1WA

A 会場 (会議棟 2F 橋) / Room A (Tachibana, Conference bldg. 2F)
6月20日 (火) / June 20 (Tue.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

ヌクレオソーム構造決定から 20 年 - そこから見えたものと今後の展開

20 years anniversary since nucleosome structure was determined -what we have learned and what we have not yet

共催：新学術領域研究「動的クロマチン構造と機能」

ヌクレオソームの立体構造が決定されてちょうど 20 年。DNA 収納体のヌクレオソームはどのように破壊・再構成されるのか、ヌクレオソームを構成する多くのヒストンタンパク質バリエーションの役目やその翻訳後修飾の機能は何か、ヌクレオソームの高次構造体、クロマチンの構造変化と機能発現の関係は、など依然として多くの謎が残されている。本ワークショップでは、これらの問題に対する様々な研究の現状と今後の展望を議論する。

It has been 20 years since the first atomic structure of nucleosome was determined. Nucleosome was considered to be just a structure, which accommodates genomic DNA in the nucleus. However, recent evidences strongly suggest that nucleosome positively regulates genomic DNA function. We will discuss the regulatory mechanism of genomic DNA based on chromatin structure and dynamics, which are highly influenced by variants and post-translational modifications of histones.

オーガナイザー：胡桃坂 仁志 (早稲田大)、河野 秀俊 (量研機構)
Organizers: Hitoshi Kurumizaka (Waseda Univ.), Hidetoshi Kono (QST)

[16:00] 始めに

Opening Remarks

○河野 秀俊 (Hidetoshi Kono)

量子科学技術研究開発機構 (QST)

1WA-01 [16:03] **ヌクレオソームの構造と動的多様性によるゲノム DNA 機構制御**

Studies for the nucleosome structure and dynamics

○胡桃坂 仁志 (Hitoshi Kurumizaka)

早稲田大・先進理工 (Grad. Sch. of Adv. Sci. and Eng., Waseda Univ.)

1WA-02 [16:27] **ヒストン H2A-H2B とヒストンシャペロンの相互作用構造**

Interaction between histone H2A-H2B and histone chaperones

○西村 善文 (Yoshifumi Nishimura)

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

1WA-03 [16:51] **再構成したヌクレオソームのネイティブ質量分析**

Native mass spectrometry of reconstituted nucleosomes

○明石 知子 (Satoko Akashi)

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

1WA-04 [17:15] **粗視化分子シミュレーションによるヌクレオソーム動態研究**

Nucleosome dynamics studied by coarse-grained molecular simulations

○高田 彰二 (Shoji Takada)

京大・理・生物物理 (Dept. of Biophys. Kyoto Univ.)

1WA-05 [17:39] **ヒストン H3 翻訳後修飾のヌクレオソーム動態に与える影響**
Impact of Post-translational Modification in Histone H3 tail on Nucleosome Structure and Dynamics

○河野 秀俊 (Hidetoshi Kono)

量研機構・量子ビーム・生体分子シミュレーション (Molecular Modeling and Simulation, QST)

1WA-06 [18:03] **プログラムされた DNA 損傷修復を担うヒストン H3K36me メチル化酵素**
Histone H3 lysine 36 methyltransferase controls the programmed DNA-damage response

○浦 聖恵 (Kiyoe Ura)

千葉大・理・生 (Dept. Science, Chiba Univ.)

[18:27] **終わりに**

Closing Remarks

○胡桃坂 仁志 (Hitoshi Kurumizaka)

早稲田大 (Waseda Univ.)

1WB

B 会場 (会議棟 3F 白樺 1) / Room B (Shirakashi 1, Conference bldg. 3F)
 6月20日(火) / June 20 (Tue.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

抗体医薬の構造、物性、機能 1 –高品質化に向けた構造物性解析の高度化–

Structure, solution property and function of antibody drugs 1

-Development of biophysical characterization methods for enhanced properties-

現在、構造、物性、機能を総合的に考慮した抗体医薬の開発が求められており、蛋白質科学的なアプローチが重要となっている。本ワークショップでは、抗体の凝集体発生を防ぐための安定化戦略、抗体の凝集機構、さらに抗体の構造変化を迅速に解析可能とする評価技術開発等、について、アカデミアと企業から発表を行う。蛋白質科学の観点から抗体医薬の構造物性解析の現状把握と高品質化の際の課題について討議する予定である。

Antibody drug development requires total design including structure, solution property and function of antibody molecules. In this workshop, researches related to stabilization of antibody solution, mechanism of antibody aggregation, and new detection method for antibody structural change will be presented. How protein science contributes to development of high quality drug will be discussed.

オーガナイザー：内山 進 (大阪大)、本田 真也 (産総研)

Organizers: Susumu Uchiyama (Osaka Univ.), Shinya Honda (AIST)

[16:00] **始めに**

Opening Remarks

○内山 進 (Susumu Uchiyama)

大阪大 (Osaka Univ.)

1WB-01 [16:03] **治療用モノクローナル抗体の酸ストレス変性と凝集化**

Acid-Induced Unfolding and Aggregation of Therapeutic Antibodies

○本田 真也^{1,2} (Shinya Honda)

¹産総研・バイオメディカル (Biomed. Res. Inst., Natl. Inst. Adv. Indust. Sci. Tech. (AIST)),

²東大院・新領域・メディカル情報生命 (Grad. Sch. of Front Sci., The Univ. of Tokyo)

1WB-02 [16:25] **抗体医薬の非天然型立体構造検出装置の開発**

The development of non-natural three-dimensional structure detection equipment of antibody drugs

○大江 正剛 (Seigo Oe)、木津 奈都子 (Natsuko Kizu)、井出 輝彦 (Teruhiko Ide)

東ソー株式会社 (TOSOH Corp.)

- 1WB-03** [16:47] **低分子化抗体精製用アフィニティークロマトグラフィー担体の開発**
(1P-121) **Development of affinity chromatography resins for purification of antibody fragments**
○吉田 慎一^{1,2} (Shinichi Yoshida)、村田 大^{1,2} (Dai Murata)、西八條 正克^{1,2} (Masakatsu Nishihachijo)、
唐杉 慶一^{1,2} (Keiichi Karasugi)、荻原 侑莉恵^{1,2} (Yurie Ogihara)、船木 正広^{1,2} (Masahiro Funaki)、
水口 和信^{1,2} (Kazunobu Minakuchi)
¹ (株) カネカ (Kaneka Corp.)、²次世代バイオ医薬品製造技術研究組合 (Mfg. Technol. Assoc. of Biologics (MAB))
- 1WB-04** [17:04] **Fab'-PEG 抗体の物性評価**
Evaluation of physicochemical properties of Fab'-PEG antibody
○関口 光広 (Mitsuhiro Sekiguchi)
アステラス製薬 (Astellas Pharma Inc.)
- 1WB-05** [17:26] **抗体生産 CHO 細胞からの凝集抗体分泌とその構造的特徴**
(1P-119) **Secretory leakage of an aggregated antibody from CHO cells and its structural characterization**
○鬼塚 正義^{1,2} (Masayoshi Onitsuka)、大政 健史^{1,2,3} (Takeshi Omasa)
¹徳大・生物資源 (Grad. Sch. of Biosci. and Bioind., Tokushima Univ.)、²MAB、
³阪大・工・生命先端 (Grad. Sch. of Eng., Osaka Univ.)
- 1WB-06** [17:43] **高精度タンパク質定量と標準物質の開発**
Developments in high precision analysis of protein and the standard material
○絹見 朋也 (Tomoya Kinumi)、高津 章子 (Akiko Takatsu)
産総研・物質計測 (NMIJ/AIST)
- 1WB-07** [18:05] **蛋白質医薬溶液のトータルな最適化**
Total optimization of therapeutic proteins in liquid formulation
○内山 進 (Uchiyama Susumu)
阪大・工・生命先端 (Dept. Biotech. Grad. Sch. Eng., Osaka Univ.)
- [18:27] **終わりに**
Closing Remarks
○本田 真也 (Shinya Honda)
産総研 (AIST)

細胞内外で機能する人工蛋白質のボトムアップデザイン

Bottom-up design of functional artificial proteins in vitro and in vivo

近年の蛋白質科学と計算化学の発展に伴い、人工蛋白質の立体構造を新規にデザインすることが現実に可能となってきた。今後は、細胞内外で望みの機能を発揮できるような人工蛋白質をいかに合理的にデザインするか、という観点により重要となる。本ワークショップでは、人工蛋白質のデノボデザインや自己組織化、細胞で機能を発揮する人工キメラ蛋白質等の設計と応用に関する最新の研究成果を紹介し、今後の課題や展開について議論したい。

Recent developments in protein science and computational chemistry facilitate actually structural design of artificial proteins. For the future, rational design of functional artificial proteins in vitro and in vivo is very important issues. This workshop provides various hot topics for active discussions, such as de novo protein design, self-assembling artificial proteins, and functional chimeric proteins in cells.

オーガナイザー：新井 亮一 (信州大)、河原 正浩 (東京大)

Organizers: Ryoichi Arai (Shinshu Univ.), Masahiro Kawahara (The Univ. of Tokyo)

[16:00] 始めに

Opening Remarks

○新井 亮一 (Ryoichi Arai)

信州大 (Shinshu Univ.)

