

## クロマチン修飾の分子機構解明・技術開発・その応用

### Molecular mechanism of chromatin modifications: structural analysis, development of modified nucleosome and drug discovery

#### 共催：新学術領域研究「非ゲノム情報複製」

クロマチン修飾（DNA メチル化やヒストン修飾）は遺伝子発現を制御する重要な生命現象であり、その破綻はがんや炎症をはじめとする様々な重篤な疾患の原因となる。本ワークショップではクロマチン修飾の基本原理の解明に向けた構造生物学、その研究のための試料調製技術の開発、応用研究としての阻害剤開発の現状と今後の展望について紹介する。

Chromatin modifications (DNA methylation and histone modifications) are important biological phenomena that regulate gene expression, and their disruption causes serious diseases including cancer and inflammation. In this workshop, we will introduce latest structural biology research to elucidate the basic principles of chromatin modifications, the development of sample preparation techniques, and the current status of inhibitor development and future prospects in this research field.

オーガナイザー：有田 恭平（横浜市立大学）、小沼 剛（横浜市立大学）

Organizers : Kyohei Arita (Yokohama City Univ.), Tsuyoshi Konuma (Yokohama City Univ.)

[9:15] はじめに

#### Opening Remarks

○有田 恭平 (Kyohei Arita)

横浜市立大学 (Yokohama City Univ.)

#### WS1-01 [9:20] DNMT1 の酵素活性化機構の構造基盤

##### Structural basis for the novel activation mechanism of DNA methyltransferase DNMT1

○菊地 杏美香<sup>1</sup> (Amika Kikuchi)、小野田 浩宜<sup>2</sup> (Hiroki Onoda)、山口 幸佑<sup>3</sup> (Kosuke Yamaguchi)、  
郡 聡実<sup>1</sup> (Satomi Kori)、山形 敦史<sup>4</sup> (Atsushi Yamagata)、西山 敦哉<sup>5</sup> (Atsuya Nishiyama)、  
中西 真<sup>5</sup> (Makoto Nakanishi)、Pierre-Antoine Defossez<sup>3</sup>、  
有田 恭平<sup>1</sup> (Kyohei Arita)

<sup>1</sup> 横浜市大・生命医科学 (Grad. Sch. of Med Life Sci., YCU)、<sup>2</sup> 名古屋大・NUSR (NUSR., Nagoya Univ.)、

<sup>3</sup> Epi. and Cell Fate, CNRS、<sup>4</sup> 理研・BDR (RIKEN, BDR)、

<sup>5</sup> 東大・医科研 (Inst. of Med. Sci., Univ. of Tokyo)

#### WS1-02 [9:40] Structural mechanism of gene transcriptional repression mediated by histone H3 lysine 27 crotonylation

○小沼 剛 (Tsuyoshi Konuma)

横市大・生命医科 (Grad. Med. Life Sci., YCU)

#### WS1-03 [10:03] タンパク質への残基特異的な翻訳後修飾の導入技術とその応用

##### Technology for installing residue-specific post-translational modifications into proteins and its applications

○梅原 崇史 (Takashi Umehara)

理研・BDR (RIKEN BDR)

- WS1-04** [10:26] **化学修飾されたタンパク質を自在に作るペプチド連結技術**  
**Peptide ligation technology for synthesis of chemically modified proteins**  
 ○林 剛介 (Gosuke Hayashi)  
 名大・工・生命分子 (Dept. of Biomol. Eng., Nagoya Univ.)
- WS1-05** [10:49] **エピジェネティクス複合体を標的とした創薬化学研究**  
**Drug Discovery Studies Targeting Epigenetic Complexes**  
 ○鈴木 孝禎 (Takayoshi Suzuki)  
 阪大・産研 (SANKEN, Osaka Univ.)
- WS1-06** [11:12] **遺伝性疾患治療を目指したケミカルバイオロジーによるエピゲノム及び代謝リモデリングの制御**  
**Regulation of epigenomic and metabolic remodeling by chemical biology for genetic disease therapy**  
 ○吉田 稔<sup>1</sup> (Minoru Yoshida)、伊藤 昭博<sup>2</sup> (Akihiro Ito)  
<sup>1</sup> 理研・環境資源 (RIKEN CSRS)、<sup>2</sup> 東薬大・生命科学 (Sch. of Life Sci., Tokyo Univ. Pharm. Life Sci.)
- [11:35] **総合討論**  
**Discussion**  
 ○小沼 剛 (Tsuyoshi Konuma)  
 横浜市立大学 (Yokohama City Univ.)

**WS2** C 会場 (431+432) / Room C (431+432)  
 7月5日 (水) / July 5 (Wed.) 9:15 ~ 11:45

Japanese Session

## 時間タンパク質学～時を生み出すタンパク質特性～ Chronoproteinology

共催：学術変革領域研究 B「時間タンパク質学」

季節応答、概日リズム、心拍など生体内には様々な時間スケールの生命現象が存在しますが、生物はどのような仕組みで「時」を生み出しているのでしょうか。本シンポジウムでは、学術変革領域 B「時間タンパク質学 (Chronoproteinology)」のメンバーによる研究の最前線をご紹介します。特に分子間相互作用・翻訳後修飾・酵素活性・立体構造変化などのタンパク質ダイナミクスが自律振動子として機能する可能性を議論します。

There are different time scales in biology such as seasonal responses, circadian rhythms, and heartbeats. What is the mechanism that measures or drives “time”? This symposium is co-organized with Transformative Research Areas (B) “Chronoproteinology”. “Time” could be generated by protein dynamics such as protein-protein interactions, post-translational modifications, enzymatic activities, and conformational changes.

オーガナイザー：吉種 光（東京都医学総合研究所）、向山 厚（分子科学研究所）  
 Organizers : Hikari Yoshitane (TMiMS), Atsushi Mukaiyama (IMS)

- [9:15] **はじめに**  
**Opening Remarks**  
 ○吉種 光 (Hikari Yoshitane)  
 都医学研 (TMiMS)

- WS2-01** [9:18] **時間タンパク質学：時計タンパク質の相互作用リズムと翻訳後修飾コード**  
**Chrono-proteinology: circadian interaction rhythms of clock proteins and chrono-code of their post-translational modifications**  
 ○吉種 光 (Hikari Yoshitane)  
 都医学研 (TMiMS)

- WS2-02** [9:39] 巨大単細胞生物カサノリで転写に依存しない概日時計システムを探る  
Exploring Transcription-independent Circadian Clock System in Algae  
○松尾 拓哉 (Takuya Matsuo)  
北里大・理・生物 (Dept. of Biosciences, Sch. of Sci., Kitasato Univ.)
- WS2-03** [10:00] 巨大単細胞藻類カサノリのプロテオーム解析に向けたトランスクリプトームデータの整備  
Transcriptome of giant green algae for proteome analysis  
○村中 智明<sup>1</sup> (Tomoaki Muranaka)、今井 康平<sup>2</sup> (Kohei Imai)、松尾 拓哉<sup>2</sup> (Takuya Matsuo)  
<sup>1</sup>名古屋大・生命農 (Grad. Sch. of Bioagricultural Sci.)、<sup>2</sup>名古屋大・遺伝子実験施設 (Cen. for Gen. Res.)
- WS2-04** [10:21] 概日時計の周波数特性を備えた時計タンパク質の分子起源解明  
Exploring the molecular origins of circadian clock system in cyanobacteria  
○向山 厚 (Atsushi Mukaiyama)  
分子研・協奏分子 (Inst. for Mol. Sci., CiMoS)
- WS2-05** [10:42] 細胞の概日時計形成プロセスにおける蛋白質動態  
Protein dynamics during the emergence of the cellular circadian clock oscillation  
○八木田 和弘 (Kazuhiro Yagita)  
京府医大・医・統合生理 (Dept. of Physiol. System Biosci., Kyoto Pref. Univ. Med.)
- WS2-06** [11:03] CaMKII  $\beta$  の複数リン酸化状態による睡眠覚醒ダイナミクス制御  
Sleep-wake dynamics controlled by multiple phosphorylation states of CaMKII $\beta$   
○大出 晃士 (Koji Ode)  
東大・院医・システムズ薬理 (Dept. of Sys. Pharm., Grad. Sch. of Med., the Univ. of Tokyo)
- WS2-07** [11:24] ストレスによって誘因される睡眠の分子メカニズム～新規睡眠誘引因子 “Nemuri” の作用機序の解明～  
The Molecular Mechanisms of Sleep Induced by Stresses-Understanding the action of the novel sleep-inducing factor 'Nemuri'-  
○戸田 浩史 (Hirofumi Toda)  
筑波大学 IIIS (University of Tsukuba)

## 遅延制御による相分離現象の理解

## Unraveling the kinetics-driven LLPS control

共催：学術変革領域研究 B「遅延制御超分子化学」

相分離現象に代表される、蛋白質の可逆的集合プロセスは、分子からオルガネラ間の情報伝達の理解に不可欠になりつつある。例えばシャペロンに代表されるように、相分離の遅延制御因子の存在は反応場の一過的な形成の理解に極めて重要である。そこで本ワークショップでは、第一線で取り組む国内若手研究者を集め、これからの研究の新機軸を議論する。

Despite the accumulating knowledge of LLPS controls in the biological events such as autophagy and stress granule formation, the mechanisms of the kinetic-driven processes are poorly understood. This workshop gathers the top young scientists investigating kinetic aspects of molecules, proteins, organelles, and cells to cultivate the cross-disciplinary discussion and future innovation.

オーガナイザー：齋尾 智英（徳島大学）、奥村 正樹（東北大学）

Organizers: Tomohide Saio (Tokushima Univ.), Masaki Okumura (Tohoku Univ.)

[9:15] はじめに

## Opening Remarks

○奥村 正樹 (Masaki Okumura)

東北大学 (Tohoku Univ.)

## WS3-01 [9:20] 相分離メガネがあぶりだした生命科学の課題

## Unsolved questions through eyes of biological phase separation

○森 英一朗 (Eiichiro Mori)

奈良医大・医・未来基礎医学 (Dept. Future Basic Med., Sch. Med., Nara Med. Univ.)

## WS3-02 [9:43] 変異型 FUS の相分離状態と調節因子による制御

## Phase of phase separation of FUS mutants and its regulation by a chaperone

○吉澤 拓也 (Takuya Yoshizawa)

中外製薬 (Chugai Pharmaceutical Co., Ltd.)

