

ポスターセッション (ポスター賞フラッシュトークを行う演題には演題番号に*を付与してあります。)

1P 第1日目 5月20日(日) 13:45～15:45

ポスター会場 : 2階 玉樹 A,B / 弥生 A,B,C

討論時間 : 奇数番号 13:45～14:45 / 偶数番号 14:45～15:45

蛋白質構造 1P-001～1P-054

1P-001* 溶液高粘性化によるフェムト秒レーザー誘起核発生の高効率化

○村井 良多^{1,2)}、吉川 洋史³⁾、家藤 奈津子^{1,2)}、北谷 友也^{1,2)}、高橋 義典^{1,2)}、杉山 成^{1,2)}、
安達 宏昭^{1,2,4)}、高野 和文^{1,2,4)}、松村 浩由^{1,2,4)}、村上 聡^{2,4,5)}、井上 豪^{1,2,4)}、森 勇介^{1,2,4)}

1) 阪大院・工、2) CREST-JST、3) ハイデルベルグ大学、4) 創晶、5) 東工大院・生命理工

1P-002* ベン毛Ⅲ型輸送蛋白質 FliJ と輸送 ATPase FliI の相互作用

○伊吹 達也¹⁾、南野 徹^{1,2)}、風谷 謙一^{1,2)}、難波 啓一^{1,2)}、今田 勝巳^{1,2)}

1) 阪大・生命、2) 超分子ナノマシン・JST・ICORP

1P-003* 3.5 Å分解能でのギャップジャンクションチャネルの構造決定手順

○菅 倫寛¹⁾、前田 将司¹⁾、中川 宗¹⁾、山下 栄樹¹⁾、月原 富武^{1,2)}

1) 阪大蛋白研、2) 兵庫県立大学生命理学研究科

1P-004* シナプス間接着装置ニューレキシン-ニューロリギン複合体の分子間クラスタリングの構造基盤

○田中 宏樹、禾 晃和、高木 淳一

阪大・蛋白研

1P-005* Exocyst 複合体サブユニット Sec3 と Rho1 との相互作用の構造基盤

○山下 雅美^{1,2,3)}、佐藤 裕介^{1,2)}、三村 久敏^{1,2)}、山形 敦史^{1,2)}、深井 周也^{1,2,3)}

1) 東大・放射光・生命科学、2) 東大・新領域・メディカル、3) 東大・分生研

1P-006* ヒト由来 Mad2L2 の結晶学的研究

○原 幸大¹⁾、清水 敏之¹⁾、村雲 芳樹²⁾、花房 朋³⁾、大森 治夫³⁾、佐藤 衛¹⁾、橋本 博¹⁾

1) 横浜市大・国際総合科学・生体超分子科学、2) 名大・医・病理、3) 京大・ウイルス

1P-007* Pex14p の N 末端の保存ドメインの結晶構造

○蘇 建榮¹⁾、竹田 一旗¹⁾、田村 茂彦²⁾、藤木 幸夫²⁾、三木 邦夫¹⁾

1) 京大・院理・化、2) 九大院・理・生物科学

1P-008* Nip45 における SUMO-like domain の構造学的研究

○関山 直孝¹⁾、池田 吉宏¹⁾、有吉 真理子¹⁾、朽尾 豪人¹⁾、斉藤 寿仁²⁾、白川 昌宏¹⁾

1) 京都大学大学院工学研究科分子工学専攻、2) 熊本大学大学院自然科学研究所

1P-009* ポリユビキチン鎖の大量調製法の確立と立体構造解析

○森本 大智¹⁾、磯貝 信¹⁾、天野 剛志²⁾、有吉 真理子¹⁾、朽尾 豪人¹⁾、白川 昌宏¹⁾

1) 京大・工、2) 神大・医

1P-010* 発光細菌 Photobacterium kishitanii 由来 LumP のリボフラビンおよび FMN 複合体の構造解析

○佐藤 雄一¹⁾、清水 敏史¹⁾、大滝 証¹⁾、野口 恵一²⁾、尾高 雅文¹⁾、養王田 正文¹⁾

1) 農工大・院工・生命工、2) 農工大・学術研究支援総合センター・機器分析施設

1P-011* X線解析法による光非依存型(暗所作動型)プロトクロロフィリド還元酵素の反応機構の解明

○村木 則文¹⁾、野亦 次郎²⁾、志波 智生¹⁾、藤田 祐一²⁾、栗栖 源嗣¹⁾

1) 東大・総合文化・生命、2) 名古屋大・生命農

- 1P-012*** 銅・トパキノン含有アミン酸化酵素における触媒反応機構の構造学的研究
○片岡 未有¹⁾、富永 鮎子¹⁾、大津 雅之¹⁾、岡島 俊英²⁾、谷澤 克行²⁾、山口 宏¹⁾
1) 関学・理工、2) 阪大・産研
- 1P-013*** 超安定性と特異なヘム獲得過程を示すシトクロム c の構造的特徴
○山中 優¹⁾、大瀧 麻莉衣¹⁾、河原 一樹²⁾、元岡 大介³⁾、中村 昇太⁴⁾、内山 進⁵⁾、小林 祐次³⁾、大久保 忠泰²⁾、三本木 至宏¹⁾
1) 広大院・生物圏、2) 阪大院・薬、3) 大阪薬大、4) 阪大・微研、5) 阪大院・工
- 1P-014*** 古細菌 TYW2-AdoMet 複合体の機能構造解析
○海津 正賢¹⁾、西増 弘志¹⁾、野間 章子²⁾、鈴木 勉²⁾、石谷 隆一郎¹⁾、濡木 理¹⁾
1) 東京大学医科学研究所染色体制御分野、2) 東京大学大学院工学系研究科化学生命工学専攻
- 1P-015*** 古細菌 *Pyrococcus horikoshii* 由来 Trp-tRNA 合成酵素の結晶構造解析
○内川 瑛美子、森 優希、水川 顕子、今野 美智子
お茶女大・理
- 1P-016*** アラニル tRNA 合成酵素の結晶構造より提唱された tRNA 再結合モデル
○徳永 啓太¹⁾、曾我部 正彰²⁾、尾瀬 農之³⁾、中村 彰良¹⁾、濡木 理⁴⁾、姚 閔³⁾、田中 勲³⁾
1) 北大・院・生命、2) カリフォルニア大・デービス校・院・医、3) 北大・院・先端生命、4) 東大・医科研
- 1P-017*** hMTH1-8-oxo-dGTP 複合体の高分解能 X 線結晶構造解析
○稲里 みゆき¹⁾、中村 照也¹⁾、池水 信二¹⁾、中別府 雄作²⁾、山縣 ゆり子¹⁾
1) 熊本大・院・薬、2) 熊本大・院・薬、3) 九州大・生医研
- 1P-018*** 酸化損傷ヌクレオチド加水分解酵素と新規基質の複合体結晶構造
○有森 貴夫¹⁾、紙谷 浩之²⁾、玉置 春彦³⁾、中村 照也¹⁾、池水 信二¹⁾、石橋 徹⁴⁾、原島 秀吉²⁾、関口 睦夫⁴⁾、山縣 ゆり子¹⁾
1) 熊本大院・薬、2) 北大院・薬、3) 熊本大院・医、4) 福歯大・学術フロンティア
- 1P-019*** β -CASP ファミリーに属する新規 RNase, TTHA0252 の構造機能解析
○石川 大仁¹⁾、中川 紀子^{1,2)}、倉光 成紀^{1,2)}、増井 良治^{1,2)}
1) 阪大院・理・生物、2) 理研・播磨研
- 1P-020*** 高度好塩菌由来ヌクレオチド二リン酸キナーゼ NDK-q、NDK-s の異なる塩濃度依存性の構造学的解明
○山村 昭裕¹⁾、市村 武文¹⁾、亀倉 正博²⁾、水木 徹³⁾、宇佐美 論³⁾、牧野 司¹⁾、大塚 淳¹⁾、宮園 健一¹⁾、岡井 公彦¹⁾、永田 宏次¹⁾、田之倉 優¹⁾
1) 東大・院農生科・応生化、2) 野田産研、3) 東洋大・バイオナノ研セ
- 1P-021*** インフルエンザウイルスの RNA ポリメラーゼにおける PA-PB1 サブユニット間相互作用の解析
○吉田 尚史¹⁾、尾林 栄治¹⁾、河合 文啓¹⁾、川口 敦史²⁾、永田 恭介²⁾、ジェレミー テイム¹⁾、朴 三用¹⁾
1) 横市大・院・ナノシステム、2) 筑波大・院・基礎医学系
- 1P-022*** 結晶構造に基づいた回虫成虫複合体IIに特異的な阻害剤の論理的設計
○佐々木 健¹⁾、山下 智佳子¹⁾、清水 洋成²⁾、稲岡 ダニエル健²⁾、長内 理大²⁾、城戸 康年²⁾、大森 惇子²⁾、本間 光貴³⁾、田仲 昭子³⁾、井上 将行⁴⁾、北 潔²⁾、原田 繁春¹⁾
1) 京工織大院・工科・応生、2) 東大院・医、3) 理研横浜研究所、4) 東大院・薬
- 1P-023*** *Trypanosoma cruzi* 由来 Aspartate carbamoyltransferase の結晶構造解析
○の場 一晃¹⁾、奈良 武司²⁾、青木 孝²⁾、北 潔³⁾、原田 繁春¹⁾
1) 京工織大院・工科・応生、2) 順天堂大・医、3) 東大院・医

- 1P-024** 超好熱アーキア *Pyrococcus horikoshii* 由来 L-リジン脱水素酵素の機能、構造解析
○米田 一成¹⁾、櫻庭 春彦²⁾、大島 敏久³⁾、河村 俊介¹⁾、荒木 朋洋¹⁾、村岡 郁夫⁴⁾、老川 典夫⁴⁾
1)東海大・農・バイオ、2)香川大・農・応用生物科学、3)九大院・農・遺資工、4)関西大・工・生物工
- 1P-025** X線結晶構造解析に基づく *Rhodococcus* sp. N771 由来アミダーゼの基質認識機構
○大滝 証、村田 憲亮、野口 恵一、尾高 雅文、養王田 正文
農工大・院工・生命工
- 1P-026** 好熱性ラン藻 *Thermosynechococcus elongatus* BP-1 由来グリセルアルデヒド-3-リン酸デヒドロゲナーゼの結晶化
○山口 亜佐子^{1,2)}、岩城 俊雄³⁾、和田野 晃³⁾、多田 俊治¹⁾
1)阪府大院・理、2)阪府大・人材育成センター、3)阪府大院・生命環境
- 1P-027** ホスファチジルエタノールアミン合成系の酵素 ECT の構造機能解析
○大塚 淳¹⁾、小野 裕介²⁾、永田 宏次¹⁾、福田 良一²⁾、伊東 孝祐¹⁾、李 愚哲¹⁾、太田 明德²⁾、田之倉 優¹⁾
1)東大院・農・応生化、2)東大院・農・応生工
- 1P-028** 糸状菌由来β-グルコサミニダーゼの結晶構造解析
○阪本 泰光¹⁾、田中 信忠²⁾、池 正和^{3,4)}、岡田 宏文³⁾、小笠原 渉³⁾、野中 孝昌¹⁾、森川 康³⁾、中村 和郎²⁾
1)岩手医大・薬、2)昭和大・薬、3)長岡技大・工・生機、4)農研機構・食総研
- 1P-029** ゼブラフィッシュ孵化酵素の構造・機能解析
○岡田 晃季¹⁾、永田 宏次¹⁾、佐野 香織²⁾、安増 茂樹³⁾、窪田 恵子¹⁾、大塚 淳¹⁾、井内 一郎³⁾、田之倉 優¹⁾
1)東大・院農生科・応生化、2)上智大・理工・生物科学、3)上智大・理工・物質生命
- 1P-030** 口腔レンサ球菌由来β C-S リアーゼ / 基質複合体の結晶構造解析：反応機構と硫化水素産生
○毛塚 雄一郎¹⁾、吉田 康夫²⁾、野中 孝昌¹⁾
1)岩手医大・薬、2)岩手医大・歯
- 1P-031** ヘテロダイマー型ヘキサプレニルニリン酸合成酵素の結晶構造
○佐々木 大輔¹⁾、藤橋 雅宏¹⁾、奥山 直美¹⁾、野池 基義²⁾、古山 種俊²⁾、三木 邦夫¹⁾
1)京大・院理、2)東北大・多元研
- 1P-032** 超好熱始原菌由来 Type III Rubisco の結晶学的研究
○西谷 優一¹⁾、藤橋 雅宏¹⁾、土井 崇嗣¹⁾、吉田 昭介²⁾、跡見 晴幸²⁾、今中 忠行³⁾、三木 邦夫¹⁾
1)京大・院理、2)京大・院工、3)立命館大・生命科
- 1P-033** 酢酸菌 *Gluconobacter frateurii* 由来 5-ケート-D-グルコン酸還元酵素の X線結晶構造解析
○窪田 恵子¹⁾、宮園 健一¹⁾、永田 宏次¹⁾、Ittipon Saichana²⁾、外山 博英³⁾、松下 一信²⁾、田之倉 優¹⁾
1)東大院農生科・応生化、2)山口大農・生物機能、3)琉球大農・生物資源
- 1P-034** キヌクリジノン還元酵素の機能改変を目指した構造解析
○宮川 拓也¹⁾、竹下 大二郎¹⁾、片岡 道彦²⁾、熊代 祥子²⁾、卯津羅 淳子³⁾、野本 史樹³⁾、永田 宏次¹⁾、清水 昌²⁾、田之倉 優¹⁾
1)東大院・農生科・応生化、2)京大院・農・応用生命、3)長瀬産業
- 1P-035** カルボニル還元酵素 S1 の基質認識機構の構造学的解析
○諏訪 陽一¹⁾、片岡 道彦²⁾、イマイ ファビアナ リカ¹⁾、宮川 拓也¹⁾、岡井 公彦¹⁾、永田 宏次¹⁾、八十原 良彦³⁾、木崎 憲之³⁾、清水 昌²⁾、田之倉 優¹⁾
1)東大院・農生科・応生化、2)京大院・農・応用生命、3)㈱力ネカ

- 1P-036** FAD 依存型グルコース脱水素酵素の結晶構造
○中嶋 義隆¹⁾、伊藤 潔¹⁾、山澤 龍治¹⁾、川南 裕²⁾、辻 裕二²⁾、北林 雅夫²⁾、西矢 芳昭²⁾、
芳本 忠¹⁾
1)長崎大・院・医歯薬、2)東洋紡敦賀バイオ
- 1P-037** クロロフィル代謝関連酵素 Red Chlorophyll Catabolite Reductase の結晶構造
○杉島 正一¹⁾、北森 有加²⁾、野口 正人¹⁾、河内 孝之³⁾、福山 恵一²⁾
1)久留米大・医・医化学、2)阪大院理・生物科学、3)京大院生命・統合生命
- 1P-038** X線損傷低減データに基づく光化学系II複合体の酸素発生中心の構造研究
○梅名 泰史¹⁾、川上 恵典²⁾、大熊 章朗²⁾、西条 慎也³⁾、内藤 久志³⁾、沈 建仁²⁾、神谷 信夫¹⁾
1)大阪市大・理、2)岡山大・理、3)理研播磨
- 1P-039** 鉄型ニトリルヒドラターゼ活性中心におけるセリン配位子と近傍のアミノ酸残基の機能
○山中 保明、橋本 浩一、養王田 正文、尾高 雅文
農工大・院工・生命工
- 1P-040** [NiFe] ヒドロゲナーゼ成熟化因子 HypA の結晶構造
○渡部 聡¹⁾、新井 崇之¹⁾、松見 理恵²⁾、跡見 晴幸²⁾、今中 忠行³⁾、三木 邦夫¹⁾
1)京大・院理・化学、2)京大・院工・合成、3)立命大・生命・生物工学
- 1P-041** 異化型亜硫酸還元酵素の構造化学的研究
○庄村 康人¹⁾、樋口 芳樹¹⁾
1)兵庫県大・生命
- 1P-042** 電子伝達タンパク質間の酸化還元状態依存的な親和性調節機構の解明
○千田 美紀¹⁾、木村 成伸²⁾、福田 雅夫³⁾、石田 哲夫⁴⁾、千田 俊哉⁵⁾
1)バイオ産業情報化コンソーシアム、2)茨大・工、3)長岡技大・生物、4)滋賀医大・医・生化1、
5)バイオメディシナル情報・産総研
- 1P-043** 超高エネルギー X線を利用した高電位鉄イオウタンパク質 HiPIP の超高分解能結晶構造解析
○平野 優^{1,2)}、竹田 一旗²⁾、大友 征宇¹⁾、三木 邦夫²⁾
1)茨城大・理、2)京大・院理・化学
- 1P-044** 中性子構造解析を目的とした NADH-シトクロム *b*₅ の結晶化
○正山 祥生¹⁾、玉田 太郎¹⁾、黒木 良太¹⁾、木村 成伸²⁾、竹田 一旗³⁾、林 拓郎³⁾、三木 邦夫³⁾
1)原子力機構・量子ビーム、2)茨大・工・生体分子機能、3)京大・院理・化学
- 1P-045** 好熱性光合成細菌由来の Flavocytochrome c と Cytochrome c' の結晶構造解析と機能評価
源氏 梨恵¹⁾、平野 優¹⁾、木村 行宏²⁾、木村 綾乃¹⁾、三木 邦夫³⁾、○大友 征宇¹⁾
1)茨城大・理、2)神戸大・農、3)京大・院理
- 1P-046** ダイズフェリチン (SFER4) 24 量体の X線結晶構造解析
○増田 太郎¹⁾、後藤 文之²⁾、吉原 利一²⁾、三上 文三³⁾
1)京大院・農・農学、2)電中研、3)京大院・農・応用生命
- 1P-047** 結晶構造解析による糖加水分解酵素 Cel44A の基質認識機構の解明
○北郷 悠¹⁾、荻田 修一²⁾、渡邊 信久^{1,3,4)}、栗冠 和郎²⁾、田中 勲¹⁾
1)北大院・生命、2)三重大院・資源、3)名大院・工・化生、4)名大・シンクロトロン
- 1P-048** 大腸菌膜に発現させたオリゴ糖転移酵素の精製と結晶化
○井倉 真由美、真柳 浩太、ニレンダ ジェイムス、神田 大輔
九大・生医研

