日本蛋白質科学会ニュースレター

Vol. 3, No. 4 (2003)

第３回日本蛋白質科学会年会のお知らせ

2003 年 6 月 23 日より 3 日間､札幌コンベンションセンターにおきまして、第３回日本蛋白質科学会年会が開催されます。多くの方々のご参加をお願い申し上げます。

会期：2003 年（平成 15 年）6 月 23 日（月）－　25 日（水）
会場：札幌コンベンションセンター（札幌市白石区東札幌６条１丁目）
（札幌駅より地下鉄で 10 分、大通駅で東西線に乗換え、東札幌駅下車）
TEL: 011-817-1010（代表）、TEL./FAX: 011-815-8819（直通）
年会実行委員長：稲垣冬彦（北海道大学大学院薬学研究科）

＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝＝

第３回蛋白質科学会年会

ポストゲノム時代の蛋白質研究

－原子レベルから細胞レベルまで－

プログラム・要旨集

協賛団体芳名

本年会の開催には，以下の企業，財団および団体からご援助いただきました。
ここに厚くお礼申し上げます。

北海道
札幌市

エプソン販売株式会社
株式会社エルエイシステムズ
カネボウ株式会社
株式会社シーズ・ラボ
CTCラボラトリーシステムズ株式会社
株式会社生物有機化学研究所
バリアン テクノロジーズ ジャパン リミテッド
ブルカー・バイオスピン株式会社
株式会社フロンティア・サイエンス
北海三共株式会社
財団法人北海道科学技術総合振興センター
株式会社ムトウ
株式会社ラボ
株式会社和科盛商会東京支社

（50音順；2003年5月15日現在）

交通のご案内

■新千歳空港から From New Chitose Airport

- 新千歳空港 New Chitose Airport → New Chitose Airport Bus 新千歳空港連絡バス 約40分 40min. \710 → 地下鉄大谷地駅 Oyachi Sta. → Tozai Subway Line 地下鉄東西線 約10分 10min. \240 → 東札幌駅 Higashi Sapporo Sta. → Walk 徒歩 約8分 8min. → 札幌コンベンションセンター Sapporo Convention Center
- 新千歳空港 New Chitose Airport → JR 約30分 30min. \850 → 新札幌駅 Shin Sapporo Sta. → Tozai Subway Line 地下鉄東西線 約13分 13min. \280 → 東札幌駅 Higashi Sapporo Sta. → Walk 徒歩 約8分 8min. → 札幌コンベンションセンター Sapporo Convention Center

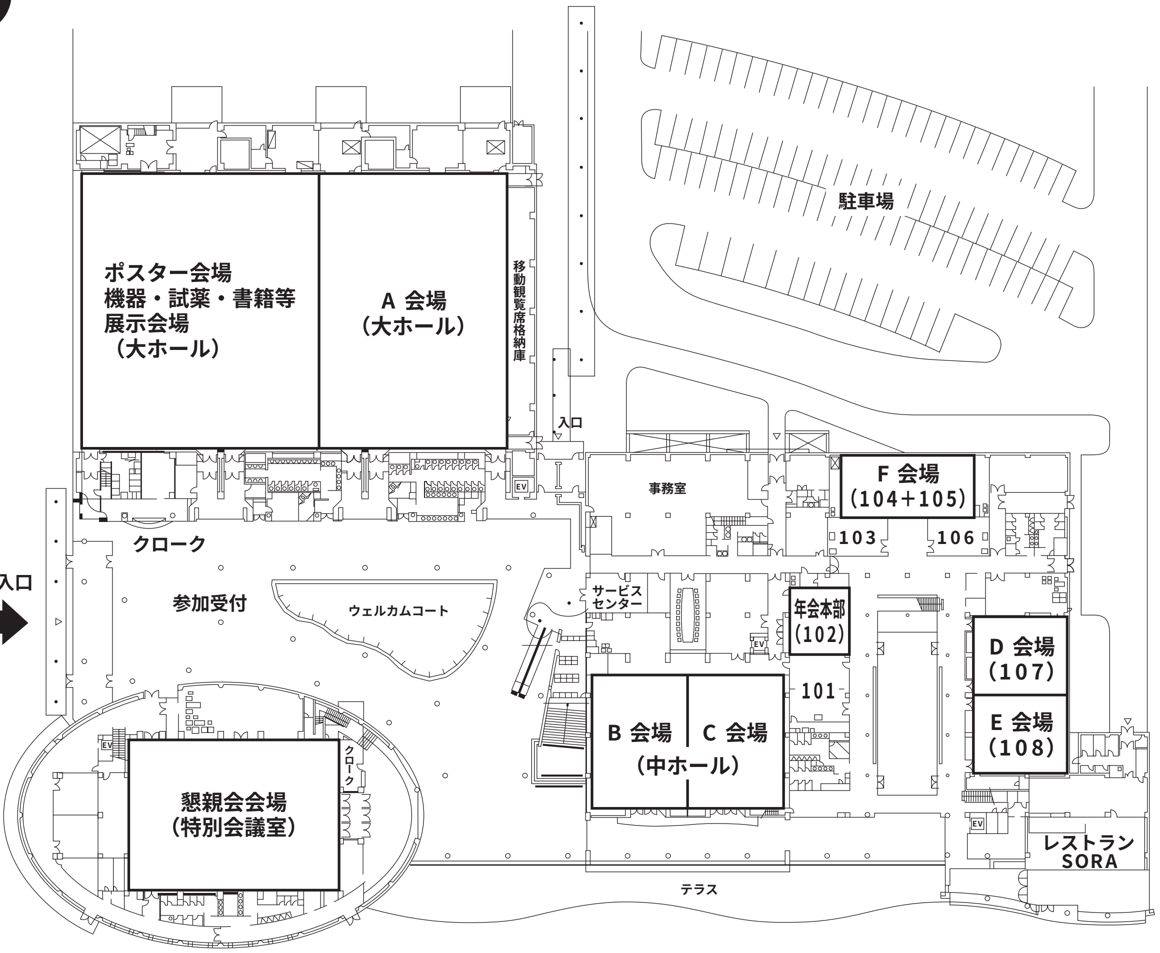
■札幌都心から From The Heart of Sapporo

- 札幌駅 Sapporo Sta. → Nanboku Subway Line 地下鉄南北線 約2分 2min. \240 → 大通駅 Odori Sta. → Tozai Subway Line 地下鉄東西線 約6分 6min. → 東札幌駅 Higashi Sapporo Sta. → Walk 徒歩 約8分 8min. → 札幌コンベンションセンター Sapporo Convention Center
- 札幌駅 → ジェイ・アール北海道バス 約15分 \200 → 札幌コンベンションセンター Sapporo Convention Center

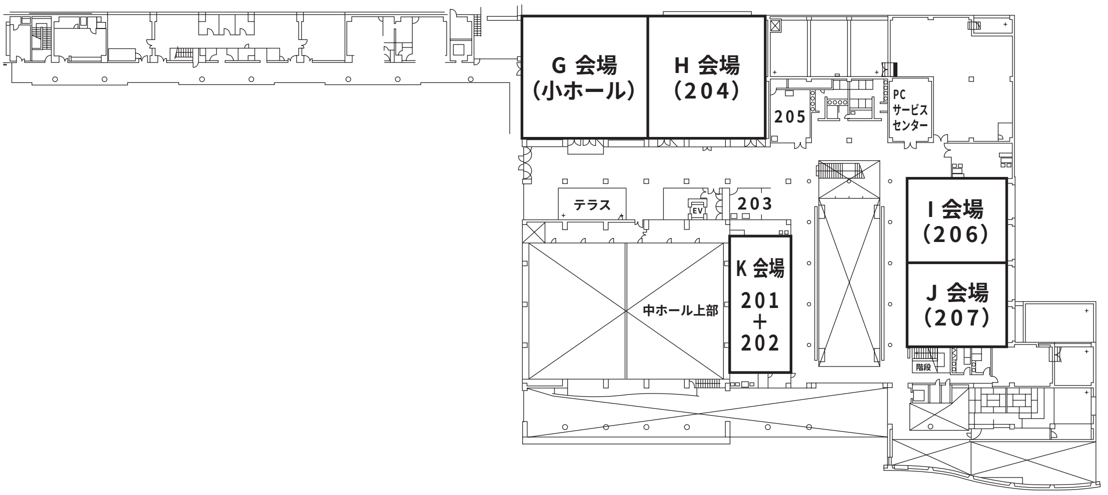
  札幌駅バスターミナル　2番のりば
  循環3　札幌コンベンションセンター行
  1時間に1～2本運行
- 札幌都心から From The Heart of Sapporo → Taxi/Car タクシー・マイカー 約10分 10min. \1,200 → 札幌コンベンションセンター Sapporo Convention Center

会 場 案 内

1F


駐車場
ポスター会場
機器・試薬・書籍等
展示会場
（大ホール）
A 会場
（大ホール）
移動観覧席格納庫
入口
事務室
F 会場
（104+105）
103
106
クローク
会場入口
参加受付
ウェルカムコート
サービス
センター
年会本部
（102）
D 会場
（107）
101
B 会場
C 会場
（中ホール）
E 会場
（108）
EV
クローク
懇親会会場
（特別会議室）
レストラン
SORA
テラス

2F


G 会場
（小ホール）
H 会場
（204）
205
PC
サービス
センター
テラス
EV
203
I 会場
（206）
K 会場
201
+
202
中ホール上部
J 会場
（207）
階段

第3回日本蛋白質科学会年会

会　期：2003年6月23日(月)～25日(水)
会　場：札幌コンベンションセンター
〒003-0006　札幌市白石区東札幌6条1丁目
Tel. 011-817-1010 (代表)
Tel./Fax. 011-815-8819 (直通)
URL: http://www.plaza-sapporo.or.jp/scc/

参加者へのご案内

1．年会受付について

年会の参加受付は，6月23日 (月) 8:15より札幌コンベンションセンター1階ロビーにて行います。

参加登録予約 (事前参加登録) をされた方は受付の必要はありませんので，6月はじめにお送りする参加章 (名札) をご着用のうえ，そのまま会場へご入場ください。なお，参加章は，WWWにて参加登録予約後に，参加費が振込まれている方へのみへお送りしております。参加費の振込みが無い場合は，参加登録予約は無効ですので，当日受付にて参加費をお支払いください。

当日受付の参加費は，一般7,000円，学生5,000円です。

また，年会参加費には，プログラム・要旨集を含みます。

2．懇親会について

懇親会は，6月24日 (火) 18:45 より 1 階特別会議室にて開催いたします。懇親会の当日受付は，一般8,000円，学生4,000円をいただきます。

3．クロークについて

会場に設置します。

4．機器・試薬・書籍等展示会について

1階大ホール (ポスター会場と同じ) にて，6月23日 (月) 10:30～17:00，6月24日 (火) 9:00～17:00，6月25日 (水) 9:00～15:00に行います。展示会場に休憩コーナーを設け，コーヒーサービスを行います。

5．呼び出しについて

会場での放送やサブスライドによる呼び出しは行いません。受付の横に伝言板を用意しますので，それをご利用ください。

6．昼食について

会期中毎日 12:00～13:00 (6月25日 (水) は12:20～13:20) にランチョンセミナー (無料) を開催しますのでご参加ください。

また，1階にレストランがあります。周辺には飲食店が少ないですので，館内のご利用 (ランチョンセミナー，1階レストラン) をお願いいたします。

7．駐車場

駐車料金は，最初の2時間が200円，以後30分毎に100円です。

8．会合日程

第 1 回環太平洋蛋白質科学国際会議　第 4 回組織委員会
理事会
　6 月 23 日(月) 18:45〜21:00　1 階 レストラン SORA

総　会
　6 月 25 日(水) 11:40〜12:10　A 会場 (1 階 大ホール)

市民講演会：ポストゲノム時代の生命科学
　6 月 24日 (火) 16:00〜18:00　A 会場 (1 階 大ホール)
　参加無料（一般および第 3 回年会参加者対象）詳細は (14) ページをご覧ください。

ワークショップ：蛋白質科学における男女共同参画の実現にむけて
　6 月 24日 (火) 14:00〜15:30　D 会場 (1 階 107)
　参加無料（一般および第 3 回年会参加者対象）
　男女共同参画に対する日本蛋白質科学会の取り組みの一環として，男女共同参画学協会連絡会の小舘香椎子委員長による基調講演と，パネルディスカッション「蛋白質科学における男女共同参画の実現にむけて」を開催いたします。お誘い合わせの上，多数ご参加下さい。詳細は (13) ページをご参照ください。

日本蛋白質科学会　若手の交流会
　6 月 25 日 (水) 18:30〜20:00　H 会場 (2 階 204)
　参加無料（第 3 回年会参加者対象）
　ワークショップ 14「未来へはばたく若手の力−蛋白質科学の今と未来−」（オーガナイザー：川原裕之（北大薬），相沢智康（北大理））終了後に，引き続き「若手の交流会」を開催します。若手研究者の多数の参加をお待ちしております。詳細は (14) ページをご覧ください。

9．連絡先

〒560-0082　豊中市新千里東町 1-4-2 千里ライフサイエンスセンタービル 14 階
(財)日本学会事務センター大阪事務所内
第 3 回日本蛋白質科学会年会 事務局
Tel. 06-6873-2301
Fax. 06-6873-2300
E-mail: pssj2003@bcasj.or.jp
http://edpex104.bcasj.or.jp/pssj2003/

年会会期中：年会本部　札幌コンベンションセンター　1 階 102 会議室
Tel./Fax. 011-815-8819 (直通)

発表者へのご案内

1．口頭発表について

(1)　進行は座長に一任されています。講演順序，講演時間等座長の指示に従ってください。
(2)　講演に使用する機材は，コンピュータによる液晶プロジェクターを使用した方法でお願いいたします。会場に液晶プロジェクターを用意いたしますので，接続可能なコンピュータ (ミニ D-sub 15 ピンにて接続) をお持ち込みください。また，事前に上記年会事務局宛に E-mail かファックスにて持込みをするコンピュータの機種をご連絡ください。

2．ポスター発表について

(1)　ポスター発表は会期中毎日貼り替えにて行います。

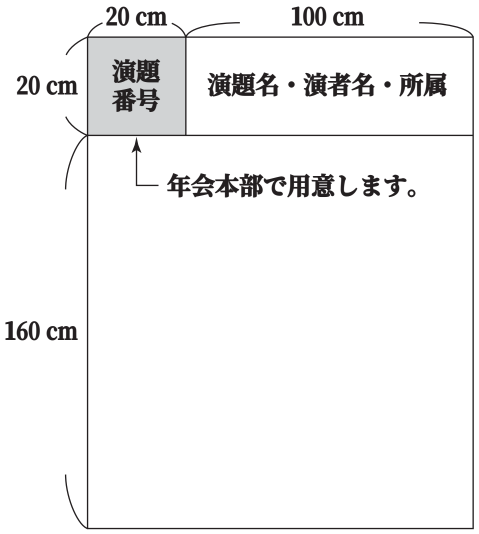
6 月 23 日 (月) 1P-001～120
6 月 24 日 (火) 2P-001～120
6 月 25 日 (水) 3P-001～120

(2)　掲示：各発表日の 8:30～10:00 の間に各自掲示し，展示したままにしてください。
取り外し：各発表日の 18:30～19:00 の間に各自でお願いします。当方での取り外し，返却はいたしません。

(3)　各説明時間帯にご自分のポスターの前に待機し発表・討論を行ってください。

6 月 23 日 (月)，24日 (火)
　奇数番号 13:15～14:15，偶数番号 14:15～15:15
6 月 25 日 (水)
　奇数番号 13:25～14:25，偶数番号 14:25～15:25

(4)　ポスターパネル：演題番号は年会本部で用意したポスターボードに表示してあります。
発表内容とは別に，演題名，発表者名，所属の入ったタイトル (横 100cm×縦 20cm) をご用意ください。
ポスターの内容は，横 120cm，縦 160cm に収まるように用意してください。



日　程　表

6月23日 (月)（1日目）

会　場	8:30	9:00	10:00	11:30	12:00	13:00	13:15	15:15	15:30	18:30	18:45	19:00	21:00
A 会場 （1 階 大ホール）		シンポジウム 1 細胞生物学と蛋白質研究の新しい潮流 竹縄忠臣，月田承一郎，箱守仙一郎									・第1回環太平洋蛋白質科学国際会議 第4回組織委員会 ・理事会 （1 階 レストラン SORA）		
B 会場 （1 階 中ホール）									ワークショップ 1 構造ゲノム科学の戦略 田中　勲（北大理），田之倉優（東大農）				
C 会場 （1 階 中ホール）									ワークショップ 2 機能プロテオミックスの新手法 平野　久（横市大木原研），礒辺俊明（都立大理）				
D 会場 （1 階 107）					ランチョンセミナー 1 株式会社リガク								
E 会場 （1 階 108）					ランチョンセミナー 2 株式会社島津製作所								
F 会場 （1 階 104+105）					ランチョンセミナー 3 カールツァイス株式会社								
G 会場 （2 階 小ホール）									ワークショップ 3 *in vivo* 1分子観察―細胞生物学との接点― 金城政孝（北大電子研），村田昌之（生理研）				
H 会場 （2 階 204）									ワークショップ 4 今膜蛋白がおもしろい：その多彩な機能と作動機構 加茂直樹（北大薬），出村　誠（北大理）				
I 会場 （2 階 206）					ランチョンセミナー 4 ブルカー・ダルトニクス 株式会社				ワークショップ 5 プロテイン・インフォマティクス 中村春木（阪大蛋白研）				
J 会場 （2 階 207）					ランチョンセミナー 5 アマシャム バイオサイエンス 株式会社								
K 会場 （2 階 201+202）					ランチョンセミナー 6 プロメガ株式会社								
ポスター会場 機器・試薬・書籍等 展示会場 （1 階 大ホール）	ポスター貼付 （8:30～10:00）		ポスター展示（10:00～18:30） 機器・試薬・書籍等展示（10:30～17:00）				ポスター討論 奇数番号　13:15～14:15 偶数番号　14:15～15:15	ポスター展示（10:00～18:30） 機器・試薬・書籍等展示（10:30～17:00）		取り外し			

6月24日 (火)（2日目）

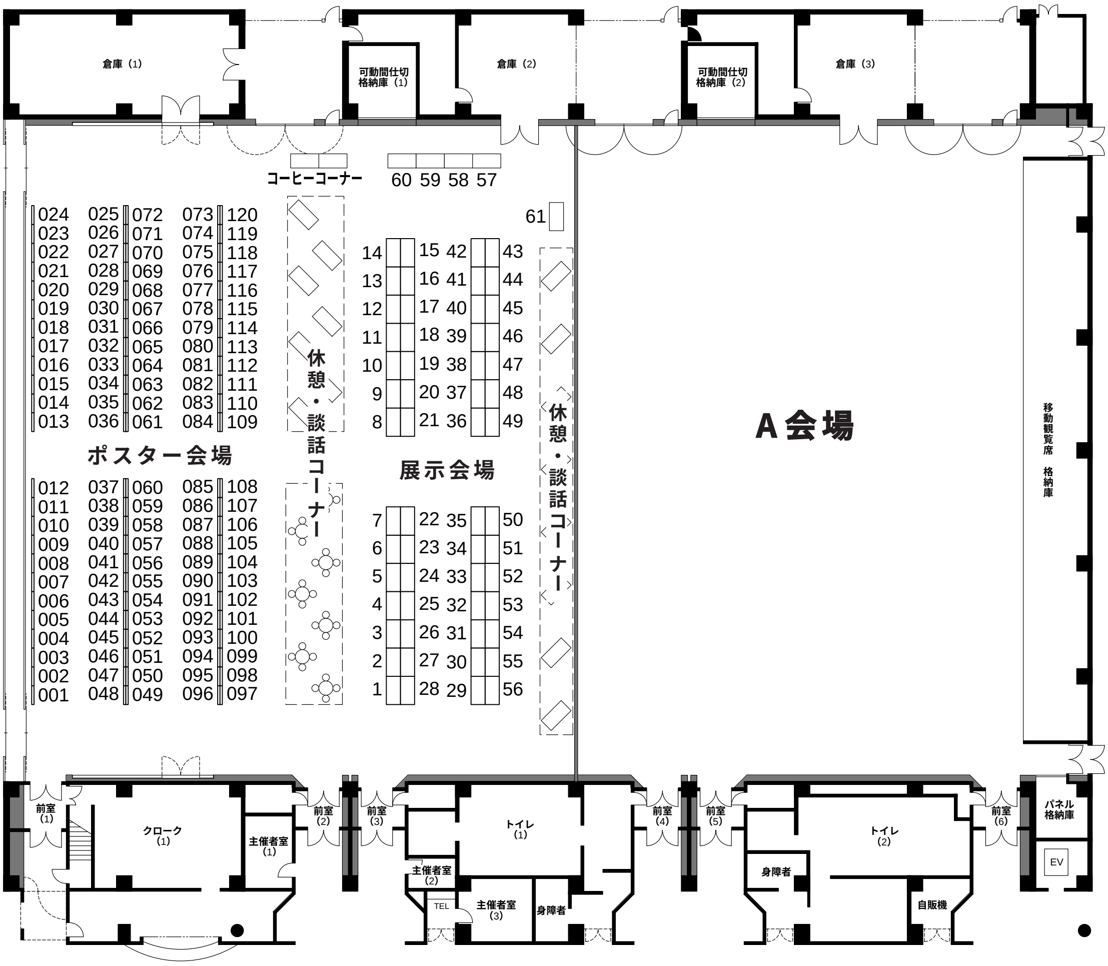
会　場	時間	プログラム
A 会場（1 階 大ホール）	9:00–11:30	基調講演 田中耕一，Kurt Wüthrich，柳田敏雄
	16:00–18:00	市民講演会 ポストゲノム時代の生命科学
B 会場（1 階 中ホール）	15:30–18:30	ワークショップ 6 進化する構造生物学―原子レベルから細胞レベルまで― 伊倉光彦（トロント大），津田　栄（産総研）
C 会場（1 階 中ホール）	15:30–18:30	ワークショップ 7 ファルマコプロテオミックス ―プロテオーム解析から創薬標的分子のデザイン― 野口照久（テノックス研），古谷利夫（ファルマデザイン）
D 会場（1 階 107）	12:00–13:00	ランチョンセミナー 7 オリンパス光学工業株式会社
	14:00–15:30	蛋白質科学における 男女共同参画の実現にむけて 山縣ゆり子（熊本大・薬）， 後藤祐児（阪大・蛋白研）
E 会場（1 階 108）	12:00–13:00	ランチョンセミナー 8 日本バイオ・ラッド ラボラトリーズ株式会社
F 会場（1 階 104+105）	12:00–13:00	ランチョンセミナー 9 株式会社菱化システム
G 会場（2 階 小ホール）	15:30–18:30	ワークショップ 8 次世代ポストゲノム研究 ―糖鎖，脂質による蛋白機能調節― 井ノ口仁一（北大薬），西村紳一郎（北大理）
H 会場（2 階 204）	15:30–18:30	ワークショップ 9 今日の蛋白質フォールディング研究 ―フォールディング病研究をふくめて― 新田勝利（北大理），桑田一夫（岐阜大医）
I 会場（2 階 206）	12:00–13:00	ランチョンセミナー 10 タカラバイオ株式会社
	15:30–18:30	ワークショップ 10 *in silico*でゲノム・プロテオームはどこまで解明できるか ―コンピュータによる解析方法とその適用― 由良　敬（原研），太田元規（東工大学術国際情報セ）
J 会場（2 階 207）	12:00–13:00	ランチョンセミナー 11 サーモエレクトロン株式会社 ／エーエムアール株式会社
K 会場（2 階 201+202）	12:00–13:00	ランチョンセミナー 12 インビトロジェン株式会社
ポスター会場 機器・試薬・書籍等展示会場 （1 階 大ホール）	8:30–10:00	ポスター貼付 （8:30～10:00）
	10:00–13:15	ポスター展示（10:00～18:30） 機器・試薬・書籍等展示（9:00～17:00）
	13:15–15:15	ポスター討論 奇数番号　13:15～14:15 偶数番号　14:15～15:15
	15:15–18:30	ポスター展示（10:00～18:30） 機器・試薬・書籍等展示（9:00～17:00）
	18:30–18:45	取り外し
特別会議室（1 階）	18:45–20:45	懇　親　会

