

3P-1

ポスター展示会場 (1F 白鳥ホール) / Poster & Exhibition (1F Shirotori Hall)
7月7日 (金) / July 7 (Fri.) 13:30 ~ 15:30

構造生物学 / Structural biology (3P-001 ~ 3P-056)

3P-001 生細胞中の CRAF は 14-3-3 と相互作用した 2 種類の閉構造の混在状態にある

CRAFs in two types of closed structures interacting with 14-3-3 coexist in live cells

○岡本 憲二 (Kenji Okamoto)、佐甲 靖志 (Yasushi Sako)

理研・CPR (RIKEN CPR)

3P-002 新規イネ由来レクチンの精製条件の確立と機能解明

Expression, Purification and functional characterization of a novel rice lectin OSL

○堀田 真彦 (Masahiko Hotta)

東洋大・食環 (Fac. of Food Nutr. Sci., Toyo Univ.)

3P-003 細胞内鉄イオンの恒常性制御に関与するセンサーキナーゼ VgrS の構造と機能

Structure and function of sensor kinase, VgrS, responsible for the regulation of intracellular iron homeostasis

○南 多娟^{1,2} (Dayeon Nam)、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・分子研 (Inst. Mol. Sci., Nat'l Inst. Nat. Sci.)、

²自然科学研究機構・ExCELLS (ExCELLS, Nat'l Inst. Nat. Sci.)

3P-004 等温滴定型カロリメトリーを用いた酵母 α -イソプロピルリンゴ酸シンターゼとエフェクター分子の結合解析

Characterizing thermodynamics of binding for L-leucine to yeast α -isopropylmalate synthase using isothermal titration calorimetry

○木崎 健斗¹ (Kento Kizaki)、古家 美紀¹ (Miki Furuie)、北詰 花菜² (Hana Kitazume)、

大沼 貴之² (Takayuki Ohnuma)、倉田 敦志² (Atsushi Kurata)、上垣 浩一² (Koichi Uegaki)

¹近大院 (Kindai Univ. Graduate School)、²近大 (Kindai Univ.)

3P-005 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)、

上野 剛¹ (Go Ueno)、熊坂 崇⁴ (Takashi Kumasaka)、山本 雅貴^{1,2} (Masaki Yamamoto)、

竹下 浩平¹ (Kohei 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)、

³株式会社ニッポンジーン (NIPPON GENE CO., LTD.)、

⁴JASRI, 構造生物 (Res. and Utili. Div., Struct. Biol. Gr., Jap. Synchr. Rad. Res. Inst. (JSARI))

3P-006 解糖系 moonlighting 蛋白質 GAPDH の環境変化に対応した立体構造変化の解析

Analysis of tertiary structural changes of a glycolytic moonlighting protein GAPDH in response to environmental changes

○鈴木 陽菜梨 (Himari Suzuki)、牧山 ユキ (Yuki Makiyama)、元田 容子 (Yoko Motoda)、小沼 剛 (Tsuyoshi Konuma)、

池上 貴久 (Takahisa Ikegami)

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

3P-007 静電および疎水性相互作用を考慮した粗視化分子動力学シミュレーションによる気相構造解析

Gas-phase structural analysis using coarse-grained molecular dynamics simulation including electrostatic and hydrophobic interactions

七種 和美^{1,2} (Kazumi Saikusa)、明石 知子² (Satoko Akashi)、○湖上 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-008 阻害剤が結合した電位依存性カリウムイオンチャネル (hERG) のクライオ電子顕微鏡構造**
Cryo-EM structure of an inhibitor complex of the voltage-gated potassium ion channel (hERG)
 ○宮下 靖臣¹ (Yasuomi Miyashita)、守屋 俊夫² (Toshio Moriya)、川崎 政人² (Masato Kawasaki)、
 安達 成彦² (Naruhiko Adachi)、陳 思思¹ (Sisi Chen)、千田 俊哉² (Toshiya Senda)、
 小笠原 論¹ (Satoshi Ogasawara)、村田 武士¹ (Takeshi Murata)
¹千葉大院・理学 (Dept. of Chem., Grad Sch. of Sci., Chiba Univ.)、²高エネ機構・物構研・構造生物 (SBRC.IMSS.KEK)
- 3P-009 I型インターフェロン産生に関わる転写因子 Spi-B の Ets ドメイン-DNA 複合体構造解析**
DNA complex structure of Spi-B Ets domain, transcription factor involved in type I interferon production
 ○野中 康宏¹ (Yasuhiro Nonaka)、中村 隆範² (Takanori Nakamura)、星野 克明¹ (Katsuaki Hoshino)、
 神鳥 成弘³ (Shigehiro Kamitori)
¹香川大・医・分子細胞 (Dept. of Endocrinol., Fac. of Med., Kagawa Univ.)、
²香川大・医・免疫 (Dept. of Immunol., Fac. of Med., Kagawa Univ.)、
³香川大・研究基盤センター・医 (Res. Fac. Cent. for Sci. & Technol. and Fac. of Med., Kagawa Univ.)
- 3P-010 クライオ電子顕微鏡法による不活性型エンドセリン B 型受容体の構造解析**
Cryo-EM Structure of the inactive state Endothelin B Receptor complexed with the lasso peptide
 ○赤坂 浩明 (Hiroaki Akasaka)、志甫谷 渉 (Wataru Shihoya)、佐野 文哉 (Fumiya K. Sano)、
 田中 達基 (Tatsuki Tanaka)、川原 凌 (Ryo Kawahara)、濡木 理 (Osamu Nureki)
 東大・院理・生物 (Dept. of Bio. Sci., The Univ. of Tokyo)
- 3P-011 走化性酸素センサータンパク質 HemAT の構造機能解析**
Structural-functional analysis of oxygen-sensor protein HemAT in chemotaxis regulatory system
 ○東田 怜¹ (Rei Tohda)、村木 則文² (Norifumi Muraki)、横山 武司³ (Takeshi Yokoyama)、
 青野 重利^{1,4} (Shigetoshi Aono)
¹自然科学研究機構・分子研 (IMS, NINS)、²慶応大・理工 (Dep. of Chem., Keio Univ.)、
³東北大・生命 (Grad. Sch. of Life Sciences, Tohoku Univ.)、⁴自然科学研究機構・生命創成 (ExCELLS, NINS)
- 3P-012 放線菌 Streptomyces sp. 由来 L-グルタミン酸酸化酵素及び変異酵素の基質認識機構**
Substrate recognition mechanisms of L-glutamate oxidase and mutants from Streptomyces sp
 ○上田 悠加¹ (Yuka Ueda)、中山 夏女² (Natsume Nakayama)、矢野 佳果² (Yoshika Yano)、
 稲垣 賢二² (Kenji Inagaki)、竹川 宜宏¹ (Norihiro Takekawa)、今田 勝巳¹ (Katsumi Imada)
¹阪大・院理 (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)、²岡大・院環境生命 (Grad. Sch. Env. & Life Sci., Okayama Univ.)
- 3P-013 ホソイトスギ由来の 4EF ハンド花粉アレルゲン、ボルカルシン Cup s 4 の組換え発現と NMR 構造解析**
Recombinant expression of Cup s 4, a 4EF-hand pollen allergen, from European cypress: Structural analysis by NMR
 ○范 培文¹ (Peiwen Fan)、趙 少楷¹ (Shaokai Zhao)、飯塚 友菜¹ (Tomona Iizuka)、鄭 靖康¹ (Jingkang Zheng)、
 柴垣 光希¹ (Mitsuki Shibagaki)、久米田 博之³ (Hiroyuki Kumeta)、相沢 智康^{1,2} (Tomoyasu Aizawa)
¹北海道大学大学院 生命科学院 (Grad. Sch. Life Sci., Hokkaido Univ.)、
²北海道大学 国際連携研究教育局 (GI-CoRE, Hokkaido Univ.)、
³北海道大学 大学院先端生命科学研究所附属施設 次世代物質生命科学研究センター (ARC, Advanced Life Sci., Hokkaido Univ.)
- 3P-014 病原性細菌ウェルシュ菌線毛構成タンパク質および線毛形成を触媒する酵素 Sortase C の X 線結晶解析**
X-ray structures of *Clostridium perfringens* pili proteins and an enzyme sortase C catalyzing pili-formation
 ○神鳥 成弘^{1,2} (Shigehiro Kamitori)、野中 康宏² (Yasuhiro Nonaka)、関谷 洋志³ (Hiroshi Sekiya)、
 玉井 栄治³ (Eiji Tamai)
¹香川大・研究基盤センター (Res. Fac. Ctr. for Sci. & Technol., Kagawa Univ.)、²香川大・医 (Fac. of Med., Kagawa Univ.)、
³松山大学・薬 (College of Pharma. Sci., Matsuyama Univ.)
- 3P-015 クライオ電子顕微鏡による RND 型多剤排出ポンプの構造解明**
Cryo-EM structure of RND-type multidrug efflux pump
 ○稲葉 理美 (Satomi Inaba-Inoue)、守屋 俊夫 (Toshio Moriya)、千田 俊哉 (Toshiya Senda)、
 田辺 幹雄 (Mikio Tanabe)
 高エネ機構・物構研・構造生物 (KEK, IMSS, SBRC)