## WS3-03 [10:06] 多様な結合様式を介した環境応答性相分離と相転移

## Thermal, pH, and oxidative responses of a transcription factor through multiple oligomerization modes

○齋尾 智英 (Tomohide Saio)

徳島大・先端酵素 (Ins. of Adv. Med. Sci., Tokushima Univ.)

WS3-04 [10:29] リン酸化による HP1  $\alpha$  の液 - 液相分離機構の解明Phase separation mechanism of HP1 $\alpha$  by phosphorylation

○古川 亜矢子<sup>1</sup> (Ayako Furukawa)、米澤 健人<sup>2,3</sup> (Kento Yonezawa)、根上 樹<sup>4</sup> (Tatsuki Negami)、吉村 ゆり子<sup>5</sup> (Yuriko Yoshimura)、林 亜紀<sup>5</sup> (Aki Hayashi)、中山 潤一<sup>5,6</sup> (Jun-ichi Nakayama)、安達 成彦<sup>2</sup> (Naruhiko Adachi)、千田 俊哉<sup>2</sup> (Toshiya Senda)、清水 謙多郎<sup>4</sup> (Kentarō Shimizu)、寺田 透<sup>4</sup> (Tohru Terada)、清水 伸隆<sup>2</sup> (Nobutaka Shimizu)、西村 善文<sup>1,7</sup> (Yoshifumi Nishimura)

<sup>1</sup> 横浜市大・生命医科学 (Grad. Sch. Med. Life Sci., Univ. Yokohama City)、<sup>2</sup> 高エネ機構・物構研 (IMSS, KEK)、<sup>3</sup> 奈良先端大・CDG (NAIST, CDG)、<sup>4</sup> 東大・院農 (Grad. Sch. Agr. Life Sci., The Univ. of Tokyo)、<sup>5</sup> 基生研 (NIBB)、<sup>6</sup> 総研大・生命科学研究所 (SOKENDAI)、<sup>7</sup> 広島大・統合生命 (Grad. Sch. Integ. Sci. Life, Univ. Hiroshima)

- WS3-05** [10:52] **小胞体内相分離の理解**  
**Understanding the droplet formation mechanism in the endoplasmic reticulum**  
 ○奥村 正樹 (Masaki Okumura)  
 東北大・学際研 (FRIS, Tohoku Univ.)
- WS3-06** [11:15] **細胞内不均一環境下での液滴形成メカニズム**  
**Condensate nucleation in heterogenous intracellular environment**  
 ○下林 俊典 (Shunsuke Shimobayashi)  
 京大・iPS 研 (CiRA, Kyoto Univ.)
- [11:38] **総合討論**  
**Discussion**  
 ○齋尾 智英 (Tomohide Saio)  
 徳島大学 (Tokushima Univ.)

## WS4 A 会場 (レセプションホール) / Room A (Reception Hall) 7 月 5 日 (水) / July 5 (Wed.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

### 日本抗体学会ー日本蛋白質科学会合同セッション ～蛋白質である抗体と次世代抗体の科学と工学～

### Japan Antibody Society - Protein Science Society of Japan Joint Symposium - Science and Engineering of antibodies and next Gen antibodies as a protein -

抗体医薬品が実用化されてから 25 年ほどが経過し、現在、次世代抗体とよばれる低分子化抗体など新しいモダリティの開発が盛んに進められている。

そういったなか、2022 年には抗体に焦点をあてた学会として、日本抗体学会が設立された。そこで、本ワークショップでは、合同セッションを開催し、抗体および次世代抗体の基礎科学分野と産業分野における最新状況について報告の上、抗体研究における蛋白質科学の役割について議論する。

Therapeutic antibodies have been successful recent 25 years and now next generation antibody related modalities are under development. In this joint-workshop with the Antibody Society of Japan which was lauched in 2022, basic science and recent advancement in the industrial field about antibody and next generation antibody wil be introduced and discussed mainly from the protein science aspect.

オーガナイザー：内山 進 (大阪大学)、伊東 祐二 (鹿児島大学)  
 Organizers : Susumu Uchiyama (Osaka Univ.), Yuji Ito (Kagoshima Univ.)

- [16:00] **はじめに**  
**Opening Remarks**  
 ○内山 進 (Susumu Uchiyama)  
 大阪大学 (Osaka Univ.)

- WS4-01** [16:05] **構造ダイナミクスに着目した抗体の隠された機能の探査**  
**Exploration of structural dynamics of antibody for the understanding of hidden functions**  
 ○谷中 冴子<sup>1,2</sup> (Saeko Yanaka)、加藤 晃一<sup>2</sup> (Koichi Kato)  
<sup>1</sup> 九大院・薬 (Grad. Sch. of Phar. Sci., Kyushu Univ.)、<sup>2</sup> 自然科学研究機構・生命創成探求セ (ExCELLS)

- WS4-02** [16:35] **化学的アプローチによる新たなモダリティとしての抗体コンジュゲート**  
**Antibody conjugates as a new modality using a chemical approach**  
 ○伊東 祐二 (Yuji Ito)  
 鹿児島大・理工研・理 (Dept. of Sci., Grad Sch. of Sci. and Eng., Kagoshima Univ.)

**WS4-03** [17:05] **抗体医薬における VHH 実用化のインパクト**  
**Impact of practical application of VHHs in antibody therapeutics**  
 ○黒川 智文 (Tomofumi Kurokawa)  
 大正製薬株式会社 (Taisho Pharmaceutical Co., Ltd.)

**WS4-04** [17:35] **病変部位特異的に作用する次世代抗体医薬品の創出**  
**Development of next-generation antibody therapeutics which function only around disease sites**  
 ○堅田 仁 (Hitoshi Katada)  
 中外製薬株式会社 (Chugai Pharmaceutical Co., Ltd.)

**WS4-05** [18:05] **抗体医薬品の界面を介した凝集とその抑制について**  
**Interfacial mediated aggregation and mitigation of antibody drugs**  
 ○内山 進 (Susumu Uchiyama)  
 阪大・工・生物工学 (Dept. Biotech., Grad. Sch. Eng., Osaka Univ.)

**WS5** B 会場 (141+142) / Room B (141+142)  
 7 月 5 日 (水) / July 5 (Wed.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

## 細胞質ゾーニング：脂質膜と相分離が創り出す多様な反応場の理解 Cytoplasmic zoning: understanding the diverse reaction fields created by membranes and phase separation

共催：新学術領域研究「マルチモードオートファジー」

真核細胞の細胞質は脂質膜によって多様な領域に区画化されるとともに、液-液相分離により区画化された領域も創り出している。これら脂質膜と相分離による区画化（ゾーニング）が、膨大な種類と量のタンパク質や核酸で充填された細胞質において様々な生化学反応を混線することなく効率的に行うことを可能にしている。本ワークショップでは、これまで見過ごされてきた細胞質ゾーニングによる多彩かつ精緻な細胞機能を紹介する。

The cytoplasm of eukaryotic cells is divided into various zones by lipid membranes and liquid-liquid phase separation, which allow various biochemical reactions to be carried out efficiently and without confusion. In this workshop, we will introduce the diverse and sophisticated cellular functions of “cytoplasmic zoning”, which have been overlooked so far.

オーガナイザー：野田 展生（北海道大学）、深田 優子（生理学研究所）  
 Organizers: Nobuo Noda (Hokkaido Univ.), Yuko Fukata (NIPS)

[16:00] **はじめに**  
**Opening Remarks**

**WS5-01** [16:05] **オートファゴソーム形成における脂質膜形態制御**  
**The regulation of membrane shaping during autophagosome formation**  
 ○中戸川 仁 (Hitoshi Nakatogawa)  
 東工大・生命理工 (Sch. of Life Sci. & Tech., Tokyo Tech.)

**WS5-02** [16:29] **I-BAR タンパク質を介した細胞質ゾーニングによる細胞外小胞の形成**  
**Formation of extracellular vesicles by cytoplasmic zoning mediated by I-BAR proteins**  
 ○西村 珠子 (Tamako Nishimura)、末次 志郎 (Shiro Suetsugu)  
 奈良先端大・バイオ (Dev. Biological Science, NAIST)

- WS5-03** [16:53] **アメーバ運動を支える細胞質ゾーニングの分子機構**  
**Molecular mechanism of cytoplasmic zoning in amoeboid cell migration**  
 ○池ノ内 順一 (Junichi Ikenouchi)  
 九大・理・生物 (Dept. Biol., FacI. Sci., Kyushu Univ.)
- WS5-04** [17:17] **細胞膜損傷を起点とする細胞質ゾーニングの変化**  
**Alteration of cytosolic zoning after plasma membrane damage**  
 ○河野 恵子 (Keiko Kono)  
 沖縄科技大 (Okinawa Institute Sci. Tech. Grad. Univ.)
- WS5-05** [17:41] **p62 相分離ゾーニング：形成、意義、分解**  
**Cytoplasmic zoning by phase-separated p62**  
 ○小松 雅明 (Masaaki Komatsu)  
 順大・医・生理 2 (Dept. of Physiol., Juntendo Univ. Sch. of Med.)
- WS5-06** [18:05] **細胞内相分離液滴の揺らぐ界面ダイナミクス**  
**Elucidating interface fluctuation of biomolecular condensates in living cells**  
 ○下林 俊典 (Shunsuke Shimobayashi)  
 京大・iPS 研 (CiRA, Kyoto Univ.)

## WS6 C 会場 (431+432) / Room C (431+432) 7 月 5 日 (水) / July 5 (Wed.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

### 生命現象を司る金属ホメオスタシスの理解

### Metal homeostasis – Mechanisms regulating physiological phenomena through bio-metals in vivo

#### 共催：新学術領域研究「生命金属科学」

生命現象に必須の微量元素や金属（生命金属）に関する研究は、個々の金属タンパク質に関する構造・機能の解明を中心として進められてきた。しかし実際の生体内では、様々な分子が複雑に絡み合うネットワークを用いて、生命金属の種類と量が包括的かつ精緻に調節され（金属ホメオスタシス）、種々の生理機能が実現している。そこで、疾患予防や食料危機、環境問題をも見据えた金属ホメオスタシス制御に関する研究を紹介する。

Various physiological processes are realized in living organisms by homeostatic control of bio-metals with a complex intracellular network of proteins. In this session, we will introduce our research on the regulation of “metal homeostasis” with a view to disease prevention, food crisis, and environmental issues.

オーガナイザー：古川 良明（慶応大学）、澤井 仁美（長崎大学）  
 Organizers : Yoshiaki Furukawa (Keio Univ.), Hitomi Sawai (Nagasaki Univ.)