6月25日 (水)（3日目）

会場	8:30–11:30	11:40–12:10	12:20–13:20	13:25–15:25	15:30–18:30	18:30–
A 会場（1 階 大ホール）	シンポジウム 2 公募型シンポジウム	総会				
B 会場（1 階 中ホール）					ワークショップ 11 ポストゲノム時代の遺伝子ネットワーク解析 柳川弘志（慶應大理工），斎藤輪太郎（慶應大先端研）	
C 会場（1 階 中ホール）					ワークショップ 12 組換え蛋白質生産技術の新展開 田村具博（産総研），中野秀雄（名大生命農）	
D 会場（1 階 107）			ランチョンセミナー 13 テカン ジャパン株式会社			
E 会場（1 階 108）			ランチョンセミナー 14 日本ミリポア株式会社			
F 会場（1 階 104+105）			ランチョンセミナー 15 日立ソフトウェア エンジニアリング株式会社			
G 会場（2 階 小ホール）					ワークショップ 13 構造生物学2003 神田大輔（九大生医研），箱嶋敏雄（奈良先端大）	
H 会場（2 階 204）					ワークショップ 14 未来へはばたく若手の力─蛋白質科学の今と未来─ 川原裕之（北大薬），相沢智康（北大理）	日本蛋白質科学会 若手の交流会 (18:30–20:00)
I 会場（2 階 206）			ランチョンセミナー 16 ビアコア株式会社			
J 会場（2 階 207）			ランチョンセミナー 17 ベックマン・コールター株式会社			
K 会場（2 階 201+202）			ランチョンセミナー 18 三菱スペース・ソフトウェア株式会社			
ポスター会場 機器・試薬・書籍等展示会場（1 階 大ホール）	ポスター貼付（8:00～10:00）／ポスター展示（10:00～18:30） 機器・試薬・書籍等展示（9:00～15:00）			ポスター討論 奇数番号 13:25～14:25 偶数番号 14:25～15:25	ポスター展示（10:00～18:30）	取り外し (18:30–19:00)

ポスター会場／機器・試薬・書籍等展示会場配置図

【1階　大ホール】



1～2	㈱島津製作所
3	日本ミリポア㈱
4	㈱リガク
5	日立ソフトウェアエンジニアリング㈱
6～7	ビアコア㈱
8～9	日本バイオ・ラッド ラボラトリーズ㈱
10～11	テカン ジャパン㈱
12	㈱菱化システム
13	和光純薬工業㈱
14	タカラバイオ㈱
15	シグマ アルドリッチ ジャパン㈱
16	シグマ ジェノシス ジャパン㈱
17	コスモ・バイオ㈱
18	日本酸素㈱
19	ロシュ・ダイアグノスティックス㈱
20	B-Bridge International, Inc.
21	ジェノミック ソリューションズ㈱
22～23	㈱日立ハイテクノロジーズ
24～25	三和通商㈱
26	東ソー㈱
27～28	カール ツァイス㈱
29	ブルカー･ダルトニクス㈱
30～31	エムジェイジャパン㈱
32	ニップンテクノクラスタ㈱
33	テガサイエンス㈱
34～35	アマシャム バイオサイエンス㈱
36～37	日本シイベルヘグナー㈱
38	インフォコム㈱
39	日本エイドー㈱
40	㈱スクラム
41	サーモエレクトロン㈱
42	エーエムアール㈱
43	アトー㈱
44～45	盟和商事㈱
46	バリアンテクノロジーズジャパンリミテッド
47	日本ビーコ㈱
48	長瀬産業㈱
49	㈱エルエイシステムズ
50～51	三菱スペース・ソフトウエア㈱
52	システム インスツルメンツ㈱
53	ＮＥＣ
54	㈱バイオット
55	アナテック㈱
56	横河アナリティカルシステムズ㈱
57	バイオテック㈱
58	㈱シーズ・ラボ
59	昭光通商㈱
60	ベックマン・コールター㈱
61	ネイチャー・ジャパン㈱

年会実行委員会

委　員　長：	稲垣　冬彦	北海道大学大学院薬学研究科
	有賀　寛芳	北海道大学大学院薬学研究科
	五十嵐靖之	北海道大学大学院薬学研究科
	井ノ口仁一	北海道大学大学院薬学研究科
	大塚　栄子	産業技術総合研究所
	加茂　直樹	北海道大学大学院薬学研究科
	菊池九二三	北海道大学遺伝子病制御研究所
	金城　政孝	北海道大学電子科学研究所
	斉藤　昌之	北海道大学大学院獣医学研究科
	坂入　信夫	北海道大学大学院地球環境科学研究科
	鈴木　利治	北海道大学大学院薬学研究科
	田中　　勲	北海道大学大学院理学研究科
	田中　一馬	北海道大学遺伝子病制御研究所
	田村　具博	産業技術総合研究所
	津田　　栄	産業技術総合研究所
	堤　　耀広	北海道大学大学院工学研究科
	出村　　誠	北海道大学大学院理学研究科
	内藤　　哲	北海道大学大学院農学研究科
	西　　則雄	北海道大学大学院地球環境科学研究科
	西村紳一郎	北海道大学大学院理学研究科，産業技術総合研究所
	新田　勝利	北海道大学大学院理学研究科
	平沖　敏文	北海道大学大学院工学研究科
	松嶋　範男	札幌医科大学保健医療学部
	門出　健次	北海道大学大学院理学研究科
	矢澤　道生	北海道大学大学院理学研究科
	横沢　英良	北海道大学大学院薬学研究科
	渡邉　信久	北海道大学大学院理学研究科

プログラム委員会

委　員　長：	田中　　勲	北海道大学大学院理学研究科
	五十嵐靖之	北海道大学大学院薬学研究科
	井ノ口仁一	北海道大学大学院薬学研究科
	金城　政孝	北海道大学電子科学研究所
	津田　　栄	産業技術総合研究所
	横沢　英良	北海道大学大学院薬学研究科

ワークショップ「蛋白質科学における男女共同参画の実現にむけて」

6 月 24 日（火）14:00〜15:30　D 会場（ 1 階 107）

世話人：山縣 ゆり子（熊本大・薬学），後藤 祐児（阪大・蛋白研）

小子高齢化が進むなかで，男女共同参画社会を実現することは，21 世紀における我が国の重要な課題と位置付けられています。平成 11 年に「男女共同参画社会基本法」が公布，施行されてから，各方面での女性の登用が促進されています。しかし，自然科学分野では今だに女性の登用は遅れており，これは蛋白質科学の研究分野にも当てはまります。このような傾向を是正することを目標として，平成 14 年 10 月に自然科学系の 31 学協会（オブザーバーを含む）が参加して「男女共同参画学協会連絡会」が設立されました。日本蛋白質科学会も昨年 11 月より同会に参加しましたが，実際には，まだ何も行動していません。

今年の年会では，男女共同参画に対する日本蛋白質科学会の取り組みの一環として，男女共同参画学協会連絡会の小舘香椎子委員長に基調講演をお願いしました。その後「蛋白質科学における男女共同参画の実現にむけて」という主題で，パネルディスカッション（司会：山縣ゆり子）を行います。パネリストとして，有賀寛芳（北大），有坂文雄（東京工大），郷通子（長浜バイオ大），今野美智子（お茶の水女子大），月原冨武（阪大），堂免恵（富士通カスタムデバイス）の各氏を予定しています。女性科学者が能力を発揮できる明るい未来を作り，社会を活性化するには何が問題で，どのようなことが必要かを考える機会となることを期待します。お誘い合わせの上，多数ご参加下さい。

男女共同参画学協会連絡会の活動

応用物理学会男女共同参画委員会委員長　小舘香椎子（日本女子大学）

1. 学協会連絡会の設立

科学技術の分野において男女が共に適性と能力を発揮できる環境とネットワーク作りを目指して，9学協会会長が呼びかけ人となり，遠山敦子文部科学大臣臨席のもと，2002年10月7日に日本化学会ホールにおいて設立集会を開催した。参加31学協会（うちオブザーバ17学協会），出席者数100名を超える規模の集会となり，この動きはマスコミ各紙に掲載され広く注目されている。遠山大臣は政府審議会の大半ですでに委員の3割以上が女性であることや女性の社会進出が進んでいるスウェーデンの事例などを紹介され，大学・研究所の教職員，学協会の役員などへの女性の積極的な登用を訴えると共に，ご自身の体験から，「実力ある男性は女性の活躍を認めるものとわかった。」等，女性研究者への激励の言葉を述べられた。また坂東内閣府男女共同参画局局長は多様性を認める職場環境，ロールモデルやネットワークの構築が重要であることを強調された。また，正式加盟学協会からの取り組み状況の報告と，当日の活発な討論をもとに「自然科学ならびに科学技術関連分野において，男女のバランスの取れた参画が今後の発展に極めて重要であることを認識し，男女共同参画社会の実現に向けて，共に協力しあいながら行動する」という趣旨のアピール文を採択している。

2. 今後の活動

運営委員会での意見交換をもとに，以下の様な取り組みを進めている。（1）大規模な意識・実態に関するアンケートを実施し，省庁・学協会などへの提言作り，（2）学術講演会時の託児室設置の普及，　（3）1周年記念行事（10月7日），（4）各学協会の役員，委員への女性の登用の推進，（5）多様な選択肢の提案，（6）異分野交流，（7）国際交流など。近日中にホームページを開設する。

参 加 費：無料（一般および第 3 回年会参加者対象；直接会場へお越しください）
問合せ先：第 3 回日本蛋白質科学会年会事務局（Tel. 06-6873-2301，E-mail:pssj2003@bcasj.or.jp）

市民講演会「ポストゲノム時代の生命科学」

共催：北大 21 世紀 COE プログラム「バイオとナノを融合する新生命科学拠点」運営委員会

6 月 24 日（火）16:00〜18:00　A 会場（1 階 大ホール）

ポストゲノム時代を迎え，生命科学の中心は私たちの体で実際に機能を果たしている蛋白質の構造および機能研究へと移ってきております。 今回，第 3 回日本蛋白質科学会年会を札幌で開催するにあたり，水溶液における蛋白質の立体構造研究法を確立した Kurt Wüthrich 教授（スイス連邦工科大学，2002 年度のノーベル化学賞受賞），蛋白質分子の 1 分子可視化を確立し細胞内における蛋白質分子の機能解析への道を開いた柳田敏雄教授（大阪大学大学院生命科学研究科）ならびに，北海道大学 21 世紀 COE プログラム拠点リーダー長田義仁教授（北海道大学副学長）を公開講演会にお招きし，ポストゲノム時代における生命科学および北海道大学におけるバイオとナノの融合を目指した新しい生命科学への取り組みについてお話しいただく予定です。第 3 回年会参加者のほか，高校生，一般市民の方の参加を募ります。なお，Kurt Wüthrich 教授の講演は日本語へ通訳いたします。

参 加 費：無料（一般および第 3 回年会参加者対象；一般参加の方は，札幌国際プラザ コンベンションビューローに電話でお申込みください Tel. 011-211-3675）
問合せ先：第 3 回日本蛋白質科学会年会事務局（Tel. 06-6873-2301，E-mail:pssj2003@bcasj.or.jp）

日本蛋白質科学会　若手の交流会

6 月 25 日（水）18:30〜20:00　H 会場（ 2 階 204 ）

（W14「未来へはばたく若手の力－蛋白質科学の今と未来－」終了後に引き続いて開催）

世話人：川原 裕之（北大薬），相沢 智康（北大理）

日本では，諸外国と比べて若手研究者同士の直接の交流が少ないとよく言われる。無論，若手同士が意見を交換し，議論し合うことは研究活動に様々な意味で非常にプラスになることは言うまでもない。特に，境界領域の学問では，様々なバックグラウンドをもつ研究者同士の出会いにより，新しい種が芽を出すことも多いのではないだろうか。その意味ではポストゲノム時代を迎え，大きな分野として広がりを見せる蛋白質科学分野においても，若手同士の直接の交流を盛んにしていくことは意義のある事であろう。

本年の蛋白質科学会年会では新しい試みとして，若手中心のワークショップ「未来へはばたく若手の力－蛋白質科学の今と未来－」（オーガナイザー：川原裕之（北大薬），相沢智康（北大理））が開かれる。加えて，このワークショップ終了後に引き続き「若手の交流会」を開く機会を頂いた。本会を各地の若手の研究者同士が顔を合わせて直接話し合える貴重な場としたい。

交流会の前半は，若手の研究活動において，今，何が問題で，若手中心により研究を活発に展開していくために，どのような形の交流が必要なのかについて，今後，日本蛋白質科学会で「若手の会」のような組織を正式に発足させるかどうかも含めて議論して行きたい。また，OHP などを自由に使える形で会場に置く予定なので，会の後半は，お互いの研究成果などを報告，紹介し合いながらのディスカッションなどに役立てて頂きたい。当日は飲み物なども用意する予定なので，和やかな雰囲気の中での活発な討論，交流を期待したい。

参 加 費：無料（第 3 回年会参加者対象；直接会場へお越しください）
問合せ先：川原 裕之（Tel. 011-706-3765，E-mail:kawahara@pharm.hokudai.ac.jp）
相沢 智康（Tel. 011-706-3806，E-mail:aizawa@sci.hokudai.ac.jp）

基調講演，シンポジウム

6月23日（月）

9：00～11：30　シンポジウム1

A会場（1階 大ホール）

S1：細胞生物学と蛋白質研究の新しい潮流
座長：横沢 英良（北大薬），田中 一馬（北大遺制研）

S1-1　**WASPファミリー蛋白質による細胞運動制御**
末次 志郎，山崎 大輔，○竹縄 忠臣（東大医科研，CREST）

S1-2　**The claudin family: A key player in the barrier function of epithelium/endothelium in multicellular organisms**
○Shoichiro Tsukita（Dept. of Cell Biol., Kyoto Univ. Fac. of Med.）

S1-3　**グリコシナプスによる細胞膜蛋白の機能調節**
○箱守 仙一郎（パシフィック，ノースウェスト医学研究所，ワシントン大学病態生物学）

6月24日（火）

9：00～11：30　基調講演

A会場（1階 大ホール）

座長：稲垣 冬彦（北大薬）

PL-1　**MALDI-MSの起源と発展**
○田中 耕一（島津製作所フェロー）

座長：甲斐荘 正恒（都立大理）

PL-2　**The NMR view of proteins**
○Kurt Wüthrich（Institut für Molekularbiologie und Biophysik, ETH Zürich, The Scripps Research Institute）

座長：金城 政孝（北大電子研）

PL-3　**1分子ナノテクノロジーで生体システムを読む**
○柳田 敏雄（大阪大学大学院生命機能研究科，医学研究科）

6月25日（水）

8：30～11：30　シンポジウム2

A会場（1階 大ホール）

S2：公募型シンポジウム
座長：五十嵐 靖之（北大薬），矢澤 道生（北大理）

S2-1　**疾病関連相互作用プロテオームの解明**
○濱里 史明，武田 志津，金子 明人，白鳥 亜希子，須藤 広明，石田 佳子，藤田 牧子，河合 知玲，井合 宏道，門間 則和，橋場 周平，箕輪 真理，坂本 健（日立・ライフサイエンス推進事業部）

S2-2　**タンパク質の運動様式から機能が読めるか？X線1分子計測の試み**
○佐々木 裕次[1,2]（SPring-8/JASRI・生物医学G[1]，JST/CREST Sasaki-team[2]）

S2-3　**大腸菌における蛋白質ジスルフィド結合導入システムの分子機構**
○稲葉 謙次[1]，高橋 洋平[2]，伊藤 維昭[2,3]（さきがけ21・科技団[1]，京都大学ウイルス研究所[2]，CREST・科技団[3]）

S2-4　**クロマチン構造変換因子群の立体構造解析を介した転写反応制御・細胞周期制御の解明**
○堀越 正美（東大・分生研・発生分化構造）

S2-5　**Structural basis of the interaction between a Ral GTP-binding protein and Sec5, a subunit of the Sec6/8 complex**
○深井 周也[1,2], Hugo T. Matern[3], Richard H. Scheller[3], Axel T. Brunger[1,2]（Department of Molecular and Cellular Physiology, Neurology and Neurological Sciences, and Stanford Synchrotron Radiation Laboratory, Stanford University[1], Howard Hughes Medical Institute[2], Genentech, Inc[3]）

S2-6　**DNA鎖伸長過程に関わる複製関連因子の分子間相互作用**
○石野 良純[1,2]，石野 園子[2]，宮田 知子[2]，大山 拓次[2]，松宮 茂樹[2]，西田 洋一[2]，真柳 浩太[2]，服部 辰彦[1]，山上 健[1]，森川 耿右[2]（九大院・農・遺伝子資源工学[1]，生物分子工学研[2]）

ワークショップ

6月23日（月）

15：30～18：30　ワークショップ1～5

B会場（1階 中ホール）

W1：構造ゲノム科学の戦略
オーガナイザー：田中　勲（北大理），田之倉 優（東大農）

W1-1　**構造ゲノム科学大学拠点の活動**
○田中 勲（北大・院理・生物科学）

W1-2　**理化学研究所構造プロテオミクス研究**
○横山 茂之（理研ゲノムセンター，理研播磨，東大院理）

W1-3　**構造ゲノム科学の特許戦略**
○隅藏 康一（政策研究院大学院大学）

W1-4　**How bioinformatics can contribute to structural genomics: a computational approach to protein families, structure and function**
○Kenji Mizuguchi（Dept. of Biochemistry, Univ. of Cambridge）

W1-5　**構造ゲノム科学時代の戦略的創薬**
○松末 朋和（持田製薬株式会社・創薬研究所・創薬基盤技術室）

W1-6　**構造ゲノム科学の将来展望**
○田之倉 優（東大・院農生科・応生化）

C会場（1階 中ホール）

W2：機能プロテオミックスの新手法
オーガナイザー：平野　久（横浜市大木原研），礒辺 俊明（都立大理）

W2-1　**新規なプロテインチップを用いた蛋白質間相互作用の解析**
○平野 久（横浜市大・木原研/院総合理）

W2-2　**蛋白質相互作用・機能複合体解析のためのLab on a chipシステムの構築**
早野 俊哉[1]，浅野 和信[2]，山内 芳雄[3]，柳田 光昭[1]，礒辺 俊明[3]，○高橋 信弘[1]（東農工大・農・応用生物[1]，ビアコア社[2]，都立大院・理・生化[3]）

W2-3　**タンパク質相互作用の大規模解析－ヒト完全長cDNAからの展開**
○夏目 徹（産総研・生物情報解析研究セ）

W2-4　**機能プロテオミクス研究を支援するタンパク質複合体の動態解析システム**
○礒辺 俊明[1,2]，山内 芳雄[2]，新川 高志[1]，田岡 万悟[1]，梶 裕之[1]，柳田 光昭[2]，早野 俊哉[2]，高橋 信弘[2,3]（都立大院・理[1]，文部科学省次世代プロテオーム解析システムプロジェクト[2]，東京農大・農[3]）

W2-5　**エレクトロケミストリーを利用した新規プロテオミクス技術開発**
○千葉 一裕，鈴木 智之，長谷川 香織，早野 俊哉，高橋 信弘（農工大・応生科）

W2-6　**ヒトクロマチンの高精度プロテオーム解析**
○福井 希一（阪大・院工・応生）

W2-7　**FT-ICRMSを用いた細胞内タンパク質分布の直接観察**
○内藤 康秀（阪大院・工・自由電子レーザー）

G会場（2階 小ホール）

W3：*in vivo* 1分子観察　―細胞生物学との接点―
オーガナイザー：金城 政孝（北大電子研），村田 昌之（生理研）

W3-1　**1分子観察でわかる細胞膜上のデジタル式シグナル変換**
○楠見 明弘（名大・院理・生命理学，名大・高等研究院，ERATO・科技振）

W3-2　**細胞内情報処理システムの1分子計測**
○佐甲 靖志（阪大・生命機能）

W3-3　**細胞質・核間輸送の1分子イメージングと定量解析**
○徳永 万喜洋[1,2,3]（国立遺伝学研究所[1]，総研大[2]，理研・免疫センター[3]）

W3-4　**蛍光相関分光法による細胞内分子間相互作用の解析**
○金城 政孝（北大・電子研・超分子）

W3-5　**セミインタクト細胞系を用いた細胞内での網羅的蛋白質機能の可視化・解析法**
○村田 昌之（岡崎・統合バイオ・ナノ形態）

H会場（2階 204）

W4：今膜蛋白がおもしろい：その多彩な機能と作動機構
オーガナイザー：加茂 直樹（北大薬），出村　誠（北大理）

W4-1　**ロドプシンの高分解能構造解析**
○岡田 哲二[1,2]（産総研・生物情報[1]，CREST，科技団[2]）

W4-2　**Archaeal rhodopsinを介する光信号伝達**
○加茂 直樹（北海道大学大学院薬学研究科）

W4-3　**RND-トランスポーターの異物認識ドメインの同定と排出の機序**
○中江 太治，江田 志磨，官 蘭（東海大・医・分子生命）

W4-4　**酸性コンパートメントの多彩な機能を担う液胞型プロトンポンプ**
○和田 洋，二井 將光（阪大・産研・生体応答）

W4-5　**一価陽イオン輸送ポンプの多量体構造と作動機構**
○嘉屋 俊二[1]，阿部 一啓[1]，今川 敏明[1]，林 雄太郎[2]，菊本 真人[3]，大岩 和弘[3]，加藤 剛志[4]，矢澤 道生[1]，谷口 和弥[1]（北大院・理・化学[1]，杏林大・医[2]，通総研・関西先端セ[3]，旭川医大・医[4]）

