

一般口頭発表 / Oral Session

01

D 会場 (202) / Room D (202)
6月7日 (火) / June 7 (Tue.) 9:15 ~ 11:15

Japanese / English Session

一般口頭発表 1 / Oral Session 1 物性・フォールディング / Biophysics, Protein folding

座長：古賀 信康（自然科学研究機構 分子科学研究所）、井上 圭一（東京大学）

Chairs : Nobuyasu Koga (IMS), Keiichi Inoue (The University of Tokyo)

01-01 [9:15] レドックス依存的相分離制御の理解

Understanding the redox-dependent phase separation control

- 鈴木 琴乃^{1,2} (Koton Suzuki)、金村 進吾³ (Shingo Kanemura)、渡部 マイ² (Mai Watabe)、
稲葉 謙次^{1,4} (Kenji Inaba)、奥村 正樹^{1,2} (Masaki Okumura)

¹ 東北大・生命 (Grad. Sch. of Life Sci., Tohoku Univ.)、² 東北大・学際科学フロンティア研 (FRIS, Tohoku Univ.)、

³ 関学大・理 (Sch. of Sci., Kwansei Gakuin Univ.)、⁴ 東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)

01-02 [9:27] インスリン分解酵素による基質インスリンの分解機構の理解

Elucidating the degradation mechanism of insulin by IDE

- 倉持 円来¹ (Tsubura Kuramochi)、金村 進吾¹ (Shingo Kanemura)、古川 蘭¹ (Ran Furukawa)、
山口 宏¹ (Hiroshi Yamaguchi)、荒井 堅太² (Kenta Arai)、李 映昊³ (Young-Ho Lee)、
奥村 正樹⁴ (Masaki Okumura)

¹ 関学大・理工 (Sch. of Sci. and Tech., Kwansei Gakuin Univ.)、² 東海大・理 (Sch. of Sci., Tokai Univ.)、

³ 韓国基礎科学支援研究院 (KBSI)、⁴ 東北大・学際科学フロンティア研 (FRIS, Tohoku Univ.)

01-03 [9:39] 酸化型ガレクチン1の分子構造基盤

Structural and functional molecular basis of oxidized galectin-1

- 金村 進吾¹ (Shingo Kanemura)、岡田 莉奈¹ (Rina Okada)、黒井 邦巧² (Kunisato Kuroi)、
松崎 元紀³ (Motonori Matsusaki)、齋尾 智英³ (Tomohide Saio)、山口 宏¹ (Hiroshi Yamaguchi)、
伊藤 大⁴ (Dai Ito)、李 映昊⁵ (Young-Ho Lee)、中林 孝和⁶ (Takakazu Nakabayashi)、
稲葉 謙次⁷ (Kenji Inaba)、奥村 正樹⁸ (Masaki Okumura)

¹ 関学大・理 (Sch. of Sci., Kwansei Gakuin Univ.)、² 神院大・薬 (Fac. of Pharm. Sci., Kobe Gakuin Univ.)、

³ 徳大・先端酵素研 (Inst. Adv. Med. Sci., Tokushima Univ.)、⁴ 大邱慶北科学技術大・脳認知科学 (DGIST)、

⁵ 韓国基礎科学支援研究院 (KBSI)、⁶ 東北大・薬 (Fac. of Pharm. Sci., Tohoku Univ.)、

⁷ 東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)、⁸ 東北大・学際研 (FRIS, Tohoku Univ.)

01-04 演題取り下げ / Withdrawn

01-05 [10:03] 天然変性領域の局所構造が Sup35 の液 - 液相分離の環境応答性を決定する

A local structure of intrinsically disordered region governs the environmental response of Sup35 liquid-liquid phase separation

- 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)

- 01-06** [10:15] カチオンチャネルロドプシン C1C2 のチャネル開閉におけるレチナールの構造変化とプロトン移動の役割
Role of conformational change of retinal chromophore and proton transfer in channel opening and closing of cation channel rhodopsin C1C2
 ○井上 圭一¹ (Keiichi Inoue)、柴田 桂成¹ (Keisei Shibata)、小田 和正² (Kazumasa Oda)、
 西澤 知宏² (Tomohiro Nishizawa)、挾間 優治¹ (Yuji Hazama)、小野 稜平^{1,3} (Ryohei Ono)、
 濡木 理² (Osamu Nureki)、秋山 英文¹ (Hidefumi Akiyama)
¹ 東大・物性研 (ISSP, The Univ. of Tokyo)、² 東大・理・生物科学 (Grad. Sch. Sci., The Univ. of Tokyo),
³ 群馬大・理工・環境創生理工 (Grad. Ach. Sci. & Tech., Gunma Univ.)
- 01-07** [10:27] A β 40 と A β 42 の凝集過程の違いに関する研究
Study on the difference in aggregation process between A β 40 and A β 42
 ○伊藤 晓^{1,2,3} (Satoru G. Itoh)、矢木 真穂^{1,2,3,4} (Maho Yagi-Utsumi)、加藤 晃一^{1,2,3,4} (Koichi Kato)、
 奥村 久士^{1,2,3} (Hisashi Okumura)
¹ 分子研 (IMS)、² ExCELLS、³ 総研大 (SOKENDAI)、⁴ 名市大 (Nagoya City Univ.)
- 01-08** [10:39] ペリプラズム分子シャペロン HdeA/HdeB の線維化反応における構造多様性
Structural polymorphism of fibrils formed by periplasmic molecular chaperones
 ○溝端 知宏 (Tomohiro Mizobata)、東末 剛己 (Gouki Tosue)、北崎 悠人 (Yuuto Kitazaki)、
 金岡 瞳 (Hitomi Kanaoka)、本郷 邦広 (Kunihiro Hongo)、河田 康志 (Yasushi Kawata)
 鳥取大 (Tottori Univ.)
- 01-09** [10:51] 人工タンパク質 AF.2A1 はストレスをうけた抗体 IgG が普遍的の持つ重鎖 C 末端の局所的な変性構造を認識する
The artificial protein, AF2A1, recognizes local disorder of the C-terminal segment of the heavy chain as a common sign of stressed IgG
 ○宮房 孝光¹ (Takamitsu Miyafusa)、渡邊 秀樹² (Hideki Watanabe)、千賀 由佳子² (Yukako Senga)、
 広田 潔憲² (Kiyonori Hirota)、本田 真也² (Shinya Honda)
¹ 産総研・生物プロセス (Bio-production RI, AIST)、² 産総研・バイオメディカル (Biomedical RI, AIST)
- 01-10** [11:03] 強酸が促進する β 2ミクログロブリンのアミロイド線維形成
Strong acids induce amyloid fibril formation of β 2-microglobulin
 ○山口 圭一¹ (Keiichi Yamaguchi)、蓮尾 健史郎² (Kenshiro Hasuo)、宗 正智² (Masatomo So)、
 池中 建介³ (Kensuke Ikenaka)、望月 秀樹³ (Hideki Mochizuki)、後藤 祐児¹ (Yuji Goto)
¹ 阪大・国際医工 (MEI, Osaka Univ.)、² 阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)、³ 阪大・医 (Grad. Sch. of Med., Osaka Univ.)

一般口頭発表 2 / Oral Session 2

計算科学・情報科学 / Computation/Information science

座長：川端 猛（東北大学）、森 義治（神戸大学）

Chairs : Takeshi Kawabata (Tohoku University), Yoshiharu Mori (Kobe University)

02-01 [13:20] FMODB データ収集：高分解能 X 線結晶構造データに対する量子化学計算**FMODB data collection: Quantum chemical calculation of high-resolution X-ray crystal structure data**

- 渡邊 千鶴^{1,2} (Chiduru Watanabe)、神坂 紀久子¹ (Kikuko Kamisaka)、今井 恭平³ (Kyohei Imai)、滝本 大地³ (Daichi Takimoto)、斎藤 涼祐³ (Ryosuke Saito)、栗田 典之³ (Noriyuki Kurita)、岡山 友樹⁴ (Yuki Okayama)、宮嶋 起徳⁴ (Tatsunori Miyajima)、吉本 耀⁴ (Hikari Yoshimoto)、原田 一真⁴ (Kazuma Harada)、川下 理日人⁴ (Norihito Kawashita)、藤井 真靖⁵ (Masayasu Fujii)、森 義治⁵ (Yoshiharu Mori)、田中 成典⁵ (Shigenori Tanaka)、本間 光貴¹ (Teruki Honma)、福澤 薫⁶ (Kaori Fukuzawa)

¹ 理研 BDR (RIKEN BDR)、²JST さきがけ (JST PRESTO)、³ 豊橋技科大 (Toyohashi Univ. Tech.)、⁴ 近畿大 (KINDAI Univ.)、⁵ 神戸大シス情 (Kobe Univ.)、⁶ 星薬科大 (Hoshi Univ.)**02-02 [13:32] HSV ウィルステグメントタンパク質 VP16 に対する転写因子 PC4 の天然変性領域の結合メカニズムの検討****Simulation study of binding mechanism between intrinsically disordered region of transcription factor PC4 and HSV tegument protein VP16**

- 謝 祺琳¹ (Qilin Xie)、中野 雄大¹ (Yuta Nakano)、酒井 佑介¹ (Yusuke Sakai)、笠原 浩太² (Kota Kasahara)、肥後 順一³ (Junichi Higo)、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.)、³ 立命館大・総研機構 (Res. Org. Sci. Tech., Ritsumeikan Univ.)

02-03 [13:44] 拡張アンサンブル手法を用いた中分子シクロスボリン A と E の動的構造探索**Conformational search of cyclosporin A and E using enhanced sampling method**

- 浴本 亨¹ (Toru Ekimoto)、伊藤 朱里¹ (Akai Ito)、山根 努² (Tsutomu Yamane)、池口 満徳^{1,2} (Mitsunori Ikeguchi)
- ¹ 横浜市大・生命医 (Yokohama City Univ.)、² 理研 (Riken)

02-04 [13:56] PaCS-MD/MSM 法を用いたキナーゼ複合体の結合速度論解析**Binding Kinetics of Kinase Complexes by PaCS-MD/MSM**

- 竹村 和浩 (Kazuhiro Takemura)、北尾 彰朗 (Akio Kitao)
- 東工大・生命理工 (Sch. LST, Tokyo Tech)

02-05 [14:08] 蛋白質一金属錯体コンポジット構造研究における実験と計算**Experiments and Computation in Structural study of protein-metal complex composites**

- 秋津 貴城¹ (Takahiro Akitsu)、中根 大輔¹ (Daisuke Nakane)、北西 健一¹ (Kenichi Kitanishi)、海野 昌喜² (Masaki Unno)

¹ 東理大・理・化 (Dept. of Chem., Fac. of Sci., Tokyo Univ. of Sci.)、² 茨城大・院理工 (Grad. Sch. of Sci. and Eng., Ibaraki Univ.)**02-06 [14:20] 分子動力学法による自己集合性ペプチドの配列最適化****Sequence optimization of self-assembly peptides by molecular dynamics**

- 佐藤 宏哉¹ (Koya Sato)、笠原 浩太² (Kota Kasahara)、今村 比呂志² (Hiroshi Imamura)、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.)

