

ポスターセッション / Poster Session

ポスター賞への応募演題は、演題番号に * が付与されております
Numbers with * are presentations applying for Young Poster Award

1P ポスター展示会場 (2階 メインホール) / Poster & Exhibition (2F, Main Hall)
6月26日 (火) / June 26 (Tue.) 13:45 ~ 15:45

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

Discussion : Odd Poster Number 13:45 ~ 14:45 / Even Poster Number 14:45 ~ 15:45

Day 1 (June 26)
Poster Session

蛋白質構造 / Protein Structure (1P-001 ~ 1P-046)

1P-001* 植物の鉄トランスポーター VIT1 の結晶構造

Crystal structure of plant iron transporter VIT1

○加藤 孝郁 (Takafumi Kato)、西澤 知宏 (Tomohiro Nishizawa)、濡木 理 (Osamu Nureki)
東大・理・生物科学 (Dept. of Biol. Sci., Grad. Sch. of Sci., Univ. of Tokyo)

1P-002* ヒト由来エンドセリン受容体 B 型と B 型選択的アゴニストとの複合体の構造解析

High-resolution structures of endothelin ETB receptor in complex with ETB selective endothelin analogues

○井爪 珠希¹ (Tamaki Izume)、志甫谷 渉¹ (Wataru Shihoya)、井上 飛鳥² (Asuka Inoue)、
山下 恵太郎³ (Keitaro Yamashita)、平田 邦生^{3,4} (Kunio Hirata)、青木 淳賢² (Junken Aoki)、
西澤 知宏^{1,4} (Tomohiro Nishizawa)、濡木 理¹ (Osamu Nureki)
¹東大・院理・生物科学 (Dept. of Biol. Sci., Grad. Sch. of Sci., Univ. of Tokyo)、
²東北大・院薬・分子細胞生物学 (Dept. of Molecular and Cellular Bio., Grad. Sch. of Pha Sci., Tohoku Univ.)、
³理研・SPRING-8 (RIKEN SPRING-8 Center)、⁴JST・さきがけ (JST, PRESTO)

1P-003* 翻訳過程におけるリボソーム P ストークの GTPase 運搬機構の解明

Study on GTPase delivery mechanism of ribosomal P stalk during translation process

○丹澤 豪人¹ (Takehito Tanzawa)、加藤 公兎^{1,2} (Koji Kato)、尾瀬 農之^{1,2} (Toyoyuki Ose)、
内海 利男³ (Toshio Uchiumi)、姚 閔^{1,2} (Min Yao)
¹北大・院生命 (Grad. Sch. Life Sci., Hokkaido Univ.)、²北大・院先端生命 (Fac. Adv. Life Sci., Hokkaido Univ.)、
³新潟大・理・生物 (Dept. Biol., Fac. Sci., Niigata Univ.)

1P-004* 複製因子 DNA ligase 1 の認識に基づく UHRF1 の構造変化の解析

Structural basis for conformational change of UHRF1 by binding of replication factor DNA ligase 1

○郡 聡実¹ (Satomi Kori)、Laure Ferry²、治面地 智宏¹ (Tomohiro Jimenji)、又野 翔平¹ (Shohei Matano)、
松村 るみゑ¹ (Rumie Matsumura)、古寺 哲幸^{3,4,5} (Noriyuki Kodera)、安藤 敏夫^{3,4} (Toshio Ando)、
佐藤 衛¹ (Mamoru Sato)、Pierre Defosse²、有田 恭平¹ (Kyohei Arita)
¹横浜市・生命医 (Graduate school of medical life science, Yokohoma City Univ.)、
²Univ. Paris Diderot, Sorbonne Paris Cite, Epigenetics and Cell Fate、
³金沢大学・バイオ AFM センター (Bio-AFM Frontier Research Center, Kanazawa Univ.)、
⁴WPI Nano Life Science Institute、⁵JST, さきがけ (JST, PRESTO)

1P-005* ATP hydrolysis within KaiC hexamer induces conformational changes in its C-terminal segments, thereby promoting their interaction with KaiA

○柚木 康弘^{1,2} (Yasuhiro Yunoki)、矢木 宏和¹ (Hirokazu Yagi)、矢木 - 内海 真穂^{1,2} (Maho Yagi-Utsumi)、
石井 健太郎² (Kentaro Ishii)、村上 怜子¹ (Reiko Murakami)、内山 進³ (Susumu Uchiyama)、
加藤 晃一^{1,2} (Koichi Kato)
¹名古屋市・院薬 (Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Nagoya City University)、
²生命創成探究センター (Exploratory Research Center on Life and Living Systems)、
³阪大・院工 (Graduate School of Engineering, Osaka University)

- 1P-006*** FGFR3/G697C 病原活性変異体の恒常活性における S-S 架橋の重要性
Importance of the S-S bond in the constitutive activation of FGFR3/G697C
 ○岩永 篤¹ (Atsushi Iwanaga)、露口 正人¹ (Masato Tsuyuguchi)、澤 匡明² (Masaaki Sawa)、
 木下 誉富¹ (Takayoshi Kinoshita)
¹大阪府大・理・生 (Dept. of Biol. Sci., Sch. of Sci., Osaka Pref. Univ.)、²カルナバイオサイエンス (CarnaBio Sci.)
- 1P-007*** 狂犬病ウイルス P 蛋白質による JAK-STAT シグナル阻害機構の解明
Molecular basis of JAK-STAT signal pathway inhibition by rabies virus P-protein
 ○杉山 葵¹ (Aoi Sugiyama)、蔣 欣欣¹ (Xinxin Jiang)、永野 悠馬¹ (Yuma Nagano)、野間井 智¹ (Tomo Nomai)、
 若原 拓也¹ (Takuya Wakahara)、前仲 勝実^{1,2} (Katsumi Maenaka)、姚 閔^{1,4} (Min Yao)、Gregory Mosley³、
 尾瀬 農之^{1,4} (Toyoyuki Ose)
¹北大院・生命科学 (Grad. Sch. Life Sci., Hokkaido Univ.)、²北大院・薬 (Faculty of Pharm. Sci., Hokkaido Univ.)、
³School of Biomed. Sci., Monash Univ.、⁴北大院・先端生命 (Faculty of Adv. Life Sci., Hokkaido Univ.)
- 1P-008*** X 線小角散乱法によるコラーゲンプロリン *trans*-4- 水酸化酵素の構造解析
Small angle X-ray scattering analysis of collagen prolyl *trans*-4-hydroxylase
 ○宗田 善久 (Yoshihisa Soda)、庄村 康人 (Yasuhiro Shomura)
 茨大院・理工・量科 (Graduate School of Sci. and Eng., Univ. of Ibaraki)
- 1P-009*** 糸状菌 *Trichoderma viride* 由来 LysOX 前駆体の活性調節の構造基盤
Structural basis of enzyme activity regulation by the propeptide of L-lysine α -oxidase precursor from *Trichoderma viride*
 ○北川 征樹¹ (Masaki Kitagawa)、伊藤 菜奈子¹ (Nanako Ito)、松本 侑也² (Yuya Matsumoto)、
 天野 万里² (Marie Amano)、田村 隆² (Takashi Tamura)、日下部 均³ (Hitoshi Kusakabe)、
 稲垣 賢二² (Kenji Inagaki)、今田 勝巳¹ (Katsumi Imada)
¹阪大・院・理 (Dept. MacroMol., Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)、²岡大・院・環境生命 (Grad. Sch. Env. & Life Sci., Okayama Univ.)、
³(株) エンザイムセンサ (Enzyme Sensor Co. Ltd.)
- 1P-010*** Structural insight into the dietary non-heme iron absorption in human duodenum
 ○Menega Ganasen¹、Honami Asakura¹、Takehiko Toshi²、Xiaoqing Yuan³、Iqbal Hamza³、
 Grant A. Mauk⁴、Yoshitsugu Shiro¹、Hiroshi Sugimoto²、Hitomi Sawai¹
¹Univ. of Hyogo、²RIKEN SPring-8 Center、³Univ. of Maryland、⁴Univ. of British Columbia
- 1P-011*** 多糖類資化細菌 NT5 株が保有するペクチン酸リアーゼ Pel38-NT の特徴
Characterization of pectate lyase, Pel38-NT, from polysaccharide degrading/assimilating bacterium, strain NT5
 ○上野山 彩¹ (Aya Uenoyama)、川瀬 貴典¹ (Takanori Kawase)、中野 蘭² (Mayu Nakano)、
 森脇 洋¹ (Hiroshi Moriwaki)、野村 隆臣¹ (Takaomi Nomura)
¹信州大・繊維・応用生物 (Dept. Appl. Biol., Fac. Tex. Sci. Tech., Shinshu Univ.)、
²信州大・理学・生物 (Dept. Biol., Fac. Sci., Shinshu Univ.)
- 1P-012*** N 末端側 β バレルドメインのクラウン構造が非対称性を生み、協働性を付与する
The metastable asymmetrical structure of the rotorless V₁ motor is determined by the N-terminal β -barrel crown
 ○丸山 慎太郎¹ (Shintaro Maruyama)、鈴木 花野¹ (Kano Suzuki)、今村 元紀² (Motonori Imamura)、
 佐々木 輝¹ (Hikaru Sasaki)、松波 秀行³ (Hideyuki Matsunami)、水谷 健二^{1,4} (Kenji Mizutani)、
 齋藤 靖子⁵ (Yasuko Saito)、今井 ファビアナ・リカ¹ (F.L. Imai)、石塚 (桂) 芳子³ (Yoshiko Ishizuka-Katsura)、
 染谷 (木村) 友美³ (Tomomi Kimura-Someya)、白水 美香子³ (Mikako Shirouzu)、
 内橋 貴之^{6,7} (Takayuki Uchihashi)、安藤 敏夫^{2,6} (Toshio Ando)、山登 一郎^{1,5} (Ichiro Yamato)、
 村田 武士^{1,8} (Takeshi Murata)
¹千葉大・理 (Grad. Sch. Sci., Chiba Univ.)、²金沢大・ナノ生命科学 (WPI Nano Life Sci. Inst., Kanazawa Univ.)、
³理研・DSSB (DSSB, RIKEN)、⁴横浜市大・生命医科 (Grad. Sch. Med. Life. Sci., Yokohama City Univ.)、
⁵東京理科大・基礎工 (Ind. Sci., Tokyo Univ. Sci.)、⁶JST・CREST (CREST, JST)、⁷名古屋大・物理 (Dep. Phys., Nagoya Univ.)、
⁸JST・PREST (PREST, JST)

1P-013* 緑膿菌のヘム蛋白質による金属錯体の捕捉

Incorporation of Synthetic Metal Complexes into Heme Acquisition Proteins of *Pseudomonas aeruginosa*

○榊原 えりか¹ (Erika Sakakibara)、四坂 勇磨¹ (Yuma Shisaka)、荘司 長三¹ (Osami Shoji)、
杉本 宏² (Hiroshi Sugimoto)、渡辺 芳人³ (Yoshihito Watanabe)

¹名大・理・化 (Dept. Chem., Grad. Sch. of Sci., Nagoya Univ.)、²理研・播磨研・SPRING-8 (RIKEN SPRING-8, Harima Inst.)、
³名大・物国 (RCMS, Nagoya Univ.)

