

1WA Intrinsic Protein Disorder and Post-Translational Modifications

遊離の状態では特定の立体構造を保持しない天然変性蛋白質は、標的分子の認識に伴ってフォールディングする。その機能発現機構には、リン酸化などの翻訳後修飾が関与している場合が多い。本ワークショップは、翻訳後修飾と天然変性蛋白質に関する研究の最前線を紹介する、Protein Society、Asia Pacific Protein Association、日本蛋白質科学会、三者協賛の国際ワークショップである(使用言語は英語)。

Intrinsically disordered proteins (IDPs) lack stable tertiary structures under physiological conditions but fold into specific structures when they bind their target molecules. Biological functions of IDPs are often regulated by post-translational modifications such as phosphorylation. This workshop aims to introduce recent progress in the research of IDPs regulated by post-translational modifications. This is an international workshop co-sponsored by Protein Society, Asia Pacific Protein Association (APPA), and the Protein Science Society of Japan (PSSJ).

オーガナイザー：太田 元規(名大)、新井 宗仁(東大)

Organizers：Motonori Ota (Nagoya Univ.), Munehito Arai (The Univ. of Tokyo)

- 16:00 **1WA-1** クロマチンリモデリング因子 FACT の天然変性領域におけるリン酸化を介した機能制御機構 / Functional regulation through phosphorylation to acidic intrinsically disordered region in FACT as a chromatin remodeling factor
○楯 真一 (Shin-ichi Tate)
広島大・院・理 (Dept. Math. and Life Sciences, Hiroshima Univ.)
- 16:30 **1WA-2** Binding and Folding of Intrinsically Disordered Proteins : Nascent Structures vs Intrinsic Flexibility
○Jianhan Chen
Department of Biochemistry, Kansas State University
- 17:05 **1WA-3** Structural basis for recognition of epigenetic marks by UHRF1
○Kyohei Arita¹⁾、Kazuya Sugita¹⁾、Motoko Unoki²⁾、Ryuji Hamamoto³⁾、Shin Isogai¹⁾、Mariko Ariyoshi⁴⁾、Hidehito Tochio¹⁾、Masahiro Shirakawa¹⁾
1) Graduate school of Engineering, Kyoto University,
2) Medical Institute of Bioregulation, Kyushu University,
3) Institute of Medical Science, The University of Tokyo. 4) iCeMS, Kyoto University
- 17:30 **1WA-4** Flexibility and multi-site phosphorylation : Biophysical Basis for a predominantly disordered protein complex
○Tanja Mittag^{1,5)}、Stephen Orlicky²⁾、Joseph Marsh^{1,3)}、Xiaojing Tang²⁾、Frank Sicheri^{2,3)}、Hue Sun Chan³⁾、Mike Tyers^{2,4)}、Lewis E. Kay³⁾、Julie D. Forman-Kay^{1,3)}
1) Hospital for Sick Children, Toronto, ON, Canada,
2) Samuel Lunenfeld Research Institute, Toronto, ON, Canada,
3) University of Toronto, Toronto, ON, Canada,
4) University of Edinburgh, Edinburgh, United Kingdom,
5) St. Jude Children's Research Hospital, Memphis, USA
- 18:05 **1WA-5** アロステリック転移における Intrinsic Disorder / Intrinsic Disorder in Allosteric Transition of Proteins
伊藤 一仁¹⁾ (Kazuhito Itoh)、○笹井 理生^{1,2)} (Masaki Sasai)
1) 名大・工・計算理工 (Dept. of Comp. Sci. Eng., Nagoya Univ.)、
2) 岡崎統合バイオ (Okazaki Inst. Int. Biosci.)

1WB 抗体医薬研究開発の最前線**Current topics of research and development of Antibody Drugs.**

抗体医薬は医薬の成長ドライブであり、複数の抗体医薬が世界の医薬売上高上位に入っている。また、開発中の抗体医薬も多数存在し競争が激しい領域である。今後、特徴ある抗体医薬を創生していくにはプロダクト及び技術に差別化が必要である。本ワークショップでは抗体医薬の研究開発に取り組む日本企業に発表していただき、抗体医薬品開発における最新の動向や問題点を把握し、広く学術的な観点から研究の展望と解決策を考えたい。

Antibody drugs are current growth drive of medicine. Several antibodies are big sale in the world wide market. Moreover, there are a lot of antibodies under the clinical phase and investigation phase. To join the competition of developing antibodies, unique technologies are required. In this workshop, we will have several presentations of Japanese companies that working with research and development of antibody drugs, and we will discuss the latest trend and problems in the antibody drug development.

オーガナイザー：前田 宜丈(協和発酵キリン)、服部 有宏(中外製薬)

Organizers : Yoshitake Maeda (Kyowa Hakko Kirin Co., Ltd.), Kunihiro Hattori (Chugai Pharmaceutical Co., Ltd)

16:00 はじめに / Introduction

- 16:10 **1WB-1** ヒトリンパ球をソースとする高活性抗体作製法について /
A method to develop high affinity antibodies from human lymphocytes
○高田 賢蔵 (Kenzo Takada)
株式会社イーベック (Evec, Inc.)
- 16:35 **1WB-2** 新規試験管内抗体作製技術 ADLib[®]システム /
The ADLib[®] System : A Novel in vitro method to generate monoclonal antibody
橋本 修一 (Shu-ichi Hashimoto)、○瀬尾 秀宗 (Hidetaka Seo)
株式会社カイオム・バイオサイエンス (Chiome Bioscience Inc.)
- 17:00 **1WB-3** CMC を見据えた候補抗体の創成 /
Design of candidate antibodies, considering CMC
○樋口 浩文 (Hirofumi Higuchi)、中島 敏博 (Toshihiro Nakashima)
一般財団法人 化血研 (Kaketsuken)
- 17:25 **1WB-4** 次世代抗体医薬の現状と課題 /
Current status and challenges for developing next-generation therapeutic antibody
○中村 和靖 (Kazuyasu Nakamura)
協和キリン・バイオ医薬研 (Biologics Res. Labs, Kyowa Kirin)
- 17:50 **1WB-5** pH 依存的抗原結合による抗体リサイクル /
Antibody Recycling by Engineered pH-Dependent Antigen Binding
○井川 智之 (Tomoyuki Igawa)
中外製薬株式会社 ゲノム抗体医薬研究部 (Chugai Pharmaceutical Co., Ltd.)

1WC 非天然アミノ酸の導入による蛋白質の機能拡張 Expansion of protein function by introducing non-natural amino acids

近年、非天然アミノ酸を導入した人工蛋白質の合成技術とそれを利用した蛋白質の機能拡張の進歩が著しい。本ワークショップでは、非天然アミノ酸の蛋白質への導入技術開発と蛋白質の FRET 解析への応用、新規免疫測定素子開発への応用、大腸菌内での非天然アミノ酸の導入のための新技術、LF 転移酵素による N 末端特異的修飾法、非天然アミノ酸を含むペプチドからの生体活性物質選択について最新の話題を提供する。

Recently, remarkable progresses are observed for the technologies to synthesize artificial proteins incorporated with non-natural amino acids (NNAAs), and for the expansion of protein function using the technologies. In this workshop, latest topics will be offered such as the development of technology and its application to FRET analysis, application to the development of novel immunosensor proteins, a novel technology to introduce NNAAs in vivo, N-terminus specific modification by LF transfer enzyme, and selection of bioactive substances from the peptides incorporated with NNAAs.

