

WS1

A 会場 (大ホール C) / Room A (Main Hall C)
6月11日 (火) / June 11 (Tue.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

多面的視点から捉える蛋白質の世界

Protein Science from Multifaceted Perspectives

共催：学術変革領域研究 A 「マルチファセット・プロテインズ：拡大し変容するタンパク質の世界」

近年の発見や技術革新により、「リボソームが mRNA の開始コドンから終止コドンまでを翻訳し、完成したポリペプチド鎖がフォールディングして機能する」という従来の蛋白質像が大きく変革しつつある。本ワークショップでは、これまでの常識にとられない視点での蛋白質科学を進めている方々に多面的な蛋白質科学の最先端を紹介してもらい、今後の細胞内での蛋白質の世界に思いを馳せたい。

Recent progresses are revolutionizing the traditional view of proteins as "the ribosome translates mRNA from start codon to stop codon, and the completed polypeptide chain folds and functions". This workshop will introduce the state-of-the-art of multifaceted protein science by those pursuing protein science from a viewpoint beyond the canonical view.

オーガナイザー：田口 英樹 (東京工業大学)、田中 良和 (東北大学)

Organizers: Hideki Taguchi (Tokyo Tech), Yoshikazu Tanaka (Tohoku Univ.)

[16:00] はじめに

Opening Remarks

○田口 英樹 (Hideki Taguchi)

東京工業大学 (Tokyo Tech.)

WS1-1 [16:06] 巨大複合体の構造分類を目指して

Toward structural classification of huge biomolecular complexes

○小池 亮太郎 (Ryotaro Koike)

名大・情報 (Dept. of Info., Naogyu Univ.)

WS1-2 [16:29] In vitro と in vivo におけるタンパク質フォールディングの理論的予測

Theoretical prediction of protein folding in vitro and in vivo

○新井 宗仁^{1,2,3} (Munehito Arai)、大岡 紘治² (Koji Ooka)、季高 駿士¹ (Shunji Suetaka)、
吉村 匡隆¹ (Masataka Yoshimura)¹ 東大・総合文化・生命環境 (Dept. Life Sci., Univ. of Tokyo)、² 東大・教養 (Col. Arts and Sci., Univ. of Tokyo)、³ 東大・理・物理 (Dept. Phys., Univ. of Tokyo)

WS1-3 [16:52] 終止コドンリードスルーの分子機構

Molecular mechanism of stop codon read-through

○田中 良和¹ (Yoshikazu Tanaka)、大久保 雄介¹ (Yusuke Ohkubo)、須藤 愛莉咲² (Arisa Suto)、
松井 崇^{2,3} (Takashi Matsui)、小寺 義男^{2,3} (Yoshio Kodera)、横山 武司¹ (Takeshi Yokoyama)¹ 東北大・院・生命科学 (Grad. Sch. of Life Sci., Tohoku Univ.)、² 北里大・理 (Sch. of Sci., Kitasato Univ.)、³ 北里大・理・附属疾患プロテオミクスセンター (Sch. of Sci. Cent. for Dis. Proteom., Kitasato Univ.)

WS1-4 [17:15] 質量分析計を用いたプロテオームの実像解明

Elucidating the actual shape of the proteome using mass spectrometry

○松本 雅記 (Masaki Matsumoto)

新潟大大学院・医歯学・オミクス生物学 (Dep. Omics and Systems Biol., Niigata Univ. Grad.Sch.Med and Dent. Sci.)

WS1-5 [17:38] **細胞内非膜オルガネラの形成を誘導するタンパク質の大規模探索****Large-scale exploration of proteins inducing the formation of intracellular membraneless organelles**

○山崎 智弘¹ (Tomohiro Yamazaki)、高桑 央¹ (Hiro Takakuwa)、土井 理恵¹ (Rie Doi)、
岩田 瑞季¹ (Mizuki Iwata)、一色 和奏¹ (Wakana Isshiki)、岩切 淳一² (Junichi Iwakiri)、
浅井 潔² (Kiyoshi Asai)、岩崎 由香³ (Yuka Iwasaki)、幡野 敦⁴ (Atsushi Hatano)、
松本 雅記⁴ (Masaki Matsumoto)、Zeng Chao⁵、浜田 道昭⁵ (Michiaki Hamada)、
足立 景亮³ (Kiyosuke Adachi)、川口 喬吾³ (Kyogo Kawaguchi)、廣瀬 哲郎^{1,6} (Tetsuro Hirose)

¹ 阪大・生命機能 (Grad Sch. of Front. Biosci., Osaka Univ.)、

² 東大・新領域 (Grad Sch. of Front. Sci., The Univ. of Tokyo)、³ 理研 (RIKEN)、

⁴ 新潟大学・医 (Grad Sch. of Med. and Dent. Sci., Niigata Univ.)、

⁵ 早大・理工 (Faculty of Sci. and Eng., Waseda Univ.)、⁶ 阪大・OTRI (OTRI, Osaka Univ.)

WS1-6 [18:01] **ATPase を介したオルガネラ間における膜タンパク質の局在制御機構****ATPases regulate the subcellular localization of single-spanning membrane proteins**

○小野 鈴花¹ (Suzuka Ono)、松本 俊介² (Shunsuke Matsumoto)、遠藤 斗志也¹ (Toshiya Endo)

¹ 京産大・生科 (Fac. of Life Sci., Kyoto Sangyo Univ.)、² 九大・院・農学 (Fac. of Agric., Kyushu Univ.)

[18:24] **総合討論****Discussion**

○田中 良和 (Yoshikazu Tanaka)

東北大学 (Tohoku Univ.)

WS2

B 会場 (中ホール 1 / 2) / Room B (Mid-sized Hall 1 / 2)

6 月 11 日 (火) / June 11 (Tue.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

無細胞タンパク質合成系を用いた超越分子システムの創生**Cell-free protein synthesis based molecular systems for new protein science**

共催：学術変革領域研究 A 「生物を陵駕する無細胞分子システムのボトムアップ構築学」

無細胞タンパク質合成系 (cell-free protein synthesis (CFPS)) は、試験管内でタンパク質を合成できるシステムである。CFPS は、オープンシステムであるため、生細胞では困難・不可能な反応を実現できる。本セッションでは、CFPS を用いた最新の研究成果を紹介する。スクリーニング、進化分子工学、タンパク質の機能解析、翻訳機構の解明など幅広い話題について講演いただく。

Cell-free protein synthesis (CFPS) is a system that can synthesize proteins in vitro. In this session, we will present the latest research results using CFPS. Lectures will be given on a wide range of topics including screening, directed evolution, functional analysis of proteins, and elucidation of protein translation mechanisms.

オーガナイザー：西山 賢一 (岩手大学)、松浦 友亮 (東京工業大学)

Organizers: Ken-ichi Nishiyama (Iwate Univ.), Tomoaki Matsuura (Tokyo Tech.)

[16:00] **はじめに****Opening Remarks**

○松浦 友亮 (Tomoaki Matsuura)

東京工業大学 (Tokyo Tech.)

WS2-1 [16:01] **社会実装を目指した汎用的セル・フリー膜タンパク質合成システムの開発****Development of a versatile cell-free membrane protein synthesis system for social implementation**

○西山 賢一 (Ken-ichi Nishiyama)

岩手大・農 (Faculty of Agriculture, Iwate Univ.)

- WS2-2** [16:25] **1 分子を検出可能な疎水性βバレルナノポア形成ペプチドの無細胞合成**
Cell-free synthesis of hydrophobic β-barrel nanopore-forming peptides capable of single-molecule detection
 ○藤田 祥子¹ (Shoko Fujita)、川村 出² (Izuru Kawamura)、川野 竜司¹ (Ryuji Kawano)
¹農工大院・工 (Grad. Sch. Eng., Tokyo Univ. Agric. Technol.)、²横国大院・工 (Grad. Sch. Eng., Yokohama Natl. Univ.)
- WS2-3** [16:50] **リボソームディスプレイ法を用いた G タンパク質共役型受容体の機能改変**
Cell-free synthesis of G protein coupled receptors and its application to ribosome display
 ○松浦 友亮 (Tomoaki Matsuura)
 東工大・ELSI (ELSI, Tokyo Tech.)
- WS2-4** [17:15] **膜タンパク質の完全インビトロ機能再構成系構築への試行錯誤から得られたもの**
What we learned through trial and error to construct a complete in vitro functional reconstitution system for membrane proteins
 ○戸澤 譲 (Yuzuru Tozawa)
 埼玉大院・理工 (Grad Sch. of Sci. & Eng., Saitama Univ.)
- WS2-5** [17:40] **翻訳促進ペプチドによるタンパク質生産効率化**
Efficient protein production by translation enhancing peptides
 ○加藤 晃代 (Teruyo Kato)
 名大院・生命農 (Grad. Sch. Bioagr. Sci., Nagoya Univ.)
- WS2-6** [18:05] **TRAP ディスプレイを用いた鏡像タンパク質抗体の創成**
Mirror-image antibody-like protein developed by TRAP display technology
 ○林 剛介 (Gosuke Hayashi)
 名大・工・生命分子 (Dept. of Biomol. Eng., Nagoya Univ.)

WS3 C 会場 (中ホール 1 / 2) / Room C (Mid-sized Hall 1 / 2)
 6 月 11 日 (火) / June 11 (Tue.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

ペプチド設計の現在と未来

The Present and Future of Peptide Design

AlphaFold や ProteinMPNN、RFdiffusion などの AI 技術によって、タンパク質配列や構造を自在に予測できる時代となった。計算機の発展による計算能力の向上は、大規模かつ精細なシミュレーションも可能にし、タンパク質の機能解明への応用も進んでいる。これはペプチドも例外ではない。特に創薬などへの応用の観点からは、AlphaFold などでは通常扱えない非標準アミノ酸や環状型のペプチドも重要である。本ワークショップでは、さまざまなペプチド設計研究を推進する気鋭の若手研究者が集い、現状と課題を整理しながら将来のペプチド設計の展開について議論する場を提供する。

The workshop gathers new researchers to exchange insights on peptide research's advances and its applications in drug discovery, assessing both the contributions of AI technologies like AlphaFold and identifying areas that require further exploration. The goal is to advance understanding and innovation in the field.