1P-014* Large-terpene 合成酵素の酵素的諸性質の解析と部位特異的変異

Characterization and site-directed mutagenesis of large-terpene synthase

○西 智之¹ (Tomoyuki Nishi)、菅原 啓¹ (Kei Sugawara)、小川 佳央¹ (Kao Ogawa)、
高橋 宏忠¹ (Hirotada Takahashi)、上田 大次郎¹ (Daijiro Ueda)、藤橋 雅宏² (Masahiro Fujihashi)、
三木 邦夫² (Kunio Miki)、保野 陽子³ (Yoko Yasuno)、品田 哲郎³ (Tetsuro Shinada)、佐藤 努¹ (Tutomu Sato)

¹新潟大・農 (Niigata Univ.)、²京大・院・理 (Kyoto Univ.)、³阪市大・院・理 (Osaka-city Univ.)

1P-015* リポカリン型プロスタグランジン D 合成酵素と biliverdin との複合体の X 線結晶構造解析

Structural Analysis of Lipocalin-Type Prostaglandin D Synthase Complexed with Biliverdin by X-Ray Crystallography

○室屋 陽香¹ (Haruka Muroya)、寺岡 佳晃^{1,2} (Yoshiaki Teraoka)、西村 重徳¹ (Shigenori Nishimura)、
乾 隆¹ (Takashi Inui)

¹大阪府大・院・生命環境 (Grad. Sch. of Life & Envi. Sci., Osaka Pref. Univ.)、
²日本学術振興会特別研究員 DC (JSPS Research Fellow)

1P-016* *Trypanosoma brucei*由来 GMP reductase と GMP あるいは IMP との複合体の X 線結晶構造解析

X-ray crystal structure of *Trypanosoma brucei* GMP reductase in complex with GMP or IMP

○馬瀬 ひかる (Hikaru Mase)、今村 章 (Akira Imamura)、西村 重徳 (Shigenori Nishimura)、乾 隆 (Takashi Inui)
大阪府大・院・生命環境 (Grad. Sch. of Life & Envi. Sci., Osaka Pref. Univ.)

1P-017* 新規抗寄生虫薬開発に向けた回虫およびブタ複合体 II の結晶構造

Crystal structure of mitochondrial Complex II from *Ascaris suum* and porcine heart aiming for the development of new anti-parasitic drugs

○福田 圭佑¹ (Keisuke Fukuda)、吉岡 志葉¹ (Yukina Yoshioka)、米 愛加¹ (Aika Yone)、佐藤 暖¹ (Dan Sato)、
志波 智生¹ (Tomoo Shiba)、稲岡 ダニエル健² (Daniel Ken Inaoka)、大多和 正樹³ (Masaki Ohtawa)、
長光 亨³ (Tohru Nagamitsu)、北 潔² (Kiyoshi Kita)、原田 繁春¹ (Shigeharu Harada)

¹京工繊大・院・応生 (Dept. Appl. Biol., Grad. Sch. Sci. and Tech., Kyoto Inst. of Tech.)、
²長崎大・院・熱帯医学・グローバルヘルス (Sch. of Trop. Med. and Global Health, Nagasaki Univ.)、
³北里大・院・薬 (Grad. Sch. of Pharm. Sci., Kitasato Univ.)

1P-018* 放線菌 *Streptomyces* sp. 590 由来 L-メチオニン脱炭酸酵素の結晶学的研究

Crystallographic study of L-methionine decarboxylase from *Streptomyces* sp. 590

○尾上 友基¹ (Yuki Onoue)、室田 昌輝¹ (Masaki Murota)、大川 敦司² (Atsushi Okawa)、
細木 志穂¹ (Shiho Hosogi)、中嶋 ひかり³ (Hikari Nakajima)、林 将也² (Masaya Hayashi)、
根本 理子² (Michiko Nemoto)、志波 智生¹ (Tomoo Shiba)、佐藤 暖¹ (Dan Sato)、田村 隆² (Takashi Tamura)、
稲垣 賢二² (Kenji Inagaki)、原田 繁春¹ (Shigeharu Harada)

¹京工繊大・院・応生 (Dept. Appl. Biol., Grad. Sch. Sci. and Tech., Kyoto Inst. of Tech.)、
²岡山大・院・環境生命 (Grad. Sch. Env. & Life Sci., Okayama Univ.)、
³京府大・院・生命環境 (Dept. Appl. Life. Sci., Grad. Sch., Kyoto Pref Univ.)

1P-019* 天然変性領域を持つマルチドメインタンパク質の過渡的構造を介したドメイン間コミュニケーション
Interdomain communication through transient arrangement of the domains tethered by intrinsically disordered region (IDR)

○川崎 亮祐¹ (Ryosuke Kawasaki)、井上 涼平¹ (Ryohei Inoue)、Jie-rong Huang²、Yun-Tzai Cloud Lee³、
栃尾 尚哉⁴ (Naoya Tochio)、Shang-Te Danny Hsu³、楯 真一¹ (Shin-ichi Tate)

¹広大・理・数理 (Dept. of MLS, Grad. Sch. of Sci., Hiroshima Univ.)、²Inst. of Biochem. and Mol. Biol., Yang-Ming Univ.、
³Inst. of Biol. Chem., Academia Sinica、⁴帝京大・薬 (Fac. of Pharma Sci., Teikyo Univ.)

1P-020* B. laterosporus 由来 Cas9 の結晶構造

Crystal Structure of Cas9 from B. laterosporus

○中根 俊博¹ (Toshihiro Nakane)、平野 清一¹ (Seiichi Hirano)、山野 峻¹ (Takashi Yamano)、
中根 崇智² (Takanori Nakane)、石谷 隆一郎¹ (Ryuichiro Ishitani)、西増 弘志¹ (Hiroshi Nishimasu)、
濡木 理¹ (Osamu Nureki)

¹東大・理・生物科学 (Dept. of Biology, Univ. of Tokyo)、²Cambridge Biomedical Campus

1P-021 真核細胞生物の転写システムの複雑化における TBP の役割

(1WA-03) Leading role of TBP in the establishment of complexity in eukaryotic transcription initiation systems

○安達 成彦^{1,2,3} (Naruhiko Adachi)、川上 英良⁴ (Eiryu Kawakami)、千田 俊哉^{1,2} (Toshiya Senda)、
堀越 正美⁵ (Masami Horikoshi)

¹KEK・物構研・PF・構造生物 (SBRC, PF, IMSS, KEK)、²総研大 (SOKEN-DAI)、³JST・さきがけ (PRESTO, JST)、
⁴理研・医科学イノベーションハブ (MIHub, RIKEN)、⁵東大・分生研 (IMCB, Univ. of Tokyo)

1P-022 線維芽細胞増殖因子受容体 3 の膜貫通部位に存在するチロシンによる配向決定

(1WC-05) Conserved tyrosine residues involve in the orientation of the transmembrane region for FGFR3

○玉垣 裕子^{1,2} (Hiroko Tamagaki)、桑原 このみ² (Konomi Kuwahara)、朝比奈 雄也² (Yuya Asahina)、
北條 裕信² (Hironobu Hojo)、佐藤 毅³ (Takeshi Sato)

¹阪大・ナノセンター (INSD, Osaka Univ.)、²阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)、³京都薬大 (Kyoto Pharm. Univ.)

1P-023 補欠因子の塩素イオンを分子陰イオンに置換した光化学系 II の結晶構造解析によるプロトンの排出阻害機構の構造化学的研究

(1WC-04) Structural analysis of the mechanism of proton transfer inhibition due to substitutions of chloride ion by other anions in Photosystem II

○梅名 泰史¹ (Yasufumi Umena)、田丸 翔也² (Shouya Tamaru)、沈 建仁^{1,2} (Jian-Ren Shen)

¹岡大・異分野基礎研 (RIIS, Okayama Univ.)、²岡大・自然科学 (Grad. Sch. of Nat. Sci. Tech., Okayama Univ.)

1P-024 DAPK1 阻害剤としての天然アントラキノンの同定と構造活性相関研究

Identification and structure-activity relationship studies of natural anthraquinones as DAPK1 inhibitors

○横山 武司 (Takeshi Yokoyama)、ウィジャヤ ピーター (Peter Wijaya)、水口 峰之 (Mineyuki Mizuguchi)

富山大・薬 (Fac. of Pharm. Sci. Univ. of Toyama)

1P-025 セレブロンによるサリドマイド鏡像異性体認識の構造基盤

Structural basis of thalidomide enantiomer binding to cereblon

○森 智行¹ (Tomoyuki Mori)、伊藤 拓水^{2,3} (Takumi Ito)、Liu Shujie⁴、安藤 秀樹² (Hideki Ando)、
坂本 聡⁴ (Satoshi Sakamoto)、山口 雄輝⁴ (Yuki Yamaguchi)、徳永 恵津子⁵ (Etsuko Tokunaga)、
柴田 哲男⁵ (Norio Shibata)、半田 宏² (Hiroshi Handa)、箱嶋 敏雄¹ (Toshio Hakoshima)

¹奈良先端大・構造生物学 (Struct. Biol. Lab., NAIST)、²東京医科大・ナノ粒子 (Dept. of Nanopart. Trans. Res., Tokyo Med. Univ.)、
³JST・さきがけ (PRESTO, JST)、⁴東工大・生命理工 (School of Life Sci. and Tech, Tokyo Tech.)、
⁵名工大・ナノメディシン (Dept. of Nanopharm. Sci., Nagoya Inst. of Tech.)

1P-026 分子動力学計算を用いた単一ヌクレオソームの内部構造・動態に関する各コアヒストンの寄与

A Theoretical Study of the Internal Structure and Dynamics of Single Nucleosomes Focusing on Effects of Core-Histone Proteins

○亀田 健 (Takeru Kameda)、富樫 祐一 (Yuichi Togashi)、粟津 暁紀 (Akinori Awazu)

広島大学大学院理学研究科数理分子生命理学専攻 (Dept. of Mathematical and Life Sciences, Hiroshima Univ.)

1P-027 ヒスタミン合成酵素とヒスタミンアナログ阻害剤の構造解析

Structure analysis of Histidine decarboxylase in complex with an aminoxy analog of histamine

西田 理央¹ (Rio Nishida)、松村 瑠子¹ (Yoko Matsumura)、Francisca Sanchez Jimenez²、
新田 陽子³ (Yoko Nitta)、○小森 博文¹ (Hirofumi Komori)

¹香大・教育 (Faculty of Educ., Univ. of Kagawa)、²マラガ大学 (Univ. of Malaga)、
³岡山県大・保健福祉 (Grad Sch. of Health & Welfare Sci., Okayama pref. Univ.)