オーガナイザー：芳坂 貴弘(北陸先端大)、上田 宏(東大)

Organizers：Takahiro Hoshaka (Japan Advanced Inst. of Sci. and Tech.), Hiroshi Ueda (The Univ. of Tokyo)

- 16:00 **1WC-1** 非天然アミノ酸のタンパク質への導入技術の開発とタンパク質の機能拡張への応用 /
Non-natural amino acid mutagenesis and its application to expansion of protein function
○芳坂 貴弘 (Takahiro Hoshaka)
北陸先端大・マテリアル (School of Materials Sci., JAIST)
- 16:30 **1WC-2** 非天然アミノ酸導入法による蛍光免疫センサー蛋白質 Quenchbody の創製 /
Creation of fluorescence immunosensor protein Quenchbody by non-natural amino acid introduction technology
○上田 宏 (Hiroshi Ueda)
東大・院工・化生 (Dept. of Chem. Biotechnol., Sch. of Eng., Univ. of Tokyo)
- 17:00 **1WC-3** 改変された遺伝暗号を持つ大腸菌による修飾タンパク質の生産 /
Producing modified proteins in *E. coli* with non-canonical genetic codes
○坂本 健作¹⁾ (Kensaku Sakamoto)、向井 崇人^{1,2)} (Takahito Mukai)、佐藤 文¹⁾ (Aya Sato)、
大竹 和正¹⁾ (Kazumasa Ohtake)
1) 理研・SSBC (RIKEN SSBC)、
2) 東大院・理・生化学 (Dept. Biophys. Biochem., Grad. Sch. Scie., Univ. Tokyo)
- 17:30 **1WC-4** NEXT-A 反応を用いた蛋白質 N 末端への機能性非天然アミノ酸導入 /
Introduction of functional non-natural amino acids at the N-terminus of protein via the NEXT-A reaction
○瀧 真清 (Masumi Taki)
岡山大学大学院・自然科学研究科 (The Graduate School of Natural Science and Technology, Okayama University)
- 18:00 **1WC-5** 特殊環状ペプチドライブラリを用いた分子標的医薬の開発 /
Development of molecular target drug using non-natural cyclic peptide library
○加藤 敬行¹⁾ (Takayuki Katoh)、山岸 祐介²⁾ (Yusuke Yamagishi)、
岩崎 一浩²⁾ (Kazuhiro Iwasaki)、森本 淳平²⁾ (Junpei Morimoto)、
後藤 佑樹¹⁾ (Yuki Goto)、菅 裕明^{1,2,3,4)} (Hiroaki Suga)
1) 東京大学大学院 理学系研究科 化学専攻 (Department of Chemistry, School of Science, The University of Tokyo)、
2) 東京大学大学院 工学系研究科 化学生命工学専攻 (Department of Chemistry and Biotechnology, School of Engineering, The University of Tokyo)、
3) 東京大学 先端科学技術研究センター (Research Center for Advanced Science and Technology, The University of Tokyo)、
4) Department of Molecular Medicine and Biopharmaceutical Sciences, Graduate School of Convergence Science and Technology and College of Pharmacy, Seoul National University

1WD アクチン~分子構造から細胞骨格まで~ Actin from atomic to cellular structures

一昨年からアクチン繊維重合のメカニズムについて本邦より Nature や Cell 等のトップジャーナルに報告が相次ぎ、原子構造から詳しく論ぜられるようになった。一方で細胞内のアクチンについても膜直下や葉状仮足等について構造から詳細な報告がなされるようになった。こうしたアクチン研究進展の背景には、電子顕微鏡による解析技術の発展がある。本ワークショップでは、X線繊維回折、電子顕微鏡の手法を駆使した最先端のアクチン研究を紹介する。

In this workshop, we will discuss frontline studies on the structure of actin filaments. Recent advances in electron microscopy imaging techniques and X-ray fiber diffraction analysis of well-oriented fibers enable us to explain the occurrence and regulation of the transition between globular (G)-actin monomers and filamentous (F)-actin. Moreover, electron tomography studies reveal the manner in which actin fibers are organized in cells, especially beneath the cell membrane, in filopodia, and so on.

オーガナイザー：岩崎 憲治(阪大)、安永 卓生(九州工大)

Organizers: Kenji Iwasaki (Osaka Univ.), Takuo Yasunaga (Kyushu Inst. of Tech.)

16:00 1WD-1 アクチン分子の構造とダイナミクス / structure and dynamics of actin molecule

○小田 俊郎 (Toshiro Oda)

理研・放射光科学総合研究センター(RIKEN SPring-8 center, RIKEN)

16:30 1WD-2 アクチン重合・ATP加水分解活性化・リン酸の遅延放出の構造的基盤 / Structural basis for Actin Assembly, Activation of ATP Hydrolysis, and Delayed Phosphate Release

○若林 健之^{1,2)} (Takeyuki Wakabayashi)、村上 健次¹⁾ (Kenji Murakami)、五味 潤 由貴¹⁾ (Yuki Gomibuti)、安永 卓生³⁾ (Takuo Yasunaga)、上田 太郎⁴⁾ (Taro Ueda)、野口 太郎⁴⁾ (Taro Noguchi)

1) 帝京大・理工・バイオサイエンス (School of Science and Engineering, Teikyo Univ.)、

2) 帝京大・医療技術・柔整 (Dept. Judo Therapy, Faculty of Medical Tech., Teikyo Univ.)、

3) 九工大・情報工・生命 (Dept. Biosc. Bioinformatics, faculty Compsci. System Eng. Kusu Inst. Tech.)、

4) 産総研・生物医学研 (Biomed. Res. Inst., Nat. Inst. Adv. Industrial Sci. Tech, AIST)

17:00 1WD-3 極低温電子顕微鏡法によるアクチン繊維の高分解能立体構造解析 / Structural analysis of muscle actin filament by electron cryomicroscopy

○難波 啓一 (Keiichi Namba)

阪大・生機 (Fron. Biosci., Osaka Univ.)

17:30 1WD-4 細胞骨格のための単粒子解析法 / Single particle analysis for cytoskeletal proteins

○成田 哲博 (Akihiro Narita)

名大・理・構造生物学研究センター (Struct. Biol. Res. Center, Sci., Nagoya Univ.)

18:00 1WD-5 アクチン細胞骨格の細胞内空間構造の研究 / Spatial structure of actin cytoskeleton in cells.

○臼倉 治郎^{1,2)} (Jiro Usukura)、南方 志帆²⁾ (Shiho Minakata)

1) 名古屋大学 エコトピア科学研究所 (EcoTopia Science Institute, Nagoya University)、

2) 名古屋大学大学院工学研究科マテリアル理工学専攻 (Department of Material Sciences, Graduate School of Engineering, Nagoya University)

1WE 生体膜ダイナミクス：In vitro 再構成系によるアプローチ In vitro reconstitution of cellular membrane dynamics

本ワークショップでは、生体膜ダイナミクスをキーワードに、精力的に研究を展開する中堅・若手研究者6名が、膜透過、小胞輸送、小胞体関連分解(ERAD)、オートファジー、膜変形、そしてオルガネラ融合など、膜近傍の生命現象の最新研究動向について講演する。また、精製タンパク質・脂質、あるいは細胞より単離した膜画分を材料とする In vitro 再構成系にも焦点を当て、上記トピックスにおける再構成系ならではの知見も紹介する。

The workshop “In vitro reconstitution of cellular membrane dynamics” will cover recent advances in molecular machineries involved in biological processes at/in/across biological membranes, including protein translocation across membranes, vesicle budding at ER, ER-associated degradation, biogenesis of autophagosomes, membrane-curvature formation, organelle membrane fusion, and so on. In addition to the exciting topics on biological events in cellular membrane dynamics, this workshop also focuses on in vitro reconstituting those complex but highly-regulated processes with purified membrane proteins, defined lipids, and/or isolated organelles/membrane fractions.

オーガナイザー：佐藤 健(東大)、中戸川 仁(東工大)、三間 穰治(阪大)

Organizers: Ken Sato (The Univ. of Tokyo), Hitoshi Nakatogawa (Tokyo Inst. of Tech.), Joji Mima (Osaka Univ.)