1WC-01 [16:03] タンパク質分子の合理デザイン：構造の設計と構造から機能創出への道筋

Computational Protein Design from Structure to Function

○古賀 信康 (Nobuyasu Koga)

分子研・協奏 (CIMoS, IMS)

1WC-02 [16:23] RE₃volutionary Design of Symmetric Proteins That Biomineralize Nanocrystals

○Kam YJ Zhang¹、Arnout RD Voet¹、Hiroki Noguchi²、David Simoncini¹、Christine Addy²、Jeremy RH Tame²

¹Structural Bioinformatics Team, Division of Structural and Synthetic Biology, Center for Life Science Technologies, RIKEN、

²Drug Design Laboratory, Graduate School of Medical Life Science, Yokohama City University

1WC-03 [16:43] 人工蛋白質ナノブロック (PN-Blocks) による自己組織化超分子ナノ構造複合体の創製

Self-assembling supramolecular nanostructure complexes created from *de novo* protein nanobuilding blocks (PN-Blocks)

小林 直也¹ (Naoya Kobayashi)、木村 尚弥¹ (Naoya Kimura)、○新井 亮一^{1,2} (Ryoichi Arai)

¹信州大・繊維・応生 (Dept. of Appl. Biol., Fac. of Tex. Sci. Tech., Shinshu Univ.)、²信州大・菌類微生物セ (CFMD, Shinshu Univ.)

1WC-04 [17:03] 数珠状ナノファイバーへと自己集合する二重疎水性エラスチン類似ポリペプチド

Double-hydrophobic elastin-like polypeptides assembling into beaded nanofibers

○鳴瀧 彩絵 (Ayae Sugawara-Narutaki)

名大・工・結材 (Dept. of Crystalline Mater Sci., Nagoya Univ.)

1WC-05 [17:23] 二重特異性材料認識抗体によるナノ材料の集積化

(1P-122)

Nanomaterial assembly via bispecific anti-inorganic antibody

○二井手 哲平 (Teppei Niide)、真鍋 法義 (Noriyoshi Manabe)、中澤 光 (Hikaru Nakazawa)、熊谷 泉 (Izumi Kumagai)、梅津 光央 (Mitsuo Umetsu)

東北大・工・バイオ (Dep. Biomol. Eng., Grad. Sch. Eng., Tohoku Univ.)

- 1WC-06** [17:36] **人工蛋白質による細胞内シグナル伝達操作**
Manipulating intracellular signal transduction with artificial proteins
 ○河原 正浩 (Masahiro Kawahara)
 東大・工・化生 (Dept. of Chem. and Biotechnol., Grad. Sch. of Eng., The Univ. of Tokyo)
- 1WC-07** [17:56] **抗原依存的に蛍光強度が増加する遺伝子コード型抗体プローブの創製**
Flashbody: genetically-encoded antibody-based fluorescent probe with antigen dependent fluorescence intensity
 ○ウオングソ デビナ¹ (Devina Wongso)、董 金華² (Jinhua Dong)、上田 宏² (Hiroshi Ueda)、北口 哲也^{1,3} (Tetsuya Kitaguchi)
¹早稲田シंगाポール研 (WABIOS)、²東工大・科技創院・化生科研 (Lab. Chem. Life Sci., Tokyo Tech.)、³早大・総研機構 (Waseda Univ.)
- 1WC-08** [18:09] **狙った標的に点変異を導入するゲノム編集人工酵素の開発**
Targeted nucleotide substitution by genome editing artificial enzyme
 ○西田 敬二 (Keiji Nishida)
 神戸大学大学院科学技術イノベーション研究 (Graduate School of Science, Technology and Innovation, Kobe University)
- [18:29] **終わりに**
Closing Remarks
 ○河原 正浩 (Masahiro Kawahara)
 東京大 (The Univ. of Tokyo)

1WD D 会場 (展示棟 会議室 3) / Room D (Meeting Room 3, Exhibition bldg.)
 6月20日 (火) / June 20 (Tue.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

酸素センシングの蛋白質科学 Protein Science in Oxygen Sensing

共催：新学術領域研究「酸素生物学」

2016年のラスカー賞の受賞研究は「Oxygen sensing」であり、PHD-HIFによる低酸素応答系の発見者に贈られた。しかし、生体にはPHD-HIF以外にも低酸素感知システムが存在し、活性酸素種に対する感知システムを加えるとOxygen sensingは多種多様である。本ワークショップでは、生体内の様々なセンサータンパク質による酸素感知と酸素恒常性維持の分子機構について最新の知見を紹介する。

A variety of "oxygen sensor proteins" play important roles in maintaining cellular homeostasis. In this workshop, we will discuss molecular mechanisms of oxygen sensing by sensor proteins and intracellular signaling pathways after oxygen sensing.

オーガナイザー：鈴木 教郎 (東北大)、伊東 健 (弘前大)
 Organizers: Norio Suzuki (Tohoku Univ.), Ken Itoh (Hirosaki Univ.)

- 1WD-01** [16:00] **腫瘍微小環境中の過酸化水素を可視化するセンサープローブの開発**
Development of a fluorescence probe for imaging hydrogen peroxide in tumor microenvironment
 ○植田 誉志史 (Yoshifumi Ueda)、清中 茂樹 (Shigeki Kiyonaka)、井上 圭亮 (Keisuke Inoue)、黒川 竜紀 (Tatsuki Kurokawa)、浜地 格 (Itaru Hamachi)、森 泰生 (Yasuo Mori)
 京大・工学・合成生物 (Grad. Sch. of Eng., Kyoto Univ.)
- 1WD-02** [16:30] **Keap1-Nrf2 システムによる酸化ストレス応答機構**
Oxidative stress response mechanism through the Keap1-Nrf2 system
 ○鈴木 隆史 (Takafumi Suzuki)、山本 雅之 (Masayuki Yamamoto)
 東北大・医・医化学 (Med. Biochem., Grad Sch. of Med., Tohoku Univ.)

- 1WD-03** [17:00] **ニューログロビンの機能解析と蛋白質工学**
Functional analysis and protein engineering of neuroglobin
 ○若杉 桂輔 (Keisuke Wakasugi)、小野塚 渉 (Wataru Onozuka)、高橋 望 (Nozomu Takahashi)
 東大・総合文化・生命環境 (Dept. of Life Sci., Grad. Sch. of Arts and Sci., The Univ. of Tokyo)
- 1WD-04** [17:30] **HIFプロリン水酸化酵素Phd3が形成するタンパク質複合体を介した細胞内エネルギー代謝機構の解析**
Regulation of cellular metabolism mediated by the HIF-prolyl-hydroxylase Phd3-dependent complex
 ○中山 恒 (Koh Nakayama)
 東京医科歯科大・難治研・低酸素生物学 (Oxygen Biol., MRI, Tokyo Med. and Dent. Univ.)
- 1WD-05** [18:00] **完全な酸素センシングシステムにおける分子内および分子間のシグナル伝達機構**
Intra- and inter-molecular signal transduction mechanisms in a complete oxygen sensing system
 Gareth S. A. Wright¹、佐伯 茜子² (Akane Saeki)、引間 孝明³ (Takaaki Hikima)、
 西園 陽子³ (Yoko Nishizono)、久野 玉雄³ (Tamao Hisano)、山本 雅貴³ (Masaki Yamamoto)、
 Svetlana Antinyuk¹、S. Samar Hasnain¹、城 宜嗣² (Yoshitsugu Shiro)、○澤井 仁美² (Hitomi Sawai)
¹Inst. Integ. Biol., The Univ. of Liverpool、²兵庫県大院・理・生命 (Grad. Sch. of Life Sci., Univ. of Hyogo)、
³理研・放射光 (RIKEN SPring-8)

1WEE 会場 (展示棟 会議室 4) / Room E (Meeting Room 4, Exhibition bldg.)
6月20日 (火) / June 20 (Tue.) 16:00 ~ 18:30

English Session

蛋白質の柔らかさと機能**Flexibility and function of proteins****共催：新学術領域研究「理論と実験の協奏による柔らかな分子系の機能の科学」**

蛋白質は、その立体構造を柔らかに変化させることで機能し、生命現象を支えている。細胞中のヘテロで凝縮した高ノイズ環境下で自在に機能するために、蛋白質には高度なメカニズムが内包されているが、その解明には多様なアプローチを協奏して進める必要がある。本ワークショップでは、最先端の理論・計測・創成研究から明らかになってきた、蛋白質の柔らかさと柔らかさが生み出すタンパク質の機能発現メカニズムについて議論する。

Proteins function by changing their three-dimensional structure. Sophisticated mechanisms are involved in proteins to excellently function in cells, of which environment is heterogeneous, condensed, and full of thermal noise. To clarify the mechanism, it is necessary to collaborate a variety of advanced approaches. In this workshop, we discuss flexibility of protein and the functioning mechanism produced by the flexibility, which have been clarified by cutting-edge works of theory, measurement and creation.

オーガナイザー：水谷 泰久 (大阪大)
 Organizer: Yasuhisa Mizutani (Osaka Univ.)

[16:00] **始めに**
Opening Remarks

1WE-01 [16:10] **ガスセンサータンパク質の機能発現機構**
Sensing mechanism of heme-based gas sensor proteins

○水谷 泰久 (Yasuhisa Mizutani)
 阪大院理 (Grad Sch. of Sci., Osaka Univ.)

1WE-02 [16:35] **光応答性タンパク質の機能転換が明らかにする柔らかな構造機能相関**
Soft structure-function relationship revealed by functional conversion of photoreceptive proteins

○神取 秀樹 (Hideki Kandori)
 名工大 (Nagoya Inst. Tech.)

