

日本プロテオーム学会・蛋白質科学会合同セッション

Japan Proteome Society and Protein Science Society Japan Joint Session

近年、プロテオーム研究分野は著しく進展しており、蛋白質や翻訳後修飾の大規模解析が深化している。一方、蛋白質化学分野では、個別の蛋白質相互作用や構造についてより具体的な理解が可能となってきた。本年会では日本プロテオーム学会と蛋白質科学会の合同セッションを開催し、両学会から最新の研究例を紹介して、全体解析と個別解析における重複、相補、課題の現状整理を行った上で、異なる解析アプローチの併用による発展について議論する。

Proteome research has been extensively developed recently, especially for large-scale protein identifications and post-translational analysis. Meanwhile, detailed understandings of protein-protein interaction and structural analysis for individual system are now possible. In this joint session, recent research will be introduced from speakers of both societies, summarize current status and discuss about further development by the combination of different approaches.

オーガナイザー：内山 進（大阪大学）、小迫 英尊（徳島大学）

Organizers：Susumu Uchiyama (Osaka Univ.), Hidetaka Kosako (Tokushima Univ.)

[16:10] はじめに

Opening Remarks

○内山 進 (Susumu Uchiyama)

大阪大学 (Osaka Univ.)

WS1-1

[16:16] 先端プロテオーム解析技術を用いた生体内蛋白質間相互作用の大規模解析

Global analysis of protein-protein interactions in living cells using advanced proteomic technologies

○小迫 英尊 (Hidetaka Kosako)

徳島大・先端酵素研・藤井セ (Fujii Memorial Inst. of Med. Sci., Inst. of Adv. Med. Sci., Tokushima Univ.)

WS1-2

[16:40] 新しいクロマチン基盤構造 H3-H4 オクタソームのクライオ電子顕微鏡解析

Cryo-electron microscopic analysis reveal a novel structural unit of chromatin, H3-H4 octasome

○野澤 佳世¹ (Kayo Nozawa)、滝沢 由政¹ (Yoshimasa Takizawa)、七種 和美^{2,3} (Kazumi Saikusa)、明石 知子² (Satoko Akashi)、胡桃坂 仁志¹ (Hitoshi Kurumizaka)

¹ 東大・定量研 (IQB, The Univ. of Tokyo)、² 横浜市大 (YCU)、³ 産総研 (AIST)

WS1-3

[17:00] 新生ポリペプチド鎖のプロテオミクス

Proteomic analysis of nascent polypeptide chains

○今見 考志^{1,2} (Koshi Imami)、内山 純貴¹ (Junki Uchiyama)、森川 和哉¹ (Kazuya Morikawa)、石濱 泰¹ (Yasushi Ishihama)

¹ 京都大学大学院薬学研究科 (Grad. Sch. of Pharm. Sci., Kyoto Univ.)、² 理化学研究所 生命医科学研究センター (RIKEN IMS)

WS1-4

[17:24] 蛋白質科学におけるタンパク質化学

Protein chemistry in the context of protein science

○中沢 隆 (Takashi Nakazawa)

奈良女子大学 (Nara Women's University)

WS1-5 [17:54] **トップダウン質量分析による細胞内プロテオフォーム解析**
Cellular proteoform analysis by top-down mass spectrometry
 ○武森 信暁 (Nobuaki Takemori)
 愛媛大・先端研究学術推進機構 (ADRES, Ehime Univ.)

WS1-6 [18:18] **質量分析による蛋白質の構造・相互作用・構造変化の解析**
Analysis of structure, interaction, and structural alternation of proteins by mass spectrometry
 ○内山 進 (Susumu Uchiyama)
 阪大・工・生物工学 (Dept. Biotech., Grad. Sch. Eng., Osaka Univ.)

WS2 B会場 (101 + 102) / Room B (101 + 102)
 6月7日 (火) / June 7 (Tue.) 16:10 ~ 18:40

Japanese Session

発動分子エンジニアリング：タンパク質分子機械をいじり倒して実現する新機能 Molecular engine engineering: Novel functions realized by fiddling around protein molecular machines

共催：新学術領域「発動分子科学」

タンパク質はナノスケールで働く分子機械であり高度な機能を発現する。タンパク質分子機械の重要なカテゴリーは、機械的運動によりエネルギー変換を実現する「発動分子」である。本ワークショップでは、計算機デザインや機能予測、異種生体分子や人工分子とのハイブリッド化等を駆使し、タンパク質発動分子をいじり倒すことで天然にない機能を実現している研究者にご講演頂く。尚、本ワークショップは、文部科学省科学研究費補助金新学術領域「発動分子科学」との共催である。

Proteins are molecular machines that work at the nanoscale and show sophisticated functions. An important category of protein molecular machines is the "molecular engines," which realize energy conversion through mechanical motion. In this workshop, we will have lectures by researchers who are realizing non-natural functions by fiddling around protein molecular engines by using computational design and function prediction, and hybridization with different biomolecules and artificial molecules.

オーガナイザー：村田 武士 (千葉大学)、飯野 亮太 (分子科学研究所)
 Organizers : Takeshi Murata (Chiba Univ.) , Ryota Iino (Institute for Molecular Science)

[16:10] **はじめに**
Opening Remarks
 ○村田 武士 (Takeshi Murata)
 千葉大学 (Chiba Univ.)

WS2-1 [16:13] **タンパク質分子の合理設計：天然のタンパク質の改造、ゼロからの創成**
Rational design of protein molecules: Redesign of natural proteins and Design from scratch
 ○古賀 信康 (Nobuyasu Koga)
 自然科学, ExCELLS (NINS, ExCELLS)

WS2-2 [16:37] **De novo 設計ナノポアによる一分子計測と分子ロボット工学への応用**
De novo design of nanopores and its application for molecular robotics
 ○川野 竜司 (Ryuji Kawano)
 農工大・工・生命工 (Dept. of Biotech. and Life Sci., Tokyo University of Agriculture and Technology)