- 16:00 **1WE-1** 酵母液胞オルガネラ膜融合の In vitro 完全再構成 /
In vitro reconstitution of yeast vacuole fusion with purified protein factors and chemically-defined liposomes
○三間 穰治 (Joji Mima)
阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)
- 16:25 **1WE-2** 新規リン脂質結合ドメインによる生体膜形状制御 /
Membrane deformation by a novel phospholipid-binding domain
○伊藤 俊樹 (Toshiki Itoh)
神大・医・膜生物 (Div. Memb. Biol., Grad. Sch. of Med., Kobe Univ.)
- 16:50 **1WE-3** ERAD における小胞体膜ユビキチンリガーゼ複合体の機能解析 /
Role of the membrane-associated E3 ligase complexes in the ER-associated degradation
○中務 邦雄 (Kunio Nakatsukasa)、嘉村 巧 (Takumi Kamura)
名大・院・理 (Div. of Biological Science, Grad. School of Science, Nagoya Univ.)
- 17:15 **1WE-4** In vitro 再構成系が明らかにするオートファジー関連ユビキチン様タンパク質結合体の機能とそのメカニズム /
In vitro studies reveal functions and mechanisms of ubiquitin-like protein conjugates involved in autophagy
○中戸川 仁 (Hitoshi Nakatogawa)、中戸川 万智子 (Machiko Nakatogawa)、大隅 良典 (Yoshinori Ohsumi)
東工大・フロンティア (Front. Res. Cent., Tokyo Tech.)
- 17:40 **1WE-5** 蛋白質膜透過の昂進因子 SecDF の構造と機能 /
Structure and function of a protein export-enhancing membrane component SecDF
○森 博幸¹⁾ (Hiroyuki Mori)、塚崎 智也²⁾ (Tomoya Tsukazaki)、越前 由香²⁾ (Yuka Echizen)、濡木 理²⁾ (Osamu Nureki)、伊藤 維昭³⁾ (Koreaki Ito)
1)京大・ウイルス研 (Inst. Virus Res., Kyoto Univ.)、
2)東大・理学研究科 (Grad Sch. of Sci., Univ. of Tokyo)、3)京都産業大学 (Kyoto Sangyo Univ.)
- 18:05 **1WE-6** 再構成と分子イメージングによる輸送小胞形成の分子メカニズム解析 /
Dissecting the molecular mechanisms and dynamics of COPII vesicle formation
○佐藤 健 (Ken Sato)
東大・院・総合文化 (Dept. of Life Sciences, Univ. of Tokyo)

1WF 分子認識・ネットワーク解析の新たなキーワードとしての分子共進化**Molecular Co-evolution as a New Keyword for the Molecular Recognition and the Network Analysis**

タンパク質の分子認識機構やタンパク質ネットワークの解析は、生体機能の分子レベルでの理解や制御において重要な意味を持つ。バイオインフォマティクスによる相互作用解析のキーワードとして分子共進化があり、様々な研究が行なわれている。今回は、共進化に基づき分子認識・ネットワーク解析の研究を展開している方々に講演をしていただき、タンパク質ネットワーク解析の現在とこれからの発展について議論する。

The study on molecular recognition by proteins and the analysis of protein network are important to understand the biological functions and to regulate them. One of the keywords to approach the problem with bioinformatics is "molecular co-evolution", and various studies are performed based on the idea. In this workshop, the researchers who are investigating the biological molecular network based on the idea of "co-evolution" will be invited for discussion about the developments of the approach.

オーガナイザー：藤 博幸(産総研)、白井 剛(長浜バイオ大)

Organizers: Hiroyuki Toh (AIST), Tsuyoshi Shirai (Nagahama Inst. of BioSci. and Tech.)

16:00 はじめに / Introduction

白井 剛 (Tsuyoshi Shirai)

長浜バイオ大 (Nagahama Inst. of BioSci. and Tech.)

16:05 **1WF-1** 脂質結合系のタンパク質構造の共進化 /

Co-evolution of the ligand-binding structures of the proteins involved in the lipid metabolic system.

○塩生 くらら¹⁾ (Clara Shionyu)、和久 剛¹⁾ (Tsuyoshi Waku)、白木 琢磨²⁾ (Takuma Shiraki)、大山 拓次¹⁾ (Takuji Oyama)、白井 剛³⁾ (Tsuyoshi Shirai)、森川 耿右¹⁾ (Kosuke Morikawa)

1) 阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)、

2) 東北大・医・生化 (Dept. of Biochem., Grad Sch. of Tohoku Univ.)、

3) 長浜バイオ大・バイオサイエンス (Dept. of Biosci., Nagahama Ins. of Biosci. and Tech.)

16:30 **1WF-2** In vivo directed evolution of HIV-1 through immune escape

○佐藤 裕徳 (Hironori Sato)、本村 和嗣 (Kazushi Motomura)、大出 裕高 (Hirotaka Ode)、横山 勝 (Masaru Yokoyama)

感染研・病原体ゲノム (Lab. Viral Genomics, NIID)

17:00 **1WF-3** Siglec-5とSiglec-14の協調進化とその機能的意味 /

Concerted evolution of a pair of sialic acid receptors, Siglec-5 and Siglec-14 : possible driving force and implications on human health

○安形 高志 (Takashi Angata)

理研・基幹研 (RIKEN ASI)

17:30 **1WF-4** Structural properties of hub proteins in interaction networks and its implications on interaction promiscuity

○Ashwini Patil¹⁾、Kengo Kinoshita²⁾、Haruki Nakamura³⁾、Kenta Nakai¹⁾

1) Institute of Med. Sci, Univ. of Tokyo, 2) Grad. School of Info. Sci, Tohoku Univ.,

3) Institute for Protein Research, Osaka Univ.

18:00 **1WF-5** ミラーツリー法の改良 /

Improvement of the mirrotree method

○佐藤 哲也¹⁾ (Tetsuya Sato)、藤 博幸²⁾ (Hiroyuki Toh)

1) 京大・医 (Med., Kyoto Univ.)、2) 産総研 (CBRC)

2WB 蛋白質修飾のイメージング Imaging of protein modifications

細胞周期はもとより、発生・分化あるいは疾患など様々な生命現象のシグナル伝達にヒストン修飾をはじめとする蛋白質の化学修飾が深く関わっている。しかしその機能や制御機構を私達は未だにつかめ切れていない。この現状を打破するために、遺伝学や生化学解析の他に、生細胞イメージング・蛍光計測など新しい手法を導入して研究を進めてきた研究者が、最新の成果を紹介する。新たな手法の導入は、細胞内で局所的・一過的におこる現象を、従来の集団平均でなく、個々にあるいは1分子で計測することを可能にしつつある。

Various chemical modifications on proteins play crucial roles in dynamic biological phenomena during the cell cycle or the developmental process. This workshop highlights technological developments in visualization of protein modifications by live-cell imaging or single-molecule imaging to unravel the biological function and control mechanism of protein modifications.

オーガナイザー：平岡 泰(阪大)、浦 聖恵(阪大)

Organizers : Yasushi Hiraoka (Osaka Univ.), Kiyoe Ura (Osaka Univ.)

- 16:00 **2WB-1** 転写制御の根底にあるクロマチンダイナミクス /
Regulation and Function of Histone Diversity in Development and Disease.
○浦 聖恵(Kiyoe Ura)
阪大・医(Grad Sch. of Med., Osaka Univ.)、科技振・さきがけ(JST. PREST)
- 16:25 **2WB-2** 蛋白質翻訳後修飾の生細胞イメージング /
Live cell imaging of post-translational protein modifications
○木村 宏(Hiroshi Kimura)、林 陽子(Yoko Hayashi-Takanaka)、Timothy Stasevich、
佐藤 優子(Yuko Sato)
阪大・生機(Front. Biosci., Osaka Univ.)
- 16:50 **2WB-3** オープンサンドイッチ原理と新規相互作用検出系による蛋白質リン酸化修飾の検出 /
Detection of protein phosphorylation by open-sandwich principle and novel
interaction detection systems.
○大室(松山) 有紀¹⁾(Yuki Ohmuro-Matsuyama)、北岡 優一¹⁾(Yuichi Kitaoka)、
ジョン ヒジン¹⁾(Heejing Jeong)、達 吉郎²⁾(Yoshiro Tatsu)、
稲垣 昌樹³⁾(Masaki Inagaki)、上田 宏¹⁾(Hiroshi Ueda)
1) 東大・院工・化生(Dept. of Chem. Biotechnol., Sch. of Eng., Univ. of Tokyo)、
2) 産総研(AIST)、3) 愛知がんセ・発がん(Div. of Biochem., ACCR)
- 17:15 **2WB-4** ヒストン修飾のイメージングとケミカルバイオロジー /
Live imaging of histone modifications and its application to chemical biology
○吉田 稔(Minoru Yoshida)、伊藤 昭博(Akihiro Ito)
理研・基幹研・ケミカルゲノミクス(Chem. Genome Res. Group, RIKEN ASI)
- 17:40 **2WB-5** 単一胚ライブセルイメージングによる初期胚発生核ダイナミクスの可視化 /
Visualization of nuclear dynamics during preimplantation development by single embryo
live-cell imaging
○山縣 一夫¹⁾(Kazuo Yamagata)、水谷 英二²⁾(Eiji Mizutani)、
林-高中 陽子³⁾(Yoko Hayashi-takanaka)、木村 宏³⁾(Hiroshi Kimura)、
若山 照彦¹⁾(Teruhiko Wakayama)
1) 阪大・微研(Res. Inst. for Microbia. Diseases, Osaka Univ.)、
2) 理研 CDB(CDB, RIKEN)、3) 阪大・医・生命機能(Fron. Biosci., Grad Sch. of Med., Osaka Univ.)
- 18:05 **2WB-6** 細胞核内構造体に関わる SUMO 化とリン酸化修飾 /
Protein SUMOylation and phosphorylation that are involved in nuclear architecture
○斉藤 典子¹⁾(Noriko Saitoh)、徳永 和明¹⁾(Kazuaki Tokunaga)、富田 さおり¹⁾(Saori Tomita)、
斉藤 寿仁²⁾(Hisato Saitoh)、中尾 光善¹⁾(Mitsuyoshi Nakao)
1) 熊本大・発生医研(IMEG, Kumamo univ.)、
2) 熊本大・自然科学研究科(Dept. Biol. Sci., Kumamoto Univ.)

