)

3P-55 細胞内の時空間制御と Min システムが細胞サイズの空間で創発するタンパク質の波とその相の分子メカニズム

The molecular mechanism of Min system for protein wave formation and its phases in cell-sized space

○ Kei Fujiwara[1]、光山 隼史 [1] (Shunshi Kohyama)、義永 那津人 [2,3] (Natsuhiko Yoshinaga)、吉田 葵 [1] (Aoi Yoshida)、西川 早紀 [1] (Saki Nishikawa)、土居 信英 [1] (Nobuhide Doi)

[1]慶大・理工・生情 (Dept. of Biosci. and Info., Keio University)、[2]東北大・AIMR (AIMR, Tohoku Univ.)、
[3]産総研・MathAM-OIL (MathAM-OIL, AIST)

物性・フォールディング / Biophysics, Protein Folding (3P-56 ～ 3P-75)

3P-56 NMR を用いた alpha-spectrin SH3 ドメインのアミノ酸残基特異的な熱力学的解析

Residue specific NMR analysis of alpha-spectrin SH3 domain

○林 成一郎 (Seiichiro Hayashi)、藤浪 大輔 (Daisuke Fujinami)、神田 大輔 (Daisuke Kohda)

九州大学システム生命科学府 (Department of System life Science, Kyushu University)

3P-57 過硝酸によるアミロイドβタンパク質の凝集および細胞毒性抑制

Peroxynitric acid inhibits aggregation and cytotoxicity of amyloid β protein

○川邊 春花 [1] (Haruka Kawabe)、井川 聡 [2] (Satoshi Ikawa)、北野 勝久 [3] (Katsuhisa Kitano)、座古 保 [1] (Tamotsu Zako)

[1]愛媛大院・理工 (Dept. of Chem. and Biol., Ehime Univ.)、[2]大阪産技研 (ORIST)、
[3]大阪大院・工・アトミックデザイン研究センター (Center for Atomic Mol. Tech., Eng., Osaka Univ.)

3P-58 真空紫外円二色性と直線二色性によるαシヌクレインの生体膜相互作用研究

Study of α-Synuclein and Membrane Interaction using Vacuum-Ultraviolet Circular Dichroism and Linear Dichroism Spectroscopy

○今浦 稜太 [1] (Ryota Imaura)、熊代 宗弘 [2] (Munehiro Kumashiro)、河田 康志 [3] (Yasushi Kawata)、松尾 光一 [4] (Koichi Matsuo)

[1]広島大・先進理工・物理 (Dept. of Physical Science. Advanced Science and Engineering., Hiroshima Univ.)、
[2]広島大・理・物理 (Dept. of Physical Science. Science., Hiroshima Univ.)、
[3]鳥取大・工・化学生物 (Dept. of Chemistry and Biotechnology. Engineering., Tottori Univ.)、
[4]広島大・放射光 (Hiroshima Synchrotron Radiation Center., Hiroshima Univ.)

3P-59 大腸菌内組換え蛋白質発現系におけるリン酸化修飾蛋白質の調製と精製

Preparation and purification of phosphorylated protein in *E. coli* recombinant protein expression system

○平林 佳 (Kei Hirabayashi)、安藤 千尋 (Chihiro Ando)、柴田 篤志 (Atsushi Shibata)、鳥越 秀峰 (Hidetaka Torigoe)

東京理科大・理・応用化学 (Dept. of Appl. Chem., Fac. of Sci., Tokyo Univ. of Sci.)

3P-60 多糖モノオキシゲナーゼ CBP21 の変性反応　ー銅イオンの効果ー

Unfolding and refolding of a copper-dependent lytic polysaccharide monooxygenase, CBP21

中島 優一 (Yuichi Nakajima)、鈴木 一史 (Kazushi Suzuki)、○杉本 華幸 (Hayuki Sugimoto)

新潟大院・自然科学 (Grad. Sch. Sci. Tech., Niigata Univ.)