#### [16:00] はじめに Opening Remarks

○澤井 仁美 (Hitomi Sawai)  
 長崎大学 (Nagasaki Univ.)

- WS6-01** [16:05] **蛋白質間相互作用による鉄ホメオスタシスの制御**  
**Regulation of iron homeostasis by protein-protein interactions**  
 ○澤井 仁美 (Hitomi Sawai)  
 長崎大・院・工 (Grad. Sch. of Eng., Nagasaki Univ.)

- WS6-02** [16:25] **初期分泌経路局在型 ZNT 蛋白質を介した亜鉛酵素のメタレーションと活性化**  
**Zinc enzyme metalation and activation by the ZNT proteins resident in the early secretory pathway**  
 ○神戸 大朋 (Taiho Kambe)  
 京大院・生命・統合生命 (Grad Sch. of Biostudies, Kyoto Univ.)
- WS6-03** [16:45] **組織特異的な金属ホメオスタシスが神経変性疾患の病理に果たす役割**  
**Roles of tissue-specific metal homeostasis in neurodegenerative diseases**  
 ○古川 良明 (Yoshiaki Furukawa)  
 慶応・理工 (Dept. of Chem., Keio Univ.)
- WS6-04** [17:05] **ホウ酸トランスセプターによる植物のホウ素ホメオスタシス**  
**A borate transceptor controlling boron homeostasis in Arabidopsis**  
 ○高野 順平 (Junpei Takano)  
 大阪公大・農 (Grad. Sch. Agric. Osaka Metr. Univ.)
- WS6-05** [17:25] **細胞外の金属ホメオスタシスーバイオミネラリゼーションにおける有機 - 無機相互作用ー**  
**Extracellular Metallo Homeostasis -Organic-Inorganic Interaction in Biomineralization-**  
 ○鈴木 道生 (Michio Suzuki)  
 東大・院農 (Univ. Tokyo)
- WS6-06** [17:45] **鉄・ヘム動態の包括的理解に向けた化学ツールの開発**  
**Development of chemical tools for a comprehensive understanding of iron and heme dynamics**  
 ○平山 祐 (Tasuku Hirayama)  
 岐阜薬大 (Gifu Pharm. Univ.)
- WS6-07** [18:05] **次世代型定量プロテオミクスを用いた金属トラフィック研究**  
**Metal traffic study using next generation quantitative proteomics**  
 ○内田 康雄 (Yasuo Uchida)  
 広大・薬 (Grad. Sch. of Biomed. Health Sci., Hiroshima Univ.)
- [18:25] **おわりに**  
**Closing Remarks**  
 ○古川 良明 (Yoshiaki Furukawa)  
 慶應義塾大学 (Keio Univ.)

## クライオ電子顕微鏡の手法にこだわったら、こんなすごいことがわかってしまいました！ We got these amazing new findings by being picky about the methodology of cryo-electron microscopy!

ここ数年で国内でもその利用が一般的になってきたクライオ電子顕微鏡での構造解析においては手法にこだわった創意工夫が時として、高分解能化やダイナミクス解析による新たな発見、ハードウェアやソフトウェアの高度化による、より網羅的な構造解析など様々なブレイクスルーに繋がる。本ワークショップでは、構造解析の成功へと繋がった「こだわりの手法」を研究者が持ち寄り、その成功体験を紹介する。

In structural analysis, the usage of cryo-EM has become common in Japan over the past few years. With cryo-EM, being picky about the methodology often leads to breakthroughs, such as new findings through higher resolution and dynamics analysis, and more comprehensive structural analysis through the sophistication of hardware and software. Here, presenters will share the "ingenuity" that led to the success of their structural analysis.

オーガナイザー：守屋 俊夫（高エネルギー加速器研究機構）、横山 武司（東北大学）

Organizers : Toshio Moriya (KEK), Takeshi Yokoyama (Tohoku Univ.)

**WS7-01** [16:00] **GoToCloud：クライオ電子顕微鏡を用いた構造ベース創薬における化合物スクリーニング解析処理のクラウドコンピューティングによる実用的自動化**  
**GoToCloud: Practical automation of compound screening process using cloud computing for Cryo-EM structure-based drug design**

○守屋 俊夫 (Toshio Moriya)

高エネ研 (KEK)

**WS7-02** [16:25] **クラウド環境におけるクライオ電子顕微鏡単粒子解析手法の構成と環境構築自動化**  
**Architecture and Infrastructure Automation for Cryo-EM Single Particle Analysis Workflow on Cloud Environment**

○宮本 大輔 (Daisuke Miyamoto)

アマゾンウェブサービスジャパン合同会社 (Amazon Web Services Japan G.K.)

**WS7-03** [16:50] **インテルが最適化した CPU 版 AlphaFold2 のご紹介**  
**The Introduction of Intel-optimized CPU version of AlphaFold2**

○大内山 浩 (Hiroshi Ouchiya)

インテル株式会社 (Intel K.K.)

**WS7-04** [17:15] **Cryo-EM 解析を用いてコレラ菌 Na<sup>+</sup> 輸送性 NADH- ユビキノン酸化還元酵素の構造変化を捉える**  
**Understanding the conformational changes of Na<sup>+</sup>-pumping NADH-ubiquinone oxidoreductase from *Vibrio cholerae* by Cryo-EM analysis**

○石川 萌<sup>1</sup> (Moe Ishikawa)、岸川 淳一<sup>2</sup> (Jun-ichi Kishikawa)、梶谷 貴洋<sup>1</sup> (Takahiro Masuya)、  
村井 正俊<sup>1</sup> (Masatoshi Murai)、Nicole L. Butler<sup>3</sup>、加藤 貴之<sup>2</sup> (Takayuki Kato)、Blanca Barquera<sup>3,4</sup>、  
三芳 秀人<sup>1</sup> (Hideto Miyoshi)

<sup>1</sup> 京大・農・応用生命 (Div. of Appl. Life Sci., Grad. Sch. of Agric., Kyoto Univ.)、<sup>2</sup> 阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)、

<sup>3</sup> レンサラー工科大・生物科学 (Dept. of Bio. Sci., RPI)、

<sup>4</sup> レンサラー工科大/バイオテクノロジーおよび学際研究センター (CBIS, RPI)

**WS7-05** [17:40] **単粒子解析で回転分子モーターの動きを捉える！**  
**Single particle analysis captures the motion of a rotary molecular motor!**

○中野 敦樹<sup>1</sup> (Atsuki Nakano)、岸川 淳一<sup>2</sup> (Jun-ichi Kishikawa)、光岡 薫<sup>3</sup> (Kaoru Mitsuoka)、  
横山 謙<sup>1</sup> (Ken Yokoyama)

<sup>1</sup> 京産大・生命科学 (Fac. of Life Sci., Kyoto Sangyo Univ.)、<sup>2</sup> 大阪大学蛋白質研究所 (Inst. for Protein Res., Osaka Univ.)、

<sup>3</sup> 大阪大学超高压電子顕微鏡センター (Research Center for Ultra-High Voltage Electron Microscopy, Osaka University)

- WS7-06** [18:05] **クライオ電子顕微鏡単粒子解析における優先配向性を示す蛋白質への取り組み**  
**Multiple approaches to proteins showing preferred orientation in cryo-EM single particle analysis**  
○次田 篤史 (Atsushi Tsugita)、横山 武司 (Takeshi Yokoyama)、田中 良和 (Yoshikazu Tanaka)  
東北大・生命 (Dept. of LifeSci., Tohoku Univ.)

**WS8** E 会場 (133+134) / Room E (133+134)  
7 月 5 日 (水) / July 5 (Wed.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

## 新時代の統合構造生物学と NMR プラットフォーム New Era of Integrated Structural Biology with NMR Platform

構造生物学分野では AlphaFold2 や CryoEM に代表される近年の技術革新によって世界の常識が大きく変貌した。さらに、構造解析手法はますます多様性を増し、構造生物学は統合構造生物学と称すべき時代となっている。そこで、本ワークショップでは NMR を利用して世界最先端の統合構造生物学を推進する研究者が集い、現状と課題を整理しながら新時代の構造生物学が果たすべき役割について議論する場を提供する。

Recent technological innovations such as AlphaFold2 and CryoEM have drastically changed the world of structural biology. In this workshop, the current status and challenges in integrated structural biology using NMR are summarized by leading researchers, and the role of NMR in the new era will be discussed.

オーガナイザー：木川 隆則（理化学研究所）、児嶋 長次郎（横浜国立大学）  
Organizers : Takanori Kigawa (RIKEN), Chojiro Kojima (Yokohama National Univ.)

- [16:00] **はじめに**  
**Opening Remarks**  
○児嶋 長次郎 (Chojiro Kojima)  
横浜国立大学 (Yokohama National Univ.)

- WS8-01** [16:05] **BINDS 事業における融合型構造生物学の推進**  
**Promoting Integrated Structural Biology in the BINDS Project**  
○上村 みどり (Midori Takimoto-Kamimura)  
CBI 研究機構量子構造生命科学研究所 (CBI Research Institute Quantum-Structural Life Science Laboratories)

- WS8-02** [16:30] **NMR 情報を用いた抗 SARS-CoV2 化合物の探索と最適化**  
**Lead discovery and optimization of anti-SARS-CoV2 compounds using NMR information**  
濱嶋 竜生<sup>1</sup> (Ryusei Hamajima)、高木 春樺<sup>1</sup> (Haruka Takagi)、天野 剛志<sup>1,4</sup> (Takeshi Tenno)、  
片岡 滉貴<sup>1</sup> (Koki Kataoka)、呉 紅<sup>2</sup> (Hong Wu)、鈴木 陽一<sup>2</sup> (Youichi Suzuki)、  
中野 隆史<sup>2</sup> (Takashi Nakano)、三浦 滉矢<sup>3</sup> (Koya Miura)、森田 英嗣<sup>3</sup> (Eiji Morita)、  
○廣明 秀一<sup>1,4,5</sup> (Hidekazu Hiroaki)  
<sup>1</sup> 名大・院・創薬科学 (Grad. Sch. of Pharm. Sci., Nagoya Univ.)、<sup>2</sup> 大阪医科薬科・医 (Depr. of Med., Osaka Med. Pharm. Univ.)、  
<sup>3</sup> 弘前大・農学生命科学 (Dept. of Agr. Life. Sci., Hirosaki Univ.)、<sup>4</sup> 合同会社 BeCellBar (BeCellBar, LLC.)、  
<sup>5</sup> 岐阜大・COMIT (COMIT, Gifu Univ.)