- 3P-016** 鳥類の磁覚の機構における蛋白質基盤の構造学的洞察
Structural insights into the protein basis in the mechanism of avian magnetoreception
 ○新井 栄揮 (Shigeki Arai)、清水 瑠美 (Rumi Shimizu)、安達 基泰 (Motoyasu Adachi)
 量研・量子生命科学研究所 (Institute for Quantum Life Science, QST)
- 3P-017** スピンラベル ESR 測定による DNA 存在下の HP1 ヒンジ領域のダイナミクス解析
Dynamics of the HP1 Hinge Region with DNA Measured by Site-directed Spin Labeling-EPR Spectroscopy
 末武 勲^{1,2} (Isao Suetake)、佐藤 和信³ (Kazunobu Sato)、○杉下 友晃¹ (Tomoaki Sugishita)、
 三島 優一¹ (Yuichi Mishima)、武居 俊樹¹ (Toshiki Takei)、藤原 敏道¹ (Toshimichi Fujiwara)、
 武藤 梨沙⁴ (Risa Mutoh)、篠原 彰¹ (Akira Shinohara)、工位 武治³ (Takeji Takui)、
 宮田 真⁵ (Makoto Miyata)、北條 裕信¹ (Hironobu Hojo)、荒田 敏昭^{1,5} (Toshiaki Arata)
¹ 阪大・蛋白研 (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)、² 中村学園大・栄養 (Dept. Nutr. Sci., Grad. Sch. Nutr. Sci., Nakamura Gakuen Univ.)、
³ 大阪公立大・理・化学 (Dept. Chem., Grad. Sch. Sci., Osaka Metropolitan Univ.)、
⁴ 東邦大・理・生物分子科学 (Dept. Biomol. Sci., Fac. Sci., Toho Univ.)、
⁵ 大阪公立大・理・生物 (Dept. Biol., Grad. Sch. Sci., Osaka Metropolitan Univ.)
- 3P-018** 小角散乱と超遠心分析による多分散溶液中の目的蛋白質の散乱プロファイルの選択的導出
Derivation of scattering profile for target protein in polydisperse solution with small-angle scattering and analytical ultracentrifugation
 ○守島 健 (Ken Morishima)、井上 倫太郎 (Rintaro Inoue)、杉山 正明 (Masaaki Sugiyama)
 京大複合研 (KURNS, Kyoto Univ.)
- 3P-019** 高い没食子酸生成能を有する新たな PobA サブファミリー酵素の立体構造解析
Structural analysis of a new PobA subfamily enzyme with high activity to produce gallic acid
 ○福島 陸¹ (Riku Fukushima)、勝木 希² (Nozomi Katsuki)、山田 千早^{1,3} (Chihaya Yamada)、
 荒川 孝俊^{1,3} (Takatoshi Arakawa)、高谷 直樹² (Naoki Takaya)、伏信 進矢^{1,3} (Shinya Fushinobu)
¹ 東大院・農生科・応生工 (Dept. of Biotechnology, The Univ. of Tokyo)、² 筑波大・生命環境・MiCS (MiCS, Univ. of Tsukuba)、
³ 東大 CRIIM (CRIIM, The Univ. of Tokyo)
- 3P-020** PET 分解酵素 Cut190 のアロステリック反応機構に基づく機能向上変異体の合理的設計
Rational design of function-enhancing mutants of the PET-degrading enzyme Cut190 based on the allosteric reaction mechanism
 ○沼本 修孝¹ (Nobutaka Numoto)、Gert-Jan Bekker²、神谷 成敏³ (Narutoshi Kamiya)、
 織田 昌幸⁴ (Masayuki Oda)、伊藤 暢聡¹ (Nobutoshi Ito)
¹ 医科歯科大・難治研 (Med. Res. Inst., Tokyo Med. Dent. Univ.)、² 阪大・蛋白研 (Inst. Prot. Res., Osaka Univ.)、
³ 兵庫県大・情報科学 (Grad. Sch. Information Sci., Univ. of Hyogo)、
⁴ 京府大・生命環境 (Grad. Sch. Life and Environmental Sci., Kyoto Pref. Univ.)
- 3P-021** 室温構造解析・時分割構造解析に向けた SPring-8 構造生物学ビームラインの高度化
Development of SPring-8 MX beamline toward room temperature and time resolved crystallography
 ○馬場 清喜¹ (Seiki Baba)、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)、長谷川 和也¹ (Kazuya Hasegawa)、
 山本 雅貴² (Masaki Yamamoto)、熊坂 崇¹ (Takashi Kumaka)
¹ JASRI、² 理研・SPring-8 センター (RSC, RIKEN)
- 3P-022** 中性子スピンエコーと全原子動力学計算の協奏によるマルチドメインタンパク質の内部運動解析
Internal dynamics of multi-domain protein by neutron spin echo and all-atom MD simulation
 ○井上 倫太郎¹ (Rintaro Inoue)、荳口 友隆² (Tomotaka Oroguchi)、小田 隆³ (Takashi Oda)、
 佐藤 衛⁴ (Mamoru Sato)、杉山 正明¹ (Masaaki Sugiyama)
¹ 京大複合研 (KURNS)、² 慶應義塾大学 (Keio Univ.)、³ 立教大 (Rikkyo Univ.)、⁴ 横浜市立大 (Yokohama City Univ.)

3P-023 歯周病菌 Porphyromonas gingivalis 由来酢酸キナーゼと阻害化合物との構造評価
Structural evaluation of acetate kinase from periodontopathogenic Porphyromonas gingivalis and its inhibitory compounds

○高谷 嵐之介¹ (Rannosuke Kouya)、赤羽根 健生² (Tatsuki Akabane)、池田 和由³ (Kazuyoshi Ikeda)、米澤 朋起⁴ (Tomoki Yonezawa)、吉田 康夫⁵ (Yasuo Yoshida)、加藤 悦子¹ (Etsuko Katoh)

¹ 東洋大・食環 (Fac. of Food Nutr. Sci., Toyo Univ.)、² 東洋大院・生命 (Grad. Sch. of Life Sci., Toyo Univ.)、³ 理研・計算科学 (RCCS, RIKEN)、⁴ 慶大・薬 (Fac. of Pharm., Keio Univ.)、⁵ 愛知学院大・歯学 (Sch. of Dent., Aichi Gakuin Univ.)

3P-024 テロメア認識タンパク質であるシェルテリンの複合体精製方法の確立および構造解析
Establishment of a method for purification and structural analysis of the shelterin complex

○長村 怜奈 (Reina Nagamura)、平野 央人 (Hisato Hirano)、濡木 理 (Osamu Nureki)

東大・理・生物 (Dept. of Biological Sciences, The Univ. of Tokyo)

3P-025 細菌由来リン脂質 N-メチル基転移酵素 PmtA によるホスファチジルコリン生合成の構造基盤
Structural basis for phosphatidylcholine biosynthesis by bacterial phospholipid N-methyltransferase PmtA

○渡邊 康紀¹ (Yasunori Watanabe)、久米田 博之² (Hiroyuki Kumeta)

¹ 山形大・理 (Fac. of Sci., Yamagata Univ.)、² 北大・先端生命 (Fac. of Adv. Life Sci., Hokkaido Univ.)

3P-026 スーパー中和抗体 UT28K と SARS-CoV-2 結合の構造解析
Structure analysis of the super-neutralizing antibody UT28K with SARS-CoV-2 variants

○陳 鏐安¹ (Liu Chen)、小澤 龍彦² (Tatsuhiko Ozawa)、谷 英樹³ (Hideki Tani)、五十嵐 笑子³ (Emiko Igarashi)、佐賀 由美子³ (Yumiko Saga)、稲崎 倫子³ (Noriko Inasaki)、安楽 佑樹¹ (Yuki Anraku)、喜多 俊介¹ (Shunsuke Kita)、川筋 仁史⁴ (Hitoshi Kawasuji)、山田 博司⁵ (Hiroshi Yamada)、佐々木 宗一郎⁶ (So-Ichiro Sasaki)、染川 真由⁵ (Mayu Somekawa)、佐々木 慈英⁷ (Jiei Sasaki)、早川 芳弘⁶ (Yoshihiro Hayakawa)、山本 善裕⁴ (Yoshihiro Yamamoto)、森永 芳智⁵ (Yoshitomo Morinaga)、黒澤 信幸⁸ (Nobuyuki Kurosawa)、磯部 正治⁸ (Masaharu Isobe)、福原 秀雄¹ (Hideo Fukuhara)、前仲 勝実¹ (Katsumi Maenaka)、橋口 隆生⁷ (Takao Hashiguchi)、岸 裕幸² (Hiroyuki Kishi)、北島 勲⁹ (Isao Kitajima)、齋藤 滋⁹ (Shigeru Saito)、仁井見 英樹¹⁰ (Hideki Niimi)

¹ 北大院・薬 (Pharm. Sci., Hokkaido Univ.)、² 富山大・学術研究部医学系・免疫 (Immunology, Med., Academic Assembly, Toyama Univ.)、³ 富山衛生研・ウイルス部 (Virology, Toyama Inst. of Health)、⁴ 富山大・学術研究部医学系・感染 (Clinical Infectious Diseases, Med., Academic Assembly, Toyama Univ.)、⁵ 富山大・学術研究部医学系・微生物 (Microbiology, Med., Academic Assembly, Toyama Univ.)、⁶ 富山大・学和漢医薬・病態制御 (Host Defences, Bioscience, Inst. of Natural Medicine, Toyama Univ.)、⁷ 京大・医生物学研・ウイルス (Medical Virology, Frontier Life and Medical Sciences, Kyoto Univ.)、⁸ 富山大・生体情報システム (Molecular and Cellular Biology, Life Sci. and Bioengineering, Academic Assembly, Toyama Univ.)、⁹ 富山大本部 (Administrative office, Toyama Univ.)、¹⁰ 富山大・臨床分子病態 (Clinical Laboratory and Molecular Pathology, Med., Academic Assembly, Toyama Univ.)

3P-027 大量の回折データを利用した構造多型解析法の高度化の現状
Developments on polymorph analysis using multiple diffraction datasets

○松浦 晃明¹ (Hiroaki Matsuura)、平田 邦生¹ (Kunio Hirata)、中山 楓^{1,2} (Kaede Nakayama)、坂井 直樹^{1,3} (Naoki Sakai)、河村 高志³ (Takashi Kawamura)、熊坂 崇³ (Takashi Kumasaka)、河野 能顕¹ (Yoshiaki Kawano)、山本 雅貴¹ (Masaki Yamamoto)

¹ 理研 RSC (RIKEN SPring-8 Center)、² 兵庫県大・理 (Dept. Sci, Univ. of Hyogo)、³ 高輝度光科学研究センター (JASRI, SPring-8)

3P-028 てんかん発作と関連するラットチオレドキシン変異体の結晶構造
Crystal structure of rat thioredoxin mutant associated with epileptic seizures

○馬場 匠望^{1,2} (Takumi Baba)、大内田 守³ (Mamoru Ouchida)、大守 伊織⁴ (Iori Ohmori)、上野 剛¹ (Go Ueno)、山本 雅貴^{1,2} (Masaki Yamamoto)、竹下 浩平¹ (Kohei Takeshita)

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 兵庫県大, 生体高分子動的構造 (Dynam. and X-ray Crystal., Grad. Sch. of Life Scie, Univ. of Hyogo)、³ 岡山大, 学術研究院医歯薬学域, 分子腫瘍学 (Dept. of Molecular Oncology, Fac. of Med. Dent. Pharm. Sci., Okayama Univ.)、⁴ 岡山大, 学術研究院教育学域 (Sect. of Developmental Physiology and Pathology, Fac. of Educ., Okayama Univ.)