- WS2-3** [17:01] **好熱菌ロドプシンから学ぶ膜タンパク質の耐熱化戦略**
The strategies for thermo-stabilizing membrane proteins learned from thermophilic rhodopsin
 ○村田 武士 (Takeshi Murata)
 千葉大・理・化 (Dept. of Chem. Sci., Chiba Univ.)
- WS2-4** [17:25] **ロドプシンエンジニアリングによる生命機能の光制御・操作**
Optical control of biological functions by the rhodopsin engineering
 ○須藤 雄気 (Yuki Sudo)
 岡山大・医歯薬 (薬) (Grad. Sch. Med. Dent. Pharm. Sci., Okayama Univ.)
- WS2-5** [17:49] **生物分子モーターをいじり倒して一方向性の発現機構を考える**
Exploring the generation mechanisms of unidirectional motion by tinkering with biomolecular motors
 ○古田 健也 (Ken'ya Furuta)
 情報通信研究機構 (NICT)
- WS2-6** [18:13] **リニア分子モーターキネシン1のエンジニアリング**
Engineering linear molecular motor kinesin-1
 ○飯野 亮太^{1,2} (Ryota Iino)
¹ 分子科学研究所 (Institute for Molecular Science), ² 総研大 (SOKENDAI)
- [18:37] **総合討論**
Discussion
 ○飯野 亮太 (Ryota Iino)
 分子科学研究所 (Institute for Molecular Science)

WS3 E 会場 (中ホール 200) / Room E (Medium hall 200)
 6月7日 (火) / June 7 (Tue.) 16:10 ~ 18:40

Japanese Session

「富岳」時代の計算蛋白質科学

Computational protein science in supercomputer Fugaku era

世界でも群を抜いてトップとなった計算性能を誇るスーパーコンピュータ「富岳」が稼働・共用開始になり、新たな計算科学の時代が始まった。「富岳」の膨大な計算資源を我々は手にして、それをどのように蛋白質科学に活かしていけばいいだろうか? 「富岳」を活用し、第一線で活躍中の方々に、これからどのような計算蛋白質科学研究が可能になるのか、また、実験研究とどのように連携を進めていくのか、「富岳」時代の新しい蛋白質科学に向け活発な議論を期待したい。

A new era of computational science has begun with the launch of supercomputer “Fugaku”, which greatly updated the highest computing performance in the world. How should we utilize the enormous computational resources of “Fugaku” in protein science? Young leaders who actively perform research in this field get together and discuss about future directions of computational protein science.

オーガナイザー：池口 満徳 (横浜市立大学)、山下 雄史 (東京大学)

Organizers : Mitsunori Ikeguchi (Yokohama City Univ.), Takefumi Yamashita (The Univ. of Tokyo)

- WS3-1** [16:10] **MD シミュレーションで考える抗原 - 抗体界面における塩橋の役割：合理的な抗体設計に向けて**
A molecular dynamics study on the role of salt bridges located in the antigen-antibody interface: Toward rational antibody design
 ○山下 雄史 (Takefumi Yamashita)
 東大・先端研 (RCAST, The Univ. of Tokyo)

- WS3-2** [16:40] **計算科学により強化される蛋白質のリガンド結合に関する物理化学解析**
Physicochemical analysis of ligand binding in proteins enhanced by computational science
 ○長門石 暁¹ (Satoru Nagatoishi)、津本 浩平^{1,2} (Kouhei Tsumoto)
¹ 東大・医科研 (The Inst. Med. Sci., The Univ. of Tokyo)、² 東大院・工 (Dep. Engineer., The Univ. of Tokyo)
- WS3-3** [17:10] **実験とシミュレーション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 experimental and simulation data
 ○松永 康佑 (Yasuhiro Matsunaga)
 埼大・理工 (Grad. Sch. Sci. Eng., Saitama Univ.)
- WS3-4** [17:40] **ヌクレオソームとその関連タンパク質との相互作用**
Nucleosome Interactions with its associated proteins
 ○河野 秀俊 (Hidetoshi Kono)
 量研・量子生命 (iQLS, QST)
- WS3-5** [18:10] **計算蛋白質科学の現在と未来**
Present and Future of Computational Protein Science
 ○池口 満徳^{1,2} (Mitsunori Ikeguchi)
¹ 横浜市大・生命医 (Grad. Sch. Med. Sci, Yokohama City Univ.)、² 理研・計算科学セ (RIKEN, R-CCS)

生体分子の機能・ダイナミクスを解明する革新的技術

Innovative technologies to elucidate the function and dynamics of biomolecules

共催：新学術領域「高速分子動画」

X 線自由電子レーザー施設 SACLA が設立されおよそ 10 年が経過した。その間、構造生物学分野では、微小結晶を用いて生体分子の構造変化をとらえる時分割シリアルフェムト秒結晶構造解析（TR-SFX）により「高速分子動画」の撮影が可能となった。本ワークショップでは TR-SFX をはじめ、これを補完・発展させる中性子結晶構造解析および計算科学を専門とする講演者を招き、生体分子の機能・ダイナミクスに関連する最新の研究成果を中心に発表・討論する。

Time-resolved serial femtosecond crystallography (TR-SFX), which captures the structural changes of biomolecules using microcrystals, has made it possible to create “molecular movies”. In this workshop, invited speakers will present various approaches (TR-SFX, neutron crystallography, and computational science) for understanding the function and dynamics of biological macromolecules.

オーガナイザー：篠田 恵子（東京大学）、村川 武志（大阪医科薬科大学）

Organizers : Keiko Shinoda (The Univ. of Tokyo) , Takeshi Murakawa (Osaka Medical and Pharmaceutical Univ.)

[16:45] はじめに

Opening Remarks

○村川 武志 (Takeshi Murakawa)

大阪医科薬科大学 (Osaka Medical and Pharmaceutical Univ.)

WS4-1

[16:50] CO2 固定酵素 Rubisco の動的構造解明への挑戦

The Challenge of Dynamic Structural Analysis of the CO2 Fixing Enzyme Rubisco

○溝端 栄一 (Eiichi Mizohata)

阪大・工・応化 (Grad. Sch. of Eng., Osaka Univ.)

WS4-2

[17:15] 二液混合シリアルフェムト秒 X 線結晶構造解析に基づく銅含有アミン酸化酵素触媒機構の解明

Time-resolved SFX analysis of structural changes in the copper amine oxidase reaction

○村川 武志 (Takeshi Murakawa)

大阪医薬大・医・生化 (Dep. of Biochem., OMPU)

WS4-3

[17:40] 銅含有アミン酸化酵素におけるトバキノン補酵素の構造変化機構

Conformational change of quinone cofactor as an efficient molecular mechanism in bacterial copper amine oxidase

○庄司 光男^{1,2} (Mitsuo Shoji)

¹ 筑波大 CCS (CCS, U.Tsukuba), ² さきがけ (JST-Presto)

WS4-4

[18:05] CK2 の中性子結晶構造解析を通して見るタンパク質科学

Protein science considered based on neutron crystal structure analysis of CK2

○安達 基泰 (Motoyasu Adachi)

量研・量子生命 (QST, iQLS)

