
第 45 回日本生物物理学会年会

<http://www.tuat.ac.jp/~biophy07/>

2007年12月21日(金), 22日(土), 23日(日・祝)

パシフィコ横浜 会議センター

〒220-0012 神奈川県横浜市西区みなとみらい1-1-1

URL: <http://www.pacifico.co.jp/>

Tel: 045-221-2155

同時開催

市民講演会

「生物物理学を語る——研究最前線の若い女性研究者たち」

2007年12月23日(日・祝) 15:00~17:00

パシフィコ横浜 会議センター 5階小ホール (J会場)

編集・発行 第45回日本生物物理学会年会実行委員会

〒153-8902 東京都目黒区駒場3-8-1

東京大学大学院総合文化研究科広域科学専攻生命環境科学系

日本生物物理学会第45回年会事務局

Tel: 03-5454-6546, Fax: 03-5454-6517

E-mail: nenkai45@bio.c.u-tokyo.ac.jp

協賛・後援・共催

横浜市, ランチョンセミナー参加企業各位, 横河電気, 新世代研究所, 情報数理研究所, アーガスサイエンス, 日立製作所, イワケン, キコーテック, サンマイクロシステムズ (順不同)

第 45 回日本生物物理学会年会 実行委員会

年会実行委員長

川戸佳 (東京大学・大学院総合文化研究科)
桑島邦博 (岡崎統合バイオサイエンスセンター)

実行委員

(アイウエオ順)

伊倉貞吉 (東京医科歯科大学・大学院疾患生命科学研究所)
伊藤啓 (東京大学・分子細胞生物学研究所)
神谷律 (東京大学・大学院理学系研究科)
北尾彰朗 (東京大学・分子細胞生物学研究所)
木寺詔紀 (横浜市立大学・大学院総合理学研究科)
木下一彦 (早稲田大学・大学院理工学研究科)
木下賢吾 (東京大学・医科学研究所)
栗栖源嗣 (東京大学・大学院総合文化研究科)
黒田裕 (東京農工大学・工学部)
佐野雅己 (東京大学・大学院理学系研究科)
清水謙多郎 (東京大学・大学院農学生命科学研究科)
神保泰彦 (東京大学・大学院新領域創成科学研究科)
須藤和夫 (東京大学・大学院総合文化研究科)
陶山明 (東京大学・大学院総合文化研究科)
高野光則 (早稲田大学・大学院理工学研究科)
田口英樹 (東京大学・大学院新領域創成科学研究科)
田之倉優 (東京大学・大学院農学生命科学研究科)
津本浩平 (東京大学・大学院新領域創成科学研究科)
豊島陽子 (東京大学・大学院総合文化研究科)
中迫雅由 (慶応大学・理工学部)
西坂崇之 (学習院大学・理学部)
能瀬聡直 (東京大学・大学院新領域創成科学研究科)
原田慶恵 (東京都臨床医学総合研究所)
深田吉孝 (東京大学・大学院理学系研究科)
船津高志 (東京大学・大学院薬学系研究科)
光岡薫 (産業技術総合研究所・生物情報解析研究センター)
村田昌之 (東京大学・大学院総合文化研究科)
横山茂之 (東京大学・大学院理学系研究科)
吉村英恭 (明治大学・理工学部)
輪湖博 (早稲田大学・社会科学部)

第 45 回日本生物物理学会年会の開催にあたって

2007 年東京実行委員会は、パシフィコ横浜という非常によく整備された会場を選んで、大々的に年会を開くことにいたしました。更に今回は恒例のポスター発表だけでなく、その 3 分の 1 を選んで口頭発表を企画いたしました。主に若手の方のために発表の力を磨いてもらうことを目的としています。参加費が例年より少し上がっているのはこれらの事情のためです。

皆さんは既に他の会議などで、一度はパシフィコ横浜にこられた方も多いと思われるので、会場にはなじみがあると思います。

今回は国内学会ですが、昨年沖縄で第 5 回東アジア生物物理学会と第 44 回生物物理学会を合同で開催し、予稿集の記述及び発表をすべて英語で行なったことにより、東アジアの参加者が日本の国内の生物物理学が国際的に先端を走る大きな集団であるということを強く認識したようです。この経験に基づき運営委員会で、今後のアジアの生物物理を率いて行くという目的と、外国からも参加しやすい形にするという目的で、日本の国内学会を英語で国際的に発信することに決定しました。従って今回、英語を主として一部日本語を併記した予稿集を出版することにいたしました。

年会実行委員長

川戸佳（東京大学・大学院総合文化研究科）
桑島邦博（岡崎統合バイオサイエンスセンター）

会場への交通案内

電車で	渋谷駅	東急東横線特急→みなとみらい線 (東急東横線・みなとみらい線 直通運転)	みなとみらい線 (東急東横線直通)	みなとみらい駅	徒歩	3分
	新宿駅	JR湘南新宿ライン	みなとみらい線 (東急東横線直通)	みなとみらい駅	徒歩	3分
電車・新幹線で	東京駅	JR東海道線	タクシー (東口ボルト地下2Fより)	桜木町駅	徒歩	7分
	品川駅	京浜急行:快速特急	タクシー (東口ボルト地下2Fより)	桜木町駅	徒歩	12分
	新横浜駅	JR横浜線	JR横浜線 6分 (みなとみらい線直通)	JR京浜東北線	バス	7分
		JR横浜線	JR横浜線 6分 (みなとみらい線直通)	JR京浜東北線	バス	7分
		JR横浜線	JR横浜線 6分 (みなとみらい線直通)	JR京浜東北線	バス	7分
新横浜駅	横浜市営地下鉄	横浜市営地下鉄	タクシー	タクシー	5分	

飛行機で	成田空港	JR成田エクスプレス	みなとみらい線 (東急東横線直通)	みなとみらい駅	徒歩	3分
	羽田空港	リムジンバス	リムジンバス	みなとみらい駅	徒歩	3分
		リムジンバス	リムジンバス	みなとみらい駅	徒歩	3分
		リムジンバス	リムジンバス	みなとみらい駅	徒歩	3分

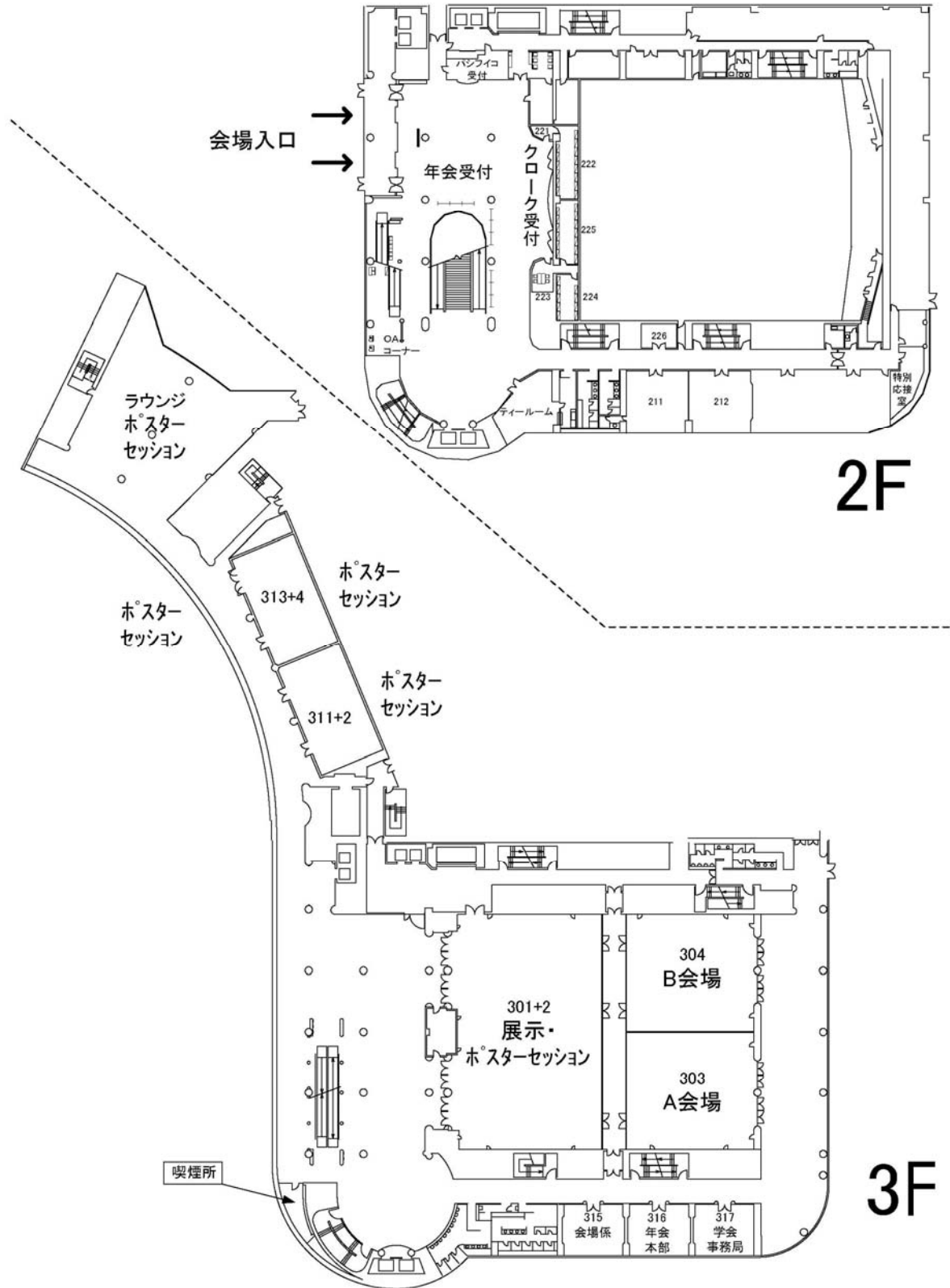
■お車ご利用の場合

首都高速	横羽線 横浜公園方面	横羽線 横浜公園方面	約3分	徒歩
	湾岸線(鶴見つばさ橋、バイパス)經由)横浜方面	横羽線 横浜公園方面	約3分	徒歩
東名高速 横浜町田 IC	保土ヶ谷バイパス 狩場方面	狩場 IC	約20分	徒歩
	保土ヶ谷バイパス 狩場方面	狩場 IC	約20分	徒歩

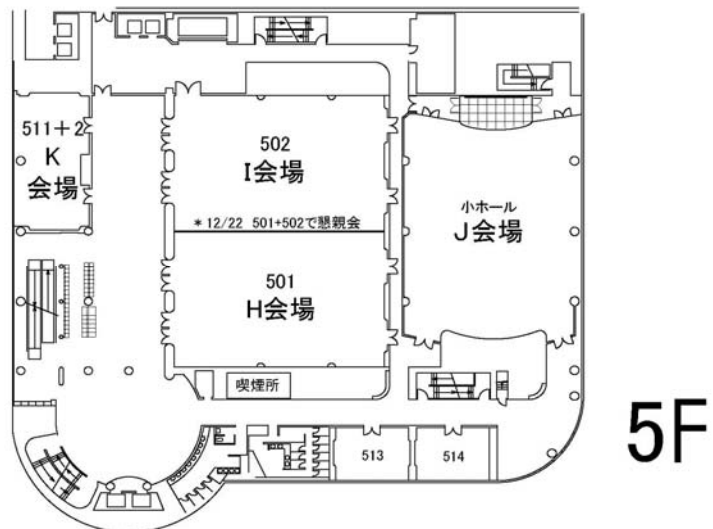
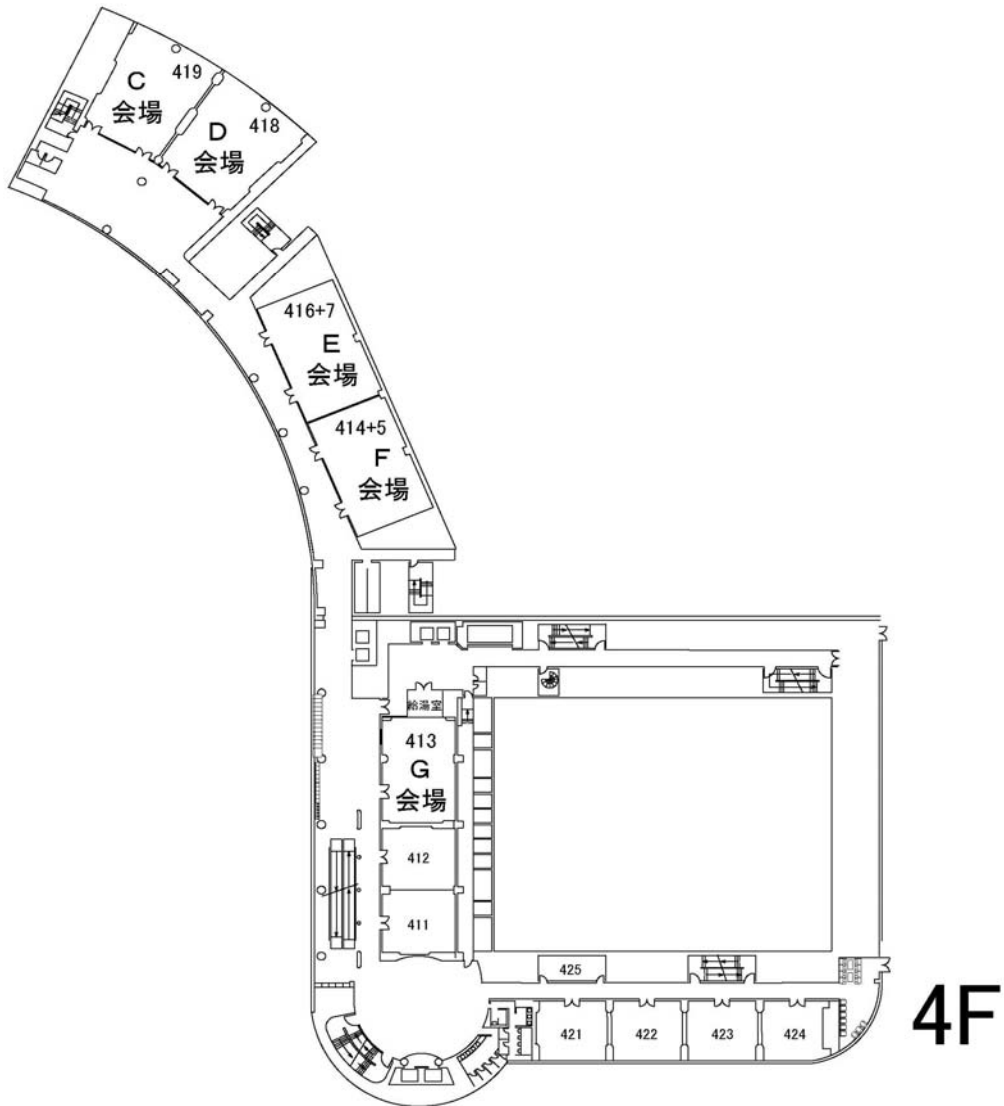
■駐車場

P1	みなとみらい公設駐車場 ☎045-221-1301	1,200台(普通車)	24時間利用可	料金(30分): 260円 *平日割引 8:00~23:00 最大1,300円 *深夜割引 0:00~6:00 半額
P2	臨港パーク駐車場 ☎045-221-2175	100台(普通車)	10:00~21:00	料金(1時間): 500円
P3	バス・大型車駐車場 ☎045-221-1302 (お問い合わせ: 10:00~21:00)	40台(バス・大型車)	24時間利用可 (入出庫は7:00~22:00)	料金(30分): 500円 *深夜割引 22:00~7:00 半額

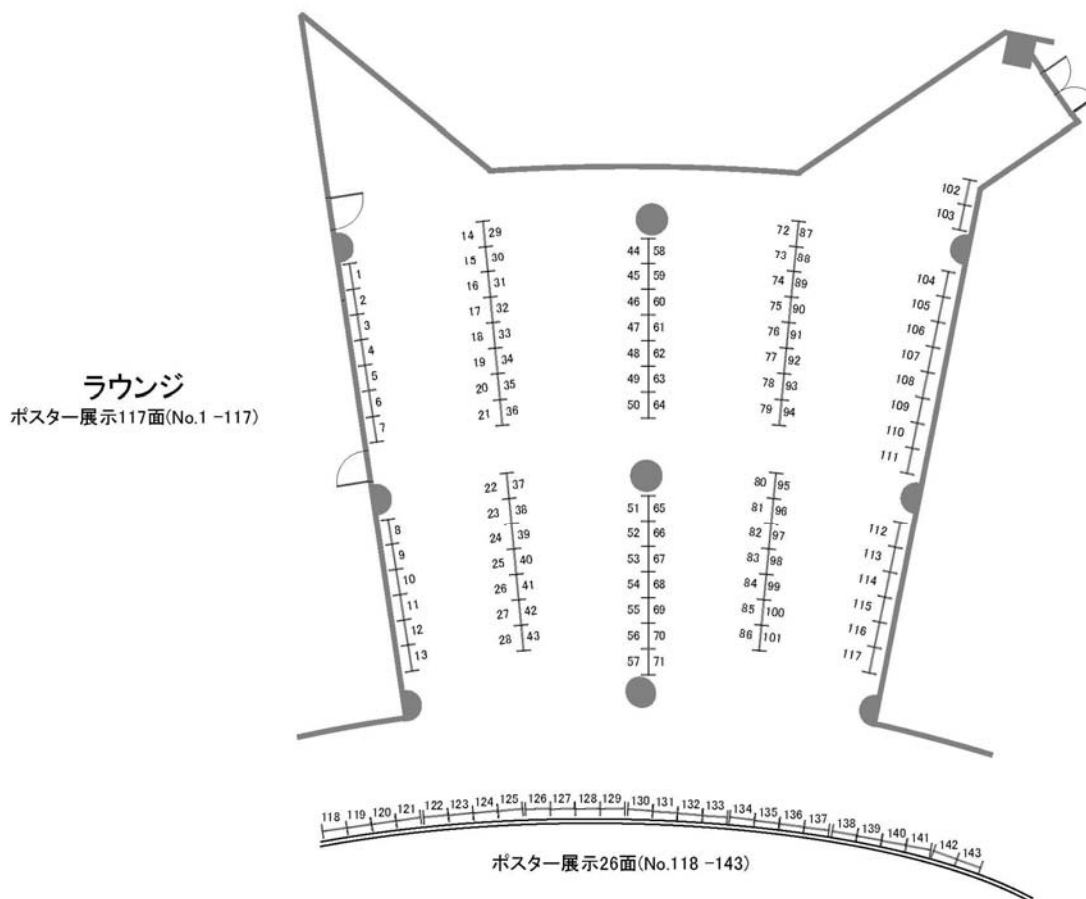
会場案内図



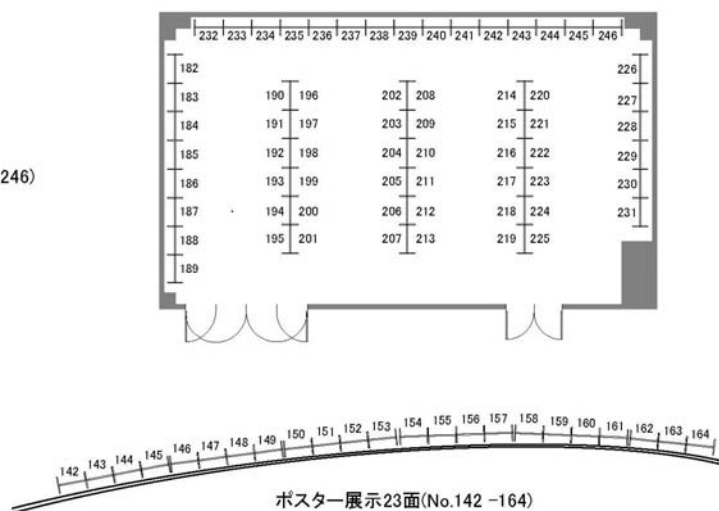
会場案内図



ポスター会場パネル配置図



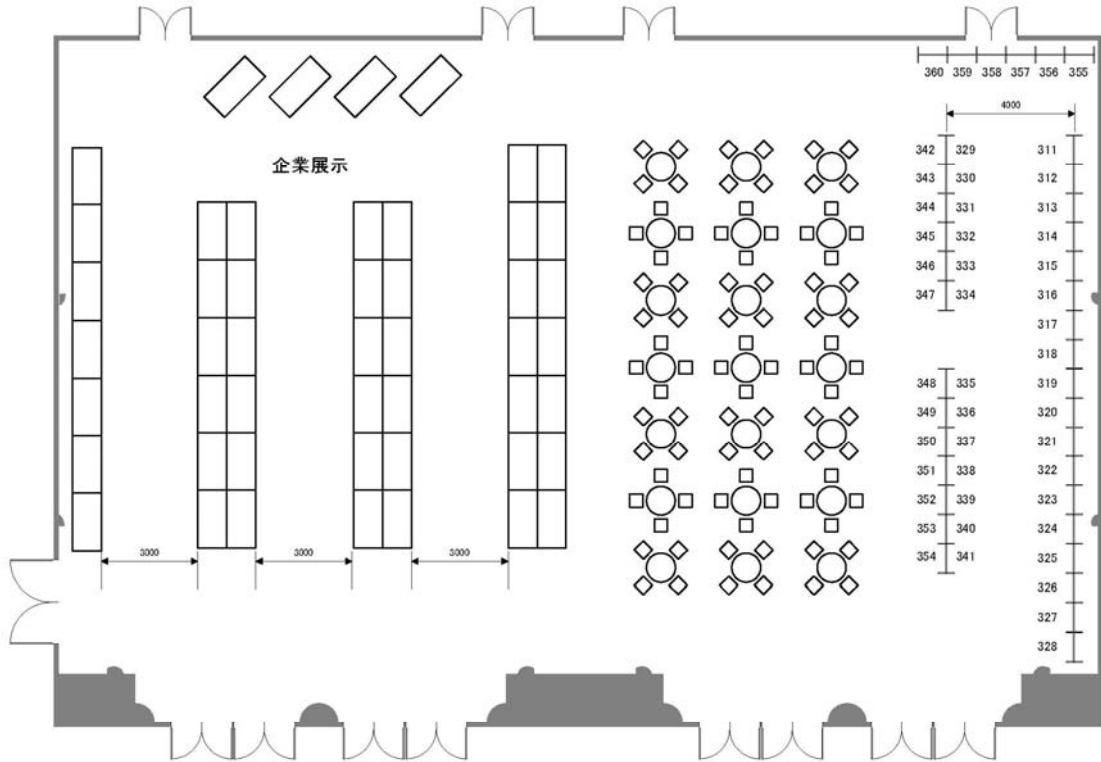
313+314
ポスター展示65面(No.182 - 246)



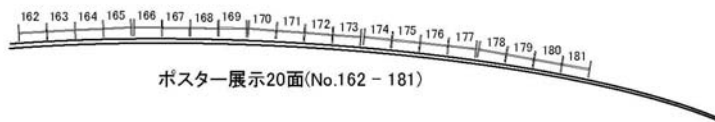
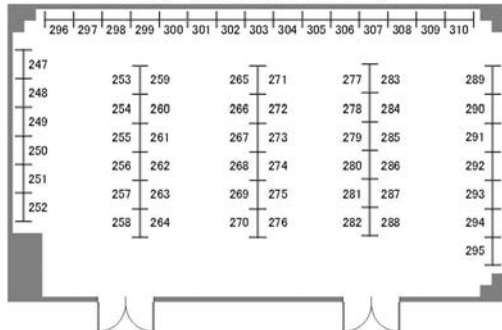
注) 142, 143, 162, 163, 164 は図の中で2箇所ありますが、会場内の同じ場所です。

ポスター会場パネル配置図

301+302
ポスター展示50面(No.311-360)



311+312
ポスター展示64面(No.247-310)



注) 142, 143, 162, 163, 164 は図の中で2箇所ありますが, 会場内の同じ場所です.