- 3P-029** タンパク質結晶構造解析の超効率化に向けた研究・開発
R&D on automatic structural analysis with XRD
○平田 邦生¹ (Kunio Hirata)、松浦 滉明¹ (Hiroaki Matsuura)、河野 能顕¹ (Yoshiaki Kawano)、坂井 直樹^{1,2} (Naoki Sakai)、山本 雅貴¹ (Masaki Yamamoto)
¹ 理化学研究所 RSC (RIKEN/RSC)、² 高輝度光科学研究センター (JASRI/SPring-8)
- 3P-030** クライオ電子顕微鏡によるワニヘモグロビンの立体構造解明
Crocodile Hemoglobin Structure Solved with Cryo-EM
○高橋 捷也¹ (Katsuya Takahashi)、李 勇燦¹ (Yongchan Lee)、Jeremy Tame¹、Jay Storz²、Angela Fago³、西澤 知宏¹ (Tomohiro Nishizawa)
¹ 横浜市大・生命医 (Grad. Sch. of Med. Life Sci., Yokohama City Univ.)、² Sch. of Biol. Sciences, Univ. of Nebraska、³ Zoophysiol., Dept. of Bioscience, Aarhus Univ.
- 3P-031** NiFe ヒドロゲナーゼの鉄錯体生合成における蛋白質複合体形成の構造基盤
Structure basis for protein complex formation in the biosynthesis of Fe(CN)₂CO in NiFe-hydrogenase
○村木 則文¹ (Norifumi Muraki)、青野 重利^{2,3} (Shigetoshi Aono)
¹ 慶応大・理工 (Dept. of Chem., Keio Univ.)、² 自然科学研究機構, ExCELLS (ExCELLS, NINS)、³ 自然科学研究機構, 分子研 (IMS, NINS)
- 3P-032** タンパク質における左巻きβαβモチーフの実験的解析
Experimental analysis of left-handed beta-alpha-beta motifs in proteins
○平野 莉佑¹ (Riu Hirano)、村田 裕斗¹ (Hiroto Murata)、ゴシュ スワガタ¹ (Swagatha Ghosh)、千見寺 浄慈¹ (George Chikenji)、シャバス レオナルド^{1,2} (Leonard Chavas)
¹ 名大・工・応物 (Dept. of Appl. Phys., Nagoya Univ.)、² 名大・シンクロトロン光センター (Synchrotron Radiation Center, Nagoya Univ.)
- 3P-033** 複雑な梯子状疎水基を生産するアナモックス菌のアシルキャリアプロテインと SAM 依存性メチル基転移酵素の相互作用に関する構造生物学に基づいた考察
Structural biological consideration of interaction between carrier protein and methyltransferase from ladderane lipid producing bacteria
○上垣 哲心 (Tesshin Uegaki)、日野 智也 (Tomoya Hino)、佐藤 裕介 (Yusuke Sato)、永野 真吾 (Shingo Nagano)
鳥大院・工・化学生物 (Dept. of Chem. and Biotech., Grad. Sch. of Eng., Tottori Univ.)
- 3P-034** リポソームに再構成した膜タンパク質の高分解能構造解析の試み
An attempt at high-resolution structural analysis of membrane proteins reconstituted into liposomes
中野 敦樹 (Atsuki Nakano)、○河内 貴哉 (Takaya Kawauchi)、小林 廉 (Ren Kobayashi)、谷口 佳奈 (Kana Taniguchi)、武藤 優斗 (Yuto Muto)、津山 泰一 (Taiichi Tsuyama)、横山 謙 (Ken Yokoyama)
京産・生命 (Life science, Kyoto Sangyo Univ.)
- 3P-035** X線小角散乱 (SEC-SAXS) による、Breast tumor kinase の活性化機構の解明
Elucidation of the activation mechanism of Breast tumor kinase by SEC-SAXS
○宇賀神 魁¹ (Kaito Ugajin)、武井 梓穂¹ (Shiho Takei)、松田 正^{1,2} (Tadashi Matsuda)、尾瀬 農之^{1,3} (Toyoyuki Ose)
¹ 北大院・生命科学 (Grad. Sch. Life Sci., Hokkaido Univ.)、² 北大院・薬 (Faculty of Pharm. Sci., Hokkaido Univ.)、³ 北大院・先端生命 (Faculty of Adv. Life Sci., Hokkaido Univ.)
- 3P-036** FAF1 および UBXD7 の p97 活性化ドメインの同定
Identification of the p97 activation domain of FAF1 and UBXD7
○佐藤 裕介^{1,2} (Yusuke Sato)、安本 菜那子³ (Nanako Yasumoto)、日野 智也^{1,2} (Tomoya Hino)、永野 真吾^{1,2} (Shingo Nagano)
¹ 鳥大・院工 (Grad. Sch. of Eng., Tottori Univ.)、² 鳥大・GSCセンター (Cent. for Res. on GSC., Tottori Univ.)、³ 鳥大・工 (Fac. of Eng., Tottori Univ.)

- 3P-037 PDZ ドメインをターゲットとしたコロナウイルス増殖阻害活性をもつ化合物の探索**
Screening of PDZ domain-binding compounds for anti-coronavirus replication
濱嶋 竜生¹ (Ryusei Hamajima)、高木 春樺¹ (Haruka Takagi)、○天野 剛志¹ (Takeshi Tenno)、
呉 紅² (Hong Wu)、鈴木 陽一² (Youichi Suzuki)、中野 隆史² (Takashi Nakano)、
廣明 秀一¹ (Hidekazu Hiroaki)
¹ 名大・院・創薬 (Grd. Sch. Pharm. Sci., Nagoya Univ.)、² 大阪医科薬科・医 (Sch. Med. Osaka Med. Pharm. Univ.)
- 3P-038 ヒトと分裂酵母由来の UPS 関連酵素 UCH37-RPN13 によるユビキチン鎖切断活性の比較**
Comparison of ubiquitin chain cleavage specificity by UPS-related enzyme UCH37-RPN13 from human and fission yeast
○徳久 歩乃佳 (Honoka Tokuhisa)、吉岡 直克 (Naosuke Yoshioka)、日野 智也 (Tomoya Hino)、
永野 真吾 (Shingo Nagano)、佐藤 裕介 (Yusuke Sato)
鳥大・院持続性社会 (Grad. Sch. of Sus. Sci., Tottori Univ.)
- 3P-039 トマトの苦味物質トマチンを酸化的に代謝する酵素群の基質認識メカニズムの解明と改変**
Functional modification of 2-oxoglutarate dependent dioxygenases that oxidatively metabolize tomatine
○吉岡 剛汰¹ (Kota Yoshioka)、宮崎 麻紗美¹ (Asami Miyazaki)、秋山 遼太³ (Ryota Akiyama)、
水谷 正治³ (Masaharu Mizutani)、野川 俊彦⁴ (Toshihiko Nogawa)、越野 広雪⁴ (Hiroyuki Koshino)、
佐藤 裕介² (Yusuke Sato)、日野 智也² (Tomoya Hino)、永野 真吾² (Shingo Nagano)
¹ 鳥大・院持続性社会 (Grad. Sch. of Sus. Sci., Tottori Univ.)、² 鳥大・院工 (Grad. Sch. of Eng., Tottori Univ.)、
³ 神大・院農 (Grad. Sch. of Agr. Sci., Kobe Univ.)、⁴ 理研 CSRS (RIKEN CSRS)
- 3P-040 キサントフィルを用いた集光アンテナを持つロドプシン Kin4B8 のクライオ電子顕微鏡による構造解析**
Cryo-EM Structure of Kin4B8, a Light-Driven Ion Pump with Dual Chromophores
○村越 峻也¹ (Shunya Murakoshi)、Ariel Chazan²、志甫谷 渉¹ (Wataru Shihoya)、
濡木 理¹ (Osamu Nureki)、Oded Beja²
¹ 東大 (The Univ. of Tokyo)、² イスラエル工科大 (Israel Inst. of Tech)
- 3P-041 X線・電子常磁性共鳴法で観る複核 Mn 中心金属酵素の構造柔軟性と活性相関**
X-ray and EPR studies revealed unique flexibility in the di-Mn active site of cold-adapted enzymes
嘉数 百合¹ (Yuri Kasu)、坂本 貫太郎¹ (Kantaro Sakamoto)、杉本 宏³ (Hiroshi Sugimoto)、
○堀谷 正樹^{1,2} (Masaki Horitani)
¹ 佐大・農・生資 (Fac. Agri., Saga Univ.)、² 鹿大院・連農 (The Uni. Grad. Sch. of Agri. Sci., Kagoshima Univ.)、
³ 理研・播磨 (RSC, RIKEN)
- 3P-042 SPring-8 生体高分子結晶解析ビームラインと創薬スクリーニングパイプラインの現状**
Current status of the macromolecular crystallography beamlines and the drug screening pipeline at SPring-8
○坂井 直樹¹ (Naoki Sakai)、仲村 勇樹¹ (Yuki Nakamura)、水野 伸宏¹ (Nobuhiro Mizuno)、
馬場 清喜¹ (Seiki Baba)、村上 博則¹ (Hironori Murakami)、増永 拓也¹ (Takuya Masunaga)、
奥村 英夫¹ (Hideo Okumura)、河村 高志¹ (Takashi Kawamura)、上野 剛² (Go Ueno)、
平田 邦生² (Kunio Hirata)、長谷川 和也¹ (Kazuya Hasegawa)、山本 雅貴² (Masaki Yamamoto)、
熊坂 崇¹ (Takashi Kumasaka)
¹ (公財) 高輝度光科学研究センター (JASRI)、² 理研・放射光科学研究センター (RIKEN, RSC)
- 3P-043 結晶化プレート上の結晶判定 AI の開発**
Development of AI for recognition of crystals on a crystallization plate
○山崎 寛¹ (Hiroshi Yamasaki)、佐藤 匡史¹ (Tadashi Sato)、山田 悠介² (Yusuke Yamada)、
守屋 俊夫² (Toshio Moriya)、田中 良樹¹ (Yoshiki Tanaka)、加藤 龍一² (Ryuichi Kato)、
千田 俊哉² (Toshiya Senda)、西ヶ谷 有輝¹ (Yuki Nishigaya)
¹ 株式会社アグロデザイン・スタジオ (AgroDesign Studios)、
² 高エネルギー加速器研究機構、構造生物学研究センター (Structural Biology Research Center, Institute of Materials Structure Science, KEK)

3P-044 SPring-8 における共用クライオ電子顕微鏡

Public use cryoTEM at SPring-8

○重松 秀樹¹ (Hideki Shigematsu)、ゲーレ クリストフ² (Christoph Gerle)、
ゴパラシンガム チャイ² (Chai Gopalasingam)

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

3P-045 高活性ブラシノステロイドの生合成に関わる CYP85A3 の X 線結晶構造解析

X-ray structural analysis of CYP85A3 involved in biosynthesis of highly active brassinosteroids

○児島 よしの¹ (Yoshino Kojima)、眞鍋 菜緒子¹ (Naoko Manabe)、大西 利幸² (Toshiyuki Ohnishi)、
水谷 正治³ (Masaharu Mizutani)、佐藤 裕介⁴ (Yusuke Sato)、日野 智也⁴ (Tomoya Hino)、
永野 真吾⁴ (Shingo Nagano)

¹ 鳥大・院持続性社会 (Grad. Sch. of Sus. Sci., Tottori Univ.)、² 静大・農学部 (Fac. of Agr., Shizuoka Univ.)、

³ 神大・院農 (Sch. of Agr. Sci., Kobe Univ.)、⁴ 鳥大・院工 (Grad. Sch. of Eng., Tottori Univ.)

3P-046 あいち SR の名古屋大学 X 線回折ビームライン BL2S1 の即応性と多様性の利用支援

Rapid Access and Multi-Use Diffraction Beamline BL2S1 from Nagoya University in Aichi-SR

○梅名 泰史¹ (Yasufumi Umena)、小野田 浩宜¹ (Hiroki Onoda)、シャバス レオナルド^{1,2} (Leonard M. G. Chavas)

¹ 名大・シンクロ (NUSR, Nagoya Univ.)、² 名大・応用物理 (Dep. of App. Physics)

3P-047 イヌ変性性脊髄症 (DM) を引き起こす E40K 変異 SOD1 タンパク質の凝集体形成機構

Molecular mechanism of E40K mutant SOD1 protein causing canine degenerative myelopathy (DM)

○鎌足 雄司 (Yuji O. Kamatari)

岐大・糖鎖 (iGCORE, Gifu Univ.)