- 02-07** [14:32] 分子動力学計算によるトリプトファン合成酵素におけるアロステリック機構の解明
Molecular dynamics study on the allosteric mechanism of tryptophan synthase
 ○伊東 真吾 (Shingo Ito)、八木 清 (Kiyoshi Yagi)、杉田 有治 (Yuji Sugita)
 理研・杉田研 (RIKEN, TMSL)
- 02-08** [14:44] 蛋白質の荷電性残基が液 - 液相分離に及ぼす影響に関する粗視化分子動力学法による検討
A Coarse-Grained Molecular Dynamics Study of the Effect of Charged Residues of Proteins on Liquid-Liquid Phase Separation
 ○栗木 裕次¹ (Yuji Kuriki)、笠原 浩太² (Kota Kasahara)、肥後 順一³ (Junichi Higo)、
 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.),
³兵庫県立大・院・シミュレーション (Grad. Sch. Simulation Studies. Univ. Hyogo.)
- 02-09** [14:56] 統計熱力学計算と進化分子工学を融合した GPCR 耐熱化置換体の構築手法の開発
A methodology for creating thermo-stabilized GPCR mutants by combining statistical thermodynamics and evolutionary molecular engineering
 ○安田 賢司^{1,2,3} (Satoshi Yasuda)、菅谷 幹奈¹ (Kanna Sugaya)、佐藤 憲吾¹ (Shingo Sato)、
 藤木 祐美¹ (Yumi Fujiki)、陳 思思^{1,2} (Si Si Chen)、林 智彦⁵ (Tomohiko Hayashi)、
 小笠原 諭^{1,2,3} (Satoshi Ogasawara)、木下 正弘^{1,2,4} (Masahiro Kinoshita)、村田 武士^{1,2,3} (Takeshi Murata)
¹千葉大・院・理学 (Dept. of Chem., Grad. Sch. of Sci., Chiba Univ.), ²膜タンパク質研究センター (MPRC, Chiba Univ.),
³分子キラリティー研究センター (MCRC, Chiba Univ.), ⁴京大・エネ理工 (IAE, Kyoto Univ.),
⁵新潟大・工学 (Fac. of Eng., Niigata Univ.)
- 02-10** [15:08] 静電相互作用計算を高速化した自由エネルギー摂動法の開発
Development of the free-energy perturbation method for fast computation of electrostatic interactions
 ○尾嶋 拓¹ (Hiraku Oshima)、杉田 有治^{1,2,3} (Yuji Sugita)
¹理研・BDR (RIKEN BDR)、²理研・R-CCS (RIKEN R-CCS)、³理研・CPR (RIKEN CPR)
- 02-11** [15:20] AlphaFold と分子シミュレーションによる耐酸性カルシウムイオンバイオセンサーの合理デザイン
Rational Design of an Acid-Tolerant Calcium Ion Biosensor by AlphaFold and Molecular Simulation
 ○岡崎 圭一¹ (Kei-ichi Okazaki)、酒井 伸弥² (Shinya Sakai)、松田 知己² (Tomoki Matsuda)、
 永井 健治² (Takeharu Nagai)
¹分子研 (IMS)、²阪大・産研 (Sanken, Osaka Univ.)
- 02-12** [15:32] 粗視化モデルによる気相構造解析 : H2A-H2B ニ量体への適用
Gas-phase structural analysis using coarse-grained model: 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^{2,3} (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.)

一般口頭発表 3 / Oral Session 3

構造生物学 / Structural biology

座長：庄村 康人（茨城大学）、中村 順（学習院大学）

Chairs : Yashuhito Shomura (Ibaraki University), Akira Nakamura (Gakushuin University)

- 03-01** [10:10] アルギナーゼ阻害剤を加水分解するためアルギナーゼのフレームワークを用いた DcsB の触媒機構
Catalytic Mechanism of DcsB: Arginase Framework Used for Hydrolyzing Its Inhibitor

○小田 康祐¹ (Kosuke Oda)、的場 康幸² (Yasuyuki Matoba)

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

- 03-02** [10:22] オンライン SEC ネイティブ質量分析の構築
Development of native mass spectrometry coupled to size exclusion chromatography
- 七種 和美 (Kazumi Saikusa)、絹見 朋也 (Tomoya Kinumi)、加藤 愛 (Megumi Kato)
 産総研 (AIST)

- 03-03** [10:34] HNMT 阻害剤複合体構造解析のためのハイスループットな結晶構造解析スクリーニングシステム構築への取り組み
High-throughput crystallization screening system for the structural analysis of HNMT inhibitor complexes

○五代 乃々花^{1,2} (Nonoka Godai)、坂井 直樹¹ (Naoki Sakai)、松浦 澄明¹ (Hiroaki Matsuura)、上野 剛¹ (Go Ueno)、吾郷 日出夫^{1,2} (Hideo Ago)、竹下 浩平¹ (Kohei Takeshita)、山本 雅貴^{1,2} (Masaki Yamamoto)

¹ RIKEN SPring-8 Center, 生物系 BL 基盤 Gr. (Life Scie. Res. Infrastruct. Gr., Adv. Phot. Tech. Div., RIKEN SPring-8 Center),
² 兵庫県立大, 生体高分子動的構造 (Dynam. and X-ray Crystal., Grad. Sch. of Life Scie., Univ. of Hyogo)

- 03-04** [10:46] ペプチドヒスチジンプレニル基転移酵素による基質認識の構造基盤
Structural basis for the substrate recognition of a peptide histidine prenyltransferase
- 濱田 恵輔¹ (Keisuke Hamada)、Yuchen Zhang²、Dinh Thanh Nguyen²、井上 澄香² (Sumika Inoue)、佐竹 真幸² (Masayuki Satake)、小林 俊介¹ (Shunsuke Kobayashi)、岡田 千佳子¹ (Chikako Okada)、岡田 正弘³ (Masahiro Okada)、後藤 佑樹² (Yuki Goto)、菅 裕明² (Hiroaki Suga)、緒方 一博¹ (Kazuhiro Ogata)、仙石 徹¹ (Toru Sengoku)

¹ 横市大・院医・生化学 (Dept. of Biochem. Grad. Sch. of Med. Yokohama City Univ.),

² 東大・院理・化学 (Dept. of Chem. Grad. Sch. of Sci. The Univ. of Tokyo),

³ 神奈川大・工・物質生命化学 (Dept. of Material and Life Chem. Kanagawa Univ.)

- 03-05** [10:58] 脂質がアデノシン A2A 受容体の活性を制御する機構の解明
Activation of adenosine A2A receptor by lipids revealed by NMR

○上田 卓見¹ (Takumi Ueda)、水村 拓也¹ (Takuya Mizumura)、近藤 啓太¹ (Keita Kondo)、栗田 政稔¹ (Masatoshi Kurita)、幸福 裕¹ (Yutaka Kofuku)、夏目 芽衣¹ (Mei Natsume)、今井 俊輔^{1,2} (Shunsuke Imai)、白石 勇太郎^{1,2} (Yutaro Shiraishi)、嶋田 一夫^{1,2} (Ichio Shimada)

¹ 東大・院・薬 (Grad. Sch. Pharm. Sci. The Univ. of Tokyo)、² 理研・BDR (RIKEN BDR)

- 03-06** [11:10] Cu/Zn スーパーオキシドディスマターゼにおける金属イオン結合機構に関するネイティブ質量分析による解析
Metal binding mechanism of Cu/Zn-superoxide dismutase revealed by native mass spectrometry

明石 知子¹ (Satoko Akashi)、田尻 道子¹ (Michiko Tajiri)、○古川 良明² (Yoshiaki Furukawa)

¹ 横浜市大・生命医科 (Grad Sch. Med. Life Sci., Yokohama City Univ.)、² 慶應義塾大・理工 (Dep. Chem., Keio Univ.)

03-07

[11:22] グルコシド配糖体をアクセプターとする新規糖転移酵素の機能構造相関

Structure-function relationship of a novel glycosyltransferase acting on glucosides as acceptors

小林 海渡¹ (Kaito Kobayashi)、清水 久佳¹ (Hisaka Shimizu)、田中 信清¹ (Nobukiyo Tanaka)、倉持 幸司¹ (Kouji Kuramochi)、中井 博之² (Hiroyuki Nakai)、○中島 将博¹ (Masahiro Nakajima)、田口 速男¹ (Hayao Taguchi)

¹ 東理大・応生 (Dept. of Appl. Biol. Sci., TUS)、² 新潟大・農 (The Faculty of Agric. Niigata Univ.)

03-08

[11:34] 小角散乱及び中性子準弾性散乱による Hef-IDR の構造・ダイナミクス解析

Analysis of structure and dynamics of Hef-IDR as studied by small-angle scattering and quasielastic neutron scattering

○井上 倫太郎¹ (Rintaro Inoue)、小田 隆² (Takashi Oda)、中川 洋³ (Hiroshi Nakagawa)、富永 大輝⁴ (Taiki Tominaga)、川北 至信⁵ (Yukinobu Kawakita)、佐藤 衛⁶ (Mamoru Sato)、杉山 正明¹ (Masaaki Sugiyama)

¹ 京大 (Kyoto Univ.)、² 立教大 (Rikkyo Univ.)、³ 原研 (JAEA)、⁴ 総合科学研究機構 (CROSS)、⁵J-PARC MLF、⁶ 横浜市大 (Yokohama City Univ.)

03-09

[11:46] AlphaFold2 を用いた複合体構造予測におけるドッキングについて

On docking in complex structure prediction using AlphaFold2

○長尾 悠大 (Yudai Nagao)

明治大・理工・物理 (Dept. of Phys., Grad Sch. of Sci and Tech., Meiji Univ.)

03-10

[11:58] ネッタイシマカの脱皮ホルモン合成制御因子 Noppera-bo に対する阻害剤の作用機序に関する構造生物学的研究

Structural biology study on the mechanism of action of inhibitors on Noppera-bo, a molting hormone biosynthesis regulator of Aedes aegypti

○海老原 佳奈¹ (Kana Ebihara)、稲葉 和恵² (Kazue Inaba)、千田 美紀³ (Miki Senda)、小祝 孝太郎³ (Kotaro Koiwai)、高谷 大輔⁴ (Daisuke Takaya)、渡邊 千鶴⁴ (Chiduru Watanabe)、安孫子 ユミ⁵ (Yumi Abiko)、今村 理世⁶ (Riyo Imamura)、岡部 隆義⁶ (Takayoshi Okabe)、小島 宏建⁶ (Hirotatsu Kojima)、佐久間 知佐子⁷ (Chisako Sakuma)、嘉穂 洋陸⁷ (Hirotaka Kanuka)、藤川 雄太⁸ (Yuuta Fujikawa)、井上 英史⁸ (Hideshi Inoue)、本間 光貴⁴ (Teruki Honma)、千田 俊哉³ (Toshiya Senda)、丹羽 隆介⁹ (Ryuusuke Niwa)

¹ 筑波大・理工情報生命 (Graduate School of Sci. and Tech., Univ. of Tsukuba),

² 筑波大・生命環境 (Graduate School of Life and Env. Sci., Univ. of Tsukuba),

³ 高エネ研・物構研・構造生物 (SBRC, IMSS, KEK),

⁴ 理化学研究所 生命機能科学研究センター 制御分子設計研究チーム (Center for Biosystems Dynamics Research, RIKEN),

⁵ 筑波大・医学医療 (Graduate School of Comprehensive Human Sciences Majors of Medical Sciences, Univ. of Tsukuba),

⁶ 東大・創薬機構 (DDI, Univ. of Tokyo),

⁷ 慈恵医大・熱帯医学 (Department of Tropical Medicine, Center for Medical Entomology, The Jikei University School of Medicine),

⁸ 東京薬大・生命科学 (School of Life Sciences, Tokyo University of Pharmacy and Life sciences),

⁹ 筑波大・TARA センター (Life Science Center of TARA, Univ. of Tsukuba)

一般口頭発表 4 / Oral Session 4

物性・フォールディング / Biophysics, Protein folding

座長：齋尾 智英（徳島大学）、田中 俊一（京都府立大学）

Chairs : Tomohide Saio (Tokushima University), Shun-ichi Tanaka (Kyoto Prefectural University)

- 04-01** [10:10] **Engineering the beta-sandwich domain 1 of a hyperthermophile for improved soluble expression for novel binding**

○ Chukwuebuka Maxwell Ononugbo、Masahide Nagao、Hidekazu Kishi、Noriko Yamano-Adachi、Yuichi Koga、Takeshi Omasa

Dept. of Biotech., Grad. Sch. Eng., Osaka Univ.

- 04-02** [10:22] **残基特異的な熱力学・速度論解析が明らかにする nukacin ISK-1 の構造変換機構**

Mechanism of topological interconversion of the nukacin ISK-1 revealed by residue-specific thermodynamic and kinetic analyses

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

九大・生医研・構造生物 (Struct. Biol., Med. Inst. Bioreg., Kyushu Univ.)