年会プログラム日程表 12月23日(日・祝) 【第3日目】

12月23日(日・祝)【第3日目】

H会場		I会場	A会場	B会場	C会場	D会場	E会場	F会場	K会場	J会場	ポスター会場		G会場	
会場準備	会場準備	会場準備	会場準備	会場準備	会場準備	会場準備	会場準備	会場準備	会場準備		会場準備	会場準備	会場準備	
8:00	シンポ10 次世代の生物物理を拓く革新的技術 細胞・分子の機構解明に挑む	シンポ11 膜蛋白質を介したエネルギー・情報変換機構を若手研究者が深く考える	シンポ12 蛋白質の再発見によるゲノムから細胞に至る生物の統一的理解	8:00 会場準備 口演 分子モーター3	8:00 会場準備 口演 細胞生物学的課題3 水・水和 電解質	8:00 会場準備 口演 光生物学 A) 視覚3 放射線生物学	8:00 会場準備 口演 ヘム蛋白質状態/蛋白質A構造、B) 構造機能相関5	8:00 会場準備 口演 蛋白質C) 物性3	8:00 会場準備 口演 ハイオメガ1-ジーン2 行動/ 発生・分化 分子遺伝		8:45 9:00 会場準備 ポスター貼付	ポスター展示(358)	12:00 新運営委員会	
9:00	シンポ13 生体モーターの多様性と同一性	シンポ14 タンパク質リガンド相互作用	シンポ15 マルチスケルンによる生命現象の理解にむけて	9:00 会場準備 口演 分子モーター3	9:00 会場準備 口演 細胞生物学的課題3 水・水和 電解質	9:00 会場準備 口演 光生物学 A) 視覚3 放射線生物学	9:00 会場準備 口演 ヘム蛋白質状態/蛋白質A構造、B) 構造機能相関5	9:00 会場準備 口演 蛋白質C) 物性3	9:00 会場準備 口演 ハイオメガ1-ジーン2 行動/ 発生・分化 分子遺伝		9:00 会場準備 ポスター貼付	ポスター展示(358)	11:48	
11:50	シンポ16 生体における重力応答の分子機構	シンポ17 タンパク質リガンド相互作用	シンポ18 マルチスケルンによる生命現象の理解にむけて	11:50 会場準備 口演 分子モーター3	11:50 会場準備 口演 細胞生物学的課題3 水・水和 電解質	11:50 会場準備 口演 光生物学 A) 視覚3 放射線生物学	11:50 会場準備 口演 ヘム蛋白質状態/蛋白質A構造、B) 構造機能相関5	11:50 会場準備 口演 蛋白質C) 物性3	11:50 会場準備 口演 ハイオメガ1-ジーン2 行動/ 発生・分化 分子遺伝		11:50 会場準備 ポスター貼付	ポスター展示(358)	13:15	
15:20	シンポ19 生体モーターの多様性と同一性	シンポ20 タンパク質リガンド相互作用	シンポ21 マルチスケルンによる生命現象の理解にむけて	15:20 ミニシンポ16 生体における重力応答の分子機構	15:20 会場準備 口演 細胞生物学的課題3 水・水和 電解質	15:20 会場準備 口演 光生物学 A) 視覚3 放射線生物学	15:20 会場準備 口演 ヘム蛋白質状態/蛋白質A構造、B) 構造機能相関5	15:20 会場準備 口演 蛋白質C) 物性3	15:20 会場準備 口演 ハイオメガ1-ジーン2 行動/ 発生・分化 分子遺伝		15:20 会場準備 ポスター貼付	ポスター展示(358)	14:15	
17:20	シンポ22 生体モーターの多様性と同一性	シンポ23 タンパク質リガンド相互作用	シンポ24 マルチスケルンによる生命現象の理解にむけて	17:20 ミニシンポ16 生体における重力応答の分子機構	17:20 会場準備 口演 細胞生物学的課題3 水・水和 電解質	17:20 会場準備 口演 光生物学 A) 視覚3 放射線生物学	17:20 会場準備 口演 ヘム蛋白質状態/蛋白質A構造、B) 構造機能相関5	17:20 会場準備 口演 蛋白質C) 物性3	17:20 会場準備 口演 ハイオメガ1-ジーン2 行動/ 発生・分化 分子遺伝		17:20 会場準備 ポスター貼付	ポスター展示(358)	15:15	
													17:00	

年会受付・参加登録

1. 年会受付

受付はパシフィコ横浜の2階に設けています。

受付時間は、12月21日(金), 22日(土) 8:10~17:00

12月23日(日・祝) 8:10~14:00

です。

2. 当日参加登録をされる参加者

当日参加の方は、年会受付で当日参加登録を行い、予稿集と参加章などを受け取ってご入場下さい。参加章には所属と氏名を各自でご記入願います。なお、当日登録の参加費および懇親会費は以下のとおりです。

当日登録	参加費 (円)	懇親会費 (円)
一般会員	6,500	6,000
学生会員	4,500	4,000
非会員 (一般)	7,000	6,000
非会員 (学生)	4,500	4,000

3. 事前参加登録をされた参加者

年会受付で参加章などを受け取ってご入場下さい。参加章には所属と氏名を各自でご記入願います。なお、事前参加登録は2007年9月30日(日)で締め切りました。

4. 参加章

会場内では常に見えるように参加章をご着用下さい。参加章のない方のご入場は固くお断りします。なお、参加章の再発行はいたしかねますので紛失などにはご注意ください。

5. 発表予稿集

残部がある場合に限り、一冊につき3,500円で、予稿集の当日販売を行います。

6. 参加登録の取消

事前登録による参加を取り消す場合は、年会参加登録事務局までご連絡下さい。年会参加費・懇親会費とも11月30日(金)までに連絡して頂いた場合には、手数料を差し引いた金額を払い戻しいたします。年会参加登録事務局の連絡先は、Tel: 03-3219-3600, Fax: 03-3292-1811, E-mail: nenkai45@ics-inc.co.jp です。

7. 学会費

日本生物物理学会の本年度の学会費を未納の方は、年会の受付でお支払い下さい。正会員8,000円、学生会員4,500円です。

8. 学会への入会手続き

非会員の方で日本生物物理学会への入会を希望される方は年会の受付でも入会の手続きをすることができます。入会手続の詳細は学会のホームページ (<http://www.biophys.jp/>) をご参照下さい。

参加者へのご案内

1. 年会についての問い合わせ

- a) 会期中： 年会本部，パシフィコ横浜 3F 316 室，Tel： 045-228-6438， Fax： 045-228-6439
(臨時電話と FAX です，会期中のみの使用です)
- b) 会期外： 〒153-8902 東京都目黒区駒場 3-8-1
東京大学大学院総合文化研究科広域科学専攻生命環境科学系
日本生物物理学会第 45 回年会事務局
Tel： 03-5454-6546， Fax： 03-5454-6517， E-mail： nenkai45@bio.c.u-tokyo.ac.jp

2. 禁止事項

- a) 撮影・録音： 会場内でのカメラ，ビデオ，携帯電話などによる撮影，講演音声の録音等は禁止します。
- b) 喫煙・飲食： 会場内は禁煙とします。また，会場内での飲食は，ランチョンセミナーおよび男女共同参画に関するシンポジウムなどの食事を提供する場合を除いて，禁止します。喫煙ならびに飲食は所定の場所をお願いします。
- c) 携帯電話： 会場内では，携帯電話の呼び出し音が鳴らないようにして下さい。

3. クローク

会場の 2 階に設けてあります。ご利用時間は，8:00～18:00(21 日(金))，8:00～21:00(22 日(土))，8:00～17:30 (23 日(日・祝)) です。ただし，貴重品，パソコン等については，破損・紛失等の責任は負いかねますので，各自でお持ち下さい。

4. 昼食

昼食は，ランチョンセミナーならびに第 2 日目の男女共同参画に関するシンポジウムで頂くことができます。また，年会会場周辺には飲食店が多数あります。会場周辺のレストランマップを用意してありますので，ご利用下さい。

5. 駐車場

年会では参加者用の駐車場は用意していません。周辺の公営・民営の駐車場をご利用下さい。

6. 宿泊案内

年会のホームページ(<http://www.tuat.ac.jp/~biophy07/>)をご覧ください。

7. インターネット

会場内の 3 階に，無線 LAN でインターネットに無料で接続できるコーナーを設けていますのでご利用下さい。なお，パソコンおよび無線 LAN カード等の用意はありませんので，各自ご持参下さい。

8. コピー・ファックス・プリントアウト

パシフィコ横浜のビジネスセンターなどをご利用下さい。展示ホール 2 階コンコース内 (Tel： 045-223-2360/FAX： 045-223-2293) および会議センター 1 階 (Tel： 045-222-1250/FAX： 045-222-1251) にあります。

9. 託児所

- a) 対象： 年会参加者のお子さん (乳児から小学校 6 年生まで)
- b) 場所： パシフィコ横浜に隣接するパンパシフィックホテル内の託児ルーム「キッズスクウェア」(<http://pphy.co.jp/facil/childcare.htm>)

- c) 保育料： 300 円／時間（2 人目からは半額となります）
- d) 利用方法： 利用の予約は 9 月 30 日で締め切りました。利用方法の詳細等は、担当・西坂（takayuki.nishizaka@gakushuin.ac.jp）まで、電子メールでお問い合わせ下さい。

年会行事

1. 総会

日本生物物理学会第 45 回定例総会を 12 月 22 日（土）13:10～14:10 に 5 階 H 会場で開催しますので、会員はご出席下さい。詳しくは開催通知をご覧下さい。

2. 若手招待講演

日本生物物理学会若手奨励賞の選考会である講演会を 21 日（金）13:10～15:34 に 3 階の B 会場で開催します。

3. 懇親会

懇親会は、22 日（土）18:30～20:30 に 5 階 H/I 会場にて行います。懇親会の当日受付も行いますので、是非ご参加下さい。

4. ランチョンセミナー（要整理券）

ランチョンセミナーでは、昼食をとりながら企業協力セミナーを聞いて頂きます。なお、昼食の数には制限がありますので、事前にセミナー会場ごとの整理券を発行します。整理券の配布は、当日分について、8時30分より年会受付で行い、定員に達したところで締め切ります。また、整理券がなくてもセミナーを聞くことはできます。

5. 機器・試薬・書籍等の展示

パシフィコ横浜の 3 階において、各社の機器・試薬・書籍等の展示を行いますので、是非お立ち寄り下さい。

発表者へのご案内

1. シンポジウム・ミニシンポジウムの世話人/座長、口頭発表の座長の方へ

- a) 受付： 世話人、座長の方は、開始時刻の 15 分前までに、会場内右前方の「進行席」までおいで下さい。
- b) 進行： 進行ならびに時間管理は世話人、座長に一任します。

2. シンポジウム・ミニシンポジウムの講演者の方へ

- a) 受付： シンポジウム・ミニシンポジウム開始の 15 分前までに、会場内左前方の「発表者受付」までおいで下さい。ご持参いただいたパソコン、あるいは会場に用意したパソコンを使用して、スライドが正しく映写されるか、ご確認ください。
- b) 講演時間： 世話人/座長に一任していますので指示にしたがって下さい。講演時間、討論時間は演題ごとに異なっていますのでご注意ください。
- c) 使用可能機材： 発表に使用できる機器は液晶プロジェクターです。ご持参のパソコンあるいは会場に用意したパソコン（OS は Windows XP、ソフトは PowerPoint2003、CD 及び USB 使用可）を接続して使用して下さい。会場に用意したパソコンを使用した場合は、動画の映

写については保証しかねますので、ご注意ください。事前に希望を出された場合には、OHP プロジェクターも使用可能です。年会事務局(03-5454-6546, nenkai45@bio. c. u-tokyo. ac. jp)までお問合せ下さい。

3. 口頭発表(若手奨励賞を含む)の講演者の方へ

- a) 受付：講演時間が午前の方は8:10~8:45の間に、午後の方は8:10~8:45あるいは11:00~12:00(21日(金)), 13:00~14:00(22日(土))の間に、会場内左前方の「発表者受付」までおいで下さい。会場に用意したパソコンに発表で使用するスライドのファイルをコピーし、スライドが正しく映写されるかご確認ください。ファイルはUSBメモリあるいはCDでご持参下さい。
- b) 講演時間：座長が進行を行います。発表時間9分、討論時間2分、交代時間1分です。
- c) 使用可能機材：発表に使用できる機器は液晶プロジェクターです。会場に用意したパソコン(OSはWindows XP, ソフトはPowerPoint2003, CD及びUSB使用可)を接続して使用します。会場に用意したパソコンでの動画の使用については保証しかねますので、ご注意ください。事前に希望を出された場合には、OHP プロジェクターも使用可能です。年会事務局(03-5454-6546, nenkai45@bio. c. u-tokyo. ac. jp)までお問合せ下さい。

4. ポスター発表の方へ

- a) 展示期間：ポスターの展示は指定された日の1日間です。各演題のポスター発表日はプログラムでご確認下さい。演題番号の最初の数字が発表日を示しています。たとえば、1P123の場合は1日目(21日(金))です。
- b) ポスター貼付、展示、説明、撤去の時間：説明・討論の時間内は、必ずポスターの前に立ち、質問・討論に応じて下さい。なお、ポスター撤去時間終了後に残されたポスターは、年会事務局の方で処分します。

	12月21日(金)・22日(土)	12月23日(日・祝)
貼付	9:00 ~ 9:30	9:00 ~ 9:30
展示	9:30 ~ 17:45	9:30 ~ 15:15
説明・討論	奇数番号	15:45 ~ 16:45
	偶数番号	16:45 ~ 17:45
撤去	17:45 ~ 18:00	15:15 ~ 17:00

- c) 展示場所：ポスター発表の会場は3階です。演題番号の最後3桁の数字(たとえば、1P123の場合は123)の番号が付いたパネルで展示してください。パネルの位置は、ポスター会場パネル配置図でご確認下さい。
- d) 展示スペース：展示パネルのサイズは、180cm(縦)×90cm(横)です。ポスターの貼付に必要な押しピンは、ポスター発表会場に用意しています。
- e) ポスター作成要項：代表発表者の左肩に小さな○印を付けて下さい。使用言語は日本語、英語のどちらでもかまいません。ただし、日本語を使用した場合は、英語のタイトルを併記して下さい。また、図の説明は可能な限り英語で表記して下さい。簡単な序論と結論を含めるようにして下さい。2~3m離れたところからも読めるように、十分に大きな文字と図・表を用いて作成して下さい。

日本生物物理学会第 45 回定例総会開催通知

日時 2007 年 12 月 22 日 (土) : 13:10 ~ 14:10

場所 パシフィコ横浜 5 階 H 会場

日本生物物理学会第 45 回定例総会を上記の通り開催いたします。主な議題は下記の通りです。是非御出席下さい。

都合で総会に出席出来ない方は委任状（本誌とじこみ，年会受付にも用意）を総会以前に（年会受付でも可）御提出下さい。

総会議題 （議長 年会実行委員長 川戸 佳）

(1) 報告，承認事項

（会長 美宅成樹）

- ・平成 18 年度決算報告ならびに監査結果報告
- ・平成 19 年度会計ならびに事業の中間報告，平成 19 年度の今後の計画

（次期会長 曾我部正博）

- ・平成 20・21 年度役員選挙結果の報告
- ・平成 20 年度予算案および事業計画

(2) その他

運営委員会・委員会案内

- | | | |
|---------------------|-------------------|-----------|
| 1. 旧運営委員会 | 21 日 (金) 12:00 より | 4 階 G 会場 |
| 2. 若手の会会議 | 21 日 (金) 12:00 より | 3 階 317 室 |
| 3. 新旧合同委員会 | 21 日 (金) 19:00 より | 4 階 G 会場 |
| 4. 男女共同参画委員会 | 22 日 (土) 11:00 より | 4 階 G 会場 |
| 5. 分野別専門委員会 | 22 日 (土) 12:30 より | 5 階 H 会場 |
| 6. 生物物理編集委員会 | 22 日 (土) 12:00 より | 4 階 G 会場 |
| 7. Biophysics 編集委員会 | 22 日 (土) 12:30 より | 4 階 G 会場 |
| 8. 新運営委員会 | 23 日 (日) 12:00 より | 4 階 G 会場 |

シンポジウム

12月21日(金) 9:00~11:50 H会場

「1分子追跡による細胞内情報伝達のシステムバイオロジー」

オーガナイザー：中田千枝子(京大・再生研/JST-ICORP), Gaudenz Danuser (SCRIPPS 研究所)

“**Systems Biology of Intracellular Signaling as Studied by Single-Molecule Imaging**”

Organizers: Chieko Nakada (Kyoto Univ./JST-ICORP), Gaudenz Danuser (Scripps Inst.)

S01H1 一分子追跡法を用いたGPCRの動的モノマー-ダイマー平衡の研究

○笠井 倫志¹⁾, Eric Prossnitz²⁾, 楠見 明弘¹⁾

1)京大・再生研 2)ニューメキシコ大

Direct determination of monomer-dimer dynamic equilibrium of a GPCR by a single fluorescent-molecule tracking

Rinshi S. Kasai (1), Eric R. Prossnitz (2), and Akihiro Kusumi (1). (1: Membrane Mechanisms Project, ICORP-JST, Institute for Frontier Medical Sciences, Kyoto University, Kyoto, Japan; 2: Department of Cell Biology and Physiology, University of New Mexico, Albuquerque, New Mexico, U. S. A.)

S01H2 Probing cytoskeleton structural dynamics and function by single particle tracking methods

○Danuser Gaudenz¹⁾

1)Laboratory for Computational Cell Biology, The Scripps Research Institute

Probing cytoskeleton structural dynamics and function by single particle tracking methods

Gaudenz Danuser (Laboratory for Computational Cell Biology, The Scripps Research Institute)

S01H3 Single molecule imaging of diffusion in *E. coli* membranes

○Ritchie Ken¹⁾

1)Department of Physics, Purdue University

Single molecule imaging of diffusion in *E. coli* membranes

Ken Ritchie. (Department of Physics, Purdue University)

S01H4 生細胞における mRNA の 1分子イメージングと定量

○船津 高志¹⁾

1)東大・院薬

Single-molecule imaging and quantification of mRNAs in living cells

Takashi Funatsu (Graduate School of Pharmaceutical Sciences, The University of Tokyo)

S01H5 A new function of glutamate receptor surface diffusion in regulating synaptic transmission

○Choquet Daniel¹⁾, Heine Martin¹⁾, Groc Laurent¹⁾, Cognet Laurent¹⁾, Lounis Brahim¹⁾

1)CNRS UMR 5091・University of Bordeaux

A new function of glutamate receptor surface diffusion in regulating synaptic transmission

Daniel Choquet (1), Martin Heine (1), Laurent Groc (1), Laurent Cognet (1), and Brahim Lounis (1). (UMR 5091 CNRS-Universite de Bordeaux 2, Physiologie Cellulaire de la Synapse, Institut Francois Magendie)

12月21日(金) 9:00~11:50 I会場

「分子コンピュータと分子通信：生物機能を利用した新たな情報処理・情報通信システム」

オーガナイザー：木賀大介(東工大・院総合理工), 檜山聡(NTTドコモ・総研)

“Molecular Computing and Molecular Communication: New Computing and Communication Systems Using Biological Functions”

Organizers: Daisuke Kiga (Tokyo Institute of Technology), Satoshi Hiyama (NTT DoCoMo)

S02I1 分子コンピュータと分子通信：生体分子を用いての構成的アプローチ

○木賀 大介¹⁾

1) 東工大・院総理・知能システム科学

Molecular computing and molecular communication: synthetic approach using biomolecules

Daisuke Kiga (Dept. of Computational Intelligence and Systems Science, Tokyo Tech)

S02I2 分子コンピューティング — これまでの10年と今後の10年

○萩谷 昌己¹⁾

1) 東大院・情報理工

Molecular Computing - Past 10 Years and Future 10 Years

Masami Hagiya (Univ of Tokyo)

S02I3 DNA コンピュータ技術のバイオテクノロジーとナノテクノロジーへの応用

○陶山 明¹⁾

1) 東大院・総文・生命

Application of DNA computer technology to biotechnology and nanotechnology

Akira Suyama (Univ of Tokyo)

S02I4 時空間機能から新しい情報処理へ

○原 正彦^{1,2)}

1) 理研・フロンティア研究システム・局所時空間機能研究チーム 2) 東工大院・総合理工・物質電子化学

From Spatio-Temporal Functions To Novel Information Processing

Masahiko Hara (RIKEN, Tokyo Institute of Technology)

S02I5 イオンチャンネルバイオセンサーの開発と応用

○宇理須 恒雄¹⁾

1) 分子研

Development of ionchannel biosensor and applications

Tsuneo Urisu (Institute for Molecular Science)

S02I6 膜小胞と分子モーターによる分子通信

○檜山 聡¹⁾, 森谷 優貴¹⁾, 須田 達也^{1,2)}

1) NTT ドコモ・総合研究所 2) カリフォルニア大・アーバイン校

Molecular Communication Using Vesicles and Molecular Motors

Satoshi Hiyama (1), Yuki Moritani (1), and Tatsuya Suda (1, 2). (1: Research Laboratories, NTT DoCoMo, Inc.; 2: Information and Computer Science, University of California, Irvine)

12月21日(金) 9:00~11:50 A会場

「蛋白質の揺れ動く実像を捉える」

オーガナイザー：浜田大三(大阪府母子センター・免疫部門), 北原 亮(理研・SPring8)

“Visualising Dynamical Aspects of A Protein Molecule”

Organizers: Daizo Hamada (Osaka Med Cent. Matern. Child Health), Ryo Kitahara (RIKEN SPing-8)

S03A1 オーバービュー：様々な反応に見られる蛋白質の動的性質

○浜田 大三¹⁾

1) 大阪府母子センター・免疫

Overview: Dynamical aspects of a protein molecule involved in various reactions

Daizo Hamada (Dept Develop Infect Dis, Osaka Med Cent Matern and Child Health)

S03A2 可変圧力 NMR 法による準安定構造の検出

○北原 亮¹⁾, 赤坂 一之²⁾

1) 理研・SPring82) 近大・生物理工

Observation of meta-stable states of proteins by variable pressure NMR

Ryo Kitahara (1), Kazuyuki Akasaka (2). (1: RIKEN SPing-8 Center; 2: Dept Biotech Sci, Kinki Univ)

S03A3 Relaxation dispersion NMR による準安定構造の検出

○菅瀬 謙治^{1,2)}, Dyson H. Jane²⁾, Wright Peter E.²⁾

1) サントリー生有研・第1研究部 2) The Scripps Research Institute

Metastable structure detected by relaxation dispersion NMR spectroscopy

Kenji Sugase (1,2), Jane H. Dyson (2) and Peter E. Wright (2) (1: Suntory Institute for Bioorganic Research; 2: Dept Molecular Biology, The Scripps Research Institute)

S03A4 NMR H/D 交換測定を用いたタンパク質立体構造転移の検出

○廣明 秀一¹⁾

1) 神戸大院・医学系・構造生物

Detection of conformational transition of proteins by using H/D exchange measurement.

Hidekazu Hiroaki (1). (1: Division of Structural Biology, Graduate School of Medicine, Kobe University)

S03A5 AFM法による分子の力学的応答と構造揺らぎの観測

○川上 勝^{1,2)}

1) 北陸先端大・マテリアルサイエンス研究科 2) JST さきがけ (生命現象と計測分析)

Mechanical responses and conformational dynamics of a single protein molecule detected by AFM

Masaru Kawakami. (School of Materials Science, Japan Advanced Institute of Science and Technology)

S03A6 シミュレーションによる構造転移の可視化

○亀田 倫史¹⁾

1) 産総研・CBRC

Visualization of structural transition by computer simulation

Tomoshi Kameda: CBRC, AIST

S03A7 折れたたまっていないポリペプチド鎖からの構造情報の抽出：ランダムコイル神話への挑戦

○大西 哲^{1,2)}

1) 理研横浜研究所 ゲノム科学総合研究センター タンパク質基盤研究グループ 2) 横浜市大 国際総合科学研究科 生体超分子科学専攻

Extracting Structural Information from Unfolded Polypeptides: Challenge to the Random-Coil Dogma

Staoshi Ohnishi (1,2). (1: Protein Research Group, Genomic Sciences Center, Yokohama Institute, RIKEN; 2: Dept Protein Fold Research, Graduate School of Integrated Science, Yokohama City Univ)

12月21日(金) 13:10~15:40 H会場

「立体構造から生体分子間相互作用の熱力学へ」

オーガナイザー：城所俊一（長岡技科大・生物），皿井明倫（九工大・工）

“Thermodynamic Understanding of the Biomolecular Interactions Based on the

Three-Dimensional Structures”

Organizers: Shun-ichi Kidokoro (Nagaoka Univ. Tech.), Akinori Sarai (Kyushu Inst. Tech.)

S04H1 熱測定による生体分子間相互作用評価法の最近の進歩

○城所 俊一¹⁾, 宇於崎 麻衣子¹⁾, 山本 綾¹⁾

1)長岡技科大・生物

Recent progress of calorimetry for evaluating biomolecular interactions

Shun-ichi Kidokoro, Maiko Uozaki, Aya Yamamoto, Dept of Bioengineering, Nagaoka Univ of Technology

S04H2 生体分子間相互作用の熱力学データベースと解析

○皿井 明倫¹⁾

1)九工大・情報工学

Thermodynamic Databases and Analyses on Biomolecular Interactions

Akinori Sarai (Dept. Bioscience and Bioinformatics, Kyushu Institute of Technology)

S04H3 X線と中性子を用いて観測した蛋白質水和水の熱力学的特徴

○黒木 良太¹⁾

1)原子力機構・量子ビーム

Complementary use of x-ray and neutron diffraction to investigate the characteristics of solvation of a protein

Ryota Kuroki (Quantum Beam Science Directorate, JAEA)

S04H4 シミュレーションによる分子間相互作用の熱力学特性の解析と予測

○斎藤 稔¹⁾

1)弘前大学院・理工学研究科

Computational analysis and prediction of thermodynamic properties of molecular interactions

Minoru Saito (Graduate School of Science and Technology, Hirosaki University)

S04H5 核酸が関与する分子間相互作用の熱力学的特性

○鳥越 秀峰¹⁾

1)東理大・理

Thermodynamic properties of the intermolecular interactions involving nucleic acids

Hidetaka Torigoe (Dept. Applied Chemistry, Fac. Science, Tokyo Univ. of Science)

S04H6 触媒抗体の抗原認識と加水分解機構

○織田 昌幸¹⁾, 伊藤 暢聡²⁾, 円谷 健³⁾, 藤井 郁雄³⁾

1)京都府大院・農 2)東京医科歯科大院・疾患生命科学 3)大阪府大院・理

Antigen recognition and hydrolytic mechanism of catalytic antibody

Masayuki Oda (1), Nobutoshi Ito (2), Takeshi Tsumuraya (3), Ikuo Fujii (3). (1: Graduate School of Agriculture, Kyoto Prefectural Univ.; 2: School of Biomedical Science, Tokyo Medical and Dental Univ.; 3: Graduate School of Science, Osaka Prefecture Univ.)

12月21日(金) 13:10~15:40 I会場

「振動分光法が拓く生命科学；分子から細胞まで」

オーガナイザー：古谷祐詞(名工大・院工), 水谷泰久(阪大・院理)

“Vibrational Spectroscopy Opens A New Path to Biological Sciences”

Organizers: Yuji Furutani (Nagoya Inst. of Tech.) and Yasuhisa Mizutani (Osaka Univ.)

