1WA

A 会場（3F メインホール）/ Room A（3F Main Hall）
6 月 7 日（火）/ June 7（Tue.） 16:00 ~ 18:30

最先端のクライオ電顕で何が見えるのか？
What can be seen through the advanced electron cryo-microscopy?

近年のクライオ電子顕微鏡単粒子解析の分解能は X 線結晶構造解析に迫っている。その急激な発展の一方で、そこに至る為の様々な要素や問題点は見落とされがちである。結晶化が不要な単粒子解析で何が見えるのか？次世代の技術である microED やトモグラフィーのもつポテンシャルは何を明らかにするのか？本ワークショップでは、最先端の成果を紹介するとともに、クライオ電顕による構造生物学の実際とこれからを語って頂く。

Resolution of the single particle analysis by cryo-EM is getting close to the atomic level, which has been achieved mostly by X-ray crystallography. What can be seen through the advanced single particle analysis? What can be potentially revealed by microED and tomography? In this workshop, we will discuss the future of the cryo-EM analysis with the latest topics.

オーガナイザー : 深井 周也（東京大）、重松 秀樹（理研）
Organizers: Shuya Fukai(The Univ. of Tokyo), Hideki Shigematsu(RIKEN)

1WA-01 [16:00] **クライオ電顕単粒子解析法による赤痢菌タイプ III 型輸送装置ニードル繊維の 2.7 Å 分解能での構造解析**
2.7 Å structure of the type 3 secretion needle by CryoEM
○藤井 高志 (Takashi Fujii)、山田 有里佳 (Yurika Yamada)、難波 啓一 (Keiichi Namba)
阪大・生機 (Frontier Biosciences, Osaka Univ.)

1WA-02 [16:25] **クライオ電子顕微鏡で捉える微小管モーターキネシンの運動方向性決定の分子機構**
Cryo-EM reconstruction of kinesin-microtubule complex reveals how kinesin-14 reverses its directionality
○仁田 亮 (Ryo Nitta)
理研 CLST (RIKEN CLST)

1WA-03 [16:50] **細胞内超分子構造から、細胞外蛋白質の構造まで**
Supuramolecular structures in cellular context and large conformational changes in extracellular proteins
岩崎 憲治 [1] (Kenji Iwasaki)、○宮崎 直幸 [1] (Naoyuki Miyazaki)、松本 淳 [2] (Atsushi Matsumoto)
[1]阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)、[2]量子機構 (QST)

1WA-04 [17:15] **クライオ電子顕微鏡法による運動性タンパク質の可視化**
Visualization of motor proteins by cryo electron microscopy
○安永 卓生 (Takuo Yasunaga)
九工大・情報工・生命 (Dept. of Biosci. Bioinfo., Faculty of Comp. Sci. Sys. Eng., Kyushu Inst. Tech.)

1WA-05 [17:40] **膜蛋白質の電子線三次元結晶構造解析と単粒子解析**
Electron 3D crystallography and single particle analysis of membrane proteins
○米倉 功治 (Koji Yonekura)、眞木 さおり (Saori Maki)、山下 良樹 (Yoshiki Yamashita)
理研・SPring-8 (RIKEN SPring-8)

1WA-06 [18:05] **膜蛋白質の動的機能構造を明らかにするクライオ電子顕微鏡単粒子解析**
Single-particle cryoEM analysis of membrane proteins in lipid environment elucidates dynamic functional structure
○重松 秀樹 (Hideki Shigematsu)
理研 CLST (RIKEN CLST)

1WB

B 会場（2F 多目的ホール）/ Room B（2F Multipurpose Hall）
6 月 7 日（火）/ June 7（Tue.） 16:00 ～ 18:30

生命分子計測のスパースモデリング：限られた計測データから生命分子の構造情報を引き出す
Biomolecule analyses based on Sparse Modeling: Extracting the maximum amount of information of biomolecules from limited amount of data

共催：新学術領域研究「スパースモデリングの深化と高次元データ駆動科学の創成」

データから情報を最大限抽出し埋れた規則性を発見する統計科学手法であるスパースモデリング (SM) は，様々な計測法においてデータから構造情報を得る目的で活用できる．本ワークショップは，統計科学における第一線の SM 研究と計測データから生命分子の構造・機能解明を進める先端的研究の紹介を通じて，生命分子計測の共通課題を解く手がかりを探ることを目指して，新学術領域研究「疎性モデリング」との共催で開催する．

Sparse modeling (SM) is a method of statistical science, which can maximally extract information from date of natural science to discover hidden rules in it. In this workshop, the recent advancements in SM and its applications to biomolecular measurements will be presented to explore clues to solve their common problems.

オーガナイザー：木川 隆則（理研）、池谷 鉄兵（首都大学東京）
Organizers: Takanori Kigawa(RIKEN), Teppei Ikeya(Tokyo Metropolitan Univ.)

[16:00] **はじめに**
Opening Remarks

1WB-01 [16:10] **物理計測におけるスパースモデリング**
Measurement technology and sparse modeling
○池田 思朗 (Shiro Ikeda)
統数研 (The Institute of Statistical Mathematics)

1WB-02 [16:40] **1 分子 FRET データと分子動力学シミュレーションによるタンパク質ダイナミクス解析**
Protein dynamics studied by single-molecule FRET and molecular dynamics simulation
○松永 康佑 (Yasuhiro Matsunaga)
理研・計算科学 (RIKEN AICS)

1WB-03 [17:05] **NMR スペクトルから正しい情報を得るための変数探索による解析法**
Parameter Search Method for Accurate Analyses of NMR Spectra
○葛西 卓磨 [1,2] (Takuma Kasai)、永田 賢二 [3,4,5] (Kenji Nagata)、岡田 真人 [3] (Masato Okada)、
木川 隆則 [1,2,6] (Takanori Kigawa)
[1]理研・生命システム (RIKEN QBiC)、[2]JST・CREST (CREST, JST)、[3]東大・新領域 (Grad. Sch. of Fron. Sci., Univ. of Tokyo)、
[4]産総研・人工知能 (AIRC, AIST)、[5]JST・さきがけ (PRESTO, JST)、[6]東工大・情報理工 (Sch. of Comput., Tokyo Inst. of Tech.)

1WB-04 [17:30] **X 線自由電子レーザー施設 SACLA による生命科学研究の現状と大規模データ解析**
Massive data analysis for biological reseach at SACLA
○城地 保昌 (Yasumasa Joti)
JASRI XFEL

1WB-05 [17:55] **Hybrid approaches to characterize structure and dynamics of biomolecular systems from single molecule experiments**
○ Florence Tama[1,2]
[1]Department of Physics, Nagoya University、
[2]Advanced Institute for Computational Science, RIKEN

[18:20] **総合討論**
Discussion

1WC

C 会場（4F 411）/ Room C（4F 411）
6 月 7 日（火）/ June 7（Tue.） 16:00 ~ 18:30

蛋白質の機能修飾から読み解く酸素生物学
Oxygen biology decoded from functional modifications of proteins

共催 : 新学術領域研究「酸素を基軸とする生命の新たな統合的理解」

生体が酸素をどのように感知し、これに適応するかを理解するためには、生体を構成する素因子（タンパク質）レベルでの酸素シグナル感知・変換機構を理解することが重要である。本シンポジウムでは、タンパク質による酸素シグナル感知・変換の基本動作原理に関する最新の話題と、この概念に基づく新たな in vivo 酸素シグナルイメージング技術開発を紹介する。

Elucidating the mechanism underlying oxygen perception by protein and its signal transduction to cells is important for understaning how living body sense oxygen and adapt from its environment. In this symposium, we will introduce current topics on the basic mechanisms underlying functional modifications of proteins by oxygen (or oxygen-derived reactive species), and their (patho)physiological significance, and new technologies to visualize oxygen signaling in vivo.

オーガナイザー : 森 泰生（京都大）、西田 基宏（岡崎統合バイオ）
Organizers: Yasuo Mori(Kyoto Univ.), Motohiro Nishida(Okazaki Inst. for Integrative Biosci.)