3P-048 *Tis*AFP 氷結合部位の機能解明のための中性子線構造解析

Neutron crystallography to elucidate the mechanism of *Tis*AFP ice binding site

○一木 佑太¹ (Yuta Ichiki)、内田 明希¹ (Aki Uchida)、近藤 英昌² (Hidemasa Kondo)、
尾瀬 農之¹ (Toyoyuki Ose)

¹ 北大院・生命科学 (Grad. Sch. Life Sci., Hokkaido Univ.)、² 産総研・生物プロセス (Bioproduction Research Institute, AIST)

3P-049 テルペン合成酵素において非正規なドメイン構成を持つ海洋細菌由来ドリメノール合成酵素の構造基盤

Structural basis for a marine bacterial drimenol synthase with non-canonical domain assembly for terpene synthase

○藤山 敬介 (Keisuke Fujiyama)、高木 海 (Hiroshi Takagi)、Ngoc Quynh Vo Nhu、高橋 俊二 (Shunji Takahashi)

理研・CSRS (RIKEN CSRS)

3P-050 MFS 型薬剤排出トランスポーターの複数の構造状態を捉える

Capturing multiple structural states of the MFS-type drug efflux transporter

○田辺 幹雄 (Mikio Tanabe)、稲葉 理美 (Satomi Inaba-Inoue)、守屋 俊夫 (Toshio Moriya)、千田 俊哉 (Toshiya Senda)

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

3P-051 ヒドロキシカルボン酸受容体のリガンド認識およびシグナル伝達機構の構造基盤

Structural basis of signaling mechanisms of Hydroxycarboxylic acid receptors through ligand binding

○鈴木 翔大¹ (Shota Suzuki)、田中 康太郎^{2,3} (Kotaro Tanaka)、鈴木 博視¹ (Hiroshi Suzuki)、
大嶋 篤典^{2,3} (Atsunori Oshima)、藤吉 好則¹ (Yoshinori Fujiyoshi)、西川 幸希⁴ (Koki Nishikawa)

¹ 東京医科歯科大学 高等研 (Adv. Res. Inst., Tokyo Med. and Dent. Univ.)、

² 名大・細胞生理 (Cellular and Struct. Physiol. Inst., Nagoya Univ.)、³ 名大・院創薬科学 (Grad. Sch. of Pharma. Sci., Nagoya Univ.)、

⁴ 東京農工大・生体分子解析学共同研究講座 (Joint Res. Crs. Adv. Biomol. Character., Tokyo Univ. Agri. and Tech.)

3P-052 class B1 GPCR に保存された細胞内ポケットの発見と新規の受容体活性化メカニズムの解明**A novel activation mechanism of class B1 GPCRs via a conserved intracellular pocket**

○小林 和弘^{1,2} (Kazuhiro Kobayashi)、川上 耕季² (Kouki Kawakami)、草木 迫司¹ (Tsukasa Kusakizako)、富田 篤弘^{1,3} (Atsuhiko Tomita)、西村 方博¹ (Michihiro Nishimura)、澤田 和宏¹ (Kazuhiro Sawada)、岡本 紘幸¹ (Hiroyuki Okamoto)、中村 楽⁴ (Gaku Nakamura)、桑原 莉来⁴ (Riku Kuwabara)、野田 寛⁵ (Hiroshi Noda)、村松 弘康⁵ (Hiroyasu Muramatsu)、清水 勝⁵ (Masaru Shimizu)、田口 友彦⁶ (Tomohiko Taguchi)、井上 飛鳥⁴ (Asuka Inoue)、村田 武士⁷ (Takeshi Murata)、濡木 理¹ (Osamu Nureki)

¹ 東大・理・生科 (Grad. Sch. of Biol. Sci., Univ. of Tokyo)、

² 東大・総合文化・先進科学研究機構 (Komaba Inst. for Sci., The Univ. of Tokyo)、

³ 株式会社 Preferred Networks (Preferred Networks, Inc.)、⁴ 東北大・薬学研究科 (Grad. Sch. of Pharm. Sci., Tohoku Univ.)、

⁵ 中外製薬株式会社 (Chugai Pharm.)、⁶ 東北大・生命科学 (Grad. Sch. of Life Sci., Tohoku Univ.)、

⁷ 千葉大・理・基理 (Dept. of Chem., Grad. Sch. of Sci., Chiba Univ.)

3P-053 Recognition mechanism of an analgesic drug mirogabalin by recombinant human $\alpha_2\delta_1$ protein, a subunit of voltage-gated calcium channel

○香西 大輔¹ (Daisuke Kozai)、沼本 修孝² (Nobutaka Numoto)、西川 幸希^{3,4} (Koki Nishikawa)、亀川 亜希子^{1,3} (Akiko Kamegawa)、川崎 祥平⁵ (Shohei Kawasaki)、廣明 洋子⁶ (Yoko Hiroaki)、入江 克雅⁷ (Katsumasa Irie)、大嶋 篤典^{6,8,9} (Atsunori Oshima)、半沢 宏之⁵ (Hiroyuki Hanzawa)、島田 伸生¹⁰ (Kousei Shimada)、北野 裕¹⁰ (Yutaka Kitano)、藤吉 好則^{1,3} (Yoshinori Fujiyoshi)

¹ 東京医歯大・高等研院 (Adv. Res. Inst., Tokyo Med. and Dent. Univ.)、

² 東京医歯大・難治疾患研 (Med. Res. Inst., Tokyo Med. and Dent. Univ.)、³ CeSPIA Inc.、

⁴ 東京農工大・生体共研講 (Joint Res. Crs. Adv. Biomol. Character., Tokyo Univ. Agri. and Tech.)、

⁵ 第一三共 RD ノバーレ (Daiichi Sankyo RD Novare Co., Ltd.)、⁶ 名古屋大・細胞生理研セ (CeSPI, Nagoya Univ.)、

⁷ 和歌山県立医科大・薬 (Sch. Pharmaceu. Sci., Wakayama Med. Univ.)、⁸ 名大院創薬 (Grad. Sch. Pharmaceu. Sci., Nagoya Univ.)、

⁹ 名大 iGCORE (Inst. Glyco-core Res. (iGCORE), Nagoya Univ.)、¹⁰ 第一三共 (Daiichi Sankyo Co., Ltd.)

3P-054 Functional and structural analysis of novel enzymes that degrade D-arabinan glycans in the cell walls of Mycobacteria

○鹿島 騰真^{1,2} (Toma Kashima)、下川 倫子³ (Michiko Shimokawa)、石渡 明弘⁴ (Akihiro Ishiwata)、工藤 亜津沙³ (Azusa Kudo)、中島 千穂¹ (Chiho Nakashima)、荒川 孝俊^{1,5} (Takatoshi Arakawa)、山田 千早^{1,5} (Chihaya Yamada)、藤田 清貴³ (Kiyotaka Fujita)、伏信 進矢^{1,5} (Shinya Fushinobu)

¹ 東大院・農生科・応生工 (Dept. of Biotechnology, The Univ. of Tokyo)、² 京大院・生命 (Grad. School of Biostudies, Kyoto Univ.)、

³ 鹿児島大・農 (Fac. Agric., Kagoshima Univ.)、⁴ 理研 (RIKEN)、

⁵ 東大・微生物科学イノベーション連携研究機構 (CRIIM, The Univ. of Tokyo)

3P-055 分子標的農薬のための構造生物学基盤**Structure analysis for molecular targeting agrochemicals**

○田中 良樹¹ (Yoshiki Tanaka)、武本 瑞貴² (Mizuki Takemoto)、Simon Miller¹、佐藤 匡史¹ (Tadashi Satoh)、坂井 直樹³ (Naoki Sakai)、森脇 寛智¹ (Hiroto Moriawaki)、山田 悠介⁴ (Yusuke Yamada)、平田 邦生³ (Kunio Hirata)、引田 理英⁴ (Masahide Hikita)、加藤 龍一⁴ (Ryuichi Kato)、氏原 一哉² (Kazuya Ujihara)、梅本 直¹ (Nao Umemoto)、力丸 健太郎² (Kentaro Rikimaru)、千田 俊哉⁴ (Toshiya Senda)、山本 雅貴³ (Masaki Yamamoto)、石谷 隆一郎² (Ryuichiro Ishitani)、西ヶ谷 有輝¹ (Yuki Nishigaya)

¹ アグロデザイン・スタジオ (AgroDesign Studios)、² プリファードネットワークス (Preferred Networks)、

³ 理研・放射光科学研究センター (RIKEN SPring-8 Center)、⁴ 高エネ機構・構造生物学研究センター (KEK SBRC)

3P-056 Ligand- induced dynamics in a lipocalin- tetrapyrrole complex (Sandercyanin) studied by time-resolved serial crystallography

○ゴシュ スワガタ (Swagatha Ghosh)

名大・院工・応物 (Dept. of Appl. Phys. Grad. Sch. of Eng. Nagoya Univ.)

| 計算科学・情報科学 / Computation/Information science (3P-057 ~ 3P-071)