オーガナイザー：大上 雅史 (東京工業大学)、杉田 昌岳 (東京工業大学)
 Organizers: Masahito Ohue (Tokyo Tech.), Masatake Sugita (Tokyo Tech.)

- [16:00] **はじめに**
Opening Remarks

- WS3-1** [16:05] **拡張アンサンブル分子動力学シミュレーションに基づいた環状ペプチドの膜透過性予測技術の開発と応用**
Development and Application of a Protocol for Predicting Membrane Permeability of Cyclic Peptides Based on Molecular Dynamics Simulations
○杉田 昌岳^{1,2} (Masatake Sugita)、藤江 拓哉^{1,2} (Takuya Fujie)、能祖 雄大¹ (Yudai Noso)、柳澤 溪甫^{1,2} (Keisuke Yanagisawa)、大上 雅史^{1,2} (Masahito Ohue)、秋山 泰^{1,2} (Yutaka Akiyama)
¹ 東工大・情報理工 (Sch. Computing, Tokyo Tech.)、² 中分子IT創薬研究推進体 (MIDL)
- WS3-2** [16:28] **動的膜ペプチド会合体のデザインに向けて**
Towards designing dynamic membrane peptide assemblies
○新津 藍 (Ai Niitsu)
理研・BDR (RIKEN BDR)
- WS3-3** [16:51] **タンパク質間相互作用を標的とするペプチド阻害剤の合理的設計**
Rational design of peptide inhibitors targeting protein-protein interactions
○季高 駿士¹ (Shunji Suetaka)、佐藤 那音¹ (Nao Sato)、新井 宗仁^{1,2,3} (Munehito Arai)
¹ 東大・総合文化・生命環境 (Dept. Life Sci., The Univ. of Tokyo)、
² 東大・理・物理 (Dept. of Phys., The Univ. of Tokyo)、³ 東大・教養 (Col. Arts & Sci., The Univ. of Tokyo)
- WS3-4** [17:14] **ラボラトリーオートメーションの実現に向けた抗菌ペプチド設計におけるワークフロー開発**
Development of antimicrobial peptide design workflow for laboratory automation
○村上 優貴¹ (Yuki Murakami)、石田 祥一¹ (Shoichi Ishida)、出水 庸介^{1,2} (Yosuke Demizu)、寺山 慧¹ (Kei Terayama)
¹ 横浜市大・生命医 (Dept. of Med. Life Sci., Yokohama City Univ.)、² 国立衛研 (NIHS)
- WS3-5** [17:37] **シンプルかつ直感的な骨格構造モデリング戦略による新規タンパク質フォールドとオリゴマー構造の設計**
Design of new protein folds and oligomeric structures through simple and intuitive backbone modeling strategies
○小林 直也 (Naoya Kobayashi)
奈良先端大・先端科技・物質創成 (Div. Mat. Sci., Grad. Sch. of Sci. and Tech., NAIST)
- WS3-6** [18:00] **AlphaFold による標的結合型直鎖 / 環状ペプチドの計算設計**
Computational design of target-binding peptides with AlphaFold
○大上 雅史 (Masahito Ohue)
東工大・情報理工 (Sch Computing, Tokyo Tech.)
- [18:23] **おわりに**
Closing Remarks

蛋白質の真の姿を求めて - 構造・物性・機能をつなぐための課題と挑戦 -**Exploring the true nature of proteins****- Challenges of linking protein structure, physical properties, and functions -**

近年の蛋白質構造研究の進展は凄まじく、PDBに登録されている構造情報が20万件を超え、AIがアミノ酸配列から立体構造を高精度に予測し、アミロイドなどの蛋白質凝集体ですら構造決定が可能となった。しかし、蛋白質には動的な側面があり、蛋白質の物性や機能を静的な構造から解明することには限界がある。そこで本ワークショップでは、ポスト構造研究、特に構造・物性・機能をつなぐ挑戦的な研究成果を共有することで、蛋白質の真の姿を知るための課題を明確化する。

Recent advancements in protein structural study give over 200,000 structures in the Protein Data Bank and predict three-dimensional structures from amino acid sequences accurately. Despite these progresses, understanding proteins' dynamic aspects and functional properties remains challenging. The workshop focuses on sharing innovative post-structural studies to address these limitations and unveil the true nature of proteins.

オーガナイザー：児嶋 長次郎 (横浜国立大学)、竹内 恒 (東京大学)

Organizers: Chojiro Kojima (Yokohama National Univ.), Koh Takeuch (The Univ. of Tokyo)

[16:00] はじめに

Opening Remarks

○児嶋 長次郎 (Chojiro Kojima)

横浜国立大学 (Yokohama Nat'l Univ.)

WS4-1 [16:10] 構造ダイナミクスが拓く蛋白質工学研究の新展開

Structural dynamics opens the new era of protein engineering

○津本 浩平 (Kouhei Tsumoto)

東大院工、医科研 (Sch Eng and Inst Med Sci, Univ. of Tokyo)

WS4-2 [16:40] 蛋白質のスムーズな構造変化を実現するための整合性原理は平衡定数と速度定数の間の残基ベースの相関関係で実験的に定式化できる

Residue-based correlation between equilibrium and rate constants is an experimental formulation of the consistency principle

○神田 大輔¹ (Daisuke Kohda)、林 誠一郎¹ (Seiichiro Hayashi)、藤浪 大輔² (Daisuke Fujinami)

¹ 九大・生医研・構造生物 (Struct. Biol., Med. Inst. Bioreg., Kyushu Univ.)、

² 静岡県立大・食品栄養 (Int. Pharm. Nut. Sci, Univ. of Shizuoka)

WS4-3 [17:10] 生体機能の多重検出に資する Activatable 型ラマンプローブの開発

Molecular design of activatable Raman probes for multiplexed bioimaging

○神谷 真子 (Mako Kamiya)

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

WS4-4 [17:30] 分子動力学シミュレーションによるタンパク質の構造ダイナミクス研究

Protein conformational dynamics studied by molecular dynamics simulations

○池口 満徳 (Mitsunori Ikeguchi)

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

WS4-5 [17:50] クライオ電子顕微鏡が描くタンパク質のダイナミクス

Exploring Protein Dynamics Revealed by Cryo-Electron Microscopy

○加藤 貴之¹ (Takayuki Kato)、岸川 淳一² (Jun-ichi Kishikawa)、廣瀬 未果¹ (Mika Hirose)、

大出 真央¹ (Mao Oide)

¹ 阪大・蛋白質研 (IPR, Osaka Univ.)、² 工織大・応生 (app biol, KIT)

WS4-6 [18:10] **NMR を用いた動的構造解析に基づく多剤耐性システムの理解****Understanding multidrug resistance systems based on dynamic structural analysis using NMR**

○竹内 恒 (Koh Takeuchi)

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

WS5

E 会場 (108) / Room E (108)

6月11日(火) / June 11 (Tue.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

人工抗体の多彩な構造デザイン**Various structural designs of artificial antibodies**

抗体分子を対象とした蛋白質工学は、今や抗体工学とも呼ばれ、ヒト型化抗体の実現などは抗体医薬品の基盤技術ともなっている。この分野はさらに多様に発展し、天然の抗体構造を大きく改変した多彩な構造デザインにより、新たな機能を有する抗体医薬品の創出やバイオセンサーへの展開もみせている。本ワークショップでは百花繚乱ともいえる多様な人工改変抗体の「形」に着目し、最先端の研究者の講演から本分野の到達点と展望を俯瞰する。

Antibody engineering, one of the protein engineering techniques, has become a fundamental technology for antibody-based drug development. This field has further advanced in various ways, including creating antibody drugs with new functions and developing biosensors through various structural re-designs that greatly modify the natural antibody structures. In this workshop, we will focus on the various "shapes" of artificially designed antibodies and will overview the achievements and prospects of this field through talks by cutting-edge researchers.

オーガナイザー：中西 猛 (大阪公立大学)、真壁 幸樹 (山形大学)

Organizers: Takeshi Nakanishi (Osaka Metropolitan Univ.), Koki Makabe (Yamagata Univ.)

WS5-1 [16:00] **人工抗体の多彩な構造デザイン 概要説明**はじめに
(Opening Remarks)**Overview of the workshop**○真壁 幸樹^{1,2} (Koki Makabe)¹山形大・院・理工 (Yamagata Univ.), ²さきがけ (Presto)**WS5-2** [16:05] **シグナル伝達抗体 (Signalobody) の創出****Creation of Signalobody**

○河原 正浩 (Masahiro Kawahara)

医薬健康研 (NIBIOHN)

WS5-3 [16:30] **多彩な多重特異性抗体のデザインとプロドラッグ化****Design and prodrugation of various multispecific antibodies**

○浅野 竜太郎 (Ryutaro Asano)

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

WS5-4 [16:55] **クライオ電子顕微鏡で明らかにしたドメイン再配列がもたらす二重特異性抗体の高機能化の分子機構****Molecular basis for high functionalization of bispecific antibody by domain rearrangement revealed by cryo-EM**○佐藤 恭平¹ (Kyohei Sato)、次田 篤史¹ (Atsushi Tsugita)、松井 崇² (Takashi Matsui)、
横山 武司¹ (Takeshi Yokoyama)、熊谷 泉³ (Izumi Kumagai)、真壁 幸樹⁴ (Koki Makabe)、
浅野 竜太郎³ (Ryutaro Asano)、田中 良和¹ (Yoshikazu Tanaka)¹東北大・生命 (Grad Sch. of Life Sci., Tohoku Univ.), ²北里大・理 (Grad Sch. of Sci., Kitasato Univ.),³農工大・工 (Grad Sch. of Eng., Tokyo Univ. of Agri. and Tech.),⁴山形大・理工 (Grad Sch. of Sci. and Eng., Yamagata Univ.)