- 04-03** [10:34] **ヌクレオソーム DNA の配列依存的アンラッピングの FRET 解析**

FRET analysis of sequence dependence of nucleosomal DNA unwrapping

○ 角南 智子 (Tomoko Sunami)、河野 秀俊 (Hidetoshi Kono)

量研機構・量子生命 (MMS, iQLS, QST)

- 04-04** [10:46] **顆粒球コロニー刺激因子の局所的に不規則変化した構造の探索**

Exploration for local disordered structure of granulocyte colony-stimulating factor by molecular dynamics simulation

○ 渋谷 理紗^{1,2} (Risa Shibuya)、山守 優³ (Yu Yamamori)、富井 健太郎^{2,3} (Kentaro Tomii)、本田 真也^{1,2} (Shinya Honda)

¹ 産総研・バイオメディカル (AIST, BMRI),

² 東大・新領域・メティカル情報生命 (CBMS, Grad. Sch. of Fro., The Univ. of Tokyo),

³ 産総研・人工知能研究センター (AIST, AIRC)

- 04-05** [10:58] **液 - 液相分離会合体の分子取り込みと並進拡散運動に関する分子文法解析**

Molecular grammar characterization of recruitment and translational dynamics of liquid-liquid phase separation

○ 鎌形 清人¹ (Kiyoto Kamagata)、岩城 奈々子¹ (Nanako Iwaki)、Levy Yaakov²

¹ 東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)、² ワイズマン研究所 (Weizmann Institute of Science)

- 04-06** [11:10] **Insertion loop-mediated folding propagation of Tk-subtilisin, which governs efficient maturation in high-temperature environments**

○ 田中 俊一¹ (Shun-ichi Tanaka)、上原 了² (Ryo Uehara)、段 奈々子³ (Nanako Dan)、

雨坂 心人¹ (Hiroshi Amesaka)、吉澤 拓也³ (Takuya Yoshizawa)、古賀 雄一⁴ (Yuichi Koga)、

金谷 茂則⁴ (Shigenori Kanaya)、高野 和文¹ (Kazufumi Takano)、松村 浩由³ (Hiroyoshi Matsumura)

¹ 京都府大・院生環 (Grad. Sch. of Life Env. Sci., Kyoto Pref. Univ.), ² 愛知がんセンター研 (Aichi Cancer Center Res. Inst.),

³ 立命館大・生命・生工 (Dept. of Biotech., Fac. of Life Sci., Ritsumeikan Univ.),

⁴ 大阪大・院工・物生 (Dept. of Material & Life Sci., Grad. Sch. of Eng., Osaka Univ.)

- 04-07** [11:22] **Photoactive Yellow Protein における 52 位を酸性アミノ酸残基に置換した時のプロトン化状態**

Protonation state of 52nd position replaced to an acidic amino acid residue in Photoactive Yellow Protein

○ 米澤 健人¹ (Kento Yonezawa)、山崎 洋一² (Yoichi Yamazaki)、片岡 幹雄² (Mikio Kataoka)、

上久保 裕生^{1,2} (Hironari Kamikubo)

¹ 奈良先端大・デジタルグリーンイノベーションセンター (NAIST, CDG)、² 奈良先端大・物質 (NAIST, MS)

04-08 [11:34] The Effect of Molecular Weight on the Formation of Fibroin Precursor and Nanofiber

- 曾国森¹ (Kok Sim Chan)、米澤 健人² (Kento Yonezawa)、佐藤 健大³ (Takehiro Sato)、山崎 洋一¹ (Yoichi Yamazaki)、藤間 祥子¹ (Sachiko Toma-Fukai)、上久保 裕生^{1,2} (Hironari Kamikubo)

¹Division of Materials Science, Graduate School of Science and Technology, Nara Institute of Science and Technology,

²Center for Digital Green-innovation, Nara Institute of Science and Technology, ³Spiber Inc.

04-09 [11:46] Src Kinase inhibitor binding free energy landscape sampled by Molecular-dynamics simulations: effect of ligand size and flexibility

- 信夫 愛¹ (Ai Shinobu)、李 秀栄² (Suyong Re)、杉田 有治¹ (Yuji Sugita)

¹理研 (RIKEN)、² 国立研究開発法人医薬基盤・健康・栄養研究所 (NIBIOHN)

04-10 [11:58] 夾雜環境におけるβ2ミクログロブリン線維形成反応と透析アミロイドーシス発症リスク**Amyloid fibril formation of β2-microglobulin in a crowded milieu and onset risk of dialysis-related amyloidosis**

- 中島 吉太郎¹ (Kichitaro Nakajima)、山口 圭一¹ (Keiichi Yamaguchi)、山本 卓² (Suguru Yamamoto)、後藤 裕児¹ (Yuji Goto)

¹阪大・国際医工 (Global Center for Med. Eng. Info., Osaka Univ.)、²新潟大・医 (Grad. Sch. Med. Dent. Sci., Niigata Univ.)

05

E会場 (中ホール 200) / Room E (Medium hall 200)
6月8日 (水) / June 8 (Wed.) 10:10 ~ 12:10

Japanese / English Session

一般口頭発表 5 / Oral Session 5**機能解析・細胞・イメージング / Protein/Cellular functions, Imaging**

座長：小笠原 諭（千葉大学）、田辺 幹雄（高エネルギー加速器研究機構）

Chairs : Satoshi Ogasawara (Chiba University), Mikio Tanabe (High Energy Accelerator Research Organization)

05-01 [10:10] インスリン製剤由来のアミロイド形成に重要な相互作用評価**Important interactions for amyloid formation of insulin analogs**

- 土江 祐介¹ (Yusuke Tsuchie)、森 若子¹ (Wakako Mori)、リンドグレン ミカエル² (Mikael Lindgren)、パー ハマストロン³ (Hammarstrom Per)、岩屋 啓一⁴ (Keiichi Iwaya)、永瀬 晃正⁵ (Terumasa Nagase)、座古 保¹ (Tamotsu Zako)

¹愛大・理・化 (4th Dept. of Chemistry, The Univ. of Ehime)、²ノルウェー科学技術大 (NTNU)、

³リンクシヨーピン大 (Linkoping Univ)、⁴佐々木研究所 (Sasaki Inst)、

⁵東京医科大 茨城医療センター (TMU Ibaraki Med. Center)

05-02 [10:22] 病原細菌 MFS型薬剤排出トランスポーターの輸送メカニズムの考察**Structural Insights into the transport mechanism of MFS-type drug efflux transporters from pathogenic bacteria**

- 田辺 幹雄 (Mikio Tanabe)

高エネ機構・物構研・構造生物 (KEK, IMSS, SBRC)

05-03 [10:34] 新規ヒドロキシクロロキン結合タンパク質の同定とその機能解析**Identification and characterization of a novel hydroxychloroquine-binding protein**

- 刈屋 佑美 (Yumi Kariya)、今野 雅大 (Masahiro Konno)、涌井 秀樹 (Hideki Wakui)、

尾高 雅文 (Masafumi Odaka)、松村 洋寿 (Hirotoshi Matsumura)

秋田大・産学連携推進機構 (Cooperative Research Center, Akita University)

05-04 [10:46] 氷と細胞の双方に結合するタンパク質の分子機能解析**Molecular analysis of antifreeze proteins which bind to both ice-crystal and cell surfaces**

- 新井 達也¹ (Tatsuya Arai)、楊 越¹ (Yue Yang)、津田 栄² (Sakae Tsuda)、三尾 和弘³ (Kazuhiro Mio)、佐々木 裕次^{1,3} (Yuji C. Sasaki)

¹東大・新創域 (Adv. Mater. Sci., GSFS, The Univ. of Tokyo)、²産総研 (AIST)、³産総研 - 東大オペランド OIL (OPERANDO-OIL)

- 05-05** [10:58] サンゴ由来レクチンの赤血球に対する活性の制御
Regulation of the activity of lectin from coral for erythrocyte
 ○郷田 秀一郎^{1,2} (Shuichiro Goda)、上村 亮介² (Ryosuke Kamimura)、古賀 茗子² (Moeko Koga)、
 外山 謙² (Ryo Toyama)、海野 英昭² (Hideaki Unno)、畠山 智充² (Tomomitsu Hatakeyama)
¹創価大・糖鎖研 (GaLSIC, Soka Univ.)、²長崎大院・工 (Grad. Sch. of Eng., Nagasaki Univ.)
- 05-06** [11:10] CHO 細胞における抗体凝集の生細胞イメージング
Live-Cell Imaging of Intracellular Aggregation of Recombinant IgG in CHO Cells
 ○千賀 由佳子¹ (Yukako Senga)、戸井 基道¹ (Motomichi Doi)、鬼塚 正義² (Masayoshi Onitsuka)、
 本田 真也¹ (Shinya Honda)
¹産総研・バイオメディカル (Biomed. Res. Inst., AIST)、
²徳島大・社産理工研究部 (Grad. Sch. of Tech. Ind. and Soc. Sci., Tokushima Univ.)
- 05-07** [11:22] Raman fingerprints of N501Y spike protein with angiotensin-converting enzyme 2
 ○Izabela Rzeznicka¹、梶本 真司² (Shinji Kajimoto)
¹Shibaura Institute of Technology (SIT)、²東北大院・薬学研究科・生物構造化学 (Tohoku U)
- 05-08** [11:34] Reevaluation of intrinsically disordered regions of coronavirus proteins
 ○楊 銘¹ (Ming Yang)、富井 健太郎^{1,2} (Kentaro Tomii)
¹東大・新領域・メディカル情報生命 (CBMS, Grad Sch of Frontier Sci. The Univ. of Tokyo)、²産総研 (AIST)
- 05-09** [11:46] 抗体を用いた膜タンパク質の精製・機能解析システムの構築
Establishment of affinity purification and functional analyses systems for membrane proteins using monoclonal antibodies
 ○小笠原 諭^{1,2} (Satoshi Ogasawara)、陳 思思^{1,2} (SiSi Chen)、中川 史² (Fuhito Nakagawa)、
 渋谷 南美² (Minami Shibuya)、濱口 紀江² (Norie Hamaguchi)、佐久間 一輝² (Kazuki Sakuma)、
 宮下 靖臣² (Yasuomi Miyashita)、安田 賢司^{1,2} (Satoshi Yasuda)、村田 武士^{1,2} (Takeshi Murata)
¹千葉大院・理・膜タン研セ (MPRC, Grad Sch. of Sci., Chiba Univ.)、
²千葉大院・理・生体構造化学 (Biostruc. Chem., Grad Sch. of Sci., Chiba Univ.)
- 05-10** [11:58] 遺伝子つなひき法による異常翻訳停滞タンパク質の毒性評価
Cytotoxicity analysis of arrest proteins from translation fails using the genetic tug-of-war method
 ○柳澤 厚樹¹ (Atsuki Yanagisawa)、伊野部 智由² (Tomonao Inobe)
¹富山大院・医薬理工 (Grad. sch. of Pha-Med Sci., Univ. of Toyama)、
²富山大・学術研究部 (工学系) (Dept of life Sci. and bioeng., Univ. of Toyama)

06

A会場（大ホール）/ Room A (Main Convention Hall)
 6月8日（水）/ June 8 (Wed.) 14:00 ~ 16:25

Japanese / English Session

一般口頭発表 6 / Oral Session 6 構造生物学 / Structural biology

座長：村木 則文（自然科学研究機構 生命創成探究センター）、沼本 修孝（東京医科歯科大学）
 Chairs : Norifumi Muraki (ExCELLS), Nobutaka Numoto (Tokyo Medical and Dental University)

- 06-01** [14:00] 筑波大学クライオ電子顕微鏡施設紹介
Introduction of Univ. of Tsukuba Cryo-Electron Microscope Facility
 ○原田 彩佳¹ (Ayaka Harada)、千田 俊哉² (Toshiya Senda)、岩崎 憲治¹ (Kenji Iwasaki)
¹筑波大・TARA (TARA, Univ. of Tsukuba)、²高エネ機構・物構研・構造生物学研究センター (SBRC, IMSS, KEK)