- WS8-03** [16:55] **シャペロン群による酵母プリオンの脱凝集と分解**  
**Engineered chaperone-mediated disaggregation and degradation of yeast prions**  
○田中 元雅 (Motomasa Tanaka)  
理化学研究所 脳神経科学研究センター (RIKEN Center for Brain Science)

- WS8-04** [17:20] シアノバクテリア型光化学系Ⅰ複合体とフェレドキシンおよびシトクロム  $c_6$  との過渡的複合体構造  
**Structure of cyanobacterial Photosystem I at work complexed with Ferredoxin & Cytochrome  $c_6$**   
 李 劍南<sup>1</sup> (Jiannan Li)、浜岡 紀之<sup>1</sup> (Noriyuki Hamaoka)、久保田一河合 寿子<sup>1</sup> (Hisako Kubota-Kawai)、  
 武藤 梨沙<sup>1</sup> (Risa Mutoh)、田中 秀明<sup>1</sup> (Hideaki Tanaka)、牧野 文信<sup>2</sup> (Fumiaki Makino)、  
 川本 晃大<sup>1</sup> (Akihiro Kawamoto)、難波 啓一<sup>2</sup> (Keiichi Namba)、Christoph Gerle<sup>1</sup>、  
 池上 貴久<sup>3</sup> (Takahisa Ikegami)、○栗栖 源嗣<sup>1</sup> (Genji Kurisu)

<sup>1</sup> 阪大・蛋白研 (Inst. Prot. Res., Osaka Univ.)、<sup>2</sup> 阪大・院生命機能 (Grad. Sch. Fron. Biosci., Osaka Univ.)、  
<sup>3</sup> 横浜市大・院生命医 (Grad. Sch. Med. Life Sci., Yokohama City Univ.)

- WS8-05** [17:45] 天然変性タンパク質が引き起こす希少がん発症機構の解明と創薬への取組  
**Elucidation of Mechanisms of Rare Cancer Development Induced by IDP to Tackle Drug Discovery**

○岩崎 憲治<sup>1</sup> (Kenji Iwasaki)、堀越 直樹<sup>2</sup> (Naoki Horikoshi)、谷 一寿<sup>3</sup> (Kazutoshi Tani)、  
 宮ノ入 洋平<sup>4</sup> (Yohei Miyanoi)、古寺 哲幸<sup>5</sup> (Noriyuki Kodera)、  
 Kowit Hengphasatporn<sup>6</sup>、高橋 花南<sup>7</sup> (Kanami Takahashi)、韓 叡佳<sup>7</sup> (Eika Kan)、  
 渋谷 綾音<sup>7</sup> (Ayane Shibuya)、鈴木 理恵<sup>7</sup> (Rie Suzuki)、小松 諒<sup>7</sup> (Ryo Komatsu)、  
 中本 佳歩<sup>8</sup> (Kaho Nakamoto)、吉永 匡希<sup>7</sup> (Masaki Yoshinaga)、権藤 花奈<sup>7</sup> (Kana Gondo)、  
 原田 彩佳<sup>1</sup> (Ayaka Harada)、竹中 聡<sup>9</sup> (Satoshi Takenaka)、重田 育照<sup>6</sup> (Yasuteru Shigeta)、  
 胡桃坂 仁志<sup>2</sup> (Hitoshi Kurumizaka)

<sup>1</sup> 筑波大・生存ダイナミクスセ (TARA, Univ. of Tsukuba)、<sup>2</sup> 東大・定量生命科学研究 (IQB, The Univ. Tokyo)、  
<sup>3</sup> 三重大・医 (Grad. Sch. Med, Mie Univ.)、<sup>4</sup> 阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)、  
<sup>5</sup> 金沢大・ナノ生命科学研究 (WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.)、  
<sup>6</sup> 筑波大・計算機科学研究セ (Center for Comp. Sci., Univ. of Tsukuba)、  
<sup>7</sup> 筑波大・院数理 (Grad. Sch. Sci. and Tech., Univ. of Tsukuba)、<sup>8</sup> 金沢大・院数物 (Grad. Sch. Math. and Phys., Kanazawa Univ.)、  
<sup>9</sup> 大阪国際がんセ (OICI)

- WS8-06** [18:10] 細胞環境での NMR 解析により明らかになった解糖系酵素 PGK の環境適応的活性制御による解糖系調節機構  
**The molecular mechanism of glycolytic flux control revealed by NMR analysis of human PGK in the intracellular environment**

○木川 隆則 (Takanori Kigawa)  
 理研・BDR (RIKEN BDR)

- [18:25] **総合討論**  
**Discussion**

**ポストリソソーム生物学：分解の場から始まる新潮流****Post-lysosome: a new wave from the site of degradation****共催：学術変革領域研究 B「ポストリソソーム生物学」**

近年、リソソームで分解された分解産物や多彩なリソソーム構成要素が起点となるプロセス「ポストリソソーム」が注目されている。ここでは、ポストリソソーム研究を推進する若手研究者に最新の知見をご紹介していただくと共に、ポストリソソーム研究に必須であるプロテオーム解析など最先端技術の専門家もお招きした。是非、本ワークショップで新しい学問領域であるポストリソソーム研究の魅力を感じて頂きたい。

Accumulating evidence shows that lysosome serves as a signaling hub for the regulation of lifespan and aging by supplying degraded products and recruiting key signaling molecules. "Post-lysosome" expresses such a cellular event on lysosomes and/or after lysosomal degradation. In this workshop, we will introduce recent studies on post-lysosome and cutting-edge technologies essential for the research on post-lysosome.

オーガナイザー：西村 多喜（東京大学）、吉川 治孝（徳島大学）

Organizers: Taki Nishimura (The Univ. of Tokyo), Harunori Yoshikawa (Tokushima Univ.)

[9:00] **はじめに**  
**Opening Remarks**

**WS9-01** [9:05] **ショウジョウバエにおけるオートファジー・リソソーム系の生理機能**  
**Physiological roles of the autophagy-lysosome system in Drosophila**

○藤田 尚信 (Naonobu Fujita)

東工大・研究院・細胞セ (CBC, IIR, Tokyo Tech)

**WS9-02** [9:25] **リソソーム損傷応答の分子機構とその生理学的意義**  
**Mechanism and physiological function of lysosomal damage responses**  
○小倉 もな美<sup>1</sup> (Monami Ogura)、吉森 保<sup>1,2</sup> (Tamotsu Yoshimori)、中村 修平<sup>1,2,3</sup> (Shuhei Nakamura)

<sup>1</sup> 阪大院・生命機能 (Grad. Sch. of Fron. Biosci., Osaka Univ.)、<sup>2</sup> 阪大院・医 (Grad. Sch. of Med., Osaka Univ.)、

<sup>3</sup> 阪大・高等共創研究院 (Institute for Advanced Co-Creation Studies., Osaka Univ.)

**WS9-03** [9:45] **液胞で働く Atg15 リパーゼの活性調節機構**  
**Mechanism of the activity of Atg15 in vacuoles**

○堀江 - 川俣 朋子 (Tomoko Kawamata)

東京工業大学 科学技術創成研究院 細胞制御工学研究センター (Cell Biology Center, Institute of Innovative Research (IIR) Tokyo Institute of Technology)

**WS9-04** [10:05] **Co-Fractionation MS (CF-MS) による細胞内巨大タンパク質複合体の解析**  
**Co-Fractionation Mass Spectrometry (CF-MS) analysis of very large cellular protein complexes**

○吉川 治孝 (Harunori Yoshikawa)

徳島大・先端酵素・藤井センター (Inst. of Adv. Med. Sci., Tokushima Univ.)

**WS9-05** [10:25] **タンパク質 N 末端インタラクトーム**  
**Protein N-terminal interactome**

○今見 考志 (Koshi Imami)

理研・生命医科学研究センター (RIKEN IMS)

- WS9-06** [10:45] **タンパク質の折り畳み構造安定性のメガスケール測定**  
**Mega-scale experimental analysis of protein folding stability in biology and protein design**  
 ○坪山 幸太郎<sup>1,2</sup> (Kotaro Tsuboyama)、Justas Dauparas<sup>3</sup>、Sergey Ovchinnikov<sup>4</sup>、  
 Gabriel Rocklin<sup>2</sup>  
<sup>1</sup> 東大・生研 (IIS, UTokyo)、  
<sup>2</sup> ノースウェスタン大学、ファインベルグ医学校 (Northwestern University Feinberg School of Medicine)、  
<sup>3</sup> ワシントン大学 (University of Washington, Institute for Protein Design)、<sup>4</sup> ハーバード大学 (Harvard University)

- WS9-07** [11:05] **リソソーム膜脂質を可視化する脂質プローブの作製**  
**Generation of a novel lipid probe to visualize lysosomal membranes**  
 ○西村 多喜<sup>1,2</sup> (Taki Nishimura)  
<sup>1</sup>JST さきがけ専任研究員 (PRESTO, Japan Science and Technology Agency)、<sup>2</sup> 東大・医・分子生物 (Department of Biochemistry and Molecular Biology, Graduate School and Faculty of Medicine, The University of Tokyo)

[11:25] **総合討論**  
**Discussion**

## WS10 A会場（レセプションホール）/ Room A (Reception Hall) 7月6日（木）/ July 6 (Thu.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

### 配列に眠る記憶を紡ぐ蛋白質工学技術

### Protein engineering technologies to unearth the life in the sequences

生命は蛋白質の配列を変えることにより、環境に適応し、ヒトの様な高度に制御された生体内システムを創り上げてきました。その35億年に渡る生命の営みは、配列情報として受け継がれてきました。現在、ゲノムシーケンシング技術と情報科学の発展により、我々は膨大な配列情報を取得できる時代となりました。そこで、本ワークショップでは、ゲノム配列に眠る生命の記憶や情報を基盤に、蛋白質をデザインする工学技術の研究を紹介します。

Life has adapted to its environment by changing the sequence of proteins to create highly regulated living systems such as those found in humans. The 3.5 billion years of life have been passed down to us in the form of sequence information. Today, with the development of genome sequencing technology and bioinformatics, we have access to a great amount of sequence information. In this workshop, we will introduce our research on engineering technology to design proteins based on the memory of life and information sleeping in the genome sequences.