WS4-5

[18:30] タンパク質の機能を解明する分子シミュレーション手法の開発

Developments of Molecular Simulation Methods for Studying Protein Functions

○原田 隆平 (Ryuhei Harada)

筑波大・計 (CCS, Univ. of Tsukuba)

[18:55] おわりに

Closing Remarks

○篠田 恵子 (Keiko Shinoda)

東京大学 (The Univ. of Tokyo)

WS5

B 会場 (101 + 102) / Room B (101 + 102)
6 月 8 日 (水) / June 8 (Wed.) 16:45 ~ 19:15

Japanese Session

Day 2 (June 8)
WorkShop

細胞内のタンパク質の構造を観る

Observing protein structures in cells

共催：学術変革領域 (A)「クロススケール新生物学」

タンパク質の生理機能のメカニズムを真に理解するには、細胞内のタンパク質の構造や動態を明らかにする必要がある。しかしながら、細胞やその中のオルガネラは膜に包まれた微小空間であり、様々な生体分子が密に詰まった環境となっている。また、膜には様々な膜トランスポーターが存在し、多種の物質がダイナミックに出入りしており、試験管中では再現が極めて難しい化学環境である。当然ながら、このような環境下でのタンパク質の構造、動態は試験管中で得られる知見とは多かれ少なかれ異なると考えられ、正確な情報を得ることは容易ではない。本ワークショップでは、最先端の計測技術を開発または利用し、細胞内のタンパク質の構造・動態の解明に取り組んでいる研究者に最新の知見を発表、議論いただく。

To truly understand mechanisms of physiological functions of proteins, we need to reveal their structures and dynamics in cells. However, this is far from easy since it is extremely hard to reproduce the intracellular environment in test tubes. Given that cells and organelles are very crowded microspaces surround by membranes and import and export many kinds of substances via membrane transporters, protein structures and dynamics are supposed to be significantly different from those obtained by in vitro experiments. In this workshop, scientists who tackle this important topic of study by developing cutting-edge measurement technologies will provide their latest insights into in-cell protein structure and dynamics.

オーガナイザー：吉川 雅英 (東京大学)、稲葉 謙次 (東北大学)

Organizers : Masahide Kikkawa (The Univ. of Tokyo), Kenji Inaba (Tohoku Univ.)

WS5-1 [16:45] ゲノム編集法と in-cell NMR 法の融合による RAS 制御因子の細胞内活性の定量

Intracellular quantification of the activity of RAS signaling regulators by in-cell NMR with genome editing technique

○趙 慶慈¹ (Qingci Zhao)、嶋田 一夫² (Ichio Shimada)、西田 紀貴¹ (Noritaka Nishida)

¹ 千葉・薬・物化 (Phys. Chem., Pharm. Sci, Chiba Univ.)、² 理研・BDR (RIKEN BDR)

WS5-2 [17:10] 生きた細胞内部の分子構造動態を可視化するための In-cell AFM 技術の開発

Development of In-cell AFM for visualizing molecular structural dynamics inside living cells

○宮澤 佳甫^{1,2} (Keisuke Miyazawa)、Marcos Penedo Garcia²、岡野 直子² (Naoko Okano)、
古庄 公寿² (Hirotohi Furusho)、市川 壮彦² (Takehiko Ichikawa)、Alam Mohammad Shahidul²、
宮田 一輝^{1,2} (Kazuki Miyata)、中村 史³ (Chikashi Nakamura)、福岡 剛士^{1,2} (Takeshi Fukuma)

¹ 金大・理工 (Inst. of Science and Engineering, Kanazawa Univ.)、² 金大・WPI-NanoLSI (WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.)、

³ 産総研・機能性資源連携研究室 (DAILAB, AIST-INDIA)

WS5-3 [17:35] クライオ電子顕微鏡で明らかになったカーゴ受容体 ERGIC-53 の柔らかな全長構造

Cryo-EM analysis of molecular motion of a full-length cargo receptor ERGIC-53

○渡部 聡¹ (Satoshi Watanabe)、木瀬 孔明² (Yoshiaki Kise)、米澤 健人³ (Kento Yonezawa)、
清水 伸隆³ (Nobutaka Shimizu)、濡木 理² (Osamu Nureki)、稲葉 謙次¹ (Kenji Inaba)

¹ 東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)、² 東京大・院理 (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)、

³ 高エネ機構・物構研 (KEK, IMSS, PF)

- WS5-4** [18:00] **クロススケール計測が解明する細胞骨格ネットワーク構築とその破綻**
Cross-scale analysis of physiology and pathology in cytoskeletal network formation
○仁田 亮 (Ryo Nitta)
神戸大・医・解剖 (Struct. Med. Anat. Kobe Univ.)
- WS5-5** [18:25] **クライオ電子顕微鏡によるクロススケール観察**
Cross-scale observation by cryo-electron microscopy
○吉川 雅英 (Masahide Kikkawa)
東大・医・生体構造 (Dept. of Cell Biology and Anatomy, The Univ. of Tokyo)
- WS5-6** [18:50] **細胞環境における蛋白質の構造、機能、ダイナミクス**
Structure-Dynamics-Function Relationship of Proteins in Cellular Environments
○杉田 有治 (Yuji Sugita)
理研・開拓研究本部 (RIKEN CPR)

WS6 E 会場 (中ホール 200) / Room E (Medium hall 200)
6 月 8 日 (水) / June 8 (Wed.) 16:45 ~ 19:15

Japanese Session

キネティクスから理解する生命システム

Unraveling life by kinetics

共催：学術変革領域 (B)「遅延制御超分子化学」

生命活動の本質とも言える「過渡のプロセス」は、タンパク質、オルガネラ、細胞など、様々な階層においてみられるが、そのメカニズムの多くは未解明である。これまで、それぞれの生命階層ごとに過渡のプロセスを追跡する試みがなされてきたが、階層間をつなぐ研究は稀である。本ワークショップでは、分子・タンパク質から細胞までの各階層における生命現象の、リアルタイム観測やキネティクス解析に第一線で取り組む研究者を集め、これからの研究の新機軸を議論する。

Despite the importance of the kinetic aspects in the biological events, the mechanisms of the kinetic-driven processes are poorly understood. This workshop gathers the top scientists investigating kinetic aspects of molecules, proteins, organelles, and cells to cultivate the cross-disciplinary discussion and future innovation.

オーガナイザー：齋尾 智英 (徳島大学)、奥村 正樹 (東北大学)
Organizers: Tomohide Saio (Tokushima Univ.), Masaki Okumura (Tohoku Univ.)