[16:00] **はじめに**
Opening Remarks
○森 泰生 (Yasuo Mori)
京都大学 (Kyoto Univ.)

1WC-01 [16:05] **活性酸素生成酵素 NADPH オキシダーゼ（Nox）ファミリーの調節機構**
Regulatory mechanism for the Nox family of ROS-producing NADPH oxidases
○住本 英樹 (Hideki Sumimoto)
九大・院医・生化学 (Dept. of Biochem., Kyushu Univ. Grad. Sch. of Med. Sci.)

1WC-02 [16:35] **親電子性ヌクレオチドによる cGMP 依存性プロテインキナーゼのシステイン残基修飾を介した機能制御**
Functional regulation of cGMP-dependent protein kinase via sulfhydryl modification by electrophilic nucleotide
○澤 智裕 (Tomohiro Sawa)
熊本大・院生命科学・微生物 (Dept. Microbiol., Grad. Sch. Med. Sci., Kumamoto Univ.)

1WC-03 [17:05] **GTP 結合蛋白質の機能修飾を介した心筋ミトコンドリア品質管理**
Cardiac mitochondrial quality control via functional modification of GTP-binding protein
○西田 基宏 [1,2,3] (Motohiro Nishida)
[1]岡崎統合バイオ（生理研）・心循環シグナル (Div. Cardiocirc. Signal., Okazaki Inst. Integr. Biosci. (Natl. Inst. Physiol. Sci.))、
[2]九大院薬・創薬育薬統括室 (Dep. Transl. Pharm. Sci., Grad. Sch. Pharm. Sci., Kyushu Univ.)、
[3]JST さきがけ「疾患代謝」(JST, PRESTO)

1WC-04 [17:30] **生細胞 ATP イメージングから酸素と ATP の関係を探る**
Exploring relationship between oxygen and ATP using live cell ATP imaging
○今村 博臣 (Hiromi Imamura)
京大・生命 (Grad. Bio., Kyoto Univ.)

1WC-05 [18:00] **細胞内セカンドメッセンジャーに対する分子センサーの構築**
Molecular probes for the cellular second messengers
○森井 孝 (Takashi Morii)
京大・エネ研 (Inst. Adv. Energy, Kyoto Univ.)

1WD

D 会場（4F 412）/ Room D（4F 412）
6 月 7 日（火）/ June 7（Tue.） 16:00 ～ 18:30

最新の蛋白質科学を支えるサンプル精製
Sample purification as a foundation of cutting-edge protein science

蛋白質の精製は各研究者の経験によって多種多様な方法が存在する。それぞれの蛋白質の個性に対応し、活きの良いサンプルを精製することは時に困難を伴い、研究の進捗を阻むことも多い。そこで、高難度組み換え蛋白質の調製、あるいは天然の蛋白質複合体の精製において経験豊かな先生方に、手法や匠の技を紹介していただき、今後の蛋白質科学、構造生命科学を支える基盤としての”蛋白質の精製”について議論したい。

Succeeding in sample preparation is essential for structural and functional characterizations in protein science. In this symposium, experts who have extensive experiences in academia or in industry will discuss about sample purification, especially in the cases of challenging targets such as endogenous protein assemblies, recombinant membrane proteins, and drug-target proteins.

オーガナイザー : 千田 俊哉（高エネルギー加速器研究機構）、湯本 史明（高エネルギー加速器研究機構）
Organizers: Toshiya Senda(KEK), Fumiaki Yumoto(KEK)

1WD-01 [16:00] **難溶性分泌タンパク質 Wnt3a の発現精製・保存法の開発とその再生医療へのインパクト**
Active and water-soluble form of lipidated Wnt protein is maintained by a serum glycoprotein afamin
三原 恵美子 (Emiko Mihara)、平井 秀憲 (Hidenori Hirai)、○高木 淳一 (Junichi Takagi)
阪大・蛋白研 (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)

1WD-02 [16:25] **産業界における蛋白質精製**
Protein purification in the industry
○阪下 日登志 (Hitoshi Sakashita)
産総研・バイオメディカル (BMD.,AIST)

1WD-03 [16:50] **膜蛋白質の耐熱化と発現・精製**
Expression, purification, and Thermostabilization of membrane proteins
○村田 武士 [1,2] (Takeshi Murata)
[1]千葉大・理・化学 (Dept. of Chem., Science, Chiba University)、[2]JST・さきがけ (PRESTO, JST)

1WD-04 [17:15] **ヒト培養細胞を用いた哺乳類膜タンパク質複合体の発現・精製**

Expression and purification of mammalian membrane protein complex from human cultured cells

○木村 泰久 (Yasuhisa Kimura)

京大院・農・応用生命 (Div. Appl. Life Sci., Grad. Sch. of Agri., Kyoto Univ.)

1WD-05 [17:40] **ウシ心筋ミトコンドリア呼吸鎖複合体の精製法**

Purification of respiratory complexes from bovine heart mitochondria

○伊藤（新澤）恭子 (Kyoko Shinzawa-Itoh)

兵庫県立大・院生命理 (Dept. of Life Sci., Univ. of Hyogo)

1WD-06 [18:05] **出芽酵母からの超分子複合体の精製**

Purification of multi-subunit protein complexes

○安達 成彦 [1,2,3] (Naruhiko Adachi)、千田 俊哉 [1,3] (Toshiya Senda)

[1]高エネ機構・物構研・PF・構造生物 (SBRC, PF, IMSS, KEK)、[2]JST・さきがけ (PRESTO, JST)、[3]総研大 (SOKEN Univ.)

1WE

E 会場（4F 413）/ Room E（4F 413）
6 月 7 日（火）/ June 7（Tue.） 16:00 ～ 18:30

脂質 - タンパク質の相互作用研究の新展開
Innovations in studying lipid-protein interactions

脂質とタンパク質の相互作用の本質を理解し、その生理機能を解明するためには、まず“脂質などの難水溶性化合物を如何にして扱うか”といった重要な技術的課題を解決する必要がある。なぜなら、通常、脂質や疎水性の高い化合物は、水に溶けにくく、ある程度水に溶ける分子を対象とした現在の実験手法は、大部分適応できないからである。これらの障害を取り除くことのできる、水に溶けない生体物質についての一般性の高い研究手法の最新展望を議論する。

To understand the nature of lipid-protein interaction and reveal its biological significance, it is necessary to solve how poorly water-soluble lipids are treated in aqueous experimental systems. In this workshop, we would like to share and discuss current developments and perspectives of research on hydrophobic biomolecules, including lipids, hydrophobic drugs, and membrane proteins.

オーガナイザー : 杉山 成（大阪大）、松岡 茂（大阪大）
Organizers: Shigeru Sugiyama(Osaka Univ.), Shigeru Matsuoka(Osaka Univ.)

1WE-01 [16:00] **脂溶性化合物ー標的蛋白質複合体の構造解析へ向けた取り組み**

Practical approaches for structure analysis of target proteins complexed with low water-soluble compounds

○杉山 成 [1,2] (Shigeru Sugiyama)、井上 豪 [3] (Tsuyoshi Inoue)、森 勇介 [3] (Yusuke Mori)、
村田 道雄 [1,2] (Michio Murata)

[1]阪大院・理 (Grad. Sch. of Sci., Osaka Univ.)、
[2]JST・ERATO 脂質活性構造プロジェクト (JST-ERATO, Lipid Active Structure Project)、
[3]阪大院・工 (Grad. Sch. of Eng., Osaka Univ.)

1WE-02 [16:25] **脂肪酸結合タンパク質の脂質選択性における脂質膜の役割**

On the role of lipid bilayer in the ligand recognition by fatty acid-binding protein

○松岡 茂 [1,2] (Shigeru Matsuoka)、村田 道雄 [1,2] (Michio Murata)

[1]阪大・理・化学 (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)、[2]JST-ERATO 村田脂質活性構造プロジェクト (JST-ERATO, Murata PRJ)

1WE-03 [16:50] **難水溶性抗癌剤内包タンパク質ナノカプセルの開発と DDS への応用**

Development of protein nano-capsule including poorly water-soluble anti-cancer drug and its application for DDS

○乾 隆 (Takashi Inui)

大府大・生命環境科学・応用生命科学 (Applied Life Sci., Grad. Sch. of Life and Environ. Sci., Osaka Pref. Univ.)