オーガナイザー：澤崎 達也（愛媛大学）、伊藤 創平（静岡県立大学）  
 Organizers: Tatsuya Sawasaki (Ehime Univ.), Sohei Ito (Univ. of Shizuoka)

- WS10-01** [16:00] **配列と機能を繋ぐ次世代蛋白質工学**  
**Next-generation protein engineering to bridge sequence and function**  
 ○伊藤 創平 (Sohei Ito)  
 静岡県立大学・薬食生命 (Grad. Int. Pharm. Nut. Sci., Univ. of Shizuoka)

- WS10-02** [16:25] **生成系 AI は蛋白質デザインに何をもたらすか？**  
**What does generative AI bring to protein design?**  
 ○西 羽美<sup>1,2,3</sup> (Hafumi Nishi)  
<sup>1</sup> 東北大・院情報科学 (Grad. Sch. Info. Sci, Tohoku Univ.)、<sup>2</sup> お茶大・基幹研究院 (Fac. Core Res., Ochanomizu Univ.)、  
<sup>3</sup> 東北大・メディカルメガバンク (ToMMo, Tohoku Univ.)

**WS10-03** [16:50] 祖先型 RNA リガーゼの人工設計と核酸医薬製造への応用**Artificial design of ancestral-type RNA ligase and its application for manufacturing of oligonucleotide pharmaceuticals**

○萩原 佑介<sup>1</sup> (Yusuke Hagiwara)、梶本 翔平<sup>1</sup> (Shohei Kajimoto)、大橋 美和<sup>1</sup> (Miwa Ohashi)、  
高橋 大輔<sup>1</sup> (Daisuke Takahashi)、三原 康博<sup>1</sup> (Yasuhiro Mihara)、本山 智晴<sup>2</sup> (Tomoharu Motoyama)、  
伊藤 創平<sup>2</sup> (Sohei Ito)、中野 祥吾<sup>2</sup> (Shogo Nakano)

<sup>1</sup>味の素 (株) (Ajinomoto Co., Inc.)、<sup>2</sup>静岡県大・食品 (Univ. of Shizuoka, Food Sci. technol.)

**WS10-04** [17:15] 酵素探索、改変および有用物質合成のためのデジタル化手法**Digital methods for the enzyme discovery, development and application for synthesis of chiral molecules**

○浅野 泰久 (Yasuhisa Asano)

富山大・工・生物工 (Dept. Biotechnol., Toyama Pref. Univ.)

**WS10-05** [17:40] 情報科学的にデザインされたタンパク質の現状とこれから**Current and future proteins designed from informatics approach**

○澤崎 達也 (Tatsuya Sawasaki)

愛媛大・PROS (PROS, Ehime Univ.)

**WS10-06** [18:05] 進化的計算法による高機能化タンパク質のデザイン**Evolutionary algorithm-based protein design**

○中野 祥吾 (Shogo Nakano)

静岡県大・食品 (Univ. of Shizuoka, Food Sci. Technol.)

**WS11** B会場 (141+142) / Room B (141+142)  
7月6日 (木) / July 6 (Thu.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

**多面的メガ生命動態の世界****Multifaceted protein functionality in biological system of megadalton complexity**

主催：学術変革領域研究 A「マルチファセット・プロテインズ」/  
学術変革領域研究 B「メガダルトン生命機能深化ダイナミクス」

蛋白質や核酸などの生体分子には、未だ理解されていない機能が数多く残されているうえに、それらが集まって機能する巨大な複合体の動態についての詳細は、ほぼ未解決である。これらを理解していくためには分野を横断するアプローチが必要となっている。そこで、これらに関連の深い学術変革領域 A「多面的蛋白質世界」と学術変革 B「メガ生命深化動態」の合同シンポジウムとして、分野を横断した最新の研究のいくつかを紹介する。

As the understanding of biomolecules advanced rapidly, the traditional view of protein functions became multifaceted. To further understand the life systems, we need to study molecular systems of megadalton-sized protein complexes present in the cell. In this joint workshop of “Grant-in-Aid for Transformative Research Areas” teams, we will introduce attempts to analyze the esoteric life systems by fusing cutting-edge technologies of protein science, structural biology, and artificial cell research.

オーガナイザー：千葉 志信 (京都産業大学)、野澤 佳世 (東京工業大学)

Organizers: Shinobu Chiba (Kyoto Sangyo Univ.), Kayo Nozawa (Tokyo Tech)

**[16:00] はじめに****Opening Remarks**

○野澤 佳世 (Kayo Nozawa)

東京工業大学 (Tokyo Tech)

## WS11-01 [16:06] チオ硫酸イオントランスポーター複合体の構造と機能

### Structure and function of a thiosulfate ion transporter

伊計 舞<sup>1</sup> (Mai Ikei)、市川 宗巖<sup>2</sup> (Muneyoshi Ichikawa)、門田 啓吾<sup>1</sup> (Keigo Monden)、  
内藤 雄介<sup>1</sup> (Yusuke Naito)、竹内 梓<sup>1</sup> (Azusa Takeuchi)、高橋 祐太郎<sup>1</sup> (Yutaro Takahashi)、  
田中 良樹<sup>1</sup> (Yoshiki Tanaka)、竹田 弘法<sup>1</sup> (Hironori Takeda)、宮崎 亮次<sup>1</sup> (Ryoji Miyazaki)、  
○塚崎 智也<sup>1</sup> (Tomoya Tsukazaki)

<sup>1</sup> 奈良先端大 (NAIST)、<sup>2</sup> 復旦大学・生命科学学院 (Sch. of Life Sci., Fudan Univ.)

## WS11-02 [16:29] 構造から解き明かすミトコンドリアタンパク質トランスロケータが働く仕組み

### How the mitochondrial protein translocators work unveiled by their structures

○遠藤 斗志也 (Toshiya Endo)

京産大・生命理学 (Fac. Life Sci., Kyoto Sangyo Univ.)

## WS11-03 [16:52] クロマチン転写の構造生物学

### Structural biology of chromatin transcription

○江原 晴彦<sup>1</sup> (Haruhiko Ehara)、鯨井 智也<sup>1,2</sup> (Tomoya Kujirai)、白水 美香子<sup>1</sup> (Mikako Shirouzu)、  
胡桃坂 仁志<sup>1,2</sup> (Hitoshi Kurumizaka)、関根 俊一<sup>1</sup> (Shun-ichi Sekine)

<sup>1</sup> 理研・BDR (RIKEN BDR)、<sup>2</sup> 東大・IQB (IQB, Univ. Tokyo)

## WS11-04 [17:15] 人工細胞システムの更なる高度化・複雑化と応用

### Development and application of artificial cell system that consists of multi-components and complexity

○車 隼徹<sup>1</sup> (Yutetsu Kuruma)、江藤 澄江<sup>2</sup> (Sumie Eto)、松村 るみゑ<sup>1</sup> (Rumie Matsumura)、  
嶋根 康弘<sup>1</sup> (Yasuhiro Shimane)、藤見 麻衣<sup>2</sup> (Mai Fujimi)、ベルハヌ サミュエル<sup>2</sup> (Samuel Berhanu)、  
笠間 健嗣<sup>2</sup> (Takeshi Kasama)

<sup>1</sup> 海洋研究開発機構 (JAMSTEC)、<sup>2</sup> 東京工業大学地球生命研究所 (Earth-Life Science Institute)

## WS11-05 [17:38] 蛋白質の合成過程に潜む途上終結リスクは生物のプロテオームに配列的制約をもたらす

### Nascent peptide-induced translation discontinuation in eukaryotes and prokaryotes impacts biased amino acid usage in proteomes

○茶谷 悠平<sup>1</sup> (Yuhei Chadani)、伊藤 遥介<sup>2</sup> (Yosuke Ito)、丹羽 達也<sup>1,2</sup> (Tatsuya Niwa)、  
山川 絢子<sup>2</sup> (Ayako Yamakawa)、町田 幸大<sup>3</sup> (Kodai Machida)、今高 寛晃<sup>3</sup> (Hiroaki Imataka)、  
田口 英樹<sup>1,2</sup> (Hideki Taguchi)

<sup>1</sup> 東工大・研究院 (IIR, Tokyo Inst. of Tech.)、<sup>2</sup> 東工大・生命 (Dept. of Life Sci. and Tech., Tokyo Inst. of Tech.)、

<sup>3</sup> 兵庫県立大・工 (Grad. School of Eng., Univ. of Hyogo)

## WS11-06 [18:01] 翻訳アレストを利用した細胞の機能制御の分子機構

### Mechanism of cellular regulation by translation arrest

○千葉 志信 (Shinobu Chiba)

京産大・生命・先端生命 (Faculty of Life Sci., Kyoto Sangyo Univ.)

## [18:24] 総合討論

### Discussion

○千葉 志信 (Shinobu Chiba)

京都産業大学 (Kyoto Sangyo Univ.)

**反応化学の目からタンパク質を理解し、制御する****Understanding and controlling proteins through the eyes of reaction chemistry**

共催：学術変革領域研究 B「糖鎖ケミカルノックインが拓く膜動態制御」/  
学術変革領域研究 B「人工翻訳後修飾」

蛋白質は生命系や自然界に見られる大部分の機能を担う。多彩な技術によってその構造 / 機能が詳しく知られてきたが、反応化学に基づく技術は、動的機能の解析・調節、生命系への介入法などを新たな視点で実現しうる。本 WS では、学術変革 B「糖化学ノックイン」「neo-PTMs」の共催企画として、合成化学・反応化学を基盤とする技術創製から蛋白質科学に新たな発展を目指す先端研究を進める講師を招待して議論する。

Proteins are responsible for the majority of functions found in living systems and nature. Reaction chemistry-based technologies can provide new perspectives on the analysis and regulation of dynamic functions and intervention in living systems. In this workshop, we will invite lecturers who are engaged in advanced researches on protein science from such viewpoints.

オーガナイザー：生長 幸之助（産業技術総合研究所）、山次 健三（千葉大学）

Organizers : Kounosuke Oisaki (AIST), Kenzo Yamatsugu (Chiba Univ.)

[16:00] はじめに

**Opening Remarks**

○生長 幸之助 (Kounosuke Oisaki)

産業技術総合研究所 (AIST)

**WS12-01 [16:05] 14-3-3 と翻訳後リン酸化修飾が介在するたんぱく質間相互作用の解明に向けた分子戦略****Exploration of transient protein-protein interactions mediated by 14-3-3 and posttranslational modification**

○大神田 淳子 (Junko Ohkanda)

信州大・農 (Dept. of Agri., Shinshu Univ.)