- 1P-028 基質を2分子結合したヒドロキシメチルピラン合成酵素のX線結晶構造解析**
X-ray crystal structure analysis of hydroxymethylbilane synthase in complex with two porphobilinogen molecules
 ○佐藤 秀明¹ (Hideaki Sato)、杉島 正一¹ (Masakazu Sugishima)、塚口 舞¹ (Mai Tsukaguchi)、増子 隆博² (Takahiro Masuko)、小俣 義明³ (Yoshiaki Omata)、和田 啓⁴ (Kei Wada)、久枝 良雄² (Yoshio Hisaeda)、山本 健¹ (Ken Yamamoto)
¹久留米大・医・医化学 (Dept. of Med. Biochem., Kurume Univ. Sch. of Med.)、
²九大・院工・応用化学 (Grad. Sch. of Eng., Kyushu Univ.)、
³横浜薬大・薬・分子生物 (Fac. of Phar. Sci., Yokohama Univ. of Phar.)、⁴宮崎大・医 (Dept. of Med. Sci., Univ. of Miyazaki)
- 1P-029 Go モデルを用いた GA/GB ドメイン関連タンパク質のフォールディングシミュレーション**
GA/GB domain related proteins folding simulation based on Go model
 ○浜上 翔矢 (Shoya Hamaue)、菊地 武司 (Takeshi Kikuchi)
 立命大・生命・生情 (Dept. Bioinfo., Coll. Biosci., Ritsumeikan Univ.)
- 1P-030 残基間平均距離統計に基づくコンタクトマップによるフラボヘモグロビンのフォールディング経路解析**
Analysis of folding pathways of flavohemoglobins using contact maps based on Inter-residue Average Distance Map
 ○土田 敦也 (Atsuya Tsuchida)、菊池 武司 (Takeshi Kikuchi)
 立命大・生命・生情 (Dept. Bioinfo., Coll. Biosci., Ritsumeikan Univ.)
- 1P-031 HTLV-1 ENV 由来ペプチドとニューロピリン 1 b1 ドメインの物理化学的相互作用解析**
Physicochemical analysis of the interaction between HTLV-1 ENV-derived peptides and neuropilin-1 b1 domain
 ○楠 英樹¹ (Hideki Kusunoki)、田中 俊之² (Toshiyuki Tanaka)、河野 俊之³ (Toshiyuki Kohno)、細田 和男⁴ (Kazuo Hosoda)、若松 馨⁴ (Kaori Wakamatsu)、浜口 功¹ (Isao Hamaguchi)
¹感染症・血液・安全性研究部 (Dept. of Safety Research on Blood and Biological Products, NIID)、
²筑波大学大学院生命環境科学研究科 (Grad Sch. of Life and Environmental Sci., Univ. of Tsukuba)、
³北里大学医学部・生化学 (Dept. of Biochemistry, Kitasato Univ. Sch. of Med.)、
⁴群馬大学大学院理工学府・分子科学部門 (Dept. of Chemistry and Chemical Biology, Grad Sch. of Engineering, Gunma Univ.)
- 1P-032 セラミド輸送蛋白質 CERT の PH ドメインとクラミジア菌寄生胞 IncD 蛋白質の会合機序の構造生物学的解明**
Structural basis for association of PH domain of the ceramide transport protein CERT with the Chlamydia trachomatis inclusion protein IncD
 新家 粧子¹ (Shoko Shinya)、熊谷 圭悟² (Keigo Kumagai)、○杉木 俊彦¹ (Toshihiko Sugiki)、小林 直宏¹ (Naohiro Kobayashi)、藤原 敏道¹ (Toshimichi Fujiwara)、花田 賢太郎² (Kentaro Hanada)、児嶋 長次郎^{1,3} (Chojiro Kojima)
¹阪大・蛋白研 (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)、²国立感染症研・細胞化学 (Dept. Biochem. Cell Biol., Natl. Inst. Infect. Dis.)、
³横浜国大院・工 (Grad. Sch. Eng., Yokohama Natl. Univ.)
- 1P-033 ヒト由来ミトコンドリア外膜タンパク質 Voltage-dependent anion channel 1 (VDAC1) の結晶構造解析とオリゴマー形成**
Crystal structural characterization reveals novel oligomeric interactions of human voltage-dependent anion channel 1 (VDAC1)
 ○保坂 俊彰¹ (Toshiaki Hosaka)、岡崎 正晃^{2,3} (Masateru Okazaki)、染谷 友美¹ (Tomomi Kimura-Someya)、桂 芳子¹ (Yoshiko Ishizuka-Katsura)、伊東 夏織¹ (Kaori Ito)、横山 茂之⁴ (Shigeyuki Yokoyama)、とど 孝介^{2,3} (Kosuke Dodo)、袖岡 幹子^{2,3} (Mikiko Sodeoka)、白水 美香子¹ (Mikako Shirouzu)
¹理研・CLST (RIKEN, CLST)、²理研・袖岡有機合成化学 (RIKEN, Synth. Organic Chem. Lab)、
³ERATO・袖岡生細胞分子化学 (ERATO, SODEOKA Live Cell Chem. project)、⁴理研・横山構造 (RIKEN, Struct. Bio. Lab)

- 1P-034** *Burkholderia cepacia* 由来 FAD グルコース脱水素酵素の X 線結晶構造解析
Crystal structure analysis of *Burkholderia cepacia* FAD-dependent glucose dehydrogenase
- 吉田 裕美¹ (Hiromi Yoshida)、小嶋 勝博² (Katsuhiko Kojima)、神鳥 成弘¹ (Shigehiro Kamitori)、早出 広司^{3,4} (Koji Sode)
- ¹香川大・総合生命セ、医 (Life Sci. Res. Center & Fac. of Med., Kagawa Univ.)、
²(有)アルティザイム・インターナショナル (Ultizyme Int'l Ltd)、
³東京農工大・工 (Grad. Sch. of Eng., Tokyo Univ. of Agric. & Technol.)、
⁴ノースカロライナ大学チャペルヒル校 / ノースカロライナ州立大学・医用工 (Joint Dep. of Biomed. Eng., The Univ. of NC at Chapel Hill/NC State Univ., Chapel Hill)
- 1P-035** クライオ電子顕微鏡とプロテイントモグラフィー法による精製タンパク質一分子の構造解析結果を利用するために
Utilization of the results of single protein molecule structure analysis using cryo-electron microscope by protein tomography method
- 前川 あゆ美¹ (Ayumi Maegawa)、三瀬 武史¹ (Takeshi Mise)、Ulf Skoglund²、亀井 朗¹ (Akira Kamei)
- ¹沖縄プロテイントモグラフィー (株)・研究開発部 (R&D Dept., Okinawa Protein Tomography Ltd.)、
²沖縄科学技術大学院大 (OIST)
- 1P-036** クライオ電子顕微鏡を用いたグルタミン酸脱水素酵素ドメイン運動の解析
Cryo-electron microscopy study toward detecting domain motion of glutamate dehydrogenase
- 大出 真央^{1,2} (Mao Oide)、加藤 貴之³ (Takayuki Kato)、荳口 友隆^{1,2} (Tomotaka Oroguchi)、難波 啓一^{3,4} (Keiichi Namba)、中迫 雅由^{1,2} (Masayoshi Nakasako)
- ¹慶應・院理工 (Grad. Sci. Tech., Keio Univ.)、²理研・RSC (RIKEN SPring-8 Center)、
³阪大・院生命機能 (Grad. Sci. of Front. Biosci., Osaka Univ.)、⁴理研・QBiC (RIKEN, QBiC)
- 1P-037** バイオ医薬品のルーチン的な精密質量分析における課題を克服する質量分析計
Towards Overcoming the Challenges of Implementing Accurate Mass MS for Routine Biotherapeutic Analysis
- 廣瀬 賢治¹ (Kenji Hirose)、寺崎 真樹¹ (Maki Terasaki)、Henry Shion²、Jonathan Pugh²、Robert Lewis²、Ying Qing Yu²、John Gebler²、Scott Berger²、Weibin Chen²
- ¹日本ウォーターズ株式会社 (Nihon Waters K.K.)、²Waters Corporation
- 1P-038** 膜蛋白質の高分解能構造解析を目指した "salipro 法" 実用性の検討
Evaluating the placticability of "salipro method" aimed for the high-resolution structural analysis of membrane proteins
- 的場 京子¹ (Kyoko Matoba)、川本 晃大¹ (Akihiro Kawamoto)、福田 昌弘² (Masahiro Fukuda)、長村 怜奈² (Reina Nagamura)、西澤 知宏² (Tomohiro Nishizawa)、宮崎 直幸¹ (Naoyuki Miyazaki)、石谷 隆一郎² (Ryuichiro Ishitani)、岩崎 憲治¹ (Kenji Iwasaki)、濡木 理² (Osamu Nureki)、高木 淳一¹ (Junichi Takagi)
- ¹阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)、²東大・理・生科 (Dept. of Biol. Sci., Grad. Scho. of Sci., Univ. of Tokyo)
- 1P-039** 堅牢なバイオ医薬品特性解析向け分析スケール Native SEC-MS
Analytical Scale Native SEC-MS for Robust Biotherapeutic Characterization
- 寺崎 真樹¹ (Maki Terasaki)、廣瀬 賢治¹ (Kenji Hirose)、Henry Shion²、Dale A Cooper-Shepherd²、Laetitia Denbigh²、Maria Basanta-Sanchez²、Barbara Sullivan²、Ying Qing Yu²、Weibin Chen²
- ¹日本ウォーターズ株式会社 (Nihon Waters K.K.)、²Waters Corporation
- 1P-040** Immobilization of conformational state of E.hirae V-ATPase complex using PA tag system for structural analysis
- ヤクシジ ファビアナ リカ¹ (Fabiana L Yakushiji)、角田 潤^{2,3} (Jun Tsunoda)、ソン チホン³ (Chihong Song)、上野 博史⁴ (Hiroshi Ueno)、飯野 亮太⁵ (Ryota Iino)、小笠原 諭¹ (Satoshi Ogasawara)、高木 淳一⁶ (Junichi Takagi)、村田 和義^{2,3} (Kazuyoshi Murata)、村田 武士¹ (Takeshi Murata)
- ¹千葉大・理・化 (Dept. of Chem., Grad. Sch. Of Sci., Chiba Univ.)、²総研大 (SOKENDAI)、³生理研 (NIPS)、
⁴東大・院工 (Sch. Eng., Univ. Tokyo)、⁵岡崎統合バイオ / 分子研 (OIB/IMS)、⁶蛋白研 (IPR)

1P-041 X線小角散乱測定による glycosylated および aglycosylated IgG1-Fc の高次構造解析
Elucidation of the higher order structure of glycosylated and aglycosylated IgG1-Fc using small angle X-ray scattering

○八桁 清樹¹ (Seiki Yageta)、今村 比呂志^{1,2} (Hiroshi Imamura)、渋谷 理紗³ (Risa Shibuya)、
 本田 真也^{1,3,4} (Shinya Honda)

¹産総研・バイオメディカル (BMRI, AIST)、²立命館・生命科学 (Coll. Life Sci., Ritsumeikan Univ.)、
³東大・新領域 (Grad. Sch. of Front. Sci., Univ. of Tokyo)、⁴次世代バイオ (MAB)

1P-042 X線結晶構造解析による HGF の活性変換メカニズムの解明
Structural analysis of HGF to understand its activation mechanism

○岩佐 奈実¹ (Nami Iwasa)、有森 貴夫¹ (Takao Arimori)、酒井 克也² (Katsuya Sakai)、
 松本 邦夫² (Kunio Matsumoto)、加藤 幸成³ (Yukinari Kato)、高木 淳一¹ (Junichi Takagi)

¹阪大・蛋白研 (Osaka Univ. IPR.)、²金沢大・がん進展制御研 (Kanazawa Univ. Cancer Inst.)、³東北大・医 (Tohoku Univ. Med.)