S05I1 赤外分光法によるタンパク質間相互作用の解析ーロドプシンをモデルとしてー

○古谷 祐詞¹⁾, 神取 秀樹¹⁾

1) 名工大院・工・物質工学

FT-IR Study of Protein-Protein Interaction -Rhodopsin as a Model System-

Yuji Furutani (1) and Hideki Kandori (1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology)

S05I2 全反射赤外分光法：生理条件下で酵素反応がラクラクはかれる（かもしれない）

○岩城 雅代¹⁾, Rich Peter¹⁾

1) ユニバーシティ・カレッジ・ロンドン

ATR-FTIR: Probing enzymatic reactions under physiological conditions

Masayo Iwaki (1) and Peter R. Rich (1). (1: Glynn Laboratory of Bioenergetics, Department of Biology, University College London)

S05I3 超短パルスを用いた新しい非線形分光で拓くソフトな界面の科学

○田原 太平¹⁾

1) 理研・田原分子分光

Development of novel nonlinear spectroscopy and its application to soft interfaces

Tahei Tahara (Molecular Spectroscopy Lab, RIKEN)

S05I4 時間分解共鳴ラマン分光法で観たタンパク質ダイナミクス：ピコ秒からミリ秒まで、可視領域から紫外領域まで

○水谷 泰久¹⁾

1) 阪大院・理

Protein Dynamics Probed by Time-resolved Resonance Raman Spectroscopy

Yasuhisa Mizutani (1). (1: Department of Chemistry, Graduate School of Science, Osaka University)

S05I5 代謝回転中のミトコンドリアの中のひとつの分子振動を観る

○小倉 尚志¹⁾, 伊藤新澤 恭子¹⁾, 吉川 信也¹⁾

1) 兵庫県立大・院・生命理学

Probing a Molecular Vibration of Cytochrome *c* Oxidase during Turnover in Whole Mitochondria

Takashi Ogura (1), Kyoko Shinzawa-Itoh (1) and Shinya Yoshikawa (1)

S05I6 非線形ラマン分光法による生細胞の分子振動イメージング

○加納 英明¹⁾, 浜口 宏夫¹⁾

1) 東大院・理

Molecular vibrational imaging of a living cell by nonlinear Raman spectroscopy

Hideaki Kano (1) and Hiro-o Hamaguchi (1). (1: Dept Chemistry, School of Science, The Univ. of Tokyo)

12月21日（金） 13:10~15:40 A会場

「ncRNAのプロセスと機能に関わる構造生物学」

オーガナイザー：田中勲（北大・院先端生命），田之倉優（東大・院農生命）

“**Structural Biology of ncRNA Processing and Function**”

Organizers: Isao Tanaka (Hokkaido Univ.), Masaru Tanokura (Univ. Tokyo)

S06A1 翻訳精度維持のための tRNA アセチル化の分子基盤

Chimnaronk Sarin¹⁾, 鈴木 干城¹⁾, 間仁田 哲紘¹⁾, 池内 与志穂²⁾, 姚 閔¹⁾, 鈴木 勉²⁾, 〇田中

勲¹⁾

1) 北大院・先端生命科学 2) 東大院・工学

Mechanistic insight into RNA acetylation to maintain the decoding fidelity in bacteria

Sarin Chimnarongk (1), Tateki Suzuki (1), Tetsuhiro Manita (1), Yoshiho Ikeuchi (2), Min Yao (1), Tsutomu Suzuki (2) and Isao Tanaka (1). (1: Faculty of Advanced Life Sciences, Hokkaido Univ; 2: Department of Chemistry and Biotechnology, Graduate School of Engineering, Univ of Tokyo)

S06A2 非翻訳 RNA の化学修飾の構造基盤

沼田 倫征¹⁾, 中西 孝太郎¹⁾, 鈴木 陽子¹⁾, 野間 あきこ²⁾, 池内 与志穂²⁾, 鈴木 勉²⁾, 深井 周也¹⁾, 石谷 隆一郎¹⁾, 〇濡木 理¹⁾

1) 東工大・院生命理工 2) 東大・院工

Structural insights into the chemical modification in non-coding RNAs

Tomoyuki Numata(1), Kotaro Nakanishi(1), Yoko Suzuki(1), Akiko Noma(2), Yoshiho Ikeuchi(2), Tsutomu Suzuki(2), Shuya Fukai(1), Ryuichiro Ishitani(1) and Osamu Nureki(1) (1: Department of Biological Information, Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Institute of Technology, 2: Department of Chemistry and Biotechnology, Graduate School of Engineering, University of Tokyo)

S06A3 前駆体 tRNA プロセッシング酵素・リボヌクレアーゼ P の構造生物学的研究

〇木村 誠¹⁾

1) 九大院・農・生物機能

Structural biology on the pre-tRNA processing ribozyme, ribonuclease P

Makoto Kimura. (Dept Bioscience and Biotechnology, Graduate School, Faculty of Agriculture, Kyushu Univ)

S06A4 翻訳プロセスに関わる rRNA の機能構造

〇内海 利男¹⁾, 山本 紘¹⁾, 三好 智博¹⁾

1) 新潟大・理

Functional Structure of rRNA Involved in Translation Process

Toshio Uchiumi, Hiroshi Yamamoto and Tomohio Miyoshi (Faculty of Science, Niigata Univ)

S06A5 Dicer RNase III ドメインの結晶構造と dsRNA 切断活性

竹下 大二郎¹⁾, 善野 修平²⁾, 西郷 薫³⁾, 〇田之倉 優¹⁾

1) 1 Department of applied biological chemistry, Graduate school of agricultural and life sciences, The university of Tokyo 2) 2 Department of bioengineering, Maebashi institute of Technology 3) 3 Department of biophysics and biochemistry, Graduate school of science, The university of Tokyo

Crystal structure and dsRNA cleavage activity of the RNase III domain of Dicer

Daijiro Takeshita(1), Shuhei Zenno(2), Kaoru Saigo(3), Masaru Tanokura(1) (1: Department of applied biological chemistry, Graduate school of agricultural and life sciences, The university of Tokyo 2: Department of bioengineering, Maebashi institute of Technology 3: Department of biophysics and biochemistry, Graduate school of science, The university of Tokyo)

12月22日(土) 9:00~11:50 H会場

「脳神経機能の解析最前線：生物物理の挑戦」

オーガナイザー：川戸佳（東大・院総合文化）・年会実行委員会

“Leading Edge in Neuroscience Research: Challenge of Biophysics”

Organizers: Suguru Kawato (Univ. of Tokyo), Organizing Committee of the Annual Meeting

S07H1 シナプス分子集積の生体内イメージング

○能瀬 聡直^{1,2)}

1) 東大院・新領域・複雑理工 2) 東大院・理・物理

Molecular assembly at the nascent synapse imaged in vivo

Akinao Nose (1, 2) (1: Dept Complexity Science and Engineering, Graduate School of Frontier Sciences; 2: Dept Physics, Graduate School of Science, Univ of Tokyo)

S07H2 神経回路の構造と機能の多元的解析

○伊藤 啓¹⁾

1) 東大・分子細胞生物学研究所

Multi-directional approaches towards understanding the structure and function of the fly neural circuits

Kei Ito (Univ of Tokyo)

S07H3 生物時計のイメージング：体の細胞は朝日を見ることができるのか？

○岡村 均¹⁾

1) 京大院・薬学・システムバイオロジー

Imaging of biological clocks: can peripheral cells know the rising of the sun?

Hitoshi Okamura (Dept. Systems Biology, Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Kyoto University)

S07H4 記憶とシナプス可塑性：脳の性ステロイドはシナプスのモジュレータである

○川戸 佳^{1), 2)}

1) 東大院・総合文化・広域科学 2) Bioinformatics Project JST

Memory and synaptic plasticity: Brain sex hormones are modulators of synapses

Suguru Kawato (1) (2) (1: Graduate School of Arts and Sciences, University of Tokyo; 2: Bioinformatics Project, JST)

S07H5 膜電位イメージングによるトリパータイトシナプスの機能解析：神経ステロイドの記憶増進と神経傷害保護作用

○曾我部 正博^{1,2,3)}, 陳 玲^{1,4)}

1) 名大院・医学系・細胞生物物理 2) JST・ICORP/SORST・細胞力覚 3) 生理研・分子生理 4) 南京医大・神経生理

Functional analysis of tripartite synapses using membrane potential imaging: memory enhancement and neuroprotection by neurosteroids

Masahiro Sokabe(1, 2, 3) and Ling Chen (1, 4). (1:Dept Physiology, Nagoya Univ Graduate School of Medicine; 2:ICORP/SORST, Cell Mechanosensing, JST; 3:Dept Molecular Physiology, National Institute for Physiological Sciences; 4:Dept Neurophysiol. Nanjing Med Univ)

S07H6 物体イメージの脳内表現と視覚認識

○谷藤 学¹⁾

1) 理化学研究所

Representation of object images in visual association cortex and object recognition

Manabu Tanifuji (Riken Brain Institute)

「構造プロテオミクスを推進するバイオインフォマティクス」

オーガナイザー：藤博幸（九大・生医研），黒田裕（農工大・院工）

“*Bioinformatics in the Era of Structural Proteomics*”

Organizers: Hiroyuki Toh (Kyushu Univ.), Yutaka Kuroda (Tokyo Univ. of A. & T.)

S08I1 多様な参加者で構成されるターゲットタンパク研究プログラムにおける情報の流通・共有・拡散

○菅原 秀明¹⁾

1) 遺伝研・生命情報 DDBJ・データベース運用開発

Information gathering, sharing and diffusion in the Targeted Proteins Research Program composed of diverse research groups

Hideaki Sugawara (:Center for Information Biology and DNA Data Bank of Japan, National Institute of Genetics)

S08I2 Functional Annotation Sequence-weighted Structure Alignments

○Standley Daron M.^{1,2)}, 藤 博幸³⁾, 中村 春木^{1,2)}

1) 阪大・蛋白研 2) J S T - B I R D 3) 九大・生体防御医学研

Functional Annotation Sequence-weighted Structure Alignments

Daron M. Standley(1), Hiroyuki Toh (2) and Haruki Nakamura(2) (1:Protein Res Inst. Osaka Univ and JST-BIRD, 2: Med Inst Bioreg, Kyushu Univ)

S08I3 多ドメインタンパク質における構造ドメインの予測

○黒田 裕¹⁾

1) 農工大・工・生命工

Domain Prediction in high throughput analysis of large multi-domain proteins

Yutaka Kuroda (Dept of Biotech and Life Sci, Tokyo Univ of A & T (TUAT))

S08I4 タンパク質立体構造情報と分子進化情報にもとづく生体高分子相互作用部位の推定

○由良 敬^{1,2,3)}, Kim Oanh⁴⁾, 郷 信広³⁾

1) 原子力機構・量子生命 2) JST CREST 3) 原子力機構・量子生命フロンティア 4) 奈良女子大・理

Prediction of interfaces on biomolecules based on protein sequences and 3D structures

Kei Yura (1,2,3), Oanh TP Kim (4) and Nobuhiro Go (3) (1: Quantum Bioinf., JAEA; 2. CREST, JST; 3. Res. Unit Quantum Beam Life Sci., JAEA; 4: Dept Bio. Sci., Nara Women's Univ.)

S08I5 タンパク質間相互作用の情報解析

○藤 博幸¹⁾

1) 九大・生医研・微生物ゲノム

Computational Analysis of Protein-Protein Interaction

Hiroyuki Toh. (Div Bioinfo., MIB, Kyushu Univ)

S08I6 選択的スプライシングがもたらすタンパク質構造への影響

○郷 通子^{1,2)}, 由良 敬^{3,4)}, 塩生 真史²⁾

1) お茶の水女子大 2) 長浜バイオ大・バイオサイエンス 3) 原子力機構・量子生命 4) 原子力機構・バイオユニット

Alternative Splicing and Its Influence on Protein Conformation

Mitiko Go (1,2), Kei Yura (3,4) and Masafumi Shionyu (2) (1: Ochano mizu Univ.; 2: Dept. of Bio-Science, Nagahama Inst. of Bio-Science and Technology; 3: Quantum Bioinf., JAEA; 4 Res. Unit Quantum Beam Life Sci., JAEA)

12月22日(土) 9:00~11:50 A会場

「F₁-ATPase 分子モーターの分子機構 – 一分子計測/構造生物学/分子シミュレーションのクロストーク –」

オーガナイザー: 林 重彦 (京大・院理), 池口満徳 (横浜市大・国際総科)

“Mechanism of F₁-ATPase Molecular Motor – A Cross Talk among Single Molecule, Structural Biology, and Molecular Simulation Studies –”

Organizers: Shigehiko Hayashi (Kyoto Univ.) , Mitsunori Ikeguchi (Yokohama City Univ.)

S09A1 F₁-ATPase で起こるリガンド結合によるサブユニット構造変化

○八木 宏昌¹⁾, 阿久津 秀雄¹⁾

1) 阪大・蛋白研

NMR analysis of subunit conformational change induced by ligand binding in F₁-ATPase

Hiromasa Yagi and Hideo Akutsu (IPR, Osaka Univ.)

S09A2 分子動力学シミュレーションによる F₁-ATPase の構造変化の研究

○池口 満徳¹⁾

1) 横浜市大院・国際総合・生体超分子

Conformational changes in F₁-ATPase: Molecular dynamics simulation study

Mitsunori Ikeguchi (International Graduate School of Arts and Sciences, Yokohama City Univ)

S09A3 偏光変調全反射型顕微鏡で明らかにする 1 分子 F₁-ATPase の触媒サブユニット β のコンフォメーション変化

○政池 知子¹⁾, 小山 史恵¹⁾, 吉田 賢右²⁾, 大岩 和弘³⁾, 西坂 崇之¹⁾

1) 学習院大・理・物理 2) 東工大・資源研 3) 情報通信研究機構

Conformational changes of the catalytic subunit β in single F₁-ATPase molecules revealed by TIRF microscopy with polarization modulation.

Tomoko Masaie(1), Fumie Koyama(1), Masasuke Yoshida(2), Kazuhiro Oiwa(3), and Takayuki Nishizaka(1). (1: Dept. Physics, Gakushuin Univ.; 2: Chemical Resources Lab., Tokyo Institute of Technology; 3: National Institute of Information and Communication Technology)

S09A4 分子シミュレーションによる F₁-ATPase 回転機構の研究

古賀 信康¹⁾, ○高田 彰二^{1,2)}

1) 京大院・理 2) JST、CREST

Rotary mechanisms of F₁-ATPase revealed by molecular simulations

Nobuyasu Koga(1) and Shoji Takada(1, 2) (1: Dept Biophysics, Grad School Science, Kyoto University; 2: CREST JST)

S09A5 結晶構造・分子シミュレーションとクロストークする F₁-ATPase の 1 分子計測実験

○野地 博行¹⁾

1) 阪大・産研

Single-molecule experiments of F₁-ATPase correlating with the crystal structures and molecular simulation.

Hiroyuki Noji, ISIR, Osaka Univ.

S09A6 ハイブリッド分子シミュレーションで探る F₁-ATPase 分子モーターの化学-力学エネルギー変換機構

○林 重彦¹⁾

1) 京大院・理・化学

Mechanism of chemical-mechanical energy conversion of F₁-ATPase molecular motor studied by

12月23日(日) 9:00~11:50 H会場

「次世代の生物物理を拓く革新的技術 –細胞・分子の機構解明に挑む–」

オーガナイザー: 西坂崇之(学習院大学・物理), 大岩和弘(情報通信研究機構)

**“State-of-the-art Techniques to Build the Coming Generation in Biophysics:
Novel Approaches to Revealing Molecular Mechanisms of Cells and Proteins”**

Organizers: Takayuki Nishizaka (Gakushuin Univ.), Kazuhiro Oiwa (KARC, NICT)

S10H1 対物外アポダイズド位相差顕微鏡による生細胞の可視化

○加藤 薫¹⁾

1)産総研

Pupil Projection Apodized Phase Contrast Microscopy

Kaoru KATOH (Neurosci. Res. Inst, AIST)

S10H2 2光子顕微鏡法を用いた神経・分泌細胞の機能解析

○根本 知己¹⁾

1)生理研・脳機能計測セ

Neuronal and secretory activities analysed by using two-photon microscopy

Tomomi Nemoto (1) (1:Center Brain Experiment, Nat Inst Physiol Sci)

S10H3 X線自由電子レーザーの生物物理学分野での利用

○中迫 雅由¹⁾

1)慶應義塾大学

Utilization of X-ray free electron laser in biophysics

Masayoshi Nakasako (Department of Physics, Keio University)

S10H4 光学顕微鏡により解明する蛋白質モーターの分子レベルでの作動原理

○西坂 崇之¹⁾, 宮田 真人²⁾, 政池 知子¹⁾

1)学習院・物理 2)大阪市立大・生命

Imaging structure and function of motor proteins at the single molecular level by using advanced optical microscopes

Takayuki Nishizaka (1), Makoto Miyata (2) and Masaike Tomoko (1). (1: Dept Phys, Gakushuin Univ; 2: Dept Biol, Osaka City Univ)

S10H5 遺伝暗号の拡張によるタンパク質のピンポイント蛍光標識技術の開発

○芳坂 貴弘¹⁾

1)北陸先端大・マテリアルサイエンス

Pin-point fluorescence labeling of proteins through extension of the genetic code

Takahiro Hoshaka (School of Materials Science, Japan Advance Institute of Science and Technology)

S10H6 Micropatterning techniques reveal the physical laws of cell division

○Théry Manuel¹⁾

1)Commissariat à l’Energie Atomique Grenoble

Micropatterning techniques reveal the physical laws of cell division

Manuel Théry (Commissariat à l’Energie Atomique Grenoble, iRTSV – Laboratoire Biopuces)

12月23日(日) 9:00~11:50 |会場

「膜蛋白質を介したエネルギー・情報変換機構を若手研究者が深く考える」

オーガナイザー：村田武士(京大・医, JST・ERATO, 理研・GSC), 須藤雄気(名大・理)

“Discussion on the mechanisms of energy/signal transductions in the membrane proteins by young researchers”

Organizers: Takeshi Murata (Kyoto Univ., ERATO, RIKEN), Yuki Sudo (Nagoya Univ.)

S11I1 細胞におけるタンパク質ジスルフィド結合形成の仕組みを考える

○稲葉 謙次¹⁾

1) 九大生医研

How are protein disulfide bonds formed in the cell?

Kenji Inaba (Med Inst of Bioreg, Kyushu Univ)

S11I2 V型ATPaseのイオン透過機構を考える

○村田 武士¹⁾

1) 京大院・医学・分子細胞情報

How do V-ATPases transport ions?

Takeshi Murata (Graduate School of Medicine, Kyoto Univ; ERATO Iwata Project, JST; , Genomic Sciences Center, RIKEN)

S11I3 分子シミュレーションからカルシウムポンプの構造柔軟性を考える

○杉田 有治^{1,2)}

1) 理研 2) CREST

How flexible is the structure of Ca²⁺-pump in membrane? A molecular dynamics study

Yuji Sugita (1: RIKEN)

S11I4 分子ポンプを考える

○神取 秀樹¹⁾

1) 名工大院工

How do molecular pumps work?

Hideki Kandori (Dept Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology)

S11I5 膜蛋白質間相互作用による光情報伝達を考える

○須藤 雄気¹⁾

1) 名大・院理・生命

How do membrane proteins activate the cognate transducer protein?

Yuki Sudo (1). (1: Div. of Biol. Sci., Grad. Sch. of Sci., Nagoya Univ.)

S11I6 多剤排出トランスポーターの結晶構造解析

○村上 聡¹⁾

1) 阪大・産業科学研究所

Structural studies on multidrug efflux transporter

Satoshi Murakami (Institute of Scientific and Industrial Research, Osaka University)

12月23日(日) 9:00~11:50 A会場

「蛋白質の再発見によるゲノムから細胞に至る生物の統一的理解」

オーガナイザー：美宅成樹(名大・院工), 林宣宏(藤田保衛大・総医研), 園山正史(名大・院工)

共催 新世代研究所バイオナノ研究会

“Unifying Comprehension from Genome to Cells through Reconsideration of Protein”

**Organizers: Shigeki Mitaku (Nagoya Univ.), Nobuhiro Hayashi (Fujita Health Univ.),
Masashi Sonoyama (Nagoya Univ.) • Sponsored by Advanced Technology Institute**

S12A1 はじめに：蛋白質の再考による生物の新たな描像

○林 宣宏¹⁾

1) 藤田保衛大・総医研・医高分子

A novel picture of life revealed by reconsideration of nature of protein

Nobuhiro Hayashi (Div. of Biomed. Poly. Sci., Inst. for Compreh. Med. Sci., Fujita Hlth. Univ.)

S12A2 Protein evolution from random sequence

○四方 哲也^{1,2)}

1) 阪大院・情報科学 2) ERATO, JST

Protein evolution from random sequence

Tetsuya Yomo (1, 2). (1: Department of Bioinformatic Engineering, Graduate School of Information Science and Technology; 2: ERATO, JST)

S12A3 転写関連因子の動的構造と天然変性状態

○西村 善文¹⁾

1) 横浜市大・院・生体超分子

NMR dynamics and intrinsically disordered state of transcription-related proteins

Yoshifumi Nishimura (Graduate School of Supramolecular Biology, Yokohama City University)

S12A4 蛋白質の配列・構造・機能相関の博物学

○木下 賢吾¹⁾

1) 東大・医科研

Database analysis of Sequence-Structure-Function Relationship of Proteins

Kengo Kinoshita (Institute of Medical Science, Human Genome Center, University of Tokyo)

S12A5 細胞システムの協同現象における動力学効果

○川端 和重¹⁾

1) 北大院理

Dynamical effect on Cooperative Phenomena of Cell Systems

Kazushige Kawabata. (Dept. Biological Sciences, Faculty of Science, Hokkaido University)

S12A6 おわりに：ゲノムからの全タンパク質を俯瞰するための物性解析

○美宅 成樹¹⁾

1) 名大・院工・マテリアル理工

Amino acid sequence analyses in terms of physical properties for bird-eye view of total proteomes

Department of Applied Physics, School of Engineering, Nagoya University

12月23日(日) 15:20~17:20 H会場

「生体モーターの多様性と同一性」

オーガナイザー：鳥羽 栞 (情報通信研究機構・バイオ ICT), 城口克之 (早稲田大学・理工学術院)

“Common mechanism found in diversity among various biological motors”

Organizers: Shiori Toba (NICT), Katsuyuki Shiroguchi (Waseda Univ.)

S13H1 ダイニンの運動様式の多様性とその分子機序

○鳥羽 栞¹⁾

1) 情報通信研究機構 バイオ ICT グループ

Unique characteristics of motility found in cytoplasmic dynein

Shiori Toba. (Kobe Advanced ICT Research Center, National Institute of Information and Communications Technology)

S13H2 二足歩行する分子モーターキネシンから見てきたエネルギー変換機構

○富重 道雄¹⁾

1) 東大院・工・物理工学

ATP hydrolysis-coupled structural changes of the walking molecular motor protein kinesin

Michio Tomishige (Dept. Applied Physics, School of Engineering, Univ. Tokyo)

S13H3 タンパク質翻訳におけるリボソームの分子モーターとしての役割

○上村 想太郎¹⁾

1) 東大院・薬

The role of ribosome as a molecular motor in protein synthesis system

Sotaro Uemura (1) (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Univ of Tokyo)

S13H4 マイコプラズマの滑走運動ーあたらしい生体運動メカニズムー

○宮田 真人¹⁾

1) 大阪市立大学・大学院理学研究科・生物地球

Mycoplasma gliding; a novel mechanism of biomotility

Makoto Miyata, Dept of Biology, Graduate School of Science, Osaka City Univ

S13H5 ミオシンVの歩く仕組み

○城口 克之¹⁾

1) 早大・理工・物理

Mechanisms of myosin V walking

Katsuyuki Shiroguchi (Dept of Phys, Faculty of Sci and Eng, Waseda Univ.)

12月23日(日) 15:20~17:20 I会場

「タンパク質リガンド相互作用」

オーガナイザー：箱嶋敏雄(奈良先端大), 齋藤正男(東北大・多元研), 石森浩一郎(北大・院理)

“Protein-Ligand Interactions”

Organizers: Toshio Hakoshima (NAIST), Masao Ikeda-Saito (Tohoku Univ.), Koichiro Ishimori (Hokkaido Univ.)

S14I1 ERMタンパク質によるペプチド認識：特異性と複数結合部位の干渉性

○箱嶋 敏雄¹⁾

1) 奈良先端大学院・構造生物学

Structural basis for peptide recognition by ERM proteins: Specificity and interference between two binding sites

Toshio Hakoshima (1). (1: Struct. Biol. Lab., Nara Inst. Sci. Tec.)

S14I2 ルシフェリン-ルシフェラーゼの相互作用とホタル発光色の調節

○加藤 博章¹⁾

1) 京大院・薬学

Luciferin-Luciferase interaction and Control of firefly's luminescent color

Hiroaki Kato (Kyoto Univ)

S14I3 ヘム-ヘムオキシゲナーゼ相互作用とヘム分解活性

○齋藤 正男¹⁾, 海野 昌喜¹⁾, 松井 敏高¹⁾

1) 東北大・多元研

Substrate and product interactions with heme oxygenase and their implication for the heme degradation activity

Masao Ikeda-Saito (1), Masaki Unno (1) and Toshitaka Matsui (1) (1. Insti. Multi, Res. Adv. Mat., Tohoku Univ.)

S14I4 ヘムをリガンドとするセンサー蛋白質の構造と機能

○石森 浩一郎¹⁾

1) 北大・院理・化学

Structural and Functional Characterization of Sensor Proteins Regulated by Heme Binding

Koichiro Ishimori (Division of Chemistry, Faculty of Science, Hokkaido University)

S14I5 キサンチン酸化還元酵素のミリブデン反応中心の構造：基質・阻害剤認識と反応機構

○西野 武士¹⁾

1) 日本医大院・医学系・医科生物化学

Structure of the Molybdenum Center of Xanthine oxidoreductase: Mode of Substrates Binding and Mechanism of Hydroxylation

Takeshi Nishino Department of Biochemistry and Molecular Biology, Nippon Medical School

12月23日(日) 15:20~17:20 A会場

「マルチスケールシミュレーションによる生命現象の理解にむけて」

オーガナイザー：木寺詔紀(横浜市大・国際総合), 高田彰二(京大・院理)

“Multi-scale simulations for understanding biological phenomena”

Organizers: Akinori Kidera (Yokohama City Univ.), Shoji Takada (Kyoto Univ.)