**WS12-02 [16:45] ラベル化ケミストリーによる膜タンパク質の多重局在の可視化****Imaging of multiple subcellular localizations of membrane protein using labeling chemistry**

○堀 雄一郎 (Yuichiro Hori)

九大・理・化 (Grad. Sch. Sci., Kyushu Univ.)

**WS12-03 [17:10] 合成コファクターが明らかにしたタンパク質 His 残基メチル化修飾****Protein Histidine methylation revealed by synthetic cofactor**

○島津 忠広 (Tadahiro Shimazu)

理研・CPR (RIKEN, CPR)

**WS12-04 [17:35] タンパク質の化学アップグレード法****Chemical Upgrading of Proteins**

○生長 幸之助 (Kounosuke Oisaki)

産総研・触媒センター (IRC3, AIST)

**WS12-05 [18:00] 化学触媒による細胞内ヒストンタンパク質の化学修飾と応用****Chemical catalyst-driven in-cell histone modifications and their applications**

○山次 健三 (Kenzo Yamatsugu)

千葉大・薬 (Grad. Sch. Pharm. Sci. Chiba Univ.)

[18:25] **おわりに**

### Closing Remarks

○山次 健三 (Kenzo Yamatsugu)

千葉大学 (Chiba Univ.)

Day 2 (July 6)  
WorkShop

**WS13** D会場 (131+132) / Room D (131+132)  
7月6日 (木) / July 6 (Thu.) 16:00 ~ 18:30

English Session

## クロススケール計測技術が明らかにする新しい細胞内生命現象

## Cross-Scale Measurement Technology for Revealing New Biological Phenomena in Cells

### 共催：学術変革領域研究 A「クロススケール新生物学」

細胞内には細胞膜やオルガネラなどで仕切られた空間に多種多様なタンパク質が存在しており、細胞内の環境変化やシグナル伝達に応じてダイナミックに構造や局在を変化させることで、さまざまな細胞機能が発揮されている。したがって細胞内で起こる生命現象の解明には、タンパク質の原子レベルの構造から分子・細胞レベルの時空間的動態までをクロススケールで可視化することのできる計測技術およびその融合が必要である。本ワークショップでは、様々な細胞内計測技術を開発・応用している研究者の最新の研究成果を発表していただき、そこから見えてきた新しい生命現象について議論する。

In the cell, a wide variety of proteins exist in spaces separated by cell membranes and organelles, and their dynamic changes in conformations and localization in response to changes in the intracellular environment and signal transduction enable various cellular functions to be performed. Therefore, in order to reveal biological phenomena occurring in cells, it is necessary to develop measurement techniques that enable cross-scale visualization of proteins from their atomic-level structures to spatiotemporal dynamics at the molecular and cellular levels. In this workshop, researchers who are developing and applying various in-cell measurement techniques will present their latest topics of research and discuss new biological phenomena that have been revealed by their studies.

オーガナイザー：稲葉 謙次 (東北大学)、西田 紀貴 (千葉大学)

Organizers: Kenji Inaba (Tohoku Univ.), Noritaka Nishida (Chiba Univ.)

### WS13-01 [16:00] 細胞内環境下におけるタンパク質の構造および機能変調の In-cell NMR 観測

#### In-cell NMR observation of protein conformational and functional modulation under intracellular conditions

○西田 紀貴 (Noritaka Nishida)

千葉大・院薬 (Grad. Sch. Pharm. Sci., Chiba Univ.)

### WS13-02 [16:25] クライオ電子顕微鏡による DOCK5 細胞骨格制御分子複合体の動的構造解析

#### Dynamic structural analysis of the DOCK5 cytoskeletal regulator complex by cryo-electron microscopy

○柊元 (新野) 睦子 (Mutsuko Kukimoto-Niino)

理研・BDR (RIKEN BDR)

### WS13-03 [16:50] 単一シナプス光操作によるメゾスケール組織化の理解

#### Understanding the Meso-scale organization by single synaptic optical manipulation

○村越 秀治 (Hideji Murakoshi)

生理研 (National Institute for Physiological Sciences)

### WS13-04 [17:15] Nano assessment of how viruses hijack the host nuclear pore

○Richard W. Wong

WPI-Nano Life Science Institute, Kanazawa University

**WS13-05** [17:40] 深層学習を用いた連続電子顕微鏡画像解析によるオルガネラのクロススケール観察  
Cross-scale observation of organelles by serial electron microscopy and Deep-learning based image analysis

○平林 祐介<sup>1</sup> (Yusuke Hirabayashi)、菅 翔吾<sup>1</sup> (Shogo Suga)、中村 航規<sup>1</sup> (Koki Nakamura)、  
中西 優<sup>1</sup> (Yu Nakanishi)、ホンベル ブルーノ<sup>2</sup> (Bruno Humbel)、河合 宏紀<sup>1</sup> (Hiroki Kawai)

<sup>1</sup> 東大・工・化生 (Dept. of Chem. and Biotech., Eng., The Univ. of Tokyo)、<sup>2</sup> 沖縄科技大 (OIST)

**WS13-06** [18:05] クロススケール計測による小胞体とゴルジ体のカルシウム恒常性維持機構の解明  
Mechanisms of calcium homeostasis in the ER and Golgi revealed by cross-scale microscopic measurements

○稲葉 謙次 (Kenji Inaba)

東北大学 (Tohoku University)

**WS14** E 会場 (133+134) / Room E (133+134)  
7月6日 (木) / July 6 (Thu.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

**タンパク質の高速分子動画：実験と理論の協奏を目指して****Molecular movies of proteins:****Toward concerted collaboration between experiments and theories****共催：新学術領域研究「高速分子動画」**

タンパク質の機能解明には、静止構造だけでなく、機能発現過程での構造変化を明らかにする必要がある。近年、時分割 X 線結晶構造解析（高速分子動画法）やクライオ電子顕微鏡の発展が目覚ましい。一方、タンパク質内の化学反応の理解には、さらに高精度な構造情報と各種分光情報が重要である。また、理論計算には、実験結果の解釈だけでなく、機能改変などの予測が求められている。本ワークショップでは、タンパク質の研究に何が必要か実験と理論の両面から議論する。

Molecular mechanisms of protein should be understood based on not only its static structure, but also the dynamic atomic structures in action. Nowadays, time-resolved X-ray crystallography and cryo-electron microscopy have been developed remarkably. Moreover, studies of chemical reactions in protein require precise molecular information obtained by various kinds of spectroscopic and theoretical methods including quantum chemistry. In this workshop, we discuss how proteins work, from both aspects of experiments and theories.

オーガナイザー：古谷 祐詞（名古屋工業大学）、八木 清（理化学研究所）

Organizers: Yuji Furutani (NI Tech), Kiyoshi Yagi (RIKEN)

**[16:00] はじめに****Opening Remarks**

○古谷 祐詞 (Yuji Furutani)

名古屋工業大学 (Nagoya Inst. of Tech.)

**WS14-01** [16:03] 構造生物学へのハイブリッドアプローチ：シミュレーションと実験データの融合  
Hybrid approach for biomolecular structure modeling: integration of simulations and experimental data

○宮下 治 (Osamu Miyashita)

理研計算科学研究センター (RIKEN Center for Computational Science)

**WS14-02** [16:28] 分子シミュレーションを用いたタンパク質の動的構造変化の理解  
Understanding dynamic structural changes of proteins using molecular simulations

○光武 重代理 (Ayori Mitsutake)

明大・理工・物理 (Dept. of Physics, Meiji Univ.)

**WS14-03** [16:53] **時間分解共鳴ラマン分光法によるイオンポンプロドプシンの構造ダイナミクス観測**  
**Time-resolved resonance Raman observation of structural dynamics in ion-pumping rhodopsins**

○水野 操 (Misao Mizuno)  
阪大院・理 (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)

**WS14-04** [17:18] **QM/MM 法の開発と酵素反応・光化学反応への応用**  
**Development of the QM/MM method and applications to enzyme reactions and photochemical reactions**

○八木 清 (Kiyoshi Yagi)  
理研・開拓・杉田理論分子科学 (RIKEN CPR, Theor. Mol. Sci. Lab.)

**WS14-05** [17:40] **赤外分光計測による膜タンパク質のイオン輸送・透過機構の探究**  
**Infrared spectroscopy for investigation of molecular mechanisms of ion transport and ion permeation in membrane proteins**

○古谷 祐詞 (Yuji Furutani)  
名工大・院工 (Grad. Sch. of Eng., Nagoya Inst. Tech.)

**WS14-06** [18:02] **人工設計ペプチドイオンチャネルの構造ダイナミクス**  
**Structural dynamics of designed peptide ion channels**

○新津 藍<sup>1,2</sup> (Ai Niitsu)、Jaewoon Jung<sup>1,3</sup>、杉田 有治<sup>1,3,4</sup> (Yuji Sugita)  
<sup>1</sup> 理研 CPR (Riken CPR)、<sup>2</sup> JST さきがけ (JST PRESTO)、<sup>3</sup> 理研 R-CCS (Riken R-CCS)、<sup>4</sup> 理研 BDR (Riken BDR)

[18:27] **おわりに**  
**Closing Remarks**

○八木 清 (Kiyoshi Yagi)  
理化学研究所 (RIKEN)

## 学術から創薬までアミロイド研究を広く俯瞰する

### Broad overview of amyloid research from academia to drug discovery

タンパク質が線維状に凝集したアミロイド線維はアルツハイマー病など40種類以上の神経変性疾患を引き起こす。アミロイドはこれまで病気の原因物質として扱われることが多かったが、最近ではアミロイド触媒など生理活性に役立つ存在としても認識されつつある。さらに最近、神経変性疾患の治療薬も登場し、社会的な注目も浴びている。そこで本ワークショップでは学術界および企業から広くアミロイド研究に取り組んでいる方々をお招きして、これまでの成果を紹介していただいた上で、今後の研究を展望する。

Amyloid fibrils cause more than 40 neurodegenerative diseases. Although amyloid has often been treated as a causative agent of a disease, it has recently been recognized as an amyloid catalyst, a physiologically active entity. The recent emergence of therapeutic agents for Alzheimer's disease and other neurodegenerative disorders has attracted public attention. In this workshop, we will invite researchers from academia and industry who are actively working in amyloid research to introduce their recent research results and to look ahead to future research.

オーガナイザー：奥村 久士（自然科学研究機構）、真壁 幸樹（山形大学）  
Organizers : Hisashi Okumura (NINS), Koki Makabe (Yamagata Univ.)