3P-61 インスリンアミロイド線維の種間クロスシーディングに見られる構造の変化

Structural changes in cross-seeding of amyloid fibrils between bovine and human insulin

柚 佳祐 [1] (Keisuke Yuzu)、山本 直樹 [2] (Naoki Yamamoto)、野地 真広 [3,4] (Masahiro Noji)、宗 正智 [3] (Masatomo So)、後藤 祐児 [3,5] (Yuji Goto)、岩崎 哲史 [6] (Tetsushi Iwasaki)、鍔木 基成 [1] (Motonari Tsubaki)、○茶谷 絵理 [1] (Eri Chatani)

[1]神戸大・院理 (Grad. Sch. Sci., Kobe Univ.)、[2]自治医大・医 (Fac. Med., Jichi Med. Univ.)、
[3]大阪大・蛋白研 (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)、[4]京大・院人間環境 (Grad. Sch. of Human and Environmental Studies, Kyoto Univ.)、
[5]大阪大・国際医工情報センター (MEI Center, Osaka Univ.)、
[6]神戸大・バイオシグナル研究センター (Biosignal Res. Center, Kobe Univ.)

3P-62 SEC-SAXS 法による溶液中の抗体変性構造の分離観測

Solution structure of a denatured monoclonal antibody probed by a small-angle X-ray scattering with a size exclusion chromatography

○今村 比呂志 (Hiroshi Imamura)、中原 大貴 (Hiroki Nakahara)、金子 真実 (Mami Kaneko)、加藤 稔 (Minoru Kato)

立命館・生命 (Life Sci., Ritsumeikan Univ.)

3P-63 TIM バレルファミリーにおける構造エレメントの分子進化学的考察

Molecular and evolutionary insights into structural elements in the TIM-barrel family

高瀬 安迪 [1] (Yasumichi Takase)、山崎 洋一 [1] (Yoichi Yamazaki)、林 有吾 [1] (Yugo Hayashi)、米澤 健人 [1,2] (Kento Yonezawa)、藤間 祥子 [1] (Sachiko, F Toma)、○上久保 裕生 [1,2] (Hironari Kamikubo)

[1]奈良先端大・物質創成 (MS, NAIST)、[2]高エネ機構・物構研 (IMSS, KEK)

3P-64 蛍光寿命測定による α -Synuclein の脂質二重膜結合状態の構造解析

Structural differences between WT and A30P α-Synuclein along the lipid bilayer observed by fluorescence lifetime measurements

○笹田 航 (Ko Sasada)、松原 亮介 (Ryosuke Matsubara)、藤井 宏一 (Koichi Fuji)、木村 哲就 (Tetsunari Kimura)

神戸大・院理・化 (Dept. of. Chem., Grad Sch, of Sci., Kobe Univ.)

3P-65 CHO 細胞由来 HspB1 の構造変化機構

Structural change mechanism of HspB1 from CHO cell

○黒川 丹那 [1] (Niina Kurokawa)、中村 真奈美 [1] (Manami Nakamura)、守島 健 [2] (Ken Morishima)、井上 倫太郎 [2] (Rintaro Inoue)、杉山 正明 [2] (Masaaki Sugiyama)、養王田 正文 [1] (Masafumi Yohda)

[1]農工大・工・生命工 (Dept. of Biotechnol. Tokyo Univ. of Agric. and Technol.)、
[2]京大複合研 (Institute for Integrated Radiation and Nuclear Science, Kyoto University)

3P-66 タンパク質のデザイナビリティと局所構造の選好性の関係

The Relationship between Designability of Protein and Preference of Local Structures: A lattice model study

○床 和真 (Kazuma Toko)、千見寺 浄慈 (George Chikenji)

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

3P-67 **がん抑制タンパク質 p53 の凝集体形成と機能の相関解析**

Correlation between aggregate formation and function of the tumor suppressor protein p53

○日比野 絵美 (Emi Hibino)、合田 名都子 (Natsuko Goda)、天野 剛志 (Takeshi Tenno)、
廣明 秀一 (Hidekazu Hiroaki)

名大院・創薬 (Grad. Sci. Pharm. Sci. Nagoya Univ.)