3P-057 反応経路探索および自由エネルギー計算によるトリプトファン合成酵素のアロステリック制御機構の解明
Revealing the allosteric mechanism of tryptophan synthase by the reaction path search and free energy calculation○伊東 真吾 (Shingo Ito)、八木 清 (Kiyoshi Yagi)、杉田 有治 (Yuji Sugita)
理研・杉田研 (RIKEN, CPR, TMSL)**3P-058 液滴関連タンパク質の天然変性領域における特徴**
Characteristics of intrinsically disordered regions in LLPS-related protein○小澤 侑平¹ (Yuhei Ozawa)、安保 勲人¹ (Hiroto Anbo)、福地 佐斗志¹ (Satoshi Fukuchi)、
太田 元規² (Motonori Ota)
¹前工大・院工・生命情報 (Dept. of Life Sci. & Info., Grad. Sch. of Tec., Maebashi Ins. of Tec.)、
²名大・情報学研究科 (Grad. Sch. Informatics, Nagoya Univ.)**3P-059 配列保存性を用いない天然変性領域予測プログラムの開発**
Development of a prediction model to predict intrinsically disordered regions without using evolutionary information○清水 樹 (Itsuki Shimizu)
前橋工科大・工・生命情報 (3rd Dept. of Life Sci. & Informatics, Maebashi Ins. of Tec.)**3P-060 グラフニューラルネットワークと転移学習による低分子リガンド結合部位の予測**
Prediction of small molecule ligand-binding sites using graph neural network and transfer learning○塩生 真史¹ (Masafumi Shionyu)、前原 大和¹ (Yamato Maehara)、土方 敦司² (Atsushi Hijikata)
¹長浜バイオ大・院バイオサイエンス (Grad. Sch. Biosci., Nagahama Inst. Bio-Sci. Tech.)、
²東薬大・生命 (Sch. Life Sci., Tokyo Univ. Pharm. Life Sci.)**3P-061 AlphaFoldDB の予測立体構造を用いた遠縁のホモログタンパク質の認識**
Recognition of remote homologous proteins using predicted 3D structures from AlphaFoldDB○川端 猛 (Takeshi Kawabata)、木下 賢吾 (Kengo Kinoshita)
東北大・院情報 (Grad. Sch. Info. Sci., Tohoku Univ.)**3P-062 タンパク質複合体構造予測法の開発: ドッキングソフトウェアによる初期構造生成と AlphaFold2 ポテンシャル関数の最適化によるリファインメント**
Protein complex structure prediction method: generating initial guess by docking software and refinement of AlphaFold2 potential function○古山 雅貴¹ (Masaki Koyama)、千見寺 浄慈¹ (George Chikenji)、小野田 浩宜² (Hiroki Onoda)
¹名大・工・応物 (Dept. of Appl. Phys., Nagoya Univ.)、
²名大・シンクロトロン光研究センター (Synchrotron Radiation Research Center, Nagoya Univ.)**3P-063 Dynamical interaction analysis between SARS-CoV-2 RNA-dependent RNA Polymerase and Remdesivir by Fragment Molecular Orbital Calculations**○宮川 柊兵¹ (Shuhei Miyakawa)、奥脇 弘次^{1,3} (Koji Okuwaki)、半田 佑磨^{1,3} (Yuma Handa)、
古石 誉之¹ (Takayuki Furuishi)、米持 悦生¹ (Etsuo Yonemochi)、加藤 幸一郎² (Koichiro Kato)、
福澤 薫^{1,3} (Kaori Fukuzawa)
¹星薬大 (Sch. of Pharm Hoshi Univ.)、²九大院工 (Grad Sch. of Eng. Kyushu Univ.)、³阪大院薬 (Grad Sch. of Pharm. Osaka Univ.)**3P-064 タンパク質の構造・物性に基づく可視粒子形成のリスク評価手法の構築**
Computational Prediction of Visible Particle Formation Risk based on Protein Structure and Physicochemical Property○平山 和徳 (Kazunori Hirayama)、新井 健悟 (Kengo Arai)、江上 貴一 (Kiichi Egami)、福田 正和 (Masakazu Fukuda)
中外製薬 (株)・製剤研究部 (Formulation Dev. Dept., Chugai Pharm.)

- 3P-065** GPCR ヘテロダイマー結合リガンドの特徴解析
Computational analysis of ligands binding to GPCR hetero-dimer
 ○瀧島 僚太 (Ryota Takishima)、岡本 樹希 (Tatsuki Okamoto)、津田 くるみ (Kurumi Tsuda)、根本 航 (Wataru Nemoto)
 東京電機大・院・理工 (Dept. of Sch. & Tech., Tokyo Denki Univ.)
- 3P-066** ψ ループモチーフが持つスプリット β ヘアピンの解析
Analysis of split beta-hairpin with psi-loop motifs
 ○寺田 知暉 (Tomoki C. Terada)、仁科 拓海 (Takumi Nishina)、千見寺 浄慈 (George Chikenji)
 名大・院工・応物 (Dept. of Appl. Phy., Grad. Sch. of Eng., Nagoya Univ.)
- 3P-067** 抗炎症治療に向けた TLR4 とクルクミン複合体のモデリングと分子動力学シミュレーション
Modeling and Molecular Dynamic Simulations of the Complex of TLR4 and Curcumin for an Anti-inflammatory Remedy
 ○ユリエタ セリ オリヴィア (Shally Olivia Yulietha)、藤 博幸 (Hiroyuki Toh)
 関学・理工・医化 (Dept. Med. Chem., Sch., Sci. Eng., KGU)
- 3P-068** 拡張アンサンブル法を用いた分子動力学によるシトクロム *c* の自由エネルギー解析
A Free-energy Analysis for a 3D-DS dimer of Cyt *c* by Enhanced Molecular Dynamics Simulations
 ○下山 紘充¹ (Hiromitsu Shimoyama)、Cheng Xie²、廣田 俊² (Shun Hirota)、重田 育照¹ (Yasuteru Shigeta)
¹筑波大 CCS (CCS Univ. of Tsukuba)、²奈良先端大 (NAIST)
- 3P-069** 演題取り下げ /Withdrawn
- 3P-070** Resolving unknown conformational state of oxalate transporter by combination of molecular dynamics simulation and AlphaFold2
 ○大貫 隼 (Jun Ohnuki)、岡崎 圭一 (Kei-ichi Okazaki)
 分子科学研究所 (Institute for Molecular Science)
- 3P-071** 植物型フェレドキシンの活性中心の還元が構造や挙動に及ぼす影響についての計算化学的研究
Computational studies of the effects of active-center reduction of plant-type ferredoxin on its structure and dynamics
 ○仲吉 朝希¹ (Tomoki Nakayoshi)、大西 裕介² (Yusuke Onishi)、田中 秀明² (Hideaki Tanaka)、
 栗栖 源嗣² (Genji Kurisu)、鷹野 優¹ (Yu Takano)
¹広島市大・院・情報 (Grad. Sch. Inf. Sci., Hiroshima City Univ.)、²阪大・蛋白研 (Inst. Protein Res.)

3P-3 ポスター展示会場 (1F 白鳥ホール) / Poster & Exhibition (1F Shirotori Hall)
 7月7日 (金) / July 7 (Fri.) 13:30 ~ 15:30

機能解析・細胞・イメージング / Protein/cellular functions, Imaging (3P-072 ~ 3P-092)

- 3P-072** PYY の作用機序解明
Elucidation of the mechanism of action of PYY
 ○町田 風 (Nagi Machida)
 成蹊大・理工・物質生命理工 (Dept. of Mater. Sci., Faculty of Sci. Tech., Seikei Univ.)
- 3P-073** Synechococcus sp. NKBG15041c 由来の MoxR family ATPase の機能と構造
The function and structure of MoxR family ATPase from Synechococcus sp. NKBG15041c
 ○真野 広大¹ (Kota Mano)、野井 健太郎¹ (Kentaro Noi)、守島 健² (Ken Morishima)、
 井上 倫太郎² (Rintaro Inoue)、杉山 正明² (Masaaki Sugiyama)、山田 晃世¹ (Akiyo Yamada)、
 養王田 正文¹ (Masafumi Yohda)
¹農工大・院工・生命工 (Dept. of Biotechnol., Tokyo Univ. of Agric. And Technol.)、
²京大・複合原子力科学研究所 (Institute for Integrated Radiation and Nuclear Science., Kyoto Univ.)

3P-074 Kai 時計タンパク質の概日振動のシステム解析

Integrated Analysis of Kai-Circadian Clock System

○杉山 正明¹ (Masaaki Sugiyama)、守島 健¹ (Ken Morishima)、柚木 康弘¹ (Yasuhiro Yunoki)、
井上 倫太郎¹ (Rintaro Inoue)、佐藤 信浩¹ (Nobuhiro Sato)、矢木 宏和^{2,3} (Hirokazu Yagi)、
加藤 晃一² (Koichi Kato)

¹京大・複合研 (KURNS)、²自然科学研究機構 生命創成探究センター (ExCells)、³名市大・薬 (NCU)

3P-075 細菌由来 F1 ATPase を利用した動物細胞内 ATP 濃度低下手法の開発

Bacterial F1 ATPase as a genetic tool to decrease ATP levels in animal cells

○津山 泰一¹ (Taiichi Tsuyama)、今村 博臣² (Hiromi Imamura)、横山 謙¹ (Ken Yokoyama)

¹京産大・生命科学・先端生命 (Dept. of Mol. Biosci., Kyoto Sangyo Univ.)、²京大・生命 (Grad. Sch. of Biostudies, Kyoto Univ.)

3P-076 抗酸菌の休眠誘導に関わる天然変性ヒストン様タンパク質による DNA 凝集の動的メカニズムの解析

Dynamic action of an intrinsically disordered histone-like protein in DNA compaction that induces mycobacterial dormancy

○西山 晃史¹ (Akihito Nishiyama)、清水 将裕^{2,3} (Masahiro Shimizu)、成田 知恕² (Tomoyuki Narita)、
古寺 哲幸² (Noriyuki Kodera)、Anna Savitskaya¹、尾関 百合子¹ (Yuriko Ozeki)、
横山 晃¹ (Akira Yokoyama)、真柳 浩太⁴ (Kouta Mayanagi)、山口 雄大^{5,6} (Takehiro Yamaguchi)、
立石 善隆¹ (Yoshitaka Tateishi)、松本 壮吉¹ (Sohkichi Matsumoto)

¹新潟大院・医歯学総合・細菌学 (Dept. Bacteriol., Niigata Univ. Sch. Med.)、

²金沢大・ナノ生命科学研 (NanoLSI, Kanazawa Univ.)、

³京都大・複合原子力科学研 (Div. Quantum Beam Mater. Sci., Inst. Integr. Radiat. Nuc. Sci., Kyoto Univ.)、

⁴九州大・生体防御医学研 (Med. Inst. Bioregulation, Kyushu Univ.)、

⁵大阪公大院・医・分子病態薬理学 (Dept. Pharmacol., Osaka Metro. Univ. Med. Sch.)、

⁶国立感染症研・細菌第一部 (Dept. Bacteriol. I, Nat. Inst. Infect. Dis.)

3P-077 ビフィズス菌産生ペプチドの機能解析

Functional characterization of ribosomally synthesized peptides produced by *Bifidobacterium Infantis*

○藤浪 大輔 (Daisuke Fujinami)、伊藤 創平 (Sohei Ito)

静岡県大・院・薬食 (Grad. Sch. Integr. Pharm. Nutr. Sci., Univ. Shizuoka)

3P-078 がん治療へ向けた、腫瘍微小環境下で特異的に結合するハイブリットタンパク質の作成

Creation of hybrid proteins that bind specifically in the tumor microenvironment for cancer therapy

○上村 怜士¹ (Reiji Uemura)、ゴシュ スワガタ¹ (Swagatha Ghosh)、
シャババス レオナルド^{1,2} (Leonard Chavas)

¹名大・工・応物 (Dept. of Appl. Phys., Nagoya Univ.)、

²名大・シンクロトロン光研究センター (Synchrotron Radiation Research Center, Nagoya Univ.)

3P-079 大腸菌内で発現した翻訳後修飾組換え蛋白質の調製方法の開発と蛋白質間相互作用への展開

Development of a method to prepare posttranslationally modified recombinant proteins in *E. coli* and application to protein-protein binding

鶴沢 壮太 (Sohta Uzawa)、大場 梓帆 (Shiho Ohba)、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・応化 (Dept. Appl. Chem., Fac. Sci., Tokyo Univ. of Sci.)