- 06-02** [14:12] X線小角散乱プロファイルと粗視化分子動力学計算に基づく4ドメインタンパク質ER-60の構造研究
Structural study on four domain protein ER-60 with small angle X-ray scattering profile and coarse-grained molecular dynamics simulations
○清水 将裕 (Masahiro Shimizu)、奥田 紗 (Aya Okuda)、守島 健 (Ken Morishima)、
　　榎木 康弘 (Yasuhiro Yunoki)、井上 倫太郎 (Rintaro Inoue)、佐藤 信浩 (Nobuhiro Sato)、
　　裏出 令子 (Reiko Urade)、杉山 正明 (Masaaki Sugiyama)
京大・複合研 (Institute for Integrated Radiation and Nuclear Science, Kyoto Univ. (KURNS))
- 06-03** [14:24] 残基特異的 LFER 関係を使って蛋白質分子の構造変化の遷移状態を観る
Residue-based LFER reveals the transition states in protein structural changes
○神田 大輔¹ (Daisuke Kohda)、林 成一郎¹ (Seiichiro Hayashi)、藤波 大輔² (Daisuke Fujinami)
　　¹九大・生医研・構造生物 (Struct. Biol., Med. Inst. Bioreg., Kyushu Univ.)、
　　²静県大院・薬食生命 (Grad. Sch. Integr. Pharm. Nutr. Sci., Univ. Shizuoka)
- 06-04** [14:36] 糖代謝制御の分子機構の解明に向けた代謝産物センサータンパク質の構造解析
Structural analysis of metabolite sensor protein for elucidation of molecular mechanism of sugar metabolism regulation
○大志田 達也¹ (Tatsuya Ohshida)、加藤 龍一¹ (Ryuichi Kato)、戒能 賢太² (Kenta Kainoh)、
　　関谷 元博² (Motohiro Sekiya)
　　¹高エネ機構・物構研・構造生物 (SBRC, IMSS, KEK)、²筑波大・医学医療 (Fac. of Med., Univ. of Tsukuba)
- 06-05** [14:48] 病原性細菌由来ジペプチジルペプチダーゼのS2サブサイト特異性の構造的基盤
Structural basis for the preference at the S2 subsite of dipeptidyl peptidase from Gram negative pathogens
○中村 彰宏¹ (Akihiro Nakamura)、阪本 泰光² (Yasumitsu Sakamoto)、鈴木 義之¹ (Yoshiyuki Suzuki)、
　　六本木 沙織³ (Saori Roppongi)、志田 洋介¹ (Yosuke Shida)、田中 信忠⁴ (Nobutada Tanaka)、
　　小笠原 渉¹ (Wataru Ogasawara)
　　¹長岡科大院・工 (Grad. Sch. of Engr., Nagaoka Univ. of Tech.)、²岩手医大・薬 (Sch. of Pharm., Iwate Med. Univ.)、
　　³岩手医大・医 (Sch. of Med., Iwate Med. Univ.)、⁴北里大・薬 (Sch. of Pharm., Kitasato Univ.)
- 06-06** [15:00] 南極藻類に見つかったアップヒル型励起エネルギー移動による遠赤色光利用メカニズム
Uphill energy transfer mechanism for photosynthesis in the Antarctic alga
○小杉 真貴子¹ (Makiko Kosugi)、川崎 政人² (Masato Kawasaki)、柴田 穂³ (Yutaka Shibata)、
　　原 光二郎⁴ (Kojiro Hara)、高市 真一⁵ (Shinichi Takaichi)、安達 成彦² (Naruhiko Adachi)、
　　守屋 俊夫² (Toshio Moriya)、亀井 保博⁶ (Yasuhiro Kamei)、菓子野 康浩⁷ (Yasuhiro Kashino)、
　　小池 裕幸⁸ (Hiroyuki Koike)、千田 俊哉² (Toshiya Senda)
　　¹アストロバイオロジーセンター (Astrobiology Center, NINS)、²高エネ研 (The High Energy Accelerator Res. Org.)、
　　³東北大・院・化学 (Dept. of Chem., Tohoku Univ.)、⁴秋田県大・生物資源 (Dept. of Biol. Product., Akita Prefect. Univ.)、
　　⁵東京農大・分子微生物 (Dept. Molecul. Microbiol., Tokyo Univ. of Agricul.)、⁶基生研 (NIBB, NINS)、
　　⁷兵庫大・院・生命理 (Dept. of Life Sci., Univ. of Hyogo)、⁸中央大・理工・生命 (Dept. of Life Sci., Chuo Univ.)
- 06-07** [15:12] KEK クライオ電顕施設の運用と現状について
Operation and recent activities of the cryo-EM facility in KEK
○安達 成彦 (Naruhiko Adachi)、川崎 政人 (Masato Kawasaki)、守屋 俊夫 (Toshio Moriya)、
　　池田 聰人 (Akihito Ikeda)、山田 悠介 (Yusuke Yamada)、篠田 晃 (Akira Shinoda)、
　　千田 俊哉 (Toshiya Senda)
KEK・物構研・構造生物 (SBRC, IMSS, KEK)
- 06-08** [15:24] タンパク質モデルペプチドの水和ダイナミクスと構造相関：MD シミュレーションに基づく解析
Hydration dynamics and structural correlation of protein model peptide : Analysis based on MD simulations
○高橋 卓也¹ (Takuya Takahashi)、藤澤 太公也² (Takuya Fujisawa)、延永 慎吾² (Shingo Nobunaga)、
　　中村 優似² (Yui Nakamura)、伊納 竜太郎² (Ryutarou Inou)、笠原 浩太¹ (Kota Kasahara)
　　¹立命館大・生命・生情 (Coll. Life. Sci., Ritsumeikan Univ.)、²立命館大・院・生命 (Grad. Sch. Life Sci., Ritsumeikan Univ.)

06-09 [15:36] Integrated approach to reveal protein structure in polydisperse solution with analytical ultracentrifugation and small-angle scattering

- 守島 健 (Ken Morishima)、奥田 紗 (Aya Okuda)、佐藤 信浩 (Nobuhiro Sato)、
井上 倫太郎 (Rintaro Inoue)、清水 将裕 (Masahiro Shimizu)、榎木 康弘 (Yasuhiro Yunoki)、
裏出 令子 (Reiko Urade)、杉山 正明 (Masaaki Sugiyama)
- 京大・複合研 (KURNS, Kyoto Univ.)

06-10 [15:48] シュウドアズリン Met16X 変異体を用いたタンパク質における弱い相互作用の構造と機能の系統的理歴

Rational Elucidation of the Structure and Function for the Weak Interaction in Protein through a Pseudoazuin Met16X Variants

- 山口 峻英¹ (Takahide Yamaguchi)、タボロシ アティラ² (Attila Taborosi)、森 聖治¹ (Seiji Mori)、
高妻 孝光¹ (Takamitsu Kohzuma)

¹茨城大院・理工 (Grad. Sch. of Sci. and Eng., Ibaraki Univ.),

²信州大・先鋭材料研究所 (Research Initiative for Supra-Materials, Shinshu Univ.)

06-11 [16:00] シアノバクテリア概日時計の pH 依存性

The circadian clock of cyanobacteria under different pH conditions

- 宮本 正洋¹ (Masahiro Miyamoto)、北沢 創一郎² (Soichiro Kitazawa)、北原 亮³ (Ryo Kitahara)

¹立命館大・薬学研究科 (Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Ritsumeikan Univ.),

²立命館大院・薬 (College of Pharmaceutical Sciences, Ritsumeikan Univ.),

³立命館大・薬 (College of Pharmaceutical Sciences, Ritsumeikan Univ.)

06-12 [16:12] 1μm 未満の結晶を利用したタンパク質結晶構造解析

Protein micro-crystallography using smaller crystals than 1 μm

- 平田 邦生¹ (Kunio Hirata)、安部 聰² (Satoshi Abe)、小島 摩利子² (Mariko Kojima)、
上野 隆史² (Takafumi Ueno)、松浦 澄明¹ (Hiroaki Matsuura)、河野 能顕¹ (Yoshiaki Kawano)、
坂井 直樹¹ (Naoki Sakai)、山本 雅貴¹ (Masaki Yamamoto)

¹理研 RSC (RIKEN/SPring-8 Center)、²東工大・生命理工 (Sch. Life Sci. & Tech., Tokyo Tech)

07

B 会場 (101 + 102) / Room B (101 + 102)
6月8日 (水) / June 8 (Wed.) 14:00 ~ 16:25

Japanese / English Session

一般口頭発表 7 / Oral Session 7
計算科学・情報科学 / Computation/Information science

座長：岡崎 圭一（自然科学研究機構 分子科学研究所）、竹村 和浩（東京工業大学）

Chairs : Kei-ichi Okazaki (IMS), Kazuhiro Takemura (Tokyo Institute of Technology)

07-01 [14:00] 転写因子 Ets1 天然変性領域を模倣する生理活性化合物の探索

Toward discovery of bioactive compounds mimicking intrinsically disordered region of Ets1

- 福山 晴輝¹ (Haruki Fukuyama)、笠原 浩太² (Kota Kasahara)、高橋 卓也² (Takuya Takahashi)

¹立命館大・生命 (Coll. Life Sci., Ritsumeikan Univ.)、²立命館大・生命 (Coll. Life Sci., Ritsumeikan Univ.)

07-02 [14:12] 新型ハイブリッドスケールシミュレーションによる蛋白質設計原理の研究

Study of protein design principles using a novel hybrid-scale simulation

- 下山 純充 (Hiromitsu Shimoyama)、重田 育照 (Yasushige Shigeta)

筑波大 CCS (CCS, Univ. Tsukuba)

07-03 [14:24] 混合正規分布モデルを用いた電頭単粒子解析の3次元再構成

3D reconstruction of single particle analysis using Gaussian mixture model

- 川端 猛^{1,2} (Takeshi Kawabata)

¹蛋白質研究奨励会 (Protein Research Foundation)、²阪大院・生命機能 (Grad. Sch. Frontier Biosci., Osaka Univ.)