3P-68 **Sup35 の液 - 液相分離におけるプリオンドメインの役割**

Role of prion domain in liquid-liquid phase separation of Sup35

○大橋 祐美子 [1] (Yumiko Ohhashi)、西奈美 卓 [2] (Suguru Nishinami)、白木 賢太郎 [2] (Kentaro Shiraki)、
茶谷 絵理 [1] (Eri Chatani)

[1]神戸大院・理 (Grad. Sch. of Sci., Kobe Univ.)、[2]筑波大院・数理 (Inst. Appl. Phys., Univ. of Tsukuba)

3P-69 **15N ケミカルシフトによる、水分子との「見えない」水素結合観測の試み**

Observation of invisible hydrogen bond with water molecule by 15N chemical shift

藤巻 美稀 [1] (Miki Fujimaki)、新井 峻 [1] (Shun Arai)、○千葉 かおり [2] (Kaori Chiba)

[1]茨城高専・物質工学科 (Dept. of Chem. and Matl. Eng., Natl. Inst. of Tech., Ibaraki Coll.)、
[2]茨城高専・国際創造工学科 (Dept. Ind. Eng., Natl. Inst. of Tech., Ibaraki Coll.)

3P-70 **単独でシヌクレイン線維を脱会合できる分子 CtHsp104 の同定とそのメカニズムの解析**

Study on the disaggregation mechanism of α-synuclein fibril by hsp104 from the thermophilic fungus Chaetomium thermophilum

○後藤 悠見 [1] (Yumi Goto)、柴田 京華 [1] (Kyoka Shibata)、塚越 かおり [1] (Kaori Tsukakoshi)、
池袋 一典 [1] (Kazunori Ikebukuro)、長谷川 成人 [2] (Masato Hasegawa)、尾上 靖宏 [3] (Yasuhiro Onoue)、
小椋 光 [4] (Teru Ogura)、奥野 貴士 [5] (Takashi Okuno)、Harm Kampinga[6]、Steven Bergink[6]、
Eduardo Mattos[6]、養王田 正文 [1] (Masafumi Yohda)、
篠原 恭介 [1] (Kyosuke Shinohara)

[1]農工大・院工・生命工 (Tokyo Univ. of Agri. Technol.)、[2]東京都医学総合研究所 (Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science)、
[3]立命館大・生命科学 (Ritsumeikan Univ.)、[4]熊本大・院生命科学研究部 (Kumamoto Univ.)、[5]山形大・理 (Yamagata Univ.)、
[6]フローニンゲン大 (Groningen Univ.)

3P-71 **脱凝集因子 Hsp104 とαシヌクレイン線維が相互作用する仕組みの解析**

Examination of physical interaction between Hsp104 disaggregase and a-synuclein fibril

○松井 美日 [1] (Mika Matsui)、長谷川 成人 [2] (Masato Hasegawa)、小椋 光 [3] (Teru Ogura)

[1]農工大・院工・生命工 (Tokyo Univ. of Agri. Technol.)、[2]東京都医学総合研究所 (Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science)、
[3]熊本大・院生命科学研究部 (Kumamoto Univ.)

3P-72 **Single-molecule study of conformational dynamics of Intrinsically disordered E. coli Cytidine Repressor DNA Binding domain**

○ Shrutarshi Mitra[1]、Hiroyuki Oikawa[1,2]、Athi N. Naganathan[3]、Satoshi Takahashi[1,2]

[1]Department of Chemistry, Tohoku University、
[2]Institute for Multidisciplinary Research for Advanced Materials, Tohoku University、
[3]Department of Biotechnology, Bhupat & Jyoti Mehta School of Biosciences, Indian Institute of Technology, Madras

3P-73 **超音波照射下におけるαシヌクレインの ATP 依存的アミロイド形成**

ATP-dependent amyloid formation of α-synuclein under ultrasonication

○山口 圭一 [1,2] (Keiichi Yamaguchi)、澤田 眞弥 [2] (Maya Sawada)、中島 吉太郎 [1] (Kichitaro Nakajima)、
宗 正智 [2] (Masatomo So)、荻 博次 [3] (Hirotsugu Ogi)、河田 康志 [4] (Yasushi Kawata)、後藤 祐児 [1,2] (Yuji Goto)

[1]阪大・国際医工 (MEI, Osaka Univ.)、[2]阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)、[3]阪大・工 (Grad. Sch. of Eng., Osaka Univ.)、
[4]鳥取大・工 (Grad. Sch. of Eng., Tottori Univ.)