3P-080 新規なフラビン酵素によるプロトカテク酸の水酸化とその反応機構

Hydroxylation mechanism of protocatechuic acid by novel flavin-dependent monooxygenases

○勝木 希¹ (Nozomi Katsuki)、福島 陸² (Riku Fukushima)、梶尾 俊介¹ (Shunsuke Masuo)、
荒川 孝俊^{2,3} (Takatoshi Arakawa)、山田 千早^{2,3} (Chihaya Yamada)、伏信 進矢^{2,3} (Shinya Fushinobu)、
高谷 直樹¹ (Naoki Takaya)

¹筑波大・生命環境/MiCS (Univ. of Tsukuba/MiCS)、²東大院・農生科 (Dept. of Biotechnology, The Univ. of Tokyo)、

³東大・CRIIM (CRIIM, The Univ. of Tokyo)

- 3P-081 ウリ科植物の免疫を阻害するエフェクタータンパク質と標的因子の相互作用機構の解明**
Elucidation of the interaction mechanism between the effector protein that inhibits the immunity of cucurbits and the target factor
 ○廣川 量¹(Ryo Hirokawa)、碓井 拓哉¹(Takuya Usui)、大木 進野²(Shinya Ohki)、高野 義孝³(Yoshitaka Takano)、尾瀬 農之^{1,4}(Toyoyuki Ose)
¹北大院・生命科学 (Grad. Sch. Life Sci., Hokkaido Univ.)、
²北陸先端大・ナノマテリアルテクノロジーセンター (CNMT, JAIST.)、³京大院・農 (Grad. Sch. Agric., Kyoto Univ.)、
⁴北大院・先端生命 (Faculty of Adv. Life Sci., Hokkaido Univ.)
- 3P-082 痒み伝達に関与するタンパク質の研究**
Proteins involved in itch transmission
 ○鶴見 康太 (Kota Tsurumi)、小池 亮太郎 (Ryotaro Koike)、太田 元規 (Motonori Ota)
 名大・情・複雑 (Dept. of Com., Grad. Sch. of Inf., Nagoya Univ.)
- 3P-083 光駆動 Cl⁻ ポンプ蛋白質が起こす過渡的な基質放出・取込み過程の直接観測**
Direct detection of the substrate uptake and release reactions of the light-driven Cl⁻ pump protein
 濱田 知快¹(Chihaya Hamada)、村部 圭祐¹(Keisuke Murabe)、塚本 卓^{1,2}(Takashi Tsukamoto)、出村 誠^{1,2}(Makoto Demura)、○菊川 峰志^{1,2}(Takashi Kikukawa)
¹北大・院・生命 (Grad. Sch. Life Sci., Hokkaido Univ.)、²北大・院・先端生命 (Fac. Adv. Life Sci., Hokkaido Univ.)
- 3P-084 サブミクロン赤外分光分析法の生体試料への応用**
Application of the submicron-spatial-resolution infrared spectroscopy to the analysis of biomaterials
 ○清水 夕美子 (Yumiko Shimizu)、小林 華栄 (Hanae Kobayashi)、馬殿 直樹 (Naoki Baden)、浦山 憲雄 (Norio Urayama)
 株式会社 日本サーマル・コンサルティング (Nihon Thermal Consulting Co.)
- 3P-085 試験管内再構成によるミトコンドリア外膜融合機構の解明**
Elucidating molecular mechanism of mitochondrial outer membrane fusion using in vitro reconstitution
 ○伴 匡人¹(Tadato Ban)、石原 直忠²(Naotada Ishihara)
¹久留米大・分子生命研 (Inst. Life Sci., Kurume Univ.)、²阪大・理学・生物科学 (Dept. Bio. Sci., Grad. Sch. of Sci., Osaka Univ.)
- 3P-086 マウス嗅覚受容体のトリメチルチアゾリン応答機構解析**
Trimethylthiazoline binding mechanism of mouse odorant receptors
 ○武田 美樹¹(Miki Takeda)、福谷 洋介¹(Yosuke Fukutani)、松波 宏明²(Hiroaki Matsunami)、養王田 正文¹(Masafumi Yohda)
¹農工大・院工・生命工 (Dept. of Biotechnol and Life Science, Tokyo Univ. Agri. and Tech.)、
²Duke 大・医・MGM (Dep. of Mol. Genetic, Microbiol., Duke Univ. Sch. Med.)
- 3P-087 光学的局所加熱法による 1 型リアノジン受容体の過敏な熱応答機構の解析**
Mechanism of heat-hypersensitivity in ryanodine receptor type 1 mutants studied by optically controlled microscopic heating
 ○鈴木 団 (Madoka Suzuki)
 阪大・蛋白研 (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)
- 3P-088 MreB のドメイン IIA の変異により生じる多様な細胞形態**
Divergent Cell Morphology by a Mutation in the IIA Domain of MreB
 ○秋山 光市郎¹(Koichiro Akiyama)、塩見 大輔²(Daisuke Shiomi)、仁木 宏典¹(Hironori Niki)
¹遺伝研 (Nat. Inst. of Genetics)、²立教大・理 (Dept. of Life Sci., Rikkyo Univ.)
- 3P-089 タバコモザイクウイルスゲノム中に大腸菌によって認識される遺伝子発現エレメントが存在する**
Gene expression for the cDNA of the tobacco mosaic virus genome in Escherichia coli
 ○西宮 佳志 (Yoshiyuki Nishimiya)
 産総研・生物プロセス (Bioproduction, AIST)

3P-090 高速 AFM を用いた抗 SARS-CoV-2 スパイク中和抗体のナノスコピック評価
Nanoscopic Evaluation of Anti-SARS-CoV-2 Spike Neutralizing Antibody Using High-Speed AFM

○リン キイ シヤン¹ (Kee Siang Lim)、西出 梧朗² (Goro Nishide)、
サジダ エルマ サキナトゥス³ (Elma Sakinatus Sajidah)、山野 友義^{1,4} (Tomoyoshi Yamano)、
キュー ユジア³ (Yujia Qiu)、吉田 孟史⁴ (Takeshi Yoshida)、小林 亜紀子⁵ (Akiko Kobayashi)、
羽澤 勝治^{1,5} (Masaharu Hazawa)、安藤 敏夫¹ (Toshio Ando)、華山 力成^{1,4} (Rikinari Hanayama)、
ウォング リチャード^{1,5} (Richard Wong)

¹ 金沢大学・ナノ生命科学研究所 (WPI Nano Life Science Institute, Kanazawa University)、

² 金沢大学・新学術創成研究科ナノ生命科学専攻、ナノ精密医学・理工学卓越大学院プログラム (Division of Nano Life Science in the Graduate School of Frontier Science Initiative, WISE Program for Nano-Precision Medicine, Science and Technology, Kanazawa University)、

³ 金沢大学・新学術創成研究科ナノ生命科学専攻 (Division of Nano Life Science in the Graduate School of Frontier Science Initiative, Kanazawa University)、

⁴ 金沢大学・医学系 免疫学 (Department of Immunology, Graduate School of Medical Sciences, Kanazawa University)、

⁵ 金沢大学・セルバイオノミクスの融合研究、新学術創成研究機構 (Cell-Bionomics Research Unit, Institute for Frontier Science Initiative, Kanazawa University (INFINITI))

3P-091 Functional profiling of transport proteins from ubiquitous marine bacteria reveals mechanisms and global patterns of nutrient uptake

○クリフトン ベンジャミン¹ (Benjamin Clifton)、Uria Alcolombri²、Colin J Jackson³、
Paola Laurino¹

¹OIST・タンパク質工学進化 (Protein Eng. Evol. Unit, OIST)、²ETH Zurich、³ANU

3P-092 呼吸鎖複合体 IV の新規なアロステリック阻害機構を利用した特異的抗菌薬の発見
Identifying antibiotics based on structural differences in the conserved allosterism from mitochondrial respiratory complex IV

○西田 優也¹ (Yuya Nishida)、志牟田 健² (Ken Shimuta)、柳澤 幸子³ (Sachiko Yanagisawa)、
森田 陸離⁴ (Rikuri Morita)、伊藤 (新澤) 恭子³ (Kyoko Itoh-shinzawa)、新谷 泰範¹ (Yasunori Shintani)

¹ 国循・分子薬理 (Mol. Pharm., NCVC)、² 国立感染症研・細菌 I (Dept. of Bacteriol. I, NIID)、

³ 兵庫県立大・生命理学 (Grad. Sch. of Life Sci., Univ. of Hyogo)、⁴ 筑波大・計算科学研究センター (CCS, Univ. of Tsukuba)

3P-4 ポスター展示会場 (1F 白鳥ホール) / Poster & Exhibition (1F Shirotori Hall)
7月7日 (金) / July 7 (Fri.) 13:30 ~ 15:30

物性・フォールディング / Biophysics, Protein Folding (3P-093 ~ 3P-110)

3P-093 延伸乾燥したフィブリンナノファイバーゲルの構造評価
Evaluation of the structure of Stretch-dried Fibroin nanofiber gel

○米澤 健人^{1,2} (Kento Yonezawa)、木村 健太² (Kenta Kimura)、佐藤 健大³ (Takehiro Sato)、
山崎 洋一² (Yoichi Yamazaki)、藤間 祥子² (Sachiko Toma)、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)、

³ スパイバー (株) (Spiber Inc.)

3P-094 モノクローナル抗体溶液製剤中におけるタンパク性 visible particle 発生に与えるポロキサマー 188 材料特性の影響

Impact of Poloxamer 188 Material Attributes on Proteinaceous Visible Particle Formation in Liquid Monoclonal Antibody Formulations

○副田 康平¹ (Kohei Soeda)、福田 正和¹ (Masakazu Fukuda)、高橋 昌也² (Masaya Takahashi)、
今井 博貴² (Hirokata Imai)、新井 健悟¹ (Kengo Arai)、齋藤 智² (Satoshi Saitoh)、Ravuri, S. K. Kishore³、
Nuria Sancho Oltra³、Jeremy Duboeuf³、橋本 大輔¹ (Daisuke Hashimoto)、山中 祐治¹ (Yuji Yamanaka)

¹ 中外製薬 (株)・製剤研 (Formulation Dev. Dept., Chugai Pharm.)、

² 中外製薬工業 (株)・品質研 (Quality Dev. Dept., Chugai Pharma Manu.)、³ Pharm. Dev. & Supp. of PTDE, Roche

3P-095 Nascent protein folding predicted by AlphaFold2

○季高 駿士¹ (Shunji Suetaka)、吉村 匡隆¹ (Masataka Yoshimura)、大岡 紘治² (Koji Ooka)、
新井 宗仁^{1,3} (Munehito Arai)

¹ 東大・総合文化・生命環境 (Dept. Life Sci., The Univ. of Tokyo)、² 東大・教養 (Col. Arts & Sci., The Univ. of Tokyo)、

³ 東大・理・物理 (Dept. of Phys., The Univ. of Tokyo)

3P-096 残基特異的 QFER (自由エネルギー二次関係) はスムーズな蛋白質の構造変化を実現するコンシステンシー原理の数学的表現である

Residue-based quadratic free energy relationship (QFER) is a mathematical formulation of the consistency principle

○神田 大輔¹ (Daisuke Kohda)、林 成一郎¹ (Seiichiro Hayashi)、藤浪 大輔^{1,2} (Daisuke Fujinami)

¹ 九大・生医研 (Med. Inst. Bioreg., Kyushu Univ.)、² 静県大院・薬食生命 (Grad. Sch. Integr. Pharm. Nutr. Sci., Univ. Shizuoka)

3P-097 アミロイド線維に対する Hsp104 の脱凝集活性の機能解析

Functional analysis of disaggregation activity of Hsp104 on amyloid fibrils

○野井 健太郎¹ (Kentaro Noi)、柴田 京華¹ (Kyoka Shibata)、小椋 光² (Teru Ogura)、

養王田 正文¹ (Masafumi Yohda)、篠原 恭介¹ (Kyosuke Shinohara)

¹ 農工大・院工・生命工 (Dept. of Biotechnol., Tokyo Univ. of Agric. And Technol.)、

² 熊本大・院生命科学研究所 (Fac. Life Sci., Kumamoto Univ.)