1WE-04 [17:15] **パーフルオロアルキル基を含むリン脂質を用いた in vitro 膜タンパク質研究の展開**

Development of novel phospholipids containing the perfluoroalkyl groups for *in vitro* studies of membrane proteins

○園山 正史 (Masashi Sonoyama)

群馬大・院理工 (Div. Mol. Sci., Gunma Univ.)

1WE-05 [17:40] **BAR タンパク質による細胞膜の形態形成**

Plasma membrane morphogenesis by the BAR domain superfamily proteins

○末次 志郎 (Shiro Suetsugu)

奈良先端大・バイオサイエンス (Grad Sch Biol Sci, NAIST)

1WE-06 [18:05] **脂溶性基質を排出するトランスポーターの結晶構造解析と機能解析**

Structure and function of drug efflux transporter

○村上 聡 (Satoshi Murakami)

東工大・生命理工・分子生命 (Dept. Life Science, Tokyo Inst. Technol.)

2WA
A 会場（3F メインホール）/ Room A（3F Main Hall）
6 月 8 日（水）/ June 8（Wed.） 16:00 ~ 18:30

第 1 回 APPA 連携ワークショップ
The 1st APPA-PSSJ joint workshop

共催 : 大阪大学蛋白質研究所

Asia Pacific Protein Association (APPA) は、アジア太平洋地域での蛋白質研究の協力と発展を目指して 2004 年に設立された学術組織です (http://www.pssj.jp/APPA/)。現在の参加国・地域は、オーストラリア、中国、台湾、インド、インドネシア、日本、韓国、マレーシア、ニュージーランド、フィリッピン、シンガポール、タイ、ベトナムの 13 です。APPA の事務局は日本蛋白質科学会の中に置かれています。. これまでに横浜 (2004)、オーストラリア・ケアンズ (2008)、中国・上海 (2011)、韓国・済州島 (2014) でシンポジウムを開催し、次回のシンポジウムは 2017 年、タイで開催の予定です。2015 年 11 月 15 日にオーストラリア・キャンベラで開催された APPA カウンシル会議で、日本から、2016 年福岡での日本蛋白質科学会年会において APPA ワークショップを設けることが提案されました。提案は高く評価されると共に、APPA 各国においても同様の企画を行うことが合意されました。本ワークショップが、アジア・太平洋地域における蛋白質科学の発展に大きく貢献することを願っています。

The Asia Pacific Protein Association (APPA), founded in 2004, aims at advancing cooperation and collaboration in all aspects of protein science among countries in the Asia Pacific region (http://www.pssj.jp/APPA/). Participating countries include Australia, China, Chinese Taipei, India, Indonesia, Japan, Korea, Malaysia, New Zealand, Philippines, Singapore, Thailand, and Vietnam. APPA organizes an International Conference that provides an international forum to support communication, cooperation and collaboration. The office of APPA has been placed in the office of the Protein Science Society of Japan. The past Symposiums were held at Yokohama, Japan (2004), Cairns, Australia (2008), Shanghai, China (2011), and Jeju Island, Korea (2014). The next symposium will be held in 2017 in Thailand.

At the Council Meeting at Canberra, Australia in November 15, 2015, PSSJ kindly proposed to organize a joint workshop as a session during the annual meeting in 2016 at Fukuoka. Councils of APPA appreciated this wonderful proposal and agreed that other regional societies encourage to similarly having APPA sessions at their meetings. We believe that this workshop further contribute to advancing protein science among Asia Pacific region.

オーガナイザー : 児嶋 長次郎（大阪大）、光岡 薫（大阪大）
Organizers: Chojiro Kojima(Osaka Univ.), Kaoru Mitsuoka(Osaka Univ.)

2WA-01 [16:00] **Asia Pacific Protein Association and the aims of APPA Workshop**
○ Yuji Goto[1]、Hiroki Shirai[2]、Haruki Nakamura[3]
[1]APPA, past President and the Institute for Protein Research, Osaka University、
[2]APPA Council and Astellas Pharma Co., Ltd.、[3]APPA Council and the Institute for Protein Research, Osaka University

2WA-02 [16:10] **Molecular switching of DNA replication fork complex revealed by single particle analysis**
○ Kouta Mayanagi
Medical Institute of Bioregulation, Kyushu University

2WA-03 [16:30] **Pseudoatomic structure of the tripartite multidrug efflux pump AcrAB-TolC reveals the intermeshing cogwheel-like interaction between AcrA and TolC**
Hyeongseop Jeong[1]、Jin-Sik Kim[2]、Saemee Song[2]、Hideki Shigematsu[3]、
Takeshi Yokoyama[3]、○ Jaekyung Hyun[1]、Nam-Chul Ha[2]
[1]Nano-Bio Electron Microscopy Research Team, Korea Basic Science Institute、
[2]Department of Agricultural Biotechnology, Center for Food and Bioconvergence, Center for Food Safety and Toxicology, Research Institute for Agricultural and Life Sciences, Seoul National University、
[3]Division of Structural and Synthetic Biology, RIKEN Center for Life Science Technologies

2WA-04 [17:00] **Cryo-EM study of nucleosome and 30nm chromatin fiber**
○ Ping Zhu
Institute of Biophysics, Chinese Academy of Sciences

2WA-05 [17:30] **Unconventional myosins as cellular transporters and mechano-force sensors**

○ Mingjie Zhang

Division of Life Science, Hong Kong University of Science and Technology

2WA-06 [18:00] **Structural Studies Using X-ray Diffraction**

○ Atsushi Nakagawa

Institute for Protein Research, Osaka University

2WB

B 会場（2F 多目的ホール）/ Room B（2F Multipurpose Hall）
6 月 8 日（水）/ June 8（Wed.） 16:00 ~ 18:30

SACLA が拓くシリアルフェムト秒結晶構造学の最前線
Recent progress in serial femtosecond crystallography at SACLA

X線自由電子レーザー（XFEL）を多数の蛋白質微結晶に照射して構造解明するシリアルフェムト秒結晶構造学（SFX）の進歩が著しい。本ワークショップでは、日本の XFEL 施設 SACLA において蛋白質構造の無損傷解析、新規位相決定、時分割解析、膜蛋白質解析に携わる研究者が話題を提供し、蛋白質構造科学の未来について議論する。

Serial femtosecond crystallography using X-ray Free Electron Laser occurs some new approaches for protein crystallography. In this workshop, we discuss the future of protein structural study with radiation damage-free crystallography, new phase determination method, time resolved protein crystallography,and membrane protein structural analysis at SACLA.

オーガナイザー : 中津 亨（京都大）、溝端 栄一（大阪大）
Organizers: Toru Nakatsu(Kyoto Univ.), Eiichi Mizohata(Osaka Univ.)

2WB-01 [16:00] **SACLA におけるシリアルフェムト秒タンパク質結晶構造解析の現状**
Protein structure determination with serial femtosecond crystallography at SACLA

○中津 亨 (Toru Nakatsu)

京大・薬・構生 (Structbl., Grad Sch. of Pharm., Kyoto Univ.)

2WB-02 [16:30] **細胞内結晶の構造解析法の開発に向けた取り組み**
Methodological Development in Structure Determination of in vivo grown crystals

○湯本 史明 (Fumiaki Yumoto)

構生研セ、物構研、KEK (SBRC, IMSS, KEK)

2WB-03 [17:00] **SACLA が解明した銅含有亜硝酸還元酵素の常温無損傷構造**
Damage-free, room-temperature structures of copper-containing nitrite reductase revealed by SACLA

○溝端 栄一 (Eiichi Mizohata)

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

2WB-04 [17:30] **X 線自由電子レーザーを用いた GPCR の構造解析**
Structure determination using X-ray free-electron lasers

○島村 達郎 (Tatsuro Shimamura)

京大院・医 (Fac. of Med., Kyoto Univ.)