W4-6　**膜タンパク質の構成原理から見たゲノム中の膜タンパク質**
○美宅 成樹（名大・工・応用物理）

I会場（2階 206）

W5：プロテイン・インフォマティクス
オーガナイザー：中村 春木（阪大蛋白研）

W5-1　**蛋白質情報科学からプロテオーム情報科学へ**
○中村 春木（阪大・蛋白研）

W5-2　**蛋白質の折りたたみとエネルギー地形**
○高田 彰二[1,2]，千見寺 浄慈[1]，藤墳 佳見[1]（神大・理[1]，科技団さきがけ[2]）

W5-3　**蛋白質の疎水核の構造と折り畳みに果たすその役割**
○曽田 邦嗣[1]，ロジ イスマイル　エコ.[1]，山田 豊[1]，次賀 慶太郎[1]，関 安孝[2]，鄉 通子[2]（長岡技科大・生物系[1]，長浜バイオ大・バイオサイエンス[2]）

W5-4　**分子表面の形状及び物性の類似性検索による蛋白質の生化学機能部位の推定**
○木下 賢吾[1,2]（横浜市大・院・総合理学[1]，科技団・さきがけ[2]）

W5-5　**潜在変数モデルによるタンパク質間相互作用の予測**
○馬見塚 拓（京都大学化学研究所）

W5-6　**遺伝子発現プロファイルからのDNA-Protein相互作用推定**
○堀本 勝久，油谷 幸代（東大・医科研・ゲノムセンター）

6月24日（火）

15：30～18：30　ワークショップ6～10

B会場（1階 中ホール）

W6：進化する構造生物学　―原子レベルから細胞レベルまで―
オーガナイザー：伊倉 光彦（トロント大），津田　栄（産総研）

W6-1　**蛋白質NMRにおける立体整列同位体標識法の開発**
○甲斐荘 正恒，鳥澤 拓也，寺内 勉（都立大・院・理）

W6-2　**複製後修復に働くXPF/Rad1/Mus81古細菌相同蛋白質Hefの立体構造と機能**
西野 達哉[1]，小森 加代子[1]，石野 良純[1,2]，○森川 耿右[1]（生物分子工研[1]，九大・院農[2]）

W6-3　**Structural Basis for Ca^{2+}/IP_3 Signalling**
I. Bosanac[1]，J. Alattia[1]，T. K. Mal[1]，J. Chan[1]，S. Talarico[1]，F. K. Tong[1]，K. I. Tong[1]，F. Yoshikawa[2]，T. Furuichi[2]，M. Iwai[2,3]，T. Michikawa[2,3]，K. Mikoshiba[2,3]，○M. Ikura[1]（Ontario Cancer Institute and, University of Toronto, Toronto, Canada[1]，RIKEN, 2-1 Hirosawa, Wako, Japan[2]，University of Tokyo, Tokyo, Japan[3]）

W6-4　**蛍光蛋白質とイメージング**
○宮脇 敦史（理研・脳科学総合研究センター）

W6-5　**抗原に応答する細胞増殖スイッチ**
○長棟 輝行[1]，河原 正浩[1]，木村 寛子[1]，金子 悦士[1]，十河 孝浩[1]，小郷 裕子[1]，上田 宏[2]（東大・工・化生[1]，東大・新領域・先端生命[2]）

W6-6　**細胞膜とアクチンフィラメントのインターフェースとしてのERM蛋白質―分子構造からin vivoでの機能解析まで**
○月田 早智子（京大・医療短大）

C会場（1階 中ホール）

W7：ファルマコプロテオミックス　―プロテオーム解析から創薬標的分子のデザイン―
オーガナイザー：野口 照久（テノックス研），古谷 利夫（ファルマデザイン）

W7-1　**Pharmacoproteomics：－プロテオームから創薬標的分子のデザイン－**
○野口 照久（テノックス研究所）

W7-2　**ゲノム／プロテオームから創薬ターゲット分子の探索**
○古谷 利夫（株式会社ファルマデザイン）

W7-3　**創薬遺伝学とプロテオーム**
○長洲 毅志（エーザイ・シーズ研究所）

W7-4　**蛋白質間相互作用をNMRで如何にして観測するか？**
○嶋田 一夫（東大・院薬系，産総研・BIRC）

W7-5　**修飾特異的モノクローナル抗体の利用法**
-細胞周期G2/M期を制御するキナーゼAuroraを例に-
○浦野 健（名大・院医・分子細胞化学）

W7-6　**GPCRのリガンド認識と創薬デザイン**
○石黒 正路（サントリー生有研）

G会場（2階 小ホール）

W8：次世代ポストゲノム研究 ―糖鎖，脂質による蛋白機能調節―
オーガナイザー：井ノ口仁一（北大薬），西村紳一郎（北大理，産総研）

W8-1　孤児Gタンパク共役型受容体の脂質リガンド探索
○清水 孝雄（東大院医・細胞情報）

W8-2　シグナル分子としてのスフィンゴシン1－リン酸の可能性
○五十嵐 靖之（北大・院・薬）

W8-3　DGキナーゼの作用機構
坂根 郁夫[1]，今井 伸一[1]，山田 恵子[2]，○加納 英雄[1]（札医大・医・生化2[1]，札医大・保健医療・一般教育[2]）

W8-4　スフィンゴ糖脂質マイクロドメインと病態
○井ノ口 仁一（北大・院・薬）

W8-5　プロテオグリカン糖鎖の機能発現
○菅原 一幸（神戸薬大・生化）

W8-6　セレクチンを介した細胞接着の糖鎖による制御
○神奈木 玲児（愛知がんセ・分子病態）

W8-7　糖鎖の構造解析法と合成法の開拓
○西村 紳一郎（北海道大学大学院理学研究科，産業技術総合研究所・北海道センター・糖鎖工学研究センター）

H会場（2階 204）

W9：今日の蛋白質フォールディング研究　―フォールディング病研究をふくめて―
オーガナイザー：新田 勝利（北大理），桑田 一夫（岐阜大医）

W9-1　α－ラクトアルブミンとカルシウム結合リゾチームのフォールディング
○水口 峰之（富山医薬大・薬）

W9-2　蛋白質のフォールディング・エレメント
○新井 宗仁，巌倉 正寛（産総研・生物機能・蛋白質デザイン）

W9-3　多次元NMRによるアミロイド線維高次構造の解析
○星野 大[1]，加藤 秀典[1]，大橋 祐美子[1]，長谷川 一浩[2]，内木 宏延[2]，後藤 祐児[1]（阪大・蛋白研[1]，福井医大・第二病理[2]）

W9-4　プリオン蛋白の構造と病原性
○村本 環（東北大・院・医）

W9-5　アミロイド線維形成・沈着の分子機構―アルツハイマー病，透析アミロイドーシスを中心に
○内木 宏延（福井医大・病理2）

W9-6　フォールディング病としてのポリグルタミン病とその治療標的
○永井 義隆[1]，乾 隆[2,3]，ポピエル ヘレナ 明子[1]，長谷川 一浩[4]，藤掛 伸宏[1]，福井 健司[1]，内木 宏延[4]，裏出 良博[2]，戸田 達史[1]（阪大・医・ゲノム機能[1]，大阪バイオ研・2部[2]，三重短大・生活・栄養[3]，福井医大・2病理[4]）

I会場（2階 206）

W10：*in silico*でゲノム・プロテオームはどこまで解明できるか　―コンピュータによる解析方法とその適用―
オーガナイザー：由良　敬（原研），太田 元規（東工大学術国際情報セ）

W10-1　PSORT：タンパク質の細胞内局在部位予測システム
○中井 謙太（東大・医科研・ヒトゲノム解析セ）

W10-2　FORTE1：クラスタシステムを利用した大量配列情報処理による構造認識
○富井 健太郎（産総研・CBRC）

W10-3　**GTOP：ゲノム規模立体構造予測とその応用研究**
○福地 佐斗志，深海 - 小林 薫（遺伝研・生命情報）

W10-4　**MATRAS : タンパク質立体構造比較プログラム**
○川端 猛（奈良先端大・情報）

W10-5　**大規模分子シミュレーションで迫る生体超分子の作動機構**
○北尾 彰朗[1]，城地 保昌[3]，石田 恒[2,3]，郷 信広[2,3,4]（東大・分生研[1]，原研　計算科学セ[2]，原研　中性子利用セ[3]，奈良先端大　院情報科学[4]）

W10-6　**P-cats: タンパク質立体構造からの機能部位推定**
○太田 元規[1]，木下 賢吾[2]（東工大・学国情セ[1]，横市大・院・総理[2]）

6月25日（水）

15：30～18：30　ワークショップ11～14

B会場（1階 中ホール）

W11：ポストゲノム時代の遺伝子ネットワーク解析
オーガナイザー：柳川 弘志（慶應大理工），斎藤 輪太郎（慶應大先端研）

W11-1　**信頼性の高いタンパク質間相互作用ネットワークの構築とマイニング**
○斎藤 輪太郎[1]，冨田 勝[1]，鈴木 治和[2]，林崎 良英[2]（慶大・先端生命研[1]，理研・GSC・遺伝子構造機能/生体分子機能[2]）

W11-2　**大腸菌の網羅的蛋白質間相互作用解析によるネットワーク構築にむけて**
○和田 千惠子[1,2]，Md Arifuzzaman[3,4]，前田 真希[1,2]，大島 拓[4]，金谷 重彦[5]，荒 武[6]，森 浩禎[2,3,4,6]（京都大・ウイルス研[1]，科技団・CREST[2]，新エネルギー産業技術総合開発機構・NEDO[3]，奈良先端大・遺伝子教育研究センター[4]，奈良先端大・情報[5]，慶応大・先端生命研[6]）

W11-3　**出芽酵母のインタラクトーム解析**
○伊藤 隆司（東大・新領域・情報生命／金沢大・がん研）

W11-4　**マウスP19細胞の神経分化における遺伝子ネットワークの解析**
○内田 和彦[1]，植松 直也[1]，牧 幸浩[2]，岡本 正宏[2]，（筑波大・基礎医・生化[1]，九州大・農学・生物機能[2]）

W11-5　***in vitro* virus法による網羅的遺伝子ネットワーク解析**
○宮本 悦子，柳川 弘志（慶應大・院・理工）

W11-6　**C末端蛍光標識タンパク質を用いたプロテインチップ法と蛍光相互相関分光法によるタンパク質間相互作用解析**
○柳川 弘志（慶應大・院理工）

C会場（1階 中ホール）

W12：組換え蛋白質生産技術の新展開
オーガナイザー：田村 具博（産総研），中野 秀雄（名大生命農）

W12-1　**ロドコッカス属細菌を用いた新規組換えタンパク質生産システム**
○田村 具博（産総研・生物機能工学）

W12-2　**分裂酵母を用いた組換えタンパク質生産技術**
○東田 英毅（旭硝子・ASPEX）

W12-3　**カイコを用いた動物サイトカインの生産**
○田中 貴，山田 勝成（東レ株式会社化成品研究所）

W12-4　機能・構造解析におけるカイコ蛹による実用的タンパク質生産系
○武内 恒成[1]，鈴木 健夫[2]（名大・院理・生命理学[1]，片倉工業・中央蚕研[2]）

W12-5　昆虫ウイルスの多角体を利用したプロテインビーズの開発
○池田 敬子[1]，中澤 裕[1]，森 肇[1,2]（(株) プロテインクリスタル[1]，京都工芸繊維大学[2]）

W12-6　コムギ胚芽を用いるゲノムスケールハイスループット無細胞タンパク質合成法
○遠藤 弥重太，澤崎 達也，高井 和幸，川崎 平康（愛大・工・応化，無細胞センター）

W12-7　新規生体外遺伝子発現系 PURE システムの応用と可能性
○上田 卓也（東大・新領域・先端生命）

W12-8　無細胞タンパク質合成系によるハイスループットスクリーニング技術
○中野 秀雄，山根 恒夫（名大・院生命農）

G 会場（2 階 小ホール）

W13：構造生物学 2003
オーガナイザー：神田 大輔（九大生医研），箱嶋 敏雄（奈良先端大）

W13-1　カルシウムシグナリングに関わる植物由来のカルシウムセンサーの構造
○清水 敏之[1,2]，長江 雅倫[1]，野沢 彰[2]，小泉 望[2]，佐野 浩[2]，橋本 博[1]，佐藤 衛[1]（横浜市大・生体超分子[1]，奈良先端大[2]）

W13-2　トリパノソーマ由来プロスタグランジン F2a 合成酵素の結晶構造：アルド-ケト還元酵素によるプロスタグランジン F2a の合成に関する知見
○井上 豪[1,2]，岡野 洋介[2]，Bruno K. Kubata[3]，Zakayi Kabututu[3,4]，Craig. J. Munday[3]，Michael Deszenko[5]，Samuel K. Martin[6]，Michael Lazarus[3]，藤 博幸[7]，松村 浩由[1]，甲斐 泰[1]，裏出 良博[3]（阪大・院工・物質化学[1]，さきがけ 21[2]，大阪バイオ研[3]，阪大・微研[4]，Physiologisch-chemisches Inst. der Universitat Tubingen[5]，United States Army Medical Res. Unit-Kenya[6]，生物分子工学研究所[7]）

W13-3　メチル基転移酵素に見いだされた新規結び目構造とその機能
○濡木 理[1,2,3,4]，堀 弘幸[5]，横山 茂之[3,4]（東工大・院生命理工[1]，さきがけ 21[2]，東大・院理[3]，理研[4]，愛媛大[5]）

W13-4　ヒト FEN-1/PCNA 複合体の立体構造が示唆する FEN-1 の動き
櫻井 滋[1]，○北野 健[1]，山口 寛人[2]，岡田 健吾[1]，浜田 恵輔[1]，森岡 弘志[3]，箱嶋 敏雄[1,2]（奈良先端大・構造生物学[1]，CREST, JST[2]，北大・薬[3]）

W13-5　Tob の構造生物学
○堀内 正隆[1,2]，鈴木 展生[1,2]，室屋 伸行[1]，髙橋 清大[1,2]，吉田 富[3]，中村 能久[3]，都竹 順子[3]，山本 雅[3]，稲垣 冬彦[1,2]（北大・院・薬[1]，タンパク 3000[2]，東大・医科研・癌細胞シグナル[3]）

W13-6　免疫グロブリン様レセプター群の分子認識
○前仲 勝実（九大・生医研）

H 会場（2 階 204）

W14：未来へはばたく若手の力　―蛋白質科学の今と未来―
オーガナイザー：川原 裕之（北大薬），相沢 智康（北大理）

W14-1　昆虫由来サイトカインの立体構造と機能
○相沢 智康（北大・理・生科）

W14-2　不凍タンパク質研究の最前線　―基礎から応用まで―
○三浦 和紀[1]，西宮 佳志[1]，小橋川 敬博[1]，田中 正太郎[1]，加賀谷 奈穂[1]，佐藤 涼子[1]，三浦 愛[1]，髙道 学[2]，津田 栄[1]（産総研・生物機能工学[1]，北大・理・生物科学[2]）

W14-3　細胞極性を制御する新規ドメイン PB1 の立体構造と分子認識機構
○吉永 壮佐[1,2]，平野 良憲[1]，小椋 賢治[1]，国府島 庸之[3]，藤岡 優子[1,2]，横地 政志[1,2]，住本 英樹[2,3]，稲垣 冬彦[1,2]（北大・院薬・構造生物[1]，タンパク 3000[2]，九大・生医研・増殖分化制御[3]）

W14-4　ユビキチンリガーゼ SCFFbs1 における糖鎖認識の構造学的理解
○水島 恒裕[1,2]，李 守宰[3]，千葉 智樹[4]，吉田 雪子[4]，月原 冨武[3]，田中 啓二[4]（名大院・工[1]，科技団・さきがけ[2]，阪大・蛋白研[3]，都・臨床研[4]）

W14-5　チロシンキナーゼCskのドメイン間相互作用と機能
○小川 輝[1]，岡田 雅人[2]，中川 敦史[1]，月原 冨武[1]（阪大・蛋白研[1]，阪大・微研[2]）

W14-6　膜タンパク質を対象としたインフォマティクス解析
○広川 貴次（産総研・生命情報科学・分子設計）

W14-7　アクトミオシンの一方向的な滑り運動とエネルギーランドスケープ理論
○寺田 智樹（名大・院情報科学・複雑系科学）

W14-8　カルパインの生理機能解明に向けて---組織特異的カルパインの解析---
○秦 勝志[1]，小野 弥子[1,2]，木村 映一[1]，川畑 順子[1,2]，鳥居 福代[1]，吉岡 克英[1]，阿部 啓子[1]，鈴木 紘一[3]，反町 洋之[1,2]（東大院・農生科[1]，CREST, 科学技術振興事業団[2]，都老人研[3]）

W14-9　線虫CCCH型Zinc-finger蛋白質の構造と生殖系列における役割
嶋田 益弥，○川原 裕之（北大・薬・生化）

ワークショップ14「未来へはばたく若手の力─蛋白質科学の今と未来─」終了後に，「日本蛋白質科学会　若手の交流会」を開催しますので，若手研究者のご参加をお待ちしております。詳細は (14) ページをご参照ください。

ランチョンセミナー

6月23日（月）

12：00～13：00　ランチョンセミナー1～6

D会場（1階107）

ランチョンセミナー1　　株式会社リガク
タンパク質構造解析の新展開

司会：桜井 和彦（株式会社リガク）

1．CrK α線を用いたSAD法による位相決定
　　山野 昭人（理学電機株式会社 X線研究所）

E会場（1階108）

ランチョンセミナー2　　株式会社島津製作所
プロテオミクスの最先端

司会：小林 章一（島津バイオテック）

1．AXIMA-CFRおよびAXIMA-QITを用いた蛋白質の同定と翻訳後修飾の解析
　　戸田 年総（東京都老人総合研究所 プロテオーム共同研究センター）
2．プロテオーム関連機器の紹介
　　株式会社島津製作所

F会場（1階104＋105）

ランチョンセミナー3　　カールツァイス株式会社

司会：石館 文善（カールツァイス株式会社 マイクロスコープディビジョン）

1．蛍光相互相関分光法（FCCS）の原理と分子間相互作用の解析への応用
　　金城 政孝（北海道大学 電子科学研究所 超分子分光研究分野）
2．生きた細胞で分泌系蛋白質の成熟化を研究するには～小胞体内ダイナミクスの解析
　　和田 郁夫（福島県立医科大学 医学部附属 生体情報伝達研究所 細胞科学研究部門，CREST・科技団）

I会場（2階206）

ランチョンセミナー4　　ブルカー・ダルトニクス株式会社

司会：弦巻 誠一郎（ブルカー・ダルトニクス株式会社）

1．マススペクトロメトリーによるプロテオミクス統合的解決法
　　Marcus Macht（Bruker Daltonik GmbH）

J会場（2階207）

ランチョンセミナー5　　アマシャム バイオサイエンス株式会社

タンパク質機能・構造解析を飛躍させる次世代支援技術のご紹介

司会：中尾 順二（アマシャム バイオサイエンス株式会社 プロテオミクス部）

1．蛍光標識二次元電気泳動法によるタンパク質発現ディファレンシャル解析の実際
　　野田 徹二（アマシャム バイオサイエンス株式会社 プロテオミクス部）
2．Automated multistep purification of tagged proteins for high throughput structural studies
　　Nina Forsberg（Amersham Biosciences AB, Uppsala, Sweden）

K会場（2階201＋202）

ランチョンセミナー6　　プロメガ株式会社

網羅的なプロテオミクス研究のためのハイスループット構造・機能解析法

司会：長谷川 明（プロメガ株式会社 マーケティング部）

1．プロテオミクスにおける蛋白質構造解析技術の進歩
　　山本 謙治（株式会社アプロサイエンス）
2．効果的な蛋白質機能解析ツールとしてのin vitro 発現システム
　　本間 直幸（プロメガ株式会社 テクニカルサービス部）

6月24日（火）

12：00～13：00　ランチョンセミナー7～12

D会場（1階107）

ランチョンセミナー7　　オリンパス光学工業株式会社

1分子蛍光分析が拓く分子間相互作用の新しい世界

司会：小島 清嗣（オリンパス光学工業株式会社 光学機器国内営業部 ゲノム営業グループ）

1．蛍光相関法ならびに蛍光相互相関法を用いた生体分子間相互作用の解析
　　金城 政孝（北海道大学 電子科学研究所 超分子分光分野）
2．広がる1分子蛍光分析法の応用（1分子蛍光分析装置MF20を活用して）
　　山田 純史（オリンパス光学工業株式会社 ゲノム医療事業推進室 開発2グループ）

E会場（1階108）

ランチョンセミナー8　日本バイオ・ラッド ラボラトリーズ株式会社

An Integrated Data Management System for 2D/MS-based Proteomics

司会：奥津 徹（日本バイオ・ラッド ラボラトリーズ株式会社 マーケティング ライフサイエンス事業本部）

1．Bio-Rad's approach to analyze complex proteomic models
　　Bruce Sadownick（Software and Bioinformatics Business Unit, Bio-Rad Laboratories）
2．WorksBaseを用いたプロテオームインフォマティクス
　　戸田 年総（東京都老人総合研究所 プロテオーム共同研究センター）

F会場（1階104＋105）

ランチョンセミナー9　株式会社菱化システム

蛋白質の構造に基づく薬物設計

司会：片岡 良一（株式会社菱化システム 計算科学部）

1．MOEを用いたファーマコフォアモデルによるリガンド候補化合物検索・ドッキング
　　片岡 良一（株式会社菱化システム 計算科学部）
2．全身麻酔薬とHuman Serum AlbuminのDocking研究　－麻酔薬結合部位の解明をめざして－
　　瀬戸 倫義（滋賀医科大学 医学部 麻酔学講座）