2WC 蛋白質の構造形成と機能発現の基本原理の探求**Fundamental understanding of protein structure formation and function**

機能性蛋白質をゼロから自在にデザインすることは多くの蛋白質研究者の夢である。その実現のためには、蛋白質の折り畳みや複合体形成のメカニズムを理解し、その構造を高精度で予測・設計できなければならない。さらに、揺らぎ・立体構造変化などの動的構造をアミノ酸配列に基づいて理解・制御することも必要であろう。本ワークショップでは、蛋白質の構造形成と機能発現に関する研究の最新動向を概観し、機能性蛋白質のデノボデザイン実現に向けた議論を行いたい。

One of the ultimate goals for protein scientists is to design functional proteins completely from scratch. That requires sophisticated technology for designing and predicting protein structures with high accuracy, along with a fundamental understanding of protein folding and complex formation. In addition, protein dynamics including thermal fluctuations and conformational changes should also be designed to make proteins functional. In this workshop, we will review recent findings and developments on the above mentioned topics, and discuss strategies to achieve the goal.

オーガナイザー：古賀 信康(ワシントン大)、 瀧上 壮太郎(横浜市立大)

Organizers : Nobuyasu Koga (Univ. of Washington), Sotaro Fuchigami (Yokohama City Univ.)

16:00 はじめに / Introduction

古賀 信康 (Nobuyasu Koga)
ワシントン大 (Univ. of Washington)

16:35 2WC-1 新規一分子蛍光観測法による蛋白質の自由エネルギー地形の解析 /**Exploration of free-energy landscape using a novel single-molecule fluorescence technique**

○鎌形 清人¹⁾ (Kiyoto Kamagata)、川口 敏史¹⁾ (Toshifumi Kawaguchi)、
馬場 昭典²⁾ (Akinori Baba)、三本木 至宏³⁾ (Yoshihiro Sambongi)、
小松崎 民樹⁴⁾ (Tamiki Komatsuzaki)、高橋 聡¹⁾ (Satoshi Takahashi)

1) 東北大・多元研 (Institute of Multidisciplinary Research for advanced Materials, Tohoku Univ.)、
2) 理研・CDB (RIKEN CDB)、3) 広大・生物圏科学 (Grad. Sch. Biosphere Sci., Hiroshima Univ.)、
4) 北大・電子研 (Research Inst. Electronic Sci., Hokkaido Univ.)

17:00 2WC-2 タンパク質のフォールド進化と新規フォールド予測 /**The evolution of protein folds and De Novo protein structure prediction**

南 慎太郎¹⁾ (Shintaro Minami)、中森 弘太²⁾ (Kota Nakamori)、
澤田 賢吾²⁾ (Kengo Sawada)、○千見寺 浄慈¹⁾ (George Chikenji)

1) 名大・工・計算理工 (Dept. of Comput. Sci. and Eng., Nagoya Univ.)、
2) 名大・工・応物 (Dept. of App. Phys., Nagoya Univ.)

17:25 2WC-3 計算機によるタンパク質立体構造のデノボデザイン /**Computational de novo design of protein structures**

○古賀 信康¹⁾ (Nobuyasu Koga)、古賀 巽 理恵¹⁾ (Rie Koga (Tatsumi))、Liu Gaohua²⁾、
Gaetano T. Montelione²⁾、David Baker¹⁾

1) ワシントン大・生化 (Univ. of Washington, Dept. of Biochem.)、
2) ラトガース大・分生・生化 (Rutgers Univ., Dept. of Mol. Biol. and Bioshem.)

17:50 2WC-4 生命情報学的手法に基づくタンパク質複合体の形成機構の解明 /**Exploring mechanisms of protein oligomerization by bioinformatic approaches**

○西 羽美 (Hafumi Nishi)

NIH/NLM/NCBI

18:15 2WC-5 分子動力学シミュレーションによるタンパク質の動的構造解析 /**Dynamic structure analysis of proteins by molecular dynamics simulation**

○瀧上 壮太郎 (Sotaro Fuchigami)

横浜市大院・生命ナノシステム (Grad. Sch. of Nanobioscience, Yokohama City Univ.)

18:40 総合討論 / Discussion

瀧上 壮太郎 (Sotaro Fuchigami)

横浜市大院・生命ナノシステム (Grad. Sch. of Nanobioscience, Yokohama City Univ.)

2WD ペプチド医薬、組換え蛋白医薬の展望**Prospects of peptide drug and recombinant protein drug**

本ワークショップではペプチド医薬品および組換え蛋白医薬品を研究開発されている講師を招き、現状と展望を概説する。ペプチド医薬品、組換え蛋白医薬品はバイオ医薬品の中でも歴史を持ち、リュープリン、HANP、造血系ホルモン、インターロイキンなど数多くの上市品がある。特に近年急速に関心が高まっているグレリンなど内在性ペプチドホルモンおよび癌ペプチドワクチン、再生関連蛋白質 HGF の医薬品応用に焦点をあてる。

In this workshop, we will invite researchers working on peptide pharmaceuticals and recombinant protein pharmaceuticals, who will outline the current scenario and future prospects in this field. Peptide and recombinant protein pharmaceuticals have a history of commercialization, and many products such as Leuplin, HANP and interleukins are available on the market. We will focus on the pharmaceutical application of endogenous peptide hormones such as ghrelin, cancer peptide vaccines, and HGF, a liver regeneration-related protein, which have drawn increasing attention in recent years.

オーガナイザー：坂田 恒昭(塩野義製薬)、木村 皓俊(ペプチド研究所)

Organizers：Tsuneaki Sakata (Shionogi & Co., Ltd), Terutoshi Kimura (Peptide Institute, Inc.)

16:30 **2WD-1** ペプチド医薬品の現状 /**Prospects of peptide drug**

- 木村 皓俊 (Terutoshi Kimura)
株式会社 ペプチド研究所 (Peptide Institute, Inc.)

17:00 **2WD-2** 新規生理活性ペプチドの探索・発見から臨床応用へ /**Novel bioactive peptides : from discovery to translational research**

- 寒川 賢治 (Kenji Kangawa)
国立循環器病研究センター・研究所 (Res. Inst., Natl. Cereb. & Cardiovascul. Ctr.)

17:30 **2WD-3** WT1 ペプチドを用いたがんの免疫療法 /**WT1 peptide immunotherapy for malignancies**

- 杉山 治夫 (Haruo Sugiyama)
大阪大学大学院医学系研究科 機能診断科学 (Department of Functional Diagnostic Science
Osaka University Graduate School of Medicine)

18:00 **2WD-4** 組換え蛋白質を医薬品へ ～ HGF (肝細胞増殖因子) 創薬～ /**A recombinant human protein HGF (Hepatocyte Growth Factor) to be a novel medicament**

- 岩谷 邦夫 (Kunio Iwatani)
クリングルファーマ株式会社 (Kringle Pharma, Inc.)

18:30 **2WD-5** 組換え蛋白医薬品の展望 /**Current status and perspective of recombinant protein pharmaceuticals**

- 坂田 恒昭 (Tsuneaki Sakata)
塩野義製薬(株) 医薬開発本部 (Pharmaceutical Development Division, SHIONOGI & Co., LTD.)