1P-043 IdeS プロテアーゼによるエキソサイトを介した IgG 切断反応機構の構造基盤
Structural basis of exosite-mediated IgG cleavage reaction by IdeS protease

○有森 貴夫 (Takao Arimori)、小山 知晃 (Tomoaki Koyama)、高木 淳一 (Junichi Takagi)

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

1P-044 オレキシン受容体結合型におけるオレキシン B の構造学的解析
Structural Analysis of Orexin B Complexed with Orexin Receptor

○西山 隆介¹ (Ryusuke Nishiyama)、関山 直孝¹ (Naotaka Sekiyama)、今村 香代¹ (Kayo Imamura)、
 寿野 良二² (Ryoji Suno)、小林 拓也² (Takuya Kobayashi)、朽尾 豪人¹ (Hidehito Tochio)

¹京大・理・生 (Div. of Biol., Grad. Sch. of Sci., Kyoto Univ.)、²京大・医 (Grad. Sch. of Med., Kyoto Univ.)

1P-045 低活性で広い基質特異性をもつ Fusobacterium nucleatum L- 乳酸脱水素酵素ホモログ
Low catalytic activity and broad substrate specificity of Fusobacterium nucleatum L-lactate dehydrogenase homolog

成田 有輝¹ (Yuuki Narita)、古川 那由太² (Nayuta Furukawa)、桃尾 美帆¹ (Miho Momoo)、
 川浪 大輔¹ (Daisuke Kawanami)、金子 拓馬¹ (Takuma Kaneko)、宮永 顕正³ (Akimasa Miyanaga)、
 中島 将博¹ (Masahiro Nakajima)、○田口 速男¹ (Hayao Taguchi)

¹東京理大・理工・応生 (Dept. of Appl. Biol. Sci., Tokyo Univ. of Sci.)、²新潟薬大・応生科 (Dept. of Appl. Life Sci., NUPALS)、
³東工大・理 (Dept. of Chem., Tokyo Inst. of Technol.)

1P-046 Peptide-based antagonists of the Bcl-2-regulated apoptosis pathway

○EF Lee^{1,2}、BJ Smith²、SH Gellman³、WD Fairlie^{1,2}

¹La Trobe Institute for Molecular Science, Bundoora, Victoria, Australia、

²Olivia Newton-John Cancer Research Institute, Heidelberg, Victoria, Australia、

³University of Wisconsin, Madison, USA

計算科学・情報科学 / Computation/Information science (1P-047 ~ 1P-067)

1P-047* ATP 合成酵素 Fo モーターの回転機構に関する分子シミュレーション研究

The molecular dynamics simulation about the rotation mechanism of Fo motor of ATPase

○久保 進太郎 (Shintaroh Kubo)、高田 彰二 (Shoji Takada)

京大・理・生物物理 (Dept. of Biophysics, Grad. of Sci., Kyoto Univ.)

1P-048* MD シミュレーションを用いたグルコーストランスポーター 8 (GLUT8) の膜貫通ヘリックス 7 (TM7) に関する解析

Role of transmembrane helix 7 (TM7) in glucose transporter 8 (GLUT8) as revealed by MD simulations

○中田 康太 (Kota Nakada)、古田 忠臣 (Tadaomi Furuta)、櫻井 実 (Minoru Sakurai)

東工大・バイオセンター (Center for Biol. Res. & Inform., Tokyo Tech.)

- 1P-049*** 粗視化 MD シミュレーションを用いた ATP 結合により誘起されるマルトーストランスポーターの構造変化の解析
Coarse-grained MD simulation on conformational changes of maltose transporter induced by ATP binding
 ○平野 諒輔 (Ryousuke Hirano)、古田 忠臣 (Tadaomi Furuta)、櫻井 実 (Minoru Sakurai)
 東工大・バイオセンター (Center for Biol. Res. & Inform., Tokyo Tech.)
- 1P-050*** 計算化学的手法による Angiotensin II type 1 receptor (AT1R) の活性化メカニズムの解析
Activation mechanism of Angiotensin II type 1 receptor (AT1R) as revealed by molecular dynamics and metadynamics simulations
 ○金森 悠一郎 (Yuichiro Kanamori)、古田 忠臣 (Tadaomi Furuta)、櫻井 実 (Minoru Sakurai)
 東工大・バイオセンター (Center for Biol. Res. & Inform., Tokyo Tech.)
- 1P-051*** レプリカ置換法に対する新たな置換アルゴリズムの開発とシニョリンへの応用
Development of new permutation algorithm for replica-permutation method and its application to chignolin
 ○山内 仁喬^{1,2} (Masataka Yamauchi)、奥村 久士^{1,2} (Hisashi Okumura)
¹総研大・物理・構造 (Dept. of Struct. Mol. Sci., SOKENDAI)、²分子研 (IMS)
- 1P-052*** ヒト δ - μ オピオイド受容体ヘテロダイマー化を促進する低分子の解析
Analysis of compounds that activate heterodimer formation between μ - and δ - opioid receptors
 ○塚田 佑介 (Yusuke Tsukada)
 東京電大・理工・生命理工 (Div. of Lifesci., Ugrad Sch. of Sci Eng., Tokyo Denki Univ.)
- 1P-053*** 転写開始前複合体 PIC 形成と DNA 開裂の粗視化分子シミュレーション研究
Transcription Pre-initiation Complex Formation and DNA Opening Studied by Coarse-grained Molecular Simulation
 ○篠 元輝 (Genki Shino)、清水 将裕 (Masahiro Shimizu)、久保 進太郎 (Shintaroh Kubo)、新稲 亮 (Toru Niina)、高田 彰二 (Shoji Takada)
 京大・理・生物・生物物理 (Dept. of Biophys., Div. of Bio. Sci., Grad. Sch. of Sci., Kyoto Univ.)
- 1P-054*** ABC トランスポーター CFTR の構造変化及び基質輸送機構の計算化学的解析
Computational study of the structural changes and substrate transport mechanism of ABC transporter CFTR
 ○千葉 一輝 (Kazuki Chiba)、古田 忠臣 (Tadaomi Furuta)、櫻井 実 (Minoru Sakurai)
 東工大・バイオセンター (Center for Biol. Res. & Inform., Tokyo Tech.)
- 1P-055*** 結晶構造・熱力学解析・分子動力学計算を用いた抗体によるリン酸基認識機構の解明
Structural, physicochemical and computational analyses reveal the recognition mechanism of a phosphorylated antigen by an antibody
 ○河出 来時¹ (Raiji Kawade)、黒田 大祐² (Daisuke Kuroda)、中木戸 誠² (Makoto Nakakido)、秋葉 宏樹³ (Hiroki Akiba)、Jose Caaveiro⁶、奥村 繁⁴ (Shigeru Okumura)、丸山 俊昭⁴ (Toshiaki Maruyama)、Kevin Entzminger⁴、津本 浩平^{1,5} (Kouhei Tsumoto)
¹東大院・工・バイオエンジ (Dept. of Bioeng., Sch. of Eng., Univ. of Tokyo)、²東大院・工・化生 (Dept. of Chembio., Sch. of Eng., Univ. of Tokyo)、³国立栄養研 (NIBIOHN)、⁴Abwiz Bio, Inc、⁵東大医科研 (IMS, Univ. of Tokyo)、⁶九大院・工 (Sch. of Eng, Kyusyu Univ.)
- 1P-056*** フリッパーゼ作動機構解明に向けた糖鎖付加脂質の動態解析と粗視化モデリング
Dynamic analysis and coarse grained modeling of lipid-linked-oligosaccharide to reveal mechanisms of flippase functions
 ○村田 隆 (Yutaka Murata)、新稲 亮 (Toru Niina)、高田 彰二 (Shoji Takada)
 京大・理・生物物理 (Dept. of Biophys. Sci., Kyoto Univ.)

- 1P-057*** ギリシャキーモチーフおよびその類似構造の特徴：立体構造データベース解析
The protein structure database analysis of the greek key motif and its similar structures
 ○上田 龍一郎 (Ryuichiro Ueda)、千見寺 浄慈 (George Chikenji)
 名大・工・応物 (Dept. of App. Phys., Nagoya Univ)
- 1P-058*** 蛋白質ポケット部位の大規模比較手法の性能改善
Improvement of the method for large-scale structural comparison of protein pocket
 ○中村 司¹ (Tsukasa Nakamura)、富井 健太郎^{1,2} (Kentaro Tomii)
¹東大・院新・メ情報生命 (Dept. of Comp. Bio. and Med. Sci., GSFS, Univ. of Tokyo)、²産総研 (AIST)
- 1P-059** linked open data を利用するアラインメントビューアの開発
Development of an alignment viewer with a function to use linked open data
 ○藤 博幸¹ (Hiroyuki Toh)、山口 敦子² (Atsuko Yamaguchi)、工藤 高裕³ (Takahiro Kudou)、
 山下 鈴子³ (Reiko Yamashita)
¹関学、理工、医化 (Dept. Biomed. Chem., Sci. Sci. Tech., KGU)、²DBCLS, ROIS、³阪大、蛋白研 (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)
- 1P-060** ColDock : 高濃度リガンド条件での全原子 MD シミュレーションを用いた蛋白質-リガンド複合体構造の効率的な探索手法
ColDock: Concentrated ligand Docking method for an efficient protein-ligand complex structure prediction using all atom MD
 ○竹村 和浩 (Kazuhiro Takemura)、北尾 彰朗 (Akio Kitao)
 東工大・生命理工 (Sch. Life Sci. Tech., Tokyo Tech.)
- 1P-061** プリオン様ドメインを持つタンパク質の配列解析
Sequence analysis of proteins with prion-like domain
 ○古川 哲 (Tetsu Furukawa)、小長谷 佳蓮 (Karen Konagaya)、辻 大樹 (Daiki Tsuji)、藤 博幸 (Hiroyuki Toh)
 関学・理工・医化 (Dept. Biomed. Chem., Sci. Sci. Tech., KGU)
- 1P-062** 新規アルケミカル結合自由エネルギー計算手法ワーブドライブ法の開発と有限サイズ効果
Warp-drive method eliminating finite-size effect on binding free energies
 ○浴本 亨 (Toru Ekimoto)、山根 努 (Tsutomu Yamane)、池口 満徳 (Mitsunori Ikeguchi)
 横浜市大 (Yokohama City Univ.)
- 1P-063** シクロスポリン A の CHARMM 力場の開発
Development of the CHARMM force field for Cyclosporine A
 ○山根 努 (Tsutomu Yamane)、渡邊 裕太 (Yuta Watanabe)、浴本 亨 (Toru Ekimoto)、池口 満徳 (Mitsunori Ikeguchi)
 横浜大院・生命医 (Med. Life Sci. Grad. Sch. Yokohama City Univ.)
- 1P-064** 全自動デノボタンパク質構造デザインに向けて
Toward fully automated de novo protein design
 ○南 慎太郎¹ (Shintaro Minami)、古賀 理恵¹ (Rie Koga)、古賀 信康^{1,2} (Nobuyasu Koga)
¹分子研・協奏 (IMS, CIMoS)、²自然科学研究機構・生命創成探究センター (NINS, ExCELLS)
- 1P-065** Check point kinase 1 阻害剤系における構造遷移と自由エネルギー変分原理を用いた相対的結合自由エネルギー予測
Relative binding free energies estimation based on the free energy variation principle and structure transition for Chk1-inhibitor systems
 ○近藤 大地 (Daichi Kondou)、芦田 剛士 (Takeshi Ashida)、菊地 武司 (Takeshi Kikuchi)
 立命大・生命・生情 (Dept. Bioinfo. Coll. Biosci. Ritsumeikan Univ.)
- 1P-066** NGPS 原因タンパク質 BAF の分子動力学シミュレーションおよびソリューションマップ解析
Molecular dynamics simulation and solution map analysis of BAF as NGPS responsible protein
 ○浜野 将孝 (Masataka Hamano)、山口 千晶 (Chiaki Yamaguchi)、杉田 昌岳 (Masatake Sugita)、
 平田 文男 (Fumio Hirata)、菊地 武司 (Takeshi Kikuchi)
 立命大・生命・生情 (Dept. Bioinfo., Coll. Biosci., Ritsumeikan Univ.)