3P-74 **同時多検体超音波照射システムを用いた加速的アミロイド線維形成反応の研究**

Study on accelerative amyloid-fibril assay using high-throughput ultrasonication system

○中島 吉太郎 [1] (Kichitaro Nakajima)、戸田 元 [2] (Hajime Toda)、山口 圭一 [1] (Keiichi Yamaguchi)、
宗 正智 [3] (Masatomo So)、荻 博次 [2] (Hirotsugu Ogi)、後藤 祐児 [1] (Yuji Goto)

[1]阪大・国際医工 (Global Center for Med. Eng. Info., Osaka Univ.)、[2]阪大・工 (Dept. of Eng., Osaka Univ.)、
[3]阪大・蛋白研 (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)

3P-75 **Elucidating mechanisms and pathways by which disulfide-catalysts assist oxidative protein folding in the endoplasmic reticulum**

○金村 進吾 [1,2,3] (Shingo Kanemura)、奥村 正樹 [3,4] (Masaki Okumura)、稲葉 謙次 [2] (Kenji Inaba)

[1]関学大・理工 (Sch. of Sci. and Tech., Kwansei Gakuin Univ.)、[2]東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)、
[3]東北大・学際科学フロンティア研 (FRIS, Tohoku Univ.)、[4]創発 (FOREST, JST)

プロテオーム・蛋白質工学 / Proteomics / Protein engineering (3P-76 ～ 3P-87)

3P-76 (WS9-4) **ISAAC 法を用いた TCR 様抗体の効率的な取得法の開発とがん免疫療法への応用**
Rapid and efficient generation of T cell receptor-like antibodies using the ISAAC method and its application to cancer immunotherapy

○小澤 龍彦 [1] (Tatsuhiko Ozawa)、中村 友子 [2] (Tomoko Nakamura)、小林 栄治 [1] (Eiji Kobayashi)、
浜名 洋 [1] (Hiroshi Hamana)、林 篤志 [2] (Atsushi Hayashi)、村口 篤 [1] (Atsushi Muraguchi)、
岸 裕幸 [1] (Hiroyuki Kishi)

[1]富山大・医・免疫 (Dept. Immunol., Fac. Med., Univ. of Toyama)、
[2]富山大・医・眼科 (Dept. Ophthalmol., Fac. Med., Univ. of Toyama)

3P-77 **イミノキシルラジカルを用いるチロシン選択的タンパク質生体共役反応**
Tyrosine-Selective Protein Bioconjugation Using Iminoxyl Radical

○生長 幸之助 (Kounosuke Oisaki)、丸山 勝矢 (Katsuya Maruyama)、石山 隆史 (Takashi Ishiyama)、
関 陽平 (Yohei Seki)、金井 求 (Motomu Kanai)

東大・薬 (Grad. School Pharm. Sci., Univ. of Tokyo)

3P-78 **再構成無細胞翻訳系における４塩基コドンの多重探索**
Multiple exploration of four-base codons in a reconstituted cell-free translation system

○渡邉 貴嘉 (Takayoshi Watanabe)、Dian Novitasari、芳坂 貴弘 (Takahiro Hohsaka)

北陸先端大・マテリアル (School of Materials Sci., JAIST)

3P-79 **Capsid protein engineering of Adeno-Associated Virus by peptide insertion to improve target specificity**

○佐野 結実 [1] (Yumi Sano)、三原 恵美子 [1] (Emiko Mihara)、渡邉 哲史 [1] (Satoshi Watanabe)、
菅 裕明 [2] (Hiroaki Suga)、高木 淳一 [1] (Junichi Takagi)

[1]阪大・蛋白研 (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)、[2]東大・理・化 (Dept. of Chem., Grad. Sch. of Sci., Univ of Tokyo)

3P-80 **コムギ胚芽無細胞合成哺乳類嗅覚受容体の mini-G タンパク質を利用した機能解析法の開発**
Development of a ligand binding assay using the mini-G protein for mammalian olfactory receptors expressed in wheat germ cell free system

○高山 郁美 (Ikumi Takayama)、福谷 洋介 (Yosuke Fukutani)、養王田 正文 (Masafumi Yohda)

農工大・院工・生命工 (Dept. of Biotechnol. Tokyo Univ. of Agric. and Technol)

3P-81 **グラム陰性細菌による異種タンパク質分泌発現系の基盤構築**
Development of heterologous protein expression system based on the type one secretion system in gram negative bacteria

○神谷 友華 (Yuka Kamiya)、高野 和文 (Kazufumi Takano)、田中 俊一 (Shun-ichi Tanaka)

京府大・院生環 (Grad. Sch. Life Env. Sci., Kyoto Pref. Univ.)