- 07-04 [14:36] 放線菌多世代変異株におけるミスセンス変異の影響予測**
Prediction of the effects of missense mutations on multigenerational variants of *Streptomyces lividans* 1326
- 大浦 弘貴¹ (Hiroki Oura)、林 映里¹ (Eri Hayashi)、木村 優斗¹ (Yuto Kimura)、
野村 祐介¹ (Yusuke Nomura)、中村 聰子² (Satoko Nakamura)、柏木 紀賢² (Norimasa Kashiwagi)、
荻野 千秋² (Chiaki Ogino)、廣瀬 修一³ (Shuichi Hirose)、根本 航¹ (Wataru Nemoto)
- ¹ 東京電機大・理工 (Dept. of Sch & Tech., Tokyo Denki Univ.)、² 神戸大院・工学 (Org. of Adv Sci & Tec., Kobe Univ.)、
³ 長瀬産業株式会社・長瀬 R & D センター (NAGASE R & D Center NAGASE & CO)
- 07-05 [14:48] 特徴量自動生成による GPCR 間相互作用ペア予測器の精度改善**
Improvement of the method to predict interacting GPCR-GPCR pairs by automatic feature generation
- 福島 碧唯¹ (Aoi Fukushima)、照瀬 裕章² (Hiroaki Teruse)、島村 幸稀英¹ (Sakie Shimamura)、
藤 博幸² (Hiroyuki Toh)、根本 航¹ (Wataru Nemoto)
- ¹ 東京電機大・理工 (Dept. of Sch & Tech., Tokyo Denki Univ.)、² 関学大・理工 (Dept. of Sci. & Tech., Kwansei Gakuin Univ.)
- 07-06 [15:00] How EGCG perturbs the interaction between MDM2 and N-terminal domain of p53**
- Duy, Phuoc Tran、北尾 彰朗 (Akio Kitao)
- 東工大・生命 (Sch. Life Sci. Tech, Tokyo Tech)
- 07-07 [15:12] リボソーム翻訳開始前複合体と tRNA との相互作用におけるリボソームタンパク質の役割**
Role of ribosomal proteins for interactions between a ribosomal translation preinitiation complex and tRNA
- 森 義治 (Yoshiharu Mori)、田中 成典 (Shigenori Tanaka)
- 神戸大院・システム情報 (Grad. Sch. Sys. Inf., Kobe Univ.)
- 07-08 [15:24] 光異性化によるチャネルロドブシン分子内部のクーロン結合ネットワーク応答**
Photoisomerization-induced rearrangement of the Coulombic bond network in channelrhodopsin
- 林田 拓登¹ (Takuto Hayashida)、大貫 隼² (Jun Ohnuki)、広本 拓麻¹ (Takuma Hiromoto)、
高野 光則¹ (Mitsunori Takano)
- ¹ 早大・先進理工・物理応用 (Dept. of Pure & Appl. Phys., Grad. Sch. Adv. Sci. & Eng., Waseda Univ.)、² 分子研 (Inst. Mol. Sci.)
- 07-09 [15:36] Global analysis of heme proteins suggests the regulation of heme distortion by protein environment**
- 近藤 寛子¹ (Hiroko X. Kondo)、飯塚 博幸² (Hiroyuki Iizuka)、舛本 現³ (Gen Masumoto)、
兼松 佑典⁴ (Yusuke Kanematsu)、鷹野 優⁵ (Yu Takano)
- ¹ 北見工大・工 (Fac. of Eng., Kitami Inst. of Tech.)、² 北大・情報 (Grad. Sch. Info. Sci., Hokkaido Univ.)、
³ 理研・情シス部 (ISD, RIKEN)、⁴ 広大・先端理工 (Grad. Sch. Info. Sci., Hiroshima Univ.)、
⁵ 広市大・情報 (Grad. Sch. Info. Sci., Hiroshima City Univ.)
- 07-10 [15:48] 計算化学手法による植物型フェレドキシンの構造解析**
Computational studies on the structural analysis of the plant-type ferredoxin
- 仲吉 朝希¹ (Tomoki Nakayoshi)、大西 裕介² (Yusuke Onishi)、田中 秀明³ (Hideaki Tanaka)、
鷹野 優¹ (Yu Takano)
- ¹ 広島市大・院・情報 (Grad. Sch. Inf. Sci., Hiroshima City Univ.)、² 和歌山県医大・薬 (Sch. Pharm. Sci., Wakayama Med. Univ.)、
³ 阪大・蛋白研 (Inst. Protein Res.)
- 07-11 [16:00] 高電位鉄硫黄タンパク質の [4Fe-4S] 活性中心の構造と電子状態についての理論的解析**
Theoretical analysis of the geometrical and electronic structures of the [4Fe-4S] active center of high-potential iron-sulfur proteins
- 堀 優太 (Yuta Hori)、佐藤 綾香 (Ayaka Sato)、重田 育照 (Yasuteru Shigeta)
- 筑波大・計算セ (CCS, Univ. of Tsukuba)

07-12

[16:12] インバース共溶媒分子動力学法による分子プローブ周辺残基環境の可視化

Inverse Mixed-Solvent Molecular Dynamics for Visualization of Residue Interaction Profile of Molecular Probes

- 柳澤 溪甫¹ (Keisuke Yanagisawa)、吉野 龍ノ介^{2,3} (Ryunosuke Yoshino)、工藤 玄己⁴ (Genki Kudo)、広川 貴次^{2,3} (Takatsugu Hirokawa)

¹ 東京工業大・情報理工学院・情報工学系 (Dept. of Comput. Sci., Sch. of Comput., Tokyo Tech.),² 筑波大・医学医療系 (Faculty of Med., Univ. of Tsukuba),³ 筑波大・トランスポーター医学研究センター (Transborder Med. Res. Center, Univ. of Tsukuba),⁴ 筑波大・理情生・数物 (Grad. Sch. of Pure and Applied Sci., Univ. of Tsukuba)

08

C会場 (201) / Room C (201)

6月8日 (水) / June 8 (Wed.) 14:00 ~ 16:25

Japanese / English Session

**一般口頭発表 8 / Oral Session 8
構造生物学 / Structural biology**

座長：禾 晃和（横浜市立大学）、大山 拓次（山梨大学）

Chairs : Terukazu Nogi (Yokohama City University), Takuji Oyama (University of Yamanashi)

08-01

[14:00] 重水内変性 / 再生操作したニワトリ卵白リソチームの重水素化位置

Hydrogen/deuterium exchange behavior during denaturing/refolding processes determined in hen egg-white lysozyme crystals

- 喜田 昭子 (Akiko Kita)、森本 幸生 (Yukio Morimoto)
京大複合研 (KURNS)

08-02

[14:12] FRB-FKBP 融合蛋白質のラパマイシン誘導型多量体の構造解析

Structural analysis of rapamycin-induced oligomer of FRB-FKBP fusion protein

- 坂口 瑠菜 (Runa Sakaguchi)、○伊野部 智由 (Tomonao Inobe)
富山大院・理工 (Grad. Sch. of Sci. & Eng., Univ. of Toyama)

08-03

[14:24] PF タンパク質結晶構造解析ビームラインにおける X 線回折実験の自動化

Automation of X-ray diffraction experiments on PF macromolecular crystallography beamlines

- 山田 悠介^{1,2} (Yusuke Yamada)、篠田 晃¹ (Akira Shinoda)、松垣 直宏^{1,2} (Naohiro Matsugaki)、引田 理英^{1,2} (Masahide Hikita)、平木 雅彦^{2,3} (Masahiko Hiraki)、加藤 龍一^{1,2} (Ryuichi Kato)、千田 俊哉^{1,2} (Toshiya Senda)

¹ 高エネ機構・物構研・構造生物 (SBRC, IMSS, KEK),² 総研大・高エネ研究科 (Sch. of High Ener. Acce. Sci., The Grad. Univ. of Adv. Stud.),³ 高エネ機構・共通・機械工学 (MEC, ARL, KEK)

08-04

[14:36] Substrate Recognition by the Src Protein Tyrosine Kinase

- 鄭 誠虎¹ (Song-Ho Chong)、杉田 有治^{1,2} (Yuji Sugita)

¹ 理研・BDR (RIKEN, BDR)、² 理研・CPR (RIKEN, CPR)

08-05

[14:48] 迅速な結晶構造決定に向けた取り組み

A comprehensive strategy for efficient crystal structure analysis

- 千田 美紀¹ (Miki Senda)、川口 敦史¹ (Atsushi Kawaguchi)、千田 俊哉² (Toshiya Senda)

¹ 筑波大・医 (Fuc. Med., Univ. Tsukuba)、² 高エネ機構・物構研・構造生物 (SBRC, IMSS, KEK)

08-06

[15:00] 時分割構造解析に向けた SPring-8 BL41UX の高度化

Development of SPring-8 BL41XU toward time resolved crystallography

- 長谷川 和也¹ (Kazuya Hasegawa)、馬場 清喜¹ (Seiki Baba)、河村 高志¹ (Takashi Kawamura)、村上 博則¹ (Hironori Murakami)、増永 拓也¹ (Takuya Masunaga)、山本 雅貴² (Masaki Yamamoto)、熊坂 崇¹ (Takashi Kumaka)

¹JASRI (JASRI)、² 理研・放射光科学研究センター (RSC, RIKEN)

- 08-07** [15:12] **Na⁺,K⁺-ATPase と脂質二重膜との相互作用の結晶学的解析**
Crystallographic analysis of interaction between Na⁺,K⁺-ATPase and lipid bilayer
○金井 隆太¹ (Ryuta Kanai)、Bente Vilsen²、Flemming Cornelius²、豊島 近¹ (Chikashi Toyoshima)
¹ 東大・定量研 (IQB, The Univ. of Tokyo)、² オーフス大・生物医学部 (Dept. of Biomed., Aarhus Univ.)
- 08-08** [15:24] **化合物スクリーニングに向けたマイクロ流路デバイス開発**
Development of a new microfluidic device aiming at ligand screening with protein crystallography
○上野 剛¹ (Go Ueno)、舟久保 智瑛² (Tomoaki Funakubo)、真栄城 正寿² (Masatoshi Maeki)、
小西 真晶³ (Masaaki Konishi)、一町田 由貴² (Yuki Icchoda)、坂井 直樹¹ (Naoki Sakai)、
山本 雅貴¹ (Masaki Yamamoto)
¹ 理研・放射光 (RIKEN SPring-8 Center)、² 北大・工 (Hokkaido University)、³ (株) リガク (RIGAKU Corporation)
- 08-09** [15:36] **クライオ電子顕微鏡像に基づく蛋白質動態の自由エネルギー地形推定法の開発と検討**
A method to deduce free-energy landscape of protein dynamics from cryoEM images
○大出 真央¹ (Mao Oide)、杉田 有治^{1,2,3} (Yuji Sugita)
¹ 理研・CPR (CPR, RIKEN)、² 理研・BDR (BDR, RIKEN)、³ 理研・R-CCS (R-CCS, RIKEN)
- 08-10** [15:48] **SPring-8 BL45XU の自動測定で実現する高効率・高精度データ測定**
High efficiency/accuracy data collection by using the automatic data collection at SPring-8 BL45XU
○馬場 清喜¹ (Seiki Baba)、水野 伸宏¹ (Nobuhiro Mizuno)、仲村 勇樹¹ (Yuki Nakamura)、
長谷川 和也¹ (Kazuya Hasegawa)、奥村 英夫¹ (Hideo Okumura)、河村 高志¹ (Takashi Kawamura)、
村上 博則¹ (Hironori Murakami)、増永 拓也¹ (Takuya Masunaga)、坂井 直樹^{1,2} (Naoki Sakai)、
松浦 涼明² (Hiroaki Matsuura)、平田 邦生² (Kunio Hirata)、山本 雅貴² (Masaki Yamamoto)、
熊坂 崇¹ (Takashi Kumasaka)
¹ 公益財団法人高輝度光科学研究所 (JASRI)、² 理研 RSC (RIKEN SPring-8 Center)
- 08-11** [16:00] **シアノバクテリアの光センサーの X 線結晶構造解析と ,NMR によるプロトン化状態の解析**
X-ray crystallographic study and NMR analyses of protonation state of chromophore of cyanobacterial photoreceptor protein
○飯塚 佑介¹ (Yusuke Iizuka)、永江 峰幸² (Takayuki Nagae)、青山 洋史¹ (Hiroshi Aoyama)、
伊集院 良祐¹ (Ryosuke Ijuin)、伊藤 隆³ (Yutaka Ito)、広瀬 侑⁴ (Yuu Hirose)、
三島 正規¹ (Masaki Mishima)
¹ 東京薬科大薬 (Dep. Pharm., Tokyo Univ. of Pharm. and Life Sci.)、² 名大院工 (Grad. Sch. Tech., Nagoya Univ.)、
³ 都立大院理 (Grad. Sch. Sci., Tokyo Metropolitan Univ.)、⁴ 豊橋技科学大院工 (Grad. Sch. Tech., Toyohashi Univ.)
- 08-12** [16:12] **SPring-8 PX-BL における結晶化プレート in situ 回折測定と化合物スクリーニングシステムの開発**
Development of in situ crystal data collection and ligand screening system at SPring-8 PX-BL
○奥村 英夫¹ (Hideo Okumura)、坂井 直樹^{1,2} (Naoki Sakai)、村上 博則¹ (Hironori Murakami)、
水野 伸宏¹ (Nobuhiro Mizuno)、増永 拓也¹ (Takuya Masunaga)、仲村 勇樹¹ (Yuki Nakamura)、
上野 剛² (Go Ueno)、馬場 清喜¹ (Seiki Baba)、河村 高志¹ (Takashi Kawamura)、
長谷川 和也¹ (Kazuya Hasegawa)、山本 雅貴² (Masaki Yamamoto)、熊坂 崇¹ (Takashi Kumasaka)
¹JASRI (JASRI)、² 理研・放射光 (RIKEN SPring-8 Center)

一般口頭発表 9 / Oral Session 9

構造生物学 / Structural biology

座長：宮原 郁子（大阪公立大学）、平野 優（量子科学技術研究開発機構）

Chairs : Ikuko Miyahara (Osaka Metropolitan University), Yu Hirano (QST)