I会場（2階206）

ランチョンセミナー10　タカラバイオ株式会社

タカラバイオ（株）ランチョンセミナー

司会：嶋中 一夫（タカラバイオ株式会社 バイオ研究所）

1．大腸菌コールドショック発現系を用いた組み換え蛋白質の発現
　　髙蔵 晃（タカラバイオ株式会社 製造部）

J会場（2階207）

ランチョンセミナー11　サーモエレクトロン株式会社／エーエムアール株式会社

MSを用いたプロテオミクス解析の最新技術セミナー　－MSでなにができる？なにがわかる？－

司会：幅 俊之（サーモエレクトロン株式会社 SID営業部）

1．プロテオミクスの新テクノロジー Toward industrialization of proteome analysis
　　西村 俊秀（東京医科大学 臨床プロテオームセンター）
2．最新マルチディメンジョナルLCシステムを用いたLC/MSの実際
　　板東 泰彦（エーエムアール株式会社）
3．蛋白質科学における超高分解能・高質量精度質量分析計の役割と応用
　　窪田 雅之（サーモエレクトロン株式会社）

K会場（2階201＋202）

ランチョンセミナー12　　インビトロジェン株式会社

ベンチトッププロテオームとGateway® テクノロジー

司会：今本 文男（大阪大学 微生物病研究所 分子生物学寄附研究部門）

1．"Zooming in"手法を用いた二次元電気泳動によるタンパク質分離分析
　　浜野 真城（インビトロジェン株式会社 プロダクトライン）
2．Gateway® テクノロジーのための受託サービス
　　森田 良治（インビトロジェン株式会社 ジェノミクス／サービス サービスラボ）

6月25日（水）

12：20～13：20　ランチョンセミナー13～18

D会場（1階107）

ランチョンセミナー13　　テカン ジャパン株式会社

プロテオミクス研究の最前線

司会：長尾 卓也（テカンジャパン株式会社 シニアアプリケーションスペシャリスト）

1．プロテオミクスのための巨大ゲルを用いた二次元電気泳動法
　　稲垣 直之（奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科 細胞内情報学講座，
　　科学技術振興事業団 さきがけ研究21「認識と形成」）
2．大規模臨床プロテオーム解析のための技術的戦略
　　川上 隆雄（東京医科大学 臨床プロテオームセンター）
3．ハイスループット構造解析をめざして
　　加藤 龍一（高エネルギー加速器研究機構 物質構造科学研究所 放射光研究施設（PF））

E会場（1階108）

ランチョンセミナー14　　日本ミリポア株式会社

プロテオーム・クロニクル　－プロテオーム研究の軌跡と現在－

司会：村上 香（日本ミリポア株式会社 ライフサイエンス事業部）

1．プロテオーム研究におけるサンプル取り扱い上の問題点と解決法について
　　戸田 年総（東京都老人総合研究所 プロテオーム共同研究グループ）
2．プロテオーム解析における、ミリポア・テクノロジーの軌跡と今後の展開
　　Bill Kopaciewicz （Millipore Corporation, Life Science Division）
3．プロテオーム解析に必要な超純水の精製方法とその管理方法
　　石井 直恵（日本ミリポア株式会社 ラボラトリーウォーター事業部）

F会場（1階104＋105）

ランチョンセミナー15　日立ソフトウェアエンジニアリング株式会社

タンパク質機能解析のためのバイオインフォマティクス

司会：山本 顕次（日立ソフトウェアエンジニアリング株式会社）

1．機能予測の新しい流れ
　藤 博幸（京都大学 化学研究所 バイオインフォマティクスセンター）
2．タンパク質機能予測の実際
　金井 理（株式会社ファルマデザイン バイオインフォマティクス部）

I会場（2階206）

ランチョンセミナー16　ビアコア株式会社

タンパク質複合体の自動解析におけるBiacoreの役割　－SPR-MSの過去、現在、そして未来－

司会：大橋 武（ビアコア株式会社 営業部フィールドサイエンティストグループ）

1．SPR-MS 過去・現在・未来
　浅野 和信（文部科学省次世代プロテオームプロジェクト、ビアコア株式会社 開発部）
2．タンパク質複合体解析のためのBIA-MSシステムの開発
　早野 俊哉（文部科学省次世代プロテオームプロジェクト、東京農工大学 農学部）

J会場（2階207）

ランチョンセミナー17　ベックマン・コールター株式会社

ベックマン・コールター Proteome Lab　タンパク質研究への新たなアプローチ

司会：小林 俊博（ベックマン・コールター株式会社 バイオメディカルリサーチ本部 マーケティング）

1．タンパク2次元分画システム ProteomeLabTM PF2D
　新井 悦郎（ベックマン・コールター株式会社 バイオメディカルリサーチ本部）
2．超遠心分析による蛋白質複合体の解析
　有坂 文雄（東京工業大学 大学院 生命理工学研究科）

K会場（2階201＋202）

ランチョンセミナー18　三菱スペース・ソフトウェア株式会社

Kurt Wüthrich, Ph. D.（ノーベル化学賞受賞者），William A. Goddard, Ph. D.（アメリカン化学賞とファイマン賞受賞者），Eidogen社が共同開発した「標的情報システム」の発表会

司会：畠山 隆（三菱スペース・ソフトウェア株式会社 事業推進部）

1．蛋白質立体構造決定システムによる革新的な新薬開発
　Derek. A. Debe（Eidogen社）

ポスターセッション

6月23日（月）

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

蛋白質構造，物性，フォールディング　1P-001～1P-057

1P-001　II型制限エンドヌクレアーゼ EcoO109I の結晶構造
○橋本 博[1]，今崎 剛[1]，加藤 祭[1]，清水 敏之[1]，佐藤 衛[1]，喜多 恵子[2]，宮野 雅司[3]（横浜市大・総合理学[1]，京大・農[2]，播磨理研[3]）

1P-002　好アルカリ性細菌 *Bacillus* sp.707 由来マルトヘキサオース生成アミラーゼの結晶構造解析
○金井 隆太[1,2]，羽賀 敬子[1]，野上 太司[1]，山根 國男[1]，秋葉 俊彦[2]，原田 一明[2]（筑波大・生物[1]，産総研・生物情報[2]）

1P-003　古細菌の FKBP の２つの機能の分子機構
○鈴木 倫太郎[1,2]，永田 宏次[2]，湯本 史明[2]，川上 将[2]，根本 暢明[3]，古谷 昌弘[4]，足立 恭子[1]，丸山 正[1,5]，田之倉 優[2]（海洋バイオ研[1]，東大・農・応生化[2]，日本電子[3]，積水化学[4]，海洋科技セ[5]）

1P-004　プロテインジスルフィドイソメラーゼのドメイン間相互作用の NMR 解析
○山口 芳樹[1]，宮崎 千穂[1]，中野 路子[1]，原田 拓志[1]，栗本 英治[1]，浅見 修[2]，梶野 勉[2]，稲葉 謙次[3]，加藤 晃一[1]（名市大・院薬[1]，豊田中研[2]，京大・ウイルス研[3]）

1P-005　クロマグロヘモグロビンの X 線結晶構造解析
○横山 武司[1]，チョン クンティー[2]，雲財 悟[1]，宮崎 源太郎[2]，森本 英樹[2]，Jeremy Tame[1]，朴 三用[1]（横市・総合理学[1]，阪大・基礎工・システム[2]）

1P-006　カルモジュリンの標的認識機構の多様性：MARCKS ファミリー蛋白質とカルモジュリン複合体の X 線結晶構造解析を例として
○松原 守（日本オルガノン株式会社医薬研究所）

1P-007　穏和な非イオン性界面活性剤を用いた可溶化による膜タンパク質バテクテリオロドプシンの構造変化：赤外およびラマン分光法による研究
○園山 正史[1]，長谷川 健[2]，美宅 成樹[1,3]（東京農工大・工・生命工[1]，日大・生産工・応用分子[2]，現名大・院工・応物[3]）

1P-008　ATP 結合に伴う古細菌型シャペロニンの構造変化
○飯塚 怜[1]，吉田 尊雄[2]，庄村 康人[3]，三木 邦夫[3]，丸山 正[4]，伊野部 智由[5]，桑島 邦博[5]，養王田 正文[1]（東京農工大・工[1]，京大・再生研[2]，京大院・理[3]，海洋科学技術センター[4]，東大院・理[5]）

1P-009　フック-フィラメント連結蛋白質 HAP1 の結晶構造と連結モデル
○今田 勝巳[1,2,3]，松波 秀行[2,3]，山根 みどり[1,3]，Jeremy Tame[3]，Fadel Samatey[1,2,3]，長島 重広[2,3]，難波 啓一[1,2,3]（阪大・院生命機能[1]，科技団・ICORP[2]，科技団・ERATO[3]）

1P-010　サルモネラ菌べん毛特異的輸送装置タンパク質 FlhA の細胞質領域の構造的特性
○西條 由見子[1]，南野 徹[1]，難波 啓一[1,2]（科技団・超分子ナノマシンP[1]，阪大院・生命機能[2]）

1P-011　タイワンカブトムシの体液中ペプチド，オリクチンの NMR による立体構造解析
○永田 宏次[1]，石橋 純[2]，山川 稔[2]，湯本 史明[1]，田之倉 優[1]（東大・院農生科・応生化[1]，農生資研[2]）

1P-012　アルギニンtRNA 特異的リボヌクレアーゼの立体構造解析
○矢嶋 俊介[1]，中西 孝太郎[2]，小川 哲弘[2]，日高 真誠[2]，野中 孝昌[3]，大澤 貫寿[1]，正木 春彦[2]（東農大・応生科・バイオ[1]，東大院・農生科・応生工[2]，長岡技科大・生物[3]）

1P-013　高度好熱菌由来 fatty acyl-CoA ligase の X 線結晶構造決定及び反応機構の解明
○久永 裕子[1]，宮野 雅司[2]，盛 英三[1]，倉光 成紀[3,4]，横山 茂之[5,6,7]，吾郷 日出夫[2]（国循・心臓生理[1]，播磨理研・構物生物物理[2]，阪大・院・理・生物科学[3]，播磨理研・ストラクチュローム[4]，東大・院・理・生物化学[5]，理研・ゲノム[6]，播磨理研・細胞情報伝達[7]）

1P-014　光サイクルにおけるバクテリオロドプシン１分子ダイナミクス
○奥村 泰章[1,2,3]，岡 俊彦[2]，谷口 彬雄[1]，佐々木 裕次[2,3,4]（信大・院・工[1]，SPring-8/JASRI[2]，科技団/戦略（佐々木チーム）[3]，阪大・蛋白研[4]）

1P-015 ヒイロチャワンタケ由来レクチンの結晶構造とフコース認識機構
藤橋 雅宏[1]，Diane H. Peapus[1]，神谷 信夫[2]，長田 嘉穂[3]，○三木 邦夫[1,2]（京大・院理[1]，理研播磨[2]，千葉大・園芸[3]）

1P-016 基質アナログとの共結晶構造解析によるODCaseの脱炭酸機構の考察
○Masahiro Fujihashi[1]，Subhash C. Annedi[2]，Lakshmi P. Kotora[2,3]，Emil F. Pai[1,4]（Div. of Mol. & Struct. Biol., Ontario Cancer Inst.[1]，Facul. of Pharm., Univ. of Toronto[2]，MDIT Center, Univ. of Toronto[3]，Dept. of Biochem., Univ. of Toronto[4]）

1P-017 偏光赤外分光法を用いたβ2-ミクログロブリン（21-31）ペプチドのアミロイド線維構造の研究
○平松 弘嗣[1]，後藤 祐児[2]，内木 宏延[3]，北川 禎三[1]（岡崎・統合バイオ[1]，阪大・蛋白研[2]，福井医大[3]）

1P-018 ^{13}C,^{15}N均一標識H^+-ATP合成酵素subunit *c*の固体NMR測定と解析
○小林 将俊[1,2]，江川 文子[1]，藤原 敏道[1]，阿久津 秀雄[1,2]（阪大・蛋白研[1]，JST CREST[2]）

1P-019 超好熱始原菌由来新規転写関連因子（Tk-TIP26）の構造解析
○山本 喬彦[1]，松田 知己[2]，松村 浩由[1]，井上 豪[1]，森川 正章[2]，金谷 茂則[2]，甲斐 泰[1]（阪大・院工・物質化学[1]，阪大・院工・物質生命[2]）

1P-020 CTPシンターゼのX線結晶構造解析
○後藤 勝[1]，近江 理恵[2,3]，宮原 郁子[2,3]，広津 建[2,3]（阪大・院理[1]，大阪市大・院理[2]，理研・播磨研[3]）

1P-021 クロマトグラフィー用グラジェントポンプを使ったタンパク質結晶用Grid Screening溶液の調整
○梅名 泰史，阿部 真琴，鈴木 雅洋，森本 幸生（京大・原子炉）

1P-022 FMN結合タンパク質に存在するThr-Trp-Asn配列の役割
○北村 昌也[1]，金沢 幸雄[1]，井上 英夫[1]，林田 拓生[2]，柴田 直樹[2]，樋口 芳樹[2]（阪市大・院工・化生[1]，姫工大・院理・生命科学[2]）

1P-023 好熱菌*Bacillus stearothermophilus*由来グルタミンシンセターゼの結晶化とX線解析
○鈴木 薫[1,2]，角田 大[3]，中村 和郎[3]，Md. Tofazzal Hossain[4]，安達 渉[4]，竹中 章郎[4]，関口 武司[2]（東大・院農生科[1]，いわき明星大・理工[2]，昭和大・薬[3]，東工大・院生命理工[4]）

1P-024 X線溶液散乱法を用いたプロスタグランジンD合成酵素の構造変化に関する研究
○乾 隆[1,2]，井上 勝晶[3]，大久保 忠恭[4]，裏出 良博[2]，八木 直人[3]（三重短大・生活科学・栄養[1]，大阪バイオ研・分子行動生物[2]，SPring-8・JASRI[3]，阪大・薬・高分子化[4]）

1P-025 シャペロニンGroEL構造変化の1分子計測
○宮崎 拓也[1,2]，奥村 泰章[1,2,3]，河田 康志[4]，佐々木 裕次[1,2,5]（SPring-8/JASRI[1]，科技団・戦略・佐々木チーム[2]，信州大・院工・生物機能[3]，鳥取大・工・生物応用工[4]，阪大・蛋白研[5]）

1P-026 タンパク質の熱安定性とフォールディングを保障する疎水性コアの形成条件
○門之園 哲哉[1]，茶谷 絵理[1]，林 力丸[1]，森山 英明[2]，植木 龍夫[2]（京大・院農・応用生命[1]，（財）高輝度光科学研究センター[2]）

1P-027 変異導入による蛋白質の結晶化とそのX線結晶構造解析
○宮田 幸平，藤木 伸哉，小坂 恵，二見 淳一郎，多田 宏子，妹尾 昌治，山西 守，山田 秀徳（岡山大・自（工））

1P-028 *Streptomyces griseus*由来キチナーゼCの結晶構造解析
○毛塚 雄一郎[1]，大石 学[1]，渡部 潤[2]，伊東 義兼[2]，渡邉 剛志[2]，野中 孝昌[1]（長岡技大・生物[1]，新大・農・応生化[2]）

1P-029 高度好熱菌*Thermus thermophilus*のアラニンラセマーゼの分子構造解析と結晶化
○稲垣 賢二[1,2]，岬 真太郎[3]，白神 智行[1]，上前 智[1]，田村 隆[1,2]，佐藤 伸哉[2]，倉光 成紀[2,4]，田中 英彦[1]（岡山大・農[1]，理研・播磨研[2]，蛋白コンソ[3]，阪大院・理[4]）

1P-030 出芽酵母由来リンカーヒストンホモログHho1pの球状ドメインの構造とDNAとの相互作用
○小野 克輝[1]，草野 修[2]，下高原 櫻子[2]，清水 光弘[3]，山崎 俊正[4]，神藤 平三郎[1,2]（東薬大・生命[1]，東薬大・薬[2]，明星大・理工[3]，農業生物資源研[4]）

1P-031 両親媒性らせん構造形成ポリペプチド繊維集合体のX線繊維回折による構造解析
○武井 俊朗[1]，長谷川 和也[2]，難波 啓一[2,3]，田中 修平[4]，田村 厚夫[4]，及川 哲夫[5]，矢崎 和盛[6]，小島 修一[1]，三浦 謹一郎[1,7]（学習院大学生命分子研[1]，ERATOプロトニックナノマシンプロジェクト[2]，阪大院生命機能[3]，神戸大院自然科学[4]，日本電子（株）[5]，東京都臨床研[6]，プオテイオス研究所（株）[7]）

1P-032 溶液攪拌法によるタンパク質結晶の育成
安達 宏昭[1]，○高野 和文[2,3]，矢追 真理[1]，吉村 政志[1]，森 勇介[1]，佐々木 孝友[1]（大阪大学大学院工学研究科電気工学専攻[1]，大阪大学大学院工学研究科物質生命工学専攻[2]，科技団さきがけ[3]）

1P-033　高耐熱活性を獲得したコンジェリンII変異体の結晶構造解析
○塩生（光山）くらら[1]，白井 剛[2]，三輪 由紀子[3]，山根 隆[1]，伊藤 由麿[4]，小川 智久[4]，村本 光二[4]（名大・院工・生物[1]，生物分子工研[2]，奈良先端大・院情報科学[3]，東北大・院生命科学[4]）

1P-034　オートファジーに関する蛋白質LC3-Iの立体構造解析
○菅原 健二[1]，鈴木 展生[1,2]，藤岡 優子[1,2]，水島 昇[3]，大隅 良典[3]，稲垣 冬彦[1,2]（北大・院・薬[1]，タンパク3000[2]，基礎生物学研究所[3]）

1P-035　Pyrococcus horikoshii 由来機能未知タンパク質PH1061のX線結晶構造解析
○岡田 有意[1]，坂井 直樹[1]，多鹿 陽介[1]，姚 閔[1]，渡邉 信久[1]，田村 具博[2]，田中 勲[1]（北大・理・生物[1]，産総研・生物機能工学[2]）

1P-036　ヒドロゲナーゼのNi-Fe活性中心に見られる光反応機構の構造化学
○緒方 英明[1]，廣田 俊[2]，中原 明香[1]，柴田 直樹[1]，樋口 芳樹[1]（姫路工大・理[1]，京都薬大[2]）

1P-037　Natural Diels-Alderaseの構造と機能
○尾瀬 農之[1]，姚 閔[1]，渡辺 賢二[2]，及川 英秋[3]，田中 勲[1]（北大・理・生物科学[1]，北大・農・応用生命[2]，北大・理・化学[3]）

1P-038　Importin-βとSREBP-2の複合体の結晶構造解析
○李 守宰[1,2]，関本 敏博[1]，山下 栄樹[2]，名越 絵美[1]，中川 敦[2]，酒井 宏明[2]，今本 尚子[1]，Khoon Tee Chong[2]，月原 冨武[2]，米田 悦啓[1]（阪大・院生命機能[1]，阪大・蛋白研[2]）

1P-039　リゾチーム＋シクロデキストリン＋水系の熱力学的研究
○神山 匡，森澤 秀幸，松下 隆宜，木村 隆良（近大・理工・理）

1P-040　超好熱菌トリプトファン合成酵素の強いサブユニット間相互作用が本蛋白質の異常に高い熱安定化に寄与する。
○小笠原 京子[1]，石田 真巳[2]，油谷 克英[3,4]（阪大蛋白研[1]，東京水産大[2]，理研播磨研 HTPF[3]，関学大院理[4]）

1P-041　タンパク質の加熱凝集を抑制する添加剤の探索
○白木 賢太郎，工藤 基徳，高木 昌宏（北陸先端大・材料）

1P-042　触媒抗体による加水分解反応の熱力学的解析
○織田 昌幸[1]，円谷 健[2]，鈴木 香代[2]，伊藤 暢聡[3]，藤井 郁雄[2]（東理大・生命研[1]，生物工研[2]，阪大・蛋白研[3]）

1P-043　ジヒドロ葉酸還元酵素の網羅的一アミノ酸置換体の熱転移特性
○高橋 尚，竹縄 辰行，巌倉 正寛（産総研・生物機能）

1P-044　系統的一塩基置換によるSYCRP1-DNA結合自由エネルギー変化
○尾曲 克己[1]，吉村 英尚[1]，高野 光則[1]，Dongyun Hao[2]，大森 正之[1]，皿井 明倫[3]，陶山 明[1]（東大院・総文・生命[1]，産総研[2]，九工大・情報・生物システム[3]）

1P-045　界面活性剤Triton X-100による可溶化バクテリオロドプシンの構造安定性について
○佐々木 貴規[1,2]，園山 正史[1]，出村 誠[2]，美宅 成樹[1,3]（農工大・工[1]，現北大・院理[2]，現名大・院工[3]）

1P-046　ハロロドプシン安定性へのアニオン種の効果
○久保 恵美[1]，佐藤 麻希[1]，加茂 直樹[2]，相沢 智康[1]，出村 誠[1]，新田 勝利[1]（北大院・理[1]，北大院・薬[2]）

1P-047　リポ酸アセチルトランスフェラーゼの熱失活反応
○麻生 陽一[1]，福田 登記[1]，佐藤 浩[1]，廣政 泰明[2]（九大・農院[1]，カンザス州立大・生化[2]）

1P-048　βラクトグロブリンの非天然αヘリックス・ペプチドによるアミロイド形成
○浜田 大三[1]，柳原 格[1]，田中 俊樹[2]，田中 祥悟[2]，田中 直毅[3]（大阪府立母子センター・免疫[1]，名工大・応用化学[2]，京工繊大・繊維[3]）

1P-049　蛋白質YhhPの構造安定性に及ぼす静電相互作用
○草野 修[1]，小野 克輝[1]，泊 輝久[1]，田代 櫻子[1]，山崎 俊正[2]，神藤 平三郎[1]（東京薬科大・薬[1]，農水省・生物資源研[2]）

1P-050　進化系統樹をもとに設計した高度好熱菌3-イソプロピルリンゴ酸脱水素酵素（IPMDH）の耐熱性
○渡辺 敬子[1]，大栗 誉敏[2]，横堀 伸一[1]，大島 泰郎[1]，山岸 明彦[1]（東薬大・生命科学[1]，九大院・薬[2]）

1P-051　ホスファチジル-イノシトール-3’-キナーゼ由来SH3ドメイン変異体のアミロイド線維形成
○中岡（廣田）奈美（ケンブリッジ大・化学）

1P-052　超好熱菌蛋白質の異常に遅いフォールディング反応のNMRスペクトルによる解析
○飯村 哲史[1]，八木 宏昌[2]，小笠原 京子[2]，阿久津 秀雄[2]，野田 康夫[1]，瀬川 新一[1]，油谷 克英[1,3]（関学大理工[1]，阪大蛋白研[2]，理研播磨研究所HTPF[3]）