2WB-05 [18:00] **時分割シリアルフェムト秒 X 線結晶構造解析によるバクテリオロドプシンの光反応中間体構造**
Structural dynamics of bacteriorhodopsin using time-resolved serial femtosecond crystallography at SACLA
○南後 恵理子 [1,2] (Eriko Nango)、岩田 想 [1,2] (So Iwata)
[1]理研・放射光セ (RSC)、[2]京大院医 (Grad. Sch. of Med., Kyoto Univ.)

2WC

C 会場（4F 411）/ Room C（4F 411）
6 月 8 日（水）/ June 8（Wed.） 16:00 ～ 18:30

蛋白質を反応場モチーフとして用いた新しい生体触媒の創製
New Bicatalysts Using a Protein as a Reaction Scaffold

共催 : 新学術領域研究「高難度物質変換反応の開発を指向した精密制御反応場の創出」

酵素の中で特に活性中心近傍を形成するアミノ酸の３次元配置は、酵素反応を円滑に進めるための反応場として重要な役割を果たしている。我々は、この蛋白質反応場に注目し、蛋白質の改変（変異や化学的修飾等）による活性の飛躍的な向上、基質の選択性、生成物の立体化学の制御、そして非天然の斬新な人工酵素の創製をめざしている。本ワークショップでは、蛋白質を反応場とする新しい生体触媒の開発や理論的考察、あるいは工学的応用について、それぞれのスピーカーが最新の成果を報告する予定である。

We have recently focused on a protein scaffold in which a catalytic reaction proceeds smoothly and modified various proteins by mutagenetic and/or chemical methods to construct a new biocatalyst with a good reactivity and selectivity. In this workshop,the speakers present their recent results toward the design and preparation of new biocatalysis systems.

オーガナイザー : 林 高史（大阪大）、荘司 長三（名古屋大）
Organizers: Takashi Hayashi(Osaka Univ.), Osami Shoji(Nagoya Univ.)

[16:00] **はじめに**
Opening Remarks

2WC-01 [16:05] **金属錯体をタンパク質キャビティー内に固定化したバイオハイブリッド触媒の創製**
A Biohybrid Catalyst Harboring a Metal Complex within a Protein Cavity
○小野田 晃 [1] (Akira Onoda)、林 高史 [2] (Takashi Hayashi)
[1]阪大・工・応化 (Dept. of Applied Chem., Osaka Univ.)、[2]阪大・工・応化 (Dept. of Applied Chem., Osaka Univ.)

2WC-02 [16:25] **生体高分子に遷移金属錯体を導入したハイブリッド触媒の創製**
Creation of hybrid catalysts of transition metal complexes with biopolymers
○山口 浩靖 (Hiroyasu Yamaguchi)、小林 裕一郎 (Yuichiro Kobayashi)、高島 義徳 (Yoshinori Takashima)、橋爪 章仁 (Akihito Hashidzume)、原田 明 (Akira Harada)
阪大・理 (Grad. Sch. of Sci., Osaka Univ.)

2WC-03 [16:50] **素材タンパク質の構造的特徴に基づく生体触媒の創成および反応性制御**
Development of biocatalysts and their reactivity regulation based on structural characteristics of parent proteins
○松尾 貴史 (Takashi Matsuo)
奈良先端大・物質創成 (Grad. Sch. Mater. Sci., Nara Inst. Sci. Tech.)

2WC-04 [17:15] **酵素的な機能を示す分子触媒に関する理論的研究**
Computetional Study of Molecular Catalyst with Enzymatic Functionality
○長谷川 淳也 (Junya Hasegawa)
北大・触媒研 (ICAT, Hokkaido Univ.)

2WC-05 [17:40] **固相基質界面で機能する酵素複合材料の設計**

Design of new bioconjugates for biocatalysis at solid substrate surface

○神谷 典穂 [1,2] (Noriho Kamiya)

[1]九大・工・応用化学 (Dept. of Appl. Chem., Grad. Sch. of Eng., Kyushu Univ.)、
[2]九大・未来化セ・バイオテク (Div. Biotechnol., Cent. for Future Chem., Kyushu Univ.)

2WC-06 [18:05] **疑似基質による反応空間制御とガス状アルカンの水酸化反応**

Control of substrate binding by Substrate Analogs for Gaseous alkane hydroxylation

○荘司 長三 (Osami Shoji)

名大・理・物質理学 (Grad. Sch. Sci. Nagoya Univ.)

2WD

D 会場（4F 412）/ Room D（4F 412）
6 月 8 日（水）/ June 8（Wed.） 16:00 ～ 18:30

生命科学のビッグデータを用いた蛋白質構造バイオインフォマティクスの展開
New steps of structural bioinformatics on life science big data

さまざまな分野において、「ビッグデータ」が新しい知見をもたらしている。それでは生命科学、特にタンパク質研究とその周辺においては、ビッグデータはどのような新しい知見やこれからの研究の方向をもたらしているのだろうか。この疑問に対する答えを求めるために、構造バイオインフォマティクスの分野で活躍している研究者に、それぞれの分野のレビューをしてもらいながら、研究の動向を探り、ビッグデータにもとづくタンパク質科学を考えてみる。

"Big data" has laid big impact on many fields in science and the field of structural bioinformatics is no exception. However the specific impact of "big data" and its effect on the future direction of the discipline is not clear yet. To elucidate these unclear points, we will invite six researchers in the field and they will review and present the recent advancements in protein informatics based on the big data.

オーガナイザー : 由良 敬（お茶の水大）、清水 謙多郎（東京大）
Organizers: Kei Yura(Ochanomizu Univ.), Kentaro Shimizu(The Univ. of Tokyo)

[16:00] **はじめに**

Opening Remarks

○由良 敬 (Kei Yura)

お茶の水女子大 (Ochanomizu Univ.)

2WD-01 [16:03] **タンパク質の溶解度と配列・構造特徴との網羅的相関解析**

Comprehensive analysis of relationship between protein solubility and sequence / structure properties

○中村 周吾 [1] (Shugo Nakamura)、丹羽 達也 [2] (Tatsuya Niwa)、清水 謙多郎 [1] (Kentaro Shimizu)、
田口 英樹 [2] (Hideki Taguchi)、上田 卓也 [3] (Takuya Ueda)

[1]東大・院農・応生工 (Dept. of Biotech., Univ. of Tokyo)、
[2]東工大・院生理工・生分機工 (Dept. of Biomol. Eng., Tokyo Inst. Tech.)、
[3]東大・院新領域・メディカルゲノム (Dept. of Med. Genome Sci., Univ. of Tokyo)

2WD-02 [16:27] **大量の配列データから立体構造を探る**

Exploiting a large sequence database to understand the principles of protein structures

○金城 玲 (Akira R. Kinjo)

阪大・蛋白研 (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)

2WD-03 [16:51] **ヒトゲノム一塩基変異のタンパク質構造からの理解：Exome 6500 と JPN1K を例に**

Human single nucleotide variants on protein 3D structures: lesson from Exome 6500 and 1KJPN analyses

○西 羽美 [1] (Hafumi Nishi)、中田 純一 [2] (Junichi Nakata)、木下 賢吾 [1,2] (Kengo Kinoshita)

[1]東北大・院情報科学 (Grad. Sch. Info. Sci., Tohoku Univ.)、[2]東北大・ToMMo (ToMMo, Tohoku Univ.)

2WD-04 [17:15] **GGIP: GPCR 間相互作用ペア予測手法**

GGIP: structure and sequence-based GPCR-GPCR interaction pair predictor

○根本 航[1] (Wataru Nemoto)、山西 芳裕[2] (Yoshihiro Yamanishi)、Vachiranee Limviphuvadh[3]、藤 博幸[4] (Hiroyuki Toh)

[1]東電機大・理工・生命理工 (Life Sci. & Eng., Grad. Sch. of Sci. & Eng., TDU)、[2]九大・生防医 (MiB, Kyushu. Univ.)、[3]BII, A*STAR、[4]関西学院大・理工・生命医化 (Dept. Biomed.Chem., Scl. of Sci & Tech., Kwansei Gakuin Univ.)