S15A1 ペタスケールの生体分子シミュレーション

○木寺 詔紀¹⁾

1) 横浜市大・国際総合

Petascale biomolecular simulations

Akinori Kidera (Intntl Grad School of Arts and Sciences, Yokohama City Univ)

S15A2 トランスロコンによるタンパク質輸送の分子シミュレーション

○小林 千草¹⁾

1) 分子研・理論・計算分子科学

Molecular simulation of protein translocation by translocon

Chigusa Kobayashi (Institute for Molecular Science)

S15A3 アクチン細胞骨格ダイナミクスのマルチスケールシミュレーション

○安達 泰治^{1,2)}, 井上 康博^{1,2)}, 島田 義孝^{1,2)}, 松下 慎二¹⁾, 北條 正樹¹⁾

1) 京大院・工・機械理工 2) 理研

Multiscale Modeling and Simulation of Actin Filament Dynamics

Taiji Adachi (1, 2), Yasuhiro Inoue (1, 2), Yoshitaka Shimada (1, 2), Shinji Matsushita (1), and Masaki Hojo (1). (1: Dept Mechanical Engineering and Science, Kyoto University; 2: Computational Cell Biomechanics Team, RIKEN)

S15A4 生体分子複合体レベルからの細胞動態のシミュレーション

○大浪 修一¹⁾

1) 理研・ゲノム科学

Simulations of cellular dynamics based on the dynamics of biomolecular complexes

Shuichi Onami. (Comput & Exp Systems Biol Grp, RIKEN GSC)

12月23日(日) 15:20~17:20 B会場

「生体における重力の感知/応答の分子機構」

オーガナイザー：辰巳仁史(名古屋大・院医), 森田(寺尾)美代(奈良先端大・バイオ)

“Biophysical Basis of Sensing and Response to the Gravity Field”

Organizers: Hitoshi Tatsumi (Nagoya Univ.), Miyo T. Morita (Nara Institute of Science and Technology)

S16B1 パラボリックフライトによる植物の重力受容の研究

○辰巳 仁史¹⁾, 豊田 正嗣¹⁾, 古市 卓也^{1,3)}, 曾我部 正博^{1,2)}

1)名古屋大・院医 2)ICORP/SORST 3)Friedrich-Alexander-Univ.

Gravity induced Ca ion concentration increases during a parabolic flight in Arabidopsis seedlings

H. Tatsumi(1) M. Toyota(1), T. Furuichi(1,2) and M. Sokabe(1,3,4) 1: Dept. Physiol., Nagoya Univ. Grad. Sch. Med., 2: Mol. Plant Physiol., Friedrich-Alexander-Univ. Erlangen-Nurnberg, Germany 3: ICORP/SORST Cell Mechanosensing, JST, 4: Dept. Mol. Physiol., NIPS

S16B2 ゾウリムシの重力応答

○最上 善広¹⁾, 馬場 昭次¹⁾

1)お茶大・人間文化創成科学

Gravitactic responses in Paramecium

Yoshihiro Mogami and Shoji A. Baba (Graduate School of Humanities and Sciences, Ochanomizu University)

S16B3 高等植物における重力屈性の分子遺伝学的研究

○森田(寺尾) 美代¹⁾, 中村 守貴¹⁾, 田坂 昌生¹⁾

1)奈良先端科学技術大学院大学

Molecular genetic study of shoot gravitropism in Arabidopsis

Miyo Terao Morita, Moritaka Nakamura, Masao Tasaka (Nara Institute of Science and Technology)

S16B4 筋細胞のUnloadingストレス感知の分子機構

○二川 健¹⁾, 中尾 玲子¹⁾, 不老地 治美¹⁾, 平坂 勝也¹⁾

1)徳島大院・ヘルスバイオ研・生体栄養

Molecular mechanism underlying sensing of unloading in skeletal muscle cells

Takeshi Nikawa (1), Reiko Nakao (1), Harumi Furochi (1) and Katsuya Hirasaka (1) (1:Department of Nutritional Physiology, Institute of health biosciences, The University of Tokushima Graduate School)

S16B5 植物の抗重力反応における刺激受容

○曾我 康一¹⁾, 若林 和幸¹⁾, 保尊 隆享¹⁾

1)大阪市大・院理

Signal perception in gravity resistance of plants

Kouichi Soga, Kazuyuki Wakabayashi, Takayuki Hoson. (Department of Biology and Geosciences, Graduate School of Science, Osaka City University)

S16B6 宇宙生物科学の新展開

○石岡 憲昭¹⁾, 福井 啓二²⁾

1) 宇宙航空研究開発機構 2) 日本宇宙フォーラム

New epoch of space life sciences in JAXA

Noriaki Ishioka (1) and Keiji Fukui (2) (1: JAXA; 2: JSF)

若手招待講演

12月21日(金) 13:10~15:40 B会場

「日本生物物理学会若手奨励賞選考会」

オーガナイザー：男女共同参画・若手問題検討委員会

日本生物物理学会は、生物物理学の発展に貢献しうる優秀な若手会員に対し「日本生物物理学会若手奨励賞」を授与しています。今回はその第3回を迎え、応募者56名の中から第一次審査の結果、以下の10名の方が若手招待講演者として選ばれ、「日本生物物理学会若手招待講演証」を与えられることになりました。これら10件の口頭発表について第二次審査を行い、5件以内の受賞者を選定いたします。この受賞者については年会期間中の懇親会で発表予定です。

秋山修志 (JST さきがけ, 理研播磨)

1P023 リアルタイムX線小角散乱でみたシアノバクテリア時計蛋白質の離合集散ダイナミクス

○秋山 修志^{1,2)}, 野原 淳志^{3,4)}, 伊藤 和輝²⁾, 前田 雄一郎^{3,4)}

1) 科学技術振興機構 さきがけ 2) 理研播磨・放射光科学総合研究センター 3) 名大院・理学研究科
4) ERATO アクチンフィラメント動態プロジェクト

Real-time SAXS Observation of Assembly and Disassembly Dynamics of Cyanobacterial Circadian Clock Proteins

Shuji Akiyama (1, 2), Atsushi Nohara (3, 4), Kazuki Ito (2), Yuichiro Maeda (3, 4). (1: PRESTO, JST; 2: RIKEN SPring-8 Center; 3: Div. of Biol. Science, Graduate School of Science, Nagoya University; 4: ERATO Actin Filament Dynamics Project)

今村博臣 (阪大・産研)

3P326 細胞内ATPを蛍光で可視化する

○今村 博臣¹⁾, Kim Huynh Nhat Phuong¹⁾, 齊藤 健太²⁾, 飯野 亮太¹⁾, 山田 康之³⁾, 永井 健治²⁾, 野地 博行¹⁾

1) 阪大・産研 2) 北大・電子研 3) 立大・理

Fluorescent visualization of intracellular ATP

Hiromi Imamura (1), Huynh Nhat Phuong Kim (1), Kenta Saito (2), Ryota Iino (1), Yasuyuki Kato-Yamada (3), Takeharu Nagai (2), and Hiroyuki Noji (1). (1: ISIR, Osaka Univ; 2: RIES, Hokkaido Univ; 3: Dept Life Science)

木下雅仁 (阪大・蛋白質研)

2P104 蛋白質の折り畳み運動を観測するための一分子測定手法の開発

○木下 雅仁¹⁾, 鎌形 清人^{1,2)}, 前田 晃央¹⁾, 後藤 祐児^{1,3)}, 小松崎 民樹^{2,3)}, 高橋 聡^{1,3)}

1) 阪大・蛋白質研 2) CREST・JST 3) 神戸大・理

Development of a technique for the investigation of folding dynamics of single proteins for extended time periods

Masahito Kinoshita (1), Kiyoto Kamagata (1, 2), Akio Maeda (1), Yuji Goto (1, 2), Tamiki Komatsuzaki (2, 3), and Satoshi Takahashi (1, 2). (1: Inst. Protein. Res.; 2: CREST, JST; 3: Dept of Earth and Planetary Science, Faculty of Science, Kobe University)

小池亮太郎 (東工大・学術国際情報センター)

1P239 確率的アライメントによるプロファイル-プロファイル法の性能向上

○小池 亮太郎^{1,2)}, 太田 元規¹⁾, 木寺 詔紀³⁾

1) 東工大・学国情セ 2) BIRD・JST 3) 横浜市大・国際総合

Probabilistic profile-profile alignment method enhances sensitivity and specificity in protein fold recognition

Ryotaro Koike (1, 2), Motonori Ota (1) and Akinori Kidera (3). (1: Global Scientific Information and Computing Center, Tokyo Institute of Technology; 2: BIRD, JST; 3: International Graduate School of Arts and Sciences, Yokohama City Univ.)

小森靖則 (阪大・院生命機能)

2P127 ミオシンVの36nmステップに伴う2つの90°回転

○小森 靖則^{1,2)}, 岩根 敦子^{1,3)}, 柳田 敏雄^{1,2,3)}

1) 阪大院・生命機能・ナノ生体科学 2) 科学技術振興機構・CREST・ソフトナノマシン 3) 阪大院・医学系・情報生理

Two Brownian 90° Rotations of Myosin-V during 36 nm-Step

Yasunori Komori (1, 2), Atsuko H. Iwane (1, 3), Toshio Yanagida (1, 2, 3). (1:Laboratories for Nanobiology, Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka Univ.; 2:Formation of Soft Nano-Machines, CREST JST; 3:Dept Physiology and Biosignaling, Graduate School of Medicine, Osaka Univ.)

定本久世 (徳島文理大・香川薬)

1P228 一細胞レベルにおける学習・記憶形成に関わる分子機構解析

○定本 久世¹⁾, 伊藤 悦朗¹⁾

1) 徳島文理大・香川薬

Single Cell Analysis for Memory Formation in Molluscan Central Nervous System

Hisayo Sadamoto, Etsuro Ito. Kagawa Sch Pharmaceut Sci, Tokushima Bunri Univ

深川暁宏 (遺伝研)

2P111 1 分子計測およびMDシミュレーションによるタンパク質アンフォールディングの確率的経路と複数の中間状態の検出

○深川 暁宏¹⁾, 廣島 通夫²⁾, 桑島 邦博³⁾, 徳永 万喜洋^{1,2,4)}

1) 遺伝研 2) 免疫センター・理研 3) 岡崎統合バイオ 4) 総研大

Stochastic pathways and multiple intermediates of protein unfolding detected by single molecule measurements and MD simulation

Akihiro Fukagawa(1), Michio Hiroshima(2), Kunihiro Kuwajima(3) and Makio Tokunaga(1,2,4) (1:Structural Biology Center, National Institute of Genetics; 2:Research Center for Allergy and Immunology, RIKEN; 3:Department of Strategic Methodology, Okazaki Institute for Integrative Bioscience; 4:Department of Genetics, The Graduate University for Advanced Studies

矢島潤一郎 (学習院大)

2P157 単頭キネシンによる微小管の並進・回転運動機構の研究

○矢島 潤一郎^{1,2)}, 政池 知子¹⁾, 西坂 崇之¹⁾, Robert. A Cross²⁾

1) 学習院・物理 2) Marie Curie Research Institute

Microtubule sliding and rotation driven by multiple single-headed rat kinesins

Junichiro Yajima (1, 2), Tomoko Masaike(1), Takayuki Nishizaka(1) and Robert. A Cross(2). (1:Dept Physics, Gakushuin Univ, 2:Molecular Motors, Marie Curie Research Institute)

山下高廣 (京大・院理)

2P342 代謝型グルタミン酸受容体のヘリックス II 及び IV を介した分子内構造変化伝達

○山下 高廣¹⁾, 柳川 正隆¹⁾, 七田 芳則¹⁾

1) 京大・院理・生物物理

Intramolecular signal transduction through helices II and IV of metabotropic glutamate receptor

Takahiro Yamashita, Masataka Yanagawa, and Yoshinori Shichida (Dept. of Biophys., Grad. Sch. of Sci., Kyoto Univ.)

山本竜也 (理研・播磨)

2P036 H/D 交換と質量分析法による 70S リボソーム蛋白質ダイナミクスの Mg²⁺ 濃度依存性解析

○山本 竜也¹⁾, 瀧尾 擴士¹⁾, 城 宜嗣¹⁾

1) 理研・播磨

Mg²⁺ concentration-dependence of 70S ribosomal-protein dynamics revealed by H/D exchange and mass spectrometry

Tatsuya Yamamoto, Koji Takio, and Yoshitsugu Shiro (Harima Inst, RIKEN)

一般発表プログラム

(口頭発表及びポスター発表)

*口頭発表演題の多くはその日にポスター発表されますが、プログラム編成の都合上、一部は次の日以降にポスター発表となります。口頭発表プログラムにあるポスター番号を確認下さい。

†ポスター発表プログラム中で、口頭発表される演題のポスター番号には下線が施されています (1P001など)。

分野別発表番号対応表

分野名	口頭発表*	ポスター番号
12月21日（金）【第1日目】		
蛋白質 A) 構造、B) 構造機能相関	E 午前、E 午後	1P001～1P029
蛋白質 D) 機能（反応機構、生物活性など）	F 午前	1P030～1P051
蛋白質 E) 計測解析の方法論	F 午前	1P052～1P079
蛋白質 F) 蛋白質工学／進化工学	F 午前、F 午後	1P080～1P087
膜蛋白質	C 午前	1P088～1P118
核酸結合蛋白質	F 午後	1P119～1P126
核酸 A) 構造・物性	F 午後	1P127～1P130
核酸 B) 相互作用・複合体	F 午後	1P131～1P138
分子モーター	B 午前	—
筋肉（筋蛋白・収縮）	C 午後	1P139～1P175
化学受容	D 午後	1P176～1P184
神経・感覚（細胞・膜蛋白・分子）	D 午後	1P185～1P201
神経回路・脳の情報処理	D 午後	1P202～1P228
生命情報科学 C) 比較ゲノミクス D) 分子進化	D 午前	1P229～1P233
生命情報科学 B) 機能ゲノミクス	D 午前	1P234～1P237
生命情報科学 A) 構造ゲノミクス	D 午前	1P238～1P262
ゲノム生物学 A) ゲノム解析、B) ゲノム構造	D 午前	1P263～1P271
数理生物学、非平衡・生体リズム	K 午後	1P272～1P305
バイオエンジニアリング	K 午前	1P306～1P338
計測	K 午前	1P339～1P358
12月22日（土）【第2日目】		
蛋白質 A) 構造、B) 構造機能相関	E 午前、E 午後	2P001～2P063
蛋白質 C) 物性（安定性、折れ畳みなど）	F 午前、F 午後	2P064～2P115
分子モーター	B 午後	2P116～2P177
細胞生物学的課題（接着・運動・骨格・伝達・膜）	C 午前、C 午後	2P178～2P241
生体膜・人工膜 A) 構造・物性	K 午前	2P242～2P271
生体膜・人工膜 B) ダイナミクス	K 午前	2P272～2P288
生体膜・人工膜 C) 興奮・チャンネル	K 午前、K 午後	2P289～2P301
生体膜・人工膜 D) 輸送、E) 情報伝達	K 午後	2P302～2P313
光生物 B) 光合成	D 午前	2P314～2P332
光生物 A) 視覚・光受容	D 午前、D 午後	2P333～2P360
生命の起源・進化	B 午前	—
バイオイメージング	B 午前	—
12月23日（日）【第3日目】		
蛋白質 A) 構造、B) 構造機能相関	E 午前	3P001～3P042
蛋白質 C) 物性（安定性、折れ畳みなど）	F 午前	3P043～3P087
へム蛋白質	E 午前	3P088～3P110
電子状態	E 午前	3P111～3P115
水・水和／電解質	C 午前	3P116～3P135
分子モーター	B 午前	3P136～3P189
細胞生物学的課題（接着・運動・骨格・伝達・膜）	C 午前	3P190～3P215
光生物 A) 視覚・光受容	D 午前	3P216～3P260
放射線生物／活性酸素	D 午前	3P261～3P263
生命の起源・進化	—	3P264～3P272
蛋白質 F) 蛋白質工学／進化工学	—	3P273～3P279
バイオイメージング	K 午前	3P280～3P331
行動	K 午前	3P332～3P335
発生・分化	K 午前	3P336～3P340
分子遺伝	K 午前	3P341～3P343
その他	K 午前	3P344～3P358

1日目 (12/21) B会場午前 9:00~11:48

分子モーター (Molecular motors)

2P120 アクチン滑り運動中のミオシン頭部コンフォメーションの解析

○片山 栄作¹⁾, 木森 義隆¹⁾, 上田 太郎²⁾

1)東大・医科研・分子構造解析 2)産総研・セルエンジニアリング

Further characterization of the configuration of actin-attached myosin-crossbridges during in vitro sliding

Eisaku Katayama (1), Yoshitaka Kimor (1) and Taro Q.P. Uyeda (2) (1 Div. Biomolecular Imaging, Institute of Medical Science, The Univ of Tkyo, 2 Div. Cell Engineering, Advanced Institute of Science and Technology)

2P121 ミオシンフィラメント上の計測により見えてきた骨格筋ミオシン1分子の力学特性

○茅 元司¹⁾, 樋口 秀男¹⁾

1)東北大 先進医工 2)東北大 先進医工

Mechanical properties of a single skeletal myosin revealed by measurement of force / step of individual myosins assembled into filaments

2P124 単頭ミオシンVによる力学-化学反応カップリングの直接計測

○小森 智貴¹⁾, 西川 宗²⁾, 有賀 隆行¹⁾, 岩根 敦子²⁾, 柳田 敏雄¹⁾

1)阪大院 生命機能 2)阪大院 医学系研究科

Direct observation of mechanochemical coupling in single-headed myosin V

Tomotaka Komori (1), So Nishikawa (2), Takayuki Ariga (1), Atsuko H. Iwane (2) and Toshio Yanagida (1). (1:Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University, 2: Dept of Physiology and Biosignaling, Graduate School of Medicine, Osaka Univ)

2P131 吊られたアクチンフィラメント上の束縛されないミオシンVの運動の直接観察

○田島 勇治¹⁾, 城口 克之²⁾, 木下 一彦²⁾

1)早大院・先進理工・物理応物 2)早大・先進理工・物理応物

Direct observation of unconstrained motion of myosin V on a suspended actin filament

Yuji Tajima (1), Katsuyuki Shiroguchi (1) and Kazuhiko Kinoshita Jr. (1). (1: Dept Physics, Graduate School of Science and Engineering, Waseda University)

2P132 ミオシンVにおけるADP解離の負荷方向角度依存性

○小口 祐伴¹⁾, Mikhailenko Sergey V.¹⁾, 大木 高志¹⁾, Olivares Adrian O.²⁾, De La Cruz Enrique M.²⁾, 石渡 信一¹⁾

1)早大・理工・物理 2)Yale大・分子生物&生化学

Angular dependence of ADP dissociation kinetics in myosin V under directional loading

Yusuke Oguchi (1), Sergey V. Mikhailenko (1), Takashi Ohki (1), Adrian O. Olivares (2), Enrique M. De La Cruz (2), and Shin'ichi Ishiwata (1). (1:Department of Physics, Faculty of Science & Engineering, Waseda University, Tokyo, Japan.; 2:Molecular Biophysics & Biochemistry Department, Yale University, New Haven USA.

2P133 頭部を基板に固定したミオシンV-S1でのアクチン滑り運動

○名倉 直希¹⁾, 齊藤 優太¹⁾, 田中 祐介¹⁾, 安藤 敏夫^{1,2)}

1)金沢大院・自然科学・数物科学 2)JST/CREST

Actin gliding over myosin V S1 tethered on a glass surface at the head domain

Naoki Nagura(1), Yuta Saito(1), Yusuke Tanaka(1) and Toshio Ando(1,2). (1: Dept. of Physics, Kanazawa Univ.; 2: JST/CREST)

2P134 高速AFMによるアクトミオシンVの動態観察

○古寺 哲幸^{1,2)}, 山本 大輔^{1,2)}, 安藤 敏夫^{1,2)}

1)金沢大院・自然科学 2)JST・CREST

Structural dynamics of acto-myosin V revealed by high-speed AFM

Noriyuki Kodera (1, 2), Daisuke Yamamoto (1, 2), and Toshio Ando (1, 2). (1: Dept Physics, Kanazawa Univ.; 2: JST/CREST)

2P135 逆方向に動くミオシンV・ミオシンVIは、連続的な運動において、同様に両足を協調する

○Mikhailenko Sergey¹⁾, 小口 祐伴¹⁾, 大木 高志¹⁾, Olivares Adrian O.²⁾, DeLaCruz Enrique M.²⁾, 石渡 信一¹⁾

1)早大・理工・物理 2)Yale大・分子生物&生化学

Two heads of the oppositely directed myosins V and VI are similarly coordinated during processive

stepping

Sergey V. Mikhailenko (1), Yusuke Oguchi (1), Takashi Ohki (1), Adrian O. Olivares (2), Enrique M. De La Cruz (2), and Shin'ichi Ishiwata (1). (1: Dept Physics, Faculty of Science and Engineering, Waseda Univ; 2: Molecular Biophysics & Biochemistry Dept, Yale Univ, USA)

2P136 高速スキャン実験によって明らかにされたミオシンのアクチンに対する張力依存的な結合

○岩城 光宏¹⁾, 岩根 敦子²⁾, 柳田 敏雄¹⁾

1) 阪大院・生命機能 2) 阪大院・医学系・生体生理

Strain-dependent strong binding of myosin to actin revealed by high-speed scanning experiment

Mitsuhiro Iwaki (1), Atsuko H. Iwane (2) and Toshio Yanagida (1). (1: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka Univ.; 2: Graduate School of Medicine, Osaka Univ.)

2P149 弾性ネットワークの非線形緩和現象と分子モーターの構造変化

○富樫 祐一¹⁾, 上田 昌宏¹⁾, Mikhailov Alexander S.²⁾, 柳田 敏雄¹⁾

1) 阪大院・生命機能 2) Fritz-Haber-Inst. der MPG

Nonlinear Relaxation in Elastic Networks and Conformational Motion of Molecular Motors: A Comparative Study

Yuichi Togashi (1), Masahiro Ueda (1), Alexander S. Mikhailov (2) and Toshio Yanagida (1). (1: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka Univ.; 2: Fritz Haber Inst. of the Max Planck Society)

2P150 スピンラベル ESR でわかる微小管に結合したキネシンのループ L11 の動的構造

山田 正文²⁾, 近藤 和典²⁾, 前田 正勝²⁾, 丸田 晋策²⁾, ○荒田 敏昭¹⁾

1) 阪大院・理・生物科学 2) 創価大・工・生命情報工

Conformational Dynamics of Loop L11 in Kinesin on Microtubule Measured by Site-Directed Spin Labeling Electron Paramagnetic Resonance

Masafumi Yamada (2), Kazunori Kondo (2), Hidekatsu Maeda (2), Shinsaku Maruta (2) and Toshiaki Arata (1). (1: Dept Biol. Science, Graduate School of Science, Osaka Univ; 2: Dept Bioinformatics, Graduate School of Technology, Soka Univ.)

2P160 再構成キネシン繊維上での微小管滑り運動の方向と速度

田場 登志希¹⁾, 枝松 正樹²⁾, 鳥羽 栞²⁾, ○今福 泰浩¹⁾, 豊島 陽子²⁾, 太和田 勝久¹⁾, 山田 章³⁾

1) 九大院・理・生物 2) 東大院・総合文化・生命 3) 情報通信研・未来 ICT 研究センター

Direction and speed of microtubule moving along kinesin motors arranged on catchin thick filaments

Toshiki Taba (1), Masaki Edamatsu (2), Shiori Toba (2), Yasuhiro Imafuku (1), Yoko Yano Toyoshima (2), Katsuhisa Tawada (1), and Akira Yamada (3). (1: Department of Biology, Graduate School of Sciences, Kyushu University; 2: Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, University of Tokyo; 3: Kobe Advanced ICT Research Center, National Institute of Information and Communications Technology)

2P162 フォトクロミック分子を利用したキネシン ATPase 活性の光制御

○山田 正文¹⁾, 中島 由希¹⁾, 前田 英勝¹⁾, 丸田 晋策¹⁾

1) 創大院・工学・生物工学

Photo-control of kinesin ATPase using photochromic compound.

Masafumi D. Yamada, Yuki Nakajima, Hidekatsu Maeda & Shinsaku Maruta, (Divi. of Bioeng., Grad. Sch. of Eng., Soka Univ.)

1日目 (12/21) C会場午前 9:00~11:48

膜蛋白質 (Membrane proteins)

1P088 固体 NMR による膜表面タンパク質 PLC- δ 1 の局所運動性の解析

○上釜 奈緒子¹⁾, 辻 暁²⁾, 八木澤 仁²⁾, 西村 勝之¹⁾

1) 分子研 2) 兵庫県立大院・生命理

Study of Local Mobility of peripheral membrane protein PLC- δ 1 by Solid State NMR

Naoko Uekama (1), Satoru Tuzi (2), Hitoshi Yagisawa (2), Katsuyuki Nishimura (1). (1: Institute for Molecular Science, 2: University of Hyogo)

1P091 ハロロドプシン三量体の界面活性剤中での解離

○塚本 卓¹⁾, 佐々木 貴規²⁾, 久保 恵美³⁾, 神谷 昌克¹⁾, 相沢 智康³⁾, 河野 敬一³⁾, 出村 誠¹⁾

1) 北大・院・生命 2) 阪大・蛋白研 3) 北大・院・理

Dissociation of Halorhodopsin Trimer in Detergent System

Takashi Tsukamoto (1), Takanori Sasaki (2), Megumi Kubo (3), Masakatsu Kamiya (1), Tomoyasu Aizawa (3), Keiichi Kawano (3), Makoto Demura (1). (1: Grad. Sch. Life Sci., Hokkaido Univ.; 2: Inst. for Protein Research, Osaka Univ.; 3: Grad. Sch. Sci., Hokkaido Univ.)