- 1WE-03** [17:00] タンパク質内部の遷移金属イオンの性質とタンパク質構造柔軟性：
チオールサブチリシンをモデルタンパク質とした相関関係の実験的検討
(1P-120) **Protein flexibility and characters of transition metal ions in protein core:
An experimental study using thiol-subtilisin as a model protein**
○松尾 貴史 (Takashi Matsuo)、菖蒲 勇 (Isamu Shobu)、石田 昌也 (Masaya Ishida)、
河野 尊匡 (Takamasa Kono)、廣田 俊 (Shun Hirota)
奈良先端大・物質創成 (Grad. Sch. Mater. Sci., Nara Institute of Science and Technology)
- 1WE-04** [17:15] 二次元蛍光寿命相関分光によるタンパク質のマイクロ秒ダイナミクスの研究
**Microsecond dynamics of proteins studied by two-dimensional fluorescence lifetime
correlation spectroscopy**
○田原 太平^{1,2} (Tahei Tahara)
¹理研・田原分子分光 (Molecular Spectroscopy Lab., RIKEN)、²理研・光量子工学領域 (RIKEN Center for Advanced Photonics (RAP))
- 1WE-05** [17:40] 多分子及び一分子蛍光分光法によるがん抑制タンパク質 p53 の超高速セグメント間移動の解明
(1P-080) **Ultrafast intersegmental transfer of a tumor suppressor p53 characterized by ensemble and
single-molecule fluorescence spectroscopy**
○伊藤 優志^{1,2} (Yuji Itoh)、村田 崇人^{1,2} (Agato Murata)、高橋 聡¹ (Satoshi Takahashi)、
鎌形 清人¹ (Kiyoto Kamagata)
¹東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)、²東北大・理 (Grad. Sch. of Sci., Tohoku Univ.)
- 1WE-06** [17:55] PaCS-MD でみる蛋白質の柔らかさ・離合集散と機能
Protein flexibility, dissociation and association investigated by PaCS-MD
○北尾 彰朗 (Akio Kitao)
東大・分生研 (Inst. of Mole. Cell. Biosci., The Univ. of Tokyo)
- [18:20] **終わりに**
Closing Remarks

タンパク質が動作する姿を活写するための測定・解析技術

Measurement techniques for visualizing 'live' protein molecules

共催：新学術領域研究「動的構造生命科学を拓く新発想測定技術」

静的ではあるが精密なタンパク質分子の立体構造は、生体機能素子としてのタンパク質の機能を説明することに成功してきました。しかしながら、生命現象の本質を理解するには、タンパク質が実際に働いている細胞環境などの現場において、過渡的にしか存在しない準安定状態を適切な手法を用いて動的に観測する必要があります。それを可能にする測定・解析技術を応用例をもとに紹介します。

Static, but accurate 3D protein structures have provided convenient explanations of the protein functions as biological functional elements. However, we still need to understand the more details of the dynamic aspects of protein structures in transient states under physiological conditions. In this workshop, we selected interesting research topics to discuss the developments and applications of new measurement techniques.

オーガナイザー：神田 大輔 (九州大)、西田 紀貴 (東京大)

Organizers: Daisuke Kohda (Kyushu Univ.), Noritaka Nishida (The Univ. of Tokyo)

[16:00] 始めに

Opening Remarks

○神田 大輔 (Daisuke Kohda)

九州大 (Kyushu Univ.)

2WA-01

[16:06] ナノダイヤモンド量子センサーによる蛋白質動態の3次元計測

Three-dimensional measurements of protein dynamics using nanodiamond quantum sensors

○五十嵐 龍治^{1,2} (Ryuji Igarashi)、源城 拓哉² (Takuya Genjo)、原田 慶恵³ (Yoshie Harada)、
白川 昌宏² (Masahiro Shirakawa)¹科学技術振興機構 (JST)、²京大・工 (Grad. Sch. Eng., Kyoto Univ.)、³大阪大学・蛋白研 (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)

2WA-02

[16:30] Exploring conformational equilibria of a multi-domain protein MurD by paramagnetic lanthanide probe in NMR and EPR

○斉尾 智英^{1,2,3} (Tomohide Saio)、平松 蒼野³ (Soya Hiramatsu)、浅田 瑞枝⁴ (Mizue Asada)、
瀧下 俊平³ (Shumpei Takishita)、中村 敏和⁴ (Toshikazu Nakamura)、石森 浩一郎^{1,3} (Koichiro Ishimori)¹北大院・理 (Dept. of Chem. Fac. of Sci., Hokkaido Univ.)、²JST・さきがけ (PRESTO, JST)、³北大院・総化 (Grad. Sch. of Chem. Sci. and Eng., Hokkaido Univ.)、⁴分子研 (IMS)

2WA-03

[16:54] in-cell NMR 法を活用した生細胞内の生命現象のリアルタイム活写

Real-time observation of the biological events within living cells using in-cell NMR

○西田 紀貴 (Noritaka Nishida)、嶋田 一夫 (Ichio Shimada)

東大・院薬 (Grad. Sch. of Pharm. Sci., The Univ. of Tokyo)

2WA-04

[17:18] シャペロニンのアンフォールディング作用によるフォールディング促進効果

(2P-080)

Acceleration of protein folding by chaperonin-mediated unfolding

○元島 史尋^{1,2,3} (Fumihito Motojima)、吉田 賢右³ (Masasuke Yoshida)¹富山県大・工・生物工 (Dept. of Biotech., Eng., Toyama Prefectural Univ.)、²JST, ERATO、³京産大・総合生命 (Kyoto Sangyo Univ.)

2WA-05

[17:42] High-speed atomic force microscopy visualization of the nuclear pores dynamics in colon cancer cells

(2P-067)

○ウオン グリチャード¹ (Richard Wong)、Mahmoud Shaaban Mohamed^{1,2}、安藤 敏夫² (Toshio Ando)、中山 隆宏² (Takahiro Nakayama)、田岡 東² (Azuma Taoka)¹金大・新学術・細胞 (Cell-Bionomics Res. Unit, INFINITI, Kanazawa Univ.)、²金大・バイオ AFM 先端研究センター (Bio-AFM Frontier Res Center, Kanazawa Univ.)

2WA-06 [18:06] 酸化了的フォールディングの触媒過程にみられる Protein Disulfide Isomerase の動的な結合と解離
Dynamic assembly/disassembly of Protein Disulfide Isomerase during the catalysis of oxidative protein folding

○奥村 正樹^{1,2} (Masaki Okumura)、野井 健太郎^{3,6} (Kentaro Noi)、金村 進吾¹ (Shingo Kanemura)、引間 孝明⁴ (Takaaki Hikima)、秋山 修志^{4,5} (Shuji Akiyama)、小椋 光^{3,6} (Teru Ogura)、稲葉 謙次^{1,6} (Kenji Inaba)

¹東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)、²東北大・学際科学フロンティア研 (FRIS, Tohoku Univ.)、³熊大・発生研 (IMEG, Kumamoto Univ.)、⁴理研・SPRING-8 (RIKEN, SPRING-8)、⁵分子研 (IMS)、⁶CREST, JST

2WB

B 会場 (会議棟 3F 白樺 1) / Room B (Shirakashi 1, Conference bldg. 3F)
6月21日 (水) / June 21 (Wed.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

抗体医薬の構造、物性、機能 2 – 抗体医薬の機能と免疫原性の最先端研究 –

Structure, solution property and function of antibody drugs 2

-Recent researches on activity and immunogenicity-

現在、構造・物性・機能を総合的に考慮した抗体医薬の開発が求められており、蛋白質科学的なアプローチが重要となっている。本ワークショップでは、日本発の抗体医薬の開発研究、抗体医薬が血清中で形成する複合体のサイズ分布と機能との関係、さらに、凝集体と免疫応答の関係解明と評価法の開発等についてアカデミアと企業から発表を行う。蛋白質科学と免疫学の観点から抗体の高機能化における課題についても討議する予定である。

Antibody drug development requires total design including structure, solution property and function of antibody molecules. In this workshop, antibody researches such as aggregation-immunogenicity relationship, antigen-antibody complex in serum, development of anti-PD1 antibody will be presented. How protein science and immunology contributes to development of highly effective drug will be discussed.

オーガナイザー：石井 明子 (国立衛研)、津本 浩平 (東京大)

Organizers: Akiko Ishii-Watabe (NIHS), Kouhei Tsumoto (The Univ. of Tokyo)

[16:00] **始めに**

Opening Remarks

○石井 明子 (Akiko Ishii-Watabe)

国立衛研 (NIHS)

2WB-01 [16:03] **抗体薬物複合体 (ADC) の機能と物性評価**

Function and physicochemical property of antibody drug conjugate (ADC)

○青木 隆則 (Takanori Aoki)

第一三共株式会社・モダリティ研究所 (Modality Res. Lab., Daiichi Sankyo Co., LTD.)

2WB-02 [16:26] **抗ラット P2X4 受容体抗体の抗原抗体反応の特徴付け**

(2P-137)

Characterization of interaction between extracellular domain of P2X4 and anti-P2X4 antibody

岸川 秀平¹ (Shuhei Kishikawa)、○阿部 義人¹ (Yoshito Abe)、井川 達弘¹ (Tatsuhiko Igawa)、齊藤 秀俊² (Hidetoshi Saito)、山下 智大³ (Tomohiro Yamashita)、津田 誠² (Makoto Tsuda)、井上 和秀⁴ (Kazuhide Inoue)、植田 正¹ (Tadashi Ueda)

¹九大・薬・蛋白 (Lab. of Prot. Struc. Func. Des., Grad. Sch. of Pharm. Sci., Kyushu Univ.)、

²九大・薬・ライフ (Lab. of Life Innov., Grad. Sch. of Pharm. Sci., Kyushu Univ.)、

³九大・薬・グローバルヘルス (Lab. of Global Health Care., Grad. Sch. of Pharm. Sci., Kyushu Univ.)、

⁴九大・薬 (Grad. Sch. of Pharm. Sci., Kyushu Univ.)