2WE 磁気共鳴の高感度化が拓く生体内蛋白質計測の未来**Magnetic resonance method pioneering in vivo protein measurement and its sensitivity enhancement**

近年の磁気共鳴法の技術的な進展は著しく、劇的な高感度化と高速化が達成されつつある。またこれら技術的進展の恩恵を受け、細胞内での蛋白質計測が現実的なものとなってきた。これらの方法によって初めて生体内での蛋白質構造やその変化を原子分解能で解明できるようになる。そこで本ワークショップでは磁気共鳴法の高感度化の最前線と、生体内計測の現状を報告していただくことで、磁気共鳴法による生体内蛋白質計測の未来を描く。

Recent technical developments of magnetic resonance methods are remarkable, and dramatic high sensitivity and fast measurement are achieved. Based on these technical developments, magnetic resonance measurements of a protein within a cell (such as in-cell NMR) are becoming available. These techniques elucidate the protein structure and its change in cell at atomic resolution, and such information are not obtained by any other methods. In this workshop, the in-cell measurement using leading-edge magnetic resonance techniques will be discussed.

オーガナイザー：兎嶋 長次郎(阪大)、白川 昌宏(京大)

Organizers：Chojiro Kojima (Osaka Univ.), Masahiro Shirakawa (Kyoto Univ.)

16:30 はじめに / Introduction

16:45 **2WE-1** 生細胞内蛋白質の立体構造決定 /
Protein structure determination in living cells

○伊藤 隆 (Yutaka Ito)

首都大・理工 (Dept. of Chem., Tokyo Metropolitan Univ.)

17:10 **2WE-2** 化学スイッチ機能をデザインした機能性 MRI プロブの開発 /
Development of in Vivo Imaging Probes with Tunable Chemical Switches,
Which Convert Biological Signals to MRI Contrast Enhancement

○菊地 和也 (Kazuya Kikuchi)

阪大・工 (Grad. Sch. Eng., Osaka Univ.)

17:35 **2WE-3** 固体 NMR の生体系への応用と高磁場 DNP 超偏極法による高感度化 /
Application of solid-state NMR to biological systems and the sensitivity
enhancement by high-field DNP hyperpolarization

○藤原 敏道 (Toshimichi Fujiwara)

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

18:00 **2WE-4** 光励起三重項電子スピンを用いた動的核偏極 /
Dynamic Nuclear Polarization using photoexcited triplet electron spins

○根来 誠¹⁾ (Makoto Negoro)、立石 健一郎¹⁾ (Kenichiro Tateishi)、
香川 晃徳¹⁾ (Akinori Kagawa)、武田 和行²⁾ (Kazuyuki Takeda)、
北川 勝浩¹⁾ (Masahiro Kitagawa)

1) 阪大・基 (Grad Sch. of Eng. Sci., Osaka Univ.)、

2) 京大・理 (Grad Sch. of Sci., Kyoto Univ.)

18:25 **2WE-5** 蛍光ダイア粒子を使った光検出磁気共鳴法によるナノ計測 /
Nano-scale measurement of fluorescent diamond by optically detected magnetic
resonance

○吉成 洋祐¹⁾ (Yohsuke Yoshinari)、五十嵐 龍治²⁾ (Ryuji Igarashi)、
横田 浩章³⁾ (Hiroaki Yokota)、白川 昌宏²⁾ (Masahiro Shirakawa)、
原田 慶恵³⁾ (Yoshie Harada)

1) 日本電子(株) 開発部 (ATD, JEOL)、

2) 京大院・工 (Dept. of Mol. Eng, Grad Sch. of Eng, Kyoto Univ.)、

3) 京大・iCeMS (iCeMS, Kyoto Univ.)

18:50 総合討論 / Discussion

2WF 解離会合を伴う蛋白質間相互作用の解析技術**Advances in the analytical methods for equilibrium protein-protein interactions**

蛋白質は、多くの場合、溶液中でダイナミックに解離と会合を盛んに繰り返している。こうした相互作用についての解析技術は複数存在するが、各手法の原理や特徴の理解よりも利用に重点がおかれているケースが多い。そこで本ワークショップでは、解離会合を伴う蛋白質間相互作用の解析技術そのものに焦点を当てた技術講座的ワークショップを開催する。特に定量的に相互作用を解析可能な複数の手法について、個別に深く掘り下げ、簡単な原理から最先端技術・将来性までをカバーしたセッションとする予定である。

Proteins usually interact with other molecules including proteins, nucleic acids and low molecular weight substances to exert individual functions. In this workshop, we will focus on the analytical methods for studying protein-protein interactions in solution quantitatively. Specifically, analytical ultracentrifugation, isothermal calorimetry, NMR, mass spectrometry and composition gradient light scattering are covered. Starting from the principles of each method, recent advances and future prospects of the methods are introduced.

オーガナイザー：内山 進(阪大)、大久保 忠恭(阪大)

Organizers : Susumu Uchiyama (Osaka Univ.), Tadayasu Ohkubo (Osaka Univ.)

16:30 はじめに / Introduction

16:40 **2WF-1** 超遠心分析沈降速度法による蛋白質の相互作用解析 /
Protein interactions as analyzed by sedimentation velocity analytical ultracentrifugation

○有坂 文雄 (Fumio Arisaka)

東工大・生命理工・分子生命 (Biosci & Biotech, Grad Sch. of Tokyo Inst. Tech.)

17:05 **2WF-2** 超遠心分析による溶液内での蛋白質解離会合状態の解明 /
Clarification of the dissociation and association states of proteins in the solution by analytical ultracentrifugation (AUC).

○野田 勝紀¹⁾ (Masanori Noda)、内山 進¹⁾ (Susumu Uchiyama)、
キャロル ロビンソン²⁾ (V. Robinson Carol)、福井 希一¹⁾ (Kiichi Fukui)

1) 阪大院・工・生命先端 (Bioeng., Dept. of Eng., Osaka Univ.)、

2) オックスフォード大 (Univ. of Oxford)

17:25 **2WF-3** コンポジション・グラジエント法を用いた多角度光散乱装置による蛋白質間相互作用解析 /
Protein-protein interaction analysis by composition gradient multiangle light scattering (CG-MALS)

○金丸 周司 (Shuji Kanamaru)

東工大 大院・生命理工 (Grad. School of Biosci. & Biotech., Tokyo Inst. of Tech.)

17:45 **2WF-4** 糖結合の熱力学特性 /
Thermodynamics of carbohydrate binding

○織田 昌幸 (Masayuki Oda)

京都府大・生命環境科学・応用生命科学 (Grad. Sch. of Life and Environ. Sci., Kyoto Pref. Univ.)

18:10 **2WF-5** NMR Studies of Protein-Hydrophobic Ligand Interactions

○大久保 忠恭 (Tadayasu Ohkubo)

阪大・薬 (Grad. Sch. of Pharm. Sci., Osaka Univ.)

18:35 **2WF-6** 蛋白質間相互作用解析のための質量分析法 /
Mass spectrometry for protein-protein interaction studies

○内山 進 (Susumu Uchiyama)

阪大・工・生命先端 (Dept. of Biotech., Grad. Sch. Engineering, Osaka Univ.)

2WG バイオマス利用に向けた蛋白質科学 Protein science toward a biomass utilization

持続可能型社会の構築を目指す上で、バイオマスを使ったエネルギー・リファイナリー生産の構築が期待されています。酵素は温かな環境で生体反応を触媒するよう巧妙に設計されているために、低環境負荷で反応を進行させる事ができます。この優れた特性を持つ酵素を利用してバイオマスから有用化合物の生産に関する研究が行われています。そこで本ワークショップでは、バイオマスの利用に有用な酵素の基礎及び実用研究の最前線で活躍されている研究者の方々をお招きし、酵素の科学とバイオマス利用について議論します。

Biorefinery, the use of biomass conversion processes and equipment to produce fuels, power, and chemicals from biomass, is in great demand to build a sustainable society. In these processes, the enzymes we use are cleverly designed to catalyze chemical reactions without stress to the environment. In this context, this workshop focuses on trends and opportunities in basic research and practical use of enzymes in biorefinery.

オーガナイザー：上垣 浩一(産総研)、西村 重徳(大阪府立大)
Organizers : Koichi Uegaki (AIST), Shigenori Nishimura (Osaka Pref. Univ.)