- 1P095 バクテリオロドプシンの疎水キャビティに結合する希ガスとその効果
 ○早川 直紀¹⁾, 村上 緑¹⁾, 神山 勉¹⁾
 1) 名大院・理学系・構造生物学
Binding of Noble Gases to a Hydrophobic Cavity in the Cytoplasmic Half of Bacteriorhodopsin
 Naoki Hayakawa(1), Midori Murakami(1) and Tsutomu Kouyama(1). (1:Department of Physics, Graduate School of Science, Nagoya University)
- 1P096 バクテリオロドプシン 3次元結晶の M 中間体寿命に及ぼす格子力の影響
 ○山本 昌孝¹⁾, 早川 直紀¹⁾, 村上 緑¹⁾, 神山 勉¹⁾
 1) 名大院・理学系・構造生物学
Decay kinetics of the M intermediate of bR in 3D crystals: Influence of the crystal lattice force
 Masataka Yamamoto(1), Naoki Hayakawa(1), Midori Murakami(1), and Tsutomu Kouyama(1). (1:Department of Physics, Graduate School of Science, Nagoya University)
- 1P098 バクテリオロドプシン再生反応に対するイオン濃度及び温度の影響
 ○小糸 直希¹⁾, 杉山 浩之¹⁾, 園山 正史¹⁾, 美宅 成樹¹⁾
 1) 名大院・工学研究科・応用物理
Effect of Ion Concentration and Temperature on Regeneration of Bacteriorhodopsin
 Naoki Koito(1), Hiroyuki Sugiyama(1), Masashi Sonoyama(1) and Shigeki Mitaku(1). (1:Dept Applied Physics, Graduate School of Engineering, Nagoya University)
- 1P100 再構成バクテリオロドプシンの変性実験から見た、膜タンパク質構造安定性に与えるタンパク質間結合の寄与
 ○根岸 瑠美¹⁾, 美宅 成樹¹⁾
 1) 名大院・工・応用物理
Effect of inter-molecular interaction for stabilizing membrane protein -Denaturation experiments of reconstituted bacteriorhodopsin-
 Lumi Negishi and Shigeki Mitaku(Dept applied physics, Graduate school of engineering, Nagoya University)
- 1P102 膜タンパク質の糖鎖修飾部位予測のためのアミノ酸配列解析
 ○榊原 忠朗¹⁾, 美宅 成樹¹⁾
 1) 名大院・工学研究科・応用物理
Amino acid sequence analysis of prediction of glycosylation sites in membrane proteins
 Tadaaki Sakakibara(1), Shigeki Mitaku(1). (1:Department of Applied Physics, Graduate School of Engineering, Nagoya University)
- 1P103 Asymmetry in membrane protein sequence and structure: Glycine outside rule
 ○Jin Wenzhen^{1,2)}, Takada Syoji^{1,2)}
 1) Grad School of Science・Kyoto Univ. 2)CREST・JST
Asymmetry in membrane protein sequence and structure: Glycine outside rule
 Wenzhen Jin(1,2), Syoji Takada(1,2). (1:Grad School of Science, Kyoto Univ.; 2:CREST, JST)
- 1P104 水-膜分配の測定を目指した水溶性膜貫通ヘリックスのデザイン
 ○島井 紀枝¹⁾, 矢野 義明¹⁾, 松崎 勝巳¹⁾
 1) 京大院・薬
Design of a soluble transmembrane helix for measurement of water-membrane partitioning
 Norie Shimai, Yoshiaki Yano and Katsumi Matsuzaki. (Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Kyoto University)
- 1P105 コレステロール含有脂質二分子膜における膜貫通ヘリックス会合の熱力学量の測定
 ○山本 亜里沙¹⁾, 矢野 義明¹⁾, 松崎 勝巳¹⁾
 1) 京大院・薬
Measurement of thermodynamic parameters for self-association of a transmembrane helix in lipid bilayers containing cholesterol
 Arisa Yamamoto, Yoshiaki Yano, Katsumi Matsuzaki (Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Kyoto University)
- 1P109 共鳴ラマン分光法によるウシ心筋ミトコンドリア呼吸鎖 NADH: ユビキノン酸化還元酵素の FMN と鉄硫黄クラスターの測定
 ○森山 昌和¹⁾, 小倉 尚志¹⁾, 伊藤・新澤 恭子¹⁾, 吉川 信也¹⁾
 1) 兵庫県立大・院・生命理
Resonance Raman spectra of the FMN and iron-sulfur clusters of the bovine heart NADH: coenzyme Q oxidoreductase.
 Masakazu Moriyama, Takashi Ogura, Kyoko Shinzawa-Itoh and Shinya Yoshikawa. (Department of Life

Science, Graduate School of Life Science, University of Hyogo)

1P110 ウシ心筋 NADH-ユビキノン酸化還元酵素の2次元結晶化

○天野 聡子¹⁾, 森山 昌和¹⁾, 中島 由美子¹⁾, 伊藤・新澤 恭子¹⁾, Christoph Gerle²⁾, 谷 一寿²⁾, 藤吉 好則²⁾, 松本 佳央理¹⁾, 宮澤 淳夫³⁾, 吉川 信也¹⁾

1)兵庫県立大・院・生命理 2)京大院・理学研究科・生物物理 3)理研・播磨・放射光科学総合研究センター・構造生理学

2D-crystallization of bovine heart NADH-ubiquinone oxidoreductase.

Satoko Amano(1), Masakazu Moriyama(1), Yumiko Nakashima(1), Kyoko Shinzawa-Itoh(1), Christoph Gerle(2), Kazutoshi Tani(2), Yoshinori Fujiyoshi(2), Kaori Matsumoto(1), Atsuo Miyazawa(3), and Shinya Yoshikawa(1). (1:Department of Life Science, University of Hyogo, 2:Kyoto University., Science, Biophysics, 3:Structural Physiology Research Group, RIKEN SPring-8 Center)

1P115 マグネシウム輸送体 MgtE の X 線結晶構造解析

○服部 素之¹⁾, 田中 良樹¹⁾, 深井 周也²⁾, 石谷 隆一郎¹⁾, 濡木 理^{1,3)}

1)東工大・生命理工 2)東大・分生研 3)PRESTO, JST

Crystal structure of the MgtE Mg²⁺ transporter

Motoyuki Hattori (1), Yoshiki Tanaka (1), Shuya Fukai (2), Ryuichiro Ishitani (1) and Osamu Nureki (1), (3) (1: Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Tech; 2: Synchrotron Radiation Research Organization, Univ of Tokyo; 3: PRESTO, JST)

1P116 マグネシウム輸送体 MgtE の分子動力学シミュレーション

○石谷 隆一郎¹⁾, 杉田 有治²⁾, 濡木 理¹⁾

1)東工大・生命理工 2)理研

Molecular dynamics simulation Magnesium transporter MgtE

Ryuichiro Ishitani (1), Yuji Sugita (2) and Osamu Nureki (1) (1: Dept of Biol Info, Grad Sch of Biosci and Biotech, Tokyo Inst of Tech; 2: RIKEN)

1日目 (12/21) D会場午前 9:00~11:48

生命情報科学 (構造・機能・比較ゲノミクス) (Bioinformatics- structural, functional, and comparative genomics)

1P231 Genome distance can be measured by genome profiling (GP): Reinforced evidences and applications

○Ghimire Gautam Sunita¹⁾, Futakami Masae¹⁾, Harada Shou¹⁾, Nishigaki Koichi^{1,2)}

1)Graduate School of Science and Engineering, Saitama University, Shimo-Okubo 255, Sakura-Ku, Saitama Shi, Saitama 338-8570, Japan 2)REDS Group, Saitama Small Enterprise Promotion Corporation, SKIP City, 3-12-18 kamaoiki, Kawaguchi, Saitama 333-0844, Japan

Genome distance can be measured by genome profiling (GP): Reinforced evidences and applications

Sunita Ghimire Gautam(1), Masae Futakami (1), Shou Harada(1) and Koichi Nishigaki (1, 2) (1: Graduate School of Science and Engineering, Saitama University, Shimo-Okubo 255, Sakura-Ku, Saitama Shi, Saitama 338-8570, Japan; 2: REDS Group, Saitama Small Enterprise Promotion Corporation, SKIP City, 3-12-18 kamaoiki, Kawaguchi, Saitama 333-0844, Japan)

1P232 微生物ゲノムから同定された必須マップに関する実現性の検証

○東 裕介¹⁾, 太田 元規²⁾

1)東工大院・生命理工 2)東工大院・学国情セ

Feasibility of the essential maps derived from the microbial genomes

Yusuke Azuma (1), Motonori Ota (2). (1:Dept Biological Sciences, Graduate School of Biosci & Biotech, Tokyo Tech; 2:GSIC, Tokyo Tech)

1P233 代謝系における触媒ドメインを複数持つ酵素の位置づけ

○丹谷 恵子¹⁾, 太田 元規²⁾, 西川 建³⁾

1)東工大・院生命理工 2)東工大・学術情報セ 3)前工大・工学部

Enzymes with multiple catalytic domains in metabolic pathways

Keiko Tan'ya (1), Motonori Ota (2), Ken Nishikawa (3). (1: Graduate School of Biosci&Biotech, Tokyo Inst. of Technology; 2:GSIC, Tokyo Inst. of Technology, 3: Dept Eng, Maebashi Inst. of Technology)

1P237 アレルゲンユニーク断片スコアとアレルゲンタンパク質構造の温度因子との相関

○朝川 直行¹⁾, 手島 玲子²⁾, 美宅 成樹¹⁾

1)名大・院工・マテリアル理工 2)国立衛研

Allergen unique fragment score correlates with fluctuated structure of allergen protein

Naoyuki Asakawa(1), Reiko Teshima(2) and Shigeki Mitaku(1). (1: Dept. Applied Physics, Graduate School of Engineering, Nagoya University; 2: Natl. Inst. of Health Sci., Japan)

1P244 ループ長依存性を利用した SVM によるドメインリンカー予測法の開発

○蝦名 鉄平¹⁾, 藤 博幸²⁾, 黒田 裕¹⁾

1)Dept of Biotech and Life Sci, Tokyo Univ of A & T (TUAT)2)Div. Bioinf, Med. Inst. of Bioreg, Kyushu Univ

Loop length dependent SVM prediction of domain linkers

Teppe Ebina (1), Hiroyuki Toh (2) and Yutaka Kuroda (1). (1: Dept of Biotech and Life Sci, Tokyo Univ of A & T (TUAT); 2: Div. Bioinf, Med. Inst. of Bioreg, Kyushu Univ)

1P245 核局在タンパク質の分類と予測に向けて：無秩序領域の解析

○崎山 則征¹⁾, 美宅 成樹¹⁾

1)名大・院工・マテリアル理工

Analysis of intrinsically disordered regions for classification and prediction of nuclear localization proteins

Noriyuki SAKIYAMA and Shigeki MITAKU. Department of Applied Physics, Graduate School of Engineering, Nagoya University

1P248 Prediction of the residue-based contribution to protein-protein interaction

○角田 将典¹⁾, 角越 和也¹⁾, 中村 周吾¹⁾, 清水 謙多郎¹⁾

1)東大・院農・応生工

Prediction of the residue-based contribution to protein-protein interaction

Masanori Kakuta, Kazuya Sumikoshi, Shugo Nakamura, Kentaro Shimizu. (Dept Biotechnology, Graduate School of Agricultural and Life Sciences, Univ of Tokyo)

1P251 タンパク質ファミリー内に見られる会合状態の変化

○西 羽美¹⁾, 太田 元規²⁾

1)東工大・院生命理工 2)東工大・学国情セ

Alternation of oligomeric states within protein families.

Hafumi Nishi (1), Motonori Ota (2). (1: Graduate School of Biosci. & Biotech., Tokyo Inst. of Tech., 2:GSIC, Tokyo Inst. of Tech.)

1P252 構造変化の大きなタンパク質におけるアミノ酸残基間の相互作用プロファイルを利用した複合体形成シミュレーション解析

○内古閑 伸之^{1,2)}, 広川 貴次²⁾

1)(社)バイオ産業情報化コンソーシアム 2)産総研・生命情報工学研究センター

Docking analysis of a large conformational changing protein by using an interaction profile of amino acid residues pairs

Nobuyuki Uchikoga (1, 2) and Takatsugu Hirokawa (2). (1: Japan Biological Information Consortium; 2: Computational Biology Research Center)

1P257 DNA結合蛋白質における保存されたアミノ酸のネットワーク：ホットスポットの類似と予測への応用

○Ahmad Shandar¹⁾, Keskin Ozlem³⁾, Nussinov Ruth³⁾, 皿井 明倫²⁾

1)National Institute of Biomedical Innovation, Osaka, Japan 2)Kyushu Institute of Technology, Fukuoka, Japan 3)Koc University, Turkey; National Cancer Institute, Fredrick, USA

Clusters of conserved residue in DNA-binding proteins: Analogy with hot spots and implications to prediction

Shandar Ahmad (1), Ozlem Keskin (2), Ruth Nussinov (3), Akinori Sarai (4). (1. National Institute of Biomedical Innovation, Osaka; 2. Kyushu Institute of Tehnology, Iizuka, Fukuoka; 3. Koc UNiversity, Turkey; 4. NCI-Fredrick, USA)

1P261 膜貫通ヘリックスの物理化学的性質に着目した膜タンパク質トポロジー予測法の開発

○辻 敏之¹⁾, 美宅 成樹¹⁾

1)名大・院工・マテリアル理工

Development of the Prediction Method of Membrane Protein Topology based on physicochemical properties of amino acid sequence

Toshiyuki Tsuji (1) and Shigeki Mitaku(1). (1: Department of Applied Physics, Graduate School of Engineering, Nagoya University)

1P263 蝶・蛾の翅模様に見られる表現型揺らぎ、および表現型相関の計測

○鈴木 誉保¹⁾, 山口 素臣¹⁾, 倉谷 滋¹⁾

1)理研・CDB・形態進化

Phenotypic Variation and Integration in Butterfly & Moth Wing Pattern

Takao SUZUKI (1), Motomi YAMAGUCHI (1) and Shigeru KURATANI (1) (1: Laboratory for Evolutionary Morphology, Center for Developmental Biology(CDB), RIKEN Kobe)

1P264 Gタンパク質共役型受容体の俯瞰（28真核生物種の比較ゲノム解析）

○諏訪 牧子¹⁾, 小野 幸輝¹⁾, 藤渕 航¹⁾

1)産総研・生命情報工学RC

Comparative overview of GPCR Universe in 28 eukaryotes.

Makiko Suwa(1), Yukiteru Ono(1), Wataru Fujibuchi(1) Computational Biology Research Center (CBRC), National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST), 2-42 Aomi, Koto-ku, Tokyo 135-0064, JAPAN

1日目 (12/21) E会場午前 9:00~11:48

蛋白質 (構造・構造機能相関) (Proteins-structure and structure-function relationship)

1P024 海鼠 (グミ) 由来溶血性レクチン CEL-III の多量化機構の X 線小角散乱による解析

○郷田 秀一郎¹⁾, 貞方 仁¹⁾, 久松 啓伍¹⁾, 柊 弓絃²⁾, 畠山 智充¹⁾

1)長崎大・工・応化 2)関西医大・物理

Analysis of the oligomerization mechanism of hemolytic lectin CEL-III derived from sea cucumber by small-angle X-ray scattering

Shuichiro Goda (1), Hitoshi Sadakata (1), Keigo Hisamatsu (1), Yuzuru Hiragi (2) and Tomomitsu Hatakeyama (1) (1: Dept Appl Chem, Fac of Eng, Nagasaki Univ; 2: Phys, Kansai Med Univ)

1P025 立体構造変化に伴い機能発現する抗菌ペプチドの設計

○山本 直樹¹⁾, 田村 厚夫¹⁾

1)神戸大院・理学研究科・化学専攻

Designing an antimicrobial peptide whose function is induced upon structural transformation

Naoki Yamamoto (1) and Atsuo Tamura (2)

1P028 ランダム配列タンパク質からの機能と構造の進化

○豊田 一志¹⁾, 中島 敏博^{1,2)}, 卜部 格¹⁾, 四方 哲也^{3,4,5)}

1)阪大院・工・生命先端 2)化血研 3)阪大院・情報科学 4)阪大院・生命機能 5)ERATO, JST

Evolution of functionality and structure from a random-sequence protein.

Hitoshi Toyota(1), Toshihiro Nakashima(1)(2), Itaru Urabe(1) and Tetsuya Yomo(3)(4)(5) (1: Evolution and Life System Science, Dept Biotechnology, Graduate School of Engineering, Osaka Univ; 2: Chemo-Sero-Therapeutic Research Institute; 3: Graduate School of Information Science and Technology, Osaka Univ; 4: Graduate School of Frontier Bioscience, Osaka Univ; 5: Complex Systems Biology Project, ERATO, JST)

1P015 ロングレンジの構造情報を利用した Musashi タンパク質と標的 RNA との複合体の構造解析

○大山 貴子¹⁾, 大柄 晶太¹⁾, 宮ノ入 洋平¹⁾, 古川 亜矢子¹⁾, 今井 貴雄²⁾, 岡野 栄之²⁾, 永田 崇¹⁾, 片平 正人^{1,3)}

1)横市大・院国際総合科学 2)慶大・医 3)PRESTO

Structural analysis of Musashi protein complexed with the target RNA with long-range structural information

Takako Ohyama(1), Shota Ogara(1), Youhei Miyanoiri(1), Ayako Furukawa(1), Takao Imai(2), Hideyuki Okano(2), Takashi Nagata(1), Masato Katahira(1,3). 1: International Graduate School of Arts and Sciences, Yokohama City University; 2:Keio University School of Medicine; 3:PRESTO, JST

1P016 セルフタイマーを内蔵するタンパク質 EA4

○柴山 修哉¹⁾, 開 俊樹²⁾, 明石 知子³⁾, Tame Jeremy²⁾, 朴 三用²⁾

1)自治医大・生理・生物物理 2)横浜市大院・分子設計 3)横浜市大院・構造生物

EA4 is a protein with a built-in self-timer

Naoya Shibayama (1), Toshiki Hiraki (2), Satoko Akashi (3), Jeremy R. H. Tame (2) and Sam-Yong Park (2). (1:Dept. of Physiology, Div. of Biophysics, Jichi Medical Univ.; 2:Protein Design Lab., Yokohama City Univ.; 3:Structural Biology Lab., Yokohama City Univ.)

1P017 ATP 依存性プロテアーゼ FtsH の mobile 領域の役割

○寿野 良二¹⁾, 下立 夏香¹⁾, 下山 真和¹⁾, 吉田 賢右¹⁾

1)東工大・資源研

The role of the mobile regions in the ATP-dependent protease activity of FtsH

Ryoji Suno(1), Natsuka Shimodate(1), Masakazu Shimoyama(1), Masasuke Yoshida(1). (1:1the Chemical Resources Laboratory, Tokyo Institute of Technology)

1P018 DIX ドメインを介する Wnt タンパク質の可逆的ポリマー化の構造基盤と Wnt シグナル制御モデル

○柴田 直樹^{1,4)}, Schwarz-Romond Thomas²⁾, Fiedler Marc²⁾, Jonathan Butler²⁾, 小森 博文^{1,4)}, 庄村 康人^{1,4)}, 山本 英樹³⁾, 菊池 章³⁾, Bienz Mariann²⁾, 樋口 芳樹^{1,4)}

1)兵庫県大・院生命理学 2)MRC Laboratory of Molecular Biology 3)広島大・院医歯薬 4)理研・播磨研

Structural basis of dynamic polymerization of DIX domains: a revised model of Wnt signaling.

Naoki Shibata (1,4), Thomas Schwarz-Romond (2), Marc Fiedler (2), P. Jonathan G. Butler (2), Hirofumi Komori (1,4), Yasuhito Shomura (1,4), Hideki Yamamoto (3), Akira Kikuchi (3), Mariann

Bienz (2) and Yoshiki Higuchi (1,4). (1: Dept of Life Science, Graduate School of Life Science, Univ of Hyogo; 2: MRC Laboratory of Molecular Biology, Cambridge, UK; 3: Dept of Biochemistry, Graduate School of Biomedical Sciences, Hiroshima Univ; 4: The RIKEN SPring-8 Center)

1P019 転写開始における RNA polymerase の活性型と不活性型のスイッチ機構

○今清水 正彦¹⁾, 伊藤 啓¹⁾, 田中 寛²⁾, 村上 勝彦³⁾, 嶋本 伸雄¹⁾

1)国立遺伝研 2)東大・分生研 3)Penn State USA

Mg²⁺ and Mn²⁺-triggered switching between productive and abortive synthesis in cyanobacterial RNA polymerase

Masahiko Imashimizu (1), Hiroshi Itou (1), Tanaka Kan (2), Katsuhiko Murakami (3) and Nobuo Shimamoto (1). (1: National Institute of Genetics, 2: Inst of Mol Cell biosci, Univ. of Tokyo, 3: Penn State Univ USA)

1P020 放線菌由来 NRPS アデニレーションドメインの X 線結晶構造解析

○奥村 英夫¹⁾, 植木 雅志¹⁾, 城 宜嗣²⁾, 長田 裕之¹⁾

1)理研・和光 2)理研・播磨・SPring-8

Crystal structure of NRPS A domain from Streptomyces

Hideo Okumura (1), Masashi Ueki (1), Yoshitsugu Shiro (2) and Hiroyuki Osada (1). (RIKEN 1: Wako Inst.; 2: SPring-8 Center, Harima Inst.)

1P021 アーキロドプシン-2 の 3 量体におけるバクテリオルベリンの役割

○吉村 恵子¹⁾, 神山 勉¹⁾

1)名大院・理・物理

Bacterioruberin in the Trimeric Structure of Archaelhodopsin-2

Keiko Yoshimura (1), Tsutomu Kouyama (1) (1: Department of Physics, Graduate School of Science, Nagoya University)

1P022 SPring-8 における微小タンパク質結晶構造解析の現状

○清水 伸隆¹⁾, 河本 正秀¹⁾, 長谷川 和也¹⁾, 北村 吉章²⁾, 海老原 章郎²⁾, 上野 剛²⁾, 平田 邦生²⁾, 清水 哲哉²⁾, 二澤 宏司²⁾, 倉光 成紀^{2,3)}, 熊坂 崇¹⁾, 山本 雅貴^{1,2)}

1)SPring-8/JASRI 2)理研播磨 3)阪大院理

Present Status of Protein Micro-crystallography at SPring-8

N. Shimizu (1), M. Kawamoto (1), K. Hasegawa (1), Y. Kitamura (2), A. Ebihara (2), G. Ueno (2), K. Hirata (2), T. Shimizu (2), A. Nisawa (2), S. Kuramitsu (2,3), T. Kumasaka (1) and M. Yamamoto (1,2). (1: SPring-8/JASRI, 2: RIKEN SPring-8 Center, 3: Dept Biology, Graduate School of Science, Osaka University)

1P029 脱窒菌 *Alcaligenes xylosoxidans* における亜硝酸還元酵素-シトクロム c551 間電子伝達速度論的ならびに構造的証拠

○小手石 泰康¹⁾, 野尻 正樹¹⁾, 山口 和也¹⁾, 鈴木 晋一郎¹⁾

1)阪大院理

Kinetic and structural evidence for the electron transfer between cytochrome c551 and nitrite reductase from *Alcaligenes xylosoxidans*

Hiroyasu Koteishi, Masaki Nojiri, Kazuya Yamaguchi and Shinnichiro Suzuki. (Department of Chemistry, Graduate School of Science, Osaka Univ)

1P026 CD28 細胞内領域とシグナル伝達分子との相互作用解析

○肥後 邦武¹⁾, 山野 友義¹⁾, 高橋 潤¹⁾, 織田 昌幸²⁾, 中川 将利³⁾, 森井 尚之⁴⁾, 伊藤 暢聡⁵⁾, 東 隆親³⁾, 安部 良¹⁾

1)東理大・生命研・免疫生物 2)京都府大院・農 3)東理大・生命研・生命情報 4)産総研・生物機能工学 5)東医歯大院・疾患生命科学

Interactions of recombinant Gads, Grb2, p85 subunit of PI3K, and their SH2 domains with CD28 cytoplasmic domains

Kunitake Higo (1), Tomoyoshi Yamano (1), Jun Takahashi (1), Masayuki Oda (2), Masatoshi Nakagawa (3), Hisayuki Morii (4), Nobutoshi Ito (5), Takachika Azuma (3), Ryo Abe (1). (1: Div. Immunobiol., Res. Inst. Bio. Sci., Tokyo Univ. of Sci.; 2: Graduate School of Agriculture, Kyoto Prefectural Univ.; 3: Div. Biosignal., Res. Inst. Bio. Sci., Tokyo Univ. of Sci.; 4: Inst. Biol. Funct. Resources, AIST; 5: School of Biomedical Sci., Tokyo Medical & Dental Univ.)

1日目 (12/21) F 会場午前 9:00~11:48

蛋白質 (機能・計測解析の方法論・蛋白質工学) (Proteins—functions, methodology, and protein engineering)

1P030 アルギニン ADP リボシル化毒素のアクチン認識分子機構

○津下 英明¹⁾, 永浜 政博²⁾, 小田 真隆²⁾, 岩本 忍²⁾, 宇都宮 敬子¹⁾, 櫻井 純²⁾

1)Tokushima Bunri University, Institute for Health Sciences2)Tokushima Bunri University, Faculty of Pharmaceutical Science

Molecular Mechanism of Actin Recognition by Arginine ADP-ribosylating Toxin

Hideaki Tsuge(1), Hiroko Utsunomiya(1), Masahiro Nagahama (2), Masataka Oda(2), Shinobu Iwamoto (2) and Jun Sakurai (2). (1:Institute for Health Sciences, Tokushima Bunri University;2:Faculty of Pharmaceutical Sciences, Tokushima Bunri University)

1P033 急速混合凍結 EPR 法による P450cam 反応サイクルにおける新しい反応中間体の観測

竹本 浩史¹⁾, 井上 直樹¹⁾, 堀 洋¹⁾

1) 阪大院・基礎工・生体工学

Direct observation of novel intermediate species during the catalytic cycle of cytochrome P450cam by rapid mixing freeze-quench EPR method

Koji Takemoto, Naoki Inoue and Hiroshi Hori. (Division of Bioengineering, Graduate School of Engineering Science, Osaka Univ.)

1P036 ADP が対称型 1:2GroEL-GroES 複合体の形成を阻害する

○鮫島 知哉¹⁾, 上野 太郎¹⁾, 飯塚 怜¹⁾, 石井 則行²⁾, 寺田 尚史^{1,3)}, 船津 高志¹⁾

1) 東大・院薬 2) 産総研・生物情報 3) 理研・バイオ工学

ADP inhibits the formation of a symmetric 1:2 GroEL-GroES complex

Tomoya Sameshima (1), Ueno Taro (1), Ryo Iizuka (1), Noriyuki Ishii (2), Naofumi Terada (1,3) and Takashi Funatsu (1). (1:the Grad. Sch. of Pharm. Sci., the Univ. of Tokyo; 2: Biol. Info. Res. Center, AIST; 3: Bioengineering Laboratory, RIKEN)

1P041 如何にしてプロテアソームは分解する蛋白質を選ぶのか?

○伊野部 智由¹⁾, Prakash Sumit¹⁾, Tian Lin¹⁾, Matouschek Andreas¹⁾

1) BMBCB, Northwestern Univ.