#### WS15-01 [8:30] アミロイド骨格構造を模倣した可溶性人工蛋白質の設計と評価 Construction of an amyloid-mimicking artificial proteins

○真壁 幸樹 (Koki Makabe)  
山形大学・院理工 (Grad. Sch. Sci. Eng., Yamagata Univ.)

#### WS15-02 [9:00] アルツハイマー病の初期過程での A $\beta$ ペプチド生成における $\gamma$ -セクレターゼとコレステロールの分子機構 The molecular mechanism of $\gamma$ -secretase and cholesterol in the A $\beta$ peptide production in the early stage of Alzheimer's disease

○宮下 尚之 (Naoyuki Miyashita)  
近大・生物理工・生命情報 (Dept. of Sys. Biol., BOST, KINDAI Univ.)

#### WS15-03 [9:30] アミロイド $\beta$ 線維の形成促進および形成阻害の分子機構の解明 Molecular mechanisms promoting and inhibiting the formation of amyloid- $\beta$ fibrils

○矢木 真穂 <sup>1,2</sup> (Maho Yagi-Utsumi)  
<sup>1</sup> 名古屋市大・院薬 (Grad. Sch. of Pharm. Sci., Nagoya City Univ.), <sup>2</sup> 自然科学研究機構・生命創成探究セ (ExCELLS, NINS)

#### WS15-04 [10:00] 分子シミュレーションを用いたアミロイド線維形成初期過程の解明 Early stage of amyloid fibril formation studied by molecular simulation

○伊藤 暁 <sup>1,2,3</sup> (Satoru, G. Itoh)  
<sup>1</sup> 分子研 (IMS), <sup>2</sup> ExCELLS, <sup>3</sup> 総研大 (SOKENDAI)

#### WS15-05 [10:30] アルツハイマー病疾患修飾薬開発の潮流 Trends in the development of disease modifiers for Alzheimer's disease

○木村 禎治 (Teiji Kimura)  
エーザイ株式会社 (Eisai Co. Ltd.)

#### [11:00] おわりに Closing Remarks

○奥村 久士 (Hisashi Okumura)  
自然科学研究機構 (NINS)

## 高次構造体のはたらきを観る！

## Uncover the functional mechanisms of supramolecular assemblies by observation

共催：JST さきがけ「細胞の動的な高次構造体」

細胞の中では、様々な蛋白質をはじめとした生体高分子が集まり動的な高次構造体を形成し、それらが生命活動にとって重要な働きをしていることが明らかとなってきた。本ワークショップでは、独自の技術を用いて、様々な高次構造体の構造や動きを観察し、そのはたらきを明らかにすることを目指し研究を行っている新進気鋭の研究者たちに講演していただく。そして、ワークショップを通じて、蛋白質の動的な高次構造体を蛋白質科学という視点から盛り上げていくきっかけをつくりたい。

Proteins and other biomacromolecules form dynamic supramolecular assemblies in cells, and that these play important roles in biological activities. In this workshop, we will invite talented early-career researchers who observe the structures and dynamics of various supramolecular assemblies by their own cutting-edge techniques and try to uncover the functional mechanisms. We hope this workshop provides an opportunity to develop new research field of the dynamic supramolecular assemblies from the viewpoint of protein science.

オーガナイザー：小杉 貴洋（自然科学研究機構）、横山 武司（東北大学）

Organizers: Takahiro Kosugi (NINS), Takeshi Yokoyama (Tohoku Univ.)

[8:30] はじめに

### Opening Remarks

○小杉 貴洋 (Takahiro Kosugi)

自然科学研究機構 (NINS)

### WS16-01 [8:35] リボソームを無細胞翻訳系内で「観察」し、抗菌薬の進化を解明する

Visualization of how antibiotic reacts to ribosomes in the cell-free translation system revealed the functional evolution of antibiotics

○横山 武司 (Takeshi Yokoyama)

東北大・生命 (Dept. of Life Sci., Tohoku Univ.)

### WS16-02 [8:59] 非発光タンパク質の擬似ルシフェラーゼ活性

Pseudo-luciferase activity of non-bioluminescent proteins

○西原 諒<sup>1,2</sup> (Ryo Nishihara)

<sup>1</sup> 健康医工学・産総研 (HMRI, AIST)、<sup>2</sup> JST さきがけ (JST PRESTO)

### WS16-03 [9:23] 高速 AFM による SMC 型染色体構造維持複合体の動的構造解析

Real-time visualization of Structural Maintenance of Chromosomes (SMC) complexes by high-speed atomic force microscopy

○梅田 健一<sup>1</sup> (Kenichi Umeda)、黒川 裕美子<sup>2</sup> (Yumiko Kurokawa)、村山 泰斗<sup>2</sup> (Yasuto Murayama)、古寺 哲幸<sup>1</sup> (Noriyuki Kadera)

<sup>1</sup> 金沢大 WPI-NanoLSI (WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.)、<sup>2</sup> 遺伝研 (Nat. Inst. Genetics)

### WS16-04 [9:47] 細菌の運動と形態を規定する細胞内べん毛の in situ 構造解析

In situ structural analysis of the periplasmic flagella that regulates bacterial motility and morphology

○川本 晃大 (Akihiro Kawamoto)

阪大・蛋白研 (IPR., Osaka Univ.)

**WS16-05** [10:11] **RNA-induced silencing complex の機能発現を可視化する****RNA-induced silencing complex at work imaged in cells**○小林 穂高<sup>1,2</sup> (Hotaka Kobayashi)<sup>1</sup>JST さきがけ専任 (JST PRESTO)、<sup>2</sup> 東京大学 定量生命科学研究所 (IQB, The University of Tokyo)**WS16-06** [10:35] **1 分子可視化技術で迫るヒト染色体の動的組織化****Single molecule imaging dissects dynamic organization of human mitotic chromosomes**○日比野 佳代<sup>1,2,3</sup> (Kayo Hibino)、境 祐二<sup>4</sup> (Yuji Sakai)、鐘巻 将人<sup>1,2</sup> (Masato Kanemaki)、  
前島 一博<sup>1,2</sup> (Kazuhiro Maeshima)<sup>1</sup> 遺伝研 (Natl. Inst. Genet.)、<sup>2</sup> 総研大 (SOKENDAI)、<sup>3</sup>JST・さきがけ (PRESTO, JST)、<sup>4</sup> 京大、(Kyoto Univ.)[10:59] **おわりに****Closing Remarks**

○横山 武司 (Takeshi Yokoyama)

東北大学 (Tohoku Univ.)

**WS17** E 会場 (133+134) / Room E (133+134)  
7 月 7 日 (金) / July 7 (Fri.) 08:30 ~ 11:00

Japanese Session

**βバレル型タンパク質研究の最前線****Frontiers of research of beta-barrel proteins**

βバレルは、膜タンパク質としては、グラム陰性菌、ミトコンドリア、葉緑体の外膜に存在する必須タンパク質である。また、可溶性タンパク質としては、GFP のような利便性の高いタンパク質である。本ワークショップでは、βバレルのフォールディングを主要なキーワードに、立体構造、生化学、生物物理学、バイオインフォマティクス、さらには、分子標的薬探索と各分野における卓越した研究者を集め、その重要性を議論する。

Unique fold protein, beta-barrel acts essential roles for cell viability at the outer membranes of bacteria, mitochondria, and chloroplast and as soluble proteins, fluorescent proteins, like a GFP, are used as basic tools for imaging. In this workshop, we will invite pioneers and discuss the beta-barrel proteins from multiple aspects.

オーガナイザー：塩田 拓也 (宮崎大学)、竹田 弘法 (奈良先端科学技術大学院大学)

Organizers : Takuya Shiota (Univ. of Miyazaki), Hironori Takeda (NAIST)

[8:30] **はじめに****Opening Remarks**

○塩田 拓也 (Takuya Shiota)

宮崎大学 (Univ. of Miyazaki)

**WS17-01** [8:35] **ミトコンドリア外膜におけるβバレル型膜タンパク質の膜挿入機構****Molecular mechanism for the membrane insertion of β-barrel proteins into the mitochondrial outer membranes**

○竹田 弘法 (Hironori Takeda)

奈良先・バイオ (Div. Biol. Sci., NAIST)

**WS17-02** [9:10] **バクテリアβバレル型膜タンパク質の立体構造を伴った膜挿入機構****Molecular mechanism of Gram-negative bacterial assembly of beta-barrel membrane**○塩田 拓也 (Takuya Shiota)、ジャーマニー エドワード (Edward Germany)、  
中島 由香里 (Yukari Nakajima)

宮大・フロンティア・RI (RI, Front. Sci, Univ. of Miyazaki)

- WS17-03** [9:35] 種特異的活性を指標としたスクリーニングから見出されたグラム陰性細菌を選択的に殺す抗生物質  
ダロバクチン  
Discovery of darobactin, which selectively kills Gram-negative pathogen, by differential screening  
○今井 優 (Yu Imai)  
信大・バイオメディカル研 (Depart. of Biomol. Innovation, Inst. for Biomed. Sci, Shinshu Univ.)
- WS17-04** [10:05] ペプチド結合の部位特異的緩和を利用した $\beta$ バレル型タンパク質の「折り目」デザイン  
ORIME design of beta-barrel protein using site-specific relaxation of peptide bind  
○千葉 薫 (Kaori Chiba)  
茨城高専・国際創造 (Natl. Inst. of Tech., Ibaraki Coll.)
- WS17-05** [10:35] TOM 複合体から見るミトコンドリアのタンパク質の輸送機構の進化  
Diversification of the TOM complex in Evolution of Mitochondrial Protein Import  
○今井 賢一郎 (Kenichiro Imai)  
産総研・細胞分子 (CMB, AIST)

## WS18 B 会場 (141+142) / Room B (141+142) 7月7日 (金) / July 7 (Fri.) 15:40 ~ 18:10

Japanese Session

### 動的溶液環境の視点から切り拓くタンパク質の自己凝縮過程の統合的理解 Integrated understanding of protein self-condensation process from the viewpoint of dynamic solution environments

共催：学術変革領域研究 B「動的溶液環境」

溶液環境の時空間的な変化と天然変性タンパク質の液-液相分離やアミロイド線維化といった自己凝縮過程、およびアルツハイマー病やパーキンソン病などの神経変性疾患との関係が明らかになってきた。原子・分子レベルの解析から明らかになる物理的なモデルと、細胞や生体レベルで示唆されるタンパク質凝縮と神経変性疾患との関わりを、様々なレベルの研究を統合的に議論することでミクロからマクロまでの事象を包括的に理解することをめざす。

Spatio-temporal changes in the solution environment regulate self-condensation of intrinsically disordered proteins such as liquid-liquid phase separation and amyloid fibrillation, which are associated with neurodegenerative diseases. We aim to comprehensively understand the events from the microscopic insights revealed by atomic- and molecular-level analysis to the macroscopic perspectives revealed by cellular- and organism-level experiments.