2WD-05 [17:39] **転写因子のアクティビィティと結合サイト及びその周辺領域の DNA の特性の関係**

Transcription factor activities are associated with intrinsic conformational dynamics of binding-sites and distal flanking-regions

○河野 秀俊 (Hidetoshi Kono)

量子機構・分子シミュレーション (Molecular Modeling and Simulation, QST)

2WD-06 [18:03] **創薬等支援に向けたタンパク質基質結合部位の大量比較解析**

Massive comparative analysis of protein-ligand binding sites for drug discovery

○富井 健太郎 (Kentaro Tomii)

産総研 (AIST)

[18:27] **おわりに**

Closing Remarks

○清水 謙多郎 (Kentaro Shimizu)

東京大学 (The Univ. of Tokyo)

2WE

E 会場（4F 413）/ Room E（4F 413）
6 月 8 日（水）/ June 8（Wed.） 16:00 ～ 18:30

蛋白質医薬の安定性と免疫原性の最前線
Advances in the stability and immunogenicity of therapeutic proteins

抗体医薬などの蛋白質医薬は発展めざましく、今後も更に開発が進むと期待される。一方、蛋白質の複雑性に由来する幾つかの課題がある。近年、懸念されているのは、蛋白質の化学修飾、凝集体形成、および免疫原性である。本ワークショップでは、これらの課題について、評価方法の確立、抑制・低減方法の開発、現象の理解、に取り組んでいるアカデミアと企業の研究者による講演を通じ、現状を再認識するとともに今後の研究課題について討議する。

Recently, as for therapeutic proteins, chemical modifications and formation of aggregates are concerned because of their potential risk of immunogenicity. In this workshop, speakers from academic and industrial researchers will present the current status of the biophysical characterizations of protein modification and aggregates and also evaluation of their immunogenicity, Future prospects of this research topic will be also discussed.

オーガナイザー : 内山 進（大阪大）、石井 明子（国立衛生研）
Organizers: Susumu Uchiyama(Osaka Univ.), Akiko Ishii(NIHS)

2WE-01 [16:00] **蛋白質医薬の物理化学特性解析における蛋白質科学の役割**

How protein sciences contribute to biophysical characterizations of therapeutic proteins?

○内山 進 (Susumu Uchiyama)

阪大・工 (Grad Sch. of Eng., Osaka Univ.)

2WE-02 [16:25] **研究フェーズにおけるバイオ医薬の物性解析**

Physicochemical Analysis of Biologics in Reseasrch Phase

○長谷川 淳 (Jun Hasegawa)

第一三共（株）・モダリティ研究所 (Modality Research Laboratories, Daiichi Sankyo Co., Ltd.)

2WE-03 [16:50] **加速試験による抗体会合体生成量予測について**
Estimation of Aggregation rate based on Accelerated Stability Test
○安部 良太 (Ryota Abe)
アステラス製薬・物性研・分析 4 研 (Astellas Pharma Inc., ARL, AS4)

2WE-04 [17:15] **バイオ医薬品（組換えタンパク質医薬品）の品質と免疫原性**
Quality and immunogenicity of therapeutic proteins
○石井 明子 (Akiko Ishii-Watabe)
国立衛研・生物薬品 (NIHS)

2WE-05 [17:40] **蛋白質医薬品の免疫原性機序と臨床影響**
Mechanisms and clinical significance of immunogenicity on therapeutic proteins
○斎藤 嘉朗 (Yoshiro Saito)
国立衛研　医薬安全 (Div of Medicinal Safety Sci., Natl. Inst. Health Sci.)

2WE-06 [18:05] **次世代抗体医薬の免疫原性評価および免疫原性低減戦略**
Evaluation of immunogenicity and deimmunization strategy of next generation antibodies
○井川 智之 (Tomoyuki Igawa)
中外製薬株式会社　研究本部 (Chugai Pharmaceutical Co., Ltd. Research Division)

3WC

C 会場（4F 411）/ Room C（4F 411）
6 月 9 日（木）/ June 9（Thu.） 9:00 ～ 11:30

人工的にカスタマイズされた蛋白質による生命現象の再構成
Reconstitution of cellular events using artificially customized protein molecules

リン酸化や糖鎖付加を初めとする翻訳後修飾（カスタマイゼーション）は、蛋白質を単なるポリペプチド鎖から機能する分子へと変化させる。本ワークショップでは、生体内で起きる特異的なカスタマイゼーションを再構成する技術や、天然の蛋白質では解析困難な事象の解明に向けて人工的なカスタマイゼーションを導入する技術などを紹介するとともに、カスタマイズされた分子を用いた先進的な構造動態解析の研究例も紹介する。

Post-translational modifications such as phosphorylation and glycosylation are “customizations” to endow polypeptide chains with their specific functionalities. This workshop will focus on advanced technologies to reproduce physiological customizations or to introduce artificial customizations into polypeptide chains, which will accelerate understanding of cellular events in the field of structural life science.

オーガナイザー : 禾 晃和（横浜市立大）、佐藤 匡史（名古屋市立大）
Organizers: Terukazu Nogi(Yokohama City Univ.), Tadashi Satoh(Nagoya City Univ.)

[9:00] **はじめに**
Opening Remarks
○禾 晃和 (Terukazu Nogi)
横浜市立大学 (Yokohama City Univ.)

3WC-01 [9:03] **化学合成を利用したタンパク質、糖タンパク質の機能解明研究**
Synthetic protein as a tool for the functional analysis of protein and glycoprotein
○北條 裕信 (Hironobu Hojo)
阪大・蛋白研 (Inst. for Prot. Res., Osaka Univ.)

3WC-02 [9:24] **糖鎖を目印としたタンパク質品質管理機構の構造基盤**
Structural basis for protein quality control systems mediated by glycan tags
○佐藤 匡史 [1,2] (Tadashi Satoh)、Tong Zhu[1]、年森 隆泰 [1,3,4] (Takayasu Toshimori)、
山口 拓実 [1,3,4,5] (Takumi Yamaguchi)、加藤 晃一 [1,3,4] (Koichi Kato)
[1]名市大・院薬 (Grad. Sch. of Pharm. Sci., Nagoya City Univ.)、[2]JST・さきがけ (JST, PRESTO)、[3]分子研 (Inst. Mol. Sci.)、
[4]統合バイオ (Okazaki Inst. Integr. Biosci.)、[5]北陸先端大 (JAIST)

3WC-03 [9:45] **非天然アミノ酸の導入によるタンパク質機能の人工的カスタマイズ**
Artificial customization of protein functions by introducing nonnatural amino acids
○芳坂 貴弘 (Takahiro Hohsaka)
北陸先端大・マテリアル (School of Materials Sci., JAIST)

3WC-04 [10:06] **部位特異的 *in vivo* 光架橋法を用いた生細胞内の動的タンパク質間相互作用解析**
***In vivo* analysis of dynamic protein-protein interactions using site-directed photo-crosslinking**
○森 博幸 [1] (Hiroyuki Mori)、宮崎 亮次 [1] (Ryoji Miyazaki)、町田 裕紀子 [1] (Yukiko Machida)、
三登 一八 [1] (Kazuya Mito)、何 あゆみ [1] (Ayumi Ga)、秋山 光市郎 [1] (Koichiro Akiyama)、
大門 康志 [1] (Yasushi Daimon)、舛井 千草 [1] (Chigusa Masui)、塚崎 智也 [2] (Tomoya Tsukazaki)、
堂前 直 [3] (Naoshi Dohmae)、成田 新一郎 [4] (Shin-ichiro Narita)、秋山 芳展 [1] (Yoshinori Akiyama)
[1]京大・ウイルス研 (Inst. Virus Res,, Kyoto Univ.)、[2]奈良先端大・バイオ (Grad. Sch. Biosci., NAIST)、
[3]理研・CSRS (CSRS, Riken)、[4]盛岡大・栄養 (Facul. Nutri. Sci., Univ. Morioka)

3WC-05 [10:27] **細胞内で受ける翻訳後修飾を導入したタンパク質の調製と評価**
Preparation and evaluation of a protein with post-translational modifications
○有田 恭平 (Kyohei Arita)、松尾 隆弘 (Takahiro Matsuo)、平林 海恒 (Kaikou Hirabayashi)、
松村 るみゑ (Rumie Matsumura)、小田 隆 (Takashi Oda)、郡 聡美 (Satomi Kori)、
河合 綾希子 (Akiko Kawai)
横市大・生命医 (Graduate School of Medical Lifescience, Yokohama City Univ.)