- 1P-067** 自由エネルギー変分原理を用いた CDK2 タンパク - リガンド系の相対的結合自由エネルギーの予測と結合様式
Prediction of relative binding free energy for CDK2-Ligand system based on free energy variational principle. Binding mode analysis
 河野 隆之 (Takayuki Kawano)、芦田 剛士 (Takeshi Ashida)、○菊地 武司 (Takeshi Kikuchi)
 立命大・生命・生情 (Dept. Bioinfo., Coll. Biosci., Ritsumeikan Univ.)

機能解析・細胞・イメージング /

Protein/cellular functions, Imaging (1P-068 ~ 1P-080)

- 1P-068*** ヘモグロビン・アロステリック 1 分子転移計測
Single Molecular Measurements on the Allosteric Transitions of Hemoglobin
 ○岡村 優¹ (Yuu Okamura)、倉持 昌弘^{1,2} (Masahiro Kuramochi)、開 俊樹³ (Toshiki Hiraki)、
 柴山 修哉³ (Naoya Shibayama)、関口 博史⁴ (Hiroshi Sekiguchi)、佐々木 裕次^{1,2,4} (Yuji Sasaki)
¹東大・創域・物質 (Dept. of Adv. Material Sci. Grad. Sch. of FS., Univ of Tokyo)、
²産総研・東大・OIL (AIST-UTokyo OPELANDO-OIL)、³自治医大 (Jichi Med. Univ.)、⁴SPRING-8/JASRI
- 1P-069*** 細菌によって分解された抗体と免疫活性化受容体 LILRA2 との特異的相互作用機構の解明
The molecular basis of an immune receptor and bacterially degraded antibodies
 ○山崎 莉佳¹ (Rika Yamazaki)、古川 敦¹ (Atsushi Furukawa)、平安 恒幸² (Koyuki Hirayasu)、
 荒瀬 尚² (Hisashi Arase)、前仲 勝実¹ (Katsumi Maenaka)
¹北大・院・薬 (Grad. Sch. of Pharm., Hokkaido Univ.)、²阪大・微研 (RIMD)
- 1P-070*** ヒトの自然免疫系を阻害する麻疹ウイルス V 蛋白質の機能解析
Functional analysis of human innate immunity signaling inhibitor: Measles virus V protein
 ○永野 悠馬¹ (Yuma Nagano)、若原 拓也¹ (Takuya Wakahara)、秦 玉瑩¹ (Tamae Shin)、柳 雄介² (Yusuke Yanagi)、
 前仲 勝実¹ (Katsumi Maenaka)、尾瀬 農之^{1,3} (Toyoyuki Ose)
¹北大・薬 (Pharm., Hokkaido Univ.)、²九大・医 (Med., Kyushu Univ.)、³北大・先端生命 (Fac. of Adv. Life Sci., Hokkaido Univ.)
- 1P-071*** 電位駆動型モータープレスティン以外の SLC26 イオン輸送体にも電位感受能は存在する
 (3WCp-05) **Prestin, a membrane-based voltage-driven motor, is not the sole member of the SLC26 family that can sense voltage**
 ○桑原 誠¹ (Makoto Kuwabara)、和佐野 浩一郎² (Koichiro Wasano)、高橋 里枝² (Satoe Takahashi)、
 Justin Bodner³、小森 智貴¹ (Tomotaka Komori)、上村 想太郎¹ (Sotaro Uemura)、Jing Zheng²、
 島 知弘¹ (Tomohiro Shima)、本間 和明² (Kazuaki Homma)
¹東大・院理・生物科学 (Dep. of Biol. Sci., Grad Sch. of Sci., The Univ. of Tokyo)、
²ノースウェスタン大・医 (Feinberg Sch. of Med., Northwestern Univ.)、³デポール大 (DePaul Univ.)
- 1P-072*** 多糖類資化細菌 NT5 株由来ペクチン酸リアーゼ Pel54-NT の酵素学的諸性質
Enzymatic properties of pectate lyase, Pel54-NT, from polysaccharide degrading/assimilating bacterium, strain NT5
 ○川瀬 貴典¹ (Takanori Kawase)、上野山 彩¹ (Aya Uenoyama)、中野 繭² (Mayu Nakano)、
 森脇 洋¹ (Hiroshi Moriwaki)、野村 隆臣¹ (Takaomi Noumura)
¹信州大・繊維・応用生物 (Dept. Appl. Biol., Fac. Tex. Sci. Tech., Shinshu Univ.)、
²信州大・理学・生物 (Dept. Biol., Fac. Sci., Shinshu Univ.)
- 1P-073*** 好熱性真菌 *Chaetomium thermophilum* 由来 PFD の機能構造解析
Structural and functional characterization of Prefoldin from *Chaetomium thermophilum*
 ○菅野 愛吏紗¹ (Arisa Kanno)、森田 健斗¹ (Kento Morita)、山本 陽平¹ (Yohei Yamamoto)、
 野井 健太郎² (Kentaro Noi)、小椋 光³ (Teru Ogura)、野口 恵一⁴ (Keiichi Noguchi)、
 養王田 正文¹ (Masafumi Yohda)
¹農工大・院工・生命工 (Dept. of Biotech., Tokyo Univ. of Agric. and Technol.)、
²阪大・基礎工・機能創成 (Grad. Sch. of Eng. Sci., Osaka Univ.)、
³熊本大・発生医学研究所 (Institute of Molecular Embryology and Genetics, Kumamoto Univ.)、
⁴農工大・機器分析施設 (Instrument analysis. Tokyo Univ. of Agric. and Technol.)

1P-074* SPR を活用した鉄獲得機構を標的とした化膿連鎖球菌に対する新規抗菌剤の探索**SPR screening and analysis of novel inhibitors targeting iron-acquiring pathway against *Streptococcus Pyogenes***

○妹尾 暁暢¹ (Akinobu Senoo)、長門石 暁^{1,2,3} (Satoru Nagatoishi)、中木戸 誠¹ (Makoto Nakakido)、
星野 将人² (Masato Hoshino)、福田 哲也⁴ (Tetsuya Fukuda)、小尾 奈緒子⁵ (Naoko Obi)、
中山 登⁴ (Noboru Nakayama)、板東 泰彦⁴ (Yasuhiko Bando)、石崎 仁将⁶ (Yoshimasa Ishizaki)、
澤 竜一⁶ (Ryuichi Sawa)、五十嵐 雅之⁶ (Masayuki Igarashi)、津本 浩平^{1,2,3} (Kouhei Tsumoto)

¹東大院・工・化生 (Dept. of Chem. Biotech., Sch. of Eng., Univ. of Tokyo)、

²東大院・工・バイオエンジニアリング (Dept. of Bioeng., Sch. of Eng., Univ. of Tokyo)、³東大・医科研 (Inst. of Med. Sci., Univ. of Tokyo)、

⁴バイオシス・テクノロジーズ (Biosys Technologies, Inc.)、⁵日本写真印刷 (Nissha Printing Co., Ltd.)、

⁶微生物化学研究所 (Inst. of Microbial Chem.)

1P-075* 細胞強制発現系において B3GnT2 が示す糖蛋白質へのポリラクトサミン付加挙動の評価**Effect of overexpression of B3GnT2 on poly-lactosamine modification of various glycoproteins**

○矢野 杜惟¹ (Morishii Yano)、的場 京子² (Kyoko Matoba)、Joachim Wittbrodt³、Gary Davidson⁴、
高木 淳一^{1,2} (Junichi Takagi)

¹阪大・院・理 (Grad. Sch. of Sci., Osaka Univ.)、²阪大・蛋白質研 (Osaka Univ. IPR.)、³Heidelberg Univ.、

⁴Karlsruhe Inst. of Technology

1P-076* Development of the Sub-millisecond Resolved Single-molecule Fluorescence Microscopy for the Functional Analysis of DNA-binding Proteins

○Dwiky R. G. Subekti^{1,2}、Agato Murata^{1,2}、Yuji Itoh^{1,2}、Reid C. Johnson³、Satoshi Takahashi¹、
Kiyoto Kamagata¹

¹IMRAM, Tohoku Univ.、²Dept. of Chem., Grad. Sch. of Sci., Tohoku Univ.、³UC Los Angeles

1P-077* 酸素センサータンパク質 FixL における分子内シグナル伝達機構の解析**Investigation of the intra-molecular signal transduction mechanism in the oxygen sensor protein FixL**

○鎌屋 美咲¹ (Misaki Kamaya)、杉本 宏^{1,2} (Hiroshi Sugimoto)、城 宜嗣¹ (Yoshitsugu Shiro)、
澤井 仁美^{1,2} (Hitomi Sawai)

¹兵庫県大・院・生命理 (Grad. Sch. of Life Sci., Univ. of Hyogo)、²理研・播磨 (RIKEN SPring-8)

1P-078* 異なる脂質環境におけるセロトニン受容体の物理化学機能解析**Physicochemical evaluation of serotonin receptor in various lipid environments**

○吉田 浩平¹ (Kouhei Yoshida)、長門石 暁^{1,2,3} (Satoru Nagatoishi)、津本 浩平^{1,2,3} (Kouhei Tsumoto)

¹東大院・工・バイオエンジニアリング (Dept. of Bioeng., Sch. of Eng., Univ. of Tokyo)、²東大・医科研 (Inst. of Med. Sci., Univ. of Tokyo)、