- WS5-5** [17:10] **安定で生産性の高い二重特異性抗体フォーマット開発とその医薬品への応用**
Stable and productive bispecific antibody format and its application to medicines
○中山 真 (Makoto Nakayama)、高木 さやか (Sayaka Takagi)、山崎 夏穂莉 (Kaori Yamazaki)、
斎藤 誠嗣 (Seiji Saitou)
協和キリン株式会社 (Kyowa Kirin Co., Ltd.)
- WS5-6** [17:35] **LassoGraft 法を用いたバイオ医薬への中枢移行性の“後付け”**
Granting BBB-penetrating ability to antibody drugs using LassoGraft technology
○高木 淳一 (Junichi Takagi)
阪大・蛋白研 (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)
- WS5-7** [18:00] **非対称型抗体の構造デザイン**
Structural designs of asymmetrical antibodies
○中西 猛 (Takeshi Nakanishi)
阪公大・院工・化学バイオ (Dept. of Chem. and Bioeng., Div. of Sci. and Eng. for Mater., Chem. and Biol., Grad. Sch. of Eng., Osaka Metro. Univ.)

クロススケール新生物学の最前線 Frontline of cross-scale biology

共催：学術変革領域研究 A「クロススケール新生物学」

学術変革領域(A)「クロススケール新生物学」では、タンパク質の原子・分子レベルの構造からオルガネラ・細胞レベルの時空間的動態までをクロススケールで観測する様々な計測技術を開発・応用することにより、細胞内で起こる様々な生命現象の解明を目指している。本ワークショップでは、クロススケール計測研究の最前線で切磋琢磨する8名の若手研究者に最新の研究成果を発表していただく。

In our research area, we aim to elucidate various biological phenomena occurring within cells by developing and applying various cross-scale measurement techniques to visualize the atomic and molecular-level structures of proteins to the spatiotemporal dynamics at the level of organelles and cells. In this workshop, eight young researchers, actively engaging at the frontline of cross-scale measurement research, will present their latest findings.

オーガナイザー：吉川 雅英 (東京大学)、西田 紀貴 (千葉大学)

Organizers: Masahide Kikkawa (The Univ. of Tokyo), Noritaka Nishida (Chiba Univ.)

WS6-1 [16:00] がん抑制因子 p53 との結合制御に関わる HDM2 の multi-state 構造平衡の解明

Deciphering the multi-state conformational equilibrium of HDM2 in the regulation of p53 binding

○渡邊 一樹¹(Kazuki Watanabe)、趙慶慈¹(Qingci Zhao)、岩月 亮介¹(Ryosuke Iwatsuki)、
福井 涼太¹(Ryota Fukui)、Weitong Ren²、杉田 有治^{2,3,4}(Yuji Sugita)、西田 紀貴¹(Noritaka Nishida)

¹千葉大・院薬(Grad. Sch. Pharm. Sci., Chiba Univ.)、²理研 CPR (Riken CPR)、³理研 R-CCS (Riken R-CCS)、
⁴理研 BDR (Riken BDR)

WS6-2 [16:18] Prevention of particle adsorption at the air/water interface using DNA support structures for cryo-EM

○佐々木 諒平¹(Ryohei Sasaki)、吉川 雅英¹(Masahide Kikkawa)、遠藤 政幸^{2,3}(Masayuki Endo)

¹東京大学・医学部・生体構造学(Department of Cell Biology and Anatomy, Graduate School of Medicine, The University of Tokyo)、

²関西大学・先端科学技術推進機構(Organization for Research and Development of Innovative Science and Technology, Kansai University)、

³京都大学・高等研究院物質-細胞統合システム拠点(Institute for Integrated Cell-Material Sciences, Kyoto University)

WS6-3 [16:36] 高速 AFM による SARS-CoV-2 ORF6 タンパク質の分子特性解析

Characterization of full-length SARS-CoV-2 Open Reading Frame 6 (ORF6) protein's molecular properties through HS-AFM analysis

○西出 梧朗¹(Goro Nishide)、リン キイシヤン²(Keesiang Lim)、田村 真生³(Maiki Tamura)、
小林 亜紀子⁴(Akiko Kobayashi)、趙慶慈³(Qingci Zhao)、羽澤 勝治^{2,4}(Masaharu Hazawa)、
安藤 敏夫²(Toshio Ando)、西田 紀貴³(Noritaka Nishida)、ウォング リチャード^{2,4}(Richard W. Wong)

¹金大・新学術・ナノ(Div. of Nano in the Grad. Sch. of Frontier Sci., Kanazawa Univ.)、

²金大・NanoLSI (NanoLSI, Kanazawa Univ.)、

³千葉大・薬学・薬品物理化学(Grad. Sch. of Pharma. Sci., Pharma. Physi. Chem. Lab., Chiba Univ.)、

⁴金大・新学術・セルバイオ(Cell-Bionomics, INFINITI, Kanazawa Univ.)

WS6-4 [16:54] アルツハイマー病型タウ線維のシーディング活性

Seeding activity of Alzheimer's disease-fold Tau filaments

○玉井 真悟^{1,2}(Shingo Tamai)、野村 高志¹(Takashi Nomura)、藤岡 亮³(Ryo Fujioka)、John Burke¹、
山形 敦史⁴(Atsushi Yamagata)、白水 美香子⁴(Mikako Shirouzu)、笹栗 弘貴³(Hiroki Sasaguri)、
田中 元雅^{1,2}(Motomasa Tanaka)

¹理研 CBS タンパク質構造疾患研究チーム(Lab. for Protein Conformation Diseases, RIKEN CBS)、

²東京医科歯科大・院医歯学総合(Grad. Sch. of Med. & Dent. Sci., TMDU)、

³理研 CBS 認知症病態連携研究ユニット(Dementia Pathophysiology Collaboration Unit, RIKEN CBS)、

⁴理研 BDR タンパク質機能・構造研究チーム(Lab. for Protein Functional and Structural Biology, RIKEN BDR)

- WS6-5** [17:12] **小胞体膜タンパク質 PDZD8 の天然変性領域による液滴形成が小胞体ーミトコンドリア接触場形成を担う**
Liquid-liquid phase separation through the IDR of an ER-resident protein PDZD8 induces ER-mitochondria contact sites
 ○長尾 崇弘¹ (Takahiro Nagao)、Christian Hoffmann²、Johannes Tromm²、
 Dragomir Milovanovic²、平林 祐介¹ (Yusuke Hirabayashi)
¹東大院・工・化学生命工学 (Dep. of Chem. and Bio., Eng., The Univ. of Tokyo)、
²Laboratory of Molecular Neuroscience, German Center for Neurodegenerative Diseases (DZNE)
- WS6-6** [17:30] **小胞体ーゴルジ体のカルシウム恒常性維持の新たな知見**
Mechanisms of calcium homeostasis in the endoplasmic reticulum and Golgi apparatus
 ○藤井 唱平 (Shohei Fujii)、稲葉 謙次 (Kenji Inaba)
 九大・生医研 (MIB, Kyushu Univ.)
- WS6-7** [17:48] **KIF1A の自己阻害における FHA ドメインの重要性**
The FHA domain is essential for the autoinhibition of KIF1A
 ○千葉 杏子 (Kyoko Chiba)、丹羽 伸介 (Shinsuke Niwa)
 東北大学学際科学フロンティア研究所 (FRIS, Tohoku University)
- WS6-8** [18:06] **逆行性キネシン 14 の移動機構の解明**
Molecular mechanisms in force generation of minus-end directed kinesin 14
 ○今崎 剛¹ (Tsuyoshi Imasaki)、柴田 哲希¹ (Satoki Shibata)、エンドー シャリーン² (Sharyn Endow)、
 仁田 亮¹ (Ryo Nitta)
¹神大・医・解剖 (Struct. Anatomy, Med., Kobe Univ.)、²デューク大学 (Duke Univ.)
- [18:24] **総合討論**
Discussion

WS7 B会場 (中ホール 1/2) / Room B (Mid-sized Hall 1/2)
 6月12日 (水) / June 12 (Wed.) 16:00 ~ 18:30

English Session

PS/APPA 連携ワークショップ

Workshop in Collaboration with PS and APPA

本ワークショップは、日本蛋白質科学会によって、Protein Society と Asian Pacific Association との連携を促進するために開催されます。Protein Society の President、APPA の議長、韓国の日本蛋白質科学会の現職および前職の会長が招待されています。

This symposium is organized by the headquarters of Protein Science Society of Japan to facilitate collaboration with Protein Society and Asian Pacific Association. The President of PS, the chair and member of APPA, the present and former presidents of Protein Society in Korea are invited.

オーガナイザー：中川 敦史 (大阪大学)、前仲 勝実 (北海道大学)
 Organizers : Atsushi Nakagawa (Osaka Univ.), Katsumi Maenaka (Hokkaido Univ.)

- [16:00] **はじめに**
Opening Remarks
 ○前仲 勝実 (Katsumi Maenaka)
 北海道大学 (Hokkaido Univ.)