- 16:30 **2WG-1** 極限微生物の蛋白質を使ったバイオマス利用 /
biomass utilization using Extremozymes
○上垣 浩一 (Koichi Uegaki)
産総研 (AIST)
- 16:55 **2WG-2** 糖加水分解酵素による効率的な不溶性基質の分解 /
Key factor in efficient degradation of insoluble substrate by amylolytic enzyme
○西村 重徳 (Shigenori Nishimura)
大阪府大院・生命 (Grad. School of Life and Envi. Sci., Osaka Pref. Univ.)
- 17:20 **2WG-3** *Aspergillus aculeatus* のセルラーゼ /
Cellulases of *Aspergillus aculeatus*
○川口 剛司 (Takashi Kawaguchi)、炭谷 順一 (Jun-ichi Sumitani)、谷 修治 (Shuji Tani)
阪府大・生環 (Dept. of Appl. Biol. Sci., Osaka Pref. Univ.)
- 17:45 **2WG-4** 酵素を利用したグルコースからのエタノール生産 /
Ethanol production from glucose using enzymatic reaction
○奥 崇 (Takashi Oku)
耐熱研 (TEL)
- 18:10 **2WG-5** バイオベースインダストリーを創出する有用微生物酵素の探索と開発 /
Screening and development of useful microbial enzymes for pioneering bio-based industry
○小川 順 (Jun Ogawa)
京大院農・応用生命 (Div. Appl. Life Sci., Grad. Sch. Agric., Kyoto Univ.)
- 18:35 **2WG-6** バイオリファイナリー技術による芳香族化合物の生産 /
Production of aromatic compounds by biorefining
○酒井 清文 (Kiyofumi Sakai)、駒 大輔 (Daisuke Koma)、山中 勇人 (Hayato Yamanaka)、
森芳 邦彦 (Kunihiko Moriyoshi)、大本 貴士 (Takashi Ohmoto)
大阪市工研 (Osaka Municipal Tech. Res. Inst.)

3WA 複合体構造研究のひと工夫**Technical tips for solving problems in structural studies of protein complexes****新学術領域研究「細胞シグナリング複合体によるシグナル検知・伝達・応答の構造的基礎」共催**

現代の洗練されたタンパク質構造決定法をもってしても、発現・精製・結晶化・データ収集・位相決定・構造精密化等のいずれかの段階において困難を伴う場合がある。特に、複合体の構造決定を目指す場合にはその頻度は高い。現状ではこの種の問題解決に特効薬はないが、ここでは、細胞シグナリング複合体の構造研究を推進する研究者等の「ひと工夫」の具体例を case study として紹介して頂き、各自の切れるカードを増やして頂きたい。

Even with the dramatic technological advances in structural biology, we occasionally experience difficulties in protein structure determination. Setting about structural works of protein complexes, we should be prepared to take a certain amount of difficulties. We have no silver bullet for each difficulty in structure determination. However, we also know success stories with some tricks to overcome a certain difficulty. In this session, we call upon researchers of signaling complex structures to present proof-of-principle of these capabilities and provide another trump for other structural biologists.

オーガナイザー：箱嶋 敏雄(奈良先端大)、稲垣 冬彦(北大)

Organizers：Toshio Hakoshima (NAIST), Fuyuhiko Inagaki (Hokkaido Univ.)

- 15:45 **3WA-1** タンパク質を加工する /
Modification of proteins for structural determination
○箱嶋 敏雄 (Toshio Hakoshima)
奈良先端大学院・バイオ (Structural Biology, Nara Institute of Science and Technology)
- 16:10 **3WA-2** クライオ条件と変異体を用いた結晶の質の改善 /
Optimization of cryo-conditions and mutations for crystal quality improvement
○千田 俊哉 (Toshiya Senda)
産総研・バイオメディシナル (BIRC, AIST)
- 16:35 **3WA-3** タンパク結晶化への大気圧走査電子顕微鏡 ASEM の応用 /
Atmospheric SEM (ASEM) observes fine crystals
丸山 雄介¹⁾ (Yuusuke Maruyama)、西山 英利²⁾ (Hidetoshi Nishiyama)、
須賀 三雄²⁾ (Mituo Suga)、○佐藤 主税¹⁾ (Chikara Sato)
1)産総研・バイオメディカル (biomed-ri, AIST)、2)日本電子株式会社 (JEOL)
- 17:00 **3WA-4** 構造解析のためのユビキチン鎖の大量合成 /
Large-scale preparation of ubiquitin chains for structural studies
○深井 周也^{1,2)} (Shuya Fukai)
1)東大・放射光・生命科学 (Life Sci. Div., SRRO, Univ. of Tokyo)、
2)東大・分生研 (IMCB, Univ. of Tokyo)
- 17:25 **3WA-5** 表面タンパク質の不安定な複合体の分子解析法 /
Molecular analysis for unstable complex of cell surface proteins
○前仲 勝実 (Katsumi Maenaka)
北大・薬・生体分子 (Facult. Pharm. Sci., Hokkaido Univ.)
- 17:50 **3WA-6** 構造細胞生物学研究を行う上で有用な NMR ツールの開発と応用 /
Development and application of NMR tools useful for structural cell biology
○稲垣 冬彦 (Fuyuhiko Inagaki)、小橋川 敬博 (Yoshihiro Kobashigawa)、
斎尾 智英 (Tomohide Saio)
北大・院・先端生命 (Faculty of Advanced Life Science, Hokkaido University)

3WB 蛋白質のフォールディングと異常凝集の統一原理

A unifying principle of protein folding and aggregation

蛋白質は、正しくフォールディングすれば可溶化して機能し、異常なフォールディングが起これば凝集して析出する。正しいフォールディングと異常凝集の境界条件とは。アミロイドの感染、フォールディング中間体からポリマーを形成するセルピンなど、コンフォメーション病に関わる蛋白質の異常凝集の実例を挙げながら、フォールディングと異常凝集を包括的に説明する統一原理について議論する。

Correctly folded proteins are soluble and able to express their functions, whereas misfolded proteins have low solubility and form aggregates with the loss of functions. What are the boundary conditions between correct folding and aberrant aggregation? We discuss here a unifying principle of protein folding and aggregation by illustrating the relationship between protein structures and solubility, the mechanisms of amyloid propagation, and the folding and polymerization pathways of the serpins.

オーガナイザー：後藤 祐児(阪大)、恩田 真紀(大阪府立大)

Organizers: Yuji Goto (Osaka Univ.), Maki Onda (Osaka Pref. Univ.)

15:30 **3WB-1** 蛋白質のフォールディングと異常凝集の統一原理の解明を目指して /
Toward understanding a unifying principle of protein folding and aggregation

○後藤 祐児 (Yuji Goto)

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

16:00 **3WB-2** 伸長反応中間体の観察によるアミロイド構造伝播機構の解明 /
Structural investigation of kinetic intermediates of fibril elongation

○茶谷 絵理¹⁾ (Eri Chatani)、小沼 剛²⁾ (Tsuyoshi Konuma)、大西 玲奈²⁾ (Reina Oonishi)、
八木 正典²⁾ (Masanori Yagi)、櫻井 一正²⁾ (Kazumasa Sakurai)、
池上 貴久²⁾ (Takahisa Ikegami)、内木 宏延³⁾ (Hironobu Naiki)、後藤 祐児²⁾ (Yuji Goto)

1) 神大・理 (Dept. of Chem., Grad. Sch. of Sci., Kobe Univ.)

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

3) 福井大・医 (Fac. Med. Sci., Univ. of Fukui)

16:30 **3WB-3** 天然型が準安定な蛋白質のフォールディングとフォールディング病 /
The folding of proteins that have a meta-stable native structure and implication for folding diseases.

○恩田 真紀 (Maki Onda)

大阪府立大院・理・生物 (Dept. of Biol. Sci., Grad. Sch. of Sci., Osaka Pref. Univ.)