1P-053　イヌミルクリゾチームのモルテングロビュール状態におけるnon-native α-helixの形成および安定性
○渡部 正博[1]，小橋川 敏博[1,2]，相沢 智康[1]，出村 誠[1]，新田 勝利[1]（北大院・理・生物[1]，産総研北海道センター[2]）

1P-054　膜タンパク質（チトクロームP450 17 α）のトポロジー解析
○水野 初[1]，金子 弘[2]，泉 俊輔[1]，山崎 岳[2]，平田 敏文[1]，小南 思郎[2]（広大院・理[1]，広大・総科[2]）

1P-055　ヤギ α-ラクトアルブミンC-ヘリックス変異体の安定性とフォールディング反応
○佐伯 喜美子[1]，新井 宗仁[2]，桑島 邦博[1]（東大・理・物理[1]，産総研・生物機能[2]）

1P-056　緑色蛍光蛋白質変異体（Cycle3）の酸変性と巻き戻り
○榎 佐和子，佐伯 喜美子，桑島 邦博（東大・理・物理）

1P-057　スタフィロコッカル・ヌクレアーゼにおける複数開始部位からのフォールディング
○吉田 龍平[1]，鎌形 清人[1]，廉岡 昭雄[1]，佐伯 喜美子[1]，桑島 邦博[1]（東大院・理・物理）

プロテオーム解析　1P-058～1P-068

1P-058　プロテオミクスを基礎とした枯草菌ABCトランスポーター基質結合リポタンパク質のプロファイリングと網羅的解析
○武内 桂吾[1]，根本 直[2]，山根 國男[1]（筑波大・生物[1]，産総研・生物情報[2]）

1P-059　高分子量蛋白質の疾患プロテオーム解析
○大石 正道[1]，土橋 香織[1]，上野 剛[1]，小寺 義男[1]，前田 忠計[1]，車 英俊[2]，穎川 晋[2]（北里大・理・物理[1]，北里大・医・泌尿器科学[2]）

1P-060　老齢ラット脳内のメチオニン酸化蛋白質のプロテオーム解析
○戸田 年総，野村 晃司，鳩崎 拓也（都老人研・プロテオーム）

1P-061　DLC基板を用いたプロテインチップによる蛋白質-蛋白質相互作用の分析
○談 建中[1,2]，鈴木 信勇[1]，岡村 浩[3]，亀井 修一[3]，丹花 通文[3]，岡田 毅[4]，平野 久[1]（横浜市大・木原研[1]，蘇州大[2]，東洋鋼鈑技術研[3]，SUS[4]）

1P-062　ペプチドの網羅的解析手法の開発とその応用（疾患ペプチドーム解析）
○福冨 俊之[1]，古後 富久[1]，古舘 専一[2]，大森 彬[3]，小寺 義男[1]，前田 忠計[1]（北里大・理・生体分子動力学[1]，北里大・医・実験動物学[2]，三菱化学生命研[3]）

1P-063　枯草菌プロテオミクス
○松崎 英樹[1]，村田 康信[1]，波多野 直哉[1]，谷口 寿章[1,2]（理研・播磨研[1]，徳大・分子酵素セ[2]）

1P-064　ハイスループット蛋白質立体構造解析システムの構築
○坂井 直樹[1]，伊藤 啓[1]，多鹿 陽介[1]，岡田 有意[1]，河村 高志[1]，石川 いづみ[1]，田村 具博[2]，姚 閔[1]，渡邉 信久[1]，田中 勲[1]（北大・院理・生物科学[1]，産総研・生物機能工学[2]）

1P-065　神経細胞における核内移行情報伝達分子の新規検索法の開発
○福本 昌宏，関元 敏博，米田 悦啓（阪大院・生命機能・細胞ネットワーク）

1P-066　*in vivo*の基質タンパク質を含んだシャペロニンGroEL/ES複合体のX線結晶構造解析とプロテオーム解析
○小池 あゆみ[1]，島村 達郎[2]，横山 謙[3]，増井 良治[4]，吉田 賢右[1,3]，岩田 想[2]，田口 英樹[1,5]（東工大・資源研[1]，Imperial College London, UK[2]，科技団・ERATO[3]，阪大・院理[4]，科技団・さきがけ[5]）

1P-067　高度好熱菌 丸ごと一匹 プロジェクトの進捗状況
○甲角 幸秀[1]，中川 紀子[1]，海老原 章郎[1]，佐藤 伸哉[1]，上利 佳弘[1]，真岡 伸子[1]，上利 和子[1]，飯野 均[1]，柏原 愛子[1]，井上 由美子[1]，増井 良治[1,2]，三木 邦夫[1,3]，横山 茂之[1,4]，倉光 成紀[1,2]（理研・播磨研[1]，阪大・院理[2]，京大・院理[3]，東大・院理[4]）

1P-068　質量分析法によるタンパク質相互作用物質スクリーニングシステムの構築
○淺沼 三和子[1]，横山 茂之[1,2,3]，廣田 洋[1,4]（理研GSC[1]，東大院理[2]，理研播磨[3]，横浜市大院総理[4]）

蛋白質発現・精製・同定　1P-069～1P-075

1P-069　非天然アミノ酸を介したタンパク質の部位特異的蛍光標識導入法の開発
○中村 政志[1]，大野 敏[1]，横川 隆志[1]，平松 俊行[2]，細谷 孝充[2]，鈴木 正昭[2]，西川 一八[1]（岐阜大・工・生命工[1]，岐阜大・院医・再生医科学[2]）

1P-070 mRNAの局所的二次構造改変が大腸菌での異種タンパクの発現に及ぼす影響
○木村 成伸，豊田 博志，井柳 堯（姫路工大院・理・生命）

1P-071 *Rhodococcus erythropolis*を宿主とした組換えタンパク質発現システムにおける，不和合性を起こさない2種類の発現ベクターを用いた共発現系
○中島 信孝，田村 具博（(独) 産総研・生物機能工学）

1P-072 Sulerythrin－好気性の好酸好熱性古細菌 *Sulfolobus tokodaii* strain 7から得られたrubrerythrinファミリー最小の蛋白質
○若木 高善（東大・院農生科・応生工）

1P-073 昆虫由来新規サイトカイン結合タンパク質（GBPBP）の大量発現と解析
○飯利 春奈[1]，相沢 智康[1]，設楽 邦夫[2]，松本 恭子[3]，早川 洋一[3]，出村 誠[1]，新田 勝利[1]，河野 敬一[2]（北大院・理[1]，富山医薬大・薬[2]，北大・低温研[3]）

1P-074 マウス由来細胞質外分子シャペロンClusterinの発現系の構築及び精製
○有江 裕子[1]，三澤 宣雄[1]，東田 英毅[2]，浜 祐子[2]，養王田 正文[1]（農工大・工・生命工学科[1]，旭硝子株式会社中央研究所[2]）

1P-075 Parvulin familyペプチジル・プロリル・イソメラーゼ（PPIase）である大腸菌SurAのシャペロン機能と，異種蛋白質の分泌発現に対する改善効果
○黒川 洋一，脇坂 亜希子，小田 順一（福井県立大・生物資源・生物分子機能工学）

機能解析　1P-076～1P-089

1P-076 真性粘菌由来セリン・カルボキシルプロテアーゼphysarolisin Iの性状解析
○西井 亘[1]，小島 正樹[1]，佐々木 成江[2]，室伏 きみ子[2]，髙橋 健治[1]（東薬大・生命[1]，お茶大・理[2]）

1P-077 低温適合性セリン・カルボキシルプロテアーゼphysarolisin IIの性状解析
○栗山 宏樹[1]，西井 亘[1]，髙橋 健治[1]（東薬大・生命科学）

1P-078 高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来グルタミントランスアミナーゼの性質
○細野 晃[1]，水口 博之[1]，林 秀行[1]，後藤 勝[2]，宮原 郁子[3]，広津 建[3]，鏡山 博行[1]（大阪医大・医化学[1]，阪大・院理[2]，大阪市大・院理・化[3]）

1P-079 ペルオキシソーム膜タンパク質局在化機構の解析－Pex19pのドメイン構造と機能
○柴田 洋之[1]，柏山 恭範[2]，守田 雅志[2]，今中 常雄[2]，加藤 博章[1,3]（理研・播磨研[1]，富山医薬大・薬[2]，京大院・薬[3]）

1P-080 サルモネラ菌べん毛特異的ATPase制御蛋白質をコードするfliH突然変異体のバイパス解析
○南野 徹[1]，ゴンザレスーペドラジョ ベルタ[2]，キハラ メイ[2]，難波 啓一[1,3]，マクナブ ロバート[2]（科技団・国際・超分子ナノ[1]， エール大・分子生物物理生化学[2]，阪大院・生命機能[3]）

1P-081 Serine palmitoyltransferaseの反応機構の解析
○岡本 明弘，Mohammed Mainul Islam，實関 淳，生城 浩子，鏡山 博行（大阪医大・医化学）

1P-082 真核細胞型セリンラセマーゼの構造と機能
○吉村 徹，武 慧渊，江崎 信芳（京大・化研）

1P-083 バラ科ニホンナシにおける配偶体型自家不和合性の分子機構の解明
○瀬崎 浩史，乗岡 尚子，乗岡 茂巳（阪大院・生命機能）

1P-084 ラクダ抗leucyl-tRNA 合成酵素抗体の機能および構造解析
○合田 正貴[1]，小林 万里子[2]，勝見 治恵[3]，大野 敏[4]，横川 隆志[4]，西川 一八[4]，橋本 敬一郎[1]，黒沢 良和[1]，林 宣宏[1]（藤田保衛大・総医研[1]，藤田保衛大・短大[2]，抗体研[3]，岐阜大・工・生命[4]）

1P-085 緑膿菌が生産するファージ尾部様バクテリオシン，R型ピオシンの尾繊毛成分の構造機能相関研究
○熊崎 隆[1]，豊川 拓応[1]，渋江 啓[1]，阿部 勇吉[2]（青森大・工・生物[1]，北大[2]）

1P-086 コバルト型ニトリルヒドラターゼの基質結合及び金属特異性
○宮永 顕正[1]，伏信 進矢[1]，伊藤 潔[2]，祥雲 弘文[1]，若木 高善[1]（東大・院農生科・応生工[1]，三井化学[2]）

1P-087 高等植物葉緑体における鉄硫黄クラスター形成機構の解析
○矢部 俊樹[1]，菊地 真吾[1]，西尾 和晃[2]，中井 正人[1]（阪大・蛋白研[1]，阪大・産研[2]）

1P-088 細菌由来金属アミノペプチダーゼのN末端プロペプチドの役割
○韮澤 悟，林 清（(独) 食総研）

1P-089　V-ATPaseは回転分子モーターである
○今村 博臣[1]，中野 雅祐[2]，吉田 賢右[1,2]，横山 謙[1]（科技団・ERATO・ATPシステム[1]，東工大・資源研[2]）

相互作用・分子認識　1P-090～1P-099

1P-090　細胞内過密状況における蛋白質サブユニットのセルフアセンブリ
○坂井 士（生命工学研）

1P-091　非天然状態α‐ラクトアルブミンと膜モデル間の相互作用解析
○板橋 実希，増渕 雄輝，相沢 智康，熊木 康裕，出村 誠，新田 勝利（北大院・理）

1P-092　Fluorescence Correlation SpectroscopyによるDNA-タンパク質の相互作用の解析
○小林 民代，岡本 直明，山田 純史，長野 隆（オリンパス光学工業（株）ライフサイエンス ゲノム医療）

1P-093　ミリストイル化により制御されるタンパク質間相互作用の網羅的解析
○林 宣宏[1]，Sebastian Maurer-Stroh[2]，竹内 真粧美[1]，合田 正貴[1]，神保 雄次[3]，橋本 敬一郎[1]，和泉 義信[3]，松嶋 範男[4]，Frank Eisenhaber[2]（藤田保衛大・総医研・医高分子[1]，Bioinformatics Grp., Inst. of Mol. Pathology, Austria[2]，山形大・院・理工[3]，札幌医大・保健医療[4]）

1P-094　Srcキナーゼとカルモジュリンとのミリストイル化に依存した相互作用
○中川 智咲子[1,2]，合田 正貴[2]，髙崎 昭彦[1]，川本 保子[1]，橋本 敬一郎[2]，林 宣宏[2]（藤田保衛大・衛生[1]，藤田保衛大・総医研[2]）

1P-095　蛍光顕微鏡を用いた好熱菌由来プレフォルディンと基質タンパク質の相互作用解析
○座古 保[1]，飯塚 怜[2]，大河内 美奈[2]，上野 太郎[1]，養王田 正文[2]，船津 高志[1]（早大・理工・物理[1]，農工大・工・生命工学[2]）

1P-096　ラクダ抗PKCα抗体のエピトープの解析
○下條 尚志[1,2]，勝見 治恵[2,3]，川本 保子[1]，橋本 敬一郎[2]，黒澤 良和[2]，林 宣宏[2]（藤田保衛大・衛生[1]，藤田保衛大・総医研[2]，抗体研[3]）

1P-097　疎水性残基に囲まれていない水素結合が多いタンパク質の構造と機能
○目次 正一[1,2,3]，河野 秀俊[3]，由良 敬[2]，郷 信広[1,2]（奈良先端・情報科学[1]，原研・計算科学技術[2]，原研・中性子構造生物学[3]）

1P-098　一分子蛍光分析装置を用いた生体分子相互作用の解析
○小林 佐代子，岡本 直明（オリンパス光学工業株式会社ゲノム医療事業推進室）

1P-099　tRNA修飾酵素による構造変化したtRNAの認識機構
○石谷 隆一郎[1,3]，濡木 理[1,2,3,4]，行木 信一[3]，岡田 典弘[5]，西村 暹[6]，横山 茂之[1,2,3]（東大・理・生化[1]，理研・播磨研[2]，理研GSC[3]，PRESTO[4]，東工大・生命理工[5]，萬有・つくば研究所[6]）

分子動力学，構造予測，モデリング，バイオインフォマティクス　1P-100～1P-120

1P-100　カメレオン配列の自由エネルギー地形と構造2面性
○池田 和由[1,2,3]，肥後 順一[2,3]（産総研・生命情報・分子設計[1]，東薬大・生命・生物情報[2]，JST, BIRD[3]）

1P-101　水分子を考慮した酵素-阻害剤のフレキシブルドッキングマルチカノニカル分子動力学シミュレーション
○神谷 成敏[1]，肥後 順一[2]（生物分子工学研究所[1]，東薬大・生命科学[2]）

1P-102　ACS/REM分子動力学法によるモジュール・ペプチドの構造安定性
○関 安孝[1]，曽田 邦嗣[2]，郷 通子[1]（長浜バイオ大・バイオサイエンス[1]，長岡技科大・生物系[2]）

1P-103　分子シミュレーションによる蛋白質のボゾンピーク研究
○城地 保昌[1]，北尾 彰朗[2]，郷 信広[1,3]（原研・中性子[1]，東大・分生研[2]，奈良先端大・院情報科学[3]）

1P-104　計算機シミュレーションによるプリオンタンパク質 Human Prion Protein（Hu PrP）のモノマー形態とダイマー形態のdynamicsに関する研究
○関嶋 政和[1]，本野 千恵[1]，山崎 智[2]，金子 清俊[3,4]，秋山 泰[1]（産総研・CBRC[1]，東大・院農・応生[2]，国立精神神経センター神経研[3]，CREST[4]）

1P-105　分子動力学シミュレーションによる超好熱性アスパラギン酸ラセマーゼの活性部位の挙動解析
○世古 丈裕[1]，劉 利軍[2]，吉田 拓允[3]，三木 邦夫[2]，養王田 正文[3]（富士ゼロックス株式会社[1]，京大院・理[2]，東京農工大・工[3]）

1P-106 タンパク質フォールディングにおけるシャペロニンの閉じ込め効果：分子動力学シミュレーション
○髙城 史子[1]，高田 彰二[1,2]（科技団さきがけ[1]，神戸大・理・化学[2]）

1P-107 Computer simulation study on water permeation through Aquaporin1 channel protein
○Rossen Apostolov，米澤 康滋，中村 春木（阪大 蛋白研）

1P-108 分子動力学計算によるキモトリプシンインヒビター２の熱変性過程の解析：長距離相互作用の取り扱い及びポテンシャル関数の違いの影響
○本野 千恵[1]，望月 樹和[2]，宮川 博夫[3]，北村 一泰[3]，山岸 明彦[2]（産総研・生命情報[1]，東薬大・生命[2]，大正製薬[3]）

1P-109 オブジェクト指向を用いたタンパク質の水素付加プログラムの開発
○牟田 元，恒川 直樹，吉廣 保，佐藤 文俊（東大・生研・計算連携）

1P-110 Outer Membrane Protein structures: Development of Amino acid Properties and Prediction of Membrane Spanning b-strands
○マイケル グロミハ[1]，Shandar Ahmad[2]，諏訪 牧子[1]（National Institute of Advanced Industrial Science and Technology（AIST）[1]，理化学研究所[2]）

1P-111 配列解析から見たＧ蛋白質共役受容体の構造・機能特性
○今井 隆志[1]，藤田 典久[2]（立命館大・総合理工[1]，立命館大・理工・化学生物工[2]）

1P-112 精密な蛋白質二次構造帰属法の提案
○金光 和保[1]，大内 将吉[1,2]（九工大・情報工[1]，九工大院・生命体工[2]）

1P-113 タンパク質のde novo立体構造予測:局所相互作用の重要性
○藤墳 佳見[1]，髙田 彰二[1,2]（神戸大・院自然科学[1]，科技団さきがけ[2]）

1P-114 残基間平均距離統計に基づくコンタクトマップによるβバレルタンパク構造の解析
○石塚 由子，菊地 武司（倉敷芸科大・産業科技・生命化学）

1P-115 最小のタンパク質chignolinの構造と熱力学特性
○本田 真也[1]，山崎 和彦[2]，澤田 義人[1]，森井 尚之[1]（産総研・生物機能[1]，産総研・年齢軸[2]）

1P-116 膜タンパク質のトポロジー変化に伴う選択圧の変化の研究
○藤 博幸，市原 寿子，大安 裕美（京大・化研・BIC）

1P-117 ダンベル型タンパク質予測ツール：SOSUIdumbbell
○内古閑 伸之[1]，髙橋 俊哉[2]，柯 閏聡[2]，園山 正史[2]，美宅 成樹[1]（名大・工・応物[1]，農工大・工・生命工[2]）

1P-118 立体構造帰属データベースシステム「GENIUS II」の開発
○矢葺 幸光[1,2]，向井 有理[1]，諏訪 牧子[1]（産総研・生命情報[1]，（株）情数研[2]）

1P-119 PDB代表タンパク質チェイン決定システム（PDB－REPRDB）による膜タンパク質立体構造の分類
○野口 保（産総研・生命情報科学研究センター）

1P-120 ゴルジ膜貫通領域に着目した糖転移酵素判別手法の開発
○向井 有理，広川 貴次，富井 健太郎，浅井 潔，秋山 泰，諏訪 牧子（産総研・生命情報）

6月24日（火）

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

蛋白質構造，物性，フォールディング　2P-001～2P-058

2P-001　好熱性細菌 *Thermus thermophilus* A4 由来高活性型耐熱性β-ガラクトシダーゼのＸ線結晶構造解析
○日高 將文[1]，伏信 進矢[1]，大津 奈穂美[2]，元島 英雅[2]，松澤 洋[3]，祥雲 弘文[1]，若木 高善[1]（東大・院・農生科・応生工[1]，よつ葉乳業（株）・リサーチセンター[2]，青森大・工[3]）

2P-002　膜タンパク質 hTRPM2 の電子顕微鏡観察
○松本 友治，原 雄二，森 泰生，永山 國昭（岡崎研究機構・統合バイオ）

2P-003　トロポニンの結晶構造と筋収縮制御の分子機構
○武田 壮一[1,2]，山下 敦子[2]，前田 佳代[2]，前田 雄一郎[2]（国循セ・研・心臓生理[1]，理研・播磨・構造生物化学[2]）

2P-004　蛋白質ドデシル硫酸塩複合体中のポリペプチド鎖構造
○渡邊 康（（独）食総研）

2P-005　ATP 結合が引き起こす GroEL ドメインの構造変化
○谷口 雅昭[1]，吉見 達成[2]，本郷 邦広[1,2]，溝端 知宏[1,2]，河田 康志[1,2]（鳥取大・工・生物[1]，鳥取大院・医・機能再生[2]）

2P-006　蛍光スペクトル測定による Photoactive Yellow Protein の構造変化追跡
○曽田 幸司[1]，濱田 格雄[2]，中村 亮介[2]，市田 秀樹[2]，兼松 泰男[3]，徳永 史生[4]（阪大院・理・宇宙地球[1]，CREST（JST）[2]，阪大VBL・CREST（JST）[3]，阪大院・理・宇宙地球・CREST（JST）[4]）

2P-007　Thermococcus litoralis 由来新規ホスホグルコスイソメラーゼのＸ線結晶構造解析
○鄭 鍾珍，伏信 進矢，伊藤 創平，日高 將文，祥雲 弘文，若木 高善（東大・院農生科・応生工）

2P-008　アポトシスにかかわる DFF45/ICAD の新規ドメイン DFF-C（Chaperone-like ドメイン）の同定とその溶液構造解析
○黒田 裕[1]，福島 径[1]，小柴 生造[1]，木川 隆則[1]，菊地 淳[1]，横山 茂之[1,2,3]（理研・ゲノムセンター[1]，理研・播磨[2]，東大・理[3]）

2P-009　超高度好熱古細菌由来 ABC トランスポーター ATP 結合サブユニットのＸ線結晶構造解析
○藤江 建行，尾瀬 農之，姚 閔，渡邉 信久，田中 勲（北大・理）

2P-010　トレオニン合成酵素のＸ線構造と Open-Closed コンホメーション変化
○近江 理恵[1,2]，後藤 勝[3]，宮原 郁子[1,2]，水口 博之[4]，林 秀行[4]，鏡山 博行[4]，広津 建[1,2]（阪市大・院・理[1]，理研・播磨研[2]，阪大・院・理[3]，大阪医大・医化学[4]）