- WS7-1** [16:05] **Molecular determinants of inclusion body structure and stability**
○ Elizabeth Meiering, Bruna Siebeneichler, Dalia Naser, Anna Schaefer, Xiaoyue Liu, Michael V. Tarasca
Department of Chemistry, University of Waterloo
- WS7-2** [16:40] **Introduction of APPA and Research on Protein Misfolding in Neurodegenerative Diseases**
○ Yun-Ru (Ruby) Chen
Genomics Research Center, Academia Sinica
- WS7-3** [17:15] **Deep insights into drug development using SBDDs**
Sulhee Kim, Seonha Park, Byeongmin Shin, Kyuhyeon Bang, ○ Kwang Yeon Hwang
Department of Biotechnology, Korea University
- WS7-4** [17:50] **Protein translation and regulation in response to stress**
○ Yong-Gui Gao^{1,2}
¹School of Biological Sciences, Nanyang Technological University, ²NISB, NTU
- [18:15] **総合討論**
Discussion
○ 中川 敦史 (Atsushi Nakagawa)
大阪大学 (Osaka Univ.)

WS8

C会場 (中ホール 1/2) / Room C (Mid-sized Hall 1/2)
6月12日 (水) / June 12 (Wed.) 16:00 ~ 18:30

English Session

動的溶液環境によるタンパク質の自己凝縮メカニズムの探究：新たな視点と未来への展望
Exploring Protein Self-Condensation Mechanisms in Dynamic Solution Environments: New Perspectives and Future Vision

共催：学術変革領域研究 B 「動的溶液環境」

天然変性タンパク質は、液-液相分離やアミロイド線維化といった自己凝縮を介して様々な細胞機能を制御している。この一連の自己凝縮過程は、物理的および化学的な溶液環境に応答して、タンパク質分子のコンフォメーションや分子内・分子間相互作用が変化することで生じる巨視的な現象である。本ワークショップでは、溶液環境変化による天然変性タンパク質の自己凝縮における最新の研究成果と、今後の展開について議論する。

Intrinsically disordered proteins (IDPs) regulate various cellular functions via self-condensation, such as liquid-liquid phase separation and amyloid fibrillization in response to the physical and chemical solution environments. In this workshop, we will discuss the latest research in the IDP self-condensation regulated by dynamic solution environments.

オーガナイザー：関山 直孝 (京都大学)、菅瀬 謙治 (京都大学)
Organizers: Naotaka Sekiyama (Kyoto Univ.), Kenji Sugase (Kyoto Univ.)

- WS8-1** [16:00] **天然変性タンパク質における疾患関連アミノ酸変異の構造学的差異の探索**
Exploring structural details of disease-associated missense mutations in intrinsically disordered proteins
○ 関山 直孝 (Naotaka Sekiyama)
京大・理・生物物理 (Dept. of Biophysics, Grad Sch. of Science, Kyoto Univ.)

- WS8-2** [16:25] **Elucidation of Dynamic Interactions of Histone H3 N-terminal Tail with DNA in a chromosome**
 ○古川 亜矢子^{1,2} (Ayako Furukawa)、若森 昌聡³ (Masatoshi Wakamori)、有村 泰宏⁴ (Yasuhiro Arimura)、大友 秀明² (Hideaki Ohtomo)、津中 康央² (Yasuo Tsunaka)、胡桃坂 仁志⁴ (Hitoshi Kurumizaka)、梅原 崇史³ (Takashi Umehara)、西村 善文² (Yoshifumi Nishimura)
¹京大院・農・応用生命 (Div. Appl. Life Sci., Grad. Sch. Agric., Kyoto Univ.)、
²横浜市大・生命医 (Grad. Sch. Med. Life Sci. Yokohama City Univ.)、³理研・BDR (BDR, RIKEN)、
⁴東大・定量研 (IQB, Univ. of Tokyo)
- WS8-3** [16:50] **生きた細胞内の蛋白質自己凝縮過程を擾乱・観察する手法の開発**
Monitoring and disturbing protein self-condensation inside living cells
 ○中村 秀樹^{1,2,3} (Hideki Nakamura)
¹京大・白眉センター (Hakubi Center, Kyoto Univ.)、
²京大・工・合成生物化学 (Dept. Synth. Biol. Chem., Sch. of Eng., Kyoto Univ.)、
³JST さきがけ 「細胞の動的・高次構造体」(JST PRESTO, Biomolecular Supra-Assembly)
- WS8-4** [17:15] **RISM/3D-RISM 理論による生体分子の溶媒和に関する理論研究**
Theoretical study on the solvation biomolecules by the RISM/3D-RISM theory
 ○吉田 紀生¹ (Norio Yoshida)、山口 毅² (Tsuyoshi Yamaguchi)
¹名大・情報 (Grad. Sch. of Info., Nagoya Univ.)、²名大・工 (Grad. Sch. of Eng., Nagoya Univ.)
- WS8-5** [17:40] **Understanding amyloid protein aggregation from the perspective of the monomer conformational ensemble**
 ○John E. Straub¹、Debayan Chakraborty²、D. Thirumalai³
¹Boston University、²The Institute of Mathematical Sciences、
³University of Texas at Austin
- WS8-6** [18:05] **Rheo-NMR による α -シヌクレインのアミロイド線維化の部位特異的な速度論解析**
Site-specific kinetic analysis of amyloid fibrillation of α -synuclein by Rheo-NMR
 ○菅瀬 謙治¹ (Kenji Sugase)、佐藤 恵^{1,2} (Kei Sato)、吉岡 康太² (Kota Yoshioka)、森本 大智² (Daichi Morimoto)、古川 亜矢子¹ (Ayako Furukawa)
¹京大・農・応生 (Dev. Appl. Life Sci., Grad. Sch. Agric., Kyoto Univ.)、
²京大・工・分子 (Dep. Mol. Eng., Grad. Sch. Eng., Kyoto Univ.)

蛋白質の付加価値を最大化する次世代型抗体医薬品の開発・品質評価における分析技術の最新動向**Current trends in analytical technologies for development and quality control of next-generation therapeutic antibodies that maximize the value of proteins**

近年、高機能化された次世代型抗体医薬品の開発が進み、アンメットメディカルニーズの充足に大きく貢献している。本ワークショップでは、AMED 次世代治療・診断実現のための創薬基盤技術開発事業における「次世代抗体医薬品の実用化に向けた品質評価及び管理手法に関する技術的研究」の成果を中心に、次世代型抗体医薬品の開発と品質確保において重要となる蛋白質の分析技術に焦点をあてた最新動向を紹介し、本邦での創薬推進における蛋白質科学の貢献について議論したい。

Development of engineered next-generation therapeutic antibodies has expanded. This workshop focuses on the progress of AMED project on “Research on quality evaluation that promotes the development of next-generation therapeutic antibodies”. The latest topics in analytical technologies are introduced, and contribution of protein science in future drug development will be discussed.

オーガナイザー：石井 明子（国立医薬品食品衛生研究所）、津本 浩平（東京大学）

Organizers : Akiko Ishii-Watabe (National Inst. of Health Sci.), Kouhei Tsumoto (The Univ. of Tokyo)

WS9-1 [16:00] **次世代抗体医薬品の実用化に向けた品質評価及び管理手法に関する技術的研究について**
Studies on quality evaluation and control methodologies for the development of next-generation therapeutic antibodies

○石井 明子 (Akiko Ishii-Watabe)

国立衛研 (NIHS)

WS9-2 [16:05] **Multi-attribute method による抗体医薬品の構造特性評価**
Evaluation of structural properties of therapeutic antibodies by multi-attribute method

○橋井 則貴 (Noritaka Hashii)、小幡 千紘 (Chihiro Obata)、石井 明子 (Akiko Ishii-Watabe)

国立衛研 (NIHS)

WS9-3 [16:33] **高濃度抗体溶液のコンフォメーションな物性評価を目指したラマン分光測定**
Raman spectroscopic analysis for conformational characterization of high-concentration antibody solutions

○長門石 暁¹ (Satoru Nagatoishi)、佐藤 優穂² (Sato Yusui)、木下 崇司² (Takashi Kinoshita)、野口 慎太郎² (Shintaro Noguchi)、津本 浩平³ (Kouhei Tsumoto)

¹ 東大院・工・医工学 RS センター (MDRCC, Sch. of Engineer., The Univ. of Tokyo)、² 堀場製作所 (HORIBA, Ltd.)、

³ 東大院・工・バイオエンジニアリング (Dep. of Bioengineer., Sch. of Engineer., The Univ. of Tokyo)

WS9-4 [17:01] **抗体医薬品の高次構造評価に向けた非標識 NMR 法の開発と応用**
Development and application of NMR method for higher-order structure evaluation of therapeutic antibodies without stable-isotope labeling

○加藤 晃一 (Koichi Kato)、谷中 冴子 (Saeko Yanaka)
 自然科学研究機構・生命創成探究セ (ExCELLS)

WS9-5 [17:29] **クライオ電子顕微鏡を用いた抗体医薬品の立体構造解析**
Structural analysis of therapeutic antibodies using CRYO EM

○木吉 真人¹ (Masato Kiyoshi)、チホン ソン² (Song Chihong)、谷中 冴子² (Saeko Yanaka)、
 加藤 晃一² (Koichi Kato)、村田 和義² (Kazuyoshi Murata)、石井 明子¹ (Akiko Ishii-Watabe)
¹ 国立医薬品食品衛生研究所・生物薬品部 (Division of biological chemistry and biologicals, National Institute of Health Sciences),
² 自然科学研究機構 生命創成探究センター (ExCELLS)

WS9-6 [17:57] **次世代型バイオ医薬品の凝集抑制に向けた処方開発手法の構築**
Formulation development for the reduced aggregates in the next generation therapeutic antibodies

○内山 進 (Susumu Uchiyama)
 大阪大学・工・生物工学 (Dept. Biotech, Grad. Sch. Eng., Osaka Univ.)