3P-098 亜鉛イオンとの結合に伴う人工設計ペプチドの二次構造誘起

Induced secondary structure of unstructured artificial peptides upon zinc ion binding

○本多 紘 (Kou Honda)、田村 厚夫 (Atsuo Tamura)

神戸大・理・化 (Kobe Univ.)

3P-099 抗体の分子内凝集 ~ 変性して小さくなるタンパク質の発見

Intramolecular aggregation in antibodies: finding of proteins getting smaller by denaturation

○今村 比呂志¹ (Hiroshi Imamura)、大石 郁子² (Ayako Ooishi)、本田 真也² (Shinya Honda)

¹ 長浜バイオ大・バイオ (Dept. of Bio-Sci., Nagahama Inst. Bio-Sci. Tech.)、² 産総研・バイオメディカル (Biomed. Res. Inst., AIST)

3P-100 ヘビ毒金属プロテアーゼの触媒部位を基盤とした二価陽イオン結合ペプチドの結合特異性

Binding specificity of divalent cations against synthesized peptides based on the catalytic site of snake venom metalloproteinase

○塩井 (青木) 成留実^{1,2} (Narumi Aoki-Shioi)、三原 大輝¹ (Daiki Mihara)、

カウ ندا スワッティ² (Swati Kundu)、マンジュナタ キニ² (Kini Manjunatha)

¹ 福岡大学・理学 (Dept. of Chemistry, Dept. of Science, Fukuoka University)、

² シンガポール大学理学部 (Dep. Biological Sciences, Fac. Science, National University of Singapore)

3P-101 Large-Scale Coarse-grained Molecular Dynamics Simulations of Membrane Proteins using the iSoLF model

○Diego Ugarte¹、高田 彰二² (Shoji Takada)、杉田 有治^{1,3,4} (Yuji Sugita)

¹RIKEN Center for Computational Science、²Dept. Biol., Sch. Sci., Kyoto Univ.、

³RIKEN Cluster for Pioneering Research、⁴RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research

3P-102 ジスルフィド結合含有蛋白質のフォールディング反応中間体の検出

Detection and separation of the disulfide-coupled folding intermediates of mid-size proteins

阪田 菜奈¹ (Nana Sakata)、村上 友梨¹ (Yuri Murakami)、○宮澤 光博² (Mitsuhiro Miyazawa)、

日高 雄二¹ (Yuji Hidaka)、島本 茂¹ (Shigeru Shimamoto)

¹ 近大・総合理工・理学 (Graduate School of Science and Engineering Research of Kindai University)、

² 農業・食品産業技術総合研究機構 (National Agriculture and Food Research Organization)

3P-103 電子顕微鏡を用いたアミロイド線維中間体の構造発達追跡

Tracking structural conversion process of amyloid intermediates using electron microscopy

○山本 直樹 (Naoki Yamamoto)

自治医大・医 (School of Med., Jichi Med. Univ.)

- 3P-104** RNA 結合タンパク質 fused in sarcoma による液 - 液相分離：野生型と筋萎縮性側索硬化症 (ALS) 疾患型変異体 R495X の顕微鏡観察
Liquid-liquid phase separation of the RNA-binding protein, fused in sarcoma (FUS): Microscope observation of ALS pathological variant, R495X
○山本 龍¹ (Ryu Yamamoto)、李 書潔² (Shujie Li)、北沢 創一郎¹ (Soichiro Kitazawa)、北原 亮^{1,2} (Ryo Kitahara)
¹ 立命館大学薬学部 (College of Pharmaceutical Sciences, Ritsumeikan University)、
² 立命館大学大学院薬学研究科 (Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Ritsumeikan University)
- 3P-105** アミロイドβ前駆体蛋白質のリンカー領域の構造解析
Structural Analysis of Linker Regions of the Pathogenic Amyloid Precursor Proteins
吉田 さくら (Sakura Yoshida)、日高 雄二 (Yuji Hidaka)、○島本 茂 (Shigeru Shimamoto)
近畿大・総合理工・理学 (Graduate School of Science and Engineering Research of kindai University)
- 3P-106** アデニル酸キナーゼの構造転移とアンフォールディングのカメレオンモデルによる研究
Conformational transition and unfolding of adenylate kinase studied by chameleon model
○寺田 智樹^{1,2} (Tomoki P. Terada)、山岡 叡一郎² (Eiichiro Yamaoka)
¹ 名大・工・応物 (Dept. Appl. Phys., Nagoya Univ.)、² 名大・工・物理工 (Dept. Phys. Sci. Eng, Nagoya Univ.)
- 3P-107** 分子シャペロン Hsp104 によるアミロイド線維の脱凝集反応における Middle domain の役割の解析
Analysis of the role of the Middle domain in the disaggregation of amyloid fibers by molecular chaperone Hsp104
○早田 萌花 (Moeka Hayata)、松井 美日 (Mika Matsui)、野井 健太郎 (Kentaro Noi)、篠原 恭介 (Kyosuke Shinohara)
農工大・院工・生命工 (Dept. of Biotechnology and Life Science, Tokyo University of Agriculture and Technology)
- 3P-108** 蝶々型金ナノ粒子を用いた液滴形成制御：酵素反応反応場としての応用を目指して
Regulation of the Liquid-liquid Phase-Separated Condensates by Butterfly-Shaped Gold Nanomaterials
○延山 知弘¹ (Tomohiro Nobeyama)、高田 耕児² (Koji Takata)、村上 達也² (Tatsuya Murakami)、
白木 賢太郎¹ (Kentaro Shiraki)
¹ 筑波大・数理物質 (Pure and Applied Physics, Univ. Tsukuba)、² 富山県立大・院工 (Pref. Univ. of Toyama)
- 3P-109** 自動 CD 測定システムと Spectra Manager 2.5 BeStSel CFR を用いた抗体医薬品の二次構造安定性評価
Stability Evaluation of Secondary Structures of Antibody Therapeutics Using Automated CD System and Spectra Manager 2.5 BeStSel CFR
○鈴木 仁子¹ (Satoko Suzuki)、山根 愛¹ (Ai Yamane)、大山 泰史¹ (Taiji Oyama)、Andras Micsonai²、
Jozsef Kardos²、赤尾 賢一¹ (Ken-ichi Akao)
¹ 日本分光株式会社 (JASCO Corporation)、² Dept. Biochem., Institute of Biology, ELTE
- 3P-110** 標的タンパク質の液 - 液相分離を制御する de novo ペプチドの開発
Development of de novo peptides to control liquid-liquid phase separation of target proteins
○池之上 達哉 (Tatsuya Ikenoue)、菅 裕明 (Hiroaki Suga)
東大・理・化 (Dept. of Chem., The Univ. of Tokyo)

| プロテオーム・蛋白質工学 / Proteomics/Protein engineering (3P-111 ~ 3P-130)

3P-111 マルチタスク機械学習を用いた産業用酵素の進化分子工学的改変**Directed evolution assisted by Multi-Task Learning of industrial enzyme**○中澤 光¹ (Hikaru Nakazawa)、伊藤 智之¹ (Tomoyuki Ito)、梅津 光央^{1,2,3} (Mitsuo Umetsu)、
片岡 之郎² (Shiro Kataoka)¹ 東北大学・院工・バイオ工 (Dept. Biomol. Eng. Grad. Sch., Tohoku Univ.)、² 株式会社レボルカ (RevolKa Ltd.)、³ 理研, 革新知能統合センター (Center for Advanced Intelligence Project, RIKEN)**3P-112 細胞内タンパク質凝集センシング回路と発現モニタリング回路に基づく可溶性タンパク質スクリーニングシステム****Soluble protein screening system based on in-cell aggregation sensing circuit and protein expression monitoring circuit**

○野島 達也 (Tatsuya Nojima)、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)

3P-113 ピリジル基で活性中心近傍を化学修飾した銅結合タンパク質触媒**Copper-binding protein catalyst chemically modified with pyridyl group near the active site**○森田 能次¹ (Yoshitsugu Morita)、久保 裕暉² (Hiroki Kubo)、松本 隆聖¹ (Ryusei Matsumoto)、
藤枝 伸宇¹ (Nobutaka Fujieda)¹ 大阪公大院・農 (Osaka Metrop. Univ.)、² 大阪府大院・生命 (Osaka Pref. Univ.)**3P-114 リガンド依存的なアンフォールディングスイッチの進化デザイン****Converting ligand-induced folding motifs into ligand-induced unfolders**○矢内 祐希¹ (Yuki Yanai)、塚田 美結² (Miyu Tsukada)、金網 真作¹ (Shinsaku Kanetsuna)、
木村 友紀¹ (Yuki Kimura)、梅野 太輔¹ (Daisuke Umeno)¹ 早大・先進理工・応化 (Dept. of Applied Chem., Waseda Univ.)、² 千葉大院・融合理工・共生 (Dept. of Applied Chem. and Biotechnol., Chiba Univ.)**3P-115 人工タンパク質超分子を組み込んだ刺激応答性ゲルの構築****Construction of stimuli-responsive hydrogels containing artificial protein nanoparticles**那須 英里圭¹ (Erika Nasu)、○川上 了史¹ (Norifumi Kawakami)、新井 亮一^{2,3} (Ryoichi Arai)、
宮本 憲二¹ (Kenji Miyamoto)¹ 慶應大・理工 (Dept. of Biosci. Info. Keio Univ.)、² 信州大・繊維・応生 (Dept. of Appl. Biol., Fac. of Tex. Sci. Tech., Shinshu Univ.)、³ 信州大・バイオメディカル研 (Inst. for Biomed. Sci., Shinshu Univ.)**3P-116 抗 P2X4 抗体 Fab の立体構造を基盤とした大腸菌発現系の改良****Improvement of Expression in *E. coli* of anti-P2X4 Fab**○阿部 義人¹ (Yoshito Abe)、御供田 将士² (Masashi Otomoda)、植田 正² (Tadashi Ueda)¹ 国際医福大・福薬 (Sch. of Pharm., Int. Univ. of Welfare and Health)、² 九大院・薬・蛋白 (Lab. of Prot. Struc. Func. and Des., Grad. Sch. of Pharm. Sci., Kyushu Univ.)**3P-117 無細胞合成ヒトチャネルタンパク質の発現および機能評価****Evaluation of Cell-Free Synthesized Human Channel Proteins for In Vitro Channel Research**○西口 黎¹ (Rei Nishiguchi)、田中 響久¹ (Toyohisa Tanaka)、林田 潤² (Jun Hayashida)、
中北 智哉¹ (Tomoya Nakagita)、Zhou Wei¹、竹田 浩之¹ (Hiroyuki Takeda)¹ 愛媛大・PROS (PROS, Ehime Univ.)、² 日産化学 (Nissan Chemical Corporation)