SELECTING PROTEINS FOR DEGRADATION: THE INITIATION STEP

Tomonao Inobe, Sumit Prakash, Lin Tian, and Andreas Matouschek (Department of Biochemistry, Molecular Biology and Cell Biology, Northwestern University)

1P042 線虫 p97 ホモログ CDC-48.1 の協同的 ATP 加水分解機構

○錦織 伸吾¹⁾, 山中 邦俊¹⁾, 江崎 雅俊¹⁾, 小椋 光¹⁾

1) 熊本大・発生研

Cooperative ATP hydrolysis mechanism of CDC-48.1, a p97 homologue from *C. elegans*

Shingo Nishikori, Kunitoshi Yamanaka, Masatoshi Esaki, and Teru Ogura (Division of Molecular Cell Biology, Institute of Molecular Embryology and Genetics, Kumamoto Univ)

1P046 生体分子の自由エネルギー地形の解析

○桜庭 俊¹⁾, 北尾 彰朗²⁾

1) 東大院・新領域・情報生命 2) 東大・分生研

Estimating the free energy profile of biomolecules

Shun Sakuraba (1) and Akio Kitao (2). (1: Dept Computational Biology, Graduate School of Frontier Sciences, Univ of Tokyo; 2: Institute of Molecular & Cellular Biosciences, Univ of Tokyo)

1P058 主成分解析を用いた NMR 滴定実験のデータ解析

○櫻井 一正¹⁾, 後藤 祐児¹⁾

1) 阪大・蛋白研

Principal component analysis of the pH-dependent conformational transitions of bovine β -lactoglobulin monitored by heteronuclear NMR

Kazumasa Sakurai and Yuji Goto. (Inst Protein Res, Osaka Univ)

1P067 不可能を可能にするマイクロフォーカスビームライン

○平田 邦生¹⁾, 二澤 宏司¹⁾, 上野 剛¹⁾, 清水 伸隆¹⁾, 熊坂 崇²⁾, 山本 雅貴¹⁾

1) 理化学研究所・播磨・放射光総合科学研究センター・研究技術開発室 2) (財)高輝度光科学研究センター

The micro-focus beamline to open the new field of protein micro-crystallography

Kunio Hirata(1), Atsushi Nisawa(1), Go Ueno(1), Nobutaka Shimizu(2), Takashi Kumasaka(2) and Masaki Yamamoto(1) (1: Division of Synchrotron Radiation Instrumentation, RIKEN SPring-8 Center, Harima Institute; 2: Japan Synchrotron Radiation Research Institute)

1P068 等温滴定熱量測定および示差走査熱量測定によるリゾチーム・阻害剤相互作用の解析

○山本 綾¹⁾, 宇於崎 麻衣子¹⁾, 城所 俊一¹⁾

1) 長岡技科大・生物系

Thermodynamic analysis of lysozyme-inhibitor interaction by isothermal titration calorimetry and differential scanning calorimetry

Aya Yamamoto(1), Maiko Uozaki(1), Shun-ichi Kidokoro(1). (1:Department of Bioengineering, Nagaoka University of Technology)

1P069 蛍光標識アミノ酸の導入によるタンパク質機能の蛍光分析

○飯島 一生¹⁾, 芳坂 貴弘¹⁾

1)北陸先端大・マテリアルサイエンス

Fluorescence analysis of protein function by incorporation of fluorescent amino acids

Issei Iijima(1), Hohsaka Takahiro(1). (1:School of Materials Science., Japan Advance Institute of Science and Technology)

1P074 リガンド結合によるタンパク質の構造変化の動的過程：時間依存の摂動による線型応答理論

○成富 佑輔¹⁾, 瀧上 壮太郎¹⁾, 池口 満徳¹⁾, 木寺 詔紀¹⁾

1)横浜市大院

Dynamical process of protein conformational change upon ligand binding: Linear response theory with time-dependent perturbation

Yusuke Naritomi (1), Sotaro Fuchigami (1), Mitsunori Ikeguchi (1) and Akinori Kidera (1). (1: International Graduate School of Arts and Sciences, Yokohama City University)

1P075 1分子時系列から抽出するタンパク質ダイナミクスにおける階層的複雑ネットワークと情報の流れ

○Li Chun-Biu¹⁾, 小松崎 民樹^{1,2)}, Haw Yang³⁾

1)Nonlinear Science Laboratory, Department of Earth and Planetary Science, Faculty of Science, Kobe University 2)JST/CREST 3)Department of Chemistry, University of California at Berkeley

COMPLEX MULTI-SCALE NETWORKS AND INFORMATION FLOWS FOR PROTEIN DYNAMICS FROM SINGLE-MOLECULE TIME SERIES

Li Chun Biu(1), Tamiki Komatsuzaki(1,2) and Haw Yang(3). (1:Nonlinear Science Laboratory, Department of Earth and Planetary Science, Faculty of Science, Kobe University; 2:JST/CREST; 3:Department of Chemistry, University of California at Berkeley)

1P077 超伝導 TOF-Mass による蛋白質多量体の観測

○千葉 かおり¹⁾, 浮辺 雅宏¹⁾, 陳 銀児¹⁾, 志岐 成友¹⁾, 小林 洋平¹⁾, 中西 洋志¹⁾, 大久保 雅隆¹⁾

1)(独)産総研・計測フロンティア・超分光システム

Protein multimers observed by time-of-flight mass spectroscopy with superconducting detector

Kaori Chiba-Kamoshida, Masahiro Ukibe, Yiner Chen, Shigetomo Shiki, Yohei Kobayashi, Hiroshi Nakanishi, Masataka Ohkubo. (Research Institute of Instrumentation Frontier National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

Yasumasa Joti and Akio Kitao (IMCB, Univ of Tokyo)

1P080 フォトクロミック分子を用いたカルモジュリンの機能の光制御

○宍戸 英樹¹⁾, 山田 正文²⁾, 近藤 和典¹⁾, 丸田 晋策¹⁾

1)創価大院・工・生命情報工学 2)創価大院・工・生物学

Photo-Control of Calmodulin function using Photochromic Compound

Hideki Shishido(1), Masafumi Yamada(2), Kazunori Kondo(1) and Shinsaku Maruta(1). (1:Division of Bioinformatics, Graduate school of Engineering, Soka University; Division of Bioengineering, Graduate school of Engineering, Soka University)

1日目 (12/21) K会場午前 9:00~11:48

バイオエンジニアリング、計測 (Bioengineering, and new biophysical techniques and instrumentation)

1P306 微細加工基板上をミオシンによって駆動されるアクチン運動のシミュレーション

○新田 高洋¹⁾, 小原 祐¹⁾, 棚橋 章仁¹⁾, 平野 元久¹⁾, Maria Razumova²⁾, Michael Regnier²⁾, Henry Hess³⁾

1)岐阜大・工・数理デザイン工 2)Univ. Washington, Dept. Bioeng 3)Univ. Florida, Dept. Materials Sci and Eng

Computer Simulation of Actin Filament Movements Driven by Myosins in Microfabricated Patterns

Takahiro Nitta(1), Yu Obara(1), Akihito Tanahashi(1), Motohisa Hirano(1), Maria Razumova(2), Michael Regnier(2) and Henry Hess(3). (1: Dept Mathematical and Design Engineering., Gifu Univ; 2: Dept Bioengineering., Univ of Washington; 3: Dept Materials Science and Engineering., Univ of Florida)

1P309 3次元マイクロ流路を用いた微生物の均一径ハイドロゲルカプセル化

○森本 雄矢¹⁾, 陳 偉雄¹⁾, 竹内 昌治^{1,2)}

1)東大院・情報理工学系・知能機械情報学 2)東大・生産研

Formation of Monodisperse Alginate Hydrogel Capsules with Microbes using Three-Dimensional

Microfluidic Axisymmetric Flow-Focusing Device

Yuya Morimoto(1), Wei-Heong Tan(1) and Shoji Takeuchi(2). (1: Dept Mechano-Infomatics, Graduate School of Information Science and Technology, Univ of Tokyo; 2: Center for International Research on MicroMechatronics, Institute of Industrial Science, Univ of Tokyo)

1P311 マイクロチャンバーアレイによる一分子計測

○大田 禎生¹⁾, 北川 広明²⁾, 陳 偉雄²⁾, 竹内 昌治²⁾

1)東京大学院・総合文化研究科・広域科学 2)東京大学・生産研

Analysis of a single-molecule activity

Sadao Ota(1), Hiroaki Kitagawa(2), Wei-Heong Tan(2), Shoji Takeuchi(2). (1: Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences., Univ of Tokyo; 2: IIS)

1P312 細胞解析の為にのトラップ及びリリース機構を有するマイクロ流路デバイス

○岩井 孝介¹⁾, 陳 偉雄¹⁾, 竹内 昌治^{1,2)}

1)東大院・情報理工学系・知能機械情報学 2)東大・生産研

Trap-and-release microfluidic device for the analysis of cells

Kosuke Iwai(1), Wei-Heong Tan(1) and Shoji Takeuchi(2). (1: Dept Mechano-Infomatics, Graduate School of Information Science and Technology, Univ of Tokyo; 2: Center for International Research on MicroMechatronics, Institute of Industrial Science, Univ of Tokyo)

1P315 フォトライゲーションにより安定化された自己組織化 DNA アレイ

○田川 美穂¹⁾, 庄田 耕一郎¹⁾, 藤本 建造²⁾, 陶山 明¹⁾

1)東大・院総文・生命環境 2)北陸先端大・マテリアルサイエンス

Self-assembled DNA arrays stabilized by template-directed photoligation

Miho Tagawa (1), Koh-ichiroh Shohda (1), Kenzo Fujimoto (2) and Akira Suyama (1). (1: Dept Life Sciences & Inst Physics, Graduate School of Arts & Sciences, The Univ of Tokyo; 2: School of Material Science, Japan Advanced Inst Science & Technology)

1P320 ダイヤモンド上への高強度かつ生物活性に優れるアミノシラン多層膜の形成

○雨宮 陽介¹⁾, 山田 貴壽²⁾, 上塚 洋²⁾, 中山 秀喜¹⁾, 鹿田 真一²⁾, 嶋本 伸雄¹⁾

1)遺伝研・構造遺伝 2)産総研・ダイヤモンドセンター

Multilayer of aminosilane on diamond surface with high mechanical strength and bioactivity

Yosuke Amemiya¹, Takatoshi Yamada², Hiroshi Uetsuka², Hideki Nakayama¹, Shinichi Shikata², Nobuo Shimamoto¹: Structural Biology Center, National Institute of Genetics, Japan 2: Diamond Research Center, Advanced Industrial Science and Technology, Japan

1P322 セロトニン受容体に特異的なリガンド検出用バイオセンサー

○野口 悠紀¹⁾, 浦野 光¹⁾, 久保 泰¹⁾

1)産総研・脳神経情報

A Sensitive Biosensor for Specific Ligands of 5-Hydroxytryptamine type-3 receptor

Yuuki Noguchi (1), Hikaru Urano (1) and Tai Kubo (1). (1: Neuroscience Research Institute, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

1P324 リポソーム環境での膜タンパク質の合成と機能化

○野村 慎一郎^{1,2)}, 森谷 優貴³⁾, 朝山 和喜子^{1,2)}, 森田 育男^{2,4)}, 秋吉 一成^{1,2)}

1)東医歯大・生材研 2)21世紀COE3)NTTDoCoMo4)東医歯大・歯

Functional Membrane Protein Expression and Integration on Lipid Vesicles.

Shin-ichiro M. NOMURA(1, 2), Yuki MORITANI(1, 3), Wakiko ASAYAMA(1, 2) Ikuo MORITA(2, 4) and Kazunari AKIYOSHI(1, 2). (1: Inst Biomat & Bioeng, Tokyo Med & Dent Univ.; 2 21st COE program; 3: Res Lab, NTT DoCoMo Inc.; 4: Dept. Cell Physiol Chem, Tokyo Med & Dent Univ.

1P325 昆虫ウイルス由来タンパク質ポリヘドリンを用いた外来タンパク質固定化技術の開発

○濱田 格雄¹⁾, 中村 亮介³⁾, 井尻 宏志²⁾, 中井 大介²⁾, 赤木 祐一郎²⁾, 日比 華子²⁾, 広島 利江²⁾, 市田 秀樹³⁾, 徳永 史生⁴⁾, 兼松 泰男³⁾, 森 肇²⁾

1)京工織大・応生、阪大・VBL、CREST・JST2)京工織大大学院・応生、CREST・JST3)阪大・VBL、CREST・JST4)阪大・院理

Immobilization of diverse foreign proteins in viral polyhedra

Nrio Hamada(1), Ryosuke Nakamura(2), Hiroshi Ijiri(3), Daisuke Nakai(3), Yuichiro Akagi(3), Hanako Hibi(3), Rie Hirohata(3), Hideki Ichida(2), Fumio Tokunaga(4), Yasuo Kanematsu(2) and Hajime Mori(3). (1:Dev Applied Biology., Kyoto Institute of Technology, VBL., Osaka univ, CREST JST; 2:VBL., Osaka univ, CREST JST; 3: Dev Applied Biology., Kyoto Institute of Technology, CREST JST; 4: Dept Earth & Space Science, Graduate School of Science., Osaka univ, CREST JST)

1P333 一細胞時系列を用いた in silico 細胞周期同調法の開発

○袴田 和巳^{1,2)}, 藤田 聡史^{1,2)}, 三宅 淳^{1,2)}

1) 東大院・工学系・バイオエンジ 2) 産総研・セルエンジ

in silico cell cycle synchronization based on single cell tracking.

Kazumi Hakamada (1) (2), Satoshi Fujita (1) (2), Jun Miyake (1) (2). (1: Dept Bioeng. School of Bioengineering, Univ of Tokyo; 2: Advanced Industrial Science and Technology, Research Institute for Cell Engineering)

1P334 任意素子構造における分子シャトルシミュレーション-素子構造の最適化に向けて

○棚橋 章仁¹⁾, 平野 元久¹⁾, Downs Matthew²⁾, Hess Henry²⁾, 新田 高洋^{1,2)}

1) 岐阜大・工・数理デザイン工 2) Dept. of Materials Sci. and Eng., Univ. Florida

Molecular shuttle simulation for modules of arbitrary structure - towards optimization of module structures

Akihito Tanahashi (1), Motohisa Hirano (1), Matthew Downs (2), Henry Hess (2), and Takahiro Nitta (1). (1: Dept. of Math. and Design Eng., Gifu Univ., Gifu, Japan; 2: Dept. of Materials Sci. and Eng., Univ. Florida, Gainesville, USA)

1P339 飛行時間型二次イオン質量分析法によるタンパク質一分子層の構造評価法の開発

○青柳 里果¹⁾, Boireau Wilfrid²⁾, Elie-Caille Ce'line²⁾, Rouleau Alain²⁾, 土肥 誠¹⁾, 加藤 信彦³⁾, 工藤 正博³⁾

1) 島根大・生物資源 2) FEMTO-ST, Proteomic Platform, UMR6174-CNRS, France 3) 成蹊大・理工

Development of structural characterization method of protein monolayer by means of time-of-flight mass spectrometry

Satoka Aoyagi (1)*, Wilfrid Boireau (2), Ce'line Elie-Caille (2), Alain Rouleau (2), Makoto Dohi (1), Nobuhiko Kato (3), Masahiro Kudo (3). (1: Faculty of Life and Environmental Science, Shimane University, 2: FEMTO-ST Institute, Proteomic Platform, UMR6174-CNRS, France, 3: Department of Materials and Life Science, Faculty of Science and Technology, Seikei University, Seikei University)

1P345 発光ダイオードと CMOS を利用した小型蛍光イメージング

○三澤 宣雄¹⁾, 竹内 昌治¹⁾

1) 東大・生産研

A COMPACT FLUORESCENCE MICROSCOPY USING A LIGHT-EMITTING DIODE AND A COMPLEMENTARY METAL OXIDE SEMICONDUCTOR

N. Misawa (1) and S. Takeuchi (1). (1: IIS, The University of Tokyo)

1P350 X線回折によるハエの体内脂肪結晶化の直接確認

○高橋 浩¹⁾, 片桐 千帆²⁾, 上野 聡³⁾, 井上 勝晶⁴⁾

1) 群大院・工・化学生物 2) 北大・低温研・生化 3) 広大院・生物圏 4) Spring8/JASRI

Direct confirmation of fat crystallization in a fly body by means of X-ray diffraction

Hiroshi Takahashi (1), Chihiro Katagiri (2), Satoru Ueno (3), Katsuaki Inoue (4) (1: Biophysics Lab, Dept Chem & Chem Biol, Graduate School of Engineering, Gunma Univ.; 2: Biochemistry Lab., Institute of Low Temperature Science, Hokkaido Univ; 3: Graduate School of Biosphere Science, Hiroshima Uni; 4: Spring8/JASRI)

1日目 (12/21) C会場午後 13:10~15:34

筋肉 (筋蛋白質・収縮) (Muscle— muscle proteins and contraction)

1P141 中間活性化条件における筋原線維の急速伸長に対するサルコメアの確率的応答

○島本 勇太¹⁾, 鈴木 団²⁾, 石渡 信一¹⁾

1) 早大・理工学術院・物理 2) 早大・科健機構

Stochastic response of sarcomeres to a quick stretch at partial activation of skeletal myofibrils

Yuta Shimamoto (1), Madoka Suzuki (2), Shin'ichi Ishiwata (1). (1: Dept of Physics, Faculty of Science & Engineering, Waseda Univ; 2: ASMeW, Waseda Univ)

1P146 ゲルとしてのスキンド筋の保水性: イオン強度とイオン種の効果

青木 啓仁¹⁾, 木村 雅子¹⁾, ○竹森 重¹⁾

1) 慈恵医大・分子生理学

Water retaining ability of skinned skeletal muscle as a gel: effects of ionic strength and ion species

Hirohito Aoki, Masako Kimura and Shigeru Takemori (Dept Mol Physiol, Jikei Univ Sch Med)

1P147 トレハロースが骨格筋スキンドファイバーの活性張力に及ぼす影響

○木村 雅子¹⁾, 青木 啓仁¹⁾, 竹森 重¹⁾

1) 慈恵医大・分子生理

The effects of trehalose on the contractility of mechanically skinned fibers of frog skeletal muscle

Masako Kimura, Hirohito Aoki and Shigeru Takemori (Dept Mol Physiol, Jikei Univ Sch Med)

- 1P148 拍動心筋細胞における α B-クリスタリンとZ帯タンパク質との動的な相互作用の分析
 ○跡見 順子¹⁾, 藤田-大戸 恵理¹⁾, 山口 鉄生²⁾, 桜井 隆史²⁾, 藤田 義信²⁾
 1)東大・IR3S・TIGS2)東大・総合文化・生命環境
Analysis of dynamic interaction of α B-crystallin with Z-disc protein in beating cardiac myocyte
 Yoriko Atomi(1), Eri Fujita-Ohto(1), Tetsuo Yamaguchi(2), Takashi Sakurai(2) and Yoshinobu Fujita(2). (1:Transdisciplinary Initiative for Global Sustainability (TIGS), Integrated Research System for Sustainability Science (IR3S), Univ of Tokyo; 2:Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences., Univ of Tokyo)
- 1P154 SDSL-EPR法を用いた心筋トロポニンIリン酸化によるトロポニンC構造への影響の研究
 ○植木 正二¹⁾, 荒田 敏昭²⁾
 1)徳島文理大・香川薬2)阪大院・理
SDSL-EPR study of the effect of troponin I phosphorylation on the structure of cardiac troponin C
 Shoji Ueki (1) and Toshiaki Arata (2). (1: Facul Pharm Sci at Kagawa, Tokushima Bunri Univ; 2: Dept Biol Sci, Graduate School of Science, Osaka Univ)
- 1P155 トロポミオシン・ジャンクションのスイベルはアクチンフィラメント制御に必須である
 村上 健次¹⁾, Stewart Murray²⁾, 若林 健之¹⁾
 1)帝京大学・理工学部・バイオサイエンス2)MRC Lab. Mol. Biol
A Swivel between Successive Tropomyosin Moecules is Crucial for Actin Filament Regulation
 Kenji Murakami(1), Murray Stewart (2) and Takeyuki Wakabayashi(1). (1: Dept Biosciences, School of Science and Engineering, Teikyo University; 2: MRC Lab. Mol. Biol.)
- 1P156 ハイパーモバイル水の証拠：F-actin水溶液中のプロトン拡散係数は純水より大きく myosin-S1 結合でさらに増大
 ○鈴木 誠¹⁾, Gan Xinying¹⁾, 和沢 鉄一¹⁾, 宮崎 崇¹⁾
 1)東北大院・工2)CREST, JST
Evidence of hyper-mobile water : Enhanced proton diffusion coefficients in F-actin solutions with bound myosin S1 by PFG-SE NMR
 Makoto Suzuki(1), Xinying Gan(1), Tetsuichi Wazawa(1) and Takashi Miyazaki(1). (1:Dept Materials Processing, Graduate School of Engineering, Tohoku University)
- 1P160 アクチン繊維の柔軟性と運動の関係：pHの関係
 ○有井 裕輔¹⁾, 羽鳥 晋由¹⁾
 1)山形大院・理工学系・応用生命
Relationship between the flexibility and motile activity of actin filaments: effect of pH
 Yuusuke Arie and Kuniyuki Hatori (Dept. Biosys., Graduate School of Science and Engineering, Yamagata Univ.)
- 1P163 組換えヒト心筋 α -アクチンの変異体解析で明らかとなったアクチン重合時におけるQ137の2つの重要な役割について
 ○岩佐 充貞¹⁾, 前田 佳代¹⁾, 成田 哲博¹⁾, 前田 雄一郎^{1,2)}, 小田 俊郎^{1,3)}
 1)JST・ERATO2)名大・理・生命理学3)理研・播磨
Dual roles of Q137 of actin revealed by recombinant human cardiac α -actin mutants.
 Mitsusada Iwasa (1), Kayo Maeda (1), Akihiro Narita (1), Yuichiro Maeda (1, 2) and Toshiro Oda (1, 3). (1: ERATO Actin Filament Dynamics Project, JST; 2: Div. of Biological Science, Graduate School of Sciences, Nagoya Univ.; 3: Structural Physiology Research Group, RIKEN SPring-8 Center)
- 1P168 粗視化シミュレーションによるアクチンの重合
 ○山田 達矢¹⁾, 美宅 成樹¹⁾
 1)名大院・工学
Coarse graining simulation of actin polymerization
 Tatsuya Yamada, Shigeki Mitaku. Nagoya University, School of Engineering
- 1P170 アクチン繊維のすべり運動と高さ方向揺らぎの関係
 ○国田 美穂子^{1,3)}, 櫻沢 繁¹⁾, 本多 元²⁾
 1)公立はこだて未来大院・システム情報2)長岡技大・生物系3)日本学術振興会特別研究員
A relationship between the sliding movement and height fluctuation of a sliding actin filament
 Mihoko Kunita (1, 3), Shigeru Sakurazawa (1) and Hajime Honda (2). (1: Graduate School of Systems Information Science, Future-University of Hakodate; 2: Dept of BioEngineering, Nagaoka University of Technology, JSPS Research Fellow)
- 1P174 バナジン酸は二枚貝の筋肉のミオシンとトウイッチンで再構成したキャッチ状態のアクチン-ミオシンフィラメント間結合を解離させない
 ○山田 章¹⁾, 吉雄 麻喜¹⁾, 大岩 和弘¹⁾

1)情報通信研・未来ICT・バイオ

Vanadate does not dissociate actin from myosin filaments in 'catch' reconstituted with myosin and twitchin purified from bivalve muscles

Akira Yamada, Maki Yoshio and Kazuhiro Oiwa (Biological ICT Group, National Institute of Information and Communications Technology)

1日目 (12/21) D会場午後 13:10~15:34

化学受容、神経・感覚、神経回路・脳の情報処理 (Chemoreception, neuron and sensory system, neural network, and brain computing)

1P185 コルチコステロイドによる海馬神経スパインの急性的形態変化の解析

○小松崎 良将^{1,2,3)}, 北條 泰嗣^{2,3)}, 川戸 佳^{2,3)}

1)日大・文理・物理生命システム 2)東大院・総合文化・広域科学 3)バイオインフォマティクス・JST

Rapid morphological changes of dendritic spines induced by corticosteroids in rat hippocampus

Yoshimasa Komatsuzaki (1), (2), (3), Yasushi Hojo (2), (3) and Suguru Kawato (2), (3). (1: Coll. of Hum. & Sci., Nihon Univ.; 2: Dept. of Biophys. & Life Sci., Univ. of Tokyo; 3: Bioinformatics Project, JST)

1P192 Structural Plasticity におけるカルシウムイオンの役割: アクチンダイナミクスのシミュレーションによる検討

能澤 啓司¹⁾, ○市川 一寿¹⁾

1)金沢工業大学

The role of calcium ion in the structural plasticity of a spine: simulation of actin dynamics

Keiji Nozawa and Kazuhisa Ichikawa (Dept Brain Bioinf. Sci., Kanazawa Institute of Technology)

1P193 嗅神経軸索に局在する TRPV2 は IGF-I 依存的細胞内カルシウム流入に関与する

松井 等¹⁾, 神山 直也¹⁾, 井関 健²⁾, 高草木 薫¹⁾, ○柏柳 誠¹⁾

1)旭医・生理・神経機能 2)北大院・薬・臨床薬剤

TRPV2, an insulin-like growth factor-I-regulated calcium-permeable channel, localizes to olfactory axons in adult and fetal mouse

Hitoshi Matsui (1), Naoya Kamiyama (1), Ken Iseki (2), Kaoru Takakusaki (1) and Makoto Kashiwayanagi (1). (1: Dept Sensory Physiol, Asahikawa Medical College, 2: Grad Sch Pharm Sci, Hokkaido University)

1P194 多電極アレイによる培養ニューラルネットワーク時空間ダイナミクスと自発活動の長期計測

○伊東 大輔¹⁾, 安谷屋 英之¹⁾, 玉手 宏基¹⁾, 永山 昌史¹⁾, 内田 努¹⁾, 郷原 一寿¹⁾

1)北大院・工・応用物理

Long-term measurement for spatiotemporal dynamics and spontaneous activities of cultured neural networks by multi-electrode arrays

Daisuke Ito, Hideyuki Adaniya, Hiroki Tamate, Masafumi Nagayama, Tsutomu Uchida and Kazutoshi Gohara (Division of Applied Physics, Graduate School of Engineering, Hokkaido University)

1P219 真性粘菌ニューロコンピュータによる巡回セールスマン解決と創造的メタ問題解決

○青野 真士¹⁾, 原 正彦¹⁾

1)理化学研究所・フロンティア

Traveling Salesman Problem Solving and Creative Meta-Problem Solving with Amoeba-based Neurocomputer

Masashi Aono (1) and Masahiko Hara (1). (1: Frontier Research System, RIKEN)

1P220 脳機能評価のための新たな脳血流動態モデルの提案 (II) -酸素輸送モデル-

○山田 亨¹⁾, 梅山 伸二¹⁾

1)産総研・脳神経情報

A novel model of neurovascular hemodynamics to elucidate cerebral functional signals (II) - Oxygen transport model -

Toru Yamada (1), Shinji Umeyama (2). (1,2: Neuroscience Research Institute, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

1P221 生体情報処理システムのコーディングにおけるマルチスケール性がもたらす生命現象の普遍性に関する解析

○平林 美樹¹⁾, 大橋 弘忠¹⁾

1)東大院・工学系・システム量子

Analysis on universality of life phenomena brought by multi-scale coding of biological information processing

Miki Hirabayashi and Hirotsada Ohashi. (Dept Quantum Engr and Systems Sci, Graduate School of Engr,

Univ of Tokyo)

1P222 光駆動と視覚認知におけるノイズの効果

○猪本 修¹⁾, 福島 龍太¹⁾, 甲斐 昌一¹⁾

1) 九大院・システム生命

Effects of visual noise on photic driving and visual perception

Osamu Inomoto, Ryuta Fukushima, and Shoichi Kai (Graduate School of Systems Life Sciences, Kyushu Univ.)