- 1P-049** 古細菌ペルオキシレドキシシンと過酸化水素複合体の立体構造
 ○中村 努¹⁾、門 祐示^{1,2)}、松村 浩由²⁾、井上 豪²⁾
 1)産総研、2)阪大・院工
- 1P-050** ベン毛特異的輸送シャペロン Flit の構造と機能制御機構
 ○今田 勝巳、南野 徹、木下 実紀、難波 啓一
 阪大・院・生命機能
- 1P-051** 大腸菌熱ショック蛋白質 HSPQ の機能解析
 中田 光¹⁾、○阿部 義人¹⁾、塩井 誠次郎²⁾、片山 勉³⁾、植田 正¹⁾
 1)九大院・薬・蛋白、2)福大・薬・RI センター、3)九大院・薬・分子生物
- 1P-052** 結晶構造解析と分子動力学シミュレーションによる超好熱性古細菌 *Thermococcus* strain KS-1 由来プレフォルディンの基質認識機構の検討
 ○野口 恵一、大滝 証、菅野 由利、佐藤 孝晴、尾高 雅文、養王田 正文
 農工大・院工・生命工
- 1P-053** ナガガジ由来不凍タンパク質の結晶化と単結晶中性子回折測定
 ○大原 高志¹⁾、安達 基泰¹⁾、玉田 太郎¹⁾、黒木 良太¹⁾、近藤 英昌²⁾、西宮 佳志²⁾
 1)原子力機構・量子ビーム、2)産総研・ゲノムファクトリー
- 1P-054** ジベレリン受容体の立体構造に基づく分子進化と基質認識機構の解明
 島田 麻子¹⁾、上口(田中) 美弥子¹⁾、○中津 亨^{2,3)}、中嶋 正敏⁴⁾、直江 洋一²⁾、大宮 博子¹⁾、加藤 博章^{2,3)}、松岡 信¹⁾
 1)名大・生物機能セ、2)京大院・薬、3)理研・播磨、4)東大院・農生科

構造予測・バイオインフォマティクス 1P-055～1P-069

- 1P-055** 主鎖二面角に注目したタンパク質系力場の改良
 ○榮 慶丈、岡本 祐幸
 名大・理・物理
- 1P-056** 球状蛋白質構造ゆらぎの2面角系主成分分析
 ○大森 聡¹⁾、測上 壮太郎¹⁾、池口 満徳¹⁾、木寺 詔紀^{1,2)}
 1)横浜市大院・国際総合科学、2)理研・次世代計算科学研究開発プログラム
- 1P-057** ミオグロビン内のリガンド移動に連動したタンパク質の集団運動
 ○西原 泰孝¹⁾、加藤 重樹²⁾、林 重彦²⁾
 1)東大・分生研、2)京大院・理
- 1P-058** 自由エネルギー変分原理とリガンド類似性に基づく結合自由エネルギー予測
 ○南 康智、菊地 武司
 立命大・生命科学・生情
- 1P-059** データベース解析に基づく蛋白質の水和構造予測
 ○松岳 大輔、中迫 雅由
 慶應大・理工・物理
- 1P-060** DNA の柔らかさと水和パターンの塩基配列依存性
 ○米谷 佳晃、藤井 聡²⁾、皿井 明倫²⁾、河野 秀俊、郷 信広
 原子力機構・量子ビーム、2)九州工業大学・情報工学部

- 1P-061** Go モデルを利用したタンパク質のフォールディングシミュレーションと残基間平均距離統計に基づく解析との比較
○杉田 昌岳、菊地 武司
立命大・生命科学・生情
- 1P-062** ブラウン動力学法プログラム *brownian* の様々なサイズのタンパク質を用いた能力評価
○小田 彰史^{1,2)}、高橋 央宜¹⁾、山乙 教之³⁾、広野 修一³⁾
1)東北薬大・薬、2)阪大・蛋白研、3)北里大・薬
- 1P-063** タンパク質の分子動力学シミュレーションにおける平衡化過程の定量的解析
○測上 壮太郎¹⁾、成富 佑輔¹⁾、池口 満徳¹⁾、木寺 詔紀^{1,2)}
1)横浜市大院・国際総合科学、2)理研・次世代計算科学
- 1P-064** タンパク質の平衡揺らぎの独立成分分析
○成富 佑輔¹⁾、測上 壮太郎¹⁾、池口 満徳¹⁾、木寺 詔紀^{1,2)}
1)横浜市大・国際総合・生体超分子、2)理研・次世代計算科学研究開発プログラム
- 1P-065** 分子動力学計算及び X 線小角散乱を用いた、好熱菌 F₁-ATPase εサブユニットの ATP 結合に伴う構造変化の研究
○笠口 友隆¹⁾、山田 康之²⁾、伊藤 和輝³⁾、橋本 博¹⁾、雲財 悟¹⁾、佐藤 衛¹⁾、池口 満徳¹⁾
1)横浜市大院・国際総合科学、2)立教大・理・生命理学、3)理研・SPRING-8
- 1P-066** 多剤排出トランスポーター AcrB の分子動力学シミュレーションによる解析
○山根 努、池口 満徳
横浜市大院・国際総合
- 1P-067** 軟体動物筋肉アクチンの構造上の特徴
○落合 芳博、王 国峰、渡部 終五
東大院・農生・水圏
- 1P-068** 蛋白質のデコイ構造識別関数 DFMAC の拡張
○牧野 祥嗣、伊藤 伸哉
富山県大・工・生物工
- 1P-069** 二次構造におけるアミノ酸の出現頻度のフォールド依存性
○藤原 和夫¹⁾、戸田 弘美²⁾、池口 雅道¹⁾
1)創価大・工・生命情報、2)名大院・情報科学

機能解析 1P-070～1P-094

- 1P-070*** マウステロメア 1 本鎖 DNA 結合蛋白質 Pot1 のテロメア 1 本鎖 DNA 結合ドメインと 4 本鎖 DNA 構造との相互作用解析
○金田 薫、古海 靖子、鳥越 秀峰
東理大・理
- 1P-071*** 出芽酵母テロメア結合蛋白質 Cdc13 と Est1 の相互作用解析
○堀尾 裕人、並木 潤子、鳥越 秀峰
東理大・理
- 1P-072*** *Thermus thermophilus* HB8 由来 3'-5' exonuclease TTHB178 の分子機能解析
○島田 敦広¹⁾、中川 紀子^{1,2)}、増井 良治^{1,2)}、倉光 成紀^{1,2)}
1)阪大・院理・生物科学、2)理研・播磨研

- 1P-073*** 高度好熱菌由来 DNA ポリメラーゼ X の 3'-5' エキソヌクレアーゼ活性には POLXc, PHP 両方のドメインが必要である
○中根 修平¹⁾、中川 紀子^{1,2)}、増井 良治^{1,2)}、倉光 成紀^{1,2)}
1) 阪大・院理、2) 理研・播磨研
- 1P-074*** 新奇特異性をもつヌクレオシドキナーゼの構造機能解析
○友池 史明¹⁾、中川 紀子^{2,3)}、増井 良治^{2,3)}、倉光 成紀^{1,2,3)}
1) 阪大院・生命機能、2) 阪大・院理・生物科学、3) 理研・播磨研
- 1P-075*** 超好熱性アーキア *Pyrococcus furiosus* における XPB 様タンパク質の生化学的機能解析
○田畑 健一郎¹⁾、吉用 武弘¹⁾、岩井 成憲²⁾、石野 園子¹⁾、石野 良純¹⁾
1) 九大院・農、2) 阪大院・基礎工
- 1P-076*** 核輸送因子による転写因子の選択的輸送機構に関する構造生物学的考察
○山岸 良介¹⁾、安原 徳子²⁾、米田 悦啓^{2,3)}、金子 寛生¹⁾
1) 日大・総合基礎科学・相関理化学、2) 阪大・医・生化学、3) 阪大・生命機能研・細胞ネットワーク
- 1P-077*** endo-1,3-β-glucanase の構造や機能における触媒残基と Ca²⁺ の役割
○田邊 陽一¹⁾、三上 文三²⁾、水野 稔久³⁾、田中 俊樹³⁾、織田 昌幸¹⁾
1) 京都府大・院生命環境科学、2) 京都大・院農、3) 名工大・院工
- 1P-078*** 南極産好冷細菌 *Pseudoalteromonas* sp. AS-131 由来グルコース 6-リン酸デヒドロゲナーゼの低温に適應した性質
○山口 真須美、加藤田 麻衣、本島 浩之、渡邊 啓一
佐賀大・農・生命機能
- 1P-079*** トリプトファン蛍光を用いた subtilisin Carlsberg の β 8-9 間ターンにおける局所的ゆらぎ解析のための W112F/Y208W/P209G 変異体
○淵田 直樹¹⁾、熊井 洋平²⁾、近藤 明香²⁾、有田 沙織²⁾、本島 浩之²⁾、渡邊 啓一²⁾
1) 鹿大院・連農、2) 佐賀大・農・生命機能
- 1P-080*** ラットキサンチン脱水素酵素における機能的 CH…O 水素結合の存在
○川口 裕子、西野 朋子、松村 智裕、岡本 研、西野 武士
日医大・生化・分生
- 1P-081*** 疎水性低分子に対するヒトリポカリン型プロスタグランジン D 合成酵素の結合親和性
○久米 慧嗣¹⁾、宮本 優也^{1,2)}、福原 彩乃¹⁾、西村 重徳¹⁾、乾 隆¹⁾
1) 大府大・生命環境・応生、2) 日本学術振興会特別研究員 DC
- 1P-082*** インドールによるサルモネラ異物排出トランスポーター AcrAB 誘導に關与する RamA および RamR の解析
○城阪 郁江^{1,2,3)}、二階堂 英司^{1,2,3)}、中島 良介²⁾、山口 明人^{2,3)}、西野 邦彦^{1,4)}
1) 阪大産研・感染制御学、2) 阪大産研・生態情報制御学、3) 阪大院薬・細胞生物学、4) JST・さきがけ
- 1P-083*** ヒト腸内細菌由来 Arylsulfate sulfotransferase の構造活性相関
○安達 瑠美¹⁾、寺本 岳大¹⁾、吉成 浩一²⁾、木村 誠^{1,3)}、角田 佳充^{1,3)}
1) 九大院・システム生命、2) 東北大院・薬、3) 九大院・農
- 1P-084*** 黄色ブドウ球菌膜表面由来機能未知蛋白質 EbpS の機能解析
○中木戸 誠¹⁾、田中 良和²⁾、工藤 基徳¹⁾、相川 知宏³⁾、森 宏員³⁾、中川 一路³⁾、津本 浩平¹⁾
1) 東大院・新領域・メディカルゲノム、2) 北大・創成、3) 東大・医科研
- 1P-085*** 脳内グロビン蛋白質「ニューログロビン」の新規機能の探索
○渡邊 征爾¹⁾、若杉 桂輔^{1,2)}
1) 東大・総合文化・生命環境、2) 科技機構・さきがけ

- 1P-086*** マウス α -defensin, cryptdin-4のジスルフィド結合が殺菌活性に及ぼす影響
○増田 晃士¹⁾、坂井 直樹^{1,2)}、綾部 時芳^{1,2)}
1) 北大院・生命、2) 北大院・先端生命
- 1P-087** リポ蛋白質特異的シャペロン LolA 変異体発現による増殖阻害とエンベロープストレス応答の誘導
埜 和之¹⁾、渡辺 祥司²⁾、成田 新一郎³⁾、○徳田 元³⁾
1) 東大・RI センター、2) 理研、3) 東大・分生研
- 1P-088** シトクロム c の成熟化におけるヘムシャペロン蛋白質-CcmE-の役割
○内田 毅、川村 領樹、石森 浩一郎
北大・院理
- 1P-089** 大腸菌シャペロニン GroEL のランダム円順列変異
○溝端 知宏^{1,2)}、植村 達也¹⁾、平山 卓磨²⁾、本郷 邦広^{1,2)}、河田 康志^{1,2)}
1) 鳥大院・医・機能再生、2) 鳥大院・工・生物
- 1P-090** 大腸菌 AAA⁺ シャペロン ClpX による細胞分裂関連タンパク質 FtsZ のリモデリング
○杉本 真也¹⁾、和地 正明²⁾、小椋 光¹⁾
1) 熊本大・発生研・細胞複製、2) 東工大・生命理工
- 1P-091** 大腸菌 yodA の lipocalin 機能に対する Trp 残基の寄与の検討
青木 拓¹⁾、前村 知美²⁾、半野 由依子²⁾、酒井 勇太²⁾、伊藤 寛人²⁾、柴垣 明佳¹⁾、○佐藤 高則^{1,2)}
1) 徳島大院・人間・自然環境・生物化学、2) 徳島大・総合科学・生物化学
- 1P-092** 複雑な膜組み込み中間体が示す小胞体トランスロコンの柔軟性
○木田 祐一郎、久米 千智、平野 真希、阪口 雅郎
兵庫県大・院・生命理
- 1P-093** 小胞体トランスロコンにおいて膜貫通配列が駆動するポリペプチド鎖膜透過
木田 祐一郎、森本 富美子、○阪口 雅郎
兵庫県大・院・生命理
- 1P-094** 神経細胞における核内移行情報伝達分子の検索とその分子機能解析
○福本 昌宏¹⁾、関元 敏博²⁾、米田 悦啓^{1,2)}
1) 大阪大・生命機能・細胞ネットワーク、2) 大阪大・院医・生化

物性・フォールディング 1P-095～1P-116

- 1P-095*** レプリカ交換 MD によるポリグルタミンタンパクの構造解析
○中野 美紀¹⁾、渡邊 博文^{2,3)}、田中 成典^{2,3)}
1) 神戸大院・人間発達環境、2) 神戸大院工、3) 科学技術振興機構
- 1P-096*** 全原子モデルと粗視化モデルを併用した生体高分子系における効率的自由エネルギー計算手法の開発
○原田 隆平¹⁾、北尾 彰朗^{2,3)}
1) 東大・院理・物理、2) 東京大学分子細胞生物学研究所、3) 科学技術振興機構
- 1P-097*** カルモジュリンの構造変化：構造予測の手法及び MD シミュレーションを相補的に用いた研究
○南 慎太郎、千見寺 浄慈
名大・工