3WC-06 [10:48] **アセチル化に伴うヌクレオソームの構造変化の解析**
Analysis of nucleosome structural changes by acetylation
○七種 和美 [1,2] (Kazumi Saikusa)
[1]広大・理 (Grad Sch. of Sci., Hiroshima Univ.)、[2]横市大・生命医科学 (Grad Sch. of Med. Life Sci., Yokohama City Univ.)

3WC-07 [11:09] **Heterochromatin Protein 1 のリン酸化：in silico でのカスタマイズ**
Phosphorylation of heterochromatin protein 1: Simulated customization
○木寺 詔紀 (Akinori Kidera)、大森 聡 (Satoshi Omori)、森次 圭 (Kei Moritsugu)、
西村 善文 (Yoshifumi Nishimura)
横浜市大・生命医 (Grad. Schl. Med. Life Sci. YCU)

3WD

D 会場（4F 412）/ Room D（4F 412）
6 月 9 日（木）/ June 9（Thu.） 9:00 ～ 11:30

クロマチン修飾：その再構成と機能解析
Chromatin modifications: their reconstitution and functional analyses

DNA メチル化やヒストン修飾に代表されるクロマチン修飾はエピゲノムの頑強さや可塑性の鍵となっているが、その精密な再構成の難しさが長らく機能解析を妨げていた。近年、化学・生化学の技術革新により、自在なヒストン修飾を含むヌクレオソームの再構成が可能になりつつある。本ワークショップでは種々のクロマチン修飾を解析する若手研究者の発表を通して、クロマチン修飾研究の将来を展望する。

Chromatin modifications including DNA methylation and histone modifications are keys to the robustness and plasticity of epigenome. Although their precise reconstitution had not been successful, recent technological advancement enabled us to achieve it using designed histone modifications. In this workshop, young scientists studying a variety of chromatin modifications prospect this field through their presentations.

オーガナイザー : 梅原 崇史（理研）、鵜木 元香（九州大）
Organizers: Takashi Umehara(RIKEN), Motoko Unoki(Kyushu Univ.)

[9:00] **はじめに**
Opening Remarks
○鵜木 元香 (Motoko Unoki)
九州大学 (Kyushu Univ.)

3WD-01 [9:02] **ヒストンリジン残基の水酸化修飾の発見と DNA メチル化に関与する新しい因子の発見**
Discovery of histone lysine hydroxylation and novel factors involved in DNA methylation
○鵜木 元香 [1] (Motoko Unoki)、益田 晶子 [2,3] (Akiko Masuda)、堂前 直 [2] (Naoshi Dohmae)、
中村 祐輔 [4] (Yusuke Nakamura)、佐々木 裕之 [1] (Hiroyuki Sasaki)
[1]九大・生医研 (M.I.B., Kyushu Univ.)、[2]理研 (RIKEN)、[3]海技安研 (Nat. Maritime Res. inst.)、[4]シカゴ大学 (Chicago Univ.)

3WD-02 [9:25] **ポリコーム複合体によるエピゲノム制御**
Polycomb repressive complexes and epigenome regulation
○伊藤 伸介 (Shinsuke Ito)、柴田 真利花 (Marika Shibata)、古関 明彦 (Haruhiko Koseki)
理研・統合生命 (RIKEN IMS)

3WD-03 [9:50] **DNA 脱メチル化制御機構の解析**
Investigation of epigenetic regulation on a single gene promoter during DNA demethylation
○高橋 沙央里 (Saori Takahashi)、末武 勲 (Isao Suetake)
阪大・蛋白研 (Dept. Epigenetics, Protein Res. Inst., Osaka Univ.)

3WD-04 [10:15] **化学合成ヒストンを用いたクロマチン修飾解析プラットフォームの構築**
Chemically synthesized histone proteins as a platform for in-cell and in vitro chromatin modification analysis
○林 剛介 [1] (Gosuke Hayashi)、岡本 晃充 [1,2] (Akimitsu Okamoto)
[1]東大・工・化生 (Dept. of Chem. and Biotech. Univ. of Tokyo)、[2]東大・先端研 (RCAST, The Univ. of Tokyo)

3WD-05 [10:40] **人工触媒システムによるクロマチン修飾法**
Chromatin modification by artificial catalyst systems
○川島 茂裕 [1,2] (Shigehiro Kawashima)
[1]東大院・薬 (The Univ. of Tokyo, Grad. Sch. of Pharm. Sci.)、[2]JST-ERATO

3WD-06 [11:05] **「エピヌクレオソーム」の再構成と機能・構造解析**
Reconstitution and functional/structural analyses of 'epi-nucleosomes'
○梅原 崇史 (Takashi Umehara)
理研・CLST (Center Life Sci. Tech., RIKEN)

[11:28] **おわりに**
Closing Remarks
○梅原 崇史 (Takashi Umehara)
理研 (RIKEN)

3WE

E 会場（4F 413）/ Room E（4F 413）
6 月 9 日（木）/ June 9（Thu.） 9:00 ～ 11:30

天然変性タンパク質研究の深まりと広がり
Deepening and expansion of protein intrinsic disorder

天然変性タンパク質の最初の報告からおよそ 20 年が経とうとしている。生理的条件下で、安定・コンパクトな立体構造を持たないという天然変性タンパク質の構造、性質、機能を解明するために、様々な先端計測手法が開発され、適用されてきた。本 WS では最新の天然変性タンパク質研究が新手法によりその理解をどう深めたのか、また、応用研究がどう広まり、生物学的研究に波及効果をもたらしたのかについて議論する。

After the discovery of intrinsically disordered proteins (IDPs) almost 20 yeas ago, many analytical methods and instruments have been extensively developed to elucidate the structural and functional features of IDPs. In this workshop, we will focus on how these state-of-the-art techniques facilitate to expand and deepen the research of IDPs.

オーガナイザー : 太田 元規（名古屋大）、廣明 秀一（名古屋大）
Organizers: Moronori Ota(Nagoya Univ.), Hidekazu Hiroaki(Nagoya Univ.)

3WE-01 [9:00] **はじめに**
Introduction
○太田 元規 (Motonori Ota)
名大・情科 (Sch. Info. Sch. Nagoya Univ.)

3WE-02 [9:05] **天然変性タンパク質の多様な標的分子結合機構**
Various mechanisms of binding to target molecules of intrinsically disordered proteins
○菅瀬 謙治 (Kenji Sugase)
京大・工・分子工 (Dept. of Mol. Eng., Grad. Sch. of Eng., Kyoto Univ.)