1P223 ノイズとシグナルの相互作用を考慮した計算論的視覚モデル

○脇坂 崇平^{1,2)}, 太田 宏之³⁾

1) 神大・理 2) 立命館大・文 3) 防衛医大・生理

The computational model of mutual interaction between noise and signal in the visual system

Sohei Wakisaka (1) and Hiroyuki Ohta (2). (1: Dept Science, Kobe Univ; 2: Dept Physiology, National Defense Medical College)

1P203 海馬 CA3 ネットワークはトレース記憶のタイミングおよび連想記憶に重要である

○岸本 泰司^{1,2)}, 中沢 一俊^{3,4)}, 利根川 進³⁾, 狩野 方伸²⁾, 桐野 豊^{1,2)}

1) 徳島文理大院・香川薬・生物物理 2) 阪大院・医・細胞神経科学 3) NIH/NIMH4) MIT

Hippocampal CA3 NMDA receptors network is crucial for adaptive timing and retrieval of trace conditioning

Yasushi Kishimoto (1, 2), Kazu Nakazawa (3, 4), Susumu Tonegawa (4), Masanobu Kano (2), Yutaka Kirino (1). (1: Dept NeuroBiophysics, Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Tokushima Bunri Univ.; 2: Dept Neurophysiology, Graduate School of Medicine, Osaka Univ.; 3: National Institute of Mental Health, National Institutes of Health; 4: RIKEN; Massachusetts Institute of Technology Neuroscience Research Center, Center for Cancer Research, and Departments of Biology and Brain and Cognitive Sciences, Massachusetts Institute of Technology)

1P204 海馬分散培養神経回路網の編成過程における自発性活動パターンと NMDA 型グルタミン酸受容体の関与

○清原 藍^{1,2)}, 田口 隆久²⁾, 工藤 卓²⁾

1) 阪大院・理・化学 2) 産総研・セルエンジニアリング

Involvement of NMDA-Rs in developmental change of spontaneous action potential pattern in a rat hippocampal dissociated neurons.

Ai Kyohara (1), (2), Takahisa Taguchi (2), Suguru N. Kudoh (2), (1: Dept. Chem., Graduate School of Science, Osaka Univ; 2: Research Institute for Cell Engineering, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST).)

1P205 海馬 CA3 野における興奮抑制シナプスの幾何学的配置の電気生理的探索と方向性領域内興奮

○富永 貴志^{1,2)}, 市川 道教²⁾, Liu Guosong³⁾

1) 徳島文理大学・香川薬/神経研 2) 理研 BSI3) 清華大学・医学部・記憶学習センター

Electrophysiologically probed geometric correlation of E/I synapses and directional activation of the rat hippocampal CA3 area

Takashi Tominaga (1, 2), Michinori Ichikawa (2) and Guosong Liu (3) (1: Kagawa Sch Pharm Sci, Tokushima Bunri Univ., 2: RIKEN BSI, 3: CLM Sch Med, Tsinghua Univ, Beijing, CHINA)

1日目 (12/21) E会場午後 13:10~15:34

蛋白質 (構造・構造機能相関) (Proteins— structure and structure-function relationship)

1P027 マルチカノニカルシミュレーションによって描かれる、水中のアルツハイマーβアミロイドペプチド Aβ (12-36) の自由エネルギー地形

○池部 仁善¹⁾, 神谷 成敏²⁾, 伊東 純一¹⁾, 神藤 平三郎³⁾, 山岸 明彦¹⁾, 肥後 順一¹⁾

1) 東京薬科・生命科学 2) 阪大・医 3) 農業生物資源研・タンパク質研究ユニット

Free-energy landscape of the disordered state of an Alzheimer's β amyloid peptide in water studied by multicanonical molecular dynamics

Jinzen Ikebe (1), Narutoshi Kamiya (2), Jun-ichi Ito (1), Heisaburo Shindo (3), and Junichi Higo (1). (1: School of Life Sciences, Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences; 2: Clinical Genome Informatics Center, Kobe University, Graduate School of Medicine; 3: School of Pharmacy, Tokyo University of Pharmacy and Life sciences)

1P011 マルチカノニカル分子動力学法による水中および30%TFE溶液中での humanin の自由エネルギー地形

○八木沢 良介¹⁾, 神谷 成敏²⁾, 山岸 明彦¹⁾, 肥後 順一¹⁾

1) 東京薬科・生命 2) 阪大・臨床医工学融合研究センター

Free-energy landscapes of humanin in water and in TFE/water using multicanonical molecular dynamics

Ryosuke Yagisawa (1), Narutoshi Kamiya (2), Akihiko Yamagishi (1) and Junichi Higo (1).
(1:Laboratory of Bioinformatics, school of Life Science, Tokyo University of Pharmacy and Life sciences; 2:Graduate School of Medicine, Osaka University, Open Laboratories of Advanced Bioscience and Biotechnology)

1P012 自由エネルギー変分原理に基づくジヒドロ葉酸還元酵素の相対結合自由エネルギー計算

○坂本 龍則¹⁾, 菊地 武司¹⁾

1)立命館大学・情報理工・生命情報

Relative Binding Free Energy Dehydrofolate Reductase inhibitors based on a Free Energy Variation Principle

Tatsunori Sakamoto, Takeshi Kikuchi (Dept Bioscience and Bioinformatics Col Information Science and Engineering Ritsumeikan Univ)

1P001 酵母ゲノムでの DNA 結合蛋白質の予測

○Ngahu Antony¹⁾, 上野 たくや¹⁾, Shandah Ahmad²⁾, 皿井 明倫¹⁾

1)Kyushu Institute of Technology Faculty of Information Engineering Department of Bioscience and Bioinformatics, Sarai Lab2)National Institute of Biomedical Innovation, Saito Asagi, Osaka, 567-0085, Japan

Predictions of DNA-Binding Proteins in the Yeast Genome

Antony Ngahu(1), Takuya Ueno(1), Shandar Ahmad(2), Akinori Sarai(1)(1:Kyushu Institute of Technology Faculty of Information Engineering Department of Bioscience and Bioinformatics, Sarai Lab.2:National Institute of Biomedical Innovation, Saito Asagi, Osaka, 567-0085, Japan)

1P002 ATP アナログ結合ミオシン結晶データのパッチ解析による構造比較

○永井 喜則¹⁾, 輪湖 博²⁾, 香川 浩³⁾, Hyde Stephen⁴⁾

1)国士館大・情科セ 2)早稲田大・社会科学 3)日本医大・物理 4)Applied Maths, RSPHySE, ANU

Comparative study of myosin structures using patch analysis for X-ray crystallography data of different ATP analog bound myosin

Y. Nagai (1), H. Wako (2), H. Kagawa (3), S. T. Hyde (4), (1:Center for Information Science, Kokushikan University, 2:School of Social Sciences, Waseda University, 3:Physics Laboratory, Nippon Medical School, 4:Department of Applied Mathematics, RSPHySE, Australian National University)

1P003 IP₃ レセプター・リガンド結合コアの IP₃ 非結合時分子動力学シミュレーション

○井田 洋一¹⁾, 瀧上 壮太郎¹⁾, 池口 満徳¹⁾, 木寺 詔紀¹⁾

1)横浜市大・国際総合・生体超分子

Molecular dynamics simulations of the ligand-binding core of the inositol 1,4,5-trisphosphate receptor in the ligand-free state

Yoichi Ida(1), Sotaro Fuchigami (2), Mitsunori Ikeguchi (1) and Akinori Kidera (1). (1:Supramolecular Biology, International Graduate School of Arts and Sciences, Yokohama City University)

1P005 ドメインサイズの残基出現頻度と埋もれやすさに与える影響

○城田 松之¹⁾, 石田 貴士¹⁾, 木下 賢吾^{1,2)}

1)東大・医科研 2)SORST, 科技機構

Effect of domain size on residue frequency and propensity to be buried

Matsuyuki Shirota(1), Takashi Ishida(1), Kengo Kinoshita(1,2) (1:Inst. Med. Sci., Univ of Tokyo; 2: SORST, JST)

1P006 3 α ヒドロキシステロイド脱水素酵素の分子動力学計算：基質結合ループの構造変化

○中村 昇太¹⁾, 苅口 友隆²⁾, 山根 努²⁾, 池口 満徳²⁾, 片岡 佐智予³⁾, 古賀 舞子³⁾, 織田 昌幸³⁾, 小林 祐次⁴⁾, 大久保 忠恭⁵⁾

1)阪大・微研 2)横市大・生体超分子科学 3)京府大・農学 4)大阪薬科 5)阪大院・薬学

Molecular dynamics simulation of 3 α -hydroxysteroid dehydrogenase with NADH: Structural changes in the substrate-binding loop

Shota Nakamura (1), Tomotaka Oroguchi (2), Tsutomu Yamane (2), Mitsunori Ikeguchi (2), Sachiyo Kataoka (3), Maiko Koga (3), Masayuki Oda (3), Yuji Kobayashi (4), and Tadayasu Ohkubo (5). (1: Research Institute for Microbial Diseases, Osaka University, 2: Graduate School of Integrated Science, Yokohama City University, 3: Graduate School of Agriculture, Kyoto Prefectural University 4: Osaka University of Pharmaceutical Sciences, 5: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Osaka University.)

1P007 タンパク質ユビキチンの NMR 緩和と分子シミュレーション

○竹村 和浩¹⁾, 北尾 彰朗¹⁾

1)東大・分生研

NMR Relaxation and Molecular Simulation of Ubiquitin

Kazuhiro Takemura and Akio Kitao (Institute of Molecular and Cellular Biosciences, University of Tokyo)

1P008 グルタミン側鎖に関わる β シート間振動カップリングの理論的解析

○鳥居 肇¹⁾

1) 静岡大・教育

Theoretical analysis of the inter-beta-sheet vibrational coupling involving glutamine side chains

Hajime Torii (Dept Chemistry, School of Education, Shizuoka University)

1P009 ミオシン分子モータードメインにおけるリガンド依存的アロステリック構造変化に関する分子動力学計算

○梅原 暢紘¹⁾, 高野 光則¹⁾

1) 早大院・理工・物理

Molecular Dynamics Study on Ligand Induced Allosteric Transition in Myosin Motor Domain

Nobuhiro Umehara and Mitsunori Takano (Dept. of Physics, Science and Engineering, Waseda Univ.)

1P010 アクチンG-F変換の分子動力学シミュレーション

○中村 恵美子¹⁾, 高野 光則¹⁾

1) 早大院・理工・物理

Molecular Dynamics Simulation of Actin G-F Transformation.

Emiko Nakamura and Mitsunori Takano (Dept of Physics, School of Science and Engineering, Waseda Univ.)

1日目 (12/21) F会場午後 13:10~15:34

蛋白質 (蛋白質工学・進化学)、核酸結合蛋白質、核酸 (Protein engineering, evolutionary engineering, nucleic acid-binding proteins, and nucleic acid)

1P083 酵素の高温適応化と低温適応化-イソプロピルリンゴ酸脱水素酵素を例に

佐々木 道香¹⁾, 林 清香¹⁾, 宇野 真由美¹⁾, 渡辺 敬子¹⁾, 赤沼 哲史¹⁾, ○山岸 明彦¹⁾

1) 東薬大・生命・分子生命

Adaptation of an enzyme to high and low temperatures using 3-isopropylmalate dehydrogenase as a model

Michika Sasaki, Sayaka Hayashi, Mayumi Uno, Keiko Watanabe, Satoshi Akanuma and Akihiko Yamagishi (Dept of Molecul Biol, Tokyo Univ of Pharm and Life Sci)

1P084 ハイドロキシアパタイト結晶化を促進する人工タンパク質の創製

○辻 融^{1,2)}, 小沼 一雄³⁾, 山本 晃⁴⁾, 飯島 まゆみ⁵⁾, 芝 清隆^{1,2)}

1) (財) 癌研究会癌研究所 2) JST-CREST 3) 産総研 4) (株) ペンタックス 5) 朝日大・歯学部

Creation of artificial proteins that accelerate hydroxyapatite crystal formation

Toru Tsuji (1, 2), Kazuo Onuma (3), Akira Yamamoto (4), Mayumi Iijima (5), Kiyotaka Shiba (1, 2) (1: Cancer Institute Japanese Foundation for Cancer Research; 2: JST-CREST; 3: AIST; 4: PENTAX Corporation; 5: Asahi University)

1P085 新規プロリン異性化酵素の創製

○伊倉 貞吉¹⁾, 木下 賢吾^{2,3)}, 伊藤 暢聡¹⁾

1) 東京医歯大院・疾患生命 2) 東大・医科研 3) JST・SORST

Design of a novel peptidyl-prolyl isomerase on the basis of the stochastic binding-and-releasing model

Teikichi Ikura(1), Kengo Kinoshita(2,3) and Nobutoshi Ito(1). (1: School of Biomedical Science, Tokyo Medical and Dental Univ; 2: Human Genome Center, Institute of Medical Science, Univ of Tokyo; 3: Structure and Function of Biomolecules, SORST, JST)

1P120 トポイソメラーゼ II がDNAの絡まりを解くところを観る

○余語 克紀¹⁾, 小川 泰策¹⁾, 木下 一彦¹⁾

1) 早大院・理工・物理

Direct observation of DNA untying magic by a type-II topoisomerase

Katsunori Yogo, Taisaku Ogawa, Kazuhiko Kinosita Jr. (Dept. of Phys., Grad. School of Science and Engineering, Waseda Univ.)

1P121 三次元操作可能な磁気ピンセットの開発とそれによる1分子観察

○小川 泰策¹⁾, 余語 克紀¹⁾, 岡本 哲明¹⁾, 木下 一彦¹⁾

1) 早大院・理工・物理

Development of three dimensional magnetic tweezers and its application to a single-molecule study

Taisaku Ogawa(1), Katunori Yogo(1), Tetsuaki Okamoto(1) and Kazuhiko Kinosita Jr. (1). (1:Dept Physics, Graduate School of Science and Engineering, Waseda University)

1P122 相同対合時に起きるRecAフィラメントの凝集

○西中 太郎¹⁾, 原 麗子¹⁾, 八島 栄次^{1,2)}

1) 科技構・ERATO・八島プロジェクト 2) 名大院・工

Compaction of RecA filaments upon homologous pairing

Taro Nishinaka(1), Reiko Hara(1) and Eiji Yashima(1, 2). (1: ERATO Yashima Super-structured Helix Project, JST; 2: Institute for Advanced Research, Nagoya Univ)

1P124 bHLH 転写因子の実時間解析

○久富 修¹⁾, 長谷川 浩二¹⁾, 後藤 達志¹⁾, 琴浦 真理¹⁾, 北野 大輔¹⁾, 徳永 史生^{1,2)}, 林 文夫³⁾

1) 阪大・院理 2) CREST・JST 3) 神戸大・院理

Real-time analyses of a bHLH transcription factor

Osamu Hisatomi (1), Koji Hasegawa (1), Tatsushi Goto (1), Mari Kotoura (1), Daisuke Kitano (1), Fumio Tokunaga (1, 2), Fumio Hayashi (3). (1: Graduate School of Science, Osaka Univ.; 2: CREST, JST, Japan; 3: Graduate School of Science, Kobe Univ.)

1P125 高温領域における超好熱古細菌由来 TATA-box binding protein の二本鎖 DNA 認識機構

○長門石 暁¹⁾, 田中 良和¹⁾, 津本 浩平¹⁾

1) 東大新領域

Thermodynamic profiles of the interaction between hyperthermostable TATA-box binding protein and a double-stranded DNA at high temperature

Satoru Nagatoishi (1), Yoshikazu Tanaka (1) and Kouhei Tsumoto (1). (1: Dept medical genome sciences, Graduate school of frontier sciences, The university of tokyo)

1P130 力学的牽引と SPM を用いたクロマチン線維—染色体間に存在する中間構造の発見

○池田 健佑¹⁾, 星 治²⁾, 牛木 辰男²⁾, 水谷 武臣¹⁾, 芳賀 永¹⁾, 川端 和重¹⁾

1) 北大院・理・生命理学 2) 新潟大院・医歯学総合研究

Novel intermediate structure between chromatin fiber and chromosome revealed by mechanical stretch and SPM measurement

Kensuke Ikeda(1), Osamu Hoshi(2), Tatsuo Ushiki(2), Takeomi Mizutani(1), Hisashi Haga(1) and Kazushige Kawabata(1). (1: Divisions of Biological Sciences, Graduate School of Science, Hokkaido University; 2: Division of Microscopic Anatomy and bio-imaging, Niigata University Graduate School of Medical and Dental Sciences, Niigata University)

1P131 蛋白質・DNA 認識における DNA バックボーンコンフォメーションの役割

○藤井 聡¹⁾, 河野 秀俊^{2,3)}, 竹中 繁織⁴⁾, 郷 信広²⁾, 皿井 明倫¹⁾

1) 九工大・情報工・生命情報 2) 原子力機構・量子ビーム 3) 科学技術振興機構・PRESTO 4) 九工大・工・応化

Role of DNA backbone conformation in protein-DNA recognition

Satoshi Fujii(1), Hidetoshi Kono(2) (3), Shigeori Takenaka(4), Nobuhiro Go(2) and Akinori Sarai(1). (1: Dept. of Biosciences and Bioinformatics, Kyushu Institute of Technology; 2: Neutron Biology Research Center, Japan Atomic Energy Agency; 3: PRESTO, JST; 4: Dept. of Materials Sci., Kyushu Institute of Technology)

1P134 2 個の C:C ミスマッチ塩基対と銀(I)イオンとの特異的相互作用の熱力学的特性

○小笹 哲夫¹⁾, 小野 晶²⁾, 鳥越 秀峰¹⁾

1) 東理大・理 2) 神奈川大・工

Thermodynamic properties of the specific interaction between two C:C mismatch base pairs and silver (I) cations

Tetsuo Kozasa (1), Akira Ono (2) and Hidetaka Torigoe(1). (1: Dept. Applied Chemistry, Fac. Science, Tokyo Univ. of Science; 2: Dept. Applied Chemistry, Fac. Engineering, Kanagawa Univ.)

1P135 ハイブリダイゼーション速度が速くなるように考慮された DNA 配列の設計手法

○北島 哲郎¹⁾, 瀧ノ上 正浩¹⁾, 庄田 耕一郎¹⁾, 陶山 明¹⁾

1) 東大院・総文広域・生命環境系

Method of designing DNA sequences which hybridize rapidly

Tetsuro Kitajima(1), Masahiro Takinoue(1), Ko-ichiro Shohda(1), and Akira Suyama(1) (1: The Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo.)

1日目 (12/21) K会場午後 13:10~15:34

数理生物学、非平衡・生体リズム (Mathematical biology, biological rhythms, and non-equilibrium phenomena)

1P272 寿命を制御する分子機構の解明

○須田 斎¹⁾, 正山 哲嗣¹⁾, 尾崎 貴美¹⁾

1) 東海大・開発工・生物工

Molecular mechanism of regulation in the lifespan

Hitoshi Suda, Tetsuji Shoyama and Takami Ozaki. (1: Dept. Biological Science and Technology, Tokai Univ.)

1P273 精子運動法則の生殖医療への応用

○磯部 哲也¹⁾

1) 鈴鹿回生病院 生殖医療センター

Application of Laws of Sperm Motion to Reproductive Medicine

Tetsuya Isobe, Reproductive Medical Center, Suzuka Kaisei Hospital

1P284 真性粘菌変形体を用いたボロノイ図と Collision-free path の計算

○白川 智弘¹⁾, 郡司 ペギオ幸夫²⁾, 三宅 美博¹⁾

1) 東工大・院総理・知能システム 2) 神戸大・院理・地惑システム

Computation of Voronoi diagram and collision-free path using the plasmodium of *Physarum polycephalum*

Tomohiro Shirakawa (1), Yukio-Pegio Gunji (2), Yoshihiro Miyake (1). (1: Dept. of Computational Intelligence and Systems Sci., Interdisciplinary Graduate School of Science & Engineering, Tokyo Institute of Technology; 2: Dept. of Earth & Planetary Sci., Graduate School of Science & Technology, Kobe Univ.)

1P285 大腸菌の連続培養系を用いた環境適応過程における表現型多様性の研究

鳳桐 智治¹⁾, ○浦田 沙央里²⁾, 古澤 力^{1,3)}, 清水 浩¹⁾

1) 阪大院・情報科学・バイオ情報工学 2) 阪大・工学・応用自然科 3) ERATO, JST

Study on phenotypic heterogeneity in adaptation process using continuous culture of *E. coli* cells

Tomoharu Hogiri (1), Saori Urata (2), Chikara Furusawa (1, 3) and Hiroshi Shimizu (1). (1: Dept Bioinformatic Engineering, Graduate School of Information Science and Technology, Osaka Univ; 2: Dept Biotechnology, School of Engineering, Osaka Univ; 3: Complex Systems Biology Project, ERATO, JST)

1P289 細胞骨格の非平衡力学特性

○水野 大介¹⁾, Tardin Catherine²⁾, MacKintosh Fred³⁾, Schmidt Christoph⁴⁾

1) 九大院・理・高等研究機構 2) IPBS-CNRS 3) Dept. Phys. Vrije Univ. 4) III. Physikalisches Institut, Univ. Göttingen

Nonequilibrium mechanics of active cytoskeletal networks

D. Mizuno(1), C. Tardin(2), F. C. MacKintosh(3) and C. F. Schmidt(4)

1P292 遺伝子ネットワークにおけるフィードバック機構とノイズの解析

○Jose Nacher¹⁾, 落合 友四郎²⁾

1) 公立はこだて未来大学 2) 富山県立大学

On the transcriptional noise and feed-back modules in genetic networks

Jose Nacher (1), Tomoshiro Ochiai (2) (1: Department of Complex Systems, Future University-Hakodate; 2: Faculty of Engineering, Toyama Prefectural University)

1P293 代謝ネットワークにおける代謝フラックスと分子構造保存性の関係

○鳳桐 智治¹⁾, 新福 洋平¹⁾, 小野 直亮²⁾, 古澤 力^{1,2)}, 清水 浩¹⁾

1) 阪大院・情報科学・バイオ情報工学 2) ERATO, JST

Relationship between Metabolic Flux and Preservation of Molecular Structures in Metabolic Network

Tomoharu Hogiri (1), Yohei Shinfuku (1), Naoaki Ono (2), Chikara Furusawa (1, 2) and Hiroshi Shimizu (1). (1: Dept Bioinformatic Engineering, Graduate School of Information Science and Technology, Osaka Univ; 2: Complex Systems Biology Project, ERATO, JST)

1P297 シアノバクテリア時計タンパク質 KaiB の ESR 解析

○武藤 梨沙^{1,2)}, 村上 怜子¹⁾, 三野 広幸²⁾, 石浦 正寛¹⁾

1) 名大・遺伝子 2) 名大院・理学

The ESR analysis of the cyanobacterial circadian clock protein KaiB

Risa Mutoh(1) (2), Reiko Murakami (1), Hiroyuki Mino (2) and Masahiro Ishiura(1). (1: Center for Gene Research, Nagoya Univ.; 2: Grad. Sch. of Sci., Nagoya Univ.)

1P299 シアノバクテリア概日リズムの分子間相互作用を数理的に予測する

今村 寿子¹⁾, ○望月 敦史¹⁾

1) 基礎生物学研究所・理論生物

Predicting molecular regulation of circadian rhythm of cyanobacteria using mathematical models

Hisako Takigawa-Imamura (1) and Atsushi Mochizuki (1). (1: Division of Theoretical Biology, National Institute for Basic Biology)

1P300 概日時計試験内再構成系の同期と特異点

○伊藤 浩史^{1,2)}, 宮崎 真帆¹⁾, 影山 伯春³⁾, 陸田 径典¹⁾, 小山 時隆¹⁾, 近藤 孝男¹⁾

1) 名大・理・生命理学 2) 東工大・総合理工・知能システム 3) 東大・理・生物化学

Synchronization and singularity behavior of a reconstituted circadian clock in vitro.