- [16:45] **はじめに**
Opening Remarks
○奥村 正樹 (Masaki Okumura)
東北大 (Tohoku Univ.)

- WS6-1** [16:50] **シャペロンにおけるキネティクス - 活性相関**
Kinetics-activity relationship in molecular chaperones
○齋尾 智英 (Tomohide Saio)
徳島大・先端酵素 (IAMS, Tokushima Univ.)

- WS6-2** [17:13] **時間分解拡散法で捉える生体分子反応ダイナミクス**
Reaction dynamics of biomolecules studied by time-resolved diffusion technique
 ○中曽根 祐介 (Yusuke Nakasone)
 京大・院理 (Dept. of Science, The Univ. of Kyoto)
- WS6-3** [17:36] **ヘム ABC トランスポーター ; BhuUV-T の膜輸送に関するキネティクス解析**
Kinetic analysis for the transport mechanism of heme ABC transporter; BhuUV-T
 ○木村 哲就 (Tetsunari Kimura)
 神戸大・理・化学 (Dept. of Chem., Grad. Sch. of Sci., Kobe Univ.)
- WS6-4** [17:59] **各階層における酸化的フォールディング触媒システムの理解**
Comprehensive understanding the catalytic system of oxidative folding; from molecular to cellular level
 ○奥村 正樹 (Masaki Okumura)
 東北大・学際研 (FRIS, Tohoku Univ.)
- WS6-5** [18:22] **キネティクス操作に基づく酸化的蛋白質フォールディング制御**
Control of oxidative protein folding by kinetics manipulation
 ○村岡 貴博 (Takahiro Muraoka)
 東京農工大・工・応化 (Dept. Appl. Chem., Grad. Sch. of Eng., Tokyo Univ. of Agriculture and Technology)
- WS6-6** [18:45] **機能性色素を用いた脂質膜の局所温度計測と熱的制御**
Local thermometry and thermal manipulation of lipid membranes using functional dyes
 ○新井 敏 (Satoshi Arai)、山崎 健 (Takeru Yamazaki)、サルケア サティア (Satya Sarker)
 金沢大・WPI ナノ研 (WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.)
- [19:08] **総合討論**
Discussion
 ○齋尾 智英 (Tomohide Saio)
 徳島大学 (Tokushima Univ.)

AlphaFold の時代の分子シミュレーション

Molecular simulations in the era of AlphaFold

AlphaFold をはじめとする機械学習によるアプローチは様々な分野に大きなインパクトを与えている。分子シミュレーションも御多分に洩れず、機械学習の波が押し寄せて久しい。本ワークショップでは、機械学習と分子シミュレーションの両アプローチを用いている研究者にお願いし、これまで機械学習無しには成し得なかった成果は何か、今後機械学習無しには考えられない進歩は何か、また AlphaFold の登場によって分子シミュレーションはどのように変わっていくのか、について議論していただく。

Machine learning approaches such as AlphaFold are imparting significant impacts on various scientific fields. Molecular simulations are no exception. In this workshop, we will argue "what is and will be true progress that cannot not be achieved without machine learning approaches" and "how AlphaFold will impact the future of molecular simulations".

オーガナイザー：鄭 誠虎 (理化学研究所)、尾嶋 拓 (理化学研究所)

Organizers : Song-Ho Chong (RIKEN) , Hiraku Oshima (RIKEN)

[8:45] はじめに

Opening Remarks

○鄭 誠虎 (Song-Ho Chong)

理化学研究所 (RIKEN)

WS7-1

[8:47] 機能を持った“新しい”蛋白質の設計

Design of a Novel Protein with a Function

○小杉 貴洋^{1,2,3,4} (Takahiro Kosugi)

¹ 分子研・協奏分子 (CIMoS, IMS)、² 総研大 (SOKENDAI)、³ 自然科学・生命創成 (ExCELLS, NINS)、⁴ JST・さきがけ (PRESTO, JST)

WS7-2

[9:15] AlphaFold と分子シミュレーションの力学

On the dynamics of AlphaFold and molecular simulations

○桜庭 俊 (Shun Sakuraba)

量科研・量子生命 (iQLS, Natl. Inst. Quantum Sci. & Tech.)

WS7-3

[9:45] 分子動力学シミュレーションと機械学習を組み合わせたペプチド凝集予測

Combining Machine Learning with Molecular Dynamics Simulation to Evaluate All Tetrapeptide Aggregation Propensity

○亀田 倫史 (Tomoshi Kameda)

産総研・人工知能 (AIRC, AIST)

WS7-4

[10:15] Computer-aided optimization and generation of antibodies

○黒田 大祐 (Daisuke Kuroda)

感染研・治療薬ワクチン開発研究センター (Research Center for Drug and Vaccine Development, National Institute of Infectious Diseases)

WS7-5

[10:45] 強化学習による分子シミュレーションの効率化と分子設計

Acceleration of molecular simulation and molecular design enhanced by reinforcement learning

○寺山 慧 (Kei Terayama)

横浜市・生命医 (Med., Life Sci., Yokohama City Univ.)

[11:13] **おわりに**
Closing Remarks

○尾嶋 拓 (Hiraku Oshima)
理化学研究所 (RIKEN)

WS8

C 会場 (201) / Room C (201)
6 月 9 日 (木) / June 9 (Thu.) 8:45 ~ 11:15

Japanese Session

Day 3 (June 9)
WorkShop

多彩な分野からなる「生命金属科学」の最前線

Frontline of interdisciplinary research on "Biometal Science"

共催：新学術領域研究「生命金属科学」

新学術領域「生命金属科学」では、生命現象に関与する金属元素を対象とした従来のいくつかの研究分野を、最新で多彩な手法を取り入れることで統合し、新たな研究分野「生命金属科学」の構築を目指しています。本セッションでは、分子から個体に至るまでの様々なレベルを対象とする多彩な分野から気鋭の研究者を招き、生命金属科学の構築に向けた研究の最前線を紹介していただきます。

To decipher tactics of how life utilizes bio-metals, the IBmS project aims to establish a new interdisciplinary research field "Biometal Science" by integrating a variety of scientific fields dealing with bio-metals. In this session, you will find frontline of the Biometal Science from promising researchers in various fields.

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 Univ.) , Taiho Kambe (Kyoto Univ.)

[8:45] **はじめに**
Opening Remarks

○古川 良明 (Yoshiaki Furukawa)
慶應義塾大学 (Keio Univ.)