- 1P-098*** 蛋白質分子の水和水の構造・熱力学と動力学特性の解析 I
○新保 雄大、藤井 淳平、関 安孝、曾田 邦嗣
長岡技科大・生物系
- 1P-099*** 膜タンパク質とコレステロールが生態膜に及ぼす影響の分子動力学解析
○藤田 直也、石田 貴士、木下 賢吾
東大・医科研
- 1P-100*** 超遠心分析によるバイオ医薬品の分散度解析
○クラユヒナ エレナ、野田 勝紀、中尾 隆人、内山 進、松永 幸大、福井 希一
大阪大・院・工
- 1P-101*** ジスルフィド架橋アミロイドβタンパク質ダイマーを用いたアミロイド線維形成機構の解明
○山口 貴宏、松崎 勝巳、星野 大
京大院薬
- 1P-102*** β₂-ミクログロブリンが形成するアミロイド線維の溶液 NMR による運動性の解析
○吉村 優一¹⁾、櫻井 一正¹⁾、茶谷 絵理^{1,2)}、亀田 篤司¹⁾、池上 貴久¹⁾、内木 宏延³⁾、後藤 祐児¹⁾
1) 阪大・蛋白研、2) 立命館・薬、3) 福井大・医
- 1P-103*** 抗体 L 鎖可変部 W11 のアミロイド線維形成における His 残基の影響
○三島 朋徳¹⁾、大栗 誉敏¹⁾、門司 晃²⁾、金丸 孝昭³⁾、阿部 義人¹⁾、植田 正¹⁾
1) 九大院・薬、2) 九大院・医、3) 九大病院・中央形態分析室
- 1P-104*** アルギニンと両親媒性高分子を併用するリゾチームの熱凝集抑制
○富田 峻介¹⁾、平野 篤¹⁾、長崎 幸夫²⁾、白木 賢太郎¹⁾
1) 筑波大院・数理物質・電子物理、2) 筑波大院・数理物質・物性分子
- 1P-105*** 低分子阻害剤修飾部分配列ペプチドによる標的蛋白質選択的なアミロイド線維形成の抑制
○小林 夏季、金 志勲、原田 龍一、池袋 一典、早出 広司
東京農工大・院工・生命工
- 1P-106*** 膜電位感受性色素を用いたアミロイド形成蛋白質の新規細胞毒性評価バイオセンシングシステムの開発
○金 志勲、原田 龍一、小林 夏季、池袋 一典、早出 広司
東京農工大・工院・生命工
- 1P-107*** 蛍光偏光解消法を用いたα-シヌクレインオリゴマーの検出
○原田 龍一、金 志勲、小林 夏季、池袋 一典、早出 広司
東京農工大・工院・生命工
- 1P-108*** リボヌクレアーゼ A の酸化的リフォールディング過程における4つの鍵中間体の熱力学的安定性
○荒井 堅太、熊倉 史雄、岩岡 道夫
東海大・理・化
- 1P-109*** 円偏光二色性分光法を用いたヒトリポカリン型プロスタグランジン D 合成酵素の熱変性過程の解析
○猿渡 馨¹⁾、西村 重徳¹⁾、宮本 優也^{1,2)}、福原 彩乃¹⁾、乾 隆¹⁾
1) 大府大・院・生命環境・応用生命、2) 日本学術振興会特別研究員 DC
- 1P-110** ヒトリポカリン型プロスタグランジン D 合成酵素の熱変性過程の解析
○飯田 津喜美¹⁾、宮本 優也²⁾、深田 はるみ²⁾、田中 晶善³⁾、裏出 良博⁴⁾、乾 隆²⁾
1) 三重短大・食物栄養、2) 大府大院・生命環境科学、3) 三重大・生物資源、4) 大阪バイオ研・分子行動生物
- 1P-111*** 酸性条件下で誘導される特殊な抗体分子種の性質
○畠中 孝彰、伊東 祐二、坂本 孝太郎、梶 幸也香、杉村 和久
鹿児島大・工・生体工

- 1P-112*** タンパク質を用いたカーボンナノチューブ分散の制御
 ○平野 篤¹⁾、前田 優^{2,3)}、赤阪 健⁴⁾、白木 賢太郎¹⁾
 1)筑波大・数理物質・電子物理、2)東京学芸大・教育・自然科学、3)PRESTO-JST、4)筑波大・TARA
- 1P-113** タンパク質の分子運動におけるシミュレーションボックスサイズと水モデルの影響
 ○竹村 和浩^{1,2)}、北尾 彰朗^{1,3)}
 1)東大・分生研、2)分子研、3)JST, CREST
- 1P-114** 立体構造形成メカニズムの解明を目指したアラニンスキャンフォールディングシミュレーション
 ○寺田 透
 理研・次世代・分子スケール
- 1P-115** マルチカノニカルレプリカ交換分子動力学法によるピリンヘッドピースサブドメイン HP36 の折れ畳みシミュレーション
 ○依田 隆夫¹⁾、杉田 有治²⁾、岡本 祐幸³⁾
 1)長浜バイオ大・バイオサイエンス、2)理研・基幹研、3)名大・理
- 1P-116** 多変数拡張アンサンブル法によるペプチド系のシミュレーション
 ○光武 亜代理¹⁾、岡本 祐幸²⁾
 1)慶大・理工・物理、2)名大・物理

プロテオーム・蛋白質工学 1P-117～1P-140

- 1P-117** ヘムを結合しないグロビンフォールド蛋白質を利用した新規ヘム蛋白質のデザイン
 ○磯貝 泰弘¹⁾、石田 学²⁾
 1)富山県大・工・生物、2)東葉大・生命
- 1P-118** フォスタグ電気泳動法を用いた細菌2成分情報伝達系におけるリン酸化ヒスチジンおよびリン酸化アスパラギン酸蛋白質異性体の同時定量解析
 ○木下 英司¹⁾、木下 恵美子¹⁾、中村 寛夫^{2,3)}、城 宜嗣²⁾、小池 透¹⁾
 1)広島大院・医歯薬学総合、2)理研播磨研、3)横浜市大院、国際総合
- 1P-119** リン酸基アフィニティービーズ "Phos-tag Toyopearl" を用いたリン酸化プロテオーム解析における前処理技術の開発
 ○山田 篤志¹⁾、木下 英司²⁾、木下 恵美子²⁾、小池 透²⁾
 1)マナック(株)、2)広島大院、医歯薬学総合
- 1P-120** ホタルルシフェラーゼ変異体を用いた新規な蛋白質間相互作用検出系の構築
 木村 葵¹⁾、伊原 正喜²⁾、○上田 宏^{1,2)}
 1)東大・院工・化生、2)東大・院工・バイオエンジニア
- 1P-121** オープンサンドイッチ法によるビメンチンセリンリン酸化の検出
 ○北岡 優一¹⁾、大室(松山) 有紀^{2,3)}、達 吉郎⁴⁾、原 裕子⁵⁾、伊原 正喜⁵⁾、稲垣 昌樹²⁾、上田 宏^{1,5)}
 1)東大・院工・化生、2)愛知県がんセンタ研、3)がん研究振興財団、4)産総研・セルエンジニア、5)東大・院工・バイオエンジニア
- 1P-122** iTRAQ™と多重/縮重ペプチドライブラリーを用いた基質配列特異性の新しい網羅的定量解析法
 小山 傑^{1,2)}、○小野 弥子¹⁾、北村 ふじ子¹⁾、土井 奈穂子¹⁾、上野 美佳¹⁾、秦 勝志¹⁾、反町 洋之^{1,3)}
 1)都臨床研・カルパイン、2)東大・農・農生科、3)CREST, JST

- 1P-123** 開始コドンの拡張による種々の蛍光標識カルボン酸のタンパク質 N 末端への導入
○三浦 将典、芳坂 貴弘
北陸先端大・マテリアルサイエンス
- 1P-124** 直前アミノ酸配列の最適化による蛍光標識アミノ酸のタンパク質 C 末端への導入
○徳田 安則、白神 かおり、芳坂 貴弘
北陸先端大・マテリアルサイエンス
- 1P-125** 4塩基コドンを用いた PEG 化非天然アミノ酸のタンパク質への部位特異的導入
○聖前 直樹、芳坂 貴弘
北陸先端大・マテリアルサイエンス
- 1P-126** プロテオーム研究におけるアミノ酸組成分析を利用したタンパク質同定
○荒木 朋洋¹⁾、加藤 一幸²⁾、浜平 義人²⁾、門田 善太郎²⁾
1)東海大・農・バイオ、2)日立ハイテクフィールドディング
- 1P-127** ヘリックスループヘリックスペプチドライブラリーを用いた RANKL 結合ペプチドの探索
○齋藤 理恵、円谷 健、藤井 郁雄
大府大院・理
- 1P-128** 特異的な分解酵素を用いた D-アスパラギン酸含有蛋白質のスクリーニング法の開発
○木野内 忠稔¹⁾、加藤 くみ子²⁾、藤井 紀子¹⁾
1)京大・原子炉実験所、2)国立医薬品食品衛生研・薬品部
- 1P-129** 共発現を利用したペプチド大量発現技術の開発
○相沢 智康¹⁾、富澤 聡¹⁾、神谷 昌克²⁾、出村 誠²⁾、河野 敬一¹⁾
1)北大・院理・生命理学、2)北大・院生命・生命情報分子科学
- 1P-130** 可逆的変性カチオン化法を用いた細胞内導入型転写因子の開発
○二見 淳一郎、浅間 孝志、山田 秀徳
岡山大・工・生物機能
- 1P-131** ヒト D 型肝炎ウイルス形成メカニズムを利用した HBsAg 粒子内部への機能蛋白質封入法
栗木 政徳、小坂 恵、二見 淳一郎、山田 秀徳、妹尾 昌治、○多田 宏子
岡大院・自然科学
- 1P-132** 核内受容体 PPAR delta と相互作用する因子の網羅的な解析
○橋 敬祐¹⁾、谷本 恵一¹⁾、秋山 恵麻¹⁾、後藤 英子¹⁾、山崎 大典^{1,2)}、石本 憲司^{1,3)}、太期 健二⁴⁾、川村 猛⁴⁾、田中 十志也⁴⁾、酒井 寿郎⁴⁾、浜窪 隆雄⁴⁾、児玉 龍彦⁴⁾、土井 健史^{1,2,3)}
1)阪大院・薬、2)阪大・臨床医工学、3)阪大院・医、4)東大院・先端研
- 1P-133** 大腸菌由来 CutA1 へのイオン性残基導入による熱安定性の変化
○松浦 祥悟¹⁾、竹平 美千代¹⁾、George Makhatadze²⁾、Bagautdinov Bagautdin¹⁾、国島 直樹¹⁾、油谷 克英¹⁾
1)理研播磨研、2)Rensselaer Polytec. Inst
- 1P-134** *P. chrysosporium* UAMH 3641 株由来組換えリグニン分解ペルオキシダーゼのキャラクタライゼーション
○石田 学¹⁾、仙波 康之¹⁾、其木 茂則²⁾、山岸 明彦¹⁾
1)東薬大・生命科学・分子生命科学、2)麻布大・環境科学・生命環境科学
- 1P-135** 100℃を超える温度でも安定な天然および人工タンパク質の熱変性解析
○赤沼 哲史、富士田 彩子、金城 健太、上野 絵美、松葉 拓、根本 直樹、山岸 明彦
東薬大・生命・分子生命

- 1P-136** 構造変化を伴う金属イオン結合 α -ヘリカルコイルドコイル蛋白質の設計と機能評価
大草 宏一¹⁾、○水野 稔久¹⁾、田邊 陽一²⁾、坪井 茉奈³⁾、柏田 歩³⁾、織田 昌幸²⁾、田中 俊樹¹⁾
1)名工大・院工、2)京都府大・院生命環境科学、3)日大・生産工
- 1P-137** 大腸菌発現系におけるタンパク質発現・可溶化に関連している要因の解析
○廣瀬 修一¹⁾、横田 恭宣¹⁾、五島 直樹²⁾、河村 義史²⁾、夏目 徹²⁾、小宮 和雄³⁾、堤 剛³⁾、
諏訪 頼正³⁾、磯貝 隆夫³⁾、野口 保¹⁾
1)産総研・CBRC、2)産総研・BIRC、3)リバーズ・プロテオミクス研究所
- 1P-138** 好塩菌と好塩性酵素を用いた異種蛋白質発現系の開発
山口 類¹⁾、徳永 廣子¹⁾、石橋 松二郎¹⁾、荒川 力²⁾、○徳永 正雄¹⁾
1)鹿児島大・農・生資化、2)アライアンス・プロテイン・ラボ
- 1P-139** 高度好熱菌 *Thermus thermophilus* における FLAG タグシステムの利用に関する研究
○玉腰 雅忠、鹿島 絢子、早川 豪人、山岸 明彦
東葉大・生命
- 1P-140** 金属イオン誘導性 DNA 結合タンパク質の認識配列による影響
○村瀬 茂雄¹⁾、山本 慶隆²⁾、桜井 博²⁾、田中 俊樹¹⁾
1)名工大院・工・物質工、2)金沢大院・医・保健

蛋白質構造 2P-001～2P-054

2P-001* 新規腎炎治療薬創出へのX線結晶構造解析:CK2 α アイソフォーム間の1アミノ酸残基の差を狙った選択性獲得への挑戦

○関口 雄介¹⁾、木下 誉富¹⁾、仲庭 哲津子¹⁾、仲西 功²⁾、村田 克美³⁾、北浦 和夫³⁾、宮崎 貴子³⁾、平澤 明³⁾、辻本 豪三³⁾、多田 俊治¹⁾

1)大阪府大・院理・生物、2)近大・薬、3)京大・院薬

2P-002* プロウログアニリンの発現、精製、そして結晶化条件の検討

○山崎 悠平¹⁾、奥村 正樹¹⁾、小西 宏典²⁾、伊藤 廉¹⁾、山口 宏¹⁾、日高 雄二²⁾

1)関学大・理工・化学、2)近畿大・理工・生命

2P-003* 高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8由来の methionine aminopeptidase アポ型酵素の結晶構造解析