³東大院・工・化生 (Dept. of Chem. Biotech., Sch. of Eng., Univ. of Tokyo)

1P-079 不凍タンパク質は凍結・低温環境下における線虫 *C. elegans* の生存率を上昇させる**Antifreeze protein increase the survival rate of *C. elegans* in freeze environments and low temperatures**

○倉持 昌弘^{1,2,3} (Masahiro Kuramochi)、高梨 千晶^{1,2} (Chiaki Takanashi)、戸井 基道³ (Motomichi Doi)、
関口 博史⁴ (Hiroshi Sekiguchi)、津田 栄⁵ (Sakae Tsuda)、佐々木 裕次^{1,2,4} (C Yuji Sasaki)

¹東京大・新領域・物質系 (Dept. of Adv. Mat. Sci., Grad. Sch. of Fron. Sci., Univ. of Tokyo)、

²産総研・東大 OIL (AIST-UTOKYO OPERANDO-OIL)、³産総研・バイオメディカル (Biom. R.I., AIST)、

⁴高輝度光科学研究センター (JASRI)、⁵産総研・生物プロセス (Biop. R.I., AIST)

1P-080 走査電子誘電率顕微鏡を用いた溶液中における抗体医薬品のフラクタル凝集観察**Observation of therapeutic monoclonal antibody in solution using Scanning Electron-Assisted Dielectric Microscopy**

○千賀 由佳子¹ (Yukako Senga)、今村 比呂志^{1,2} (Hiroshi Imamura)、小椋 俊彦¹ (Toshihiko Ogura)、
本田 真也¹ (Shinya Honda)

¹産総研・バイオメディカル (Biomed. Res. Inst., AIST.)、²立命館・生命科学 (Coll. Life Sci., Ritsumeikan Univ.)

物性・フォールディング / Biophysics, Protein Folding (1P-081 ~ 1P-112)

1P-081* プリオンタンパク質の予防基盤技術の開発に向けた Prion (180-193) のアミロイド形成の防止ペプチドの設計とその評価

A Novel Peptide for Inhibiting Amyloidogenesis of the Amyloid-Forming Region in Prion Proteins

○柴立 郁美¹ (Ikumi Shibata), 静間 隆文¹ (Takahumi Shizuma), 木下 岬² (Misaki Kinoshita),
李 映昊² (Young-Ho Lee), 森井 尚之³ (Hisayuki Morii), 橋本 慎二¹ (Shinji Hashimoto),
佐伯 政俊¹ (Masatoshi Saiki)

¹山口東理大院・工 (Faculty of Engineering, Tokyo University of Science, Yamaguchi),

²阪大蛋白研 (Institute for Protein Research, Osaka University),

³東京医科歯科大 (College of Liberal Arts and Sciences, Tokyo Medical and Dental University)

1P-082* 糖溶液におけるタンパク質水和シェルの構造学的研究

Structural Study of the Hydration shell of Proteins in Sugar Solution

○味戸 聡志¹ (Satoshi Ajito), 平井 光博¹ (Mitsuhiro Hirai), 清水 伸隆³ (Nobutaka Shimizu),
五十嵐 教之³ (Noriyuki Igarashi), 太田 昇⁵ (Noboru Ohta), 岩瀬 裕希⁴ (Hiroki Iwase),
高田 慎一² (Shin-ichi Takata)

¹群大・院理工・物質生命 (Mater. Biosci., Grad Sch. of Sci. Technol., Gunma Univ.), ²J-PARC, ³物構研・KEK (IMSS, KEK),
⁴CROSS, ⁵JASRI

1P-083* SAXS 及び ITC によるホモ二量体形成蛋白質 LI-cadherin の物性解析

Physical property analyses of homo-dimerization protein LI-cadherin using SAXS and ITC

○由井 杏奈¹ (Anna Yui), 菊池 智佳² (Chika Kikuchi), 郷田 秀一郎³ (Shuichiro Goda),
工藤 翔太² (Shota Kudo), 秋葉 宏樹¹ (Hiroki Akiba), 中木戸 誠¹ (Makoto Nakakido),
長門石 暁^{1,2,4} (Satoru Nagatoishi), 新井 修⁵ (Osamu Arai), 岩成 宏子⁵ (Hiroko Iwanari),
浜窪 隆雄⁵ (Takao Hamakubo), 津本 浩平^{1,2,4} (Kouhei Tsumoto)

¹東大院・工・バイオエンジ (Dept. of Bioeng., Sch. of Eng., Univ. of Tokyo),

²東大院・工・化生 (Dept. of Chem. Biotech., Sch. of Eng., Univ. of Tokyo), ³長崎大院・工 (Grad. Sch. of Eng., Nagasaki Univ.),

⁴東大・医科研 (Inst. of Med. Sci., Univ. of Tokyo), ⁵東大・先端研 (RCAST, Univ. of Tokyo)

1P-084* 4型デングウイルス由来エンベロープ第3ドメインの封入体の巻き戻しから生じる構造の異なる二種類のコンホマーに関する考察

Occurrence of two distinct conformers of Dengue 4 envelope protein domain 3 trapped during the refolding process from inclusion body

○早乙女 友規¹ (Tomonori Saotome), 山崎 俊夫² (Toshio Yamazaki), 黒田 裕¹ (Yutaka Kuroda)

¹東京農工大・工 (Dept. of Biotech. and Life Sci., Tokyo Univ. of Agri. and Tech.),

²理研・ライフサイエンス (Center for Life Sci. Tec., RIKEN)

1P-085* アミロイドβ凝集に対する OH-PCB の影響

Effect of OH-PCB on amyloid-beta aggregation

○福永 隼大¹ (Junta Fukunaga), 国末 達也^{1,2} (Tatsuya Kunisue), 座古 保¹ (Tamotsu Zako)

¹愛媛大院・理工 (Grad Sch. of Science and Engineering, Ehime Univ.), ²愛媛大・沿岸環境化学セ (CMES, Ehime Univ.)

1P-086* ポリアミン由来8員環化合物のアミロイド凝集形成への影響

Effect of eight-membered polyamine-acrolein heterocycle on aggregation of amyloidogenic proteins

○國富 理紗子¹ (Risako Kunitomi), 福永 隼大¹ (Junta Fukunaga),
ブラディプタ アンバラ・ラクマツト² (Ambara Rachmat Pradipta), 田中 克典² (Katsunori Tanaka),
座古 保¹ (Tamotsu Zako)

¹愛媛大院・理工 (Grad Sch. of Science and Engineering, Ehime Univ.), ²理研 (RIKEN)

1P-087* 前駆体タンパク質のプロ領域が制御するフォールディング機構の解明**Understanding the folding mechanism guided by pro-region in precursor protein**

○小林 優真¹ (Yuma Kobayashi)、奥村 正樹^{2,3} (Masaki Okumura)、島本 茂⁴ (Shigeru Shimamoto)、
稲葉 謙次³ (Kenji Inaba)、山口 宏¹ (Hiroshi Yamaguchi)、日高 雄二⁴ (Yuuji Hidaka)

¹関学大・理工・化学 (Sch. of Sci. and Tech., Dep. of Chem., Kwansei Gakuin Univ.),

²東北大・高等研究機構学際研 (FRIS, Tohoku Univ.)、³東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)、

⁴近大・生命・理工 (Fac. of Sci. and Eng., Dep. of Life Sci., Kindai Univ.)

1P-088* アミロイド線維形成阻害に有用な海藻多糖の評価**Effects of marine polysaccharides on amyloid fibril formation**

○矢崎 幸拓¹ (Yukihiro Yasaki)、木下 竣貴² (Syunki Kinoshita)、柏原 直樹³ (Naoki Kashihara)、
川本 仁志⁴ (Hitoshi Kawamoto)、三木 康成⁴ (Yasunari Miki)、鈴木 宏和² (Hirokazu Suzuki)、
大城 隆² (Takashi Ohshiro)、八木 寿梓² (Hisashi Yagi)

¹鳥取大学院・持社創科 (Dept. of Eng., Grad. Sch. of Sus. Sci., Tottori Univ.)、

²鳥取大院・工 (Dept. of Chem. And Biotech., Grad. Sch. Eng., Tottori Univ.)、³鳥取大・工 (Facul. of Eng., Tottori Univ.)、

⁴(株) 海産物のきむらや (Marine Products KIMURAYA)

1P-089* 分子シミュレーションと物理化学的解析による安定化抗体の設計**Rational design of thermostable antibodies by computational and physicochemical analyses**

○河上 恵理¹ (Eri Kawakami)、黒田 大祐¹ (Daisuke Kuroda)、中木戸 誠¹ (Makoto Nakakido)、
津本 浩平^{1,2} (Kouhei Tsumoto)

¹東大院・工・バイオエンジニア (Dept. of Bioeng., Sch. of Eng., Univ. of Tokyo)、²東大・医科研 (Inst. of Med. Sci., Univ. of Tokyo)

1P-090* 酸化的フォールディングを触媒するPDIファミリー酵素と新生鎖間のインタープレー**Interplay between PDI family enzymes and nascent chains for the catalysis of their oxidative folding**

○平山 千尋¹ (Chihiro Hirayama)、奥村 正樹^{1,2} (Masaki Okumura)、町田 幸大³ (Kodai Machida)、
野井 健太郎⁴ (Kentaro Noi)、小椋 光⁴ (Teru Ogura)、今高 寛晃³ (Hiroaki Imataka)、稲葉 謙次¹ (Kenji Inaba)

¹東北大・多元 (IMRAM, Tohoku Univ.)、²東北大・学際科学フロンティア研 (FRIS, Tohoku Univ.)、

³兵庫県立大・大学院工学研究科 (Grad. Sch. of Eng., Univ. of Hyogo)、⁴熊本大・発生研 (IMEG, Kumamoto Univ.)

1P-091* 新しい凝集抑制剤としてのアラントインとヒダントイン**Allantoin and hydantoin as new protein aggregation suppressors**

○西奈美 卓¹ (Suguru Nishinami)、吉澤 俊介¹ (Shunsuke Yoshizawa)、荒川 力² (Tutomu Arakawa)、
白木 賢太郎¹ (Kentaro Shiraki)

¹筑波大院・数理 (Inst. Appl. Phys., Univ. of Tsukuba)、²Alliance Protein Lab.