09-01 [14:00] 放射光を用いた SPring-8 創薬スクリーニングパイプラインの開発

Development of the SPring-8 Drug Screening Pipeline with Protein Crystallography

- 坂井 直樹^{1,2} (Naoki Sakai)、松浦 淩明¹ (Hiroaki Matsuura)、平田 邦生¹ (Kunio Hirata)、竹下 浩平¹ (Kohei Takeshita)、奥村 英夫² (Hideo Okumura)、水野 伸宏² (Nobuhiro Mizuno)、村上 博則² (Hironori Murakami)、増永 拓也² (Takuya Masunaga)、仲村 勇樹² (Yuki Nakamura)、上野 剛¹ (Go Ueno)、馬場 清喜² (Seiki Baba)、長谷川 和也² (Kazuya Hasegawa)、熊坂 崇² (Takashi Kumasaka)、山本 雅貴¹ (Masaki Yamamoto)

¹ 理研・放射光科学研究センター (RIKEN, RSC)、² 高輝度光科学研究所 (JASRI)

09-02 [14:12] SPring-8 MX-BL における自動化技術と高輝度微小ビームを駆使した構造多様性解析

Structural diversity analysis realized by automated pipelines and brilliant micro-focused beam at SPring-8 MX beamlines

- 松浦 淩明 (Hiroaki Matsuura)、平田 邦生 (Kunio Hirata)、坂井 直樹 (Naoki Sakai)、竹下 浩平 (Kohei Takeshita)、當舎 武彦 (Takehiko Toshia)、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)

09-03 [14:24] エンド- β -N-アセチルグルコサミナーゼ HS の立体構造と機能

Structure and Function of Endo- β -N-acetylglucosaminidase HS

- 倉内 郁哉¹ (Ikuya Kurauchi)、大倉 和貴¹ (Kazuki Okura)、田中 里佳² (Rika Tanaka)、細川 千絵¹ (Chie Hosokawa)、伊藤 和央³ (Kazuo Ito)、宮原 郁子¹ (Ikuko Miyahara)、米澤 健人⁴ (Kento Yonezawa)、清水 伸隆⁴ (Nobutaka Shimizu)

¹ 大阪市大・院理・物質分子 (Mol. Mate. Sci., Grad. Sch. Sci., Osaka City Univ.),

² 大阪市大・工・X線測定室 (X-ray, Dept of Eng., Osaka City Univ.),

³ 大阪市大・院理・生物地球 (Bio. Geo., Grad. Sch. Sci., Osaka City Univ.), ⁴ KEK・物構研 (Mate. Str. Sci., KEK)

09-04 [14:36] Desulfovibrio vulgaris Miyazaki F 株由来 [NiFe]- ヒドロゲナーゼ酸化型の中性子／X線結晶構造解析

Neutron and X-ray diffraction studies on the oxidized state 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)、樋口 芳樹² (Yoshiki Higuchi)

¹ 量研・量子生命 (iQLS, QST)、² 兵庫大・院理 (Grad. Sch. of Sci., Univ. Hyogo)

09-05 [14:48] PF タンパク質結晶構造解析ビームライン AR-NW12A における顕微分光装置の開発

Development of micro-spectrophotometer on the macromolecular crystallography beamline AR-NW12A at the Photon Factory

- 引田 理英¹ (Masahide Hikita)、山田 悠介¹ (Yusuke Yamada)、松垣 直宏¹ (Naohiro Matsugaki)、平木 雅彦² (Masahiko Hiraki)、千田 俊哉¹ (Toshiya Senda)

¹ 高エネ機構・物構研・構造生物学研究センター (SBRC, IMSS, KEK),

² 高エネ機構・共通基盤・機械工学センター (MEC, ARL, KEK)

- 09-06 [15:00] Cas3 の活性化機構についての構造的洞察**
Structural insight into the activation mechanism of Cas3
- 尾松 美音^{1,2} (Mine Omatsu)、渋村 里美³ (Satomi Shibumura)、吉見 一人^{3,4} (Kazuto Yoshimi)、清水 伸隆⁵ (Nobutaka Shimizu)、真下 知士^{3,4} (Tomoji Mashimo)、山本 雅貴^{1,2} (Masaki Yamamoto)、竹下 浩平^{1,3} (Kouhei Takeshita)
- ¹RIKEN SPring-8 Center, 生物系 BL 基盤 Gr. (Life Scie. Res. Infrastruct. Gr., Adv. Phot. Tech. Div., RIKEN SPring-8 Center),
²兵庫県立大・生体高分子動的構造 (Dynam. and X-ray Crystal., Grad. Sch. of Life Scie., Univ. of Hyogo),
³C4U株式会社 (C4U Corp.),
⁴東大医科研・動物ゲノム (Div. of Anim. Gene., Inst. of Med. Scie., Univ. of Tokyo),
⁵KEK-PF (Inst. of Mater. Struct. Science, Hi Ene. Accelerator Res. Organ. (KEK-PF))
- 09-07 [15:12] Synechocystis. sp. PCC6803 由来ジフラビン結合ジスルフィド酸化還元酵素の X 線結晶構造解析**
X-ray crystal structure analysis of di-flavin-binding disulfide oxidoreductase from Synechocystis sp. PCC6803
- 平野 優¹ (Yu Hirano)、湊 悠² (Yu Minato)、梅田 菜帆² (Naho Umeda)、鈴木 崇章² (Takaaki Suzuki)、玉田 太郎¹ (Taro Tamada)、木村 成伸² (Shigenobu Kimura)
- ¹量研・量子生命 (iQLS, QST),
²茨城大・院理工 (Grad. Sch. of Sci. and Eng., Ibaraki Univ.)
- 09-08 [15:24] 高度好熱菌 DNA 結合タンパク質 TkaP の機能と活性調節機構の解析**
Analysis of the function and regulation mechanism of *Thermus thermophilus* DNA-binding protein TkaP
- 井上 葵¹ (Aoi Inoue)、高尾 和也¹ (Kazuya Takao)、井上 真男² (Masao Inoue)、
○増井 良治¹ (Ryoji Masui)
- ¹大阪市大・院理 (Grad. Sch. Sci., Osaka City Univ.),
²立命館大・生命科学 (Coll. Life Sci., Ritsumeikan Univ.)
- 09-09 [15:36] 高速原子間力顕微鏡解析によって明らかになったミトコンドリアタンパク質搬入ゲート TOM 複合体の構造とダイナミクス**
Structure and dynamics of the translocase of the mitochondrial outer membrane complex revealed by high-speed atomic force microscopy
- 九篠 加菜¹ (Kana Kuzasa)、小林 菜々子¹ (Nanako Kobayashi)、今井 大達² (Hirotatsu Imai)、
楳野 愛実² (Aimi Makino)、稲津 明広¹ (Akihiro Inazu)、古寺 哲幸² (Noriyuki Kodera)、遠藤 斗志也^{3,4} (Toshiya Endo)、○荒磯 裕平¹ (Yuhei Araiso)
- ¹金沢大・保健・病態検査学 (Dept. of Clin. Lab. Sci., Div. of Health Sci., Kanazawa Univ.),
²金沢大・ナノ生命研 (WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.),
³京産大・生命科学 (Fac. of Life Sci., Kyoto Sangyo Univ.),
⁴京産大・タンパク質動態研 (Inst. of Protein Dynamics, Kyoto Sangyo Univ.)
- 09-10 [15:48] 選択的 / 非選択的薬剤が結合した beta3 アドレナリン受容体の構造解析**
Cryo-EM structures of the beta 3 adrenergic receptor bound to subtype-selective and non-selective agonists
- 志甫谷 渉 (Wataru Shihoya)、瀬木 理 (Osamu Nureki)
- 東大・理・生化 (Department of Biological Sciences, Graduate School of Science, the University of Tokyo)
- 09-11 [16:00] HIV-1 Vif と宿主タンパク質の五者複合体による抗ウイルス因子 APOBEC3G の脱アミノ化活性阻害の分子機構の解明**
Molecular mechanism of deamination inhibition of anti-viral factor APOBEC3G by five-membered complex of HIV-1 Vif and host proteins
- 神庭 圭佑¹ (Keisuke Kamba)、雲財 悟² (Satoru Unzai)、森下 了³ (Ryo Morishita)、
高折 晃史⁴ (Akifumi Takaori-Kondo)、永田 崇^{1,5} (Takashi Nagata)、片平 正人^{1,5} (Masato Katahira)
- ¹京大・エネ理工 (Inst. of Adv. Energy, Kyoto Univ.),
²法政大・生命科学 (Front. Biosci., Hosei Univ.),
³セルフリーサイエンス (株) (CellFree Sciences Co.,Ltd.),
⁴京大・医 (Grad. Sch. of Med., Kyoto Univ.),
⁵京大・エネ科学 (Grad. Sch. of Energy Sci., Kyoto Univ.)

09-12 [16:12] 汎用的 P1' 非依存的 TEV プロテアーゼの開発

Development of the versatile P1'-independent TEV protease

- 大恵 千翔^{1,2} (Chika Ohe)、小杉 慎吾³ (Shingo Kosugi)、峯岸 恭孝³ (Yasutaka Minegishi)、
吾郷 日出夫^{1,2} (Hideo Ago)、熊坂 崇⁴ (Takashi Kumasaka)、竹下 浩平¹ (Kohei Takeshita)、
山本 雅貴^{1,2} (Masaki Yamamoto)

¹RIKEN SPring-8 Center, 生物系 BL 基盤 Gr. (Life Scie. Res. Infrastruct. Gr., Adv. Phot. Tech. Div., RIKEN SPring-8 Center),²兵庫県立大, 生体高分子動的構造 (Dynam. and X-ray Crystal., Grad. Sch. of Life Scie, Univ. of Hyogo),³ニッポンジーン株式会社 (NPG CO., LTD),⁴JASRI, 構造生物 (Res. and Utili. Div., Struct. Biol. Gr., Jap. Synchr. Rad. Res. Inst. (JSARI))

010

C 会場 (201) / Room C (201)
6月8日 (水) / June 8 (Wed.) 16:45 ~ 19:45

Japanese / English Session

一般口頭発表 10 / Oral Session 10
構造生物学 / Structural biology

座長：玉田 太郎（量子科学技術研究開発機構）、深井 周也（京都大学）

Chairs : Taro Tamada (QST), Shuya Fukai (Kyoto University)

010-01 [16:45] 長波長 X 線を利用したタンパク質結晶構造解析のパイプライン

Pipeline of protein crystallography using long-wavelength X-ray

- 松垣 直宏¹ (Naohiro Matsugaki)、引田 理英¹ (Masahide Hikita)、山田 悠介¹ (Yusuke Yamada)、
平木 雅彦² (Masahiko Hiraki)、千田 俊哉¹ (Toshiya Senda)

¹高エネ機構・物構研・構造生物学研究センター (SBRC, IMSS, KEK)、²高輝度光科学研究センター (MEC, KEK)

010-02 [16:57] SPring-8 におけるクライオ電子顕微鏡について

CryoTEM at SPring-8

- 重松 秀樹^{1,2} (Hideki Shigematsu)、ゲーレ クリストフ¹ (Christoph Gerle)

¹理研・SPring-8 (RIKEN SPring-8)、²高輝度光科学研究センター (JASRI)

010-03 [17:09] 14-3-3 タンパク質とダブルリン酸化ペプチド ADAM22 の複合体の結晶構造について

Crystal structure of a 14-3-3 protein in complex with the doubly phosphorylated ADAM22 peptide

- 劉 岩 (Yan Liu)

京大・理・化学 (Dept of Chem. Grad Sch of Sci. The Univ of Kyoto)

010-04 [17:21] 炎症シグナルタンパク質 TAB2 の NZF ドメインによる K6 結合型ユビキチン鎖認識の構造基盤

Structural basis for specific recognition of K6-linked polyubiquitin chains by the NZF domain of inflammatory signaling protein TAB2

- 李 彦君¹ (Yanjun Li)、尾勝 圭² (Kei Okatsu)、○深井 周也² (Shuya Fukai)、佐藤 裕介³ (Yusuke Sato)

¹東大・新領域・メディカル情報生命 (Dept. of Comp. Biol. Med. Sci., Grad. Sch. of Front. Sci., The Univ of Tokyo),²京大・理・化学 (Dept. of Chem., Grad. Sch. of Sci., Kyoto Univ.),³鳥取大・工・GSC セ (GSC center, Grad. Sch. of Eng., Tottori Univ.)010-05 [17:33] 細胞内 GTP センサータンパク質 PI5P4K β -膜複合体の立体構造解析に向けた結合親和性解析Binding affinity analysis for structural analysis of the GTP sensor protein PI5P4K β -membrane complex

- 長瀬 里沙¹ (Lisa Nagase)、中川 史² (Fuhito Nakagawa)、小笠原 諭² (Satoshi Ogasawara)、
村田 武士² (Takeshi Murata)、千田 俊哉¹ (Toshiya Senda)

¹高エネ研・物構研・構造生物 (SBRC, IMSS, KEK)、²千葉大・理・化 (Dept. of Chem., Grad. Sch. of Sci., Chiba Univ.)