WS8-1 [8:50] **各種分光計測を駆使した鉄活性中心における一酸化窒素還元酵素の反応機構の解明**
Elucidation of mechanism for enzymatic nitric oxide reduction at iron active center by spectroscopic techniques

○當舎 武彦 (Takehiko Tosha)
理研・SPRING-8 (RIKEN SPRING-8)

WS8-2 [9:10] **過渡的な複合体形成を伴うヒドロゲナーゼ鉄錯体の生合成機構**
Transient complex formation in the biosynthesis of iron complex in hydrogenase

○村木 則文^{1,2} (Norifumi Muraki)、青野 重利^{1,2} (Shigetoshi Aono)
¹ 自然科学研究機構・生命創成 (ExCELLS, NINS)、² 自然科学研究機構・分子研 (IMS, NINS)

WS8-3 [9:30] **ERp44 を介した亜鉛とレドックスホメオスタシスのクロストーク**
Crosstalk between zinc and redox homeostasis via a chaperone protein ERp44

○天貝 佑太 (Yuta Amagai)、新井 千尋 (Chihiro Arai)、稲葉 謙次 (Kenji Inaba)
東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)

WS8-4 [9:50] **ZIP13 と鉄を介する新しい脂肪分解の制御機構**
A novel regulatory mechanism for lipolysis mediated by ZIP13 and iron axis

○福中 彩子¹ (Ayako Fukunaka)、木村 徹² (Toru Kimura)、齊藤 大祐^{1,3} (Daisuke Saito)、
綿田 裕孝³ (Hirotaka Watada)、深田 俊幸⁴ (Toshiyuki Fukada)、藤谷 与士夫¹ (Yoshio Fujitani)

¹ 群大・生調研 (IMCR, The Univ. of Gunma)、² 杏林大学医学部 (Kyorin University School of Medicine)、

³ 順天堂大学大学院医学研究科代謝内分泌内科学 (Juntendo University Graduate School of Medicine)、

⁴ 徳島文理大学薬学部 (Tokushima Bunri University)

- WS8-5** [10:10] **オルガネラ選択的脂質ラベリングによる脂質制御因子の遺伝子スクリーニング**
Genetic screening of lipid regulators by organelle-selective lipid labeling
 ○田村 朋則 (Tomonori Tamura)、土谷 正樹 (Masaki Tsuchiya)、浜地 格 (Itaru Hamachi)
 京大院・工 (Dept. of Eng, Kyoto Univ.)
- WS8-6** [10:30] **次世代型定量プロテオミクスと金属輸送研究への応用**
Next generation quantitative proteomics and its application to metal transport study
 ○内田 康雄 (Yasuo Uchida)
 東北大院・薬 (Dept. of Pharm. Sci., Tohoku Univ.)
- WS8-7** [10:50] **化膿レンサ球菌細胞表面由来金属結合タンパク質に対する機能阻害剤探索**
Development of functional inhibitors to metal binding proteins from Streptococcus pyogenes
 ○中木戸 誠¹ (Makoto Nakakido)、浅野 梨紗¹ (Risa Asano)、竹内 美結¹ (Miyu Takeuchi)、
 伊藤 翔² (Sho Ito)、相川 知宏³ (Chihiro Aikawa)、中川 一路³ (Ichiro Nakagawa)、
 津本 浩平^{1,4} (Kouhei Tsumoto)
¹ 東大院・工・バイオエンジ (Dept. of Bioeng., Sch. of Eng., Univ. of Tokyo)、
² 株式会社リガク応用技術センター ROD (単結晶解析) グループ (Rigaku Corporation ROD Single Crystal Analysis Group Application Laboratories)、
³ 京大院・医・微生物感染分野 (Sect. of Microbiol., Sch. of Med., Kyoto Univ.)、
⁴ 東大・医科研 (Inst. of Med. Sci., Univ. of Tokyo)
- [11:10] **おわりに**
Closing Remarks
 ○神戸 大朋 (Taiho Kambe)
 京都大学 (Kyoto Univ.)

WS9 D 会場 (202) / Room D (202)
 6月9日 (木) / June 9 (Thu.) 8:45 ~ 11:15

Japanese Session

細胞内タンパク質世界の新視点-翻訳から液-液相分離まで

Multifaceted protein world - from translation to liquid-liquid phase separation

共催：学術変革領域 (A) 「マルチファセット・プロテインズ」

この数年間での発見や技術革新により、従来のタンパク質像が揺らぎ、従来見えていなかった多くの面 (マルチファセット) が見えはじめている。真のタンパク質像を理解するためには、マルチファセット (多面的) にタンパク質の世界を捉えなおす必要がある。そこで本ワークショップでは従来のタンパク質に関する固定観念を刷新しうる研究を展開している研究者に講演いただき、新たなタンパク質科学の世界に思いを馳せたい。

Recent discoveries and technological innovations have challenged the conventional view of proteins, and we are beginning to see many previously unexplored faces in the protein world (multifaceted protein world). In this workshop, researchers revolutionizing the conventional views of proteins share their latest exciting topics, providing an insight into the novel protein science.

オーガナイザー：田口 英樹 (東京工業大学)

Organizer : Hideki Taguchi (Tokyo Inst. of Tech.)

- [8:45] **はじめに**
Opening Remarks
 ○田口 英樹 (Hideki Taguchi)
 東京工業大学 (Tokyo Institute of Technology)

WS9-1 [8:51] ストップコドンリードスルーの分子機構解明

Elucidation of the molecular mechanism of stop codon readthrough

浅野 航佑¹ (Kosuke Asano)、原口 大輝² (Daiki Haraguchi)、須藤 愛莉咲² (Arisa Suto)、
松井 崇^{2,3} (Takashi Matsui)、小寺 義男^{2,3} (Yoshio Kodaera)、小川 智久⁴ (Tomohisa Ogawa)、
横山 武司¹ (Takeshi Yokoyama)、○田中 良和¹ (Yoshikazu Tanaka)

¹ 東北大・院・生命科学 (Grad. Sch. of Life Sci., Tohoku Univ.)、² 北里大・理 (Sch. of Sci., Kitasato Univ.)、

³ 北里大・理・附属疾患プロテオミクスセンター (Cent. for Dis. Proteom., Sch. of Sci., Kitasato Univ.)、

⁴ 東北大・院・農 (Grad. Sch. of Agri., Tohoku Univ.)