○安藤 孝記、橋本 浩一、養王田 正文、尾高 雅文

農工大・院工・生命工

2P-004* *Entamoeba histolytica* 由来メチオニン γ -リアーゼ1と2のX線結晶構造解析

○唐木 剛¹⁾、村野 祥子¹⁾、亀井 加恵子¹⁾、佐藤 暖^{2,3)}、野崎 智義⁴⁾、原田 繁春¹⁾

1)京工織大院・工科・応生、2)慶應大・医・医化、3)慶應大・先端生命研、4)感染研

2P-005* 新規 C=N 結合加水分解酵素 Hydrazone Dehydrogenase の構造解析

○池田 智¹⁾、佐々木 康幸¹⁾、谷山 浩将²⁾、高谷 直樹²⁾、矢嶋 俊介¹⁾

1)東農大・応生、2)筑波大院・生命環境

2P-006* レグインスリン結合タンパク質の結晶構造

○吉澤 拓也¹⁾、橋本 博¹⁾、雲財 悟¹⁾、西内 祐二²⁾、平野 久¹⁾、清水 敏之¹⁾、佐藤 衛¹⁾

1)横浜市大・国際総合・生体超分子、2)ペプチド研究所

2P-007* 立体構造エpiteープを認識する抗体の抗原結合速度

北井 麻希¹⁾、○丸岡 麻美¹⁾、村上 明一²⁾、西村 深雪²⁾、大栗 誉敏³⁾、阿部 義人³⁾、植田 正³⁾、中村 春木⁴⁾、東 隆親²⁾、織田 昌幸¹⁾

1)京都府大・院生命環境科学、2)東京理大・生命研、3)九大・院薬、4)阪大・蛋白研

2P-008* 鶏卵白アルブミンのS型(熱安定型)への転換におけるS-S結合の役割

○石丸 隆行、田中 美穂、松富 直利

山口大・農・生物機能

2P-009* ErbB2/Neu 膜貫通-細胞質内膜近傍部位(647-693)の機能構造解析

○松下 千紘¹⁾、佐藤 毅¹⁾、玉垣 裕子¹⁾、スミス スティーブ²⁾、相本 三郎¹⁾

1)阪大・蛋白研、2)ストーニーブルック大

2P-010* プリオン蛋白質の可溶性オリゴマーの蛍光相関分光法による解析

○坂田 啓司¹⁾、堀内 基広²⁾、金城 政孝¹⁾

1)北大・先端生命・細胞機能、2)北大・獣医・プリオン病

2P-011* ヒト由来アミロイド前駆体タンパク質細胞外領域 S-APP- α の発現、精製

○松岡 篤¹⁾、山下 智章²⁾、伊藤 廉¹⁾、奥村 正樹¹⁾、日高 雄二²⁾、山口 宏¹⁾、新延 道夫³⁾

1)関学・理工・化学、2)近畿大・理工・生命、3)大阪大・蛋白研

- 2P-012*** アミロイドベータペプチド(A β)の蓄積機構に関する構造生物学的研究
○岩本 成人¹⁾、斉藤 貴志²⁾、河野 俊之³⁾、西道 隆臣²⁾、寺沢 宏明¹⁾
1)熊本大・院・医薬、2)理研・BSI、3)三菱化学・生命研
- 2P-013*** 微小管切断 AAA タンパク質 spastin の線虫ホモログ SPAS-1 の微小管結合ドメインの構造解析
○松下(石躍) 由佳¹⁾、吉永 壮佐²⁾、山中 邦俊¹⁾、小椋 光¹⁾、寺沢 宏明²⁾
1)熊本大・発生研・細胞複製、2)熊本大・院医薬
- 2P-014*** リポカリン型プロスタグランジン D 合成酵素のリガンド認識機構
○島本 茂^{1,2)}、圓尾 廣子¹⁾、吉田 卓也¹⁾、乾 隆^{3,4)}、宮本 優也^{2,3)}、小林 祐次⁵⁾、藤森 功^{4,5)}、
鶴村 俊治⁴⁾、有竹 浩介⁴⁾、裏出 良博⁴⁾、大久保 忠恭¹⁾
1)阪大・院・薬、2)(独)学振特別研究員 DC、3)阪府大・院・生命、4)大阪バイオサイエンス研究所、
5)大薬大
- 2P-015*** タイワンカブトムシ(*Oryctes rhinoceros*)由来オリクチンの溶液 NMR 構造解析・機能解析
○堀田 彰一郎¹⁾、石橋 純²⁾、山川 稔^{2,3)}、永田 宏次¹⁾、田之倉 優¹⁾
1)東大院・農生化、2)生物研・生体防御、3)筑波大院・生命環境科学
- 2P-016*** NMR に基づくマウス由来ペプチド性フェロモン ESP4 の立体構造解析
○谷口 雅浩¹⁾、吉永 壮佐¹⁾、はが 紗智子²⁾、東原 和成²⁾、寺沢 宏明¹⁾
1)熊本大・院・医薬、2)東大・院・新領域
- 2P-017*** ケモカイン受容体の細胞内シグナル伝達機構に関する構造生物学的研究
○江崎 芳¹⁾、本多 美由紀¹⁾、吉永 壮佐¹⁾、荒木 令江¹⁾、河野 俊之²⁾、寺島 裕也^{3,4)}、遠田 悦子⁴⁾、
松島 綱治⁴⁾、寺沢 宏明¹⁾
1)熊本大・院・医薬、2)三菱化学・生命研、3)東大・院・医、4)ECI
- 2P-018*** ケモカインシグナルを伝達する細胞内因子 FROUNT の構造生物学的研究
○藪田 晃弘¹⁾、江崎 芳¹⁾、吉永 壮佐¹⁾、嶋田 一夫²⁾、寺島 裕也^{3,4)}、遠田 悦子³⁾、松島 綱治³⁾、
寺沢 宏明¹⁾
1)熊本大・院・医薬、2)東大・院・薬、3)東大・院・医、4)ECI
- 2P-019*** 分裂酵母の相同組換えに機能する Swi5 と Sfr1 の溶液構造解析
○小甲 裕一、笠口 友隆、村山 泰斗、桑原 直之、山根 努、橋本 博、雲財 悟、清水 敏之、
岩崎 博史、池口 満徳
横浜市大院・国際総合科学
- 2P-020*** マルチカノニカル分子動力学シミュレーションによる 57 残基蛋白質の天然構造の再現
○池部 仁善¹⁾、肥後 順一²⁾、中村 春木³⁾
1)阪大院・生命機能、2)阪大・MEI センター、3)阪大・蛋白研
- 2P-021*** シミュレーションとデータベース検索によるヒトラミン活性発現のために重要な立体構造の検討
○梅澤 公二¹⁾、池部 仁善¹⁾、野水 基義²⁾、中村 春木³⁾、肥後 順一⁴⁾
1)阪大・生命機能、2)東薬大・薬学、3)阪大・蛋白研、4)阪大・MEI センター
- 2P-022*** ミオシンの動的構造に対するヌクレオチドの影響
○佐藤 昂人、高野 光則
早大・先進研・物理及応物専攻
- 2P-023** 機能未知であるヒト一回膜貫通型タンパク質の C 末ドメインの立体構造に基づく機能予測
石田 智愛¹⁾、○中村 照也¹⁾、新堀 晶子¹⁾、池水 信二¹⁾、甲斐 広文¹⁾、谷 時雄²⁾、山縣 ゆり子¹⁾
1)熊本大・院・薬、2)熊本大・院・自然科学

2P-024 インターロイキン23のX線結晶構造解析

○池鯉鮒 麻美、林 千陽、中村 照也、山縣 ゆり子、池水 信二
熊大・院・薬

2P-025 ヒト由来ニカストリン細胞外ドメインの構造生物学的研究

○長江 雅倫¹⁾、九山 浩樹²⁾、北尾 公英¹⁾、西村 紀²⁾、岩坪 威³⁾、富田 泰輔³⁾、高木 淳一¹⁾
1)阪大・蛋白研・プロテオミクス、2)阪大・蛋白研、3)東大・薬学研究科

2P-026 中性子構造解析を目的とした変異体 human c-Jun N-terminal kinase の結晶調製法の探索

○仲庭 哲津子¹⁾、井上 達矢¹⁾、木下 誉富¹⁾、多田 俊治¹⁾、安達 基泰²⁾、玉田 太郎²⁾、黒木 良太²⁾
1)阪府大院・理、2)原子力機構・量子ビーム

2P-027 N-WASP の多量体化形成機構と蛋白質精製

○廣瀬 まゆみ¹⁾、末次 志郎²⁾、岡田 雅人⁴⁾、竹縄 忠臣³⁾、中川 敦史¹⁾
1)阪大・蛋白研、2)東大・分生研、3)神大・医、4)阪大・微研

2P-028 ADAMTS13の部分結晶構造と von Willebrand 因子認識・切断機構

○武田 壮一¹⁾、秋山 正志¹⁾、小亀 浩市¹⁾、高木 淳一²⁾、宮田 敏行¹⁾
1)国橋セ・研、2)阪大・蛋白研

2P-029 細胞接着装置ネクチンの大量発現条件の検討と結晶化条件の探索

○成田 宏隆¹⁾、中川 敦史¹⁾、岩崎 憲治¹⁾、匂坂 敏朗²⁾、高井 義美²⁾、鈴木 守¹⁾
1)阪大・蛋白研、2)神戸大・院・医

2P-030 プロテアソーム結合タンパク質 Rpn14のX線結晶構造解析

○金 相佑¹⁾、佐伯 泰²⁾、鈴木 淳巨³⁾、高木 賢治³⁾、山根 隆³⁾、田中 啓二²⁾、加藤 晃一^{1,4)}、
水島 恒裕¹⁾
1)名市大・院薬、2)臨床研・先端センター、3)名大・院工、4)岡崎統合バイオセンター

2P-031 脱ユビキチン化酵素 UCH37の結晶学的研究

○西尾 和也¹⁾、佐伯 泰²⁾、水島 恒裕³⁾、河合 健太郎⁴⁾、金 相佑³⁾、山根 隆⁴⁾、濱崎 純^{3,5)}、
村田 茂穂³⁾、加藤 晃一³⁾、田中 啓二²⁾、森本 幸生¹⁾
1)京都大学・原子炉実験所(京大炉)、2)京大炉、3)臨床研、4)名市大薬、5)名大工、6)東大薬

2P-032 ユビキチン E3リガーゼ Cbl ファミリーの標的分子認識の特異性

○竹下 浩平¹⁾、手塚 徹²⁾、野村 さつき¹⁾、山下 栄樹¹⁾、鈴木 守¹⁾、中川 敦史¹⁾
1)阪大・蛋白研・超分子、2)東大・医科研・腫瘍抑制

2P-033 ヒト CIA-DBD 複合体のX線結晶構造解析

○赤井 祐介^{1,4)}、安達 成彦²⁾、夏目 亮²⁾、工藤 紀雄¹⁾、田之倉 優¹⁾、堀越 正美³⁾、千田 俊哉⁴⁾
1)東大院・農・応生化、2)バイオ産業情報化コンソーシアム、3)東大・分生研、
4)産総研・バイオメディカル情報研究センター

2P-034 枯草菌由来ストレス応答タンパク質 RsbP の PAS ドメインのX線結晶構造

○牧野 正知、熊坂 崇
SPring-8/JASRI

2P-035 Tiam2のPHドメインを含む新規細胞膜結合ドメインのX線結晶構造解析

○寺脇 慎一¹⁾、北野 健²⁾、森 智行²⁾、樋口 芳樹³⁾、箱嶋 敏雄²⁾
1)兵庫県立大・生命理学・ピコバイオロジー研究所、2)奈良先端大・情報科学・構造生物、
3)兵庫県立大・生命理学

2P-036 *Sulfolobus tokodaii* 由来ウラシル DNA グリコシラーゼの構造と酵素機能解析

○河合 聡人¹⁾、宮本 秀一¹⁾、角田 大^{2,3)}、中村 和郎²⁾、樋口 成定¹⁾
1)崇城大・薬、2)昭和大・薬、3)いわき明星大・薬

- 2P-037** 超好熱古細菌 *Desulfurococcus amylolyticus* 由来 Flap endonuclease 1 の X 線結晶構造解析
○間瀬 朋子¹⁾、窪田 恵子¹⁾、宮園 健一¹⁾、河原林 裕²⁾、田之倉 優¹⁾
1) 東大・院農・応生化、2) 産業技術総合研究所
- 2P-038** 高度好熱菌由来 ADP リボーススピロリン酸分解酵素: Mg(II) のソーキングにより開始した結晶相反応のその場観察
○神谷 信夫¹⁾、秋吉 由佳里¹⁾、甲斐 健太郎¹⁾、中川 紀子²⁾、倉光 成紀²⁾、宮原 郁子¹⁾
1) 大阪市大・院理、2) 阪大・院理
- 2P-039** tRNA アンチコドンの修飾に関わる酵素 *GidA* において保存されているシステインは 5-カルボキシメチルアミノメチルウリジン生合成に不可欠である
○大澤 拓生¹⁾、伊藤 耕一^{2,3)}、稲永 英子¹⁾、沼田 倫征^{1,3)}
1) 産総研・生物機能、2) 東大・医科研、3) JST・さきがけ
- 2P-040** tRNA 揺らぎ塩基の 5-カルボキシメチルアミノメチル化修飾に関わる酵素 *MnmE* の結晶構造解析
大澤 拓生¹⁾、伊藤 耕一^{2,3)}、稲永 英子¹⁾、○沼田 倫征^{1,3)}
1) 産総研・生物機能、2) 東大・医科研、3) JST・さきがけ
- 2P-041** 超好熱始原菌由来リボース-1,5-ニリン酸イソメラーゼの結晶構造解析
○中村 顕¹⁾、藤橋 雅宏¹⁾、西場 洋介¹⁾、吉田 昭介²⁾、矢野 歩²⁾、跡見 晴幸²⁾、今中 忠行^{2,3)}、三木 邦夫¹⁾
1) 京大・院理・化学、2) 京大・院工・合成/生物化学、3) 立命館大・生命科学・生物工学
- 2P-042** *EcoO109I* メチルトランスフェラーゼの DNA 認識に関する構造基盤
○菱木 麻美¹⁾、橋本 博¹⁾、岩本 真¹⁾、島田 隆史¹⁾、今崎 剛¹⁾、喜多 恵子²⁾、清水 敏之¹⁾、佐藤 衛¹⁾
1) 横浜市大院・国際総合科学・生体超分子科学、2) 京大院・農・応生科
- 2P-043** 中度好塩菌 *Halomonas* sp. 593 株由来ヌクレオシドニリン酸キナーゼの新規会合構造決定と 1 アミノ酸置換による会合構造変化
○米澤 悌¹⁾、岡崎 伸生¹⁾、新井 栄輝¹⁾、玉田 太郎¹⁾、徳永 廣子²⁾、石橋 松二郎²⁾、徳永 正雄²⁾、黒木 良太¹⁾
1) 日本原子力研究開発機構・量子ビーム応用研究部門、2) 鹿児島大学・農学部・生物資源化学科
- 2P-044** *RecQ* に関連する古細菌由来 *Hjm* ヘリカーゼの結晶構造とその機能
○大山 拓次¹⁾、真柳 浩太²⁾、白井 剛³⁾、藤兼 亮輔⁴⁾、石野 良純⁵⁾、森川 耿右¹⁾
1) 阪大・蛋白研、2) 九大・生医研、3) 長浜バイオ大・バイオサイエンス、4) パリ南大・遺伝学微生物学研、5) 九大・農
- 2P-045** DNA ligase-PCNA-DNA 複合体の単粒子解析
○真柳 浩太^{1,6)}、清成 信一²⁾、斉藤 美保子^{3,6)}、白井 剛^{3,6)}、石野 良純^{4,6)}、森川 耿右^{5,7)}
1) 九大・生医研、2) イリノイ大学、3) 長浜バイオ大・バイオサイエンス、4) 九大・農、5) 阪大・蛋白研、6) BIRD-JST、7) CREST-JST
- 2P-046** DNA 複製ポリメラーゼの複製⇔校正モード変換の構造基盤
○西田 洋一¹⁾、真柳 浩太²⁾、清成 真一³⁾、石野 良純³⁾、森川 耿右⁴⁾
1) 日立製作所中央研究所、2) 九州大学生体防御医学研究所、3) 九州大学大学院農学研究院、4) 大阪大学蛋白質研究所
- 2P-047** 古細菌 *Methanococcus jannaschii* 由来 TATA ボックス結合因子 (TBP) の立体構造解析
○安達 成彦¹⁾、千田 美紀¹⁾、夏目 亮¹⁾、千田 俊哉²⁾、堀越 正美³⁾
1) JBIC・タンパク質構造情報、2) 産総研・BIRC、3) 東大・分生研
- 2P-048** ARE 結合タンパク質 *HuR* の RNA 認識機構の解明
○居弥口 大介、豊田 栄子
北海道医療大・薬・生命物理科学

2P-049 翻訳終結因子 RF3の構造生物学

○木平 清人¹⁾、沼田 修子²⁾、北村 昌也²⁾、近藤 淳³⁾、寺脇 慎一¹⁾、庄村 康人¹⁾、小森 博文¹⁾、柴田 直樹¹⁾、樋口 芳樹¹⁾

1) 兵庫県生命、2) 阪市大院工化生、3) (株) 田辺三菱製薬

2P-050 イネ黒条萎縮ウイルス由来バイロプラズマタンパク質のX線結晶構造解析

○秋田 総理¹⁾、東浦 彰史²⁾、Pu Yingying¹⁾、清水 巧¹⁾、一木 珠樹¹⁾、笹谷 孝英¹⁾、鈴木 守²⁾、中川 敦史²⁾、大村 敏博¹⁾

1) 中央農研、2) 阪大・蛋白研

2P-051 イネ縞葉枯ウイルス由来タンパク質 P4のX線結晶構造解析とその機能解析

○東浦 彰史¹⁾、篠原 智子¹⁾、秋田 総理²⁾、清水 巧²⁾、一木 珠樹²⁾、鈴木 守¹⁾、笹谷 孝英²⁾、大村 敏博²⁾、中川 敦史¹⁾

1) 阪大・蛋白研、2) 中央農研

2P-052 有害赤潮原因藻ヘテロカプサに感染する海産ウイルス HcRNAV の結晶構造解析に向けたコートタンパク質の発現系の確立

○和田 啓¹⁾、橋川 麻衣¹⁾、外丸 裕司²⁾、長崎 慶三²⁾、福山 恵一¹⁾

1) 阪大・院理・生物、2) 水研セ・瀬戸内水研

2P-053 単結晶中で観測されたアデノシンデアミナーゼの構造変化

○木下 誉富¹⁾、多田 俊治¹⁾、仲西 功²⁾

1) 大阪府大・院理・生物、2) 近大・薬

2P-054 X線結晶構造解析により明らかとなった野生型ニューロセルピンのポリマー化要因

○竹原 清日¹⁾、恩田 真紀²⁾、張 娟²⁾、西山 美香²⁾、高橋 延行¹⁾、山崎 正幸³⁾、三上 文三¹⁾

1) 京大院農・応用生命、2) 大阪府立大・理・生物、3) ケンブリッジ大・医

構造予測・バイオインフォマティクス 2P-055～2P-068

2P-055* リガンド-タンパク質間の結合自由エネルギーに対するマルチフィジクスの計算手法の比較および評価

○千葉 峻太郎¹⁾、野村 淳磨¹⁾、原野 雄一²⁾、木下 正弘³⁾、櫻井 実¹⁾

1) 東工大・バイオセンター、2) 阪大蛋白研、3) 京大エネルギー理工学研

2P-056* 多変量解析によるタンパク質の活性残基予測

○杜 世橋、櫻井 実

東工大・バイオセンター

2P-057* フラグメントアセンブリによるテンプレートを用いた立体構造予測

○澤田 賢吾、千見寺 浄慈

名大・工

2P-058* 仮想水分子を含んだ水素結合ポテンシャルを用いたタンパク質構造の安定性評価

○澤藤 俊平、千見寺 浄慈

名大院・工・計算理工

2P-059 ヒト全タンパク質の未知領域を対象とした構造予測

○富井 健太郎¹⁾、福地 佐斗志²⁾、西川 建³⁾

1) 産総研・CBRC、2) 遺伝研・生命情報、3) 前橋工大・生情

2P-060 ミトコンドリア蛋白質は天然変性領域をもつか?