1P-092* 生体膜のない細胞内小器官を模倣したPLL/ATP液滴の研究**PLL/ATP droplet as a model of intercellular membrane-less organelles**

○浦 朋人 (Tomoto Ura)

筑波大院・数理 (Inst. Appl. Phys., Univ. of Tsukuba)

1P-093* タンパク質を高濃度化する液-液相分離したタンパク質-ポリアミノ酸複合体ドロップレット**A droplet of protein-polyelectrolyte complex for the high concentration protein by liquid-liquid phase separation**

○津村 圭亮 (Keisuke Tsumura)

筑波大院・数理 (Inst. Appl. Phys., Univ. of Tsukuba)

1P-094* 天然変性タンパク質 HIV-1 Tat の構造特性と分子認識**Structural properties and molecular recognition of an intrinsically disordered HIV-1 Tat protein**

○梶原 朋子¹ (Tomoko Kuniyama)、林 勇樹¹ (Yuuki Hayashi)、工藤 恒¹ (Hisashi Kudo)、
河合 秀信¹ (Hidenobu Kawai)、岡 芳樹¹ (Yoshiki Oka)、新井 宗仁^{1,2} (Munehito Arai)

¹東大・総合文化・生命環境 (Dept. Life Sci., Univ. Tokyo)、²東大・理・物理 (Dept. Phys., Univ. Tokyo)

- 1P-095*** 統計力学モデルの拡張によるジスルフィド結合含有タンパク質のフォールディング反応機構の解析
Folding mechanisms of disulfide-containing proteins predicted by the extended statistical mechanical model
 ○大岡 紘治¹ (Koji Ooka)、新井 宗仁^{1,2} (Munehito Arai)
¹東大・理・物理 (Dept. Phys., Univ. Tokyo)、²東大・総合文化・生命環境 (Dept. Life Sci., Univ. Tokyo)
- 1P-096*** 異なる緩衝剤中での抗体の安定性と構造変化
Stability and structural changes of an antibody in different buffers
 ○尾山 博章¹ (Hiroaki Oyama)、野田 勝紀^{1,2} (Masanori Noda)、内山 進^{1,3} (Susumu Uchiyama)
¹阪大・工・生命先端 (Dept. of biotech. Grad. Sch. Eng., Osaka Univ.)、²株式会社ユーメディコ (U-Medico)、³岡崎統合バイオサイエンスセンター (OIB)
- 1P-097*** ユビキチンにおけるリン酸化が引き起こす構造変化の分子動力学シミュレーション解析
Molecular dynamics simulation for the conformational change of ubiquitin induced by phosphorylation
 ○高橋 玲那¹ (Reina Takahashi)、轟 拓磨¹ (Takuma Todoroki)、梅澤 公二^{1,2} (Koji Umezawa)
¹信大・生命医工 (Dept. of Biomed. Eng., Shinshu Univ.)、²信大・バイオ研 (IBS., Shinshu Univ.)
- 1P-098*** 電場印加によるリゾチーム結晶化促進効果
Acceleration effects in lysozyme crystallization under applied electric fields
 ○泥谷 亮太¹ (Ryota Hijiya)、田中 大輔¹ (Daisuke Tanaka)、尾形 慎² (Makoto Ogata)、
 若松 孝² (Takashi Wakamatsu)
¹大分高専 (NIT, Oita College)、²福島高専 (NIT, Fukushima College)
- 1P-099*** 治療用タンパク質の劣化状態を検出できるプローブアレイの開発
Development of probe arrays capable of detecting degradation states of therapeutic proteins
 ○三村 真大¹ (Masahiro Mimura)、富田 峻介² (Shunsuke Tomita)、栗田 僚二² (Ryoji Kurita)、
 白木 賢太郎¹ (Kentaro Shiraki)
¹筑波大院・数理 (Inst. Appl. Phys., Univ. of Tsukuba)、²産総研・バイオメディカル (Biomed. Res. Inst., AIST)
- 1P-100** モルテングロビュールとしてのヒト・トロンボポエチン
Human thrombopoietin as a molten globule
 ○新井 栄揮¹ (Shigeki Arai)、柴崎 千枝¹ (Chie Shibazaki)、安達 基泰¹ (Motoyasu Adachi)、
 前田 宜丈² (Yoshitake Maeda)、田原 知幸³ (Tomoyuki Tahara)、加藤 尚志⁴ (Takashi Kato)、
 宮崎 洋⁵ (Hiroshi Miyazaki)、黒木 良太⁶ (Ryota Kuroki)
¹量研・量子ビーム科学研究部門 (Quantum Beam Science Research Directorate, QST)、
²ブリストル・マイヤーズ株式会社 (Bristol-Myers Squibb K.K.)、³協和発酵キリン (Kyowa Hakko Kirin Co. Ltd.)、
⁴早大・理工 (Waseda Univ.)、⁵日本医療研究開発機構 (AMED)、⁶原子力機構 (JAEA)
- 1P-101** 合理的にデザインされた二環ペプチドによる A β 42 凝集への影響と毒性阻害
A rationally designed bicyclic peptide modifies A β 42 aggregation and inhibits its toxicity in a worm model of Alzheimer's disease
 ○池之上 達哉 (Tatsuya Ikenoue)、Francesco A. Aprile、Pietro Sormanni、Michele Perni、
 Michele Vendruscolo
 ケンブリッジ大・化 (Dept. Chem., Univ. of Cambridge)
- 1P-102** 電場印加によるリゾチームの低温結晶化
Lysozyme crystallization at low temperature under applied electric fields
 青木 大地¹ (Daichi Aoki)、鈴木 萌花¹ (Moeka Suzuki)、田中 大輔² (Daisuke Tanaka)、尾形 慎¹ (Makoto Ogata)、
 ○若松 孝¹ (Takashi Wakamatsu)
¹福島高専 (NIT, Fukushima Coll.)、²大分高専 (NIT, Oita Coll.)

- 1P-103 Alicyclobacillus属細菌由来 cytidylate kinase の遺伝子解析と耐熱性の検討**
Genetic analysis and thermostabilities of cytidylate kinase from *Alicyclobacillus acidocaldarius*
長谷川 愛¹ (Ai Hasegawa)、岩田 晴花¹ (Haruka Iwata)、野々市 元¹ (Hajime Nonoichi)、荒井 誠司¹ (Seiji Arai)、
駒原 大樹¹ (Daiki Komahara)、藤井 美月¹ (Mitsuki Fujii)、秋吉 研二² (Kenji Akiyoshi)、
○佐藤 高則^{1,2,3} (Takanori Satoh)
¹徳島大・総科・生化 (Biochem. Lab., Fac. of IAS, Tokushima Univ.)、
²徳島大院・総科・生化 (Biochem. Lab., Grad. Sch. of IAS, Tokushima Univ.)、
³徳島大・理工・生化 (Biochem. Lab., Fac. of Sci. Tech., Tokushima Univ.)
- 1P-104 Anoxybacillus属細菌由来 uridine kinase の遺伝子解析と耐熱性の検討**
Genetic analysis and thermostabilities of uridine kinase from *Anoxybacillus flavithermus*
野々市 元¹ (Hajime Nonoichi)、岩田 晴花¹ (Haruka Iwata)、長谷川 愛¹ (Ai Hasegawa)、荒井 誠司¹ (Seiji Arai)、
駒原 大樹¹ (Daiki Komahara)、○藤井 美月¹ (Mitsuki Fujii)、秋吉 研二² (Kenji Akiyoshi)、
佐藤 高則^{1,2,3} (Takanori Satoh)
¹徳島大・総科・生化 (Biochem. Lab., Fac. of IAS, Tokushima Univ.)、
²徳島大院・総科・生化 (Biochem. Lab., Grad. Sch. of IAS, Tokushima Univ.)、
³徳島大・理工・生化 (Biochem. Lab., Fac. of Sci. Tech., Tokushima Univ.)
- 1P-105 オボアルブミンの加熱によるアミロイド様線維形成に及ぼすデキストラン硫酸の影響**
Effect of dextran sulfate on amyloid-like fibril formation of heated-ovalbumin
○石丸 隆行 (Takayuki Ishimaru)、松富 直利 (Naotoshi Matsudomi)
宇部フコ短大・食物栄養 (Dept. of Food and Nutr., Ube Fro. Coll.)
- 1P-106 ショウジョウバエ Argonaute2 の N 末端はアミロイド繊維形成能を持つ**
N-terminal residues of *Drosophila* Argonaute2 possess the ability to form amyloid fibrils
○成田 晴香 (Haruka Narita)、桑原 誠 (Makoto Kuwabara)、小森 智貴 (Tomotaka Komori)、
村上 僚 (Ryo Murakami)、島 知弘 (Tomohiro Shima)、塩見 美喜子 (Mikiko C. Siomi)、
上村 想太郎 (Sotaro Uemura)
東大・理・生科 (Grad. Sch. of Sci., Univ. of Tokyo)
- 1P-107 The amino acid sequences analysis of titin domains by the inter-residue average distance statistics based methods**
○Panyavut Aumpuchin、菊地 武司 (Takeshi Kikuchi)
Dept. Bioinfo., Coll Biosci., Ritsumeikan Univ.
- 1P-108 不規則構造をもつβ-Trefoil タンパクのフォールディングコアの予測**
Prediction of folding nuclei of beta-Trefoil proteins with irregular structures
○木村 理紗子 (Risako Kimura)、桐岡 拓也 (Takuya Kirioka)、菊地 武司 (Takeshi Kikuchi)
立命大・生命科学・生情 (Dept. of Bioinf., Col. of lifesci., Ritsumeikan Univ.)
- 1P-109 タンパク質進化の方向を決定づける安定性**
The stability destines the direction of protein evolution
太田 夏子 (Natsuko Ota)、倉橋 亮 (Ryo Kurahashi)、佐野 智 (Satoshi Sano)、○高野 和文 (Kazufumi Takano)
京府大・生環 (Kyoto Pref. Univ.)
- 1P-110 暗視野顕微鏡による金ナノ粒子凝集観察を用いたアミリンのアミロイド凝集体の高感度検出**
Sensitive detection of amylin amyloid aggregates by observation of antibody-modified gold nanoparticles with dark field microscopy
中西 文香¹ (Ayaka Nakanishi)、矢野 湧暉¹ (Yuki Yano)、増本 純也² (Junya Masumoto)、
○座古 保¹ (Tamotsu Zako)
¹愛媛大院・理工 (Dept Chem. Biol, Grad, Sch. Sci. & Eng., Ehime Univ.)、
²愛媛大・プロテオサイエンスセンター・病理 (PROS, Ehime Univ.)