WS9-2 [9:15] 翻訳停滞とリボソーム不安定化による非典型的翻訳現象の駆動と再構成

Reconstitution of the ribosome hopping (translational bypassing) by ribosome pausing and destabilization

○茶谷 悠平¹ (Yuhei Chadani)、田邊 葵² (Aoi Tanabe)、丹羽 達也^{1,2} (Tatsuya Niwa)、
田口 英樹^{1,2} (Hideki Taguchi)

¹ 東工大・研究院 (Inst. of Innovative Res., Tokyo Inst. of Tech.)、

² 東工大・生命理工学院 (Dept. of Life Sci. and Tech., Tokyo Inst. of Tech.)

WS9-3 [9:39] 非典型翻訳の試験管内再構成とそのメカニズムの解明

In vitro reconstitution and elucidation of noncanonical translation

○町田 幸大 (Kodai Machida)、辻本 宗佑 (Sosuke Tsujimoto)、砂川 真弓 (Mayumi Sunagawa)、
今高 寛晃 (Hiroaki Imataka)

兵庫県立大・工・応化 (Dept. of Appl. Chem., Grad Sch. of Eng., Univ. of Hyogo)

WS9-4 [10:03] 小胞体におけるマルチドメインタンパク質の翻訳と共役した折り畳みを促進する仕組み

Mechanisms of cotranslational folding of a multidomain protein in the ER of mammalian cells

○門倉 広 (Hiroshi Kadokura)

東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)

WS9-5 [10:27] ミトコンドリア外膜に誤配送されたテイルアンカー型タンパク質の配送校正機構

Proofreading mechanism of tail-anchored proteins mislocalized to the mitochondrial outer membrane

○松本 俊介¹ (Shunsuke Matsumoto)、小野 鈴花^{2,3} (Suzuka Ono)、遠藤 斗志也^{2,3} (Toshiya Endo)

¹ 九大院・農・生化 (Dept. of Biosci. Biotech., Grad. Sch. of Biores. Bioenv. Sci., Kyushu Univ.)、

² 京産大・生命 (Fac. of Life Sci., Kyoto Sangyo Univ.)、

³ 京産大・タンパク質動態研 (Inst. for Protein Dynamics, Kyoto Sangyo Univ.)

WS9-6 [10:51] オートファジーにおける液-液相分離の機能

Roles of liquid-liquid phase separation in autophagy

○藤岡 優子 (Yuko Fujioka)、野田 展生 (Nobuo N. Noda)

北大・遺制研 (IGM, Hokkaido Univ.)

細胞内タンパク質科学を目指して Toward intra-cellular protein science

細胞内は極めてヘテロかつ動的な環境であり、その中におけるタンパク質の機能を解明するためには、タンパク質の構造や動態を細胞内環境において直接あるいは生体内に近い環境で観測する必要がある。本ワークショップでは、そのような細胞内タンパク質科学ともいべきアプローチの最先端にいる研究者や、基盤技術開発により新たな地平を切り開こうとする研究者が議論する場を作ること、その可能性と現時点での限界を明確にし、その発展を加速させることを目指す。

The intracellular environment is extremely heterogeneous and dynamic. Thus, it is necessary to observe the structure and dynamics of proteins directly in the intracellular environment or in an environment similar to that in vivo. In this workshop, we aim to clarify the potential and limitation of current approaches to accelerate the research that pushes the horizon toward “intracellular protein science”.

オーガナイザー：宮ノ入 洋平（大阪大学）、竹内 恒（東京大学）
Organizers：Yohei Miyanoiri (Osaka Univ.), Koh Takeuchi (The Univ. of Tokyo,)

[8:45] **はじめに**
Opening Remarks

○竹内 恒 (Koh Takeuchi)
東京大学 (The Univ. of Tokyo)

WS10-1 [8:50] **細胞の環境変化に呼応した解糖系酵素 PGK による解糖流量調節機構**
Molecular mechanism of glycolytic flux control by human PGK in response to changes in the cellular environment

○八木 宏昌¹ (Hiromasa Yagi)、葛西 卓磨¹ (Takuma Kasai)、Elisa Rioual¹、池谷 鉄兵² (Teppei Ikeya)、木川 隆則¹ (Takanori Kigawa)
¹ 理研・生命機能科学研究センター (RIKEN, BDR)、² 東京都立大・理学部 (Grad Sch. of Sci., Tokyo Metro. Univ.)

WS10-2 [9:18] **高感度・ハイスループットプロテオミクスがもたらすタンパク質研究の新展開**
Ultra sensitive and high-throughput proteomics: New frontiers in protein research

○松本 雅記 (Masaki Matsumoto)
新潟大・医・システム生化学 (Dep. Omics and Systems Biol. Niigata Univ.)

WS10-3 [9:46] **リアルタイム In-cell NMR 観測による細胞内タンパク質の活性制御機構の解明**
Regulation mechanism of intracellular proteins as revealed by real-time in-cell NMR observation

○西田 紀貴 (Noritaka Nishida)
千葉大・院薬 (Grad. Sch. Pharm. Sci., Chiba Univ.)

WS10-4 [10:14] **相分離・相転移が制御する中心小体複製機構**
Phase separation and phase transition regulate centriole duplication

○北川 大樹 (Daiju Kitagawa)
東大・薬・生理 (Physiol. Chem., Grad. Sch. of Pha., The Univ. of Tokyo)

WS10-5 [10:42] **神経細胞の分化における細胞内温度の関与**
Involvement of intracellular temperature in nerve cell differentiation

○原田 慶恵 (Yoshie Harada)
阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)

[11:10] おわりに

Closing Remarks

○宮ノ入 洋平 (Yohei Miyanoiri)

大阪大学 (Osaka Univ.)

WS11 B 会場 (101 + 102) / Room B (101 + 102)
6 月 9 日 (木) / June 9 (Thu.) 13:50 ~ 16:20

Japanese Session

Day 3 (June 9)
WorkShop

“構造生命システム科学”の樹立を目指すメガダルトン動態解明

Study of megadalton-scale molecular dynamics aiming to establish "structural life system science"

共催：学術変革 B「メガ生命深化動態」

生体高分子の研究は年々進展し、そのターゲットは巨大なメガダルトンサイズの分子複合体や分子群へと移行している。本ワークショップでは、最先端の構造生物学と細胞機能の全構築を目指す人工細胞研究の融合により、ゲノムや膜タンパクを含む難解な生命システムをマルチスケールで解析する試みを紹介する。これらの融合研究は、新規の計算科学技術とも連携し、分子動態が細胞活性を発現するメカニズムに迫る。

As the understanding of biomolecules advance rapidly, research targets are shifting to complex megadalton-sized molecular systems. In this workshop, we will introduce an attempt to analyze the esoteric life systems comprising genome and membrane proteins by fusing cutting-edge structural biology with artificial cell research. This fusion study, in collaboration with new computational science and technology, will approach the mechanism by which the dynamics of the system express life phenomena.