○細田 和男¹⁾、福地 佐斗志²⁾、西川 建¹⁾

1) 前橋工大・生情、2) 遺伝研・生命情報

- 2P-061** 蛋白質立体構造評価スコアのアミノ酸配列による正規化
○城田 松之^{1,2)}、石田 貴士¹⁾、木下 賢吾^{1,2)}
1)東大・医科研、2)BIRD-JST
- 2P-062** 高等生物由来タンパク質の構造予測パイプラインの開発とヒト22番染色体への適用
○本野 千恵¹⁾、中田 淳一¹⁾、富井 健太郎¹⁾、清水 佳奈¹⁾、小池 亮太郎²⁾、白井 剛³⁾、
木下 賢吾⁴⁾、野口 保¹⁾、太田 元規²⁾
1)産総研・CBRC、2)名大・情報科学、3)長浜バイオ大・バイオサイエンス、4)東大・医科研
- 2P-063** A Comparison of Bicustering Algorithms for Gene Expression Analysis
○ステイーウオーラボン サウンニー^{1,2)}、大林 武²⁾、太田 元規³⁾、木下 賢吾²⁾
1)東工大・院生命理工、2)東大・医科研、3)名大・院情報科学
- 2P-064** 新規抗体構造-配列解析システム *SASab* の構築
○黒田 大祐¹⁾、白井 宏樹³⁾、中村 春木¹⁾
1)阪大・蛋白研、2)阪大・生命機能、3)アステラス製薬・分医研
- 2P-065** 生体高分子 NMR 研究におけるデータ登録の効率化：BMRB 登録サポートシステム “BESS”
○原野 陽子¹⁾、中谷 英一²⁾、小林 直宏¹⁾、中村 春木¹⁾、阿久津 秀雄¹⁾、藤原 敏道¹⁾
1)大阪大学蛋白質研究所、2)科学技術振興機構 -BIRD
- 2P-066** イオンモビリティ質量分析法によるタンパクコンフォーメーション変化のハイスループット測定
Jeffery Mazzeo¹⁾、○廣瀬 賢治²⁾、Weibin Chen¹⁾、Scott Berger¹⁾、John Gebler¹⁾
1)Waters Corporation、2)日本ウォーターズ株式会社
- 2P-067** イオンモビリティ測定による衝突断面積算出への基礎的検討
Kevin Giles¹⁾、○押方 基二²⁾、Jason Wildgoose¹⁾、David Langridge¹⁾
1)Waters Corporation、2)日本ウォーターズ株式会社
- 2P-068** イオンモビリティ質量分析法による抗体フラグメントのトップダウン解析
Asish Chakraborty¹⁾、○吉田 欣史²⁾、Weibin Chen¹⁾、John Gebler¹⁾
1)Waters Corporation、2)日本ウォーターズ株式会社

機能解析 2P-069～2P-095

- 2P-069*** グループII型シャペロニンによるアミロイド線維形成抑制効果
○野井 健太郎¹⁾、北村 文²⁾、平井 秀憲¹⁾、本郷 邦宏^{1,2)}、溝端 知宏^{1,2)}、河田 康志^{1,2)}
1)鳥大院・医・機能再生、2)鳥大院・工・生物応用
- 2P-070*** 超好熱性古細菌由来II型シャペロニンの反応機構の速度論的解析
○中川 あゆみ¹⁾、神前 太郎¹⁾、五十嵐 圭日子²⁾、西野 武士³⁾、養王田 正文¹⁾
1)農工大・院工・生命工、2)東大院・農生科、3)日医大・生化・分生
- 2P-071*** 分裂酵母由来グループII型シャペロニンおよびプレフォルディンの大量発現・精製系の構築
○石田 眞理¹⁾、神前 太郎¹⁾、増田 莉恵¹⁾、東田 英毅²⁾、養王田 正文¹⁾
1)農工大・院工・生命工、2)旭硝子株式会社 ASPEX
- 2P-072*** ミトコンドリア移行シグナル付加 Hsp60 の生理機能解析
○石田 竜一、伊豆原 史子、関根 和宏、大高 慶、久保田 広志、伊藤 英晃
秋大・工資・環物

- 2P-073*** StHsp14.0の効率的な凝集抑制にはC末端のIXI/Vモチーフを介したダイマー間相互作用が重要である
○阿部 哲也¹⁾、岡 俊彦²⁾、中込 篤¹⁾、養王田 正文¹⁾
1)農工大・院工・生命工、2)静岡大・理学・物理
- 2P-074*** ポリアミンおよびアルキルアミン添加による膜タンパク質の可溶化促進
○上垣 眞理¹⁾、安井 一敏¹⁾、白木 賢太郎²⁾、石水 毅¹⁾
1)阪大・院理・化、2)筑波大・院数理物質
- 2P-075*** フラビンタンパク質のFMN結合反応に関する熱力学的・速度論的解析
○高木 利佳子、中西 猛、井上 英夫、北村 昌也
阪市大・院工・化生
- 2P-076*** 質量分析法を用いたタンパク質のHis残基のpKaおよびC₂水素-重水素交換速度の測定
○林 尚佳¹⁾、九山 浩樹²⁾、西村 紀²⁾、綱澤 進²⁾、中島 ちひろ²⁾、宮城 大³⁾、中沢 隆^{1,4)}
1)奈良女大・院、2)阪大・蛋白研、3)Case Western Reserve Univ.、4)奈良女大・理・化
- 2P-077*** in vivo 部位特異的光架橋法を用いたミトコンドリア外膜膜透過装置の解析
○塩田 拓也、間瀬 英、田中 紗千子、山野 晃史、遠藤 斗志也
名大・院・理
- 2P-078*** T細胞レセプターのHIV抗原変異に対する交差反応性
○本園 千尋¹⁾、谷中 冴子²⁾、津本 浩平²⁾、滝口 雅文¹⁾、上野 貴将¹⁾
1)熊大・エイズ学研究センター・ウイルス制御分野、2)東大・院・新領域
- 2P-079*** トランスサイレチンGlu54変異体タンパク質の安定性およびサイロキシン結合解析
○宮田 将徳¹⁾、佐藤 卓史¹⁾、水口 峰之²⁾、中村 照也¹⁾、池水 信二¹⁾、鍋島 裕子²⁾、薄 聖子¹⁾、
安藤 由喜雄³⁾、Mary Ann Suico¹⁾、首藤 剛¹⁾、山縣 ゆり子¹⁾、甲斐 広文¹⁾
1)熊本大院・薬、2)富山大院・薬、3)熊本大院・医
- 2P-080*** 人類の耳垢型を決定するABCC11遺伝子多型とその生化学的解明
○豊田 優^{1,2)}、中川 大¹⁾、中島 正洋³⁾、吉浦 孝一郎³⁾、新川 詔夫⁴⁾、石川 智久¹⁾
1)東工大院・生命理工、2)日本学術振興会特別研究員、3)長崎大院・医歯薬学総合、
4)北海道医療大・個性差健康科学
- 2P-081** *Halobacterium salinarum* 由来のフォボロドプシン(pR)の光化学反応サイクルおよびプロトン移動について
○田母神 淳、池田 陽一、竹村 朱加、菊川 峰志、出村 誠、加茂 直樹
北大・生命科学院
- 2P-082** 光駆動型Cl⁻ポンプ蛋白質ハロロドプシン：シッフ塩基近傍のアスパラギン酸残基の役割
○菊川 峰志¹⁾、宮内 正二²⁾、一尾 裕章^{2,3)}、北川 拓³⁾、神谷 昌克³⁾、相沢 智康¹⁾、河野 敬一¹⁾、
出村 誠³⁾、加茂 直樹³⁾
1)北大院・理、2)松山大・薬、3)北大院・先端生命
- 2P-083** *E. coli* nucleoside diphosphate kinase の四量体保存残基置換による構造安定性への影響
半野 由依子¹⁾、前村 知美¹⁾、○伊藤 寛人¹⁾、酒井 勇太¹⁾、柴垣 明佳²⁾、佐藤 高則^{1,2)}
1)徳島大・総合科学・生物化学、2)徳島大院・人間・自然環境・生物化学
- 2P-084** ヒトPCNA変異体を用いるFEN1活性制御機構の解析
○右田 裕二¹⁾、宮川 健治²⁾、増田 晃³⁾、中尾 杏輔³⁾、内田 真希代⁴⁾、諏訪 喜昭⁴⁾、坂田 啓司²⁾、
金城 政孝²⁾、箱嶋 敏雄⁵⁾、森岡 弘志⁴⁾
1)熊大・院・薬、2)北大・院・生命、3)熊大・薬、4)熊大・院・医薬、5)奈良先端大・構造生物
- 2P-085** マウステロメア結合蛋白質とテロメラーゼとDNAポリメラーゼαの相互作用解析
○松本 みなみ、山田 智美、岡島 勇気、鳥越 秀峰
東理大・理

- 2P-086** 出芽酵母テロメア結合蛋白質と DNA ポリメラーゼ α の相互作用解析
○武田 大佑、鳥越 秀峰
東理大・理
- 2P-087** 出芽酵母テロメア結合蛋白質 Stn1 と Ten1 の発現・精製と機能解析
○小川 祐子、鳥越 秀峰
東理大・理
- 2P-088** *Pyrococcus furiosus* の塩基除去修復 (BER) 複合体
○石野 園子¹⁾、田原 沙樹¹⁾、清成 信一¹⁾、白井 剛²⁾、石野 良純¹⁾
1) 九大院・農、2) 長浜バイオ大学
- 2P-089** *Aeropyrum pernix* の PCNA-RFC-DNA 複合体検出による機能的 PCNA 分子の特定
○石野 良純、奈須 えりこ、松川 博昭、石野 園子
九大院・農
- 2P-090** *Pyrococcus furiosus* DNA リガーゼに存在する C 末端ヘリックスのライゲーシオン反応における役割
○田邊 麻衣子¹⁾、石野 園子²⁾、森川 耿右³⁾、石野 良純²⁾、西田 洋一¹⁾
1) 日立・中研、2) 九大院・農、3) 阪大・蛋白研
- 2P-091** The identification of active-site residue of glutathioneS-transferase from *Oryza sativa*
○Kong Kwang-Hoon, Cho Hyun-Young, Chung Hyun-Jung, Lee Hee-Jin
Dept. of Chemistry, College of Natural Sciences, Chung-Ang University
- 2P-092** コバルト型 nitrile hydratase 成熟過程における活性化タンパク質 P14K の機能解析
○清水 敏史¹⁾、Rory A. Cameron²⁾、中山 洋^{1,3)}、笹木 章雅^{1,3)}、倉本 幸¹⁾、Don A. Cowan²⁾、堂前 直³⁾、養王田 正文¹⁾、尾高 雅文¹⁾
1) 農工大・院工・生命工、
2) Advanced Res. Center for Appl. Microbiol., Dept. of Biotechnol., Univ. of the Western Cape,
3) 理研・基幹研究所・バイオ解析チーム
- 2P-093** ドメインスワッピング変異体を用いた膜内プロテアーゼの基質認識機構の解析
○禾 晃和、高木 淳一
阪大・蛋白研
- 2P-094** ブタ D-アスパラギン酸オキシダーゼの基質活性化機構
○山本 篤、田中 裕之、石田 哲夫、堀池 喜八郎
滋賀医大・医・生化
- 2P-095** 乳酸菌 *Lactobacillus casei* LDH のサブユニット間イオン結合ネットワーク導入によるアロステリック型から非アロステリック型 LDH への変換
○荒井 一人¹⁾、市川 淳¹⁾、内子場 裕之²⁾、伏信 進矢²⁾、松澤 洋³⁾、田口 速男¹⁾
1) 東理大・理工・応生、2) 東大院・農生科・応生工、3) 青森大・薬・薬学

物性・フォールディング 2P-096～2P-118

2P-096 粗視化モデルを用いた全原子モデルの効率化

○下山 紘充、米澤 康滋、中村 春木
阪大・蛋白研

2P-097 Ab initio QM/MD シミュレーションによるプロリン cis-trans 異性化の自由エネルギー地形と水和の影響

○米澤 康滋¹⁾、中田 一人²⁾、坂倉 耕太²⁾、高田 俊和³⁾、中村 春木¹⁾
1) 阪大・蛋白研、2) 日本電気 HPC、3) 理研

2P-098 あらわな溶媒と膜分子モデルによるダイナミックな効果を取り入れた光合成活性中心の電子状態計算

米澤 康滋¹⁾、アポストロフ ロッセン P.²⁾、山中 秀介¹⁾、中田 一人³⁾、高田 俊和⁴⁾、
○中村 春木¹⁾
1) 阪大・蛋白研、2) CREST 科学技術振興機構、3) 日本電気、4) 理研

2P-099 シトクロム c 酸化酵素 CuA サイトの電子状態解析

○小泉 健一¹⁾、鷹野 優²⁾、中村 春木²⁾
1) JBIC、2) 阪大蛋白研

2P-100 ヘムエリスリンの活性中心の電子構造への蛋白場の影響

○鷹野 優¹⁾、小泉 健一¹⁾、山口 兆²⁾、中村 春木¹⁾
1) 阪大・蛋白研、2) 阪大・極限センター

2P-101 生体分子およびイオン周囲の水の MD シミュレーションと量子化学計算

○高橋 卓也
立命大・生命・生情

2P-102 基準振動に基づく蛋白質複合体界面の動的構造の解析

○猿渡 茂¹⁾、土屋 裕子²⁾、木下 賢吾²⁾、輪湖 博³⁾
1) 北里大・理・物理、2) 東大・医科研、3) 早稲田大・社会科学

2P-103 超高熱性古細菌 Thermococcus. strain KS-1 由来プレフォルディンとシャペロニンの協調作用機構の解析

○米澤 哲洋、大滝 証、野口 恵一、養王田 正文
農工大・院工・生命工

2P-104 H/D 交換を用いたシャペロニン複合体の構造機能解析

○向山 厚¹⁾、中村 敬¹⁾、Tapan Chaudhuri¹⁾、真壁 幸樹¹⁾、桑島 邦博^{1,2)}
1) 自然科学研究機構・岡崎統合バイオサイエンスセンター、2) 総研大・機能分子科学

2P-105 紫膜バクテリオロドプシンの光退色現象におけるタンパク質-脂質間相互作用の影響

成重 太助、○横山 泰範、園山 正史、美宅 成樹
名大・院工・応物

2P-106 脂質二層膜に再構成されたバクテリオロドプシンの脂質膜相転移への影響

○鬼頭 琢、根岸 瑠美、横山 泰範、園山 正史、美宅 成樹
名大・院工・応用物理

2P-107 糖蛋白質ムチンの溶液中の分子集合状態

○渡邊 康
(独) 農研機構・食品総合研究所

2P-108 カイコーバキュロウイルス発現系で生産したヒトアディポネクチンの超遠心分析による性状解析

○村山 宗司¹⁾、菅井 睦美¹⁾、有坂 文雄²⁾
1) 片倉工業・生科研、2) 東工大院・生理工・生物プロセス

- 2P-109** 緑色蛍光蛋白質 GFP の自己会合に関する NMR 研究
○小佐見 謙一、児嶋 長次郎
奈良先端大・バイオ
- 2P-110** 大腸菌および超好熱古細菌由来トキシン・アンチトキシン (RelE-RelB) 複合体の性質
郭 中旭、今村 悠佑、○木村 誠
九大院・システム生命・構造生物
- 2P-111** 腸管出血性大腸菌の産する EspB のアクチン再構成の分子機構
○浜田 大三¹⁾、浜口 満英^{1,2)}
1) 神大・医・構造生物 G-COE、2) 近大・医・救急
- 2P-112** 熱により不可逆的に解離する PH0470 由来の SPFH ドメイン多量体
桑原 陽太^{1,2)}、雲財 悟¹⁾、永田 崇¹⁾、池上 貴久³⁾、廣明 洋子⁴⁾、藤吉 好則⁴⁾、○廣明 秀一^{2,5)}
1) 横浜市大院・国際総合科学、2) BIRD, JST、3) 阪大・蛋白研、4) 京大院・理・生物物理、5) 神戸大院・医
- 2P-113** ジスルフィド結合導入による低温ショック相同蛋白質の高安定化と一本鎖核酸との分子間相互作用解析
○城所 俊一、瀧山 幸次郎、廣瀬 尚人、長谷川 葵
長岡技科大・生物
- 2P-114** 鶏卵白アルブミンの構造形成に及ぼすシステイン残基の役割
○田中 美穂、石丸 隆行、松富 直利
山口大・農・生物機能
- 2P-115** The baseplate wedge assembly pathway of phage T4 in vitro
○Yap Moh Lan¹⁾、中尾 朋子¹⁾、長尾 達也¹⁾、門崎 泰憲¹⁾、三尾 和弘²⁾、金丸 周司¹⁾、有坂 文雄¹⁾
1) 東工大院・生命理工、2) 産業技術総合研究所
- 2P-116** 蛋白質分子における四残基相互作用と高次構造の高密度化
○坂井 士
生命工学研
- 2P-117** 酸性から中性の pH 領域における緑膿菌シトクロム c の水和の誘電緩和分光による解析
○和沢 鉄一^{1,2)}、宮崎 崇^{1,2)}、園山 貴文^{2,3)}、三本木 至宏^{2,3)}、鈴木 誠^{1,2)}
1) 東北大・工・マテリアル、2) CREST, JST、3) 広島大・生物圏科学
- 2P-118** 膜-水相界面における α 1-酸性糖タンパク質の構造と機能特性の変化
○丸山 徹¹⁾、西 弘二²⁾、小田切 優樹³⁾
1) 熊本大・薬・医療薬剤、2) 横浜薬大・薬物動態、3) 熊本大・医薬・薬物動態制御

プロテオーム・蛋白質工学 2P-119～2P-140

- 2P-119*** 新規設計ブルー銅タンパク質における軸配位子のアミノ酸設計
○濱野 裕輔、志賀 大悟、中根 大輔、船橋 靖博、増田 秀樹、田中 俊樹
名工大・工・物質
- 2P-120*** 拡張コドンを用いた二重蛍光標識タンパク質の新規合成法の開発と FRET 分析への応用
○江草 忠義、芳坂 貴弘
北陸先端大・マテリアル