010-06 [17:45] Lysozyme amyloid polymorphs with stronger cytotoxicity show enhanced side chain motions○松尾 龍人^{1,2,3} (Tatsuhiro Matsuo)、Alessio De Francesco^{2,4}、Judith Peters^{2,3,5}¹量研・量子生命研(iQLS, QST)、²ラウエ・ランジュヴァン研究所(ILL)、³グルノーブル・アルプス大学(Univ. Grenoble-Alpes)、⁴CNR-IOM & INSIDE@ILL C/O OGG (CNR-IOM & INSIDE@ILL C/O OGG)、⁵Inst. univ. France (Inst. univ. France)**010-07 [17:57] 実験科学と計算科学の統合手法による時計タンパク質 KaiABC 複合体全長の溶液構造の解明****Overall structure of the fully assembled KaiABC complex in circadian system analyzed by an integrated experimental-computational approach**○榎木 康弘¹ (Yasuhiro Yunoki)、松本 淳² (Atsushi Matsumoto)、守島 健¹ (Ken Morishima)、マーテル アン³ (Anne Martel)、ポーカー リオネル³ (Lionel Porker)、佐藤 信浩¹ (Nobuhiro Sato)、與語 里那⁴ (Rina Yogo)、富永 大輝⁵ (Taiki Tominaga)、井上 倫太郎¹ (Rintaro Inoue)、矢木 真穂^{6,7,8} (Maho Yagi)、奥田 紗¹ (Aya Okuda)、清水 将裕¹ (Masahiro Shimizu)、裏出 令子¹ (Reiko Urade)、寺内 一姫⁹ (Kazuki Terauchi)、河野 秀俊² (Hidetoshi Kono)、矢木 宏和⁸ (Hirokazu Yagi)、加藤 晃一^{6,7,8} (Koichi Kato)、杉山 正明¹ (Masaaki Sugiyama)¹京大・複合研(KURNS)、²量子科学技術研究開発機構(QST)、³ラウエ・ランジュバン研究所(ILL)、⁴ブリティッシュコロンビア大(UBC)、⁵総合科学的研究機構(CROSS)、⁶自然科学研究機構・生命創成探求センター(ExCELLS)、⁷自然科学研究機構・分子研(IMS)、⁸名市大院・薬(NUC)、⁹立命館大・生命科学(Rits)**010-08 [18:09] Multiple sub-state structures of SERCA2b reveal conformational overlap at transition steps during the catalytic cycle**○張 玉霞^{1,2} (Yuxia Zhang)、小林 千草³ (Chigusa Kobayashi)、渡部 聰¹ (Satoshi Watanabe)、包 明久⁴ (Akihisa Tsutsumi)、吉川 雅英⁴ (Masahide Kikkawa)、杉田 有治³ (Yuji Sugita)、稻葉 謙次¹ (Kenji Inaba)¹東北大・多元研(IMRAM, Tohoku Univ.)、²中国科学院(Chinese Academy of Sciences)、³理研・生命機能科学研究センター(Computational Biophysics Research Team, RIKEN)、⁴東京大学・大学院・医学系研究科(Graduate School of Medicine, The Univ. of Tokyo)**010-09 [18:21] CryoEM を用いた DNA メチルトランスフェラーゼ 1 活性化モチーフの解明****CryoEM Reveals the Activation Motif of DNA Methyltransferase 1**○小野田 浩宜¹ (Hiroki Onoda)、菊地 杏美香¹ (Amika Kikuchi)、山形 敦史² (Atsushi Yamagata)、白水 美香子² (Mikako Shirouzu)、中西 真³ (Makoto Nakanishi)、西山 敦哉³ (Atsuya Nishiyama)、有田 恭平¹ (Kyohei Arita)¹横市大・生命医科(Grad. School of Med. Life Sci., Yokohama City Univ.)、²理研 BDR (RIKEN BDR)、³東大・医科(The Inst. of Med. Sci., The Univ. of Tokyo)**010-10 [18:33] 高分解能中性子構造解析により明らかになるペプチド結合の非平面性****A high-resolution neutron structure reveals the nonplanarity of the peptide bond**○花園 祐矢^{1,2,3} (Yuya Hanazono)、平野 優^{2,4} (Yu Hirano)、竹田 一旗¹ (Kazuki Takeda)、日下 勝弘⁵ (Katsuhiro Kusaka)、玉田 太郎² (Taro Tamada)、三木 邦夫¹ (Kunio Miki)¹京大・院理(Grad. Sch. of Sci., Kyoto Univ.)、²量研・量子生命(Inst. for Quant. Life Sci., QST)、³医科歯科大・難研(Med. Res. Inst., Tokyo Med. Dent. Univ.)、⁴JST・さきがけ(PRESTO, JST)、⁵茨城大・フロンティア(Front. Res. Cent. for Appl. Atomic Sci., Ibaraki Univ.)**010-11 [18:45] シアノバクテリア概日時計のアロステリー機構****Allosteric Mechanism of Cyanobacterial Circadian Clock**○古池 美彦^{1,2} (Yoshihiko Furuike)、向山 厚^{1,2} (Atsushi Mukaiyama)、山下 栄樹³ (Eiki Yamashita)、近藤 孝男⁴ (Takao Kondo)、秋山 修志^{1,2} (Shuji Akiyama)¹分子研・協奏分子(CIMoS, IMS)、²総研大(SOKENDAI)、³阪大・蛋白研(IPR, Osaka Univ.)、⁴名大・院理(Grad. School of Sci., Nagoya Univ.)**010-12 [18:57] Sphingobium sp. SYK-6 由来 MTHFR の結晶構造に基づいた進化的解析****Crystal structure of MTHFR of Sphingobium sp. SYK-6 provides molecular evolutionary evidence of a new type of MTHFR induced by demethylation**○于 宏洋¹ (HongYang Yu)、上村 直史² (Naofumi Kamimura)、千田 美紀¹ (Miki Senda)、政井 英司² (Eiji Masai)、千田 俊哉¹ (Toshiya Senda)¹高エネ研・物構研・構造生物学研究センター(SBRC, IMSS, KEK)、²長岡技術科学大(Nagaoka Univ. of Technology)

- 010-13** [19:09] X 線小角散乱法による酸化的フォールディング酵素 ER-60 の溶液構造解析
Solution structure analysis of the oxidative folding enzyme, ER-60 by small angle X-ray scattering
- 奥田 紗 (Aya Okuda)、清水 将裕 (Masahiro Shimizu)、守島 健 (Ken Morishima)、
 井上 倫太郎 (Rintaro Inoue)、佐藤 信浩 (Nobuhiro Sato)、榎木 康弘 (Yasuhiro Yunoki)、
 裏出 令子 (Reiko Urade)、杉山 正明 (Masaaki Sugiyama)
 京大・複合研 (KURNS, Kyoto Univ.)

- 010-14** [19:21] Structure and engineering of the type III-E CRISPR-Cas7-11 effector complex
- 加藤 一希¹ (Kazuki Kato)、Wenyuan Zhou²、岡崎 早恵¹ (Sae Okazaki)、諫山 紗¹ (Yukari Isayama)、
 西澤 知宏³ (Tomohiro Nishizawa)、Jonathan S. Gootenberg²、Omar O Abudayyeh²、
 西増 弘志^{1,4} (Hiroshi Nishimasu)
- ¹ 東大・先端研 (RCAST, The Univ. of Tokyo)、² McGovern Inst. for Brain Res. at MIT、
³ 横市・生命医科学 (Grad. Sch. of Med. Life Sci., Yokohama City Univ.)、
⁴ 東大・院理・生化 (Dept. of Biol. Sci., Grad. Sch. of Sci., The Univ. of Tokyo)

- 010-15** [19:33] Paip2 による poly(A) からの PABP 解離の構造メカニズムの解明
Paip2 competitively dissociates PABPC1 from poly(A) by accessing RRM2 of the poly(A)-bound PABPC1
- 寒河江 彪流¹ (Takeru Sagae)、横川 真梨子¹ (Mariko Yokogawa)、沢崎 紗一¹ (Ryoichi Sawazaki)、
 石井 裕一郎¹ (Yūichirō Ishii)、細田 直² (Naohiro Hosoda)、星野 真一² (Shin-ichi Hoshino)、
 今井 駿輔^{3,4} (Shunsuke Imai)、嶋田 一夫^{3,4} (Ichio Shimada)、○大澤 匠範¹ (Masanori Osawa)
- ¹ 慶應大院・薬 (Grad. Sch. Pharm. Sci., Keio Univ.)、² 名古屋市大・院薬系 (Grad. Sch. Pharm. Sci., Nagoya City Univ.)、
³ 東大・院薬系 (Grad. Sch. Pharm. Sci., Univ. of Tokyo)、⁴ 理研・生命機能科学研究所 (BDR, RIKEN)

011

D 会場 (202) / Room D (202)
 6月8日 (水) / June 8 (Wed.) 16:45 ~ 19:25

Japanese / English Session

一般口頭発表 11 / Oral Session 11 プロテオーム・蛋白質工学 / Proteomics / Protein engineering

座長：古田 忠臣（東京工業大学）、白石 充典（東京理科大学）
 Chairs : Tadaomi Furuta (Tokyo Institute of Technology), Mitsunori Shiroishi (Tokyo University of Science)

- 011-01** [16:45] 再構成型無細胞タンパク質合成系 (PUREflex) を用いた糖タンパク質合成
Synthesis of glycosylated proteins using PUREflex
- 松本 令奈¹ (Rena Matsumoto)、丹羽 達也² (Tatsuya Niwa)、田口 英樹² (Hideki Taguchi)、
 金森 崇¹ (Takashi Kanamori)
- ¹ ジーンフロンティア (株) (GeneFrontier Corp.)、² 東工大・研究院・細胞センター (Cell Biology Center, IIR, Tokyo Tech)
- 011-02** [16:57] Proteomic Analysis of Peripheral Blood Mononuclear Cell-derived Circulating Proangiogenic Cells after Treatment of Iron-Quercetin Complex
- Phakorn Papan¹、Jiraporn Kantapan²、Nathupakorn Dechsupa²、Puttinan Meepowpan¹、
 Padchanee Sangthong¹
- ¹ Dept. of Chem., Fac. of Sci., Chiang Mai Univ.,
² Research Unit of Mol. Imaging Probes and Radio., Dept. of Radio. Tech., Fac. of Assoc. Med. Sci., Chiang Mai Univ.