2WB-03 [16:43] **結晶構造と変異導入解析によるウサギ抗体のリン酸基認識機構の解明**

(2P-020)

Structural and physicochemical analysis to reveal the mechanism of recognition of phosphorylated antigen by a rabbit antibody

○河出 来時¹ (Raiji Kawade)、秋葉 宏樹¹ (Hiroki Akiba)、Jose Caaveiro¹、奥村 繁² (Shigeru Okumura)、丸山 俊昭² (Toshiaki Maruyama)、Kevin Entzminger²、津本 浩平^{1,3} (Kouhei Tsumoto)

¹東大・工・バイオエンジ (Bioeng Dept. of eng., The Univ. of Tokyo)、²Abwiz Bio, Inc.、³東大医科研 (IMS, The Univ. of Tokyo)

2WB-04 [17:00] **抗体医薬品凝集体による免疫細胞活性化****Immune cell activation induced by monoclonal antibody aggregates**

○多田 稔 (Minoru Tada)、石井 明子 (Akiko Ishii-Watabe)

国立衛研・生物薬品部 (NIHS)

2WB-05 [17:23] **蛍光超遠心分析による血清中における抗 TNF 抗体と TNF の相互作用解析****Complex formation between TNF and anti-TNF antibodies in blood serum studied by fluorescence-detected analytical ultracentrifugation**○クラユヒナ エレナ^{1,2} (Elena Krayukhina)、野田 勝紀^{1,2} (Masanori Noda)、石井 健太郎³ (Kentarō Ishii)、丸野 孝浩^{1,2} (Takahiro Maruno)、若林 裕継¹ (Hirotōsugu Wakabayashi)、多田 稔⁴ (Minoru Tada)、鈴木 琢雄⁴ (Takuo Suzuki)、石井 明子⁴ (Akiko Ishii-Watabe)、加藤 昌彦⁵ (Masahiko Kato)、内山 進^{1,3} (Susumu Uchiyama)¹阪大・工 (Grad Sch. of Eng., Osaka Univ.)、²ユー・メディコ (株) (U-medico Inc.)、³統合バイオ (Okazaki Inst. for Integr. Biosci.)、⁴国立衛研・生物薬品 (NIHS)、⁵シスメックス (株) (Sysmex Corp.)**2WB-06** [17:46] **NMR を用いた血清中における抗体の相互作用解析**

(2P-081)

NMR observation of intermolecular antibody interactions in serum environment○谷中 冴子^{1,2,4} (Saecko Yanaka)、與語 理那^{1,2,4} (Rina Yogo)、矢木 宏和⁴ (Hirokazu Yagi)、加藤 晃一^{1,2,3,4} (Koichi Kato)¹分子研 (Inst. Mol. Sci.)、²岡崎統合バイオ (Okazaki Inst. Integr. Biosci.)、³総研大 (SOKENDAI)、⁴名古屋市大 (Nagoya City Univ.)**2WB-07** [18:03] **新規がん免疫治療薬抗 PD-1 抗体ニボルマブの研究開発****Innovative cancer immunotherapy, anti-PD-1 antibody Nivolumab**

○柴山 史朗 (Shiro Shibayama)

小野薬品工業 (株) (ONO Pharmaceutical Co., LTD.)

[18:27] **終わりに****Closing Remarks**

○津本 浩平 (Kouhei Tsumoto)

東京大 (The Univ. of Tokyo)

2WCC 会場 (会議棟 3F 白樺 2) / Room C (Shirakashi 2, Conference bldg. 3F)
6月21日 (水) / June 21 (Wed.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

ペプチドの構造とダイナミクス：水溶性から膜結合まで**Peptide structure and dynamics: from soluble to membrane-bound**

生命活動を支える細胞内の水溶性ペプチドや細胞膜を反応場とする膜結合性ペプチドなどの生理活性ペプチドに関して、機能発現と関連した動的なペプチド構造が重要な役割を担っている。本ワークショップでは分光実験や計算科学のアプローチなどを利用して、これらのペプチドの分子構造を評価した最新の研究成果を紹介し、議論します。

Physiologically active peptides, such as membrane-binding peptides which activates at cellular membrane, or soluble peptides in cells, are supporting the lives to maintain. The functions of peptides are tightly related to the dynamic structure. In this workshop, we introduce and discuss new research about molecular structural assessments of peptides including spectroscopic measurements and computational chemical assay.

オーガナイザー：櫻井 実 (東京工業大)、川村 出 (横浜国立大)

Organizers: Minoru Sakurai (Tokyo Tech.), Izuru Kawamura (Yokohama National Univ.)

[16:00] **オープニング****Opening**

- 2WC-01** [16:01] **固体 NMR を用いた D アミノ酸含有機能性ペプチドの構造解析**
Solid-state NMR structural study of functional peptides containing a D-amino acid
 ○川村 出 (Izuru Kawamura)
 横浜国大・院工 (Grad. Sch. Eng., Yokohama Natl. Univ.)
- 2WC-02** [16:23] **分子動力学シミュレーションによる親水性 / 疎水性界面でのアミロイドβ (16-22) の凝集**
Molecular dynamics simulation of amyloid-β(16-22) aggregation at a hydrophilic/hydrophobic interface
 ○奥村 久士^{1,2} (Hisashi Okumura)、伊藤 暁^{1,2} (Satoru G. Itoh)
¹分子研 (Inst. Mol. Sci.)、²総研大 (SOKENDAI)
- 2WC-03** [16:42] **分子動力学法を用いた蛋白質水和ダイナミクスの検討：蛋白質二次構造による影響**
Hydration dynamics of proteins elucidated by molecular dynamics simulations: Effects of the secondary structures
 藤吉 貴史 (Takafumi Fujiyoshi)、笠原 浩太 (Kota Kasahara)、野中 雄太 (Yuta Nonaka)、
 江崎 裕児 (Yuji Ezaki)、○高橋 卓也 (Takuya Takahashi)
 立命館大・生命・生情 (College of Life Sci., Ritsumeikan Univ.)
- 2WC-04** [17:01] **single-pair FRET 法で見る膜貫通ヘリックスの動的会合挙動**
Dynamic association of transmembrane helices studied by single-pair FRET
 ○矢野 義明 (Yoshiaki Yano)
 京大・薬 (Grad. Sch. Pharm. Sci. Kyoto Univ.)
- 2WC-05** [17:23] **質量分析で観たヒストン Tail 領域の挙動**
Structural analysis of histone tail region using mass spectrometry
 ○七種 和美 (Kazumi Saikusa)
 広大・理・数理分子 (Grad. Sch. of Sci., Hiroshima Univ.)
- 2WC-06** [17:45] **生体材料の乾燥保護剤として利用可能な LEA ペプチドの構造と機能**
Structure and function of LEA peptides available for the protection of biomaterials from desiccation stress
 ○櫻井 実 (Minoru Sakurai)
 東工大・バイオセンター (Center for Biol. Resources and Informatics, Tokyo Tech.)
- 2WC-07** [18:07] **細胞膜透過活性を有する両親媒性αヘリックスペプチド**
Amphiphilic alpha-helix cell-penetrating peptides
 ○三原 久和 (Hisakazu Mihara)、堤 浩 (Hiroshi Tsutsumi)
 東京工業大学・生命理工学院 (School of Life Science and Technology, Tokyo Institute of Technology)
- [18:28] **総合討論**
Discussion

新生鎖が担うオルガネラ恒常性維持機構**Nascent chains in charge of organelle homeostasis**

共催：新学術領域研究「新生鎖の生物学」

細胞内で合成されるタンパク質の品質管理は、リボソームによる翻訳途すなわち新生鎖の段階においてすでに始まっている。さらに最近、タンパク質の各オルガネラへのターゲティングやターゲティングされた後の立体構造形成も、新生鎖の段階で制御されることが明らかになりつつある。本ワークショップでは、新生鎖が担うオルガネラ恒常性維持機構について、構造生化学あるいは細胞生物学的視点から独創的に研究している研究者に最新のトピックスを提供していただき、活発な議論を行う。

Cellular systems for protein quality control operate at the early stage of protein synthesis by ribosome. Pprotein targeting to its destined organelle is also regulated when it appears as a nascent polypeptide chain. In this workshop, all speakers present the latest topics of study on nascent chains in charge of organelle homeostasis and provide opportunities for active discussion.

オーガナイザー：稲葉 謙次 (東北大)、藤木 幸夫 (九州大)

Organizers: Kenji Inaba (Tohoku Univ.), Yukio Fujiki (Kyushu Univ.)

[16:00] 始めに

Opening Remarks

○稲葉 謙次 (Kenji Inaba)

東北大 (Tohoku Univ.)