[18:25] **おわりに**
Closing Remarks

○津本 浩平 (Kouhei Tsumoto)
 東京大学 (The Univ. of Tokyo)

WS10 E 会場 (108) / Room E (108)
 6月12日 (水) / June 12 (Wed.) 16:00 ~ 18:30

Japanese Session

タンパク質研究のためのマルチオミックス情報活用
Multi-omics data analyses for promoting protein science

蛋白質研究の分野では、オミックスデータの利用可能性が急速に拡大している。しかし、異なる分野での文化やデータの取扱の違いもあり、その潜在能力はまだ十分に活用されていないのが現状である。本セッションでは、ゲノムデータをはじめとする豊富なリソースを効果的に活用し、蛋白質研究を加速するためのマルチオミックス解析への道を切り拓くための異分野間の融合と協力を推進することを目指す。

In the field of protein research, the availability of omics data is rapidly expanding. However, due to differences in culture and data handling across various disciplines, its full potential has not yet been fully realized. This session aims to promote cross-disciplinary fusion and collaboration to effectively utilize a wealth of resources, including genomic data, and pave the way for multi-omics analysis to accelerate protein research.

オーガナイザー：木下 賢吾 (東北大学)、由良 敬 (お茶の水女子大学)
 Organizers: Kengo Kinoshita (Tohoku Univ.), Kei Yura (Ochnomizu Univ.)

WS10-1 [16:00] **バイオバンクジャパンの整備するプロテオームデータ**
Proteomics data of BioBank Japan

○鎌谷 洋一郎 (Yoichiro Kamatani)
 東京大学 (The Univ. of Tokyo)

WS10-2 [16:30] **ゲノムと構造：ゲノムバリエント情報の蛋白質立体構造での解釈**
Genome and structure: Interpretation of genome variants with protein three-dimensional structure

○城田 松之 (Matsuyuki Shirota)
 東北大・医・AI フロ (AI Innovative Med. Med., Tohoku Univ.)

- WS10-3** [16:55] **AMED データ利活用プラットフォームでできること**
Introduction of AMED data utilization platform and its key features
 ○山野邊 進 (Susumu Yamanobe)
 AMED
- WS10-4** [17:15] **第二世代空間解析技術の急速な展開**
Rapid Advances of Spatial Analysis Platforms
 ○鈴木 穰 (Yutaka Suzuki)
 東京大学大学院新領域創成科学研究科 (Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo)
- WS10-5** [17:40] **メタボローム解析が切り開くゲノム科学と蛋白質科学の新たな展開**
Metabolomics advances protein science in the age of genomics
 ○小柴 生造^{1,2} (Seizo Koshiba)
¹ 東北大・メガバンク (ToMMo, Tohoku Univ.), ² 東北大・未来型医療創成センター (INGEM, Tohoku Univ.)
- WS10-6** [18:05] **微小組織・組織切片の空間的マルチオミックス解析**
Spatial multi-omics analysis of microtissues and tissue sections
 ○松永 浩子^{1,2} (Hiroko Matsunaga)、細川 正人^{1,2,3,4} (Masahito Hosokawa)、和泉 白泰⁵ (Yoshihiro Izumi)、
 秦 康祐⁵ (Kosuke Hata)、馬場 健史⁵ (Takeshi Bamba)、竹山 春子^{1,2,3,4} (Haruko Takeyama)
¹ 早大・ナノライフ創新研 (Res. Org. Nano Life Innov., Waseda Univ.),
² 産総研 CBBDOIL (CBBDOIL, AIST-Waseda Univ.),
³ 早大・院・先進理工 (Grad. Sch. Adv. Sci. Eng., Waseda Univ.),
⁴ 早大・先進生命動態研 (Inst. Adv. Res. Biosyst. Dynam., Waseda Res. Inst. Sci. Eng., Waseda Univ.),
⁵ 九大・生医研 (Med. Inst. Bioreg. Kyushu Univ.)

日本蛋白質科学会—日本生物工学会バイオ計測サイエンス研究部会—日本プロテオーム学会、共同ワークショップ

PSSJ-Devison for bio-analysis of SBJ-JPrOS joint workshop

近年の計測技術の発展に伴いマルチオミクス研究が盛んに行われている。そこで、本ワークショップでは、生体内での機能を中心的に担っている蛋白質を機軸に、mRNA から発現する蛋白質の網羅的研究 (プロテオミクス)、蛋白質機能により構造変換される代謝物の網羅的研究 (メタボロミクス)、そして、複数種類の蛋白質が織りなす構造と機能に関する解析、について、関連する3つの学会の研究者が近年の状況と最新研究成果を紹介し、さらに、今後の展望について議論する。蛋白質科学の今後の一層の拡がりへとつながる機会としたい。

Multomics research has been actively conducted. In this workshop, researchers from three related societies will present the recent situation and the latest research results on proteomics, metabolomics, and the analysis of structures and functions of multiple types of proteins, focusing on proteins that play a central role in biological functions. We hope that this meeting will provide an opportunity to further expand the scope of protein science.

オーガナイザー：内山 進 (大阪大学)、馬場 健史 (九州大学)、石濱 泰 (京都大学)

Organizers : Susumu Uchiyama (Osaka Univ.), Takeshi Bamba (Kyushu Univ.), Yasushi Ishihama (Kyoto Univ.)

[8:30] **はじめに**

Opening Remarks

- 内山 進 (Susumu Uchiyama)
大阪大学 (Osaka Univ.)

WS11-1 [8:40] **高速、高感度、高深度プロテオーム解析のための瞬速プロテオミクスプラットフォーム**
Machine-gun proteomics platform for high-speed, high-sensitivity and in-depth proteome analysis

- 石濱 泰 (Yasushi Ishihama)
京大・薬・創発 (Grd Schl of Pharm. Sci., Kyoto Univ.)

WS11-2 [9:07] **油中液滴法を用いた1細胞プロテオミクスとその応用**
Water droplet-in-oil method-aided single-cell proteomics and its applications

- 増田 豪 (Takeshi Masuda)
慶應大・IAB (IAB, Keio Univ.)

WS11-3 [9:34] **出芽酵母解糖系制御の多階層オミクス解析**
Transomics analysis of the central carbon metabolism of *Saccharomyces cerevisiae*

- 松田 史生 (Fumio Matsuda)
阪大院・情報 (IST, Osaka Univ.)

WS11-4 [10:01] **東北メディカル・メガバンク計画によるマルチオミクスの解析で挑むヒューマンバイオロジー**
Challenging Human Biology through Multi-Omics Analysis in the Tohoku Medical Megabank Project

- 木下 賢吾^{1,2} (Kengo Kinoshita)
¹ 東北大・情報 (Grad. Sch. Info, Tohoku Univ.), ² 東北大学・東北メディカル・メガバンク機構 (ToMMo, Tohoku Univ.)

WS11-5 [10:28] **リボソーム生合成の試験管内再構成**
Reconstitution of ribosome biogenesis in vitro

- 青木 航 (Wataru Aoki)
阪大・工・生物工学 (Dept. Biotech., Grad. Sch. Eng., Osaka Univ.)

[10:55] **おわりに**

Concluding Remarks

○馬場 健史 (Takeshi Bamba)

九州大学 (Kyushu Univ.)

WS12 C会場 (中ホール 1/2) / Room C (Mid-sized Hall 1/2)
6月13日 (木) / June 13 (Thu.) 8:30 ~ 11:00

Japanese Session

Day 3 (June 13)
Workshop

相分離遅延を可視化する先端技術

Unveiling the kinetic-driven LLPS mechanism by the cutting-edge technologies

近年一過的に形成される非膜オルガネラの研究が加速し、反応場としての液-液相分離 (LLPS) の機能やメカニズムに注目が集まっている。しかし、その liquid-like な物性ゆえ従来の手法だけでは測定し難く、技術開発や最新技術の適用が求められる。特に液滴内部や標的分子取込の情報や液滴表面情報、タイムラプスによる液滴の形成・崩壊・異常などはその最たる例だろう。そこで本ワークショップでは、最新の技術例を紹介し、生物学的相分離の多元的理解について議論する。

Despite the accumulating knowledge of LLPS controls in the biological events such as stress granule, structural information within the droplet remains obscure. This workshop will feature the latest studies from scientists who use the cutting-edge technologies from the aspects of molecules, proteins, organelles, and cellular dynamics.

オーガナイザー：齋尾 智英 (徳島大学)、奥村 正樹 (東北大学)

Organizers: Tomohide Saio (Tokushima Univ.), Masaki Okumura (Tohoku Univ.)

[8:30] **はじめに**

Opening Remarks

○齋尾 智英 (Tomohide Saio)

徳島大学 (Tokushima Univ.)

WS12-1 [8:35] **相分離における分子の状態変化を捉える**

Visualizing the molecular dynamics within droplets

○森 英一朗 (Eiichiro Mori)

奈良医大・未来基礎医学 (Dept. Future Basic Med., Nara Med. Univ.)

WS12-2 [8:52] **Transition of protein aggregates in the solid phase: from oligomers to amyloid fibrils**

○Young-Ho Lee^{1,2,3,4,5}

¹Biopharmaceutical Research Center, Korea Basic Science Institute (KBSI),

²Bio-Analytical Science, University of Science and Technology (UST),

³Graduate School of Analytical Science and Technology (GRAST), Chungnam National University (CNU),

⁴Department of Systems Biotechnology, Chung-Ang University (CAU),

⁵Frontier Research Institute for Interdisciplinary Sciences (FRIS), Tohoku University

WS12-3 [9:10] **細胞内相分離を可視化する・操作する先端技術**

Probing and manipulating biomolecular condensates

○下林 俊典 (Shunsuke Shimobayashi)

京大・iPS研 (CiRA, Kyoto Univ.)