- 011-03** [17:09] 新規小型発光酵素 picALuc のアプリケーション開発
Development of the applications of a novel small luciferase, picALuc
- 大室 有紀¹ (Yuki Ohmuro)、松井 勇人¹ (Hayato Matsui)、叶井 正樹¹ (Masaki Kanai)、
 古田 忠臣² (Tadaomi Furuta)
- ¹ 島津製作所・基盤研 (Technol. Res. Lab., Shimadzu Corporation),
² 東工大・生命理工 (Sch. Life Sci. Tech., Tokyo Tech)

- 011-04** [17:21] 出芽酵母における翻訳エンハンサー dMac3 を用いたヒト GPCR の発現向上
Enhanced expression of human GPCRs using the translation enhancer dMac3 in *Saccharomyces cerevisiae*
○田村 佑樹 (Yuuki Tamura)、丹崎 航哉 (Kouya Tanzaki)、島田 浩章 (Hiroaki Shimada)、
白石 充典 (Mitsunori Shiroishi)
東理大・先進工・生命工 (Dept. of Biol. Sci. and Technol., Tokyo Univ. of Sci)
- 011-05** [17:33] 定量プロテオミクスを用いた大腸菌 GroE 依存基質の GroE 欠乏条件下における分解機構の解析
Quantitative proteomic analysis revealed the "fate" of GroE-obligate substrates under GroE-depleted condition in *Escherichia coli*
○丹羽 達也 (Tatsuya Niwa)、茶谷 悠平 (Yuhei Chadani)、田口 英樹 (Hideki Taguchi)
東工大・研究院・細胞センター (Cell Biol. Centor, IIR, Tokyo Tech)
- 011-06** [17:45] 二次構造モチーフに着目したドメインスワッピング構造の計算機デザインによるタンパク質複合体の構築
Construction of protein complexes by computational design of domain swapping structures focusing on secondary structure motifs
○小林 直也 (Naoya Kobayashi)、吉田 悠真 (Yuma Yoshida)、真島 剛史 (Tsuyoshi Mashima)、
廣田 俊 (Shun Hirota)
奈良先端大・物質 (Mat. Sci., NAIST)
- 011-07** [17:57] 耐熱性シトクロムcのドメインスワッピング 2量体構造の計算機デザイン
Computational design of domain-swapped dimeric structures of a thermostable c-type cytochrome
○吉田 悠真 (Yuma Yoshida)、小林 直也 (Naoya Kobayashi)、真島 剛史 (Tsuyoshi Mashima)、
廣田 俊 (Shun Hirota)
奈良先端大・物質 (Mat. Sci., NAIST)
- 011-08** [18:09] CutA1 量体構造改変を基盤とした多価化分子認識素子の設計
Design of multivalent molecular recognition elements based on structural modification of CutA1
○今中 洋行 (Hiroyuki Imanaka)、山田 航大 (Kodai Yamada)、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.)
- 011-09** [18:21] 非天然型 L-ビオチンに特異的に結合する光学異性体ストレプトアビジンの開発
Mirror-image streptavidin with specific binding to non-natural L-biotin
○菅沼 政俊¹ (Masatoshi Suganuma)、久保 卓也¹ (Takuya Kubo)、石木 健吾¹ (Kengo Ishiki)、
田中 康太¹ (Kota Tanaka)、須藤 浩三¹ (Kouzou Suto)、江島 大輔¹ (Daisuke Ejima)、
豊田 真弘² (Masahiro Toyota)、津本 浩平^{3,4,5} (Kouhei Tsumoto)、佐藤 利幸¹ (Toshiyuki Sato)、
西川 洋一¹ (Youichi Nishikawa)
¹ シスメックス (Sysmex Corp.)、² 大阪府大院・理 (Grad. Sch. Sci., Osaka Pref. Univ.)
³ 東大院・工・化生 (Dept. of Chem. Biotech., Sch. of Eng., Univ. of Tokyo),
⁴ 東大院・工・バイオエンジ (Dept. of Bioeng., Sch. of Eng., Univ. of Tokyo)、⁵ 東大・医科研 (Inst. of Med. Sci., Univ. of Tokyo)
- 011-10** [18:33] Cockroach proteins as a source of sustainable food
○シャバス レオナルド (Leonard Chavas)
名古屋大 (Nagoya Univ.)
- 011-11** [18:45] Engineering of DNA Sliding Ability And Target Search Elucidation Of Cas-family Proteins Using Single-Molecule Analysis
○バネルジー トリシット^{1,2} (Trishit Banerjee)、高橋 泰人¹ (Hiroto Takahashi)、
Dwicky Rendra Graha Subekti^{1,2}、鎌形 清人^{1,2} (Kiyoto Kamagata)
¹ IMRAM, Tohoku Univ. (IMRAM, Tohoku Univ.),
² 東北大院・理学研究科・科学科 (Dep. of Chem., Grad. Sch. of Sci., Tohoku Univ.)

011-12 [18:57] 特異的ペプチドコンジュゲートによる抗体医薬品の ADCC 活性増強及び熱安定性の向上
Specific peptide conjugation boosts effector function and improves thermal stability of therapeutic antibody by blocking Fc dynamics

○木吉 真人¹ (Masato Kiyoshi)、中木戸 誠² (Makoto Nakakido)、柴田 寛子¹ (Hiroko Shibata)、長門石 曉³ (Satoru Nagatoishi)、津本 浩平^{2,3} (Kouhei Tsumoto)、伊東 祐二⁴ (Yuji Ito)、石井 明子¹ (Akiko Ishii-Watabe)

¹ 国立医薬品食品衛生研究所 (National Institute of Health Sciences),

² 東京大院・工学系研究科 (Dept of Bioengineering, School of Engineering, The Univ. of Tokyo),

³ 東京大・医科学研究所 (The Institute of Medical Science, The Univ. of Tokyo),

⁴ 鹿児島大院・理工学研究科 (Dept of Chemistry and Bioscience, School of Science and Engineering, Kagoshima Univ.)

011-13 [19:09] 大腸菌ジヒドロ葉酸還元酵素を基盤とする化合物遺伝学的 Cre-loxP 遺伝子組換え制御技術の開発
Chemogenetic control of the Cre-loxP recombination system based on dihydrofolate reductase

○河野 風雲 (Fuun Kawano)、佐藤 守俊 (Moritoshi Sato)

東京大院・総合文化研究科 (Graduate School of Arts and Sciences, The Univ. of Tokyo)

012C会場 (201) / Room C (201)
6月9日 (木) / June 9 (Thu.) 13:50 ~ 16:20

Japanese / English Session

一般口頭発表 12 / Oral Session 12**計算科学・情報科学、機能解析・細胞・イメージング、物性・フォールディング /
Computation/Information science Protein/Cellular functions, Imaging,
Biophysics, Protein folding**座長：奥村 正樹（東北大）
茶谷 紘理（神戸大）

Chairs : Masaki Okumura (Tohoku University), Eri Chatani (Kobe University)

012-01 [13:50] Shifting mechanism of absorption energy in intermediate states of bacteriorhodopsin○野地 智康¹ (Tomoyasu Noji)、石北 央^{1,2} (Hiroshi Ishikita)¹先端科学技術研究センター・東大 (RCAST, The Univ. of Tokyo)、²応用化学・東大 (Dept of Applied. Chem., The Univ. of Tokyo)**012-02 [14:02] Integrated Simulation for Antiviral Drug Discovery and Design**

○Kowit Hengphasatporn、重田 育照 (Yasuteru Shigeta)

計算科学研究センター・筑波大 (CCS, U of Tsukuba)

012-03 [14:14] 低分子量熱ショックタンパク質による新規熱ショック応答制御機構**A novel mechanism for the regulation of heat shock response by small heat shock protein**

○三輪 つくみ (Tsukumi Miwa)、田口 英樹 (Hideki Taguchi)

東工大・研究院・細胞センター (CBC, Tokyo Tech)

012-04 [14:26] 大腸菌内で発現した翻訳後修飾組換え蛋白質を調製する方法の開発**Development of a method to prepare posttranslationally modified recombinant proteins in *E. coli***大場 梓帆 (Shiho Ohba)、小林 正和 (Masakazu Kobayashi)、柴田 篤志 (Atsushi Shibata)、
安藤 千尋 (Chihiro Ando)、平林 佳 (Kei Hirabayashi)、○鳥越 秀峰 (Hidetaka Torigoe)

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

012-05 [14:38] Kinesin-1 活性化の in vitro 再構成**In vitro reconstitution of a coordinated Kinesin-1 activation**○千葉 杏子¹ (Kyoko Chiba)、丹羽 伸介¹ (Shinsuke Niwa)、Richard J. McKenney²¹東北大・学際研 (FRIS, Tohoku Univ.)、²カリフォルニア大学デービス校 (UC Davis)**012-06 [14:50] 自家蛍光寿命イメージングを用いた相分離液滴のラベルフリー観測：タンパク質の構造変化ダイナミクス計測****Label-Free Autofluorescence Lifetime Imaging Revealed Protein Structural Changes in Droplets Formed via Liquid-Liquid Phase Separation**○田原 進也 (Shinya Tahara)、松浦 宇宙 (Uchu Matsuura)、梶本 真司 (Shinji Kajimoto)、
中林 孝和 (Takakazu Nakabayashi)

東北大・薬 (Dept. of Pharm. Sci., Tohoku Univ.)

012-07 [15:02] IRE1 の会合状態変化によるストレスレベル感知機構の研究**Oligomeric state change of IRE1 senses the level of stress**○松崎 元紀^{1,2,3} (Motonori Matsusaki)、横山 武司⁴ (Takeshi Yokoyama)、次田 篤史⁴ (Atsushi Tsugita)、
金村 進吾⁵ (Shingo Kanemura)、田尻 道子⁶ (Michiko Tajiri)、明石 知子⁶ (Satoko Akashi)、
齋尾 智英¹ (Tomohide Saio)、稲葉 謙次³ (Kenji Inaba)、奥村 正樹² (Masaki Okumura)¹徳島大・先端酵素 (Inst. of Adv. Med. Sci., Tokushima Univ.)、²東北大・学際研 (FRIS, Tohoku Univ.)、³東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)、⁴東北大・生命 (Grad. Sch. of Life Sci., Tohoku Univ.)、⁵関学大・理 (Grad. Sch. of Sci., Kwansei Gakuin Univ.)、⁶横浜市大・生命医 (Grad. Sch. of Med. Life Sci., Yokohama City Univ.)

- 012-08** [15:14] アミロイド線維前駆中間体の構造発達とその阻害 - インスリンB鎖とフィブリノーゲンを用いた研究例 -
Structural development of prefibrillar intermediates of amyloid fibrils -A case study using insulin B chain-
 ○山本 直樹¹ (Naoki Yamamoto)、茶谷 絵理² (Eri Chatani)
¹自治医大・医 (Sch. of Med., Jichi Med. Univ.), ²神戸大・理 (Grad. Sch. of Sci., Kobe Univ.)
- 012-09** [15:26] インフルエンザ菌由来アドヘシン膜貫通ドメインは BamA によってナノディスクへアセンブリされる
Transmembrane domain of *Haemophilus Influenzae* adhesin is assembled into nanodisc by BamA
 ○青木 英莉子¹ (Eriko Aoki)、藤原 和夫² (Kazuo Fujiwara)、池口 雅道² (Masamichi Ikeguchi)
¹創価大・糖鎖研 (GaLSIC, Soka Univ.), ²創価大・生命理学 (Dept. of Biosci., Soka Univ.)
- 012-10** [15:38] p53 のアモルファス凝集体・アミロイド凝集体と DNA 結合能との連関解析
Relevance of amorphous and amyloid aggregates of the p53 to its DNA-binding activity
 ○日比野 絵美¹ (Emi Hibino)、天野 剛志^{1,2} (Takeshi Tenno)、廣明 秀一^{1,2} (Hidekazu Hiroaki)
¹名大・創薬 (Grad. Sch. Pharm. Sci., Nagoya Univ.), ²BeCellBar
- 012-11** [15:50] Fabへのドメイン間 SS 結合導入は親和性の変化なしに抗体の安定性を向上させる
Introduction of inter-domain SS bond into Fab domain improve antibody stability without affinity change
 ○中田 智史 (Tomofumi Nakada)、前田 真吾 (Shingo Maeta)、井出 信幸 (Nobuyuki Ide)、
 福永 淳 (Atsushi Fukunaga)
 シスメックス株式会社 (Sysmex Corporation)
- 012-12** [16:02] 氷結合タンパク質の動的挙動に基づいた生体内機能解析
Analysis of in vivo function based on the dynamic behavior of ice-binding proteins
 ○倉持 昌弘 (Masahiro Kuramochi)
 茨城大・理工 (Grad. Sch. of Sci. and Eng., Ibaraki Univ.)