2P-011　クメン分解系 extradiol dioxygenase（CumC）のＸ線結晶構造解析
○董 雪松[1]，伏信 進矢[1]，福田 英理子[1]，野尻 秀昭[2]，山根 久和[2]，大森 俊雄[3]，祥雲 弘文[1]，若木 高善[1]（東大・院農生科・応生工[1]，東大・生物工学センター[2]，芝浦工大・院工[3]）

2P-012　Sulerythrin-好気性古細菌由来 rubrerythrin ファミリータンパク質のＸ線結晶構造解析
○伏信 進矢[1]，祥雲 弘文[1]，若木 高善[1]（東大・院農生科・応生工）

2P-013　固体 NMR 距離測定によるリン脂質二重膜結合マストパランＸの構造解析
○戸所 泰人[1]，柳下 元[2]，S. W KANG[3]，藤原 敏道[1]，阿久津 秀雄[1]（阪大・蛋白研[1]，横国大・工[2]，プサン大[3]）

2P-014　HIV-2 ヌクレオキャプシドタンパク質の RNA 認識機構の解明
○松井 崇[1]，遠藤 弘[1]，永井 美佐[1]，河野 俊之[2]，小松 博義[3]，佐藤 一紀[2]，小寺 義男[1]，前田 忠計[1]（北里大・理・生体分子動力学[1]，三菱化学生命研[2]，北里大・医療衛生・免疫学[3]）

2P-015　補助刺激分子の構造を基にした認識機構
○池水 信二[1,2,3]，ジョーンズ イボンヌ[2]，スチュアート デイビッド[2]，デイビス サイモン[3]（熊大・薬・構造[1]，オックスフォード大・WTCHG・構造[2]，オックスフォード大・NDM・分認[3]）

2P-016　Oligoxyloglucan reducing end-specific cellobiohydrolase のＸ線結晶構造解析
○矢追 克郎[1]，近藤 英昌[1]，鈴木 守[2]，野呂 奈津子[1]，津田 栄[1]，三石 安[1]（産総研・生物機能工学[1]，高エネ研・物構研・PF[2]）

2P-017　超好熱古細菌 *Pyrococcus horikoshii* OT3 由来翻訳開始因子 aIF2B αのＸ線結晶構造解析
○角田 佳充，前谷 茂宏，田原 舞乃，木村 誠（九州大学大学院・農学研究院・生物機能科学部門）

2P-018　高マンノース特異的な２種類の海藻レクチンの結晶構造
○紙谷 康則[1]，堀 貫治[2]，月向 邦彦[1]，片柳 克夫[1]（広島大・院理[1]，広島大・院生物圏科学[2]）

2P-019 べん毛基部構成要素の電子顕微鏡による構造解析
○鈴木 博文[1]，南野 徹[1]，米倉 功治[1,2]，難波 啓一[1,2]（ICORP・難波プロジェクト[1]，阪大院・生命機能[2]）

2P-020 転写因子Sp1のDNA結合領域の立体構造解析
○岡 伸一郎[1]，白石 泰久[2]，吉田 卓也[1]，大久保 忠恭[1]，杉浦 幸雄[2]，小林 祐次[1]（阪大院・薬・分子薬科[1]，京大・化研[2]）

2P-021 aPKCのPB1ドメインの立体構造解析
○平野 良憲[1]，吉永 壮佐[1,2]，小椋 賢治[1]，横地 政志[1,2]，野田 祐紀子[3]，住本 英樹[2,3]，稲垣 冬彦[1,2]（北大・院薬・構造生物[1]，タンパク3000[2]，九大・生医研・増殖分化制御[3]）

2P-022 超好熱古細菌*Pyrococcus horikoshii*由来CutA1の結晶構造解析
○田中 良和[1]，安武 義晃[2]，坂井 直樹[2]，姚 閔[2]，梅津 光央[1]，津本 浩平[1]，田中 勲[2]，熊谷 泉[1]（東北大・院・工[1]，北大・院・理[2]）

2P-023 S-ovalbuminの結晶構造にみる新しいserpin熱安定化機構
○山崎 正幸，髙橋 延行，廣瀬 正明（京大院・農・応用生命）

2P-024 ラディキシンFERMドメインによるNa^+/H^+交換体制御因子の認識機構
○寺脇 慎一[1]，前崎 綾子[1]，岡田 健吾[1]，箱嶋 敏雄[1,2]（奈良先端大，構造生物学[1]，CREST, JST[2]）

2P-025 NMRによる大腸菌転写因子PhoBのDNA結合ドメインの解析
○岡村 英保[1]，牧野 耕三[3]，西村 善文[2]（木原記念財団[1]，横市大院総合理[2]，阪大微研[3]）

2P-026 Saltbush glycine-rich proteinsタンデムリピートの立体構造と銅イオン結合
○神谷 昌克[1]，熊木 康裕[2]，山田 恵子[3]，松嶋 範男[3]（北大・院理・生物科学[1]，北大・院理・高分解能NMR研究室[2]，札幌医大・保健医療学部[3]）

2P-027 ロイシン-リッチ・リピート蛋白質の立体構造の構築原理
○エンヘバヤル プレブジャブ[1]，神谷 昌克[2]，大崎 満[1]，松嶋 範男[3]（北大・院農[1]，北大・院理[2]，札幌医大・保健医療学部[3]）

2P-028 膜環境下でのペプチドの配置決定
○若松 馨[1]，野口 真路[1]，細田 和男[1]，稲岡 斉彦[1]，髙瀬 聖也[1]，飯塚 靖子[1]，河野 俊之[2]（群大・工・生化[1]，三菱化学生命研[2]）

2P-029 IRF-3 175CのX線結晶構造解析と機能解析
○髙橋 清大[1,2]，鈴木 展生[1,2]，堀内 正隆[1]，森 光章[3]，須原 和歌子[3]，藤田 尚志[3]，稲垣 冬彦[1,2]（北大・院・薬[1]，タンパク3000[2]，都臨床研・腫瘍細胞[3]）

2P-030 超好熱性古細菌*Pyrococcus horikoshii*由来膜蛋白質PH0471のNMRを用いたドメイン解剖学的研究
○森井 太一[1]，廣明 秀一[1]，横山 英志[2]，松井 郁夫[2]，白川 昌宏[1]（横浜市大院・総理[1]，産総研・生物情報解析研究センター・機能構造解析[2]）

2P-031 安定同位体ラベルしたPACAP27の発現，精製とNMRによる相互作用解析
○立石 幸寛[1]，井ノ岡 博[2]，白川 昌宏[1]（横浜市立大・大学院総合理[1]，武田薬品[2]）

2P-032 銅アミン酸化酵素の触媒塩基変異体を用いた還元的半反応中間体の構造解析
○邱 彦成[1]，岡島 俊英[1]，内田 真由美[2]，山本 行男[2]，林 秀行[3]，黒田 俊一[1]，谷澤 克行[1]（阪大・産研[1]，京大院・人環[2]，大阪医大・生化[3]）

2P-033 *Themus themophilus* HB8株由来Peptide deformylaseの結晶構造解析
○加茂 昌之[1]，工藤 紀雄[1]，李 愚哲[1]，本島 浩之[2]，田之倉 優[1,2]（東大・院農生科・応生化[1]，理研　播磨研究所[2]）

2P-034 リゾチーム2SS変異体：2SS[6-127,30-115]のβドメインの無秩序化度―アミド水素のHD交換反応に対するプロテクション因子
○山崎 向太[1]，北村 吉章[1]，東 やすよ[1]，野田 康夫[1]，橘 秀樹[2]，瀬川 新一[1]（関学大・理工[1]，神戸大・理[2]）

2P-035 NMR法による真正粘菌由来新規ヘムアグルチニンの研究
○中村 敬，水口 峰之，河野 隆英，守田 雅志，今中 常雄，河野 敬一（富山医薬大・薬）

2P-036 イネ萎縮ウイルスのキャプシド内部の構造
○宮崎 直幸[1]，高 潤一郎[1]，内藤 久志[1]，小川 輝[1]，中川 敦史[1]，月原 冨武[1]，藤本 瑞[2]，水野 洋[2]，東 貴彦[2,3]，渡邊 康雄[2,3]，大村 敏博[3]，R. Holland Cheng[4]（阪大・蛋白研・超分子構造解析学研究系[1]，生物資源研[2]，中央農総研[3]，カロリンスカ研究所[4]）

2P-037 低温電子顕微鏡によるリボソーム-RRF複合体の立体構造解析
○加藤 貴之[1]，米倉 功治[2,3]，松尾 瞳[1]，吉田 卓也[1]，大久保 忠恭[1]，難波 啓一[2,3]（阪大・院・薬[1]，阪大・院・生命機能[2]，ICORP・JST[3]）

2P-038 原子間力顕微鏡を用いたヒトToll-like receptor 9の観察
○中村 友彦，鈴木 光治，美甘 江利子，田中 裕行，川合 知二（阪大産研）

2P-039 磁場強度依存的NMR情報の抽出 ―異方的構造情報の場合―
○菊地 淳[1,2]，前田 秀明[1,2]，根本 暢明[3]，木吉 司[4]，和田 仁[4]，横山 茂之[1,5,6]（理研GSC・タンパク[1]，横市大院総理[2]，日本電子（株）[3]，物質・材料研究機構[4]，理研細胞情報[5]，東大院理[6]）

2P-040 質量分析を用いたアミロイド線維の最終形態を決定付ける中間体のキャラクタリゼーション
○米原 久美子[1]，田中 修平[1]，吉野 健一[2,3]，米澤 一仁[2,3]，田村 厚夫[1,4]（神戸大院・自然科学[1]，神戸大・バイオシグナル研[2]，科技団・クレスト[3]，科技団・さきがけ21[4]）

2P-041 β2-ミクログロブリンペプチドの線維伸長におけるpH効果
○大橋 祐美子[1]，長谷川 一浩[2]，Gennady Kozhukh[1]，星野 大[1]，内木 宏延[2]，後藤 祐児[1]（阪大・蛋白研[1]，福井医大・第二病理[2]）

2P-042 演題取消

2P-043 アミロイド様線維を形成する30種類の非疾患性タンパク質
○阿曽 順和，白木 賢太郎，高木 昌宏[1]（北陸先端大・材料）

2P-044 欠失および点変異によるCADドメインの線維形成の解析
○中村 努，小林 厚子，萩原 義久，湯元 昇，上垣 浩一（産総研）

2P-045 チトクロームCのコンフォメーション変化による蛋白-DOPGベシクルの凝集形成
○笹原 健二[1]，Jenny Hinshaw[1]，Peter Schuck[2]，Peter McPhie[1]，Allen Minton[1]（NIDDK, NIH[1]，ORS, NIH[2]）

2P-046 ジヒドロ葉酸還元酵素42位変異体の構造，安定性および機能
○大前 英司[1]，福水 佑花里[1]，月向 邦彦[1]，巌倉 正寛[2]（広大・院理・数理分子[1]，産技研・生物機能工学[2]）

2P-047 β2ミクログロブリンのアミロイド線維形成ペプチドの構造解析
○山口 圭一[1]，和田井 寛大[1]，菅野 誉士[2]，中村 友彦[2]，星野 大[1]，川合 知二[2]，長谷川 一浩[3]，内木 宏延[3]，後藤 祐児[1]（阪大・蛋白研[1]，阪大・産研[2]，福井医大・第二病理[3]）

2P-048 オリゴマータンパク質cpn10の構造安定性の分子機構
○坂根 勲，池田 光良，本郷 邦広，溝端 知宏，河田 康志（鳥取大・工・生物，鳥取大院・医・機能再生）

2P-049 部位特異的変異によるαシヌクレイン凝集の分子メカニズムの解明
早出 広司，○臼坂 英理，落合 さや香（東農工大・工・生命工）

2P-050 200アミノ酸残基からなる可溶性ドメインの小胞体膜透過
○木田 祐一郎，阪口 雅郎，三原 勝芳（九大院・医・機能高分子）

2P-051 タンパク質 Yeast proteinase B inhibitor 2のアミロイド線維形成
○居郷 哲央[1]，田中 修平[1]，武井 俊朗[2]，小島 修一[2]，田村 厚夫[1,3]（神戸大・院・自然科学[1]，学習院大・生命分子研[2]，科技団・さきがけ21[3]）

2P-052 耐圧セルを用いた常温菌と好熱菌由来タンパク質のCDによる熱安定性の解析
○大島 淳[1]，中村 昇太[1]，松本 篤幸[1]，内山 進[2]，吉田 卓也[1]，大久保 忠恭[1]，三本木 至宏[3]，照井 教文[4]，山本 泰彦[4]，小林 祐次[1]（阪大院・薬[1]，阪大院・工[2]，広大院・生[3]，筑波大・化[4]）

2P-053 高圧下温度ジャンプ装置による蛋白質の巻き戻り・変性過程の観測
○鎌形 清人[1]，中川 達央[2]，桑島 邦博[1]（東大・院理・物理[1]，ユニソク[2]）

2P-054 TrpCageのフォールディング
○太田 元規[1]，池口 満徳[2]，木寺 詔紀[2]（東工大・学国情セ[1]，横市大・院・総理[2]）

2P-055 活性型subtilisin生成過程でpropeptideの構造安定性が及ぼす影響
○森本 さゆり[1]，田村 厚夫[1,2]（科技団・さきがけ研究21[1]，神戸大院・自然科学[2]）

2P-056 蛋白質のフォールディング・エレメントはフォールディング反応の初期事象と密接な関係を持つ
○新井 宗仁，槙 亙介，髙橋 尚，巌倉 正寛（産総研・生物機能・蛋白質デザイン）

2P-057 プロリン置換によるβラクトグロブリンのフォールディング中間体の構造解析
○中川 香奈子，徳島 章仁，池口 雅道（創価大・工・生物工）

2P-058 シャペロニンGroELがスタフィロコッカル・ヌクレアーゼの巻き戻りに及ぼす影響
○廉岡 昭雄，鎌形 清人，伊野部 智由，佐伯 喜美子，桑島 邦博（東大・理・物理）

蛋白質発現・精製・同定　2P-059～2P-066

2P-059　L-phenylalanine oxidaseの大腸菌での発現
○鈴木 春男[1,2]，木川 誠之[1]，東 勇紀[2]，前田 正博[1]，勝呂 真也[2]（北里大・理・生物[1]，北里大院・基礎生命・生物[2]）

2P-060　抗シガトキシン抗体の遺伝子工学的調製と機能評価
○横田 亜紀子[1]，南雲 陽子[2]，大栗 博毅[2]，津本 浩平[1]，円谷 健[3]，藤井 郁雄[3]，平間 正博[3]，熊谷 泉[1]（東北大・院工・生工[1]，東北大・院理・化[2]，生工研[3]）

2P-061　好酸性超好熱古細菌Sulfolobus tokodaii strain 7由来組換え蛋白質の効率的発現法の検討
○辻村 昌也[1,2]，張 子蓮[1,2]，田島 秀二[2]，河原林 裕[1]（(独）産総研・糖鎖工学[1]，(株）PSS[2]）

2P-062　*Paracoccus denitrificans*チトクロム酸化酵素の大腸菌無細胞系での機能発現
○片山 幸江[1,2]，島田 秀夫[1]，月原 冨武[2,3]，吉川 信也[4]（慶大・医・医化[1]，バイオ産業情報コンソーシアム[2]，阪大・蛋白研[3]，姫工大院・理・生命[4]）

2P-063　FtsHプロテアーゼは大腸菌細胞質膜に巨大な複合体として存在する
○才川 直哉[1,3]，秋山 芳展[2,3]，伊藤 維昭[2,3]（生物分子工研[1]，京大・ウイ研[2]，科技団・CREST[3]）

2P-064　カイコを宿主としたバキュロウイルス発現系によるブタIL-2の大量生産
○宮澤 光博[1]，犬丸 茂樹[2]，國保 健浩[2]，倉田 啓而[1]（生物資源研[1]，動物衛生研[2]）

2P-065　ウシチトクロム酸化酵素サブユニットVbの大腸菌での発現
○山ノ井 一裕[1]，下方 國稔[2,3]，片山 幸江[1,3]，島田 秀夫[1]，月原 冨武[2]（慶大・医・医化学[1]，阪大・蛋白研[2]，バイオ産業情報コンソーシアム[3]）

2P-066　バキュロウイルスを用いた組換えウシラクトペルオキシダーゼおよびウシラクトフェリンの発現とそれらの特性
○島崎 敬一，田仲 哲也，佐藤 早苗，中村 一郎，玖村 朗人（北大・農・酪農科学）

機能解析　2P-067～2P-080

2P-067　超好熱性菌由来ホスホフルクトキナーゼのリン酸供与体認識部位に関する解析
○遠山 真理，祥雲 弘文，若木 高善（東大・院農生・応生工）

2P-068　サルコシン酸化酵素における活性部位リジン残基の性質
○向山 恵津子[1]，小寺 義男[2]，前田 忠計[2]，鈴木 春男[1]（北里大・理・生物科学[1]，北里大・理・物理[2]）

2P-069　フッ化金属-ADP複合体によるGroELのアロステリック転移
○伊野部 智由[1,2]，菊島 健児[1]，新井 宗仁[3]，槇尾 匡[1]（東大・物理[1]，科技団，CREST[2]，産総研，生物機能工[3]）

2P-070　超好熱古細菌*Pyrococcus horikoshii* OT3由来aIF2 αはヒト2本鎖RNA依存性キナーゼ（PKR）によってリン酸化される
○田原 舞乃[1]，大澤 晶子[1]，斉藤 早久良[2]，木村 誠[1]（九大院・生資環・生物化学[1]，国立感染症研究所[2]）

2P-071　*Bacillus subtilis*由来ClpCの精製及び機能解析
○内田 圭祐[1]，飯塚 怜[1]，石井 則行[2]，養王田 正文[1]（東京農工大・工[1]，産総研・生物情報[2]）

2P-072　超好熱性古細菌由来シャペロニンにおけるProtrusion domainの役割
○徐 世奈，飯塚 怜，養王田 正文（農工大・工・生命工）

2P-073　血清アルブミンの酸化還元状態と活性酸素種との関わり
根川 常夫[1]，林 知也[2]，富田 美穂子[3]，松山 幸枝[4]，今井 一[4]，村山 幸一[1]，桑田 一夫[1]，○惠良 聖一[1]（岐阜大・医・蛋白高次機能学[1]，明治鍼灸大・生理[2]，東京女子医大・生理[3]，岐阜大・教育[4]）

2P-074　好酸好熱性古細菌由来small heat shock protein の複合体解離機構の解析とN末ドメインの役割
○碓井 啓資[1]，ハティポール オメル[1]，石井 則行[2]，養王田 正文[1]（農工大・工・生命工学科[1]，産総研[2]）

2P-075　酸化還元酵素DsbBにおけるCys^{41}-X-X-Cys^{44}モチーフの機能的役割
○髙橋 洋平[1]，髙橋 由貴[1,3]，稲葉 謙次[1,2]，伊藤 維昭[1,3]（京大・ウイルス研[1]，科技団・さきがけ21[2]，科技団・クレスト[3]）

2P-076　Saccharomyces cerevisiae由来HSP42の構造と機能
○広瀬 麻耶[1]，碓井 啓資[1]，石井 則行[2]，養王田 正文[1]（農工大・工・生命工学科[1]，産総研[2]）

2P-077　無脊椎動物型リゾチームに属し，2つの異なるタイプの活性を持つ *Tapes japonica* lysozymeの酵素活性部位の解析
○竹下 浩平[1]，植田 正[1]，井本 泰治[1,2]（九大・院・薬[1]，崇城大・工・応用微生物[2]）

2P-078　キメラ作製によるマウスアルコール脱水素酵素の基質認識部位の同定
○塚本 精一[1]，清水 昭夫[1]，黒沢 則夫[1]，長谷場 健[2]，池口 雅道[1]（創価大・工・生物工[1]，日本医大・医・法医学[2]）

2P-079　抗上皮増殖因子受容体（EGFR）抗体528を用いたdiabodyのin vivo抗腫瘍効果
○浅野 竜太郎[1]，林 洋毅[3]，津本 浩平[1]，真壁 幸樹[1]，曽根 由希子[1]，片寄 友[3]，海野 倫明[3]，工藤 俊雄[2]，熊谷 泉[1]（東北大・院工・生工[1]，東北大・加齢研[2]，東北大・第一外科[3]）

2P-080　高度好熱菌由来 dNTP triphosphohydrolase の分子機能解析
○近藤 直幸[1]，増井 良治[1]，倉光 成紀[1,2]（阪大・院理・生物科学[1]，理研・播磨研[2]）

蛋白質デザイン，工学　2P-081～2P-088

2P-081　β-hairpinペプチドのデザイン: Single-layer β-sheetを基として
○中川 とも子[1]，田村 厚夫[1,2]（神大・院・自然[1]，科技団・さきがけ21[2]）

2P-082　相補ペプチド理論を用いた活性ペプチドの設計とAutodock3.0を用いたその結合性の評価
○小島 泰樹（県立愛知病院・外科）

2P-083　蛋白質のネガティブデザイン：変性構造アンサンブルとデザイン配列の相関
○金 文珍[1]，藤墳 佳見[1]，髙田 彰二[1,2,3]（神戸大・院・自然[1]，神戸大・理[2]，科技団・さきがけ21[3]）

2P-084　有利アミノ酸置換効果の累積性を有効に用いた進化蛋白質工学
○相田 拓洋[1]，芝中 安彦[2]，浜松 典郎[2]，野宮 由起子[2]，内山 秀文[2]（産総研・生命情報[1]，ノバルティスファーマ筑波研究所[2]）

2P-085　『細胞の品質管理機構』スクリーニングによる免疫グロブリンフォールド蛋白質のジスルフィド結合の除去
○萩原 義久，湯元 昇（産総研・人間系）

2P-086　アミノ酸残基レベルの分解能で見るリゾチーム2SS変異体[64-80,76-94]の部分構造の安定化に対するグリセロールの影響
○坂本 恵子[1]，平井 健一[1]，野田 康夫[1]，橘 秀樹[2]，瀬川 新一[1]（関学大・理工[1]，神戸大・理[2]）

2P-087　コンビナトリアルミュータジェネシスによる酵素中のアミノ酸組成の単純化
○赤沼 哲史[1,2]，木川 隆則[3]，横山 茂之[3]（東薬大・生命・分子生命[1]，科技団・バイオインフォ[2]，理研・ゲノム科学セ[3]）

2P-088　置換酵素によるアルカリキシラナーゼAのループ4解析
○西本 完[1]，北岡 本光[1]，粟冠 和郎[2]，大宮 邦雄[2]，林 清[1]（食総研[1]，三重大生資[2]）