2WD-01 [16:05] 新生鎖の酸化的フォールディングを触媒する PDI ファミリーの作用機構**How do PDI family member proteins act on nascent chains to catalyze their oxidative protein folding?**奥村 正樹^{1,4} (Masaki Okumura)、平山 千尋¹ (Chihiro Hirayama)、野井 健太郎² (Kentaro Noi)、町田 幸大³ (Kodai Machida)、今高 寛晃³ (Hiroaki Imataka)、小椋 光² (Teru Ogura)、○稲葉 謙次¹ (Kenji Inaba)¹東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)、²熊本大・発生研 (IMEG, Kumamoto Univ.)、³兵庫県立大・院工 (Grad. Sch. of Eng., Univ. of Hyogo)、⁴東北大・学際科学フロンティア研 (FRIS, Tohoku Univ.)**2WD-02 [16:28] 新生鎖による還元酵素 ERdj5 の還元メカニズム****Electron donor for disulfide reductase ERdj5 in ER**○潮田 亮^{1,2} (Ryo Ushioda)、上垣 日育¹ (Kaiku Uegaki)、藤井 唱平¹ (Shohei Fujii)、永田 和宏^{1,2} (Kazuhiro Nagata)¹京産大・総合生命 (Fac. of Life Sci., Kyoto Sangyo Univ.)、²京産大・タンパク質動態研究所 (Inst. for Protein dynamics, Kyoto Sangyo Univ.)**2WD-03 [16:51] 膜タンパク質生成における小胞体膜タンパク質複合体 (EMC) の機能の解明****Functional analysis of ER membrane complex (EMC) for the synthesis of membrane proteins in Drosophila**

○佐藤 明子 (Akiko Satoh)、平松 直樹 (Naoki Hiramatsu)、佐藤 卓至 (Takunori Satoh)

広島大学大学院・総合科学研究科 (Graduate School of Integrated Arts and Sciences, Hiroshima University)

2WD-04 [17:14] 翻訳停止の共役による SRP 経路を介した XBP1u mRNA の小胞体膜局在化機構の解析**The role of translational pausing in the delivery of XBP1u mRNA to the ER via the SRP pathway**○小池 雅昭¹ (Masaaki Koike)、荻田 聡¹ (Satoshi Kanda)、柳谷 耕太^{1,2} (Kota Yanagitani)、河野 憲二¹ (Kenji Kohno)¹奈良先端・バイオ (NAIST.Bio.)、²国際電気通信基礎技術研究所 (ATR)

2WD-05 [17:37] **ペルオキシソーム膜タンパク質 PMP70 の N-末端モチーフは小胞体標的化抑制機能 (ETS) を持つ**
The N-terminal motif of peroxisomal membrane protein PMP70 is ER-targeting suppressor (ETS)

○阪口 雅郎 (Masao Sakaguchi)

兵庫県大・院・生命理学 (Grad. Sch. Life Sci., Univ. of Hyogo)

2WD-06 [18:00] **ペルオキシソームの恒常性：膜およびマトリックスタンパク質輸送の分子基盤**
Peroxisome biogenesis: Import of nascent membrane and matrix proteins

○藤木 幸夫¹ (Yukio Fujiki)、奥本 寛治² (Okumoto Kanji)、八木田 悠一² (Yuichi Yagita)、
 田村 茂彦² (Shigehiko Tamura)

¹九大・生医研 (Med. Inst. of Bioreg., Kyushu Univ.)、²九大・院・システム生命 (Grad. Sch. of Sys. Life Sci., Kyushu Univ.)

[18:23] **総合討論**

Discussion

○藤木 幸夫 (Yukio Fujiki)

九州大 (Kyushu Univ.)

2WE

E 会場 (展示棟 会議室 4) / Room E (Meeting Room 4, Exhibition bldg.)
 6月21日 (水) / June 21 (Wed.) 16:00 ~ 18:30

English Session

APPA/PS/PSSJ ワークショップ・蛋白質研究所セミナー：

蛋白質研究の世界連携に向けて

APPA/PS/PSSJ Joint Workshop

- IPR Seminar: Toward International Cooperation in Protein Science

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、シンポジウムを 3 年おきに開催している。次回 2020 年の APPA シンポジウムは、米国に拠点を置く Protein Society との共同開催となる可能性がある。関係者が集合して、それぞれの研究を紹介すると共に、今後の世界連携について、ラウンドテーブルディスカッションを行う。

The Asia Pacific Protein Association (APPA), founded in 2004, aims at advancing cooperation and collaboration in protein science among countries in the Asia Pacific region. The 2020 APPA Conference is likely to be held as a joint symposium with Protein Society. We discuss current status of protein science in APPA regions and future cooperation among APPA and with Protein Society.

オーガナイザー：野地 博行 (東京大)、白井 宏樹 (アステラス製薬(株))、後藤 祐児 (大阪大)

Organizers: Hiroyuki Noji (The Univ. of Tokyo), Hiroki Shirai (Astellas Pharma Co., Ltd.), Yuji Goto (Osaka Univ.)

2WE-01 [16:00] **The 2020 PS/APPA/PSSJ Joint Symposium**

○後藤 祐児¹ (Yuji Goto)、白井 宏樹² (Hiroki Shirai)、野地 博行³ (Hiroyuki Noji)

¹阪大・蛋白研 (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)、²アステラス製薬 (Astellas Pharma)、³東大 (The Univ. of Tokyo)

2WE-02 [16:15] **An Organelle-like Structure Associated with the Quiescent State of Bacterial Cells**

○ Zengyi Chang

The State Key Laboratory of Protein and Plant Gene Research, School of Life Sciences, Center for Protein Science, Peking University

2WE-03 [16:35] **APPA/PST2017, the Protein Society of Thailand, and recent examples of Thai-Japanese collaboration in structural biology**

- James R. Ketudat Cairns^{1,2,3}、Jisnuson Svasti³、Salila Pengthaisong^{1,2}、Ratana Charoenwattanasatien^{2,4}、Genji Kurisu⁴、Thipwarin Rimlumduan^{1,2}、Yanling Hua²、Toshiyuki Tanaka⁵

¹Institute of Science, Suranaree University of Technology,

²Center for Biomolecular Structure Function and Engineering, Suranaree University of Technology,

³Laboratory of Biochemistry, Chulabhorn Research Institute, ⁴Institute for Protein Research, Osaka University,

⁵Graduate School of Life and Environmental Science, University of Tsukuba

2WE-04 [16:55] **Engineering of microbial enzymes to enhance their thermostability**

- Raja Noor Zaliha Raja Abd. Rahman、Mohd Shukuri Muhammad Ali、Adam Leow Thean Chor、Malihe Masomian、Abu Bakar Salleh

Enzyme and Microbial Technology Research Centre, Faculty of Biotechnology and Biomolecular Science, Universiti Putra Malaysia

2WE-05 [17:15] **Structural Insights into the Catalytic Mechanism of Dopamine N-acetyltransferase**

- Ping-Chiang Lyu

Institute of Bioinformatics and Structural Biology, National Tsing Hua University

2WE-06 [17:35] **タンパク質科学のためのフェムトリットリアクタ技術
Artificial cell reactor technology for protein science**

- 野地 博行^{1,2} (Hiroyuki Noji)

¹東京大学 工学研究科 応用化学専攻 (Department of Applied Chemistry, Graduate School of Engineering, The University of Tokyo),

²科学技術振興機構革新的研究開発プログラム (ImPACT, JST)

[17:55] **総合討論**

Round Table Discussion

革新的バイオ医薬創製に向けた蛋白質科学的アプローチ**Approaches toward innovative biological medicine from protein science****AMED 革新的バイオ医薬品創出基盤技術開発事業 協賛**

近年の抗体医薬を中心とするバイオ医薬品の急速な発展には目を見張るものがあるが、一方で、次世代のタンパク質性バイオ医薬品の開発研究においては、現状で、新たな展開があるとは必ずしも言えない状況にある。本フォーラムでは、従来のカテゴリーにはない新規のタンパク質や抗体を中心としたバイオ医薬品の開発に対する取り組み、並びにその開発をサポートする研究を取り上げ、一同に議論することで、この分野の進展を加速することを目的とする。1 から数題の公募口頭発表も受け付ける。

Rapid advance in the clinical use of biopharmaceuticals, mainly antibody therapeutics is remarkable in recent years. However, the studies on biopharmaceuticals have reached a maturity stage, and a breakthrough which can open the way to next generation's biopharmaceuticals is desired. In this forum, introducing the new technologies to support the development of novel protein/antibody therapeutics, we would discuss together to accelerate the speed of their development.

オーガナイザー：伊東 祐二 (鹿児島大)、梅津 光央 (東北大)

Organizers: Yuji Ito (Kagoshima Univ.), Mitsuo Umetsu (Tohoku Univ.)

[8:30] **始めに**

Opening Remarks

○伊東 祐二 (Yuji Ito)

鹿児島大 (Kagoshima Univ.)

3WB-01 [8:33] 協和発酵キリン社における抗体医薬技術開発**Technology development of antibody therapeutics in KHK**

○高橋 信明 (Nobuaki Takahashi)

協和発酵キリン株式会社 研究開発本部 研究機能ユニット 創薬基盤研究所 (Research Core Function Laboratories Research Function Units R&D Division, Kyowa Hakko Kirin Co., Ltd.)

3WB-02 [8:56] 低分子二重特異性がん治療抗体の機能的な構造**Functional structure of small cancer therapeutic bispecific antibodies**

○浅野 竜太郎 (Ryutaro Asano)

東京農工大・工・生命工 (Dept. of Biotech. & Life Sci., Grad. Sch. of Eng., Tokyo Univ. of Agric. & Tech.)

3WB-03 [9:19] ライブラリーデザインサイクルの挑戦：スリムなライブラリーでタンパク質を機能改変**Can proteins be engineered to generate a desired function from slim library ?**

○梅津 光央 (Mitsuo Umetsu)

東北大・院工・バイオ工 (Dept. Biomol. Eng., Grad. Sch. Eng., Tohoku Univ.)

3WB-04 [9:42] 新たな部位特異的抗体修飾法による抗体機能の改良**Improvement of antibody functions by novel site-specific antibody modification**

○伊東 祐二 (Yuji Ito)

鹿児島大・理工研・生化 (Graduate School of Sci. and Eng., Kagoshima Univ.)

3WB-05 [10:05] 蛍光抗体バイオセンサー Quenchbody-siRNA 複合体を用いた Her2 陽性がん細胞検出と細胞死誘導

(3P-122)

Detection and destruction of Her2 positive cancer cells by Quenchbody-siRNA complex

○上田 宏¹ (Hiroshi Ueda)、鄭 熙陳¹ (Hee-Jin Jeong)、董 金華^{1,2} (Jinhua Dong)、岡 裕也³ (Yuya Oka)

¹東工大・研究院・化生研 (Lab. Chem. and Life Sci., Inst. of Innov. Res., Tokyo Tech.),

²Linyi 大・化学化工 (Col. of Chem. and Che. Eng., Linyi Univ.), ³東工大院・総理 (Interdiscip. Grad. Sch. of Sci. Eng., Tokyo Tech.)