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

- WS18-01** [15:40] 複数残基モデルによるアミロイド線維化の分子メカニズムの解明  
Elucidation of the molecular mechanism of amyloid fibrillization by a multiple residue model  
小林 凌河<sup>1</sup> (Ryoga Kobayashi)、児玉 高志<sup>2</sup> (Takashi Kodama)、朽尾 豪人<sup>1</sup> (Hidehito Tochio)、  
○関山 直孝<sup>1</sup> (Naotaka Sekiyama)

<sup>1</sup> 京大・理・生物物理 (Dept. of Biophysics, Grad Sch. of Science, Kyoto Univ.)、<sup>2</sup> 阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)

- WS18-02** [16:05] ハイドロトロプとしての ATP の作用機構  
Mechanism of ATP function as a hydrotrope  
○菅瀬 謙治<sup>1</sup> (Kenji Sugase)、西澤 茉由<sup>2</sup> (Mayu Nishizawa)、ヴァリンダ エリック<sup>3</sup> (Erik Walinda)、  
森本 大智<sup>2</sup> (Daichi Morimoto)、コーン ベンジャミン<sup>4</sup> (Benjamin Kohn)、  
シェーラー ウルリッヒ<sup>4</sup> (Ulrich Scheler)、白川 昌宏<sup>2</sup> (Masahiro Shirakawa)

<sup>1</sup> 京大・農 (Grad. Sch. of Ag., Kyoto Univ.)、<sup>2</sup> 京大・工 (Grad. Sch. of Eng., Kyoto Univ.)、

<sup>3</sup> 京大・医 (Grad. Sch. of Med., Kyoto Univ.)、<sup>4</sup> IPF Dresden (IPF Dresden)

**WS18-03** [16:30] **生体分子の構造と相互作用解析のための液体の統計力学理論開発**  
**Development of statistical mechanics theory of liquids for structure and interaction analysis of biomolecules**  
○吉田 紀生<sup>1</sup> (Norio Yoshida)、山口 毅<sup>2</sup> (Tsuyoshi Yamaguchi)  
<sup>1</sup> 名大・情報 (Grad. Sch. of Info., Nagoya Univ.)、<sup>2</sup> 名大・工 (Grad. Sch. of Eng., Nagoya Univ.)

**WS18-04** [16:55] **細胞質内ストレス顆粒の形成とその生理的機能の解析**  
**Physiological functions of cytoplasmic stress granules**  
○松崎 京子<sup>1,2</sup> (Kyoko Matsuzaki)  
<sup>1</sup> 東京医歯大・院医歯学・病態代謝解析学 (Dept. of Med. Biochem., Grad. Sch. of Med., Tokyo Medical and Dental Univ.)、  
<sup>2</sup> 杏林大・医・細胞生化学 (Dept. of Cellular Biochem., Sch. of Med., Kyorin Univ.)

**WS18-05** [17:20] **生きた細胞内でのタンパク質自己凝縮過程アッセイ法の開発**  
**Evaluating protein self-condensation processes inside living cells**  
○中村 秀樹<sup>1,2</sup> (Hideki Nakamura)  
<sup>1</sup> 京大・白眉センター (Hakubi Center, Kyoto Univ.)、  
<sup>2</sup> 京大・工・合成生物化学 (Dept. Synth. Biol. Chem., Sch. of Eng., Kyoto Univ.)

**WS18-06** [17:45] **細胞内 ATP 濃度と蛋白質凝集**  
**ATP concentration and protein aggregation inside cells**  
○今村 博臣 (Hiromi Imamura)  
京大・生命 (Grad. Sch. Biost., Kyoto Univ.)

**WS19** E 会場 (133+134) / Room E (133+134)  
7 月 7 日 (金) / July 7 (Fri.) 15:40 ~ 18:10

Japanese Session

## 生命科学研究を加速する膜タンパク質複合体構造生物学の新展開 New stage of development in Structural Biology of Membrane Protein Complexes to Accelerate Life Science Research

近年、X 線結晶構造解析に加えてクライオ電子顕微鏡単粒子解析技術の高度化にともなって、構造生物学、特に膜タンパク質構造解析研究が著しく加速している。様々な反応状態での構造決定によるタンパク質の動的な分子機構の解明や、困難であった超分子複合体の高分解能構造決定の成功例など、刺激的な報告が相次いでいる。そこで、本ワークショップでは最新の膜タンパク質構造研究を報告、議論することで将来の生命科学研究のさらなる発展の可能性を検討する。

In recent years, with the advancement of cryo-EM single-particle analysis techniques in addition to X-ray crystallography, structural biology, especially membrane protein structural analysis research, has been remarkably accelerated. There have been a series of exciting reports on the elucidation of dynamic molecular mechanisms of proteins by structure determination in various reaction states and on the successful high-resolution structure determination of supramolecular complexes, which had been difficult to achieve. Therefore, in this workshop, we will report and discuss the latest membrane protein structural studies and discuss the possibilities for further development of life science research in the future.

オーガナイザー：寿野 良二 (関西医科大学)、日野 智也 (鳥取大学)  
Organizers: Ryoji Suno (Kansai Medical Univ.), Tomoya Hino (Tottori Univ.)

[15:40] **はじめに**  
**Opening Remarks**

**WS19-01** [15:45] **カチオン能動輸送体 P2-type ATPase の構造機能関連**  
**Structure-function relationship of cation-transporting P2-type ATPases**  
 ○阿部 一啓<sup>1,2</sup> (Kazuhiro Abe)

<sup>1</sup> 名古屋大学細胞生理学研究センター (Cellular and Structural Physiology Institute, Nagoya University),  
<sup>2</sup> 名古屋大学大学院創薬科学研究科 (Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Nagoya University)

**WS19-02** [16:09] **ウシ心筋由来シトクロム酸化酵素における金属中心の酸化状態変化によって駆動されるプロトン輸送機構の解明**  
**Proton pump mechanism driven by the redox changes of metal centers in bovine heart cytochrome c oxidase**

○島田 敦広<sup>1</sup> (Atsuhiko Shimada)、村本 和優<sup>2</sup> (Kazumasa Muramoto)、  
 新澤一伊藤 恭子<sup>2</sup> (Kyoko Shinzawa-Itoh)、月原 富武<sup>2,3</sup> (Tomitake Tsukihara)、  
 吉川 信也<sup>2</sup> (Shinya Yoshikawa)

<sup>1</sup> 岐阜大・応用生物 (Appl. Biol. Sci., Gifu Univ.)、<sup>2</sup> 兵衛大・理学 (Grad. Sch. Sci., Univ. Hyogo)、  
<sup>3</sup> 阪大・蛋白質研 (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)

**WS19-03** [16:33] **哺乳類が持つヘテロ複合体型アミノ酸輸送体の構造解析**  
**Structural studies of mammalian heteromeric amino acid transporters**

○李 勇燦 (Yongchan Lee)

横浜市大・院・生命医科 (Grad. Sch. of Biomed. Sci, Yokohama City Univ.)

**WS19-04** [16:57] **クライオ電子顕微鏡構造解析と高速 AFM 観察から見えてきた ABC トランスポーター (P-gp) の構造ダイナミクス**  
**Structural dynamics of ABC transporter (P-gp) revealed by Cryo-EM structure analysis and High-speed AFM**

○濱口 紀江<sup>1,2</sup> (Norie Hamaguchi)、安達 成彦<sup>3</sup> (Naruhiko Adachi)、野中 雄仁<sup>4</sup> (Yuto Nonaka)、  
 喜多 俊介<sup>5</sup> (Shunsuke Kita)、今野 翔<sup>6</sup> (Sho Konno)、金岡 優依<sup>4</sup> (Yui Kanaoka)、  
 守屋 俊夫<sup>3</sup> (Toshio Moriya)、川崎 政人<sup>3</sup> (Masato Kawasaki)、安田 賢司<sup>2</sup> (Satoshi Yasuda)、  
 安西 尚彦<sup>1</sup> (Naohiko Anzai)、林 良雄<sup>6</sup> (Yoshio Hayashi)、前仲 勝実<sup>5</sup> (Katsumi Maenaka)、  
 千田 俊哉<sup>3</sup> (Toshiya Senda)、小笠原 諭<sup>2</sup> (Satoshi Ogasawara)、内橋 貴之<sup>4</sup> (Takayuki Uchihashi)、  
 村田 武士<sup>2</sup> (Takeshi Murata)

<sup>1</sup> 千葉大・院医・薬理学 (Grad. Sch. of Med. and Pharm. Sci, Chiba Univ.)、  
<sup>2</sup> 千葉大・理・化 (Dept. of Chem., Grad. Sch. of Sci., Chiba Univ.)、<sup>3</sup> 高エネ機構・物構研・構造生物 (SBRC, IMSS, KEK)、  
<sup>4</sup> 名古屋大・理 (Phys. Dep., Nagoya Univ.)、<sup>5</sup> 北大院・薬 (Faculty of Pharm. Sci., Hokkaido Univ.)、  
<sup>6</sup> 東薬大・薬 (Sch. of Pharm., Tokyo Univ. of Pharm. And Life Sci.)

**WS19-05** [17:21] **新規抗ヒスタミン薬の分子設計を目指したヒスタミン H4 受容体の構造基盤**  
**The Structural Basis of the Histamine H4 Receptor: Implications for the Molecular Design of Novel Antihistamines**

○Dohyun Im

京大・医 (Grad. Sch. of Medicine, Kyoto University)

**WS19-06** [17:45] **Wnt-Frizzled-LRP6 複合体の構造が明らかにした古典的  $\beta$  - カテニンシグナルの開始機構**  
**Structure of the Wnt-Frizzled-LRP6 complex reveals the mechanism initiating canonical  $\beta$ -catenin signaling**

○堤 尚孝 (Naotaka Tsutsumi)

岡大・薬 (Faculty of Pharm Sci., Okayama Univ.)

[18:09] **おわりに**  
**Closing Remarks**