WS12-4 [9:28] **小分子を介した細胞質ストレス顆粒コンデンセーションの制御**

Small molecule-mediated control of stress granule condensation

○上地 浩之^{1,2} (Hiroyuki Uechi)

¹MPI-CBG (MPI-CBG), ²東北大・学際研 (FRIS, Tohoku Univ.)

- WS12-5** [9:46] **液滴内部の可視化による機能理解**
Understanding the LLPS function by visualizing inside droplets
 ○奥村 正樹 (Masaki Okumura)
 東北大・学際研 (FRIS, Tohoku Univ.)
- WS12-6** [10:01] **ラマンイメージングを用いた液滴内に多量に存在する核酸の発見と液滴消滅および凝集化における核酸の役割**
Discovery of large amounts of nucleic acids in droplets using Raman imaging and their roles in droplet dissipation and aggregation
 ○中林 孝和 (Takakazu Nakabayashi)
 東北大院・薬 (Grad. Sch. Pharm. Sci., Tohoku Univ.)
- WS12-7** [10:19] **クマムシ由来 CAHS1 タンパク質の脱水に伴う繊維状コンデンセートの形成**
Self-assembles of tardigrade CAHS1 protein into fibrous condensates under desiccation condition
 ○矢木 真穂^{1,2} (Maho Yagi-Utsumi)
¹ 名古屋市大・院薬 (Grad. Sch. of Pharm. Sci., Nagoya City Univ.), ² 自然科学研究機構・生命創成探究セ (ExCELLS, NINS)
- WS12-8** [10:37] **機能的相分離材料の人工構築**
Development of Functional LLPS Materials
 ○村岡 貴博^{1,2} (Takahiro Muraoka)
¹ 東京農工大・工・応化 (Dept. Appl. Chem., Grad. Sch. of Eng., TUAT), ² 神奈川県立産技総研 (KISTEC)
- [10:55] **総合討論**
Discussion
 ○奥村 正樹 (Masaki Okumura)
 東北大学 (Tohoku Univ.)

WS13 D会場 (107) / Room D (107)
 6月13日 (木) / June 13 (Thu.) 8:30 ~ 11:00

Japanese Session

異分野融合が切り拓くタンパク質工学フロンティア Frontier of interdisciplinary protein engineering

共催：学術変革領域研究 B「高次機能タンパク質集合体の設計法『SPEED』の確立」

遺伝子工学の発展によってタンパク質の配列を改変し、有益なマテリアルを創出するタンパク質工学が隆盛した。近年のタンパク質工学はケミカルバイオロジー・無機化学・構造生物学・計算機科学など様々な研究分野と融合することで、自然界の分子を超えるような機能性分子が次々に創出されている。本ワークショップではタンパク質を改変・操作・創出する最先端の研究について報告し、タンパク質工学の展望について議論する。

Recent protein engineering research has been collaborated with various research fields such as chemical biology, inorganic chemistry, structural biology, and computer science to create functional molecules that potentially surpass natural ones. In this workshop, we will introduce the cutting-edge interdisciplinary research and discuss the future direction in protein engineering.

オーガナイザー：寺坂 尚紘 (東京工業大学)、鈴木 雄太 (JST さきがけ)
 Organizers: Naohiro Terasaka (Tokyo Tech.), Yuta Suzuki (JST PRESTO)

- [8:30] **はじめに**
Opening Remarks
 ○寺坂 尚紘 (Naohiro Terasaka)
 東京工業大学 (Tokyo Tech.)

- WS13-1** [8:35] 油中水滴型ドロップレットに封入した無細胞翻訳系を用いたタンパク質進化システム
Protein evolution by cell-free translation system in water-in-oil droplet
 ○寺坂 尚紘 (Naohiro Terasaka)
 東工大・地球生命研 (ELSI, Tokyo Tech.)
- WS13-2** [8:55] タンパク質工学による高性能代謝バイオセンサーの開発
High-performance biosensors for cell metabolism using protein engineering
 ○那須 雄介^{1,2} (Yusuke Nasu)、上條 由貴¹ (Yuki Kamijo)、キャンベル ロバート¹ (Robert Campbell)
¹ 東大・理・化学 (Dept. of Chem., Sch. of Sci., The Univ. of Tokyo)、² 科学技術振興機構 (JST)
- WS13-3** [9:19] 酵素立体構造を基盤とした二次代謝産物生合成酵素の酵素工学
Structure-based engineering of secondary metabolite enzymes
 ○森 貴裕 (Takahiro Mori)
 東大院薬 (Grad. Sch. Pharm. Sci. The Univ. of Tokyo)
- WS13-4** [9:43] ペプチドで紡ぐ非対称な de novo タンパク質複合体
De novo design of asymmetric protein complex scaffolded by a peptide chain
 ○本田 信吾^{1,2} (Shingo Honda)、Kejia Wu^{1,2}、Justas Dauparas^{1,2}、Basile I. M. Wicky^{1,2}、
 Yang Hsia^{1,2}、Ryan D. Kibler^{1,2}、Davi Nakajima An^{1,2}、David Juergens^{1,2}、
 Florian Praetorius^{1,2}、David Baker^{1,2}
¹ ワシントン大・Department of Biochemistry (Department of Biochemistry, University of Washington)、
² ワシントン大・Institute for Protein Design (Institute for Protein Design, University of Washington)
- WS13-5** [10:07] 分子糊を介した核酸／タンパク質複合体の形成とその生医学応用
Molecular glues for nucleic acid/protein complex and its biomedical application
 ○木幡 愛 (Ai Kohata)
 東京工業大学 (Tokyo Institute of Technology)
- WS13-6** [10:31] 化学的改変によるヘムタンパク質を基盤とした人工金属酵素の開発
Hemoprotein-based artificial metalloenzymes by chemical synthetic approach
 ○大洞 光司 (Koji Oohora)
 阪大院工 (Grad. Sch. of Eng., Osaka Univ.)
- [10:55] **総合討論**
Discussion
 ○鈴木 雄太 (Yuta Suzuki)
 JST さきがけ (JST PRESTO)

バイオインフォマティクスと農芸化学の会うところ
(AMED-BINDS 共催 日本蛋白質科学会 - 日本農芸化学会 連携ワークショップ)

Where Bioinformatics and Agrochemistry Meet
(Joint Workshop of PSSJ and JSBBA supported by AMED-BINDS)

共催：AMED-BINDS

タンパク質の構造やダイナミクスの研究は医学・創薬に寄与するだけでなく地球環境を形成する植物や微生物が生存するための鍵となる相互作用も解き明かす。本WSでは日本農芸化学会と連携して、タンパク質研究の支援事業を行っているAMED-BINDSの共催のもと、バイオインフォマティクスと構造生物学の融合的研究について若手の演者を中心に発表していただく。

The study of protein structure and dynamics not only contributes to medicine and drug discovery, but also reveals key interactions that enable the survival of plants and microorganisms that form the global environment. In this WS, mainly young speakers will present their research integrating bioinformatics and structural biology under the support of AMED-BINDS, which conducts protein research support projects in collaboration with the Japanese Society for Bioscience, Biotechnology and Agrochemistry.

オーガナイザー：伏信 進矢 (東京大学)、関嶋 政和 (東京工業大学)
Organizers: Shinya Fushinobu (The Univ. of Tokyo), Masakazu Sekijima (Tokyo Tech.)

[8:30] はじめに

Opening Remarks

- 井上 豪 (Tsuyoshi Inoue)
大阪大学 (Osaka Univ.)

WS14-1 [8:35] 機械学習を用いた標的蛋白質のヒット化合物探索—探索、生成、最適化—

Machine Learning for Hit Compounds of Target Proteins - Discovery, Generation, and Optimization

- 関嶋 政和 (Masakazu Sekijima)
東京工業大学 (Tokyo Institute of Technology)

WS14-2 [9:00] クライオ電子顕微鏡と分子動力学計算の組み合わせによるトランスポーターの輸送機構の解明と農芸化学への応用

Combining cryo-EM and MD simulations to elucidate the transport mechanism of transporters and its application to agrochemistry

- 山形 敦史 (Atsushi Yamagata)
理研・BDR (BDR, RIKEN)

WS14-3 [9:25] Inverse MSMD シミュレーションによるタンパク質—化合物部分構造相互作用定量的評価手法の開発

Quantitative Estimation of Protein-Compound Substructure Interaction with Inverse Mixed-Solvent Molecular Dynamics Simulation

- 柳澤 溪甫^{1,2} (Keisuke Yanagisawa)、吉野 龍ノ介^{3,4} (Ryunosuke Yoshino)、工藤 玄己⁵ (Genki Kudo)、
広川 貴次^{3,4} (Takatsugu Hirokawa)

¹ 東工大・情報理工・情工 (Dept. CS, Sch. Comput., Tokyo Tech.)、² 東工大・中分子IT創薬 (MIDL, Tokyo Tech.)、

³ 筑波大・医学医療 (Faculty Med., Univ. Tsukuba)、⁴ 筑波大・トランスボーダー (TMRC, Univ. Tsukuba)、

⁵ 筑波大・理情生・数物 (Pure and Appl. Sci., Grad. Sci. Tech., Univ. Tsukuba)

- WS14-4** [9:50] **アブラナ科植物の自家不和合性を制御するリガンド・受容体の相互作用と進化**
Ligand-receptor interaction and evolution of Brassicaceae self-incompatibility
 ○村瀬 浩司 (Kohji Murase)
 東大・農・応化 (Dept. of App. Biol. Chem., The Univ. of Tokyo)
- WS14-5** [10:15] **深海メタゲノム情報とドメイン検索を利用した新規糖質分解酵素群の探索及び構造機能解析**
Discovery of novel glycosidases using deep-sea metagenomic analysis and domain search
 ○澄田 智美 (Tomomi Sumida)
 海洋研究開発機構 (JAMSTEC)
- [10:40] **総合討論**
Discussion
- [10:55] **おわりに**
Closing Remarks
 ○伏信 進矢 (Shinya Fushinobu)
 東京大学 (The Univ. of Tokyo)

WS15 B会場 (中ホール 1/2) / Room B (Mid-sized Hall 1/2)
 6月13日 (木) / June 13 (Thu.) 15:40 ~ 18:10

Japanese Session

蛋白質科学とAIのクロスオーバー

Crossover between Protein Science and AI

AlphaFold2 や RFDiffusion といった先進的な AI が次々と発表、公開され、それら AI の出力である予測構造モデルや生成構造モデルなどを利用した解析や手法がより身近となり、構造生物学や蛋白質科学のあり方の一部も変容させるほど影響を及ぼしつつある。そこで本ワークショップでは、こうした潮流に挑む国内外の研究者による模索と探求の例を紹介するとともに、蛋白質科学における AI の有効性や適用限界、そして今後解決される課題などについて議論する。

With the advent of advanced AIs like AlphaFold2 and RFDiffusion, structural biology and protein science are undergoing significant changes. This workshop introduces researchers' efforts in adapting to these trends and discusses the effectiveness, limitations, and potential future challenges of AI in the field of protein science.