17:00 **3WB-4** 「分子間フォールディング」によるタンパク質のポリマー化 /
Protein Polymerization via an Intermolecular Folding

○山崎 正幸 (Masayuki Yamasaki)

京大・次世代研究者育成センター・再生研 (Inst. for Front, Med. Sci., Young Res. Develop. Centre, Uni. of Kyoto)

17:30 **3WB-5** アミロイドーシの伝播：タンパク質の異常構造は自己増殖するか? /
Transmission of Amyloidosis by self-propagating proteins

○樋口 京一 (Keiichi Higuchi)

信大・医・加齢 (Dept. of Aging Biol. Univ. of Shinshu)

3WC イオンチャネルのダイナミクスに迫る Resolving ion channel dynamics

イオンチャネルは種を超えて、神経機能、循環調節、内分泌制御、イオン輸送と、幅広い生体の恒常性維持と機能発現に重要な役割を担う膜蛋白である。イオンチャネル蛋白はイオン透過とゲーティングという基本特性をもち、これらは多様性をもちながらも共通の原理に基づいていると考えられる。本ワークショップではイオンチャネルの構造とダイナミクスに関する最新の研究を紹介し、イオンチャネル研究の今後の展望を探る。

Ion channels play critical roles in biological functions such as brain activities, circulation, endocrine regulation, and fluid homeostasis. All ion channel proteins function dependent on two key traits: gating and ion permeation, and both are achieved by concerted actions of iterated units. Although X-ray crystal structures have been resolved for several ion channel proteins, detailed mechanisms still remain elusive. This workshop is focused on recent strategies toward understanding dynamics of ion channels.

オーガナイザー：岡村 康司(阪大)、久保 義弘(生理研)

Organizers: Yasushi Okamura (Osaka Univ.), Yoshihiro Kubo (National Inst. of Physiological Sci.)

15:30 **3WC-1** KCNQ1-KCNE1 イオンチャネル複合体のストイキオメトリーの単一分子イメージングによる決定 /
Determination of the stoichiometry of the KCNQ1-KCNE1 ion channel complex by
single molecule imaging

中條 浩一 (Koichi Nakajo)、○久保 義弘 (Yoshihiro Kubo)
生理研・神経機能素子 (Div. Biophys. Neurobiol., Natl. Inst. Physiol. Sci.)

16:00 **3WC-2** 原子間力顕微鏡を用いたイオンチャネル構造ダイナミクスの解析 /
Analysis of receptor protein dynamics by atomic force microscopy

○篠崎 陽一^{1,2)} (Youichi Shinozaki)、住友 弘二¹⁾ (Koji Sumitomo)、
津田 誠³⁾ (Makoto Tsuda)、小泉 修一²⁾ (Schuichi Koizumi)、
井上 和秀³⁾ (Kazuhide Inoue)、鳥光 慶一¹⁾ (Keiichi Torimitsu)
1) NTT 物性研 (NTT BRLs)、
2) 山梨大院・医工・薬理 (Dept. of Pharmacol., Interdisciplinary Grad. Sch. Medicine and
Engineering, Univ. of Yamanashi)、
3) 九州大院・薬・薬理 (Dept. Mol. Syst. Pharmacol., Grad. Sch. Pharm. Sci., Kyushu Univ.)

16:30 **3WC-3** KcsA チャネルの pH 依存性ゲーティングダイナミクス /
Dynamics of the pH-dependent Gating for the KcsA channel

○老木 成稔 (Shigetoshi Oiki)、清水 啓史 (Hirofumi Shimizu)、岩本 真幸 (Masayuki Iwamoto)、
今野 卓 (Takashi Konno)
福井大・医・分子生理 (Dept. of Mol. Physiol. and Biophys., Univ. of Fukui Facult. Med. Sci.)

17:00 **3WC-4** カリウムチャネル KcsA のゲーティング機構の構造生物学的解析 /
Structural basis underlying the dual gate properties of KcsA

○嶋田 一夫 (Ichio Shimada)
東大・院薬系 (Grad. Sch. Pharm. Sci., The Uni. of Tokyo)

17:30 **3WC-5** 電位依存性プロトンチャネルの2量体会合はチャネルの温度感受性を制御する /
Stability of the Cytoplasmic Dimer Assembly Regulates the Thermosensitive Gating
of the Voltage-gated H⁺Channel

○藤原 祐一郎¹⁾ (Yuichiro Fujiwara)、黒川 竜紀¹⁾ (Tatsuki Kurokawa)、
竹下 浩平²⁾ (Kohei Takeshita)、小林 恵¹⁾ (Megumi Kobayashi)、
中川 敦史²⁾ (Atsushi Nakagawa)、岡村 康司¹⁾ (Yasushi Okamura)
1) 大阪大学大学院・医学系研究科・統合生理学 (Integrative Physiology, Dept. of Physiology,
Graduate School and Faculty of Medicine, Osaka University)、
2) 大阪大学・蛋白質研究所・超分子構造解析学 (Supramolecular Crystallography, Institute for
Protein Research, Osaka University)

3WD 多様な蛋白質機能から捉える新しいミトコンドリア像**Emerging mitochondria : diverse protein functions and novel aspects**

ミトコンドリアは独自のゲノムを持つ2重膜オルガネラであり、その構造・機能・品質は極めて動的に制御されている。また、「細胞の発電所」としてエネルギー変換を行う一方、細胞死や自然免疫などの高次生命機能を調節する場としても重要な役割を果たしている。本ワークショップでは、ミトコンドリアの膜とゲノムのダイナミクスを司る多様な蛋白質機能に焦点を当て、最新の知見から垣間見えてきた新たなミトコンドリア像について議論したい。

Mitochondria are double membrane-bound organelles that harbor their own genome. The structure, function, and quality of this “power plant of the cell” are regulated in an extremely dynamic manner. Mitochondria play key roles in not only converting energy but also serving as a platform that controls higher-order biological processes including cell death and innate immunity. In this workshop, we focus on diverse functions of proteins that govern mitochondrial genome and membrane dynamics, and aim to discuss about the new concept of mitochondria emerging from recent cutting-edge studies.

オーガナイザー：岡本 浩二(阪大)、石原 直忠(久留米大)

Organizers : Koji Okamoto (Osaka Univ.), Naotada Ishihara (Kurume Univ.)

15:30 3WD-1 選択的ミトコンドリア分解の分子機構 /**Molecular Mechanisms of selective mitochondrial degradation**

○岡本 徳子¹⁾ (Noriko Kondo-Okamoto)、鈴木 翔²⁾ (Sho Suzuki)、
大隅 良典²⁾ (Yoshinori Ohsumi)、岡本 浩二¹⁾ (Koji Okamoto)

1) 阪大・生機 (Fron. Biosci., Grad Sch. of Osaka Univ.)、
2) 東工大・フロンティア研 (Fron. of Tokyo Tec.)

15:55 3WD-2 出芽酵母ミトコンドリア Rho GTPase 蛋白質 Gem1p の構造機能解析 /**Structure-function analysis of the yeast mitochondrial Rho GTPase, Gem1p**

○小柴 琢己 (Takumi Koshiba)

九大・理・生物 (Dep. of Biol., Kyushu Univ.)

16:20 3WD-3 ミトコンドリア膜電位低下によるミトコンドリア局在型プロテインホスファターゼ PGAM5の膜内切断 /
Mitochondrial membrane potential loss induces intramembrane proteolysis of the
mitochondria-resident protein phosphatase PGAM5

○村上 史織¹⁾ (Shiori Murakami)、一條 秀憲¹⁾ (Hidenori Ichijo)、
武田 弘資^{1,2)} (Kohsuke Takeda)

1) 東大・院薬・細胞情報 (Cell Signaling, Grad. Sch. Pharmaceut. Sci., Univ. of Tokyo)、
2) JST さきがけ (PRESTO, JST)

16:45 3WD-4 グリセロ脂質 *de novo* 合成系で産生される LPA はミトコンドリアの形態維持に必須である /
Lysophosphatidic acid produced by acyltransferases of *de novo* glycerolipid
synthesis is required for normal mitochondrial morphology

○井上 貴雄^{1,4)} (Takao Inoue)、大場 陽介¹⁾ (Yohsuke Ohba)、
石原 直忠²⁾ (Naotada Ishihara)、三谷 昌平^{3,4)} (Shohei Mitani)、
新井 洋由^{1,4)} (Hiroyuki Arai)

1) 東大院・薬 (Grad. Sch. of Pharm. Sci., Univ. of Tokyo)、
2) 久留米大・分子生命研 (Inst. of Life Sci., Kurume Univ.)、
3) 東女医大・医 (Tokyo Women's Med. Univ. Sch. of Med.)、4) CREST, JST

17:10 3WD-5 ミトコンドリア核様体のプロテオミクス解析による核様体分配制御因子の同定 /**Identification of a mitochondrial nucleoid protein for regulation of nucleoid division**

○佐々木 成江 (Narie Sasaki)、由比 良子 (Ryoko Yui)

名大・院・理・生命理学 (Div. of Biol. Sci, Grad. Sch. of Sci. Nagoya Uni.)