3WE-03 [9:30] **天然変性蛋白質の構造・機能の高速 AFM 解析**

High-Speed AFM analyses of the structure and function of IDPs

○安藤 敏夫 (Toshio Ando)

金沢大・理工・数物 (Dept. of Physics, Kanazawa University)

3WE-04 [10:00] **タンパク質複合体の天然変性領域の構造への影響**

Effect of intrinsically disordered regions on structures of protein complexes

○明石 知子 (Satoko Akashi)

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

3WE-05 [10:25] **天然変性タンパク質としての細胞周期関連分子 CAMP の機能**

Functions of a cell cycle-related molecule, CAMP, as an intrinsically-disordered protein

池田 真教[1] (Masanori Ikeda)、家村 顕自[1] (Kenji Iemura)、古寺 哲幸[2] (Noriyuki Kodera)、
有田 恭平[3] (Kyohei Arita)、西村 善文[4] (Yoshifumi Nishimura)、○田中 耕三[1] (Kozo Tanaka)

[1]東北大・加齢研・分子腫瘍 (Dept. of Mol. Oncol., Inst. of Dev. Aging and Cancer, Tohoku Univ.)、
[2]金沢大・理工・バイオ AFM 先端研 (Bio-AFM Fron. Res. Center, Col. of Sci. and Eng., Kanazawa Univ.)、
[3]横浜市大・生命医科学・構造生物学 (Struct. Biol., Grad. Sch. of Med. Life Sci., Yokohama City Univ.)、
[4]横浜市大・生命医科学・プロジェクト研 (Project Lab., Grad. Sch. of Med. Life Sci., Yokohama City Univ.)

3WE-06 [10:55] **高分子クラウダーとしての天然変性タンパク質とその応用**

Application of intrinsically disordered proteins as a macromolecular crowder

松尾 直紀[1] (Naoki Matsuo)、岡崎 寛貴[1] (Hiroki Okazaki)、天野 剛志[1] (Takeshi Tenno)、
合田 名都子[1] (Natsuko Goda)、清水 佳奈子[2] (Kanako Shimizu)、福地 佐斗志[3] (Satoshi Fukuchi)、
太田 元規[4] (Motonori Ota)、○廣明 秀一[1] (Hidekazu Hiroaki)

[1]名大・院・創薬 (Grad. Sch. Pharm. Sci., Nagoya Univ.)、[2]産総研・創薬基盤研究部門 (Adv. Inst. Sci. Tech.)、
[3]前橋工科大 (Maebashi Inst. Tech.)、[4]名大・院・情報 (Grad. Sch. Information Sci., Nagoya Univ.)

[11:20] **総合討論・まとめ**

Discussion

3WCp C 会場（4F 411）/ Room C（4F 411）
6月9日（木）/ June 9（Thu.） 15:00 ～ 17:30

蛋白質科学の視点から迫る新生鎖生物学
Nascent-chain biology approached by protein science

共催 : 新学術領域研究「新生鎖の生物学」

細胞内のタンパク質は全て翻訳途上の新生ポリペプチド鎖（新生鎖）の状態を経由する。従来、新生鎖は単なる過渡的な中間体にすぎないと理解されてきたが、最近、新生鎖が自分自身の機能化や品質管理も含めて、生命現象の制御と調節に関わることが明らかになってきている。本ワークショップでは、新生鎖や新生鎖関連蛋白質に焦点を絞った構造生物学、試験管内再構成、分子シミュレーションなどの最新の進展を紹介することで新生鎖の生物学の拡がりを共有したい。

All proteins experience states of the nascent peptidyl-tRNAs, defined as "nascent chains", during the translation. Recently, accumulating evidences have revealed that nascent chains are directly involved in a variety of cellular processes including self-maturation and the quality control system. This workshop aims to introduce recent advances in the nascent-chain biology in regard to structural biology, reconstitution and molecular simulation.

オーガナイザー : 田口 英樹（東京工業大）、稲葉 謙次（東北大）
Organizers: Hideki Taguchi(Tokyo Tech.), Kenji Inaba(Tohoku Univ.)

[15:00] **はじめに**
Opening Remarks
○稲葉 謙次 (Kenji Inaba)
東北大 (Tohoku Univ.)

3WCp-01 [15:05] **原子分解能での構造解析へと向けたリボソームのクライオ電子顕微鏡単粒子解析**
Towards near atomic resolution structural analysis of ribosomes in electron cryo-microscopy
○横山 武司 (Takeshi Yokoyama)
理化学研究所　ライフサイエンス技術基盤研究センター (RIKEN Center for Life Science Technologies)

3WCp-02 [15:25] **哺乳動物分泌タンパク質の新生鎖上にジスルフィド結合を形成する仕組み**
Mechanisms of disulfide bond formation in newly-synthesized secretory proteins
○門倉 広 (Hiroshi Kadokura)、稲葉 謙次 (Kenji Inaba)
東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)

3WCp-03 [15:45] **X線結晶解析法による新生タンパク質のフォールディング機構の解明**
Crystallographic Study on Folding Mechanism of Nascent Polypeptide Chains
花園 祐矢 (Yuya Hanazono)、竹田 一旗 (Kazuki Takeda)、○三木 邦夫 (Kunio Miki)
京大・院理・化学 (Dept. of Chem., Grad. Sch. of Sci., Kyoto Univ.)

3WCp-04 [16:05] **翻訳と共役したフォールディング反応機構の分子シミュレーション研究**
Co-translational folding reaction mechanisms studied by molecular simulations
○高田 彰二 (Shoji Takada)
京大・理・生物物理 (Dept. Biophys. Kyoto Univ.)

3WCp-05 [16:25] **新生鎖を膜透過させる Sec 蛋白質の X 線結晶構造解析**

X-ray crystallography of Sec protein translocation machinery

田中 良樹[1] (Yoshiki Tanaka)、菅野 泰功[1] (Yasunori Sugano)、武本 瑞貴[2] (Mizuki Takemoto)、
森 貴治[3] (Takaharu Mori)、古川 新[1] (Arata Furukawa)、吉海江 国仁[1] (Kunihito Yoshikaie)、
草木迫 司[2] (Tsukasa Kusakizako)、熊崎 薫[2] (Kaoru Kumazaki)、鹿島 絢子[2] (Ayako Kashima)、
石谷 隆一郎[2] (Ryuichiro Ishitani)、杉田 有治[3] (Yuji Sugita)、濡木 理[2] (Osamu Nureki)、
○塚崎 智也[1] (Tomoya Tsukazaki)

[1]奈良先端大・バイオ (NAIST, Grad. Sch. of Biol. Sci.)、[2]東大・院理 (Grad. Sch. of Sci., Univ. of Tokyo)、[3]理研 (RIKEN)

3WCp-06 [16:45] **プロテアソームによる新生鎖の分解制御**

Regulation of proteasomal degradation of nascent chain

○伊野部 智由 (Tomonao Inobe)

富山大・先端ライフ (Front. Res. Core for Life Sci, Univ. of Toyama)

3WCp-07 [17:05] **新生鎖の運命を司るシャペロンとプロテアーゼの分子機構解析**

Mechanism of chaperones and proteases in nascent-chain folding

○田口 英樹 (Hideki Taguchi)

東京工業大学大学院　生命理工学研究科 (Grad. Sch. of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Tech.)

[17:25] **総合討論**

Discussion

○田口 英樹 (Hideki Taguchi)

東京工業大 (Tokyo Tech.)

3WDp D 会場（4F 412）/ Room D（4F 412）
6 月 9 日（木）/ June 9（Thu.） 15:00 ～ 17:30

回転分子モーターを調べてつくって理解する
Analytic and synthetic approaches to the molecular mechanism of the rotary motor proteins

F/V 型 ATPase に代表される回転分子モーターでは、ATPase サブユニットの動きが棒状の回転子に伝えわることで回転子が回る。本ワークショップでは、回転軸の De novo 合成、非天然型モーターを作る試み、動的構造解析、計算機シミュレーション、クライオ EM、生体膜デバイスによるモーター計測に関する話題を提供し、計測に加えて作る試みを通じて明らかになった分子モーターの回転メカニズムを議論する。

F/V-type ATPases are biological rotary motors. The movement of the ATPase subunits generated by ATP-hydrolysis rotates the central shaft, but the torque generation mechanism is still obscure. In this workshop we will discuss the rotational mechanism of the biological rotary motor revealed by various analytical techniques and recent synthetic approaches.

オーガナイザー : 今田 勝巳（大阪大）、横山 謙（京都産業大）
Organizers: Katsumi Imada(Osaka Univ.), Ken Yokoyama(Kyoto Sangyo Univ.)