オーガナイザー：西 羽美 (東北大学)、富井 健太郎 (産業技術総合研究所)
 Organizers: Hafumi Nishi (Tohoku Univ.), Kentaro Tomii (AIST)

- [15:40] **はじめに**
Opening Remarks
- WS15-1** [15:45] **AI を利用したタンパク質デザインの有効性と限界：左巻き $\beta\alpha\beta$ モチーフを含むタンパク質のデノボデザインを例題にして**
Effectiveness and limitations of AI-based protein design: a case study of de novo design of proteins containing left-handed $\beta\alpha\beta$ motifs
 ○千見寺 浄慈 (George Chikenji)
 名大・工・応物 (Dept. Appl. Phys., Grad. Sch. Eng., Nagoya Univ.)

- WS15-2** [16:10] **AI生成タンパク質から見る生成生物学の可能性**
Exploring the concept of generative biology with AI-generated proteins
 ○西 羽美^{1,2,3} (Hafumi Nishi)
¹ 東北大・院情報科学 (Grad. Sch. Info. Sci, Tohoku Univ.), ² お茶大・基幹研究院 (Fac. Core Res., Ochanomizu Univ.),
³ 東北大・メディカルメガバンク (ToMMo, Tohoku Univ.)
- WS15-3** [16:30] **予測された立体構造を用いて蛋白質—蛋白質 / 蛋白質—リガンド分子間相互作用を理解する**
Understanding protein—protein/protein—ligand molecular interactions using predicted structures
 ○森脇 由隆¹ (Yoshitaka Moriwaki)、澤 知希¹ (Tomoki Sawa)、蔣 瀚霆¹ (Hanting Jiang)、
 本間 大翔³ (Masato Homma)、若林 孝俊^{2,3} (Takatoshi Wakabayashi)、村瀬 浩司² (Kohji Murase)、
 高山 誠司² (Seiji Takayama)、杉本 幸裕³ (Yukihiro Sugimoto)、寺田 透¹ (Tohru Terada)
¹ 東大・農・応生工 (Dept. of Biotechnol., Grad. Sch. of Agri. and Life Sci., The Univ. of Tokyo)、
² 東大・農・応生化 (Dept. of Appl. Biol. Chem., Grad. Sch. Agri. and Life Sci., The Univ. of Tokyo)、
³ 神大・農 (Grad. Sch. Agri. Sci., Kobe Univ.)
- WS15-4** [16:55] **AlphaFoldによる予測構造モデルに基づくヒト蛋白質の基質結合部位予測**
Prediction of ligand binding sites on human proteins based on pre-computed models by using AlphaFold
 ○富井 健太郎 (Kentaro Tomii)
 産総研・人工知能 (AIRC, AIST)
- WS15-5** [17:15] **深層学習を用いたタンパク質のリガンド結合ポケット予測**
Prediction of ligand binding sites from protein structure using deep learning
 ○石谷 隆一郎^{1,2,3} (Ryuichiro Ishitani)
¹ 東京医科歯科大・難治疾患研究所 (Medical Research Institute, Tokyo Medical and Dental University)、
² 東京大学大学院・理学系研究科・生物科学専攻 (Dept. of Biol. Sci., Grad. Sch. of Sci., The Univ. of Tokyo)、
³ 株式会社 Preferred Networks (Preferred Networks, Inc.)
- WS15-6** [17:40] **深層学習を用いた、中、低解像度のクライオ電顕像からのタンパク質と核酸構造のモデリング**
Structure modeling for proteins and nucleic acids from medium to low cryo-EM maps using deep learning
 ○木原 大亮 (Daisuke Kihara)、寺師 玄記 (Genki Terashi)、シャオ ワン (Xiao Wang)、
 中村 司 (Tsukasa Nakamura)
 パーデュ大学 生物科学科 / 計算機科学科 (Dept. of Biological Sciences, Dept. Computer Science, Purdue University)
- [18:05] **おわりに**
Summary

タンパク質機能を拡張する分子デザイン —課題と展望—
Molecular design for expanding protein functions
—Challenges and Prospects—

共催: 学術変革領域研究 A「タンパク質機能のポテンシャルを解放する生成的デザイン学」

AlphaFold2によってアミノ酸配列からタンパク質の「構造」予測が飛躍的に進歩したいま、蛋白質科学の次のステージは、タンパク質の動的構造をベースに、タンパク質「機能」の自在な転換や創生を可能にすることである。本ワークショップでは、構造変化の理論予測、動的な構造解析、指向性進化やデノボデザインなどの分子開発の専門家や、新機能タンパク質が拓く応用分野の研究者を招き、タンパク質機能デザインの方法や展望を議論する。

Now that the prediction of protein *structure* from amino acid sequence has been revolutionized by AlphaFold2 and other cutting edge computational approaches, the next frontier of protein science is to enable flexible conversion and creation of protein *functions* based on dynamic structures of proteins. For this workshop, we invite scientists with expertise in areas including the theoretical prediction of protein structural changes, dynamic structural analysis of proteins, and directed evolution and de novo design of proteins. In addition, we invite researchers in application fields that are being opened up by the development of new functional proteins to attend this symposium and discuss methods and prospects for the future of functional protein design.

オーガナイザー: 林 重彦 (京都大学)、南後 恵理子 (東北大学)
Organizers: Shigehiko Hayashi (Kyoto Univ.), Eriko Nango (Tohoku Univ.)

[15:40] **はじめに**
Opening Remarks

WS16-1 [15:45] **多様な形状のタンパク質のゼロからのデザイン**
Design of Proteins with Various Shapes
○古賀 信康 (Nobuyasu Koga)
阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)

WS16-2 [16:13] **新奇微生物ロドプシンがもたらす新たな光生物学的理解と可能性**
The photobiological insights and potentials unveiled through the study of novel microbial rhodopsins
○井上 圭一 (Keiichi Inoue)
東大・物性研 (The Inst. Solid State Phys., The Univ. of Tokyo)

WS16-3 [16:41] **クライオ電子顕微鏡による輸送体の動的構造解析**
Cryo-EM studies on Protein dynamics of membrane transporters
○西澤 知宏 (Tomohiro Nishizawa)
横浜市大・生命医科 (Med. Life Sci., Yokohama City Univ.)

WS16-4 [17:09] **Unraveling the Structure and Dynamics of Biomolecules via Integrative Modeling**
○Florence Tama^{1,2}
¹Department of Physics, Graduate School of Science & Institute of Transformative Bio-Molecules, Nagoya University,
²RIKEN Center for Computational Science

WS16-5 [17:37] **Designing and evolving fluorescent biosensors to visualize biology when and where it happens**

○ Robert E. Campbell

Department of Chemistry, Graduate School of Science, The University of Tokyo

[18:05] **おわりに**

Concluding Remarks

WS17 D会場 (107) / Room D (107)
6月13日 (木) / June 13 (Thu.) 15:40 ~ 18:10

English Session

構造と機能から解き明かす細胞内蛋白質輸送の最前線

Frontiers of in-cell protein trafficking, structures and functions

細胞内におけるタンパク質の輸送は、生命に必須のプロセスである。Blobelのシグナル仮説以降、さまざまな因子が同定され、その理解が進められてきた。近年の技術革新により、構造レベルでは、これまで予測されてきた分子機構が実際に活写され、機能レベルでは、予測を超えた分子機構が解明されている。本セッションでは、本分野を牽引する国内外の研究者と若手研究者による発表でタンパク質輸送の新しい概念を議論したい。

Protein trafficking is essential process in cell. Since Blobel's "signal hypothesis," various factors have been identified. Recently, technological advances in structural analysis reveals molecular mechanisms in detail surprisingly and functional analysis reveals mechanisms that exceeded predictions. In this session, we would like to discuss new concepts of protein trafficking.

オーガナイザー：塩田 拓也 (宮崎大学)、荒磯 裕平 (金沢大学)

Organizers: Takuya Shiota (Univ. of Miyazaki), Yuhei Araiso (Kanazawa Univ.)

[15:40] **はじめに**

Opening Remarks

○塩田 拓也 (Takuya Shiota)

宮崎大学 (Univ. of Miyazaki)

WS17-1 [15:43] **Molecular basis of mitochondrial protein import through the pre-sequence pathway**

○ Long Li

School of Life Sciences, Peking University

WS17-2 [16:23] **葉緑体の蛋白質輸送機構 — トランスロコンの構成と進化**

Architecture and evolution of chloroplast protein translocation machineries

○中井 正人 (Masato Nakai)

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

WS17-3 [16:48] **微小核における核輸送分子 Importin α の新機能**

A novel function of the nuclear transport factor Importin α in the micronuclei

○宮本 洋一 (Yoichi Miyamoto)

医薬健康研 (Nat. Inst. Biomed. Innov., Health and Nutr.)