- 3WB-06** [10:19] **再構成型無細胞タンパク質合成システム PUREflex を用いた全長 IgG 抗体の合成法開発**
Development of a method for the synthesis of aglycosylated full-length IgG using PUREflex
 ○村上 智史 (Satoshi Murakami)、松本 令奈 (Rena Matsumoto)、金森 崇 (Takashi Kanamori)
 ジーンフロンティア株式会社 (GeneFrontier Corporation)
- 3WB-07** [10:33] **分子シミュレーションを活用した創薬**
Drug development by using molecular simulation
 ○亀田 倫史 (Tomoshi Kameda)
 産総研・人工知能 (AIRC, AIST)
- [10:56] **総合討論**
Discussion
 ○梅津 光央 (Mitsuo Umetsu)
 東北大学 (Tohoku Univ.)

3WCC 会場 (会議棟 3F 白樺 2) / Room C (Shirakashi 2, Conference bldg. 3F)
6月22日 (木) / June 22 (Thu.) 8:30 ~ 11:00

Japanese Session

SACLA における蛋白質構造科学研究の現状と展望**Recent progress and future in structural life science at SACLA**

X線自由電子レーザー (XFEL) による蛋白質構造解析は、常温で放射線損傷の影響がない構造を得られること、原子分解能且つ高い時間分解能での動的構造解析が可能であるという利点から、様々な成果を挙げつつある。本ワークショップでは、日本の XFEL 施設 SACLA においてビームライン、蛋白質構造の高分解能解析、時分割解析に携わる研究者が話題を提供し、蛋白質構造科学の現状と展望について議論する。

Intense, femtosecond X-ray pulses from X-ray free electron laser (XFEL) have enabled protein structure determination before the onset of radiation damage. Recently, it is capable of visualizing structural changes in protein by time-resolved crystallography using XFEL. We will discuss current protein structural science and future prospects with latest topics from SACLA.

オーガナイザー：南後 恵理子 (理研)、中津 亨 (京大)

Organizers: Eriko Nango (RIKEN), Toru Nakatsu (Kyoto Univ.)

- [8:30] **始めに**
Opening Remarks
 ○南後 恵理子 (Eriko Nango)
 理研 (RIKEN)
- 3WC-01** [8:40] **SACLA の XFEL ビームラインと実験プラットフォームの現状**
Current status of XFEL beamlines and experimental platforms of SACLA
 ○登野 健介^{1,2} (Kensuke Tono)
¹高輝度光科学研究センター (JASRI)、²理研・放射光セ (RIKEN RSC)
- 3WC-02** [9:05] **SACLA における原子分解能解析**
Atomic resolution structural analysis at SACLA
 ○榊田 哲哉^{1,2} (Tetsuya Masuda)
¹京大院・農・食品生物 (Grad. Sch. of Agri., Kyoto Univ.)、²理研・放射光科学総合研究センター (RIKEN, RSC)
- 3WC-03** [9:30] **蛋白質の時間分解 X 線結晶構造解析における分光の役割**
The role of spectroscopy in time-resolved X-ray crystallography of proteins
 ○久保 稔 (Minoru Kubo)
 理研・播磨 (RIKEN SPring-8 Center)

3WC-04 [9:55] **X線自由電子レーザーを用いたチトクロム酸化酵素の時分割構造解析によって明らかとなった、リガンド結合に伴うプロトンポンプ経路の閉鎖機構**

Time-resolved XFEL crystallography reveals the mechanism of proton-pump pathway closure driven by a ligand binding in cytochrome c oxidase

○島田 敦広¹ (Atsuhiko Shimada)、久保 稔² (Minoru Kubo)、馬場 清喜³ (Seiki Baba)、吾郷 日出夫² (Hideo Ago)、月原 富武^{1,4} (Tomitake Tsukihara)、吉川 信也¹ (Shinya Yoshikawa)

¹兵庫県・生命理・ピコ研 (Picobiol. Inst., Grad. Sch. of Life Sci., Univ. of Hyogo)、²理研・SPRING-8 (RIKEN, SPRING-8 Center)、³高輝度研 (JASRI)、⁴阪大・蛋白研 (Inst. for Protein Res., Osaka Univ.)

3WC-05 [10:20] **X線自由電子レーザーにより明らかにされた光化学系II複合体の光励起した反応中間体構造と水分解酸素発生の反応機構**

Light-induced structural changes and the site of O=O bond formation in PSII revealed by XFEL

○菅 倫寛¹ (Michi Suga)、秋田 総理^{1,2} (Fusamichi Akita)、菅原 道泰³ (Michihiro Sugahara)、久保 稔^{2,3} (Minoru Kubo)、中島 芳樹¹ (Yoshiki Nakajima)、岩田 想⁴ (So Iwata)、沈 建仁¹ (Jian-Ren Shen)

¹岡大・異分野基礎研 (Okayama Univ.)、²JST- さきがけ (JST-PREST)、³理化学研究所 (RIKEN SPRING-8 Center)、⁴京都大学・医学研究科 (Kyoto Univ.)

[10:45] **総合討論**

Discussion

3WD

D 会場 (展示棟 会議室 3) / Room D (Meeting Room 3, Exhibition bldg.)
6月22日 (木) / June 22 (Thu.) 8:30 ~ 11:00

English Session

生体内の金属動態：輸送と感知の構造ダイナミクス

Structural Dynamics of Metals in Biology

動植物、微生物に必須の金属元素の、生体内での取込み、輸送、感知に関しては、現象論としては多くの知見が蓄積されている。一方、この現象を原子・電子レベルで理解していくためには、関連するタンパク質の構造情報は必須である。その上で、その構造を基盤とした生化学、細胞生物学ならびに理論科学とが協調して機能理解をめざしていかなければならない。その試みについての現状と今後の展望を議論し、さらにその機能制御への道を探る。

In this WS, we focus on some transition metals indispensable for all of lifes. To understand the molecular mechanism of their transport, storage, sensing, and function in biological system, we will discuss molecular structures and functions of related proteins on the basis of structural biological, biochemical, biological and theoretical studies.

オーガナイザー：津本 浩平 (東京大)、城 宜嗣 (兵庫県立大)

Organizers: Kohei Tsumoto (The Univ. of Tokyo), Yoshitsugu Shiro (Univ. of Hyogo)

[8:30] **趣旨説明**

Introduction

○城 宜嗣 (Yoshitsugu Shiro)

兵庫県立大 (Univ. of Hyogo)

3WD-01 [8:35] **Functional and Structural Characterization of Heme Binding in Heme-regulated Proteins**

○石森 浩一郎 (Koichiro Ishimori)

北大・院理 (Fac. of Sci., Hokkaido Univ.)

3WD-02 [8:55] **The NIF machinery for iron-sulfur cluster biogenesis**

○藤城 貴史 (Takashi Fujishiro)、高橋 康弘 (Yasuhiro Takahashi)

埼玉大・理工・分子生物 (Dept. of Biochem. Molbiol. Saitama Univ.)

- 3WD-03** [9:10] **金属シャペロンが銅・亜鉛スーパーオキシドディスムターゼの活性化に果たす役割**
Roles of metallochaperone in the activation of Cu/Zn-superoxide dismutase
 ○古川 良明 (Yoshiaki Furukawa)
 慶應・理工・化学 (Dept. of Chem., Keio Univ.)
- 3WD-04** [9:30] **分泌経路中における亜鉛イオンを介したタンパク質品質管理機構の解明**
(3P-003) Mechanism of the Zn²⁺ dependent protein quality control in the early secretory pathway
 ○渡部 聡¹ (Satoshi Watanabe)、天貝 佑太¹ (Yuta Amagai)、原山 麻奈美¹ (Manami Harayama)、
 増井 翔史¹ (Shoji Masui)、Sara Sannino²、Roberto Sitia²、稲葉 謙次¹ (Kenji Inaba)
¹東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)、²San Raffaele Institute (IRCCS San Raffaele Sci. Inst.)
- 3WD-05** [9:45] **コリネバクテリアのヘム取込み反応の構造基盤**
Structural Basis for Heme Uptake Reaction in Corynebacteria
 ○青野 重利^{1,2} (Shigetoshi Aono)
¹分子研 (Inst. Mol. Sci.)、²岡崎統合バイオ (Okazaki Inst. Integ. Biosci.)
- 3WD-06** [10:05] **結晶構造から明らかになった病原菌ヘムトランスポーターの分子メカニズム**
Structure and mechanism of the heme transporter from pathogenic bacteria.
 ○杉本 宏^{1,2} (Hiroshi Sugimoto)
¹理研・放射光 (RIKEN SPring-8 Center)、²兵庫県大・院生命理学 (Grad. School of Life Sci., Univ. of Hyogo)
- 3WD-07** [10:25] **ENDOR 法による大豆由来リポオキシゲナーゼの基質複合体構造解析**
~生物学的トンネリング機構の解明~
Substrate Positioning for H-Atom Abstraction in Soybean Lipoxygenase by ENDOR Crystallography
 ○堀谷 正樹¹ (Masaki Horitani)、Adam R. Offenbacher²、Cody A. Marcus Carr²、Tao Yu³、
 Veronika Hoeke⁴、George E. Cutsail⁴、Sharon Hammes-Schiffer³、Judith P. Klinman²、
 Brian M. Hoffman⁴
¹佐大・農・生機 (Dept. of Appl. Biochem. & Food Sci., Saga Univ.)、²Dept. of Chem., Univ. of Cal., Berkeley、
³Dept. of Chem., Univ of Illinois at Urbana-Champaign、⁴Dept. of Chem., Northwestern Univ.
- 3WD-08** [10:40] **分子動力学シミュレーションによる膜蛋白質の動的機能構造解析**
Molecular Dynamics Analysis of Membrane protein structure and dynamics
 ○杉田 有治 (Yuji Sugita)
 理研・杉田理論分子科学 (RIKEN Theoretical Molecular Science Laboratory)