オーガナイザー：野澤 佳世 (東京大学)、車 兪澈 (海洋研究開発機構)

Organizers : Kayo Nozawa (The Univ. of Tokyo), Yutetsu Kuruma (Japan Agency for Marine-Earth Sci. and Tech.)

[13:50] はじめに

Opening Remarks

○野澤 佳世 (Kayo Nozawa)

東京大学 (The Univ. of Tokyo)

WS11-1 [13:55] Sec 複合体によるタンパク質膜透過の 1 ユニット動態観察

Dynamic observation of Sec protein translocation by High speed-AFM

○塚崎 智也¹ (Tomoya Tsukazaki)、長池 航² (Wataru Nagaike)、板家 成良¹ (Seira Itaya)、
春山 隆充¹ (Takamitsu Haruyama)、菅野 泰功¹ (Yasunori Sugano)、宮崎 亮次¹ (Ryoji Miyazaki)、
市川 宗厳¹ (Muneyoshi Ichikawa)、内橋 貴之^{2,3} (Takayuki Uchihashi)

¹ 奈良先端大 (NAIST)、² 名古屋大・理 (Phys. Dep., Nagoya Univ.)、³ ExCELLS

WS11-2 [14:20] タンパク質膜透過・輸送に関わる PpiD/YfgM 複合体の *in vivo* 光架橋解析

In vivo photo-crosslinking analysis of the PpiD/YfgM complex involved in protein translocation

○宮崎 亮次¹ (Ryoji Miyazaki)、鈴木 健裕² (Takehiro Suzuki)、堂前 直² (Naoshi Dohmae)、
塚崎 智也¹ (Tomoya Tsukazaki)

¹ 奈良先端大 (NAIST)、² 理研 CSRS (RIKEN CSRS)

WS11-3 [14:40] 分子動力学計算と実験データに基づくタンパク質複合体立体構造モデリング

Protein complex structure modeling from molecular dynamics simulation and experimental data

○森 貴治 (Takaharu Mori)

理研・開拓研究本部・杉田理論分子科学 (RIKEN, CPR, Theor. Mol. Sci. Lab.)

[15:00] 休憩時間
Break time

- WS11-4** [15:10] **ゲノム構造を作るメガダルトン複合体の構造と機能の解明**
Structural and functional analysis of megadalton complexes in the dynamic genome
 ○野澤 佳世¹ (Kayo Nozawa)、胡桃坂 仁志¹ (Hitoshi Kurumizaka)、安達 成彦² (Naruhiko Adachi)
¹ 東大・定量研 (IQB, The Univ. of Tokyo)、² 高エネ研 (KEK)
- WS11-5** [15:35] **ゲノム配列から大腸菌をまるごとモデリングする**
Whole-cell modeling of a bacterial cell from genomic sequence
 ○海津 一成^{1,2} (Kazunari Kaizu)、西田 孝三¹ (Kozo Nishida)、高橋 恒一¹ (Koichi Takahashi)
¹ 理研 BDR (RIKEN BDR)、² JST さきがけ (JST PRESTO)
- WS11-6** [15:55] **複数構成因子からなる細胞機能・構造解析のための人工細胞システムの構築**
Construction of artificial cell system for analysis of multi-component cellular functions
 ○車 ゆうてつ¹ (Yutetsu Kuruma)、江藤 澄江² (Sumie Eto)、松村 るみゑ¹ (Rumie Mastumura)、
 嶋根 康弘¹ (Yasuhiro Shimane)、藤見 麻衣² (Mai Fujimi)、ベルハヌ サミュエル² (Samuel Berhanu)、
 笠間 健嗣² (Takeshi Kasama)
¹ 海洋研究開発機構 (JAMSTEC)、² 東工大・地球生命研究所 (ELSI, Titech)

[16:15] おわりに
Closing Remarks

WS12 D 会場 (202) / Room D (202)
6月9日 (木) / June 9 (Thu.) 13:50 ~ 16:20

Japanese Session

手法にこだわって、クライオ電子顕微鏡を使いこなす！
Be fastidious about the methodology and master cryo-electron microscopy!

共催：アマゾン ウェブ サービス ジャパン合同会社

近年になり、国内でも最新鋭クライオ電子顕微鏡の導入や、データ測定の効率化と自動化が進み、急速に単粒子クライオ電顕法の利用が広がっている。クライオ電子顕微鏡での構造解析においては手法にこだわった創意工夫が時として、高分解能化や効率化など様々な問題を解決するためのブレイクスルーに繋がる。本ワークショップでは、構造解析の成功へと繋がった「こだわりの手法」を研究者が持ち寄り、構造解析の成功体験を紹介する。

Recently, many high-end cryo-EMs have been installed in Japan, the efficiency and automation of data acquisition has been improved, and the users are increasing. With cryo-EM, being fastidious about the methodology often leads to breakthroughs. Here, presenters will share the "ingenuity" that led to the success of their structural analysis.

オーガナイザー：守屋 俊夫（高エネルギー加速器研究機構）、横山 武司（東北大学）
 Organizers：Toshio Moriya (High Energy Accelerator Research Organization), Takeshi Yokoyama (Tohoku Univ.)

- WS12-1** [13:50] **AWS ParallelCluster をハブとしたクライオ電子顕微鏡単粒子解析現場の IoT 化**
IoT of cryo-EM single particle analysis field using AWS ParallelCluster as a hub
 ○守屋 俊夫 (Toshio Moriya)
 高エネ研 (KEK)
- WS12-2** [14:15] **クラウド HPC によるスケーラブルな計算基盤を用いたクライオ電子顕微鏡単粒子解析手法**
Architecture of CryoEM Single Particle Analysis Workflow on Cloud HPC Environment
 ○宮本 大輔 (Daisuke Miyamoto)
 アマゾンウェブサービスジャパン合同会社 (Amazon Web Services Japan G.K.)

WS12-3 [14:40] **GraFix 法を用いた化学架橋による不安定なタンパク質複合体のクライオ電顕単粒子解析**
Cryo-EM single particle analysis of unstable protein complex by chemical cross-linking using GraFix method

○加藤 公見¹ (Koji Kato)、長尾 遼¹ (Ryo Nagao)、秋田 総理¹ (Fusamichi Akita)、
 宮崎 直幸² (Naoyuki Miyazaki)、沈 建仁¹ (Jian-Ren Shen)

¹ 岡大・異分野基礎研 (RIIS, Okayama Univ.)、² 筑波大・TARA (TARA, Univ. of Tsukuba)

WS12-4 [15:05] **多様な試料の構造解析への対応に向けた、クライオ電子顕微鏡構造解析の実践**
For structural analyses of the large varieties of macromolecular assemblies by cryo-electron microscopy

○横山 武司^{1,2} (Takeshi Yokoyama)

¹ 東北大・生命 (Grad Sch. of Life Sciences, Tohoku Univ.)、² 東北大・INGEM (INGEM, Tohoku Univ.)