- 3P-118** 抗体医薬品の立体構造品質を特異的に識別する人工タンパク質プローブの分析原理
Analytical basis for a biosensing probe that specifically recognizes denatured therapeutic antibodies
○渡邊 秀樹¹ (Hideki Watanabe)、宮房 孝光² (Takamitsu Miyafusa)、本田 真也¹ (Shinya Honda)
¹産総研・バイオメディカル (BMRI, AIST)、²産総研・生物プロセス (BPRI, AIST)
- 3P-119** 区分同位体修飾のための酵素を用いた高効率タンパク質ライゲーション法の開発
Development of high efficient protein-ligation technique with the enzyme for segmental isotope-labeling
○奥田 綾 (Aya Okuda)、清水 将裕 (Masahiro Shimizu)、井上 倫太郎 (Rintaro Inoue)、裏出 令子 (Reiko Uade)、杉山 正明 (Masaaki Sugiyama)
京大・複合研 (KURNS, Kyoto Univ.)
- 3P-120** OLIGAMI : 相互作用面の二次構造に基づいた二量体の階層的分類
OLIGAMI : Hierarchical classification of dimer interfaces based on the secondary structures present at each interface
○関根 拓巳 (Takumi Sekine)、池口 雅道 (Masamichi Ikeguchi)、藤原 和夫 (Kazuo Fujiwara)
創価大学・理工学研究科・生命理工学専攻 (Dept. of Biosci., Grad. Sch. of Sci and Eng., Soka Univ.)
- 3P-121** 一本鎖抗体の VL 領域に存在する 2 つの *cis*-Pro を標的とした抗体工学研究
Antibody engineering research on two *cis*-Pros in the VL region of a single-chain antibody
○楊 一帆^{1,2} (Yifan Yang)、岡崎 匡² (Kyo Okazaki)、田所 高志³ (Takashi Tadokoro)、喜多 俊介¹ (Shunsuke Kita)、佐藤 卓史² (Takashi Sato)、小橋川 敬博² (Yoshihiro Kobashigawa)、前仲 勝実¹ (Katsumi Maenaka)、森岡 弘志² (Hiroshi Morioka)
¹北大院・薬 (Pharm. Sci., Hokkaido Univ.)、²熊大院・薬 (Pharm. Sci., Kumamoto Univ.)、³山東理大・薬 (Pharm. Sci., Sanyo-Onoda City Univ.)
- 3P-122** タンパク質間相互作用解析を目的としたスターチ・アガロースゲルを用いた MBP 融合タンパク質の固定化法
Immobilization method of MBP-fusion proteins on microtiter plates using gelatinized starch-agarose for protein-protein interaction analysis
江本 結理¹ (Yuri Emoto)、片山 稜也² (Ryoya Katayama)、○合田 名都子¹ (Natsuko Goda)、日比野 絵美¹ (Emi Hibino)、天野 剛志¹ (Takeshi Tenno)、小橋川 敬博³ (Yoshihiro Kobashigawa)、森岡 弘志³ (Hiroshi Morioka)、廣明 秀一¹ (Hidekazu Hiroaki)
¹名古屋大院・創薬 (Grad. School of Pharm. Sci., Nagoya Univ.)、²名古屋大院・理 (Grad. School of Sci., Nagoya Univ.)、³熊本大院・生命 (Grad. School of Pharm. Sci., Kumamoto Univ.)
- 3P-123** 人工ダーウィン進化で実現するスクリーニング不要の *in vitro* 指向性進化系
Screening-free *in vitro* directed evolution with Darwinian evolution of target genes
○古林 太郎¹ (Taro Furubayashi)、Di Meo Thibault¹、皆川 慶嘉¹ (Yoshihiro Minagawa)、野地 博行¹ (Hiroyuki Noji)、Yannick Rondelez²
¹東大・工・応化 (Dept. of Appl. Chem., Grad. Sch. of Eng., The Univ. of Tokyo)、²ESPCI Paris, France
- 3P-124** 心筋細胞の拍動低下および細胞死に関する Heat shock protein90-beta の糖化〜グリセルアルデヒド誘導体 HSP90-beta の生成
The glycation of protein 90-beta associated with beating and death of cardiomyocytes-the generation of Glyceraldehyde-derived HSP90-beta
○高田 尊信 (Takanobu Takata)
金医大・総医研・遺伝子機能 (Mol. Gene. Biol., Med. Res. Ins. of Kanazawa Med.)
- 3P-125** 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と光遺伝学への応用
A chemogenetic Cre-loxP recombination system based on dihydrofolate reductase for leakless optogenetic applications
○河野 風雲 (Fuun Kawano)、Cai Dewen、佐藤 守俊 (Moritoshi Sato)
東京大学大学院総合文化研究科 (Graduate school of Arts and Sciences, The University of Tokyo)

- 3P-126 新規人工酵素エンテロバクチンエステラーゼ Syn-F4 の X 線結晶構造解析**
Crystal structure of a *de novo* enzyme, ferric enterobactin esterase Syn-F4
 栗原 航大¹ (Kodai Kurihara)、梅澤 公二^{2,3} (Koji Umezawa)、Ann E. Donnelly⁴、Michael H. Hecht⁴、
 ○新井 亮一^{1,3} (Ryoichi Arai)
¹ 信州大・繊維・応生科 (Dept. of Appl. Biol., Fac. of Textile Sci. Tech., Shinshu Univ.)、
² 信州大・農・農生科 (Dept. of Agri. Life Sci., Fac. of Agri., Shinshu Univ.)、
³ 信州大・バイオメディカル研・生体分子イノベ (Dept. of Biomol. Innov., Inst. for Biomed. Sci., Shinshu Univ.)、
⁴ プリンストン大・化 (Dept. of Chem., Princeton Univ.)
- 3P-127 天然の相分離タンパク質からの相分離ペプチドの合理的設計と物性評価**
Rational design of phase separating peptides based on phase separating protein sequence
 ○鎌形 清人^{1,2,3,4} (Kiyoto Kamagata)、飯藤 淳実^{1,2} (Atsumi Hando)、
 マウラナ アリエファイ^{1,3} (Ariefai Maulana)、岩城 奈那子^{1,4} (Nanako Iwaki)、
 上林 さおり¹ (Saori Kanbayashi)、小池 亮太郎⁵ (Ryotaro Koike)、池田 恵介⁶ (Keisuke Ikeda)
¹ 東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)、² 東北大院生命 (Grad. Sch. Life Sci., Tohoku Univ.)、
³ 東北大理 (Dep. Chem., Fac. Sci., Tohoku Univ.)、⁴ 東北大院理 (Dep. Chem., Grad. Sch. Sci., Tohoku Univ.)、
⁵ 名古屋大院情報 (Grad. Sch. Info. Sci., Nagoya Univ.)、⁶ 富山大薬 (Fac. Pharm. Sci., Univ. Toyama)
- 3P-128 Fc ヒンジ切断酵素 IdeS を利用したハイスループット組換え蛋白質生産系の構築**
High-throughput recombinant protein production system utilizing the hinge-Fc cleavage enzyme IdeS
 ○有森 貴夫 (Takao Arimori)、高木 淳一 (Junichi Takagi)
 阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)
- 3P-129 抗体様分子開発に向けたファージ提示法で得られた低指向な進化分子工学操作への次世代シーケンス解析と機械学習利用**
Selection of antibody mimetics by deep sequencing and machine learning with the information of weakly enriched phage display libraries
 ○伊藤 智之¹ (Tomoyuki Ito)、グエン トゥイズオン² (Thuy Duong Nguyen)、齋藤 裕^{2,3,4,5} (Yutaka Saito)、
 来見田 遙一² (Yoichi Kurumida)、中澤 光¹ (Hikaru Nakazawa)、河田 早矢¹ (Sakiya Kawada)、
 西 羽美^{6,7,8} (Hafumi Nishi)、津田 宏治^{4,5,9} (Koji Tsuda)、亀田 倫史^{2,5} (Tomoshi Kameda)、
 梅津 光央^{1,5} (Mitsuo Umetsu)
¹ 東北大・工 (Grad. Sch. Eng., Tohoku Univ.)、² 産総研・人工知能研究セ (AIRC, AIST)、
³ 産総研-早大・CBBDOIL (CBBDOIL, AIST-Waseda Univ.)、⁴ 東大・新領域 (Grad. Sch. Frontier Sci., The Univ. of Tokyo)、
⁵ 理研・革新知能統合研究セ (Adv. Intell. Pro., RIKEN)、⁶ 東北大・情報科学 (Grad. Sch. Information Sci., Tohoku Univ.)、
⁷ 東北大・東北メディカルメガバンク機構 (ToMMo, Tohoku Univ.)、
⁸ お茶の水大・基幹研究院 (Fac. Core Res., Ochanomizu Univ.)、⁹ 統合型材料開発・情報基盤・物材機構 (NIMS, MaDIS)
- 3P-130 アルギニン変異導入による抗体親和性改変とその分子認識機構の解析**
Arg cluster introduction into framework region of antibody improved association rate constant by changing structural diversity of CDR loops
 ○前田 真吾¹ (Shingo Maeta)、中木戸 誠^{2,3} (Makoto Nakakido)、松浦 滉明⁴ (Hiroaki Matsuura)、
 坂井 直樹⁴ (Naoki Sakai)、平田 邦生⁴ (Kunio Hirata)、黒田 大祐⁵ (Daisuke Kuroda)、
 福永 淳¹ (Atsushi Fukunaga)、津本 浩平^{2,3,6} (Kouhei Tsumoto)
¹ シスメックス (株) バイオ診断薬技術センター (Bio-Diagnostic Reagent Technology Center, Sysmex Corp.)、
² 東大院・工・バイオエンジ (Department of Bioengineering, School of Engineering, The University of Tokyo)、
³ 東大院・工・化生工 (Department of Chemistry and Biotechnology, Graduate School of Engineering, The University of Tokyo)、
⁴ 理研・放射光科学研究センター (Life Science Research Infrastructure Group, RIKEN SPring-8 Center)、
⁵ 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)、
⁶ 東大・医科研 (Institute of Medical Science, The University of Tokyo)