蛋白質動的秩序のマルチプローブを用いた統合的解析**Integrative approach to Dynamical ordering of protein systems
by using multi-probes****共催：新学術領域研究「生命分子システムにおける動的秩序形成と高次機能発現」**

生命機能を司る蛋白質分子集団は、環境の外乱に呼応し、その会合状態を柔軟に変化させる。このような蛋白質が示す動的秩序は、分子レベル、分子集団レベルの状態変化が共役して作用することで実現されており、実験と理論の協力は言うに及ばず、様々な手法を駆使して現象を多角的に観る必要がある。これまでに新学術領域「動的秩序と機能」では様々な解析手法を開発してきたが、これらを組み合わせることで動的秩序の具体像が明らかにされつつある。本ワークショップでは、中核をなす解析技術とその応用例を紹介する。

Complex molecular systems comprised of various proteins respond to external stimulus from the environment, resulting in autonomous dissociation and association of the components. Molecular-based understanding of the dynamical ordering should require combined methods to characterize molecular complexes involved in the system. This workshop will focus on multilateral analysis to investigate the dynamical ordering.

オーガナイザー：杉山 正明 (京都大)、上久 保裕生 (奈良先端大)

Organizers: Masaaki Sugiyama (Kyoto Univ.), Hironari Kamikubo (NAIST)

3WE-01 [8:30] 重水素化を活用した中性子溶液散乱による動的タンパク質の構造解析**Structural Analysis of Dynamical Protein with Deuteration-Assisted Small-Angle Neutron Scattering**

○杉山 正明 (Masaaki Sugiyama)、井上 倫太郎 (Rintaro Inoue)

京大原子炉 (KURRI)

3WE-02 [8:55] 超分子質量分析による蛋白質複合体の形成過程の解明**Protein complex formation investigated by native mass spectrometry**○石井 健太郎¹ (Kentaro Ishii)、杉山 正明² (Masaaki Sugiyama)、加藤 晃一^{1,3,4} (Koichi Kato)、内山 進^{1,5} (Susumu Uchiyama)¹自然科学研究機構・岡崎統合バイオ (Okazaki Inst. Integ. Biosci., NINS)、²京大・原子炉 (Research Reactor Inst., Kyoto Univ.)、³分子研 (IMS)、⁴名市大・薬 (Grad. Sch. Pharm. Sci., Nagoya City Univ.)、⁵阪大・工 (Grad. Sch. Eng., Osaka Univ.)**3WE-03 [9:20] アミロイド形成における蛋白質分子集合プロセスの観察****Exploring protein assembling in the amyloid fibril formation**

○茶谷 絵理 (Eri Chatani)

神戸大・理・化学 (Grad. Sch. Sci., Kobe Univ.)

3WE-04 [9:45] 細菌の細胞分裂タンパク質の動的秩序解析**Integrative approach to dynamical ordering of the cell division protein**藤田 純三¹ (Junso Fujita)、原田 隆平² (Ryuhei Harada)、杉山 翔吾³ (Shogo Sugiyama)、吉澤 拓也⁴ (Takuya Yoshizawa)、溝端 栄一¹ (Eiichi Mizohata)、井上 豪¹ (Tsuyoshi Inoue)、内橋 貴之³ (Takayuki Uchihashi)、重田 育照² (Yasuteru Shigeta)、○松村 浩由⁴ (Hiroyoshi Matsumura)¹阪大院・工 (Grad. Sch. of Eng., Osaka Univ.)、²筑波大計算セ (Center for Computational Sciences, Univ. of Tsukuba)、³金沢大バイオ AFM 先端研 (Physics Department, Kanazawa Univ.)、⁴立命館大生命科学 (College of Life Sciences, Ritsumeikan Univ.)

3WE-05 [10:10] 高速原子間力顕微鏡で可視化するタンパク質の動的秩序**Dynamic ordering of protein systems visualized by high-speed atomic force microscopy**

○内橋 貴之¹ (Takayuki Uchihashi)、杉山 翔吾¹ (Shogo Sugiyama)、小財 稔矢¹ (Toshiya Kozai)、
興語 理那² (Rina Yogo)、谷中 冴子⁴ (Saeko Yanaka)、佐藤 匡史² (Tadashi Sato)、
矢木 和宏² (Kazuhiro Yagi)、盛 徹也³ (Tetsuya Mori)、Carl Johnson³、安藤 敏夫¹ (Toshio Ando)、
加藤 晃一^{2,4} (Koichi Kato)

¹金大・理工・バイオ AFM (Grad. Sch. of Sic. & Eng./Bio-AFM FRC, Kanazawa Univ.)、

²名古屋市大・院理 (Grad. Sch. of Pharm. Sci., Nagoya City Univ.)、³Vanderbilt Univ.、⁴岡崎統合バイオ / 分子研 (OIB & IMS)

3WE-06 [10:35] 複数の蛋白質複合体を含む多成分系平衡状態の構造解析**Structure-based analysis on the equilibrium state of a multi-component system**

○上久保 裕生 (Hironari Kamikubo)、山崎 洋一 (Yoichi Yamazaki)

奈良先端大・物質創成 (NAIST, MS)

3WBp

B会場 (会議棟 3F 白樺 1) / Room B (Shirakashi 1, Conference bldg. 3F)
6月22日 (木) / June 22 (Thu.) 14:30 ~ 17:00

Japanese Session

タンパク質科学における理論と実験の協奏**Concert of theory and experiment in the protein science**

近年の理論の急速な発展により、実験結果の予測・原子レベルでの解釈が可能になってきた。このため、今後のタンパク質研究の発展には、理論と実験の協奏が不可欠である。そこで本ワークショップでは、このような協奏に関する最前線の研究について、主に若手理論研究者に講演頂き、今後のさらなる協奏の可能性について議論する。

Due to recent developments of theories, predictions and interpretations of experimental results have become possible using advanced theories. From the development, we believe that concert of theory and experiment should be inevitable for further development of the protein science. In this workshop, we introduce several recent studies of the concert, and discuss further development of concert.

オーガナイザー：吉留 崇 (東北大)、苮口 友隆 (慶應義塾大)

Organizers: Takashi Yoshidome (Tohoku Univ.), Tomotaka Oroguchi (Keio Univ.)

3WBp-01 [14:30] MD シミュレーションと溶液 X 線小角散乱で探る蛋白質の構造揺らぎ**Protein structural fluctuations investigated by X-ray solution scattering and molecular dynamics simulation**

○苮口 友隆^{1,2} (Tomotaka Oroguchi)、大出 真央^{1,2} (Mao Oide)、岡島 公司^{1,2} (Koji Okajima)、
中迫 雅由^{1,2} (Masayoshi Nakasako)、引間 孝明² (Takaaki Hikima)、山本 雅貴² (Masaki Yamamoto)

¹慶應大・理工・物理 (Dept. of Phys., Keio Univ.)、²理研・SPRING-8 センター (RIKEN, SPRING-8 Center)

3WBp-02 [14:55] X線小角散乱実験と分子動力学計算を組み合わせた相関構造解析による蛋白質の溶液構造解析**Structural investigation of proteins in solution by hybrid approach combining small-angle X-ray scattering and molecular dynamics**

○浴本 亨 (Toru Ekimoto)、池口 満徳 (Mitsunori Ikeguchi)

横浜市大 (Yokohama City Univ.)

3WBp-03 [15:20] X線自由電子レーザーを用いた構造解析へのハイブリッドアプローチ**Hybrid Approach for Structural Modeling of Biological Systems from X-ray Free Electron Laser Diffraction Patterns**

○宮下 治 (Osamu Miyashita)

理研・計算科学研究機構 (RIKEN AICS)

3WBp-04 [15:45] **ガス圧 NMR 法と分子動力学計算によるタンパク質内部キャビティーと溶存酸素分子の相互作用研究**
(3P-098) **Detecting O2 binding sites in protein cavities: T4 Lysozyme and Outer surface protein A**

○北原 亮¹ (Ryo Kitahara)、亀田 倫史² (Tomoshi Kameda)

¹立命・薬学・創薬 (Coll. of Pharm. Sci., Ritsumeikan Univ.)、
²産総研・ゲノム制御情報 (Biotech. Res. Inst. for Drug Discovery, AIST)

3WBp-05 [15:58] **c-Myb-KIX 間相互作用を阻害するペプチドの合理的設計**
(1P-135) **Rational design of a peptide inhibitor of the c-Myb-KIX interaction**

○季高 駿士 (Shunji Suetaka)、岡 芳樹 (Yoshiki Oka)、林 勇樹 (Yuuki Hayashi)、新井 宗仁 (Munehito Arai)

東大・総合文化・生命環境 (Dept. Life Sci., The Univ. of Tokyo)

3WBp-06 [16:11] **統計熱力学に基づいた G 蛋白質共役型受容体耐熱化アミノ酸変異体の理論的予測**
Theoretical Prediction of Thermostabilized Mutants for G Protein-Coupled Receptors Based on Statistical Thermodynamics

○安田 賢司^{1,2,3} (Satoshi Yasuda)、梶原 佑太⁴ (Yuta Kajiwara)、高椋 勇樹¹ (Yuuki Takamuku)、
鈴木 七緒¹ (Nanao Suzuki)、村田 武士^{1,2} (Takeshi Murata)、木下 正弘³ (Masahiro Kinoshita)

¹千葉大院・理 (Chiba Univ. Grad. Sch. Sci.)、²千葉大・分子キラリティ (Chiba Univ. MCRC)、
³京大・エネ理工 (Kyoto Univ. IAE)、⁴京大院・エネ科 (Kyoto Univ. Grad. Sch. Ene. Sci.)