2P-121* マウス Dnmt3B2-C 末端欠損変異体の大量発現と精製

○猪俣 洋史、猪狩 早雅、尾高 雅文、養王田 正文、山田 和弘
農工大・院工・生命工

2P-122* Baculovirus-昆虫細胞発現系による組み換え体 MDM2 の発現

○阿部 由寛、山田 和弘
農工大・院工・生命工

2P-123* マイクロ波促進技術によるアミノ酸分析の高速化

○松尾 聡子、芳本 智彦、熊本 竜太、脇野 大輔、吉村 武朗、大内 将吉
九工大院・生命情報工

2P-124* 遺伝子増幅反応に対するマイクロ波照射の挙動

○吉村 武朗、榮田 尚寿、白川 泰裕、大内 将吉
九工大院・生命情報工

2P-125* 有機リン系農薬分解酵素の酵素活性に与える界面活性剤の効果

○鳥打 祐太、木本 征吾、大内 将吉
九工大院・生命情報工

2P-126* 蛋白質発現に対するマイクロ波照射の効果

○榮田 尚寿、白川 泰裕、吉村 武朗、楠本 朋一郎、大内 将吉
九工大院・生命情報工

2P-127* プロ領域を利用した人工タンパク質の立体構造形成機構の解析

○奥村 正樹¹⁾、小西 宏典²⁾、山崎 悠平¹⁾、山口 宏¹⁾、日高 雄二²⁾
1) 関学大・理工・化学、2) 近畿大・理工・生命

2P-128* Rebuilt Group II Chaperonin Hetero-oligomers to Reveals Interaction Mode Between Group II Chaperonin and Prefoldin

○Sahlan Muhamad¹⁾、Kanzaki Taro¹⁾、Zako Tamotsu²⁾、Maeda Mizuo²⁾、Yohda Masafumi¹⁾
1) Dept. of Biotechnol, Tokyo Univ. of Agric. and Technol.、
2) Bioengineering Lab., RIKEN Institute, Saitama

2P-129* 蛍光基および消光基で標識された非天然アミノ酸の部位特異的導入によるタンパク質構造変化の FRET 解析

○飯島 一生、芳坂 貴弘
北陸先端大・マテリアル

2P-130* ペプチドリガンドの結合に伴う P20.1 モノクローナル抗体の構造変化の解析

○寒川 剛、禾 晃和、池上 貴久、高木 淳一
阪大・蛋白研

2P-131* 退形成性乏突起膠腫 (AOG) における化学療法感受性に関連する蛋白質群の機能プロテオーム解析

○森川 崇^{1,2)}、坪田 誠之^{1,3)}、緑川 宇一¹⁾、長山 慈¹⁾、小林 大樹¹⁾、Wilson Anthony¹⁾、
Wilson 森藤 政代¹⁾、中村 英夫³⁾、倉津 純一³⁾、森安 眞津子²⁾、荒木 令江¹⁾
1) 熊大・院・医薬・腫瘍医学、2) 株式会社三菱化学安全科学研究所、3) 熊大・院・医薬・脳神経外科

2P-132* T 細胞受容体を用いた新規ターゲティング分子の創製

○成松 翔伍¹⁾、吉岡 靖雄^{1,2)}、渡辺 光¹⁾、堤 康史^{3,4)}、向 洋平¹⁾、岡田 直貴¹⁾、中川 晋作^{1,2)}
1) 阪大院・薬・薬剤、2) 阪大 MEI セ、3) 阪大院・薬・毒性、4) 医薬基盤研

- 2P-133** レセプター指向性を有するリンフトキシン α の創製と特性評価
○吉岡 靖雄^{1,2)}、渡辺 光²⁾、堤 康央^{1,3,4)}、Shandar Ahmad⁴⁾、長尾 知生子⁴⁾、池水 信二⁵⁾、
水口 賢司⁴⁾、向 洋平²⁾、岡田 直貴²⁾、中川 晋作^{1,2)}
1) 阪大 MEI セ、2) 阪大院・薬・薬剤、3) 阪大院・薬・毒性、4) 医薬基盤研、5) 熊大院・薬
- 2P-134*** 活性増強型リンフトキシン α の機能解明
○渡辺 光¹⁾、吉岡 靖雄^{1,2)}、堤 康央^{3,4)}、向 洋平¹⁾、岡田 直貴¹⁾、中川 晋作^{1,2)}
1) 阪大院・薬・薬剤、2) 阪大 MEI セ、3) 阪大院・薬・毒性、4) 医薬基盤研
- 2P-135*** 抑制性レセプターを回避し得る LIGHT 変異体の創製とその機能評価
○稲倉 裕¹⁾、吉岡 靖雄^{1,2)}、森重 智弘¹⁾、堤 康央^{3,4)}、向 洋平¹⁾、岡田 直貴¹⁾、中川 晋作^{1,2)}
1) 阪大院・薬・薬剤、2) 阪大 MEI セ、3) 阪大院・薬・毒性、4) 医薬基盤研
- 2P-136*** Alteration of Substrate Specificity of Cellobiose Dehydrogenase by Amino Acid Substitution at Substrate Binding Site
○デスリアニ、フェリ ステファノ、早出 広司
東京農工大・院工・生命工
- 2P-137** 昆虫培養細胞由来無細胞合成系を用いた human Cu/Zn superoxide dismutase の合成とジスルフィド結合の解析
○江連 徹¹⁾、鈴木 崇¹⁾、安藤 英治¹⁾、綱澤 進²⁾
1) 島津製作所・バイオ臨床 BU、2) 阪大・蛋白研
- 2P-138** TEV プロテアーゼ認識配列に対するモノクローナル抗体 2H5 の性状解析
○田畑 早苗、高木 淳一
阪大・蛋白研
- 2P-139** 人工3本鎖 β -Helix 蛋白質の効率的生産と会合抑制
○油井 孔兵、寺内 允、金丸 周司、有坂 文雄
東工大・生命・生物プロセス
- 2P-140** グース型リゾチームの疎水性コアに位置する Tyr169 の構造機能相関
○多田 紗織¹⁾、平川 英樹²⁾、久原 哲²⁾、鳥潟 隆雄¹⁾、河村 俊介¹⁾
1) 東海大・農・バイオ、2) 九大院・システム生命

蛋白質構造 3P-001~3P-054

3P-001 HIV-1 プロテアーゼの中性子結晶構造解析

○安達 基泰¹⁾、大原 高志¹⁾、栗原 和男¹⁾、玉田 太郎¹⁾、本庄 栄二郎¹⁾、岡崎 伸生¹⁾、
新井 栄輝¹⁾、正山 祥生¹⁾、松村 浩由^{2,3,4)}、杉山 成^{2,3)}、安達 宏昭^{2,3,4)}、高野 和文^{2,3,4)}、
森 勇介^{2,3,4)}、日高 興士⁵⁾、木村 徹⁵⁾、林 良雄⁵⁾、木曾 良明⁵⁾、黒木 良太¹⁾

1)原子力機構、2)阪大工、3)CREST JST、4)㈱創晶、5)京都薬大

3P-002 Trypanosoma cruzi のジヒドロオロト酸脱水素酵素の結晶構造に基づいた新規オロト酸誘導体の分子設計

○稲岡 ダニエル¹⁾、飯田 真依子²⁾、Nayoung Lee²⁾、松岡 茂²⁾、坂元 君年¹⁾、清水 洋成¹⁾、
志波 智生³⁾、栗栖 源嗣³⁾、奈良 武司⁴⁾、青木 孝⁴⁾、井上 将行²⁾、佐藤 和仁⁵⁾、本間 光貴⁵⁾、
田仲 昭子⁵⁾、北 潔¹⁾、原田 繁春⁶⁾

1)東大・医・生物医化学、2)東大・医・有機反応化学、3)東大・教・生命情報学、
4)順天大・医・生体防御寄生虫学、5)理化学研究所横浜研究所、6)京都工繊大・工・応用生物学

3P-003 緑膿菌多剤排出トランスポーターサブユニット MexA の disordered domain の結晶構造解析への試み

○原田 健一¹⁾、松浦 孝範¹⁾、山下 栄樹¹⁾、鈴木 守¹⁾、中江 太治²⁾、中川 敦史¹⁾

1)大阪大学蛋白質研究所、2)北里大学基礎研究所

3P-004 結晶へのタンパク質分子取込み係数の簡易測定法の開発と結晶成長に及ぼす不純物の影響

山中 麻里¹⁾、○田仲 広明¹⁾、高橋 幸子¹⁾、伊中 浩治²⁾、中川 敦史³⁾、佐藤 勝⁴⁾、小林 智之⁴⁾、
田中 哲夫⁴⁾

1)㈱コンフォーカルサイエンス、2)㈱丸和栄養食品、3)阪大・蛋白研、4)(独)宇宙航空研究開発機構

3P-005 定常炉中性子を利用した生体高分子結晶の回折実験の現状

○栗原 和男、玉田 太郎、大原 高志、黒木 良太

原子力機構・量子ビーム

3P-006 バクテリオロドプシンのアルカリ化に伴う二次元結晶構造の崩壊過程

○東 陽介¹⁾、尾崎 聡¹⁾、渡邊 直哉²⁾、横山 泰範¹⁾、園山 正史¹⁾、美宅 成樹¹⁾

1)名大・院工・応物、2)SII・ナノテク(株)

3P-007 高速 AFM による蛋白質天然変性領域の観察

○宮城 篤¹⁾、津中 康央^{1,4)}、内橋 貴之^{2,3)}、真柳 浩太⁶⁾、広瀬 進⁵⁾、西野 達哉¹⁾、安藤 敏夫^{2,3)}、
森川 耿右¹⁾

1)阪大・蛋白研、2)金沢大・理工・数物、3)JST/CREST、4)JSPS、5)遺伝研・形質遺伝、
6)九州大・医・生体防御

3P-008 海産無脊椎動物グミ由来溶血性レクチン CEL-Ⅲの X 線小角散乱による多量体構造及び形成機構の解析

○郷田 秀一郎¹⁾、貞方 仁²⁾、久松 啓伍²⁾、柊 弓絃³⁾、畠山 智充¹⁾

1)長崎大・工・応化、2)長崎大院・生産科学、3)関西医大・物理

3P-009 X 線繊維回折法によるフル、ノンオーバーラップ骨格筋のミオシンクロスブリッジの配向解析

○大島 勘二¹⁾、杉本 泰伸²⁾、若林 克三²⁾

1)阪大・MEI センター、2)阪大院・基礎工

3P-010 EM Navigaor で見る 3 次元電子顕微鏡による構造データ

○鈴木 博文^{1,2)}、岩崎 憲治¹⁾、中村 春木^{1,2)}

1)阪大・蛋白研、2)日本蛋白質構造データバンク

- 3P-011** イオンモビリティ質量分析法を用いた蛋白質医薬品の品質管理に向けた基礎検討
○鎌田 春彦¹⁾、廣瀬 賢治²⁾、阿部 康弘¹⁾、角田 慎一¹⁾、堤 康央¹⁾
1) 医薬基盤研・創薬プロテオミクス、2) 日本ウォーターズ株式会社
- 3P-012** 分子動力学を用いた F₁-ATPase の構造と機能解析
伊藤 祐子、○池口 満徳
横浜市大・国際・生体超分子
- 3P-013** 水の透過が結びついた大腸菌機械受容チャネル MscL のゲーティングの分子動力学シミュレーション
○澤田 康之¹⁾、村瀬 雅樹²⁾、曾我部 正博^{1,2,3)}
1) 名大院・医・細胞生物物理、2) JST ICORP/SORST 細胞力覚、3) 生理研・細胞内代謝
- 3P-014** レプリカ交換 MD シミュレーションによる LEA 蛋白質由来 22 残基ポリペプチドの構造解析
三山 祥平¹⁾、清水 天平¹⁾、原野 雄一²⁾、○櫻井 実¹⁾
1) 東工大・バイオセンター、2) 大阪大学蛋白質研究所
- 3P-015** インフルエンザウイルス進化における感染細胞受容体-HA 間相互作用パターンの変化
○尾曲 克己、中島 捷久
名市大・医・ウイルス
- 3P-016** ニューロセルピンのオメガループ構造と阻害活性制御
張 娟¹⁾、竹原 清日²⁾、西山 美香¹⁾、○恩田 真紀¹⁾
1) 大阪府立大・理・生物、2) 京大院・農・応用生命
- 3P-017** 定まった構造をとらないポリペプチドによって制御される 135kDa protein 4.1R と膜貫通蛋白質との結合解析
○布村 渉¹⁾、笹倉 大督²⁾、高桑 雄一¹⁾
1) 東女医大・医・生化学、2) フルカーオプテクス株式会社
- 3P-018** 超好熱菌由来グリセロールキナーゼの特異な 6 量体構造
○古賀 雄一¹⁾、勝見 亮太¹⁾、外尾 竜太¹⁾、高野 和文^{1,2)}、金谷 茂則¹⁾
1) 阪大院・工・生命先端、2) CREST, JST
- 3P-019** 光駆動アニオンポンプ・ハロロドプシンのトリマー相互作用の揺らぎと機能変調
塚本 卓¹⁾、菊川 峰志²⁾、神谷 昌克¹⁾、相沢 智康¹⁾、河野 敬一²⁾、○出村 誠¹⁾
1) 北大院先端生命、2) 北大院理
- 3P-020** イヌアルブミン分子上のケトプロフェン結合部位のトポロジー解析
○小田切 優樹¹⁾、金子 健一¹⁾、福田 光¹⁾、チュアン・トゥアン ギャム¹⁾、山崎 啓之²⁾、川原 浩一¹⁾、中山 仁¹⁾、末永 綾香¹⁾、丸山 徹¹⁾
1) 熊本大院・薬、2) 崇城大・薬
- 3P-021** ファージディスプレイ法によるアルブミン分子上のビリルビン結合部位の探索
○蓑毛 藍、異島 優、諏訪 喜昭、内田 真希代、丸山 徹、森岡 弘志、小田切 優樹
熊本大院・薬
- 3P-022** *Brevibacillus choshinensis* を用いた組換えタンパク質の分泌生産および安定同位体標識試料調製
○谷生 道一、田中 利好、田中 剛史、河野 俊之
(株)三菱生命研
- 3P-023** コールドショックベクターと可溶性タグの組み合わせによるタンパク質試料調製技術
○林 こころ、児嶋 長次郎
奈良先端大・バイオ

- 3P-024** 高圧リフォールディングによるタンパク質立体構造解析試料の調製法
○小椋 賢治、斎尾 智英、小橋川 敬博、稲垣 冬彦
北大・院薬
- 3P-025** In-cell NMR 法を用いた生細胞内におけるプロテイン G B1ドメインの高次構造解析
○花島 知美^{1,2)}、浜津 順平²⁾、白川 昌宏^{2,3)}、三島 正規^{1,2)}、伊藤 隆^{1,2)}
1)首都大院・理工、2)CREST/JST、3)京大院・工
- 3P-026** GroES のアミロイド線維形成初期段階に見られる中間体の構造特性
○河田 康志¹⁾、岩佐 尚徳¹⁾、飯塚 舜介²⁾、本郷 邦広¹⁾、溝端 知宏¹⁾
1)鳥取大・工/医・生物応用/機能再生、2)鳥取大・医・機能再生
- 3P-027** Molecular Mechanism for the reinforcement of DNA-binding activity of GT-1 via phosphorylation
○永田 崇¹⁾、長崎 裕也¹⁾、藤本 なつき¹⁾、能登 和明¹⁾、二矢田 絵美¹⁾、宮ノ入 洋平¹⁾、村田 純²⁾、平塚 和之²⁾、片平 正人^{1,3)}
1)横市大・院国際総合科学、2)横国大・院環境情報、3)科技機構・さきがけ
- 3P-028** 酸化損傷塩基を加水分解する酵素の NMR による立体構造解析
○川崎 久美子¹⁾、紙谷 浩之²⁾、米山 桃子³⁾、児嶋 長次郎³⁾、伊藤 隆¹⁾、三島 正規¹⁾
1)首都大・理工、2)北大院・薬学、3)奈良先端大・バイオ
- 3P-029** 転写抑制因子 SHARP/SMRT 複合体の構造及び機能解析
○三神 すずか、伊藤 隆、三島 正規
首都大・理工
- 3P-030** 溶液 NMR 法を用いた EB1 と APC の複合体の立体構造解析
○金場 哲平¹⁾、森 智行²⁾、前崎 綾子¹⁾、伊藤 隆¹⁾、箱嶋 敏雄²⁾、三島 正規¹⁾
1)首都大・理工、2)奈良先端大・情報
- 3P-031** 核に存在する VCP 様蛋白質 NVL2 の N 末端ドメインの解析
○藤原 芳江¹⁾、岩谷 奈央子²⁾、藤原 健一朗³⁾、白川 昌宏²⁾、廣明 秀一¹⁾
1)神戸大・医・構造生物、2)京大・工・分子工学、3)塩野義製薬
- 3P-032** エンドソーム内環境におけるアジアロ糖タンパク質受容体 (ASGP-R) のリガンド解離メカニズムの解析
○鬼塚 拓男¹⁾、清水 浩之¹⁾、中野 隆行¹⁾、富本 裕介¹⁾、金井 正三¹⁾、嶋田 一夫^{2,3)}、高橋 栄夫³⁾
1)JBIC 東レリサーチセンター分室、2)東大・院薬系、3)産総研・バイオメディシナル情報研究セ
- 3P-033** NADPH オキシダーゼ Nox1 関連因子 Noxa1-SH3 の構造解析
○高野 晃¹⁾、住本 英樹²⁾、神田 大輔¹⁾
1)九大・生医研、2)医学研究院
- 3P-034** カイコガ性フェロモン合成活性化神経ペプチド (PBAN) の活性型立体構造の解析
○永田 宏次¹⁾、岡田 晃季¹⁾、河合 岳志¹⁾、大塚 淳¹⁾、ハル J. ジョー²⁾、本 賢一²⁾、松本 正吾²⁾、長澤 寛道¹⁾、田之倉 優¹⁾
1)東大・院農生科・応生化、2)理研
- 3P-035** 幼若ホルモン結合タンパク質-幼若ホルモン複合体の立体構造解析
○鈴木 倫太郎、藤本 瑞、塩月 孝博、門間 充、多勢 祥、宮澤 光博、山崎 俊正
農生研
- 3P-036** 抗菌ペプチド Tachyplesin I の大量発現系の構築と構造解析
○神谷 昌克¹⁾、杉田 圭太郎²⁾、上島 達郎¹⁾、多々見 文恵²⁾、相沢 智康²⁾、水口 峰之³⁾、川畑 俊一郎⁴⁾
1)北大・院生命、2)北大・院理、3)富山大・薬、4)九大・院理