相互作用・分子認識　2P-089～2P-099

2P-089　蛍光相関分光法によるアミロイドβペプチドの培養神経細胞に対する影響解析
○高橋 保夫[1,2]，田村 守[1]，金城 政孝[1]（北大・電子研[1]，オリンパス光学[2]）

2P-090　NMRによるF-boxタンパク質Fbs1と糖鎖との相互作用解析
○平尾 武士[1,3]，山口 芳樹[1,3]，吉田 雪子[2,3]，田中 啓二[2]，加藤 晃一[1,3]（名市大・院薬[1]，都臨床研[2]，CREST, JST[3]）

2P-091　NMR 測定から得られるSaturation transfer と Residual dipolar couplingの情報を利用した蛋白質-蛋白質ドッキングシミュレーション
○松田 知己，池上 貴久，中島 伸介，中村 春木（阪大・蛋白研）

2P-092　NMR法によるトランスサイレチンとβアミロイドタンパク質の相互作用解析
○松浦 篤志，水口 峰之，河野 隆英，松原 公明，河野 敬一（富山医薬大・薬）

2P-093　蛋白質・DNA複合体のQSAR解析
○皿井 明倫[1]，Ponraj Prabakaran[2]，Shandar Ahmad[1]，Michael Gromiha[3]，河野 秀俊[4]（九工大・情報工[1]，NIH[2]，生命情報科学研究セ[3]，原研[4]）

2P-094　NMR法による$p67^{phox}$のTPRドメインと低分子量Gタンパク質Racとの相互作用研究
○吉田 慎一[1]，鈴木 展生[1,2]，小椋 賢治[1]，横地 政志[1,2]，住本 英樹[2,3]，稲垣 冬彦[1,2]（北大院・薬・構造生物[1]，タンパク3000[2]，九大・生医研・増殖分化制御[3]）

2P-095　NMRによるタンパク質構造解析・相互作用解析のための新規手法の開発
○小林 俊達[1]，河野 俊之[2]，三島 正規[1]，児嶋 長次郎[1]（奈良先端大・バイオ[1]，三菱化学・生命研[2]）

2P-096　interleukin21（IL-21）,interleukin21 recptor（IL-21R）細胞外ドメイン間の速度論的相互作用解析
○真壁 幸樹，津本 浩平，浅野 竜太郎，熊谷 泉（東北大学大学院工学研究科生物工学専攻）

2P-097　アダプター蛋白CrkLとASAP1の結合の意義について
○西谷 千明[1]，大川 克也[2]，小田 淳[1]，和田 郁夫[3]，藤田 博美[1]（北大・医・環境医学[1]，キリンビール医薬探索研[2]，福島県立医大・医[3]）

2P-098　静電ポテンシャルと分子表面形状による蛋白質のDNA結合能および結合部位の予測
○土屋 裕子[1]，木下 賢吾[2,3]，中村 春木[1]（阪大・蛋白研[1]，横浜市大院・総合理学[2]，科技団・さきがけ[3]）

2P-099　配偶体型自家不和合性における自他認識機構のシミュレーション解析
○井田 孝[1,2]，橋本 博[1]，清水 敏行[1]，佐藤 衛[1]，松浦 孝範[3]，乗岡 茂巳[3]，崎山 文夫[3]（横浜市大・総合理・生体超分子[1]，理研・播磨　構造生物物理研究室[2]，阪大・生命機能[3]，四天王寺国際仏教大学[4]）

分子動力学，構造予測，モデリング，バイオインフォマティクス　2P-100～2P-120

2P-100　*Pro*Mode：タンパク質の基準振動データベースの解析　－動的ドメインの同定－
○猿渡 茂[1]，加藤 雅樹[2]，輪湖 博[3]（北里大・理[1]，横浜市大・院総合理・生体超分子[2]，早大・社会科学[3]）

2P-101　Photoactive Yellow Proteinの光サイクルにおける構造変化のエネルギーランドスケープ
○伊藤 一仁[1,2]，笹井 理生[1]（名大・院情報科学[1]，科技団 ACT-JST[2]）

2P-102　タンパク質エネルギー地形における自由度の縮約化 －天然構造周りの構造安定性－
○星野 恭子[1]，松永 康佑[1]，Mark Miller[2]，David J. Wales[3]，小松崎 民樹[1]（神大・理・地惑[1]，FOM研究所[2]，ケンブリッジ大・化学[3]）

2P-103　蛋白質の構造変化を考慮したリガンドー蛋白質ドッキングに向けた新手法の開発
○巽 理恵[1,2]，福西 快文[1]，中村 春木[1,3]（産総研・生物情報解析研究センター[1]，（社）バイオ産業情報化コンソーシアム・生物情報解析研究センター[2]，阪大・蛋白研[3]）

2P-104　蛋白質の動きの温度依存性に関する分子動力学を用いた解析
○小俣 友輝，石村 康生，和田 充雄（北大・工・シス情・複雑系）

2P-105　活性型カルモジュリンとリガンドペプチドとのinduced fitの分子シミュレーション
○吉田 豊[1]，古賀 信康[1]，高田 彰二[1,2]（神戸大・自然科学[1]，科技団さきがけ[2]）

2P-106　動的な座標系のモデルによる蛋白質ダイナミクスの解析
○森次 圭，木寺 詔紀（横浜市大院・総合理）

2P-107　エントロピーバイアスMD法によるPoly-L-glutamic Acidsの水中でのHelix形成のシミュレーション
○三友 大輔[1]，肥後 順一[1]，宮川 博夫[2]，丸山 慶一郎[1]（東薬大・生命・分子[1]，大正製薬[2]）

2P-108　タンパク質の天然構造近傍におけるレプリカ交換MD計算：力場の評価
○長島 剛宏[1]，三井 崇志[2]，金城 怜[1]，西川 建[1]（遺伝研[1]，富士通[2]）

2P-109　触媒抗体と基質アナログとの結合自由エネルギー計算
○岡崎 功[1]，斎藤 稔[1]，織田 昌幸[2]，藤井 郁雄[3]（弘前大学・理工[1]，東理大・生命[2]，大阪府大[3]）

2P-110　亜鉛結合タンパク質の分子進化シミュレーション：折れ畳み能力と機能の共進化
○渕上 壮太郎[1]，藤墳 佳見[2]，千見寺 浄慈[2]，高田 彰二[1,2,3]（科技団・計算科学技術[1]，神大院・自然[2]，科技団・さきがけ21[3]）

2P-111　β-sheetを含むタンパク質の構造予測に向けての粗視化モデル構築
○佐々木 尚[1]，笹井 理生[2]（名大・院人情[1]，名大・院情科[2]）

2P-112　long rangeの立体障害を持つペプチド鎖の網羅的な検索
○築地 伸明，池口 雅道（創価大・工）

2P-113　Probabilistic Alignmentを用いたタンパク質配列と構造の繰り返しの解析
○小池 亮太郎[1,2]，木下 賢吾[2]，木寺 詔紀[2]（京大・院理[1]，横浜市大・院総合理[2]）

2P-114　蛋白質のin silico機能予測を目指した量子化学的研究
○福島 健太郎[1]，井上 義夫[1]，和田 光人[3]，櫻井 実[2]（東工大院・生命理工[1]，東工大・バイオ支援センター[2]，セレクター（株）[3]）

2P-115　2次構造ベクトル表現されたタンパク質模型のトポロジー予測
石田 裕一[1]，安井 友二朗[2]，○白井 剛[3]（CTI[1]，名大・工・生物機能[2]，生物分子工研[3]）

2P-116　クロプトクロムとフォトリアーゼの機能差に関連するサイトの検索
○大安 裕美，藤 博幸（京大・化研・BIC）

2P-117　膜タンパク質判別に向けた膜貫通セグメント解析
○辻 敏之，美宅 成樹（名大院・工・応用物理）

2P-118　A grid-clustering approach to detect charged regions in large sets of proteins
○Shandar Ahmad，皿井 明倫（九工大・情報工）

2P-119　DNA－蛋白質間相互作用経験則の導出とその応用
○齊藤 美保子[1]，石田 裕一[2]，郷 通子[3]，白井 剛[4]（名大・院理・生命[1]，CTI[2]，長浜バイオ大・バイオサイエンス[3]，生物分子工学研究所[4]）

2P-120　ヒト脳における選択的スプライシングと蛋白質構造の関連
○本間 桂一[1,2]，菊野 玲子[3]，小原 收[3]，西川 建[1]（遺伝研・生命情報・DDBJ[1]，科技団[2]，かずさDNA研[3]）

6月25日（水）

討論時間：奇数番号 13：25～14：25，偶数番号 14：25～15：25

蛋白質構造，物性，フォールディング　3P-001～3P-062

3P-001　タバコ（ *Nicotiana glutinosa* ）葉リボヌクレアーゼの基質認識機構
○河野 慎，角田 佳充，木村 誠（九大・生資環・生化）

3P-002　複製開始タンパク質 RepE N末ドメイン二量体の結晶化
○中村 顕[1]，小森 博文[1]，小林 元悟[2]，喜田 昭子[1]，和田 千恵子[2]，三木 邦夫[1,3]（京大・院理・化学[1]，京大・ウイルス研[2]，理研播磨/SPring-8[3]）

3P-003　集光性アンテナタンパク質 I（LHI）と光合成反応中心（RC）との複合体の結晶化
○平野 優[1]，沼本 修孝[1]，鈴木 宏昭[2]，喜田 昭子[1]，王 征宇[2]，野澤 庸則[2]，三木 邦夫[1,3]（京大・院理・化学[1]，東北大・院工・生物工学[2]，理研播磨/SPring-8[3]）

3P-004　電子顕微鏡によるクランプ-クランプローダ-DNA 複合体の単粒子解析
○真柳 浩太[1]，宮田 知子[1]，石野 園子[1]，湯浅 美穂子[1]，石野 良純[2]，森川 耿右[1]（生物分子工研[1]，九大・院農[2]）

3P-005　FT-IR 法によるトロポニン C サイト III の Ca^{2+} 配位構造の解析
○奈良 雅之[1]，森井 尚之[2]，湯本 史明[3]，鍵 裕之[4]，田之倉 優[3]（東医歯大・教養[1]，産総研[2]，東大院・農[3]，東大院・理[4]）

3P-006　超好熱アーキア *Aeropyrum pernix* の 2-デオキシ-D-リボース-5-リン酸アルドラーゼの機能と立体構造解析
○大島 敏久[1]，櫻庭 春彦[1]，下家 郁子[1]，鄉田 秀一郎[1]，津下 英明[2]，勝沼 信彦[2]（徳島大・工・生物工[1]，徳島文理大・健康科学研[2]）

3P-007　モノアミン酸化酵素の構造と機能の研究
○馬 吉春[1]，吉村 政人[1]，窪田 史絵[1]，山下 栄樹[1]，中川 敦史[1]，伊藤 明夫[2]，月原 富武[1]（阪大・蛋白研[1]，九大・理・化学[2]）

3P-008　マシコヒゲムシ巨大ヘモグロビンの結晶学的研究
○沼本 修孝[1]，中川 太郎[2]，喜田 昭子[1]，福森 義宏[2]，三木 邦夫[1,3]（京大・院理・化学[1]，金沢大・理・生物[2]，理研播磨/SPring-8[3]）

3P-009　アルカリ α-アミラーゼ AmyK38 とマルトペンタオースの複合体の結晶構造
○野中 剛[1]，藤橋 雅宏[1]，喜田 昭子[1]，萩原 浩[2]，尾崎 克也[2]，伊藤 進[3]，三木 邦夫[1,4]（京大院理・化学[1]，花王生科研[2]，海洋科技セ[3]，理研播磨 / SPring-8[4]）

3P-010　タバコネクロシスウイルスタンパク質の再構成粒子の高分解能構造
○石飛 周[1]，佐伯 和彦[1]，福山 恵一[1]（阪大・院理・生物科学）

3P-011　GTP cyclohydrolase I の反応初期過程の解析
○田中 容子[1]，中川 紀子[2]，増井 良治[1]，倉光 成紀[1,2]（阪大・院理・生物[1]，理研・播磨研[2]）

3P-012　NMR Studies on the 502 − Residue *Escherichia coli* Nickel Binding Protein − NikA
○Rajesh Sundaresan[1,2,3]，Jonathan Heddle[3]，倉島 かおり[2]，白川 昌宏[4]，伊藤 隆[1,2]，Jeremy Tame[3]（理研・遺伝生化学[1]，横浜市大・院総合理・分子生理学[2]，横浜市大・院総合理・生体超分子設計科学[3]，横浜市大・院総合理・生体超分子計測科学[4]）

3P-013　イソロイシル tRNA 合成酵素の校正ドメインによるバリン認識の構造生物学的解析
○福永 流也[1]，濡木 理[1,2,3,4]，深井 周也[1]，石谷 隆一郎[1]，横山 茂之[1,4]（東大・院理・生化[1]，東工大・生命理工[2]，さきがけ21[3]，理研[4]）

3P-014　安定同位体標識 DNA を用いた hnRNP D タンパク質とテロメア DNA の複合体の構造決定
○榎園 能章[1]，大橋 肅[1]，宮ノ入 洋平[1]，松上 明正[1]，上杉 晴一[1]，石川 冬木[2]，片平 正人[1]（横浜国大院・環境情報[1]，京大院・生命科学[2]）

3P-015　Glucose-inhibited division protein A（GidA） の結晶構造
○岩崎 わかな[1]，宮武 秀行[1]，三木 邦夫[1,2]（理研播磨[1]，京大院・理[2]）

3P-016　がん細胞運動刺激因子の立体構造解析
○那波 紀子[1]，田中 信忠[1]，羽賀 新世[2]，日下部 吉男[1]，永瀬 久光[2]，中村 和郎[1]（昭和大・薬[1]，岐阜薬大[2]）

3P-017　Shaker 型膜電位依存性 K^+ チャネルのトポロジー形成における静電相互作用の役割
○佐藤 陽子[1,2]，阪口 雅郎[2]，五島 志伸[3]，魚住 信之[1,3]（名大院・生命農[1]，九大院・医・機能高分子[2]，名大・生物機能開発利用研究センター[3]）

3P-018 フィブロイン遺伝子転写制御タンパク質における繰り返し配列の立体構造解析
○川口 恭輔[1]，相沢 智康[1]，滝谷 重治[2]，出村 誠[1]，新田 勝利[1]（北大院・理[1]，北大先端研[2]）

3P-019 ファージ提示系に基づく生分解性プラスチック吸着抗体の作製並びに機能・構造解析
○渡邊 秀樹[1]，津本 浩平[1]，近藤 英昌[2]，西宮 佳志[2]，山下 宏一[3]，田口 精一[3]，土肥 義治[3]，熊谷 泉[1]（東北大院・工・生工[1]，産総研[2]，理研[3]）

3P-020 ヘム依存性リン酸化酵素HRIのN末端ドメインにおけるヘムの軸配位子の同定
○犬塚 貴之[1]，石川 春人[1]，Bo-Geon Yun[2]，髙橋 聡[1]，堀 洋[3]，Robert L. Matts[2]，石森 浩一郎[1]，森島 績[1]（京大・院工・分子工学[1]，オクラホマ州立大学[2]，阪大・基礎工・生物工[3]）

3P-021 溶液NMRを用いた大腸菌Orf135蛋白質の構造解析
○米山 桃子[1]，三島 正規[1]，紙谷 浩之[2]，紙谷（村田）尚子[3]，原島 秀吉[2]，児嶋 長次郎[1]（奈良先端大・バイオサイエンス[1]，北大院・薬[2]，産総研・生物機能工学[3]）

3P-022 高度好熱菌T.thermophilus HB8由来4-hydroxyphenylacetate 3-monooxygenase small component（HpaC）の結晶構造解析
○金 成勲[1]，宮武 秀行[1]，久野 玉雄[1]，三木 邦夫[1,2]（理研播磨[1]，京大院・理[2]）

3P-023 べん毛フックキャップ蛋白質FlgDの複合体形成の解析
○松波 秀行[1]，難波 啓一[1,2]（科技団・ICORP・超分子ナノマシン[1]，阪大院・生命機能[2]）

3P-024 好中球活性酸素発生系における制御タンパク質p47^{phox}（151-340）の構造解析
○湯沢 聡[1,2]，鈴木 展生[1,2]，藤岡 優子[1,2]，小椋 賢治[1,2]，住本 英樹[2,3]，稲垣 冬彦[1,2]（北大・院・薬[1]，蛋白3000[2]，九大・生医研[3]）

3P-025 無細胞タンパク質合成系を核としたハイスループットタンパク質構造解析
○矢吹 孝[1]，木川 隆則[1]，井上 真[1]，松田 貴意[1]，青木 雅昭[1]，元田 容子[1]，松田 夏子[1]，斎藤 深雪[1]，藤倉 由紀子[1]，平川 典子[1]，小林 敦夫[1]，松尾 洋[1]，林崎 良英[1]，理研 遺伝子構造研究フェーズI&II[1]，篠崎 一雄[1]，関 原明[1]，小原 収[2]，中山 学[2]，田仲 昭子[1]，横山 茂之[1,3,4]（理研・GSC[1]，かずさDNA研・ゲノム構造解析[2]，理研・SPring-8[3]，東大・院理[4]）

3P-026 大腸菌B株由来γ-グルタミルシステイン合成酵素のX線結晶構造解析
○日び 隆雄[1]，仁位 寛[1]，中津 亨[2]，平竹 潤[3]，加藤 博章[2]，小田 順一[1]（福井県大・生物資[1]，京都大・薬・構造生物[2]，京都大・化研[3]）

3P-027 CAP-GlyドメインとSH3ドメインの立体構造類似性
○斉藤 講平[1]，木川 隆則[1]，小柴 生造[1]，松尾 洋[1]，白水 美香子[1]，矢吹 孝[1]，布川 絵未[1]，関 英子[1]，松田 貴意[1]，青木 雅昭[1]，井上 真[1]，寺田 貴帆[1]，小原 収[2]，中山 学[2]，田仲 明子[1]，横山 茂之[1,3,4]（理研・GSC[1]，かずさDNA研[2]，理研・播磨[3]，東大・院・理[4]）

3P-028 マウスGCN2のN末端に見られる新規タンパク質結合ドメインの構造
○行木 信一[1]，米山 操[1]，木川 隆則[1]，小柴 生造[1]，栃尾 尚哉[1]，斉藤 講平[1]，松尾 洋[1]，矢吹 孝[1]，布川 絵未[1]，関 英子[1]，松田 貴意[1]，青木 雅昭[1]，井上 真[1]，寺田 貴帆[1]，白水 美香子[1]，田仲 明子[1]，GSC遺伝グループPhase1&2チーム[1]，林崎 良英[1]，横山 茂之[1,2,3]（理研・GSC[1]，理研・播磨[2]，東大院・理[3]）

3P-029 大腸菌の転写関連蛋白質因子の構造解析
○白木原 康雄[1]，白鳥 綾[1]，井上 久子[1]，関 めぐみ[1]，石浜 明[2]，神田 えみ[2]，仁木 宏典[1]，稲葉 利枝[1]，谷田 勝教[1]，小方 康至[1]（遺伝研[1]，日生研[2]）

3P-030 赤外分光法による脳蛋白質S-100bのCa^{2+}，Mn^{2+}イオン結合状態の解析
○村山 幸市[1]，松田 貞行[2]，尾崎 幸洋[3]，恵良 聖一[1]（岐阜大・医・蛋白高次機能学[1]，北海道教育大・旭川校・地域環境教育[2]，関西学院大・理工[3]）

3P-031 カビ由来ポリヒドロキシアルカン酸分解酵素の結晶構造解析
○久野 玉雄[1]，手塚 陽子[2]，粕谷 健一[2]，白木 麻里[3]，岩田 忠久[4]，土肥 義治[4,5]，斉藤 光實[3]，三木 邦夫[1,6]（理研播磨研[1]，群馬大・工[2]，神奈川大・理[3]，理研[4]，東工大・院・総合理工[5]，京大・院・理[6]）

3P-032 氷核蛋白質タンデムリピートのヘアピンループ構造
○熊木 康裕[1]，新田 勝利[2]，松嶋 範男[3]（北大・理・NMR[1]，北大院・理・生物科学[2]，札幌医大・保健医療[3]）

3P-033 微生物由来転写調節因子の結晶構造解析
○夏目 亮[1,3]，村岡 真[2]，小川 直人[4]，宮下 清貴[4]，堀之内 末治[3]，千田 俊哉[2]（生物情報解析研究センター，JBIC[1]，生物情報解析研究センター，産業技術総合研究所[2]，東大・院・農学生命科学[3]，農業環境技術研究所[4]）

3P-034 超好熱性古細菌由来ADP依存性グルコキナーゼのX線結晶構造解析
○伊藤 創平，鄭 鐘珍，伏信 進矢，祥運 弘文，若木 高善（東大・院農・応生工）

3P-035 高度好熱菌tmRNA結合タンパク質，SmpB，の立体構造
○染谷 龍彦[1]，行木 信一[1]，細井 晴子[2]，鈴木 咲良[2]，畠中 秀樹[2]，藤井 倫子[1]，寺田 貴帆[2]，白水 美香子[2]，井上 頼直[3]，柴田 武彦[3,4]，倉光 成紀[3,5]，横山 茂之[2,3,6,7]，河合 剛太[1,2]（千葉工大・工[1]，理研・GSC[2]，理研・ストラクチュローム[3]，理研・遺伝生化[4]，阪大・院理[5]，理研・細胞情報伝達[6]，東大・院理[7]）

3P-036 原子間力顕微鏡を用いたヒトインターロイキン-6の研究
○鈴木 光治，田中 裕行，中村 友彦，美甘 江利子，菅野 誉士，川合 知二（阪大・産研）

3P-037 シロイヌナズナ由来仮想ステロイド結合蛋白質の立体構造
鈴木 咲良[1]，○畠中 秀樹[1]，木川 隆則[1]，寺田 貴帆[1]，白水 美香子[1]，関 原明[2,3]，篠崎 一雄[2,3]，横山 茂之[1,4,5]（理研GSC・タンパク質[1]，理研・植物分子生物[2]，理研GSC・植物ゲノム[3]，理研・播磨[4]，東大・院・理[5]）

3P-038 *Xenopus* MIFのX線結晶構造解析
○居弥口 大介[1]，田中 勲[1]，鈴木 正己[2]，前河 友紀[1]，西平 順[2]，石橋 照雄[2]（北大・理・生物科学[1]，北大・医・分子生化[2]）