17:35 3WD-6 ミトコンドリア呼吸鎖の多様性：低酸素適応における役割 /**Diversity of mitochondrial respiratory chain : Role in the adaptation to hypoxia**

○北 潔 (Kiyoshi Kita)

東京大学大学院医学系研究科国際保健学専攻・生物医化学教室 (Department of Biomedical
Chemistry Graduate School of Medicine The University of Tokyo)

3WE F/V type ATPase の新たな地平 New frontiers in the study of F- and V-type ATPases

近年、F型ATPase(ATP合成酵素)やV型ATPase、鞭毛などの分子モーター複合体の構造解析が急速に進んでいる。そして、鞭毛のtype III輸送装置部分の立体構造がF/V-ATPaseに酷似していることが新たに明らかとなった。そこで本ワークショップでは、X線結晶構造解析、電子顕微鏡解析、NMRという異なる手法から得られた分子モーター複合体の構造知見に基づき、これらに共通する構造と機能及び分子進化について議論したい。

Recently, structural studies of the rotary motor complexes such as F-type ATPase, V-type ATPase and flagellar were progressing quickly, and the structural similarities between F/V-ATPases and flagellar type III protein export system have been observed, surprisingly. In this workshop, we would like to discuss common mechanism, function and evolutionary relationship in these rotary motors based on their structures which were obtained by using electron microscopy, NMR and X-ray crystallography.

オーガナイザー：今田 勝巳(阪大)、村田 武士(千葉大)

Organizers：Katsumi Imada(Osaka Univ.), Takeshi Murata(Chiba Univ.)

- 15:30 **3WE-1** べん毛Ⅲ型輸送系とF/V-ATPaseに共通する構造と機能 /
Common structure and function of the flagellar type III protein export system and F/V-type ATPases
○今田 勝巳¹⁾(Katsumi Imada)、南野 徹^{2,3)}(Tohru Minamino)
1) 阪大・理・高分子(Grad. Sch. of Sci., Osaka Univ.)、
2) 阪大・生命(Dept. of Front. Biosci., Osaka Univ.)、3) JST・さきがけ(PREST, JST)
- 16:00 **3WE-2** 回転分子モーターの軸とトルク発生の起源 /
Origin of rotor domain and torque generation in rotary ATPases
○横山 謙(Ken Yokoyama)
京都産業大学総合生命科学部(Department of Molecular Biosciences, Kyoto Sangyo University)
- 16:30 **3WE-3** 脂質二重膜再構成 H⁺-ATP 合成酵素 subunit c-ring の固体高分解能 NMR 法による構造解析 /
Solid-state NMR measurement of H⁺-ATP synthase subunit c-ring reconstituted into DMPC bilayers
○戸所 泰人^{1,2)}(Yasuto Todokoro)、カン スジン³⁾(Sujin Kang)、
田中 健太郎²⁾(Kentaro Tanaka)、湯面 郁子²⁾(Ikuko Yumen)、岩崎 郁²⁾(Iku Iwasaki)、
鈴木 俊治⁴⁾(Toshiharu Suzuki)、吉田 賢右⁵⁾(Masasuke Yoshida)、
藤原 敏道²⁾(Toshimichi Fujiwara)、阿久津 秀雄^{2,3)}(Hideo Akutsu)
1) 横浜市大院・生命ナノシステム(Nanobio. Yokohama City Univ.)、
2) 阪大・蛋白(IPR, Osaka Univ.)、3) ソウル大学校(Seoul National Univ.)、
4) JST・ICORP・ATP合成制御(ATP-synthesis regulation project, ICORP, JST)、
5) 京産大・総合生命(Kyoto Sangyo Univ.)
- 17:00 **3WE-4** V-ATPase in the Electron Beam: Structural Study of a rotary ATP Synthase from *Thermus thermophilus*
○ゲーレ クリストフ¹⁾(Christoph Gerle)、谷 一寿²⁾(Kazutoshi Tani)、
Florian Hauer³⁾、Christopher P. Arthur⁴⁾、横山 謙⁵⁾(Ken Yokoyama)、
光岡 薫⁶⁾(Kaoru Mitsuoka)、藤吉 好則²⁾(Yoshinori Fujiyoshi)
1) 京大・生命(Kyoto Univ., CPLS)、2) 京大・生物(Kyoto Univ., Biophys. Dept.)、
3) MPI Biophys. Chem., 3D EM、4) Scripps, Dept. Cell Biol.、
5) 京産大・生命(Kyoto Sangyo Univ., Facult. Life Science)、6) AIST, BIRC
- 17:30 **3WE-5** V1-ATPase の結晶構造から見えてきた回転メカニズム /
Rotation mechanism of V1-ATPase based on the crystal structures
○村田 武士^{1,2,3)}(Takeshi Murata)
1) 千葉大・理・化学(Chem., Science, Chiba Univ.)、2) 理研・SSBC(SSBC, Riken)、
3) JST・ERATO

3WF 蛋白質の構造変化と水和 — 圧力効果の理論と実験の協奏に向けて — Hydration upon structural changes of a protein — Theories and experiments for the pressure effects —

蛋白質立体構造の安定性を議論する上で、水の役割は極めて重要である。なかでも圧力効果はその重要性を顕著に示すものである。しかしながら、未だ統一的な理解がなされていないのが現状である。研究者によって、その視点・言葉使いが異なっていることが一つの理由かもしれない。本ワークショップでは、理論と実験、両研究者の協奏的研究に向けて、これまでに得られた研究成果に基づいて、その知見を共有すると共に、統一的な理解に向けた課題について議論する。

It is definite that water plays an important role for the stability of a protein structure. Especially, the effect of pressure remarkably shows its importance. However, we have not reached general view on the molecular mechanism of the pressure effect yet. As one of the reasons for that, there might be differences in scientific background or terminologies depending on researchers. In this workshop, we would like to share the results of recent studies on the pressure effects on proteins and discuss how theoreticians and experimentalists can collaborate for future protein science.

オーガナイザー：原野 雄一(阪大)、今井 隆志(理研)
Organizers：Yuichi Harano (Osaka Univ.), Takashi Imai (RIKEN)

15:30 はじめに / Introduction

原野 雄一 (Yuichi Harano)
阪大 (Osaka Univ.)

15:35 3WF-1 鎖状有機分子、ペプチドの高圧力実験からみた蛋白質の圧力変性：実験から理論への提案 / Pressure-induced protein denaturation: Insight from high-pressure experimental studies of organic chain molecules and peptides

○加藤 稔 (Minoru Kato)
立命館大・薬 (Dept. of Pharm., Ritsumeikan Univ.)

16:00 3WF-2 高圧力 NMR で観る蛋白質の高エネルギー構造と水和 / High-energy states of proteins studied by high pressure NMR spectroscopy

○北原 亮¹⁾ (Ryo Kitahara)、前野 覚大²⁾ (Akihiro Maeno)、赤坂 一之²⁾ (Kazuyuki Akasaka)
1) 立命大・薬 (Pharm. Sci., Ritsumeikan Univ.)、2) 近大・高圧 (Kinki Univ. High Pressure)

16:25 3WF-3 蛋白質立体構造形成過程における分子体積変化の追跡と脱水過程の検討 / Dehydration Associated with Protein Folding as Studied by Molecular Volume Changes

○石森 浩一郎 (Koichiro Ishimori)
北大・理・化学 (Dept. of Chem., Fac. of Sci., Hokkaido Univ.)

16:50 3WF-4 タンパク質の高圧構造転移における水の役割：分子液体論と分子シミュレーションで見えたもの / Role of water in the pressure-induced structural transition of proteins studied by molecular liquid theory and molecular simulation

○今井 隆志 (Takashi Imai)
理研 (RIKEN)

17:10 3WF-5 蛋白質圧力変性の物理機構 / On the physical mechanism of pressure denaturation of proteins

○吉留 崇 (Takashi Yoshidome)
京大・エネ理工 (Inst. of Adv. Energy, Kyoto Univ.)

17:35 3WF-6 高圧変性の新たな側面：水和殻物性の蛋白質構造依存性 / New aspects of high-pressure unfolding: protein structure dependence of hydration shell properties

○墨 智成 (Tomonari Sumi)、関野 秀男 (Hideo Sekino)
豊橋技科大・工・情知 (Dept. of Comp. Sci. and Eng.)