- 3P-037** 脂質二重膜への再構成した H⁺-ATP 合成酵素 subunitc-ring の固体 NMR 法による構造解析
○戸所 泰人¹⁾、田中 健太郎¹⁾、湯面 郁子¹⁾、岩崎 郁¹⁾、小林 将俊¹⁾、鈴木 俊治^{2,3)}、吉田 賢右^{2,3)}、藤原 敏道¹⁾、阿久津 秀雄¹⁾
1) 阪大・蛋白研、2) 東工大・資源研、3) JST・ICORP・ATP 合成制御
- 3P-038** Structure of the transmembrane-juxtamembrane region of the amyloid precursor protein
○佐藤 毅¹⁾、玉垣 裕子¹⁾、Smith Steve²⁾、相本 三郎¹⁾
1) 阪大・蛋白研、2) ストーンイーブルック大
- 3P-039** in-cell NMR 法によるヒト細胞内におけるタンパク質の構造・動的解析
(2SA-2)
○猪股 晃介^{1,2)}、大野 綾子¹⁾、朽尾 豪人^{1,2)}、磯貝 信¹⁾、天野 剛志^{2,4)}、中瀬 生彦⁵⁾、武内 敏秀⁵⁾、二木 史朗^{3,5)}、伊藤 隆^{2,6)}、廣明 秀一^{2,4)}、白川 昌宏^{1,2,7)}
1) 京大・工、2) CREST/JST、3) SORST/JST、4) 神大・医、5) 京大・化研、6) 首都大・理工、7) 理研・横浜
- 3P-040** HIV の複製を阻害するタンパク質 APOBEC3G の構造、相互作用及び酵素反応のリアルタイムモニタリング
(2SA-8)
○古川 亜矢子¹⁾、永田 崇¹⁾、羽生 勇一郎²⁾、杉山 隆一²⁾、林 文晶³⁾、横山 茂之³⁾、高久 洋²⁾、片平 正人^{1,4)}
1) 横市大・院・国際総合科学、2) 千葉工大・工・生命環境、3) 理研・SSBC、4) 科技機構・さきがけ
- 3P-041** オスマウス特異的フェロモン ESP1 の構造活性相関
○吉永 壮佐¹⁾、平金 真¹⁾、佐藤 徹²⁾、はが 紗智子²⁾、木本 裕子²⁾、嶋田 一夫³⁾、東原 和成²⁾、寺沢 宏明¹⁾
1) 熊本大・院・医薬、2) 東大・院・新領域、3) 東大・院・薬
- 3P-042** 光合成反応中心の色素配置に関する理論研究
○山崎 秀樹、鷹野 優、中村 春木
阪大・蛋白研
- 3P-043** 電子顕微鏡によるミドリムシ光センサータンパク質 Photoactivated Adenylyl Cyclase (PAC) の構造解析
○宮崎 直幸^{1,2)}、伊関 峰生³⁾、渡辺 正勝³⁾、足立 伸一⁴⁾、朴 三用⁵⁾、岩崎 憲治^{1,2)}
1) 阪大・蛋白研、2) CREST、3) 総研大、4) 高工ネ研、5) 横浜市大
- 3P-044** 触媒反応進行中のオロチジナーリン酸脱炭酸酵素の構造
○藤橋 雅宏¹⁾、Bello Angelica M²⁾、Kotra Lakahmi P^{2,3,4)}、Pai Emil F^{5,6)}
1) 京大・院理、2) Toronto General Inst.、3) Dept. of Pharm. Sci. and Chem., Univ. of Toronto、4) Dept of Chem. and Biochem., Univ. of North Carolina at Greensboro、5) Ontario Cancer Inst.、6) Depts. of Biochem., Med. Biophys. and Mol. Genetics, Univ. of Toronto
- 3P-045** 細菌型 Sec トランスロコンの構造から明らかとなったタンパク質膜透過装置の構造変化
(2SA-6)
○塚崎 智也¹⁾、森 博幸²⁾、深井 周也³⁾、石谷 隆一郎¹⁾、森 貴治⁴⁾、堂前 直⁴⁾、Perederina Anna⁵⁾、杉田 有治⁴⁾、Vassilyev Dmitry G.⁵⁾、伊藤 維昭²⁾、濡木 理¹⁾
1) 東大・医科研、2) 京大・ウイルス研、3) 東大・放射光、4) 理研・基幹研究所、5) アラバマ大・生化学分子遺伝
- 3P-046** 全長リーリンの精製法の確立とリーリン会合体の構造化学的基盤の解明
○安井 典久¹⁾、別府 亜耶子¹⁾、服部 光治²⁾、高木 淳一¹⁾
1) 阪大・蛋白研、2) 名市大院・薬
- 3P-047** 巨大ヘモグロビン (400 kDa) のリガンド結合に伴う協同的な構造変化
○沼本 修孝^{1,2)}、中川 太郎^{2,3)}、喜田 昭子⁴⁾、笹山 雄一⁵⁾、福森 義宏²⁾、三木 邦夫^{1,6)}
1) 京大・院理、2) 金沢大・理工研究域、3) 法政大・マイクロ・ナノテクノロジー研究センター、4) 京大・原子炉、5) 金沢大・環日本海域環境研究センター、6) 理研・播磨 /Spring-8

- 3P-048** 新規なヘム酵素(アルドキシム脱水酵素)の酵素基質複合体のX線結晶構造
 ○澤井 仁美¹⁾、杉本 宏²⁾、加藤 康夫³⁾、浅野 泰久³⁾、城 宜嗣²⁾、青野 重利¹⁾
 1)自然科学研究機構・岡崎統合バイオ、2)理研・播磨・SPRING-8センター、3)富山県大・工・生物工学センター
- 3P-049** 亜硝酸還元酵素と電子供与蛋白質の分子間電子移動反応機構：複合体結晶構造を基にした分子認識と反応制御機構の構造基盤
 ○野尻 正樹、平 大輔、小手石 泰康、池淵 紗織、津田 愛子、鈴木 晋一郎
 阪大・院理・化学
- 3P-050** ホメオドメインタンパク質 Aristaless と Clawless による共同的な DNA 認識機構の構造機能
 ○宮園 健一¹⁾、支 月華¹⁾、永田 宏次¹⁾、西郷 薫²⁾、小嶋 徹也³⁾、田之倉 優¹⁾
 1)東大・院・農生科、2)東大・院・理学、3)東大・院・新領域
- 3P-051** *C. glutamicum* 由来多剤耐性調節因子 CgmR の構造学的研究：多剤耐性に適したもうひとつのリプレッサーの作用機構
 ○伊藤 啓¹⁾、渡邊 信久²⁾、姚 閔³⁾、白木原 康雄¹⁾、田中 勲³⁾
 1)国立遺伝研・構造遺伝セ、2)名大・工、3)北大・先端生命
- 3P-052** ミトコンドリア膜間部タンパク質 Tim40 の構造解析
 ○河野 慎¹⁾、百瀬 隆喜¹⁾、寺尾 佳代子¹⁾、渡邊 信久²⁾、遠藤 斗志也¹⁾
 1)名大院・理・化学、2)名古屋大学小型シンクロトロン光研究センター
- 3P-053** 阻害剤 HPA との複合体の立体構造解析による CERT START ドメインのセラミド分子取込み機構の解明
 ○工藤 紀雄¹⁾、熊谷 圭悟²⁾、松原 亮介³⁾、小林 修³⁾、花田 賢太郎²⁾、若槻 壮市¹⁾、加藤 龍一¹⁾
 1)高エネ機構・物構研・構造生物、2)感染研細胞化学部、3)東大院・理・化学
- 3P-054** 抗アフリカトリパノソーマ薬アスコフラノンの薬剤標的 Trypanosome alternative oxidase (TAO) の解析
 ○城戸 康年¹⁾、斎本 博之²⁾、北 潔¹⁾、原田 繁春³⁾
 1)東大・院医・生物医化学、2)鳥取大・院工・応用化学、3)京都工繊大・応用生物

構造予測・バイオインフォマティクス 3P-055～3P-070

- 3P-055** N 末端シグナル配列に基づくタンパク質の高精度細胞内局在予測システムの開発
 ○崎山 則征^{1,2)}、美宅 成樹¹⁾
 1)名大・院工・応物、2)名大・VBL
- 3P-056** アミノ酸配列における正の電荷相関を持つタンパク質の機能解析
 ○柯 閔聡、美宅 成樹
 名大・院工・応用物理
- 3P-057** 会合状態とドメイン構成に着目した同一スーパーファミリーにおける加水分解酵素-転移酵素間の機能転移メカニズム
 ○小池 亮太郎^{1,2)}、木寺 詔紀^{2,3,4)}、太田 元規^{1,2)}
 1)名大院・情科、2)BIRD, JST、3)横浜市大院・国際総合科学、4)理研・次世代計科
- 3P-058** プロファイル比較による機能部位解析
 ○小田 浩之¹⁾、太田 元規²⁾、佐藤 哲也³⁾、藤 博幸³⁾
 1)九大・シス生・シス生、2)名大・情科、3)九大・生体防御
- 3P-059** 相同配列と立体構造を利用したタンパク質機能部位予測 - 残された課題とその解決策 -
 ○根本 航¹⁾、藤 博幸^{1,2)}
 1)産総研・CBRC、2)九大・生医研

- 3P-060** 蛋白質-低分子化合物間相互作用予測に向けた新しい原子タイプに基づく統計ポテンシャルの開発
○杉山 肇¹⁾、和田 光人¹⁾、安達 統衛²⁾
1) 富士通、2) 富士通研究所
- 3P-061** 階層的計算手法を用いたセレクトインの糖鎖認識機構の解析
○石田 豊和
産総研・計算科学
- 3P-062** 低分子リガンド相互作用に関わるタンパク質立体構造変化のデータベース解析
○雨宮 崇之^{1,3)}、小池 亮太郎^{2,3)}、瀧上 壮太郎¹⁾、池口 満徳¹⁾、木寺 詔紀^{1,3,4)}
1) 横浜市大院・国際総合、2) 名大院・情報、3) BIRD, JST、4) 理研・次世代計算科学研究開発プログラム
- 3P-063** 蛋白質インターフェースに関する新規な記述子
○前田 美紀¹⁾、木下 賢吾²⁾
1) (独)生物研、2) 東大医科研
- 3P-064** 蛋白質相互作用部位データベースの構築
○石田 貴士¹⁾、日暮 美穂²⁾、木下 賢吾^{1,3)}
1) 東大・医科研、2) 三井情報開発、3) BIRD
- 3P-065** アミノ酸残基出現傾向を用いた相互作用部位推定法の開発
○平子 暁¹⁾、石川 英明¹⁾、塩生 真史²⁾
1) 長浜バイオ大・院バイオサイエンス、2) 長浜バイオ大・バイオサイエンス
- 3P-066** タンパク質間相互作用面での Hotspot におけるアミノ酸置換
○西 羽美¹⁾、太田 元規²⁾
1) 東工大・院生命理工、2) 名大・院情報科学
- 3P-067** 蛋白質複合体立体構造予測サーバ: HOMCOS
福原 直志、○川端 猛
奈良先端大・情報
- 3P-068** A Combined Knowledge Based Scoring Function for Protein-Protein Docking
○郭 皓¹⁾、北尾 彰朗^{1,2)}
1) 東大分生研、2) 科学技術振興機構
- 3P-069** 大きな構造変化を考慮したタンパク質複合体予測構造の相互作用プロファイルを用いたクラスタ解析
○内古閑 伸之^{1,2)}、広川 貴次²⁾
1) (株)バイオ産業情報化コンソーシアム、2) 産総研・生命情報工学研究センター
- 3P-070** ヒトのタンパク質間相互作用ネットワークにおいてディスオーダー間の相互作用は頻繁に起きている
(2SA-3)
○清水 佳奈¹⁾、福井 一彦¹⁾、藤 博幸²⁾
1) 産総研、CBRC、2) 九大・生防研

機能解析 3P-071～3P-095

- 3P-071** キサンチン脱水素酵素から酸化酵素に変換する際の遷移状態における二量体サブユニット構造の非対称性
○西野 朋子¹⁾、岡本 研¹⁾、川口 裕子¹⁾、辻井 厚子¹⁾、松村 智裕¹⁾、堀 弘幸²⁾、西野 武士¹⁾
1)日医大・生化・構造代謝、2)愛媛大・応用化
- 3P-072** ショウジョウバエ PHOX-S の上流の生化遺伝学的解析
山田 拓也¹⁾、松川 広樹²⁾、中山 ちづる²⁾、秦 真理子²⁾、○浅田 伸彦²⁾
1)岡山理科大・総合理学、2)岡山理科大学・理学部・動物学科
- 3P-073** 脳脊髄液中アルブミンの SH 基の酸化還元状態解析
松山 幸枝、南 武志、寺田 知新、○恵良 聖一
岐阜大・院医・分子生理
- 3P-074** S-ニトロソヒト血清アルブミンの臓器保護作用は、脂肪酸結合により増強される
○異島 優¹⁾、赤池 孝章²⁾、廣山 秀一¹⁾、澤 智裕²⁾、丸山 徹¹⁾、甲斐 俊哉^{1,3)}、小田切 優樹¹⁾
1)熊大・医薬・薬物動態、2)熊大・医薬・微生物、3)ニプロ・医薬研
- 3P-075** 新規がん細胞増殖抑制ペプチドの構造活性相関
大谷内 啓介¹⁾、神谷 昌克¹⁾、相沢 智康²⁾、出村 誠¹⁾、鈴木 幸一³⁾、○河野 敬一²⁾
1)北大・院生命、2)北大・院理、3)岩手大・農
- 3P-076** 溶血性レクチン CEL-Ⅲの自己会合ドメイン中のアミノ酸残基の役割
久松 啓伍、海野 英昭、郷田 秀一郎、○畠山 智充
長崎大・工・応化
- 3P-077** ツシマママシ毒中の血管透過性亢進因子
○村上 達夫¹⁾、中村 仁美²⁾、今村 隆寿³⁾、鳥羽 通久⁴⁾、千々岩 崇仁¹⁾、大野 素徳¹⁾、上田 直子²⁾
1)崇城大・生物生命・応生、2)崇城大・薬、3)熊大・医・分病、4)蛇研
- 3P-078** T4 ファージの溶菌阻止に関する Sp 蛋白質の構造と機能
○根本 舞、金丸 周司、有坂 文雄
東工大院・生命理工
- 3P-079** 紫外線照射によって促進される皮膚蛋白質中のアスパラギン残基の異性化とリジン残基のカルボキシメチル化
森 雄平¹⁾、○藤井 紀子¹⁾、多島 新吾²⁾、永井 竜児³⁾、木野内 忠稔¹⁾、吉居 華子¹⁾、渡邊 正巳¹⁾
1)京大・原子炉、2)防衛医大・皮膚科、3)熊本大・医薬
- 3P-080** Growth-blocking peptide (GBP) のフレキシブルな両末端部分が構造と活性に及ぼす影響
○梅津 喜崇¹⁾、濱舘 司¹⁾、相沢 智康^{1,2)}、神谷 昌克^{1,2)}、熊木 康裕^{1,2)}、水口 峰之³⁾、出村 誠^{1,2)}、早川 洋一⁴⁾、河野 敬一^{1,2)}
1)北大院・理、2)北大院・生命、3)富山大・薬、4)佐賀大・農
- 3P-081** 超高速時間分解蛍光法を用いた FMN 結合タンパク質における電子移動反応の解析
○中西 猛¹⁾、春山 喜洋¹⁾、谷口 誠治²⁾、コスロービアン ハイク²⁾、田中 文夫³⁾、井上 英夫¹⁾、北村 昌也¹⁾
1)阪市大院・工・化生、2)レーザー総研、3)マハーサーラカム大学
- 3P-082** 二面偏波式干渉技術を用いた Myoglobin-Heme の相互作用
○志波 公平¹⁾、森 健¹⁾、新留 琢郎¹⁾、片山 佳樹¹⁾
1)九大院・システム生命、2)シスメックス