3P-039 高度好熱菌由来2成分情報伝達系の構造生物学的研究
○宮武 秀行，金 成勲，久野 玉雄，三木 邦夫（理研・播磨・理論構造生物学）

3P-040 NMRによる大腸菌DNA修復蛋白質Adaの機能スイッチ機構の解明
○瀧之脇 浩人，松田 安弘，吉田 卓也，小林 祐次，大久保 忠恭（阪大院・薬）

3P-041 *Galdieria*由来Rubiscoの触媒部位の開閉とリガンドの関係
○上野 剛史[1]，溝端 栄一[1]，岡野 洋介[1]，松村 浩由[1]，井上 豪[1]，横田 明穂[2]，甲斐 泰[1]（阪大・院工・物質化学[1]，奈良先端大・院バイオ[2]）

3P-042 単純化されたアミノ酸配列を持つイエロープロテインの物性
○白井 久美子，山崎 洋一，上久保 裕生，今元 泰，片岡 幹雄（奈良先端大・物質創成）

3P-043 アミロイド線維形成に対する鏡像異性体フラグメントの効果
○和田井 寛大[1]，山口 圭一[1]，菅野 誉士[2]，中村 友彦[2]，川合 知二[2]，長谷川 一浩[3]，内木 宏延[3]，後藤 祐児[1]（阪大・蛋白研[1]，阪大・産研[2]，福井医大・第二病理[3]）

3P-044 全反射蛍光顕微鏡によるアミロイド線維の直接伸長観察
○伴 匡人[1]，浜田 大三[1,2]，長谷川 一浩[3]，内木 宏延[3]，後藤 祐児[1]（阪大・蛋白研[1]，大阪府立母子センター・免疫[2]，福井医大・第二病理[3]）

3P-045 超好熱細菌由来蛋白質の大腸菌発現で形成される不溶性顆粒の分光学的研究
○梅津 光央[1]，津本 浩平[2]，Ashish Kumar[2]，新田 茂輝[2]，阿尻 雅文[1]，熊谷 泉[2]（東北大・多元研[1]，東北大・院工・生工[2]）

3P-046 α-ラクトアルブミンと中性リン脂質膜の相互作用に対するpHの影響
○江口 基[1]，青葉 隆紀[1]，坂井 寛子[1]，園山 正史[1]，美宅 成樹[1,2]（農工大・工・生命工[1]，名大院・工・応用物理[2]）

3P-047 高分子のコンパクトさに対するクラウディング効果の影響
○徳力 伸彦[1]，根木 滋[1]，金城 政孝[2]，卜部 格[1]（阪大院・工・応生[1]，北大・電子研[2]，阪大院・情報[3]，科技団・さきがけ[4]，東大院・総合文化[5]）

3P-048 ProTherm: 蛋白質と変異体の熱力学データベース
○Bava Abdulla[1]，Michael Gromiha[2]，上平 初穂[3]，北島 浩司[1]，皿井 明倫[1]（九工大・情報工[1]，生命情報科学研究セ[2]，物質情報研[3]）

3P-049 結合ペプチドのアミノ酸置換によるペプチド-MHC クラスII 複合体の熱安定性変化
○齊藤 桂吾[1]，皿井 明倫[2]，織田 昌幸[1]，東 隆親[1]，小園 晴生[1]（東京理科大・生命研・情報[1]，九工大・情報工学部・生物化学システム[2]）

3P-050 リポカリン型プロスタグランジンD合成酵素の熱変性機構
○飯田 津喜美[1]，田中 晶善[2]，裏出 良博[3]，乾 隆[1,3]（三重短大・生活科学・食物栄養[1]，三重大・生物資源[2]，大阪バイオ研・分子行動生物[3]）

3P-051 ヒト由来αシヌクレインの構造状態に与える糖および糖類誘導体の影響の検討
早出 広司，○落合 さや香，白坂 英理（東京農工大・工・生命工）

3P-052 バクテリオロドプシンの光誘起変性における不均一な構造安定性
○横山 泰範[1,2]，園山 正史[1]，美宅 成樹[1,2]（農工大・工・生命工[1]，名大院・工・応用物理[2]）

3P-053　β2ミクログロブリンの凝集とアミロイド線維形成
○カルドス ジョセフ[1]，奥野 大地[2]，中村 友彦[3]，川合 知二[3]，湯元 昇[4]，清水 洋[4]，北川 禎三[2]，内木 宏延[5]，後藤 祐児[1]（阪大・蛋白研[1]，岡崎分子研[2]，阪大・産研[3]，産総研[4]，福井医大・第二病理[5]）

3P-054　*Pichia pastoris* 発現系を用いた蛋白質高次会合体形成の試み
○櫻井 一正，後藤 祐児（阪大・蛋白研）

3P-055　Photoactive Yellow Protein の color regulation におけるアナログ発色団による静電的摂動の影響
○山田 寛士[1]，熊内 雅人[2]，濱田 格雄[3]，Xiang-Guo Zheng[4]，Il Ho Park[4]，益田 勝吉[4]，吉原 和雄[4]，徳永 史生[1,3]（阪大・理・宇宙地球[1]，ワシントン大・生物[2]，(JST) CREST[3]，サントリー・生有研[4]）

3P-056　βラクトグロブリンの立体構造形成におけるジスルフィド結合の役割
○山田 好輝，矢島 丈夫，斎藤 啓子，徳島 章仁，諸喜田 茜，小林 拓次，池口 雅道（創価大・工）

3P-057　タンパク質フォールディングとフラグメントアセンブリ
○千見寺 浄慈[1]，藤墳 佳見[1]，高田 彰二[1,2]（神大・理[1]，科技団さきがけ[2]）

3P-058　$β_2$－ミクログロブリン１分子のフォールディング反応観察の試み
○日暮 卓志[1,2,3]，佐々木 裕次[1,2,3]，内木 宏延[4]，後藤 祐児[1]（阪大・蛋白研・溶液[1]，CREST/JST・佐々木チーム[2]，SPring-8/JASRI・生物医学[3]，福井医大・病理[4]）

3P-059　ATPとフッ化ベリリウム存在下では，GroELダブルリングの両方でタンパク質の折れたたみが進行する
○田口 英樹[1,2]，佃 啓吾[1]，吉田 賢右[1]（東工大・資源研[1]，科技団・さきがけ[2]）

3P-060　ニワトリ卵白リゾチームのフォルディング初期過程に形成されるジスルフィド結合の解析
○塩井 誠次郎[1]，植田 正[1]，及川 真紀[1]，大栗 誉敏[1]，井本 泰治[1,2]（九大院・薬[1]，嵩城大・工・応用微生物[2]）

3P-061　粗視化モデルシミュレーションで見られるフォールディングメカニズムの温度依存性
○中村 寛則[1,2]，高野 光則[1]（東大・総文・生命[1]，科技団・計算科学技術[2]）

3P-062　タンパク質フォールディングのダイナミックス：主成分空間におけるエルゴード性
○松永 康佑，小松崎 民樹（神戸大・理）

機能解析　3P-063～3P-076

3P-063　Nudix ファミリ－の基質特異性発現機構
○山縣 ゆり子（熊本大・薬）

3P-064　高度好熱菌 RecR 蛋白質の機能解析
○本多 賢吉[1,3]，石田 麻優子[2]，井上 仁[1,3]，Sundaresan Rajesh[3]，美川 務[1,3,4]，伊藤 隆[1,3,4]，柴田 武彦[1,3,4]（横市大・総合理[1]，日本女子大・理[2]，理研・遺伝生化[3]，科技団・CREST[4]）

3P-065　高度好熱菌 MutS2 は MutL によって活性化されるヌクレアーゼ活性を持つ
○福井 健二[1]，増井 良治[1,2]，倉光 成紀[1,2]（阪大・院理・生物[1]，理研・播磨研[2]）

3P-066　高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 ヌクレオチド除去修復系の機能解析
○齋藤 郁美[1]，中川 紀子[2]，増井 良治[1]，倉光 成紀[1,2]（阪大・理・生物[1]，理研・播磨研[2]）

3P-067　病因性変異型 S112I トランスサイレチンの構造安定性とアポトーシス誘導
松原 公明[1]，水口 峰之[1]，川口 泰永[1]，青木 孝裕[1]，齋藤 隆幸[1]，○河野 敬一[1]（富山医科薬科大・薬）

3P-068　昆虫サイトカイン GBP の N 末端領域における Gly 残基の役割と活性への影響
○吉田 正暢[1]，設楽 邦夫[1]，松原 公明[1]，河野 隆英[1]，相沢 智康[2]，早川 洋一[3]，熊木 康裕[2]，水口 峰之[1]，出村 誠[2]，新田 勝利[2]，河野 敬一[1]（富山医薬大・薬[1]，北大・理[2]，北大・低温研[3]）

3P-069　回転モーター蛋白質 F1-ATPase の分子機構の理論的研究：トルクを生み出す部位の解析
○古賀 信康[1]，高田 彰二[1,2,3]（神戸大・自然科学[1]，神戸大・理[2]，科技団・さきがけ[3]）

3P-070　PACE4 生合成におけるレティキュロカビンの機能解析 -シャペロンとしての役割-
○辻 明彦，佐藤 幸美，松田 佳子（徳島大・工・生物工学）

3P-071　カルシウムチャネル TRPC5 のシステイン酸化を介した活性化機構
○吉田 卓史[1,2]，西田 基宏[1]，原 雄二[1]，森 泰生[1,2]（岡崎・統合バイオ・細胞生理[1]，総研大・生命科学[2]）

3P-072　酸化傷害 DNA 修復酵素 MutM-DNA 複合体の構造機能解析
○中川 紀子[1]，大塚 ちかこ[2]，西村 光広[2]，甲角 幸秀[1]，増井 良治[1,2]，倉光 成紀[1,2]（理研・播磨研[1]，阪大・院理[2]）

3P-073　ナガガジ由来不凍タンパク質の構造と機能解析
〇西宮 佳志，佐藤 涼子，星野 保，三浦 愛，津田 栄（産総研・生物機能工学）

3P-074　TRPチャネル複合体形成によって制御されるシグナル増幅機構
〇西田 基宏[1]，杉本 健二[2]，森井 孝[2]，原 雄二[1]，森 恵美子[1]，黒崎 知博[3]，森 泰生[1]（岡崎国立研・統合バイオ・細胞生理[1]，京都大・エネルギー理工研・生体エネルギー[2]，関西医大・肝臓研・分子遺伝学[3]）

3P-075　ジャガイモのCa2+依存型タンパク質キナーゼSdCDPK1の細胞膜局在性とエリシター，サプレッサーシグナルの伝達機構の活性化
〇古市 尚高（新大・農・植病）

3P-076　ミトコンドリア内膜ABC輸送体（ABCme）の細胞内局在化と膜トポロジー形成
〇宮崎 恵美，阪口 雅郎，三原 勝芳（九大院・医・機能高分子）

蛋白質デザイン，工学　3P-077～3P-085

3P-077　AAB型3本鎖コイルドコイルを利用したRNaseT1の酵素活性の制御
湯澤 賢，〇田中 俊樹，水野 稔久（名工大院・工）

3P-078　*Bacillus subtilis* リパーゼの1.0 Å分解能結晶構造解析に基づいた低温活性型変異体の作成
〇近藤 英昌[1]，川崎 公誠[1,3]，野呂 奈津子[1]，藤原 峰子[1]，鈴木 守[2]，扇谷 悟[1]，津田 栄[1]（産総研・生物機能工学[1]，高エネ研・物構研・PF[2]，NEDO[3]）

3P-079　異種金属配位能を有するde novoペプチド複合体の設計
水野 稔久[1]，小池 美穂子[1]，和田 聖子[1]，田嶋 邦彦[2]，廣明 秀一[3]，奥 淳一[1]，〇田中 俊樹[1]（名工大院・工[1]，京都工繊[2]，横浜市大院・理[3]）

3P-080　人工ランダムポリペプチドの溶解性に対する実験進化
〇伊藤 洋一郎[1]，川馬 利宏[1]，卜部 格[1]，四方 哲也[1,2,3,4]（阪大院・工・応生[1]，阪大院・情報[2]，科技団・さきがけ[3]，東大院・総合文化[4]）

3P-081　Staphylococcal nucleaseのヘリックス領域への系統的アラニン挿入の影響
〇片岡 幹雄，中川 洋，初田 竜也，山崎 洋一，上久保 裕生（奈良先端大・物質創成）

3P-082　単一アミノ酸置換によるRNase AのS-peptideのヘリックス構造安定化
〇中沢 隆[1]，和田 千尋[1]，西 義則[2]，吉田 卓也[2]，西内 祐二[4]，岡本 祐幸[3]，小林 祐次[2]（奈良女子大・理・化学[1]，阪大院・薬[2]，分子研・理論系[3]，（株）ペプチド研[4]）

3P-083　PQQグルコース脱水素酵素のダイマー構造と酵素特性の相関
〇五十嵐 聡，早出 広司（東農工大・工・生命工）

3P-084　設計コイルドコイル構造を利用した大腸菌でのタンパク質機能の制御
〇田中 俊樹，竹島 由加里，水野 稔久，奥 淳一（名工大院・工）

3P-085　Cys121への部位特異的変異導入によるウシβラクトグロブリンの可逆性の向上
〇八木 正典，櫻井 一正，後藤 祐児（阪大・蛋白研）

相互作用・分子認識　3P-086～3P-096

3P-086　新規ファージ提示系による抗体フレームワーク領域のVH/VL相互作用および抗原結合能への影響の解析
増田 兼治[1]，坂本 健造[2]，油谷 隆秀[2]，〇上田 宏[1,2]（東大院・新領域・先端生命[1]，東大院・工・化生[2]）

3P-087　ライブラリー法を利用した3本鎖コイルドコイル疎水部位内相互作用の探求
稲垣 良憲，〇田中 俊樹，水野 稔久（名工大院・工）

3P-088　ペプチドファージライブラリーを用いたヒトFcγレセプター特異的リガンドの単離
〇霜島 司[1]，本橋 智子[2]，天野 君江[2]，Peter Sondermann[3]，白木原 康雄[4]，前仲 勝実[5]（遺伝研・形質遺伝[1]，遺伝研・進化遺伝[2]，独・マックスプランク研[3]，遺伝研・超分子構造[4]，九大・生医研[5]）

3P-089　p47phoxのタンデムSH3ドメインとp22phox PRRの相互作用
〇小椋 賢治[1]，鳥飼 真之介[1]，湯澤 聰[1,2]，住本 英樹[3]，稲垣 冬彦[1,2]（北大・院薬[1]，タンパク3000プロジェクト[2]，九大・生医研[3]）

3P-090　レクチンにおけるタンパク質間およびタンパク質-糖鎖間相互作用の類似性
〇林田 稔[1]，藤井 知実[1]，石黒 正恒[2]，畑 安雄[1]（京大・化研[1]，九大院農院・遺資工[2]）

3P-091 PDI関連タンパク質と交差反応を示すファージ抗体の解析
○西田 愛，木村 太地，小島 武紘，堀部 智久，菊池 正和（立命館大・理工）

3P-092 NMRを用いた大腸菌DinIとssDNA－RecA複合体との相互作用の解析
○吉益 雅俊[1,2,3]，伊藤 隆[1,2,3]，本多 賢吉[1,2,3]，石部 聡子[1,3]，美川 務[1,2,3]，柴田 武彦[1,2,3]（理研・遺伝生化学[1]，横浜市大・院総合理[2]，科技団・CREST[3]）

3P-093 オリゴヌクレオチド相補性を利用したペプチドの効果的な基板固定
○大塚 圭一，上村 恵子，野島 高彦，脇 道典，竹中 繁織（九大院・工）

3P-094 抗体を用いたABL kinase抑制法の開発とその臨床応用の検討
○高崎 昭彦[1]，赤堀 泰[2]，松下 正之[3]，高崎 さゆり[2]，橋本 敬一郎[2]，黒澤 良和[2]，林 宣宏[2]（藤田保衛大・衛・衛技[1]，藤田保健衛生大学・総合医科学研究所[2]，岡山大学大学院医歯学総合研究科・細胞生理[3]）

3P-095 ヒト免疫細胞抑制型受容体ILT2およびILT4の相互作用解析
○白石 充典[1]，津本 浩平[2]，熊谷 泉[2]，白木原 康雄[3]，神田 大輔[1]，前仲 勝実[1]（九大・生医研[1]，東北大・院工・生工[2]，国立遺伝研[3]）

3P-096 データベースを利用したタンパク質の分子認識機構の解析
○加藤 雅樹[1]，輪湖 博[2]，木下 賢吾[1]，木寺 詔紀[1]（横浜市大・院総合理・生体超分子[1]，早大・社会科学[2]）

分子動力学，構造予測，モデリング，バイオインフォマティクス　3P-097～3P-120

3P-097 熱安定性計算から知る変性状態の構造
○斎藤 稔[1]，岡崎 功[1]，髙野 和文[2]（弘前大学・理工[1]，阪大・院工[2]）

3P-098 Stochastic model of sampling dynamics in generalzied ensemble methods
○Jae-Gil Kim（JBIRC, Japan Biological Informatics Consortium（JBIC））

3P-099 分子動力学法を用いた，N末近傍の構造のみに違いがあるα-ラクタルブミンの野生型と組み換え体のアンフォールディング解析
○笠口 友隆[1]，池口 満徳[2]，木寺 詔紀[2]，桑島 邦博[1]（東大・理・物理[1]，横浜市大・院総合理・生体超分子[2]）

3P-100 生体膜・膜タンパク質の分子動力学シミュレーションプロトコル
○橋戸 公則，池口 満徳，木寺 詔紀（横浜市大院・総合理学）

3P-101 環境によって誘起される蛋白質の二次構造：分子動力学シミュレーション
○亀田 倫史[1]，髙田 彰二[1,2]（神戸大-院-自然科学[1]，科技団さきがけ[2]）

3P-102 島模型によるタンパク質の構造変化の統計力学
○小林 幸夫[1]，輪湖 博[2]，斎藤 信彦[3]（創大・工・情報[1]，早大・社学[2]，早大・理工・応物[3]）

3P-103 *E.coli* $tRNA^{Gln}$ 及びその aptamer と GlnRS 複合体のMDシミュレーションによる解析
○山崎 智，中村 周吾，寺田 透，清水 謙多郎（東大・院農・応生工）

3P-104 量子化学計算によるCarbazole 1,9a-dioxygenaseの基質の電子状態と触媒反応の相関解析
寺田 透，○中村 周吾，大堀 孝裕，小林 仁典，塚本 弘毅，清水 謙多郎（東大・院農・応生工）

3P-105 8-オキソグアニンDNAグリコシラーゼ-損傷DNA複合体の分子動力学シミュレーション
○石田 恒[1]，郷 信広[1,2]（原研・中性子利用研究センター[1]，奈良先端大・情報科学[2]）

3P-106 分子動力学を用いたビオチンカルボキシラーゼ（BC）の機能解析
○藤井 聡[1]，竹中 繁織[1]，伊藤 祐子[2]，末田 慎二[2]，近藤 寛樹[2]（九大院・工・応化[1]，九工大・情報工・生化[2]）

3P-107 Protein Driven Photoisomerization Reaction: Ab initio QM/MM study of Photoactive Yellow Protein
山田 篤志，石倉 孝一，○倭 剛久（名大・院・理）

3P-108 ab initioタンパク質立体構造予測における予測構造群からの最適予測構造の抽出
○石田 貴士，中村 周吾，清水 謙多郎[1]（東大・院農・応生工）

3P-109 平均場近似計算によるアミノ酸プロファイルにもとづいたエネルギー的にカップリングしている残基の予測
○河野 秀俊（原研・中性子利用セ/計算科学セ）

3P-110 アミノ酸による塩基配列認識の自由エネルギーマップ：配列コンテクストの影響
○吉田 智喜[1]，相田 美砂子[1]，皿井 明倫[2]，M. Michael. Gromiha[3]（広大・院理・化学[1]，九工大・情報工[2]，生命情報科学研究セ[3]）

3P-111 アラニンジペプチドの水和自由エネルギーの立体構造依存性の計算
○入佐 正幸（九工大・情報工）

3P-112 Long- and short-range interactions in native protein structures are consistent/minimally-frustrated in sequence space
○宮澤 三造（群馬大・工）

3P-113 シアノバクテリア時計蛋白質 KaiC のホモロジーモデリング
○土方 敦司[1]，山口 晶大[2]，郷 通子[2]（名大・院理・生命理学[1]，長浜バイオ大・バイオサイエンス[2]）

3P-114 統計的分類を用いたタンパク質耐熱化機構の解析
○横田 恭宣[1]，白木 賢太郎[2]，髙木 昌宏[2]，佐藤 賢二[1]（北陸先端大・知識[1]，北陸先端大・材料[2]）

3P-115 構造および機能からの Cu-Oxidase のドメイン進化過程に関する研究
○中村 建介[1]，川端 猛[1]，由良 敬[2]，郷 信広[2]（奈良先端大・院・情報科学[1]，原研・計算科学[2]）

3P-116 蛋白質・核酸相互作用熱力学データベース（ProNIT）：最近の進展
○Kumar Shaji[1]，Ponraj Prabakaran[2]，上平 初穂[3]，Michael Gromiha[4]，北島 浩司[1]，皿井 明倫[1]（九工大・情報工[1]，NIH[2]，物質情報研[3]，生命情報科学研究セ[4]）

3P-117 蛋白質・リガンド相互作用データベース，ProLINT，の開発と QSAR 解析
○北島 浩司[1]，アーマッド シャンダー[1]，久保寺 英夫[3]，砂田 真二[2]，皿井 明倫[1]（九工大・情報工学科[1]，三菱ウエルファーマ株式会社[2]，ZeoGene[3]）

3P-118 ゲノム配列中の ORF 位置情報にもとづくゲノム機能予測の試み
○由良 敬，河野 秀俊，郷 信広（原研・計算センター・量子生命）

3P-119 Computation of Van der Waals factor of deformable ion selective channel on excitable biological cellular membrane
○Hiroshi Hirayama（Department of Public Health, Asahikawa Medical College）

3P-120 沈降速度法による T4 ファージ分子シャペロン gp57A の会合状態の決定
Said Ali[1]，Peter Schuck[2]，○有坂 文雄[1]（東工大・生命理工[1]，NIH, U.S.A.[2]）

電子メール版ニュースレター発行
〒565-0871 吹田市山田丘 3-2 大阪大学蛋白質研究所
プロテオミクス総合研究センター内　日本蛋白質科学会広報係　中村春木
Tel. 06-6879-4311; Fax. 06-6879-8636; E-mail. pssj@protein.osaka-u.ac.jp
URL　http://www.pssj.jp

（編集責任者：中村春木）　2003 年 6 月 9 日