WS12-5 [15:30] **螺旋分子複合体の単粒子解析：フィロウイルス核タンパク質-RNA 複合体の構造解析を例に**
Helical reconstruction in single particle analysis: A case study of the filovirus nucleoprotein-RNA complex

○藤田 陽子^{1,2} (Yoko Fujita-Fujiharu)、杉田 征彦^{2,3} (Yukihiko Sugita)、野田 岳志^{1,2} (Takeshi Noda)

¹ 京大・院・生命 (Grad. Sch. of Biostudies, Kyoto Univ.)、² 京大・医生物研 (Ins. for Life and Med. Sci., Kyoto Univ.)、

³ 京大・白眉センター (Hakubi Center, Kyoto Univ.)

WS12-6 [15:55] **柔軟なタンパク質の構造解析のための工夫**
Tips for structural analysis of flexible structure by single particle cryo-EM

○岸川 淳一 (Jun-ichi Kishikawa)

阪大・蛋白質研 (IPR, Osaka Univ.)

WS13 E 会場 (中ホール 200) / Room E (Medium hall 200)
 6 月 9 日 (木) / June 9 (Thu.) 13:50 ~ 16:20

Japanese Session

動的溶液環境が駆動する天然変性タンパク質の自己凝縮過程

Self-condensation of intrinsically disordered proteins driven by dynamic solution environments

特定の立体構造を持たない天然変性タンパク質が、その周囲を取り巻く溶液環境に応答して、液-液相分離やアミロイド線維化することがわかってきた。この一連の自己凝縮過程は、タンパク質分子が原子レベルでの相互作用を介して、細胞レベルの巨視的な凝縮体を形成する現象である。本ワークショップでは、天然変性タンパク質の自己凝縮過程における原子・分子・細胞の各階層における最新の研究成果と、今後の展開について議論する。

Intrinsically disordered proteins undergo liquid-liquid phase separation and amyloid fibrillation in response to the surrounding solution environment. This series of self-condensation processes is a phenomenon in which proteins interact with each other at the atomic level to form macroscopic condensates at the cellular level. In this workshop, we will discuss the latest results and future developments of the self-condensation process.

オーガナイザー：関山 直孝 (京都大学)、菅瀬 謙治 (京都大学)
 Organizers: Naotaka Sekiyama (Kyoto Univ.), Kenji Sugase (Kyoto Univ.)

[13:50] **はじめに**
Opening Remarks

○関山 直孝 (Naotaka Sekiyama)

京都大学 (Kyoto Univ.)

- WS13-1** [13:53] **生体分子の溶媒和理論によるタンパク質の構造と機能に関する研究**
Theoretical study of protein structure and function based on the solvation theory of biomolecules
 ○吉田 紀生^{1,2} (Norio Yoshida)
¹ 九大・理 (Grad. School of Sci., Kyushu Univ.), ² 名大・情報 (Grad. School of Info., Nagoya Univ.)
- WS13-2** [14:17] **流れによる物理的摂動が駆動するタンパク質のアミロイド線維化機構**
Mechanism of amyloid fibrillation of a protein driven by flow-induced physical perturbation
 ○菅瀬 謙治¹ (Kenji Sugase)、岩川 直都¹ (Naoto Iwakawa)、今田 航輔¹ (Kosuke Imada)、
 森本 大智¹ (Daichi Morimoto)、ヴァリンド エリック² (Erik Walinda)
¹ 京大・工 (Grad. Sch. Eng., Kyoto Univ.), ² 京大・医 (Grad. Sch. Med., Kyoto Univ.)
- WS13-3** [14:41] **ラマンイメージングを用いた液液相分離・分子夾雑環境の定量**
Quantification of liquid-liquid phase separation and molecular crowding using Raman imaging
 ○中林 孝和 (Takakazu Nakabayashi)
 東北大院・薬 (Grad. Sch. Pharmaceut. Sci., Tohoku Univ.)
- WS13-4** [15:05] **TIA-1 プリオン様ドメインの ALS 関連変異は高度に凝縮した病原体構造を引き起こす**
ALS mutations in the TIA-1 prion-like domain trigger highly condensed pathogenic structures
 ○関山 直孝¹ (Naotaka Sekiyama)、高場 圭章² (Kiyofumi Takaba)、眞木 さおり² (Saori Maki-Yonekura)、
 赤木 謙一³ (Ken-ichi Akagi)、大谷 寧子¹ (Yasuko Ohtani)、今村 香代¹ (Kayo Imamura)、
 寺川 剛¹ (Tsuyoshi Terakawa)、山下 恵太郎⁴ (Keitaro Yamashita)、米倉 功治² (Koji Yonekura)、
 児玉 高志¹ (Takashi Kodama)、朽尾 豪人¹ (Hidehito Tochio)
¹ 京大・理・生物物理 (Dept. of Biophysics, Grad Sch. of Science, Kyoto Univ.),
² 理研・放射光科学研究センター (RIKEN SPring-8 Center)、³ 医薬基盤・健康・栄養研究所 (NIBIO)、
⁴ MRC 分子生物学研究所 (MRC Laboratory of Molecular Biology)
- WS13-5** [15:29] **生きた細胞という反応容器内の蛋白質ダイナミクスを見る・操る**
Cell as a dynamic container: watching and manipulating protein dynamics inside living cells
 ○中村 秀樹^{1,2} (Hideki Nakamura)
¹ 京大・白眉センター (Hakubi center, Kyoto Univ.),
² 京大・工・合成生物化学 (Dept. Synth. Biol. Chem., Sch. of Eng., Kyoto Univ.)
- WS13-6** [15:53] **天然変性タンパク質の産生・凝集と神経変性疾患**
Production and aggregation of intrinsically disordered proteins in neurodegenerative diseases
 ○森 康治 (Kohji Mori)
 阪大・医・精神医学 (Psychiatry, Osaka University)
- [16:17] **おわりに**
Closing Remarks
 ○菅瀬 謙治 (Kenji Sugase)
 京都大学 (Kyoto Univ.)