- 3P-083** 自動微量フロンタルゲルろ過装置によるリガンド結合平衡の精密解析
○石田 哲夫、田中 裕之、山本 篤、堀池 喜八郎
滋賀医大・医・生化
- 3P-084** 組換えヒストン複合体の大量精製法
○夏目 亮¹⁾、堀越 正美²⁾、千田 俊哉³⁾
1)JBIC・研究開発本部、2)東大・分生研、3)産総研・バイオメディシナル
- 3P-085** 水晶体のビーズフィラメントは filensin と phakinin のみから形成されるのか？
○中牟田 亮一¹⁾、相信 裕之²⁾、大石 祐司²⁾、岡 美佳子³⁾、竹鼻 眞³⁾、高崎 洋三¹⁾、安藤 祥司¹⁾
1)佐賀大・医、2)佐賀大・理工、3)慶應大・薬
- 3P-086** 中間径フィラメントを鋳型にしたシリカナノチューブの形成
郷原 るみ¹⁾、劉 真²⁾、中島 謙一²⁾、高崎 洋三¹⁾、○安藤 祥司¹⁾
1)佐賀大・医、2)佐賀大・理工
- 3P-087** ヒトヘアケラチンの試験管内重合特性の解析
○本田 裕子¹⁾、久保 勇貴¹⁾、小池 謙造²⁾、増子 貞彦¹⁾、高崎 洋三¹⁾、安藤 祥司¹⁾
1)佐賀大・医、2)花王・BC 研
- 3P-088** クロマチンリモデリング因子 FACT 天然変性領域のリン酸化によるヌクレオソーム DNA 結合阻害の
(2SA-7) 分子機構
○津中 康史^{1,2)}、梅 純子¹⁾、山口 寛人¹⁾、楯 真一³⁾、広瀬 進⁴⁾、森川 耿右^{1,5)}
1)阪大・蛋白研、2)日本学術振興会、3)広島大・院理・数理分子、4)国立遺伝研・個体遺伝研究系、
5)CREST, JST
- 3P-089** 姉妹染色分体接着確立：Eco1 による Smc3 アセチル化は Pds5-Rad61-Scs3 複合体による
抗確立活性に拮抗する
ロウランド ベンジャミン¹⁾、ロイグ マウリチ¹⁾、○西野 達哉^{1,2)}、メヒトラー カール³⁾、
ナスミス キム¹⁾
1)オックスフォード大学、2)阪大蛋白質研、3)ウィーン分子病理学研究所
- 3P-090** NMR 解析による RecO 上の SSB 結合部位の同定
○井上 仁^{1,3)}、伊藤 隆²⁾、柴田 武彦^{1,3)}、美川 務^{1,3,4)}
1)理研・中央研、2)首都大学院・理工学、3)横浜市大院・国際総合科学、4)理研・SPRING-8センター
- 3P-091** COP II 小胞形成タンパクによる輸送基質の濃縮と輸送されない蛋白質の排除機構
(2SA-4) ○田端 和仁¹⁾、佐藤 健²⁾、井出 徹³⁾、西坂 崇之⁴⁾、中野 明彦⁵⁾、野地 博行¹⁾
1)阪大・産研、2)東大・総合文化、3)阪大・生命機能、4)学習院・理・物理、5)理研・生体膜
- 3P-092** ERdj5 を介した小胞体関連分解の分子機序の解明
○潮田 亮、寶関 淳、永田 和宏
京大・再生研・細胞機能
- 3P-093** 酵素のプロトトランスファに関わる酸塩基触媒ヒスチジン残基の互変異性
○島原 秀登¹⁾、杉森 公一²⁾、吉田 卓也³⁾、水上 卓¹⁾、中沢 隆⁴⁾、長尾 秀実²⁾、大久保 忠恭³⁾、
小林 祐次⁵⁾
1)北陸先端大・ナノセンター、2)金沢大・理、3)阪大・薬、4)奈良女大、5)大阪薬大
- 3P-094** 植物細胞壁合成酵素の精製を通じた膜タンパク質精製法の開発
○石水 毅、安井 一敏、上垣 眞理
阪大・院理・化
- 3P-095** 酸素感知タンパク質 Dos における固有の「ヘム-軸配位子-残基」相互作用
○山下 沢¹⁾、Bouzhir-Sima Latifa²⁾、Lambry Jean-Christophe²⁾、Liebl Ursula²⁾、
H. Vos Marten²⁾、青山 浩¹⁾、宇野 公之¹⁾
1)阪大・院・薬、2)フランス国立理工科大学

物性・フォールディング 3P-096～3P-119

- 3P-096** (6-4) 光産物に特異的な一本鎖抗体と蛍光タンパク質との融合分子の大腸菌発現系による調製
○早乙女 徹¹⁾、内田 真希代²⁾、坂田 啓司³⁾、金城 政孝³⁾、諏訪 喜昭²⁾、森岡 弘志²⁾
1) 熊大・院・薬、2) 熊大・院・医薬、3) 北大・院・生命
- 3P-097** 高圧下での蛋白質分子内部の圧縮率と構造揺らぎ動力学の解析
○曾田 邦嗣、関 安孝、藤井 淳平、新保 雄大
長岡技科大・生物系
- 3P-098** カイコ・スモールヒートショックタンパク質：sHSP20.8 and sHSP19.9
MD. Hossain Tofazzal¹⁾、手柴 智史¹⁾、○重岡 佑一¹⁾、上田 敏史¹⁾、藤澤 哲郎²⁾、麻生 陽一¹⁾
1) 九大・農学研究院、2) 岐阜大学工学部
- 3P-099** β ラクタマーゼによるセファロスポリンの加水分解活性は、そのアシル中間体の熱安定性と相関する。
○似内 靖^{1,2,3)}、島村 達郎¹⁾、内山 拓郎¹⁾、石井 良和²⁾、竹平 美千代¹⁾、油谷 克英¹⁾、松澤 洋³⁾、宮野 雅司¹⁾
1) 理研・播磨、2) 東邦大・医、3) 青森大・薬
- 3P-100** シクロデキストリン存在下におけるリゾチームの熱変性機構
○神山 匡、青木 恵理、竹内 大輔、木村 隆良
近大・理工・理
- 3P-101** ウマ β ラクトグロブリンの折れたたみ中間体における分子の収縮と二次構造の関係性
○中川 香奈子¹⁾、山田 好輝^{1,2)}、松村 義隆³⁾、藤原 和夫¹⁾、池口 雅道¹⁾
1) 創価大・工・生命情報、2) 奈良先端大・物質創成科学、3) 関西医大・物理
- 3P-102** Folding of beta structure proteins. FHA1 domain of Rad53 and Ki67 FHA domain
○松村 義隆¹⁾、Mahajan Anjali²⁾、Tsai Ming-Daw²⁾、木原 裕¹⁾
1) 関西医大・物理、2) Dept. of Chem. and Biochem. , The Ohio State Univ.
- 3P-103** β バレル内にトリプトファンを導入したスタフィロコッカル・ヌクレアーゼ変異体のフォールディング
○鈴木 精一、横 互介
名大・理・物理
- 3P-104** スタフィロコッカル・ヌクレアーゼの単一トリプトファン変異体 (Trp66) のフォールディング
○春日 康子、横 互介
名大・理・物理
- 3P-105** タンパク質フォールディングレートと予測にむけた新規手法の開発
○マイケル グロミハ¹⁾、Liang-Tsung Huang²⁾
1) 産総研・生命情報工学研究センター、
2) Department of Computer Science and Information Engineering, Ming-Dao University
- 3P-106** 相同シクロクロム c の安定性の平衡論と速度論に関する研究
○古賀 彩¹⁾、小林 慶子¹⁾、佐田 晃樹²⁾、三本木 至宏¹⁾
1) 広大院・生物圏、2) 広大・生
- 3P-107** キャピラリー内トラップによる一分子長時間観測：蛋白質の折り畳みへの応用
○鎌形 清人^{1,2)}、後藤 祐児¹⁾、高橋 聡^{1,2)}
1) 阪大・蛋白研、2) CREST, JST

- 3P-108** 蛋白質の新しいフォールディング解析：pH jump/ESIMS とイオンモビリティ MS
廣瀬 賢治¹⁾、名瀬 義明²⁾、○高山 光男²⁾
1) 日本ウォーターズ株式会社、2) 横浜市立大学
- 3P-109** プロペプチド非存在下でフォールドした Tk-subtilisin の結晶構造：プロペプチドによるフォールディング反応促進の必要性
○田中 俊一¹⁾、竹内 勇希¹⁾、松村 浩由²⁾、古賀 雄一¹⁾、高野 和文¹⁾、金谷 茂則¹⁾
1) 阪大院・工・生命先端、2) 阪大・院工・応化
- 3P-110** アミロイド線維存在下での脂質ベシクルの破壊
○笹原 健二、浜田 大三
神戸大・医
- 3P-111** フォトンカウンティングヒストグラム法 (PCH) と全反射蛍光顕微鏡 (TIRFM) を用いたアミロイド β 多量体の解析
○寺田 尚史、座古 保、迫野 昌文、前田 瑞夫
理研・バイオ工学
- 3P-112** リゾチームのアミロイド線維形成コア領域の解析
○杉元 康志¹⁾、榊原 由佳子¹⁾、古川 清香¹⁾、大栗 誉敏²⁾、植田 正²⁾
1) 鹿児島大・院・連合農学、2) 九大・薬院
- 3P-113** 細胞内におけるシャペロニン GroEL/ES の役割
○藤原 慶、田口 英樹
東大・新領域・メディカルゲノム
- 3P-114** 揺らぎの定理を用いた F1-ATPase のトルク測定
○林 久美子¹⁾、上野 博史²⁾、飯野 亮太²⁾、野地 博行²⁾
1) 早大・理工・物理、2) 阪大・産研
- 3P-115** 相同蛋白質のフォールディング機構：ヤギ α -ラクトアルブミンとイヌミルクリゾチームの比較研究
○中村 敬¹⁾、友寄 克亮³⁾、榎 互介⁴⁾、真壁 幸樹^{1,2)}、桑島 邦博^{1,2)}
1) 自然科学研究機構・岡崎統合バイオ、2) 総研大・物理・機能分子科学、3) 東大・院理・物理、4) 名大・理・物理
- 3P-116** β -シート形成における主鎖水素結合の役割
(2SA-9)
○真壁 幸樹¹⁾、小出 昌平²⁾、桑島 邦博¹⁾
1) 自然科学研究機構 岡崎統合バイオサイエンスセンター、2) シカゴ大学生化学分子生物学科
- 3P-117** レーザー照射によるアミロイド線維の増殖および分解機構
○八木 寿梓¹⁾、小澤 大作¹⁾、伴 匡人²⁾、川上 徹¹⁾、九山 浩樹¹⁾、森垣 憲一²⁾、西村 紀²⁾、内木 宏延³⁾、後藤 祐児¹⁾
1) 阪大・蛋白研、2) 産総研・関西センター、3) 福井大・医
- 3P-118** 超音波効果を利用した低分子量・単分散アミロイド線維作製法の確立
(2SA-5)
○茶谷 絵理^{1,2)}、李 映昊¹⁾、八木 寿梓¹⁾、内木 宏延³⁾、後藤 祐児¹⁾
1) 阪大・蛋白研、2) 立命大・薬、3) 福井大・医
- 3P-119** 蛋白質の凝集抑制剤の探索、抑制機構の解明、及び新規凝集抑制剤の創製
○伊藤 廉¹⁾、小林 豊明¹⁾、大須賀 陽子¹⁾、埜 幸作¹⁾、芝野 智久¹⁾、葛西 祐介¹⁾、山田 英俊¹⁾、奥村 正樹¹⁾、白木 賢太郎²⁾、山口 宏¹⁾
1) 関西学院大・理工、2) 筑波大・物工

- 3P-120** 血清アルブミンの高次構造変化を識別する分子プローブとしての抗体の熱力学的評価
○齊藤 桂吾^{1,2)}、濱野 邦子^{1,2)}、久芳 弘義²⁾、古川 功治²⁾、東 隆親¹⁾
1) 東京理科大・生命研・生命情報、2) 産総研・年齢軸センター
- 3P-121** 抗体酵素の加水分解反応に関する熱力学的解析：遷移状態安定化と基質不安定化
○円谷 健、上遠野 知佳、藤井 郁雄
大阪府立大院・理
- 3P-122** シスエレメントを標的とした人工ジンクフィンガー連結体の DNA 結合性の解析
○今西 未来、中村 篤史、二木 史朗
京大・化研
- 3P-123** リボソーム結合部位 (RBS) 干渉による大腸菌での遺伝子発現制御
○西澤 明人¹⁾、中山 実樹²⁾、福田 祥之²⁾、上村 卓哉²⁾、佐野 智亜記²⁾、上野 恵理²⁾、木村 成伸²⁾
1) 茨大院・理工・VBL、2) 茨大・工・生体機工
- 3P-124** 細胞内におけるマルチ亜鉛フィンガータンパク質の DNA 結合特性
○森崎 達也¹⁾、今西 未来¹⁾、二木 史朗¹⁾、杉浦 幸雄²⁾
1) 京大・化研、2) 同女大・薬
- 3P-125** マイクロ波照射下での蛋白質の加水分解反応のメカニズム
○大内 将吉¹⁾、芳本 智彦¹⁾、中村 博之¹⁾、吉村 武朗¹⁾、山岡 伸也²⁾
1) 九工大院・生命情報工、2) 榊新菱
- 3P-126** 会合ペプチドユニットによる低分子抗体アセンブリ技術とその応用
○梅津 光央^{1,2,3)}、小池 博之¹⁾、中西 猛¹⁾、田中 圭介¹⁾、浅野 竜太郎¹⁾、熊谷 泉¹⁾
1) 東北大・院工・バイオ工、2) 東北大・学際センター、3) JST・さきがけ
- 3P-127** ビルドアップ抗体進化法によるメタル表面結合抗体の取得とナノ素材への機能付与
○服部 峰充¹⁾、梅津 光央^{1,2,3)}、中西 猛¹⁾、熊谷 泉¹⁾
1) 東北大・院工・バイオ工、2) 東北大・学際センター、3) さきがけ、JST
- 3P-128** 市販抗体医薬を凌駕する低分子自己クラスター化抗体の創製
○浅野 竜太郎、萩原 康世、熊谷 泉
東北大・院工・バイオ工
- 3P-129** 新規タンパク検出用分子プローブの創製
○鈴木 祥夫、横山 憲二
産総研
- 3P-130** 結合界面への静電反発導入による pH 感受性リガンドの合理設計
○渡邊 秀樹¹⁾、松丸 裕之¹⁾、大石 郁子¹⁾、馮 延文¹⁾、小田原 孝行¹⁾、須藤 恭子¹⁾、本田 真也^{1,2)}
1) 産総研・生物機能、2) 東大院・新領域
- 3P-131** (2SA-1) ホロ酵素型触媒抗体の分子設計
○石川 文洋、円谷 健、藤井 郁雄
阪府大院・理・生物
- 3P-132** リボソームディスプレイを用いた抗体のエピトープマッピング系の開発
○長田 江里子、アクバル ビンタン、金森 崇、清水 義宏、上田 卓也
東大・新領域・メディカルゲノム

3P-133 演題取り消し

3P-134 Family S9 アミノペプチダーゼのトランスアミノペプチダーゼへの機能変換と生理活性ペプチドの酵素合成

○臼木 博一、上杉 佳子、岩 渕 雅 樹、畑中 唯史
岡山県生科研

3P-135 生体組織内の1細胞レベルでの機能イメージングを可能にする光活性化型生理機能プローブ

○松田 知己、堀川 一樹、永井 健治
北大・電子研

3P-136 tRNA チオ化修飾酵素 ThiI の tRNA 認識機構

○田中 良和^{1,2)}、山形 しおり³⁾、北郷 悠²⁾、山田 洋子³⁾、チムナロン サリン²⁾、姚 関²⁾、
田中 勲²⁾
1) 北大・創成、2) 北大・先端生命、3) 北大・院・生命科学

3P-137 TNFR1 選択的阻害剤の開発を目指した TNFR1 選択的変異体の創製とそのレセプター結合における構造-活性相関研究
(2SA-10)

○向 洋平^{1,2)}、柴田 寛子²⁾、中村 照也³⁾、吉岡 靖雄^{2,4)}、阿部 康弘²⁾、野村 鉄也^{1,2)}、
谷合 まどか⁵⁾、太田 恒孝⁵⁾、池水 信二³⁾、鎌田 春彦²⁾、角田 慎一²⁾、中川 晋作¹⁾、
山縣 ゆり子³⁾、堤 康央^{1,2)}
1) 阪大・薬、2) 基盤研、3) 熊本大・薬、4) 阪大・MEI セ、5) 林原生物化学研究所

3P-138 抗原結合により活性化される単量体アロステリック酵素の構築

岩井 宏徒¹⁾、小嶋 美樹¹⁾、○伊原 正喜²⁾、上田 宏¹⁾
1) 東大・院工・化生、2) 東大・院工・バイオ