3WBp-07 [16:36] **タンパク質構造エントロピー計算法の比較**
Comparison of computational methods for configurational entropy of protein

肥喜里 志門¹ (Simon Hikiri)、○吉留 崇² (Takashi Yoshidome)、池口 満徳¹ (Mitsunori Ikeguchi)

¹横浜市大・生医 (Grad. Sc. of Med. Life Sci., Yokohama City Univ.)、²東北大・工・応物 (Dep. of Appl. Phys., Tohoku Univ.)

3WDp D 会場 (展示棟 会議室 3) / Room D (Meeting Room 3, Exhibition bldg.)
6 月 22 日 (木) / June 22 (Thu.) 14:30 ~ 17:00

Japanese Session

天然変性領域及びマルチサブユニット複合体の機能解析

Functional analysis of intrinsically disordered region and multi-subunit complex

蛋白質科学は、タンパク質の一次構造配列の決定、二次構造の発見、三次構造の X 線・NMR・電子線構造解析、及び様々な分子生物学的手法を通して、原子レベルでタンパク質の動作機構を明らかにし、それを支える酵素活性や相互作用の特異性を生かした様々な医学、薬学、農学、工学的応用展開が起こった。一方で、構造決定がままならない天然変性領域の作動原理や、個々のサブユニットの機能が決定しにくいマルチサブユニット複合体の総合的理解は、現代生物学の中では遅々と進んでいないと言ってよい。本ワークショップでは、これらの点に関する研究を紹介したい。

Structure of protein reveals function of protein at the atomic level. Although structures of many multi-subunit complexes are solved, function of each subunit within the complexes often remains elusive. Function of intrinsically disordered region (IDR) of protein also remains elusive. In this workshop, we focus on the functional analyses of IDR and multi-subunit complex.

オーガナイザー：関 政幸 (東北医薬大)、堀越 正美 (東京大)

Organizers: Masayuki Seki (Tohoku Medical and Pharmaceutical Univ.), Masami Horikoshi (The Univ. of Tokyo)

3WDp-01 [14:30] **マルチサブユニット複合体中の共通サブユニットの機能解析**

Functional analysis of common subunit in multi-subunit protein complexes

○関 政幸 (Masayuki Seki)

東北医薬大・薬・生化 (Biochemistry Lab., Dep of Pharm. Sci., Tohoku Med. & Pharm. Univ.)

- 3WDp-02** [14:54] **天然変性タンパク質 CAMP を含む複合体の機能解析**
Functional analysis of the complex containing an intrinsically-disordered protein, CAMP
 ○田中 耕三¹ (Kozo Tanaka)、池田 真教¹ (Masanori Ikeda)、藤田 拓樹¹ (Hiroki Fujita)、
 古寺 哲幸² (Noriyuki Kodera)、安藤 敏夫² (Toshio Ando)、家村 顕自¹ (Kenji Iemura)、
 永井 正義¹ (Masayoshi Nagai)
¹東北大・加齢研・分子腫瘍 (Dept. Mol. Oncol., Inst. Dev. Aging Cancer, Tohoku Univ.),
²金沢大・理工・バイオ AFM (Dept. Physics, Bio-AFM, Kanazawa Univ.)
- 3WDp-03** [15:16] **天然変性タンパク質による DNA クランプのスライド調節機構の構造基盤**
Structural basis of a sliding mechanism of DNA clamp regulated by the intrinsically disordered protein
 ○小田 隆¹ (Takashi Oda)、関野 絢子¹ (Ayako Sekino)、石黒 あかり¹ (Akari Ishiguro)、
 石野 園子² (Sonoko Ishino)、石野 良純² (Yoshizumi Ishino)、佐藤 衛¹ (Mamoru Sato)
¹横浜市大院・生命医科学 (Grad. Sch. of Med. Life Sci., Yokohama City Univ.),
²九大院・農 (Grad. Sch. of Bioresource & Bioenviron. Sci., Kyushu Univ.)
- 3WDp-04** [15:28] **天然変性タンパク質 c-Jun と転写コアクチベータ CBP の KIX ドメインの相互作用**
Interaction of the intrinsically disordered c-Jun protein with the KIX domain of the transcriptional coactivator CBP
 ○吉崎 慧 (Satoru Yoshizaki)、末松 佑磨 (Yuma Suematsu)、季高 駿士 (Shunji Suetaka)、
 榎原 朋子 (Tomoko Kuniyama)、林 勇樹 (Yuuki Hayashi)、新井 宗仁 (Munehito Arai)
 東大・総合文化・生命環境 (Dept. Life Sci., The Univ. of Tokyo)
- 3WDp-05** [15:40] **天然変性領域である p53C 末端ドメインの、分子認識メカニズムの解明**
Clarification of molecular recognition for the intrinsically disordered region, p53 C-terminal domain
 ○飯田 慎仁¹ (Shinji Iida)、笠原 浩太² (Kota Kasahara)、中村 春木¹ (Haruki Nakamura)、
 肥後 順一¹ (Junichi Higo)
¹阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)、²立命館大・生命 (Col. Life Sci., Ritsumeikan Univ.)
- 3WDp-06** [15:52] **天然変性タンパク質 Atg13 によるオートファジー始動の制御機構**
Mechanism of autophagy initiation regulated by an intrinsically disordered protein, Atg13
 ○野田 展生 (Nobuo N. Noda)
 微化研・構造生物 (Lab. Struct. Biol., Inst. of Microbial Chem.)
- 3WDp-07** [16:14] **天然変性ハブが行う細胞内情報処理**
Intracellular information processing by intrinsically-disordered hub proteins
 ○太田 元規 (Motonori Ota)
 名大・情報 (Sch. Info. Nagoya Univ.)
- 3WDp-08** [16:36] **真核生物転写システムの複雑さの確立における TATA ボックス結合因子の先導的役割**
Leading role of TATA box-binding protein in establishment of the complexity in eukaryotic transcription system
 ○堀越 正美 (Masami Horikoshi)
 東大・分生研・発生分化構造 (Dev. Biol., IMCB, The Univ. of Tokyo)

機動分子科学：動きで機能を発現する分子機械の科学**Science of mobility-coupled functional molecular machines**

2016年ノーベル化学賞は「分子機械の設計と合成」に与えられた。受賞対象はカテナンやロタキサン等の人工分子機械である。他方、生命科学では、モータータンパク質等の生体分子機械が精力的に研究されてきた。人工分子機械は自在に設計できるが高度な機能が達成できない、生体分子機械は高度な機能を持つが一から設計できないという相補的な利点・欠点を持つ。本ワークショップでは両分野の研究者を招き、動きで高度な機能を発現する分子機械を自在に創る新しい学術、「機動分子科学」を議論する。

Both biological and synthetic molecular machines have been intensively studied for a long time. However, they have been advanced independently, although both molecular machines have complementary advantages such as advanced functions and flexibility in designs. In this workshop, we will discuss how we can cooperate and merge these two highly relevant research fields.

オーガナイザー：飯野 亮太 (岡崎統合バイオ)、古田 健也 (情報通信研究機構)
Organizers: Ryota Iino (NINS), Ken'ya Furuta (NICT)

3WEp-01 [14:30] 機動分子科学：生体分子、人工分子を超えて**Science of mobility-coupled functional molecular machines: Beyond biological and synthetic ones**○飯野 亮太^{1,2} (Ryota Iino)¹自然機構・岡崎統合バイオ・分子研 (OIB and IMS, NINS)、²総研大・物理科学 (Dept. Phys. Sci., SOKENDAI)**3WEp-02 [14:36] タンパク質に学ぶ人工機動分子の設計****Design of Mobile-coupled Functional Molecules Inspired by Biological Systems**

○金原 数 (Kazushi Kinbara)

東工大・生命理工 (Sch. Life Sc. & Tech., Tokyo Inst. Tech.)

3WEp-03 [15:00] Artificial Protein Architectures Designed by Crystal Engineering

○上野 隆史 (Takafumi Ueno)

東工大・生命理工 (Dept. of Life Sci. and Tech., Tokyo Tech.)

3WEp-04 [15:24] 回転分子モーターの人工回転軸設計から探る回転メカニズム

(3P-097)

Artificial design of rotary axis reveals the rotation mechanism of rotary motor.○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)

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

3WEp-05 [15:48] ATP 結合サイトのゼロからの設計と V₁-ATPase への導入**Design of ATP Binding Site from Scratch and in V₁-ATPase**○小杉 貴洋^{1,2} (Takahiro Kosugi)¹分子研 (IMS)、²総研大 (SOKENDAI)**3WEp-06 [16:12] Our trial toward engineering of a bi-directional linear molecular motor hydrolyzing crystalline polysaccharide**○中村 彰彦^{1,2} (Akihiko Nakamura)、山本 真由子¹ (Mayuko Yamamoto)、大国 泰子¹ (Yasuko Okuni)、
飯野 亮太^{1,2,3} (Ryota Iino)¹統合バイオ・分子機械設計 (Okazaki Inst. for Integr. Biosci.)、²総合研究大学院大学 (SOKENDAI)、³分子研 (Inst. for Molecular Sci.)

3WEp-07 [16:36] **DNA ナノチューブを直接駆動する新規生物分子モーター**

Designing a biomolecular motor that directly drives unidirectional movement of synthetic DNA nanotubes

○古田 健也 (Ken'ya Furuta)

情報通研・未来 ICT (Advanced ICT, NICT)