WS17-4 [17:13] 高速原子間力顕微鏡解析によって明らかになったミトコンドリア外膜透過装置の構造とダイナミクス
Structure and dynamics of the translocase of the outer mitochondrial membrane complex revealed by HS-AFM analysis

- 小林 菜々子¹ (Nanako Kobayashi)、九笹 加菜¹ (Kana Kuzasa)、Romain Amyot²、
川合 志朋¹ (Shiho Kawai)、今井 湧太¹ (Yuta Imai)、稲津 明広¹ (Akihiro Inazu)、
今井 賢一郎³ (Kenichiro Imai)、古寺 哲幸² (Noriyuki Kodera)、遠藤 斗志也^{4,5} (Toshiya Endo)、
荒磯 裕平¹ (Yuhei Araiso)

¹ 金沢大・医薬保健・保健 (Dept. of Clin. Lab. Sci., Div. of Health Sci., Kanazawa Univ.),

² 金沢大・ナノ生命研 (WPI-NanoLSI, Kanazawa Univ.),

³ 産総研・細胞分子 (Cellular and Molecular Biotechnology Research Institute, AIST),

⁴ 京産大・生命科学部 (Fac. of Life Sci., Kyoto Sangyo Univ.),

⁵ 京産大・タンパク質動態研 (Inst. of Protein Dynamics, Kyoto Sangyo Univ.)

WS17-5 [17:29] 内膜タンパク質 PpiD は Sec 複合体と DsbA を連結し、膜透過基質タンパク質へのジスルフィド結合導入を補助する**Inner membrane protein PpiD links Sec complex and DsbA for disulfide bond formation of membrane-translocated substrate proteins**

- 宮崎 亮次¹ (Ryoji Miyazaki)、鈴木 健裕² (Takehiro Suzuki)、堂前 直² (Naoshi Dohmae)、
塚崎 智也¹ (Tomoya Tsukazaki)

¹ 奈良先端大 (NAIST)、² 理研 CSRS (RIKEN CSRS)

WS17-6 [17:49] A conserved internal β -signal in mitochondrial β -barrel outer membrane proteins is necessary for assembly

- Edward Germany、Takuya Shiota

Frontier Science Research Center, University of Miyazaki

[18:09] おわりに

Closing Remarks

- 荒磯 裕平 (Yuhei Araiso)

金沢大学 (Kanazawa Univ.)

WS18 E会場 (108) / Room E (108)
6月13日 (木) / June 13 (Thu.) 15:40 ~ 18:10

Japanese Session

NMR 分光法によるタンパク質科学の最近の展開**Recent advances in protein science using NMR spectroscopy**

核磁気共鳴 (NMR) 分光法は原子分解能でタンパク質の動的な構造を調べることが可能である。細胞内夾雑環境に存在するタンパク質、膜タンパク質、アミロイド線維などをターゲットとした様々な NMR 技術が開発されている。本ワークショップでは、主に NMR 法を駆使してタンパク質・ペプチドの構造解析に取り組んでいる NMR 研究者を招待し、最新のタンパク質溶液および固体 NMR 研究を紹介するとともに、今後の展望を議論する。

Nuclear Magnetic Resonance (NMR) spectroscopy enables the investigation of dynamic structure of proteins at atomic resolution. Ongoing advancements in NMR techniques facilitate the examination of proteins in crowding biosystems, membrane proteins, and amyloid fibrils. This workshop aims to present recent protein research utilizing biological solution and solid NMR technology.

オーガナイザー：相沢 智康 (北海道大学)、川村 出 (横浜国立大学)

Organizers: Tomoyasu Aizawa (Hokkaido Univ.), Izuru Kawamura (Yokohama National Univ.)

[15:40] はじめに

Opening Remarks

- 川村 出 (Izuru Kawamura)

横浜国立大学 (Yokohama Nat'l Univ.)

- WS18-1** [15:42] **Efficient Recombinant Expression of Peptides Expands Applications for NMR Methods**
 ○相沢 智康 (Tomoyasu Aizawa)
 北大・院生命 (Grad. Sch. Life Sci., Hokkaido Univ.)
- WS18-2** [16:06] **残基ごとの構造・ダイナミクス情報からタンパク質のフォールディングと液-液相分離を理解する**
Per-residue dynamics and structural information to investigate protein folding and assembly
 ○齋尾 智英 (Tomohide Saio)
 徳島大・先端酵素 (IAMS, Tokushima Univ.)
- WS18-3** [16:30] **アミロイド線維の形成メカニズムープロトフィブリルの形成プロセスに着目してー**
Mechanism of amyloid fibrillization focusing on the process of protofibril formation
 ○茶谷 絵理¹ (Eri Chatani)、山本 直樹² (Naoki Yamamoto)
¹神戸大院・理・化学 (Dept. of Chem., Grad. Sch. of Sci, Kobe Univ.),
²自治医大・医 (Fac. of Med. Jichi Medical Univ.)
- WS18-4** [16:54] **Sec 非依存性膜蛋白質膜挿入における大腸菌由来糖脂質 MPLase の作用機構の解明**
Membrane insertion mechanism of a Sec-independent membrane protein by E.coli glycolipid MPLase
 ○野村 薫 (Kaoru Nomura)
 (公財) サントリー生科財団 (SUNBOR)
- WS18-5** [17:18] **光センサータンパク質における、電荷を失ったリシン側鎖がアクセプターとなる水素結合の同定**
Identification of a deprotonated lysine sidechain serving as a H-bond acceptor in a photosensor protein
 ○三島 正規 (Masaki Mishima)
 東京薬科大学 (Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences)
- WS18-6** [17:42] **固体 NMR による微生物型ロドプシンのプロトン化 Schiff 塩基の NMR 信号解析**
Solid-state NMR of the retinal protonated Schiff base in microbial rhodopsins
 ○川村 出 (Izuru Kawamura)
 横浜国大・院工 (Grad. Sc. Eng. Sci., Yokohama Natl. Univ.)
- [18:06] **総合討論**
Discussion

モデル生物大腸菌における翻訳制御研究の最前線

Frontiers of translational control studies in model organism *Escherichia coli*

リボソームによる翻訳は、多段階の品質管理機構により構成され、これらは複雑ながらも洗練されている。近年の解析手法の進歩、さらには無細胞翻訳系などを含めた実験系の拡張・普及によって、リボソームにシス・トランスに作用する翻訳制御因子のダイナミクスが明らかになりつつある。本ワークショップでは、蛋白質発現系として長年利用されてきた、大腸菌における翻訳制御研究の最前線を紹介していただき、議論したい。

Translation is constituted of multi-step quality controls, which are complicated but sophisticated. Recent analytical advances and experimental expansion including cell-free translation system make the dynamics of translational control factors acting in cis/trans on ribosome reveal. This workshop will focus on the frontiers of translational control studies in *Escherichia coli*, which has long been used as a protein expression system.

オーガナイザー：丹澤 豪人 (大阪大学)、丹羽 達也 (東京工業大学)

Organizers: Takehito Tanzawa (Osaka Univ.), Tatsuya Niwa (Tokyo Tech)

[15:40] はじめに
Opening Remarks

WS19-1 [15:47] 大腸菌由来の再構成型無細胞系内での翻訳反応は大腸菌細胞と同一か？
Is the translation reaction in a reconstituted *E. coli*-based cell-free system identical to that in *E. coli* cells?

○金森 崇 (Takashi Kanamori)
ジーンフロンティア (株) (GeneFrontier Corp.)

WS19-2 [16:29] 低分子量熱ショックタンパク質による翻訳制御を介した新規熱ストレス応答制御
Novel regulation of heat stress response via translational regulation by small heat shock protein in *Escherichia coli*

○三輪 つくみ (Tsukumi Miwa)、田口 英樹 (Hideki Taguchi)
東工大・研究院・細胞センター (Cell Biology Center, IIR, Tokyo Tech)

WS19-3 [17:01] ストレス下における大腸菌の 100S リボソーム形成による翻訳制御機構
Mechanism of translation regulation by 100S ribosome formation in *Escherichia coli* under stress

○吉田 秀司¹ (Hideji Yoshida)、牧 泰史¹ (Yasushi Maki)、古池 晶¹ (Shou Furuike)、和田 明² (Akira Wada)
¹大阪医薬大・医・物理 (Dept. Phys., Osaka Med. Pharm. Univ.)、²吉田生物研 (Yoshida Biol. Lab.)

WS19-4 [17:33] 大腸菌 RNase I によるリボソームの分解とその制御機構
Degradation of Ribosomes by RNase I and Its Regulatory Mechanisms in *Escherichia coli*

○南 篤¹ (Atsushi Minami)、丹澤 豪人² (Takehito Tanzawa)、楊 倬皓³ (Zhuohao Yang)、
船津 高志³ (Takashi Funatsu)、加藤 貴之² (Takayuki Kato)、葛山 智久^{1,5} (Tomohisa Kuzuyama)、
吉田 秀司⁴ (Hideji Yoshida)、小川 哲弘^{1,5} (Tetsuhiro Ogawa)
¹東大・院農生科 (Grad. Sch. of Agri. and Life Sci., The Univ. of Tokyo)、²阪大・蛋白研 (IPR, Osaka Univ.)、
³東大・院薬 (Grad. Sch. of Pharm. Sci., The Univ. of Tokyo)、
⁴大阪医薬大・医 (Fac. of Med., Osaka Med. Pharm. Univ.)、⁵東大・CRIIM (CRIIM, The Univ. of Tokyo)

[18:05] おわりに
Closing Remarks