[15:00] **はじめに**

Opening Remarks

○今田 勝巳 (Katsumi Imada)

大阪大学 (Osaka Univ.)

3WDp-01 [15:03] **蛋白質輸送体の中に存在する、回転分子モーターによく似た複合体**
protein translocator resembling the F1-rotary motor

○寺島 浩行[1] (Hiroyuki Terashima)、川本 晃大[2] (Akihoro Kawamoto)、巽 千夏[1] (Chinatsu Tatsumi)、
難波 啓一[2,3] (Keiichi Namba)、南野 徹[2] (Tohru Minamino)、今田 勝巳[1] (Katsumi Imada)

[1]阪大・理・高分子 (Dept. Macromol., Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)、[2]阪大・生命機能 (Grad. Front. Sci., Osaka Univ.)、
[3]理研・QBiC (RIKEN, QBiC)

3WDp-02 [15:25] **低温電子顕微鏡を用いた単粒子解析による Thermus Thermophilus V-ATPase の構造解析**
Single particle analysis of Thermus Thermophilus V-ATPase by Cryo-Electron Microscopy

○光岡 薫[1] (Kaoru Mitsuoka)、中西 温子[2] (Atsuko Nakanishi)、竹内 奈央[2] (Nao Takeuchi)、
難波 伸丞[1] (Shinsuke Namba)、岸川 淳一[2] (Jun-ichi Kishikawa)、横山 謙[2] (Ken Yokoyama)

[1]阪大・超高圧 (UHVEM, Osaka Univ.)、[2]京産大・総合生命 (Dept. Mol. Biosci., Kyoto Sangyo Univ.)

3WDp-03 [15:50] **マイクロデバイスを利用した膜局在型回転分子モーターの 1 分子機能解析析**
Single molecule analysis of membrane-embedded rotary motor protein by using a microfabricated device

○渡邉 力也[1,2] (Rikiya Watanabe)

[1]東大・工・応化 (Grad Sch. of Eng., Univ. of Tokyo)、[2]JST・さきがけ (PRESTO, JST)

3WDp-04 [16:15] **回転分子モーターの分子動力学シミュレーション**
Molecular dynamics simulation of molecular rotary motors

○池口 満徳 (Mitsunori Ikeguchi)

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

3WDp-05 [16:40] **高速原子間力顕微鏡で調べる回転分子モーターの構造ダイナミクス**
Conformational Dynamics of Rotary Motor Proteins Studied by High-Speed AFM

○内橋 貴之[1] (Takayuki Uchihashi)、今村 元紀[1] (Motonori Imamura)、村田 武士[2] (Takeshi Murata)、
飯野 亮太[3] (Ryota Iino)、今田 勝己[4] (Katsumi Imada)、横山 謙[5] (Ken Yokoyama)、
安藤 敏夫[1] (Toshio Ando)

[1]金大・理工 (Coll. of Sci. & Eng., Kanazawa Univ.)、[2]千葉大・理・ (Grad. Sch. of Sci., Chiba Univ.)、
[3]岡崎統合バイオ / 分子研 (OIIB/IMS)、[4]阪大・理 (Grad. Sch. of Sci., Osaka Univ.)、
[5]京産大・統合生命 (Dep. of Mol. Biosci., Kyoto Sangyo Univ.)

3WDp-06 [17:05] ***De novo* 設計人工軸の回転とそこから明らかになったトルク発生の仕組み**
The rotation of *de novo* designed artificial axis reveals the mechanism of torque generation

○岸川 淳一 (Jun-ichi Kishikawa)、馬場 みほ里 (Mihori Baba)、中西 温子 (Atsuko Nakanishi)、
横山 謙 (Ken Yokoyama)

京都産大・総合生命・生命システム (Dept. Mol. Biosci., Kyoto Sangyo Univ.)

[17:28] **おわりに**
Closing Remarks

○横山 謙 (Ken Yokoyama)

京都産業大 (Kyoto Sangyo Univ.)

3WEp E 会場（4F 413）/ Room E（4F 413）
6月9日（木）/ June 9（Thu.） 15:00 ～ 17:30

人工分子設計・進化システム構築による“ネオバイオ分子”の創生を目指して
Artificial design and evolution system to create “neobiological molecules”

蛋白質・核酸・糖鎖等のバイオ分子は、生物が環境に適応して生きるために長年進化させてきた機能分子である。新しい人工バイオ分子の創出を目的として、バイオ分子の進化を実験室内でいかに高速化するか、いかに合理的に設計するか等、様々なアプローチで新分子創生に挑んでいる若手研究者を中心に、関連分野の研究者が一堂に会することで、天然分子を超えた“ネオバイオ分子”の創生及び応用化を目指す新潮流を起こしていきたい。

Biomolecules including proteins, nucleic acids and sugar chains have been evolved for living organisms to survive in various environments. In this workshop, assembled scientists including young researchers, who take on challenges to develop new artificial biomolecules using various approaches, will drive a new trend to create “neobiological molecules”.

オーガナイザー : 新井 亮一（信州大）、梅津 光央（東北大）、根本 直人（埼玉大）
Organizers: Ryoichi Arai(Shinshu Univ.), Mitsuo Umetsu(Tohoku Univ.), Naoto Nemoto(Saitama Univ.)

[15:00] **はじめに / Introduction**
○根本 直人 (Naoto Nemoto)
埼玉大 (Saitama Univ.)

3WEp-01 [15:10] **人工分子コアの 10BASEd-T 法による進化**
Evolution of artificial-molecule core via the 10BASEd-T
○瀧 真清 (Masumi Taki)
電通大・情報理工 (Dept. of Eng. Sci., UEC)

3WEp-02 [15:35] **人工蛋白質ナノブロック (PN-Block) による自己組織化ナノ構造創製：“ネオバイオ分子”創出へ向けて**
Self-Assembling Nano-Architectures created from *de Novo* Protein Nano-building Blocks (PN-Blocks) toward Neo-biomolecules
小林 直也 (Naoya Kobayashi)、木村 尚弥 (Naoya Kimura)、○新井 亮一 (Ryoichi Arai)
信州大・繊維・応生 (Dept. of Appl. Biol., Fac. of Tex. Sci. Tech., Shinshu Univ.)

3WEp-03 [16:00] **変異導入設計に焦点をあてた抗体の分子進化**
How we design high-quality libraries for the directed evolution
○服部 峰充 (Takamitsu Hattori)
東北大・院工・バイオ工 (Dept. of Biomol. Eng., Grad. Sch. of Eng., Tohoku Univ.)

3WEp-04 [16:20] **完全人工デザインＶＨＨ抗体の進化工学的創製**
Creation of artificial designed VHH (Variable domain of heavy chain of heavy chain antibody) through evolutionary molecular engineering
○鈴木 武尊 [1,2] (Takeru Suzuki)、根本 直人 [1] (Naoto Nemoto)
[1]埼玉大・理工・物質科学 (Grad school of Sci & Eng, Saitama University)、
[2]プレシジョン・システム・サイエンス株式会社 (Precision System Science Co., Ltd.)

3WEp-05 [16:40] **ラクダ科動物由来シングルドメイン VHH 抗体の安定性を利用した抗体素材および医薬への応用**
The mechanism of heat-induced irreversible denaturation and medical and material application of single domain VHH antibody
○赤澤 陽子 (Yoko Akazawa)、萩原 義久 (Yoshihisa Hagihara)
産総研・健康工学 (AIST)

3WEp-06 [17:00] **精密な高分子合成を利用したネオ糖鎖コンジュゲートの創製**
Neo-Glycoconjugate with controlled polymerization
○三浦 佳子 (Yoshiko Miura)
九州大学大学院工学研究院化学工学部門 (Department of Chemical Engineering, Graduate School of ●●●●●)

[17:25] **総合討論・まとめ / Discussion**
○梅津 光央 (Mitsuo Umetsu)
東北大 (Tohoku Univ.)