3P-82 **PDZ ドメイン - タンパク質カルボキシ末端相互作用の簡便なプレートアッセイ法の構築**
A construction of useful microtiter plate assay method for interactions between PDZ domain and carboxy-terminal tail

高木 春樺 (Haruka Takagi)、冨康 羽衣子 (Uiko Tomiyasu)、○天野 剛志 (Takeshi Tenno)、
廣明 秀一 (Hidekazu Hiroaki)

名大・院・創薬科学 (Grad. Sch. Pharma. Sci., Nagoya Univ.)

3P-83 **哺乳類嗅覚受容体のコムギ胚芽無細胞タンパク質合成系における Receptor transporting protein の効果**

Effect of the Receptor transporting protein 1S in the expression of mammalian olfactory receptors using the wheat germ cell-free system

○佐野 聖友 (Masatomo Sano)、福谷 洋介 (Yosuke Fukutani)、養王田 正文 (Masafumi Yohda)

農工大・院工・生命工 (Dept. of Biotechnol. Tokyo Univ. of Agric. and Technol)

3P-84 **緑色蛍光タンパク質由来赤色蛍光タンパク質の創出**

Green fluorescent protein-derived red fluorescent proteins

○今村 博臣 [1] (Hiromi Imamura)、大坪 史歩 [2] (Shiho Otsubo)、竹川 宣宏 [2] (Nobuhiro Takekawa)、今田 勝巳 [2] (Katsumi Imada)

[1]京大・生命 (Grad. of Bio., Kyoto Univ.)、[2]阪大・理 (Grad. of Sci., Osaka Univ.)

3P-85 **無細胞合成チャネルアレイの作製と活性評価**

Development and evaluation of cell-free synthesized channel focused protein array

田中 響久 [1] (Toyohisa Tanaka)、中北 智哉 [1] (Tomoya Nakagita)、西口 黎 [1] (Rei Nishiguchi)、山川 央 [2] (Hisashi Yamakawa)、○竹田 浩之 [1] (Hiroyuki Takeda)

[1]愛媛大・PROS (PROS, Ehime Univ.)、[2]かずさ DNA 研究所 (Kazusa DNA Res. Inst.)

3P-86 **機能的分子認識素子の創製に向けた VHH-EGFP 間相互作用の特性解析**

Characterization of VHH-EGFP Interaction for the Construction of Functional Molecular Recognition Elements

○今中 洋行 (Hiroyuki Imanaka)、池田 湧 (Yuu Ikeda)、石田 尚之 (Naoyuki Ishida)、今村 維克 (Koreyoshi Imamura)

岡山大院・自然 (Grad. Sch. of Nat. Sci. & Tech., Okayama Univ.)

3P-87 **インテインを利用した IgG 型二重特異性抗体作製法の最適化**

Optimization of the method to produce IgG-like bispecific antibody using intein-mediated protein trans-splicing

○秋葉 宏樹 [1,2] (Hiroki Akiba)、伊勢 知子 [1] (Tomoko Ise)、永田 諭志 [1] (Satoshi Nagata)、鎌田 春彦 [1] (Haruhiko Kamada)、大野 浩章 [2] (Hiroaki Ohno)、津本 浩平 [1,3,4] (Kouhei Tsumoto)

[1]医薬健栄研・創薬デザイン研究セ (CDDR, NIBIOHN)、[2]京大・薬 (Grad. Sch. of Pharm. Sci., Kyoto Univ.)、[3]東大・工・バイオエンジ (Dept. Bioeng., Sch. of Eng., Univ. Tokyo)、[4]東大・医科研 (IMS, Univ. Tokyo)