1P-111 P5 による基質認識の分子構造基盤

Structural and mechanistic insights into substrate recognition by P5, a member of PDI family

○奥村 正樹^{1,2} (Masaki Okumura)、金村 進吾¹ (Shingo Kanemura)、松崎 元紀¹ (Motonori Matsusaki)、
荒井 堅太³ (Kenta Arai)、秋山 修志⁴ (Shuji Akiyama)、稲葉 謙次^{2,5} (Kenji Inaba)

¹東北大・学際研 (FRIS, Tohoku Univ.)、²東北大・多元研 (IMRAM, Tohoku Univ.)、

³東海大・理・化学 (Dept. of Chem., Sch. of Sci., Tokai Univ.)、⁴分子研 (IMS)、⁵CREST, JST

1P-112 エルボー領域へのジスルフィド結合導入による抗体分子の熱安定性向上技術

Improving the thermostability of an antibody by introducing a SS-bond into Fab elbow region

○中田 智史 (Tomofumi Nakada)、安保 紘高 (Hirotaka Abo)、井出 信幸 (Nobuyuki Ide)

シスメックス株式会社・技術開発本部 (Technology Development, Sysmex Corporation)

プロテオーム・蛋白質工学 / Proteomics /

Protein Engineering (1P-113 ~ 1P-133)

1P-113* 大腸菌における抗体断片の発現量向上を目的とした抗体データベースによる小規模繰り返しライブラリーデザインの提案

Small-scale iterative library design from antibody data base for promoting the expression of antibody fragment in E. coli

○服部 修平 (Shuhei Hattori)、本田 亜由美 (Ayumi Honda)、中澤 光 (Hikaru Nakazawa)、
二井手 哲平 (Teppei Niide)、梅津 光央 (Mitsuo Umetsu)

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

1P-114* シトクロム P450 と過酸化水素を用いた脂肪酸一炭素減炭反応機構の解析

Analyzing the Degradation Mechanism of Fatty Acid to Produce the Next Shorter Fatty Acid Using Hydrogen Peroxide and Cytochrome P450

○小野田 浩宜¹ (Hiroki Onoda)、荘司 長三^{1,2} (Osami Shoji)、杉本 宏^{2,3} (Hiroshi Sugimoto)、
城 宜嗣⁴ (Yoshitsugu Shiro)、渡辺 芳人⁵ (Yoshihito Watanabe)

¹名大・院・理 (Grad. Sch. of Sci., Nagoya Univ.)、²CREST, JST、³理研・播磨研 (RIKEN SPring-8 Center)、

⁴兵庫県立大・理 (Sch. of Sci. Univ. of Hyogo)、⁵名大・物国研 (RCMS, Nagoya Univ.)

1P-115* 主鎖環状化 G-CSF が持つ熱力学的安定性と構造安定性の解析

Thermodynamic and structural analyses of a backbone circularized G-CSF

○渋谷 理紗¹ (Risa Shibuya)、宮房 孝光² (Takamitsu Miyafusa)、本田 真也^{1,2} (Shinya Honda)

¹東大院・新領域・メデイカル情報 (CBMS, Grad. Sci. of Fro., Univ. of Tokyo)、²産総研・バイオメデイカル (BMRI, AIST)

1P-116* 短いペプチドタグを付加したデングウイルス由来エンベロープ蛋白質ドメイン 3 における会合状態および免疫原性の評価

Effects of short peptide tags on the oligomerization and immunogenicity of the Dengue Envelope Domain 3 (ED3) protein

○三浦 史帆¹ (Shiho Miura)、Mohammad Islam²、黒田 裕¹ (Yutaka Kuroda)

¹農工大院・工・生命工 (Dept. of Biotechnology and Life Science, Tokyo Univ. of Agriculture and Technology)、

²Faculty of Biological Science, Univ. of Chittagong

1P-117* Enhancing Solubility of Anti-EGFR Single chain Antibody Fragment (ScFV) via Solubility Enhancing Peptides (SEP) Tags

Kalpna Nautiyal¹、○Md.Golam Kibria¹、Yoko Akazawa-Ogawa²、Yoshihisa Hagihara²、
Yutaka Kuroda¹

¹東京農工大学 (Tokyo University of Agriculture and Technology)、

²産業技術研究所バイオメデイカル研究部門 (Biomedical Research Institute, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

1P-118* all- α タンパク質のデザイン**Design of all- α proteins**

○佐久間 航也¹ (Koya Sakuma)、杉木 俊彦⁴ (Toshihiko Sugiki)、鈴木 花野⁵ (Kano Suzuki)、
小林 直也² (Naoya Kobayashi)、小杉 貴洋³ (Takahihiro Kosugi)、小林 直宏⁴ (Naohiro Kobayashi)、
村田 武士⁵ (Takeshi Murata)、古賀 理恵² (Rie Koga)、古賀 信康^{1,2} (Nobuyasu Koga)

¹総研大・物理科学・構造分子科学 (SOKENDAI)、²自然科学研究機構・生命創成探究センター (NINS. ExCELLS.)、
³自然科学研究機構・分子科学研究所 (NINS. IMS.)、⁴阪大・蛋白研 (Institute for Protein Research, Osaka Univ.)、
⁵千葉大・理学研究院 (Dept. Sci. Chiba Univ.)

1P-119* Expressed protein ligation 法によるモデル蛋白質への D 体アミノ酸の導入**Incorporation of d-amino acids into model proteins by expressed protein ligation**

○荒木 拓哉 (Takuya Araki)、今野 博行 (Hiroyuki Konno)、真壁 幸樹 (Koki Makabe)

山形大・院理工・バイオ化学 (Grad. Sch. Sci. Eng., Yamagata Univ.)

1P-120* 単層 β シートのみからなる CPAP G-box ドメインの安定化によるペプチド自己組織化のモデル化**Stabilization of CPAP G-box domain as a model of the β -rich peptide self-assembly**

○藤原 英樹 (Hideki Fujiwara)、真壁 幸樹 (Koki Makabe)

山形大・院理工・バイオ化学 (Grad. Sch. Sci. Eng., Yamagata Univ.)

1P-121* モデル蛋白質によって明らかにするアミロイドへの Thioflavin-T 結合メカニズム**Binding mechanism of Thioflavin-T to the β -rich peptide self-assemblies**

○浪岡 沙英 (Sae Namioka)、真壁 幸樹 (Koki Makabe)

山形大・院理工・バイオ化学 (Grad.Sch.Sci.Eng.,Yamagata Univ.)

1P-122* SICLOPPS 反応による環状小型二重特異性抗体 Cyclobody の創製**Construction of a cyclized bispecific mini-antibody, Cyclobody, by the SICLOPPS reaction**

○逸見 早紀¹ (Saki Hemmi)、真壁 幸樹¹ (Koki Makabe)、梅津 光央² (Mitsuo Umetsu)

¹山形大・院理工・バイオ化学 (Grad. Sch. Sci. Eng., Yamagata Univ.)、

²東北大・院工・バイオ工学 (Grad. Sch. Eng., Tohoku Univ.)

1P-123* 球状蛋白質のドメインスワッピングを実現するループのリデザイン**Loop redesign for domain swapping of a globular protein**

○志賀 翔多¹ (Shota Shiga)、山中 優² (Masaru Yamanaka)、廣田 俊² (Shun Hirota)、真壁 幸樹¹ (Koki Makabe)

¹山形大・院理工・バイオ化学 (Grad. Sch. Sci. Eng., Yamagata Univ.)、²奈良先端大・物質 (Grad. Sch. Mat. Sci., NAIST)

1P-124* Isolation and characterization of Fab-specific Alpaca VHH antibodies with enhanced affinity maturation by functional mutations

○ラフィーク モハンマド アブドゥール (Md Abdur Rafique)、佐竹 貴莉子 (Kiriko Satake)、

岸本 聡 (Satoshi Kishimoto)、カーン モハンマド カムルール ハサン (Md Kamrul Hasan Khan)、

加藤 太郎 (Dai-ichiro Kato)、伊東 祐二 (Yuji Ito)

鹿大・理工・情生 (Dept. of Biosci, Kagoshima Univ.)

1P-125* 少数種アミノ酸で再構成されたタンパク質が示唆する前生物学的アミノ酸の役割**Reconstructed proteins with reduced amino acid sets suggest a role of prebiotic amino acids**

○渋谷 怜¹ (Rei Shibue)、笹本 峻弘² (Takahihiro Sasamoto)、山岸 明彦² (Akihiko Yamagishi)、

赤沼 哲史¹ (Satoshi Akanuma)

¹早大・人科 (Fac. Hum. Sci., Waseda Univ.)、²東葉大・生命 (Dept. of Appl. Life Sci., Tokyo Univ. of Pharm. Life Sci.)

1P-126* 直交系分離インテインを用いた二重特異性抗体の構築**Construction of bispecific antibodies using orthogonal split-intein pair**

○斎藤 僚太¹ (Ryota Saito)、吉田 美怜¹ (Misato Yosida)、浅野 竜太郎² (Ryutarō Asano)、

中西 猛³ (Takeshi Nakanishi)、真壁 幸樹¹ (Koki Makabe)

¹山形大・院理工・バイオ化学 (Grad. School Sci. Eng., Yamagata Univ.)、

²東京農工・院工 (Grad. School Eng., Tokyo Univ. Agri. Tech.)、³阪市大・院工 (Grad. School Eng., Osaka City Univ.)

- 1P-127*** ヘム獲得蛋白質を用いたバイオフィーム形成緑膿菌の光線力学的殺菌
Photo-sterilization of Pseudomonas aeruginosa in biofilm utilizing its heme acquisition protein
 ○大竹 美保¹ (Miho Ootake)、四坂 勇磨¹ (Yuma Shisaka)、山田 志歩¹ (Shiho Yamada)、
 荘司 長三¹ (Osami Shoji)、渡辺 芳人² (Yoshihito Watanabe)
¹名大・理・化 (Dept. Chem., Grad. Sch. of Sci., Nagoya Univ.)、²名大・物・国 (RCMS, Nagoya Univ.)
- 1P-128** 人工中空蛋白質超分子 TIP60 と外部添加分子の相互作用解析
Modification of artificial hollow protein supramolecule TIP60 by chemicals and proteins
 ○川上 了史 (Norifumi Kawakami)、那須 英里圭 (Erika Nasu)、宮本 憲二 (Kenji Miyamoto)
 慶大・理工 (Dept. Biosci. Info., Keio Univ.)
- 1P-129** ヒト Fas リガンド細胞外ドメインの卵白アビジンとの部位特異的結合体のキャラクタリゼーション
Characterization of the site-specific chemical conjugate of human Fas ligand extracellular domain with egg-white avidin
 ○村木 三智郎 (Michiro Muraki)、広田 潔憲 (Kiyonori Hirota)
 産総研・バイオメディカル (Biomed. Res. Inst., AIST)
- 1P-130** Proteasome-mediated protein degradation is enhanced by fusion ubiquitin with unstructured degnon
 ○伊野部 智由 (Tomonao Inobe)、塚本 雅之 (Masayuki Tsukamoto)、野崎 美雪 (Miyuki Nozaki)
 富山大・工・生命工 (Dept. of Life Sci. and Bioeng., Sch. of Eng., Univ. of Toyama)
- 1P-131** 一本鎖モネリンを分子骨格とする人工結合タンパク質ファージディスプレイライブラリーの構築
Design and generation of phage display libraries of synthetic binding proteins using single-chain monellin as a non-antibody scaffold
 ○安井 典久 (Norihiisa Yasui)、山下 敦子 (Atsuko Yamashita)
 岡山大・医歯薬 (Sch. of Med, Dent. and Pharm. Sci., Okayama Univ.)
- 1P-132** Rapid test for detection of rotavirus using VP6-specific polyclonal antibody
 ○Truong Quoc Phong¹、Do Thi Thu Ha¹、Ngo Thu Huong²、Nguyen Dang Hien²
¹Hanoi University of Science and Technology、²Center for Research and Production of Vaccines and Biologicals
- 1P-133** Snake Venom Proteomics: An Update on the Big-4 Snake Venoms of Pakistan*
 ○Syed Abid Ali
 HEC, DAAD & Alexander von Humboldt Fellow