Hiroshi Ito (1,2), Maho Miyazaki (1), Hakuto Kageyama (3), Michinori Mutsuda (1), Tokitaka Oyama (1) and Kondo Takao (1). (1: Dept. of Biological Sciences, Graduate School of Science, Nagoya Univ.; 2: Dept. of Computational Intelligence and Systems Science, Interdisciplinary Graduate School of Science and Engineering, Tokyo Institute of Technology; 3: Dept. of Biophysics and Biochemistry, Graduate School of Science, The University of Tokyo)

1P301 リズム集団のフィードバック制御：概日リズムの制御やパーキンソン病やてんかんの治療方法の開発を目指して

○郡 宏¹⁾

1) 北大院・理・数学

Feedback Control of Rhythmic Population: Toward the Control of Circadian Rhythms and Medical Treatment of Parkinson Diseases and Epilepsy

Hiroshi Kori (Dept Mathematics, Graduate School of Science, Hokkaido Univ)

1P302 自律的な DNA/RNA 分子反応で構成された振動系

○瀧ノ上 正浩¹⁾, 木賀 大介²⁾, 庄田 耕一郎¹⁾, 陶山 明¹⁾

1) 東大・院総文・生命環境・物理 2) 東工大・院総合理工・知能システム

Oscillatory system constructed with autonomous DNA/RNA molecular reactions

Masahiro Takinoue (1), Daisuke Kiga (2), Koh-ichiroh Shohda (1), and Akira Suyama (1). (1: Dept. Life Sciences, Grad. Sc. Arts and Sciences, Univ. of Tokyo; 2: Dept. Computational Intelligence and System Science, Tokyo Institute of Tech.)

2日目 (12/22) B会場午前 9:00~11:48

バイオイメーキング、生命の起源・進化 (Bioimaging. The genesis of life, and biological evolution)

3P280 生物細胞の可視化、定量化、解析のための定量位相顕微鏡

○池田 貴裕¹⁾

1) 浜松ホトニクス株式会社

Quantitative Phase microscopy for visualization, quantification and analysis of live cells

Takahiro Ikeda (1). (1: The 4th Research Group, Central Research Lab., Hamamatsu Photonics K.K.)

3P282 電子顕微鏡と蛍光顕微鏡に併用可能な新しい高分解能蛋白質標識モジュールの開発

○村山 尚¹⁾, 小林 琢也¹⁾, 榎山 拓¹⁾, 諸根 信弘²⁾, 上田 太郎³⁾, 片山 栄作⁴⁾

1) 順天堂大・医・薬理 2) 国立精神神経センター・神経研 3) 産総研・セルエンジニアリング 4) 東大・医科研・分子構造解析

Engineering of a novel module for high-resolution labeling of the protein components useful for electron and fluorescent microscopy

Takashi Murayama (1), Takuya Kobayashi (1), Taku Kashiyama (1), Nobuhiro Morone (2), Taro Q. P. Uyeda (3), and Eisaku Katayama (4). (1: Dept Pharmacology, Juntendo Univ School of Medicine; 2: National Institute of Neuroscience, National Center of Neurology and Psychiatry; 3: National Institute of Advanced Industrial Science and Technology; 4: The Institute of Medical Science, The Univ of Tokyo)

3P285 位相差電子顕微鏡を用いた凍結切片の微細構造観察

○新田 浩二¹⁾, 重松 秀樹¹⁾, 永山 國昭¹⁾

1) 統合バイオ・ナノ形態生理

Ultrastructural Observation with Phase Contrast Transmission Electron Microscope of Vitreous Sections

Koji Nitta(1), Hideki Shigematsu(1), Kuniaki Nagayama(1). (1: National Institute of Natural Sciences, Okazaki Integrative Biosciences)

3P297 生体内分子イメージングを用いた肥満脂肪組織機能異常・リモデリングの可視化

○西村 智¹⁾

1) 東京大学循環器内科

In vivo molecular imaging revealed adipose tissue malfunction and remodeling in obesity

Satoshi Nishimura (1). (1: Department of Cardiovascular Medicine, The University of Tokyo.)

3P301 ナノスケールの間隙における脂質二分子膜内の単一分子拡散挙動評価

○瀧本 麦¹⁾, 並河 英紀¹⁾, 村越 敬¹⁾

1) 北大院理

Characterization of Molecular Diffusion in Lipid Bilayer at Metal Nano-gap via Single Molecule

Tracking

Baku Takimoto, Hideki Nabika and Kei Murakoshi. (Graduate school of Science, Hokkaido Univ.)

3P303 チップ増強ラマン分光による生体分子ナノ分析

○市村 垂生¹⁾, 井上 康志²⁾, 河田 聡^{1,3)}

1) 阪大院・工・応用物理 2) 阪大院・生命機能 3) 理研

Tip enhanced Raman spectroscopy for nano-analysis of biomolecules

Taro Ichimura (1), Yasushi Inouye (2), and Satoshi Kawata (1,3). (1: Dept. Applied Physics, Graduate School of Engineering, Osaka University; 2: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University; 3: Nanophotonics Laboratory, RIKEN)

3P304 金属微粒子の生細胞内導入における表面増強ラマンスペクトル測定

○石飛 佐和子¹⁾, 藤田 克昌²⁾, 浜田 啓作¹⁾, 河田 聡^{2,3)}, 井上 康志¹⁾

1) 阪大院・生命機能 2) 阪大院・工学部・応物 3) 理研

Surface enhanced Raman spectroscopy of living cells with gold nanoparticles

Sawako Ishitobi (1), Katsumasa Fujita (2), Keisaku Hamada (1), Satoshi Kawata (2, 3) and Yasushi Inouye (1). (1: Department of Frontier Biosciences, Osaka University, 2: Department of Applied Physics, Osaka University, 3: RIKEN)

3P312 Dual FRET imaging: 単一細胞における2つのFRETの同時可視化

○新野 祐介¹⁾, 堀田 耕司¹⁾, 岡 浩太郎¹⁾

1) 慶大院・基礎理工・生命システム情報

Dual FRET imaging: simultaneous visualization with two FRET sensors in single cells

Yusuke Niino, Kohji Hotta and Kotaro Oka. (Center for Biosciences and Informatics, School of Fundamental Science and Technology, Keio Univ)

3P313 安価に高速度画像記録装置を作る方法とその生細胞動態顕微鏡観測への応用

○藤原 久志¹⁾, 石渡 孝¹⁾, 洲崎 悦子²⁾

1) 広市大院・情報 2) 就実大学・薬

A way to construct an inexpensive high-speed image-recording system; its application to the microscopic observation of a living cell

Hisashi Fujiwara (1), Takashi Ishiwata (1), and Etsuko Suzuki (2). (1: Graduate School of Information Sciences, Hiroshima City Univ.; 2: School of Pharmacy, Shujitsu Univ.)

3P315 ミトコンドリアのマグネシウム輸送とその細胞死への影響の解析

○新藤 豊¹⁾, 久保田 健¹⁾, 小松 広和²⁾, 堀田 耕司¹⁾, 小川 宏人³⁾, 鈴木 孝治^{2,4)}, 岡 浩太郎¹⁾

1) 慶大院・基礎理工・生命システム情報 2) 慶大院・基礎理工・応化 3) 埼玉大・生物 4) JST-CREST

Analysis of mitochondrial magnesium transport and its effect to cell death

Yutaka Shindo (1), Takeshi Kubota (1), Hirokazu Komatsu (2), Kohji Hotta (1), Hiroto Ogawa (3), Koji Suzuki (2,4) and Kotaro Oka (1). (1: Ctr Biosci Info, Fac Sci Tech, Keio Univ; 2: Dept Appl Chem, Fac Sci Tech, Keio Univ; 3 Dept Biol, Saitama Med Univ; 4: JST-CREST)

3P316 翻訳終結経路における分岐経路の発見

○中山 秀喜^{1,2)}, 嶋本 伸雄^{1,2)}, 伊藤 耕一³⁾

1) 遺伝研・構造セ 2) 総研大学・生命 3) 東大・医科研

Discovery of the branched pathway in translation termination.

Hideki Nakayama(1,2), Nobuo Shimamoto(1,2), Koichi Ito(3). (1:Structural Biology Center, National Institute of Genetics, 2:School of Life Science, SOKENDAI, 3:Institute of Medical Science, The University of Tokyo)

3P317 生きた単一細胞における内在性 mRNA のリアルタイム定量

○岡部 弘基¹⁾, 船津 高志²⁾, 原田 慶恵^{1,3)}

1) 都臨床研 2) 東大院・薬学系 3) CREST・JST

Real time quantitation of the endogenous mRNA in single living cells

Kohki Okabe (1), Takashi Funatsu (2) and Yoshie Harada (1) (3). (1:The Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science; 2:Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Univ of Tokyo; 3:CREST, JST)

3P270 抽象原始多細胞系における代数方程式を用いた最大多様性パターンへの解析

○吉田 寛¹⁾, Brown Christopher W.²⁾, 穴井 宏和³⁾, 堀本 勝久⁴⁾

1) 九大・理・数理 2) Dept Computer Sci., United States Naval Academy 3) 富士通研/CREST JST. 4) CBRC, AIST

Analysis of (a)periodic pattern with the highest cell-type diversity in the primitive multicells by algebraic equations

Hiroshi Yoshida (1), Christopher W. Brown (2), Hirokazu Anai (3) and (4) Katsuhisa Horimoto. (1: Faculty of Mathematics, Kyushu Univ.; 2: Dept Computer Science, United States Naval Academy

Annapolis; 3: Fujitsu Lab. LTD./CREST, JST.; 4: CBRC, AIST)

3P272 RNAとタンパク質からなる人工自己複製系の速度論的解析

○市橋 伯一¹⁾, 北 寛士¹⁾, 細田 一史⁴⁾, 角南 武志²⁾, 塚田 幸治³⁾, 松浦 友亮²⁾, 四方 哲也^{1,2,4)}

1) ERATO・JST 2) 阪大院・情報科学 3) 阪大院・応用生物 4) 阪大院・生命機能

Kinetic analysis of an RNA-Protein self-replication system

Norikazu Ichihashi (1), Hiroshi Kita (1), Kazufumi Hosoda (4), Takeshi Sunami (2), Kouji Tsukada (3), Tomoaki Matsuura (2) and Tetsuya Yomo (1, 2, 4)

2日目 (12/22) C会場午前 9:00~11:48

細胞生物学的課題 (接着・運動・骨格・伝達・膜) (Cell biological problems— adhesion, motility, cytoskeleton, signaling, and membrane)

2P192 べん毛蛋白質輸送装置の輸送基質特異性の適切な切り替えにおける FliKN (フック長制御蛋白質 FliK の N 末ドメイン) の役割

○守屋 奈緒^{1,2)}, 南野 徹^{1,3)}, 難波 啓一^{1,3)}

1) 阪大院、生命機能 2) 学振、特別研究員 DC3) JST、ICORP、超分子ナノマシン

Role of the N-terminal domain of the hook-length control protein FliK in timely switching of export substrate specificity

Nao Moriya (1, 2), Tohru Minamino (1, 3) and Keiichi Namba (1, 3). (1: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University; 2: JSPS Reseach Fellow DC; 3: Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST)

2P193 大腸菌べん毛モーターP リングタンパク質 FlgI と固定子タンパク質 MotB 間の架橋

○檜作 洋平¹⁾, 小嶋 誠司¹⁾, 薬師 寿治²⁾, 川岸 郁朗³⁾, 本間 道夫¹⁾

1) 名大・院理・生命 2) 信州大・農・応用生命 3) 法政大・工・生命機能

Cross-link between the P-ring component FlgI and the stator component MotB of the flagellar motor of *Escherichia coli*

Yohei Hizukuri (1), Seiji Kojima (1), Toshiharu Yakushi (2), Ikuro Kawagishi (3) and Michio Homma (1). (1: Div of Biol Sci, Grad Sch of Sci, Nagoya Univ; 2: Dept of Biosci and Biotech, Faculty of Agriculture, Shinshu Univ; 3: Dept of Frontier Biosci, Faculty of Engineering, Hosei Univ)

2P194 無細胞タンパク質合成を用いた膜への細菌べん毛モーター固定子タンパク質の再構成

○寺島 浩行¹⁾, 小嶋 誠司¹⁾, 本間 道夫¹⁾

1) 名大院・理・生命

Reconstitution of stator proteins of the bacterial flagellar motor in membrane using cell-free protein synthesis system

Hiroyuki Terashima, Seiji Kojima and Michio Homma. (Division of Biological Science, Graduate School of Science, Nagoya University)

2P195 Na⁺駆動型鞭毛モーター固定子複合体、PomA/PomB の FTIR 解析

○須藤 雄気¹⁾, 北出 祐也²⁾, 古谷 祐詞²⁾, 小嶋 勝¹⁾, 小嶋 誠司¹⁾, 神取 秀樹²⁾, 本間 道夫¹⁾

1) 名大・院理・生命 2) 名工大・院工・物質工学

FTIR analysis of the PomA/PomB stator complex of sodium-driven flagellar motor

Yuki Sudo (1), Yuya Kitade (2), Yuji Furutani (2), Masaru Kojima (1), Seiji Kojima (1), Hideki Kandori (2) and Michio Homma (1). (1: Div. of Biol. Sci., Grad. Sch. of Sci., Nagoya Univ.; 2: Dept. of Mat. Sci. & Eng., Nagoya Inst. of Tech.)

2P196 *Vibrio alginolyticus* 極べん毛の形成位置と本数を制御する FlhF の GTP 結合モチーフの機能解析

○楠本 晃子¹⁾, 小嶋 誠司¹⁾, 本間 道夫¹⁾

1) 名大院・理・生命理学専攻

Mutational analysis of GTP-binding motif in FlhF which regulates the placement and number of the polar flagellum in *Vibrio alginolyticus*

Akiko Kusumoto, Seiji Kojima and Michio Homma. (Div. of Biological Science., Grad. Sch. of Science., Nagoya Univ.)

2P201 細胞膜における PI (3, 4, 5) P₃ 脱リン酸化酵素 PTEN の局在形成の分子メカニズム

○松岡 里実¹⁾, 柳田 敏雄¹⁾, Devreotes Peter N.²⁾, 上田 昌宏¹⁾

1) 阪大院・生命機能・ナノ生体科学 2) Dept. of Cell Biology, Johns Hopkins Univ. School of Medicine

Dynamic regulation of PI(3,4,5)P₃ phosphatase activity of PTEN on membranes revealed by single-molecule imaging

Satomi Matsuoka (1), Toshio Yanagida (1), Peter N. Devreotes (2) and Masahiro Ueda (1). (1: Laboratories for Nanobiology, Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka Univ.; 2: Dept. of Cell Biology, Johns Hopkins Univ. School of Medicine)

2P202 バクテリア走化性受容体の共有結合修飾によるシグナル増幅への影響

○黒岩 延裕¹⁾, 柴田 達夫¹⁾

1) 広大院・理・数理分子生命理学

Effect of Covalent Modification on Signal Amplification in Bacterial Chemotactic Receptors

Nobuhiro Kuroiwa (1), Tatsuo Shitaba (1). (1: Dept Mathematical & Life Sci, Graduate School of Sciences, Hiroshima Univ)

2P208 熱パルスで誘起される単一 HeLa 細胞内 Ca 濃度変化

○鈴木 団¹⁾, Tseeb Vadim²⁾, 大山 廣太郎²⁾, 岩井 薫³⁾, 石渡 信一^{1,2)}

1) 早大・科健機構 2) 早大院・理工研・物理 3) 奈良女・理学部・化学

Ca release and uptake in a single HeLa cell induced by heat pulse

Madoka Suzuki (1), Vadim Tseeb (2), Kotaro Oyama (2), Kaoru Iwai (3) and Shin'ichi Ishiwata (1,2). (1: ASMeW, Waseda Univ; 2: Dept Physics, Graduate School of Advanced Science and Engineering, Waseda Univ; 3: Dept Chemistry, Faculty of Science, Nara Women's Univ)

2P215 1細胞ベースでの in vitro 心筋毒性検査技術の開発

○北村 哲生¹⁾, 野村 典正²⁾, 林 純子²⁾, 安藤 賢太郎²⁾, 金子 智行^{2,3)}, 安田 賢二²⁾

1) 東大院・総合文化・生命環境 2) 東京医科歯科大・生材研・情報 3) JST, PRESTO

Development of single cell based in vitro safety study for drug cardiac toxicology

Tetsuo KITAMURA (1), Fumimasa NOMURA (2), Junko HAYASHI (2), Kentaro ANDO (2), Tomoyuki KANEKO (2, 3) and Kenji YASUDA (2). (1: Dept Life Sci, Graduate School of Arts & Sci, Univ of Tokyo, 2: Dept Biol Information, Institute of Biomaterials and Bioengineering, Tokyo Medical and Dental Univ, 3: PRESTO, JST)

2P218 多重のパリレンシートを用いた生物材料の選択的パターンニング法

○栗林 香織¹⁾, 竹内 昌治¹⁾

1) 東大 生産研

SELECTIVE PATTERNING OF BIOLOGICAL MATERIALS WITH MULTIPLE PARYLENE SHEETS

K. Kuribayashi (1) and S. Takeuchi (1). (1: CIRMM-IIS, The University of Tokyo)

2P221 成長円錐のプロテオミクスで同定されたアクチン関連蛋白質は 10 タイプの動態を示す。

○海老原 利枝¹⁾, 白川 彩弓¹⁾, 戸高 玲子¹⁾, 野住 素広²⁾, 小澤 睦²⁾, 五十嵐 道弘²⁾, 加藤 薫¹⁾

1) 産総研・脳神経情報部門 2) 新潟大医学部

Actin-associate proteins indentified by proteomics of growth cones showed ten types of dynamic behaviors

Satoe Ebihara(1), Sayumi Shirakawa(1), Reiko Todaka(1), Motohiro Nozumi(2), Mutsumi Ozawa(2), Michihiro Igarashi(2), Kaoru Katoh(1) ((1)Neuroscience Reserarch Institute, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST), (2)Division of Molecular and Cellular Biology, Graduate School of Medical and Dental Sciences, Niigata University)

2P227 アクチン線維を制御する低分子量 G タンパク質 Rac1 の接着斑へのリクルート: 1 分子追跡による研究

○柴田 明裕¹⁾, 永井 理恵¹⁾, 立松 律弥子²⁾, 成瀬 恵治²⁾, 楠見 明弘¹⁾

1) 京大再生研/JST-ICORP 膜機構 2) 名大院・医・細胞科学

Single-molecule observation of the recruitment of an actin-associating small G protein Rac1 to focal adhesions

Akihiro C. E. Shibata(1), Rie Nagai(1), Tsuyako Tatematsu(2), Keiji Naruse(2), and Akihiro Kusumi(1). (1: Membrane Mechanisms Project, ICORP-JST, Institute for Frontier Medical Sciences, Kyoto University; 2: Department of Physiology, Graduate School of School of Medicine, Nagoya University)

2P232 弾性体接着基盤との力学的相互作用による接着斑タンパク質 paxillin の局在変化

○原田 伊知郎¹⁾, 赤池 敏宏¹⁾

1) 東工大 生命理工

Fibroblast cultured on the elastic substrate induce intracellular localization of paxillin as mechanotransduction system

Ichiro Harada (1), and Toshihiro Akaike (1). (1: Dept. Biomolecular Engineering, Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Institute of Technology)

2P233 糸状突起の基質牽引力の可視化

○岩楯 好昭¹⁾, 祐村 恵彦¹⁾

1) 山口大院・医学系・分子機能

Traction Force generated by a single filopod

2日目 (12/22) D会場午前 9:00~11:48

光生物学 (光合成・視覚と光受容) (Photobiology— photosynthesis, and vision and photoreception)

2P321 蛋白質中電子トンネリングカレントの揺らぎの起源

○西岡 宏任¹⁾, 垣谷 俊昭¹⁾

1)名城大学大学院総合学術研究科

Molecular origin of fluctuation of electron tunneling currents in protein media

Hiroataka Nishioka (1) and Toshiaki Kakitani (1). (1: Graduate School of Environmental and Human Science, Meijo Univ.)

2P315 光合成光化学系 II において蛋白質ゆらぎは P680 を還元するプロトン共役電子移動で重要な役割を演ずる

○斉藤 圭亮¹⁾, 向井 宏一郎¹⁾, 住 斉¹⁾

1)筑波大・院・数理物質

Important role of protein matrix fluctuations in the proton-coupled electron transfer of the reduction of P680 in photosystem II

Keisuke Saito (1), Koichiro Mukai (1), Hitoshi Sumi (1). (1: Inst of Materials Science, Univ of Tsukuba)

2P314 光化学系 II における水分解・酸素発生反応の新しい酵素触媒機構

○楠 正美¹⁾

1)明治大理工物理

New enzyme catalysis mechanism of the water-splitting and oxygen-evolving reaction in photosystem II

Masami Kusunoki. (Dept Physics, School of Sci & Techn, Meiji Univ.)

2P317 光合成反応中心スペシャルペアカチオンラジカルのスピン密度分布に関する理論的研究

○山崎 秀樹¹⁾, 鷹野 優¹⁾, 中村 春木¹⁾

1)阪大蛋白研

Quantum chemical study of the spin density distribution of the special pair cation radical in the bacterial photosynthetic reaction center

Hideki Yamasaki, Yu Takano, and Haruki Nakamura. (Institute for Protein Research, Osaka University)

2P323 FTIR 法による光化学系 II におけるチロシン Y_D と水分子の相互作用の検出

○高橋 亮太¹⁾, 杉浦 美羽²⁾, 野口 巧¹⁾

1)筑波大・数理物質科学 2)大阪府大・生命環境科学

Structural coupling of water molecules to Y_D in photosystem II as revealed by FTIR spectroscopy

Ryouta Takahashi (1), Miwa Sugiura (2) and Takumi Noguchi (1) (1: Inst. of Mater. Sci., Univ. of Tsukuba; 2: Dept. of Plant Biosci., Osaka Pref. Univ, Japan)

2P332 紅色光合成細菌の反応中心の Q_B 周囲の内部結合水

○岩田 達也¹⁾, Paddock Mark L.²⁾, Okamura Melvin Y.²⁾, 神取 秀樹¹⁾

1)名工大院・工 2)カリフォルニア大

Water Molecules around the Secondary Quinone (Q_B) Binding Pockets in the Reaction Center from *Rhodobacter sphaeroides*

Tatsuya Iwata (1), Mark L. Paddock (2), Melvin Y. Okamura (2) and Hideki Kandori (1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology; 2: Department of Physics, University of California, San Diego)

2P327 植物葉緑体チラコイド膜中の光化学系立体分布を室温で直接観察する蛍光スペクトル顕微鏡による試み

○長谷川 慎¹⁾, 椎名 隆²⁾, 寺嶋 正秀¹⁾, 熊崎 茂一¹⁾

1)京大院・理 2)京府大・人環

Fluorescence spectral microscopy to visualize three dimensional distributions of photosystems in thylakoid membrane in plant chloroplasts

Makoto Hasegawa (1), Takashi Shiina (2), Masahide Terazima (1), Shigeichi Kumazaki (1). (1: Dept Chemistry, Graduate School of Science, Kyoto Univ; 2: Faculty of Human Environment, Kyoto Prefectural University)

2P331 シアノバクテリアにおけるフィコビリソーム超分子会合体の構築及び分解への分子シャペロン HtpG (Hsp90) の関与

○岡本 直樹¹⁾, 光岡 薫²⁾, ○仲本 準¹⁾

1) 埼玉大院・理工 2) 産総研・生物情報

Involvement of the molecular chaperone HtpG (Hsp90) in assembly and degradation of the supramolecular complex phycobilisome.

Naoki Okamoto (1), Kaoru Mitsuoka (2) and Hitoshi Nakamoto (1). (1: Department of Biochemistry and Molecular Biology, Saitama University; 2: Biological Information Research Center, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

2P357 シロイヌナズナ phot1 における LOV2 ドメインから J α ヘリックスへの光誘起構造変化の伝達メカニズム
○山本 渥史¹⁾, 岩田 達也¹⁾, 佐藤 義彰¹⁾, 松岡 大介²⁾, 徳富 哲²⁾, 神取 秀樹¹⁾

1) 名工大・院工 2) 大阪府大・院理

The transduction mechanism of light-induced conformational changes from the LOV2 domain to the J α helix in *Arabidopsis* phot1.

Atsushi Yamamoto (1), Tatsuya Iwata (1), Yoshiaki Sato (1), Daisuke Matsuoka (2), Satoru Tokutomi (2) and Hideki Kandori (1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology; 2: Department of Biological Science, Graduate School of Science, Osaka Prefecture University)

2P358 青色光受容体 Phototropin LOV2 の光反応に伴う構造変化

○永徳 丈¹⁾, 中曽根 祐介¹⁾, 直原 一徳²⁾, 松岡 大介²⁾, 徳富 哲²⁾, 寺嶋 正秀¹⁾

1) 京大院理・化学 2) 阪府大院理・生物 3) 神大遺伝子研

Conformational dynamics of Phototropin LOV2 upon photoexcitation

Takeshi Eitoku (1), Yusuke Nakasone (1), Kazunori Zikihara (2), Daisuke Matsuoka (3), Satoru Tokutomi (2) and Masahide Terazima (1). (1: Dept Chemistry, Graduate School of Science, Kyoto univ.; 2: Dept of Biology, Graduate School of Science, Osaka pref. univ.; 3: Kobe univ. Research center for Environmental Genomics)

2P355 LOV ドメインにおけるフラビンのラマンおよび IR スペクトルとその振動解析

○菊池 定人¹⁾, 海野 雅司^{1,4)}, 直原 一徳²⁾, 徳富 哲²⁾, 山内 清吾³⁾

1) 佐賀大・理工 2) 大阪府立大・院理 3) 東北大・多元研 4) JST さきがけ

Vibrational Analysis of the FMN chromophore in LOV Domains

Sadato Kikuchi (1), Masashi Unno (1) (4), and Kazunori Jikihara (2), Satoru Tokutomi (2), and Seigo Yamauchi (3). (1: Department of Chemistry and Applied Chemistry, Faculty of Science and Engineering, Saga University, 2: Department of Biological Science, Graduate School of Science, Osaka Prefecture University, 3: Institute of Multidisciplinary Research for Advanced Materials, Tohoku University, 4: PRESTO, JST)

2P356 シロイヌナズナ・フォトリロピン1および2 LOV1 ドメインの結晶構造解析

中迫 雅由¹⁾, 松岡 大介^{2,3)}, 直原 一徳²⁾, 桂 ひとみ²⁾, ○徳富 哲²⁾

1) 慶応大・理工・物理 2) 大阪府大院・理学系・生物科学 3) 神戸大・遺伝子環境センター

Crystal structure of LOV1 domains in *Arabidopsis* phototropin 1 and 2

Masayoshi Nakasako (1), Daisuke Matsuoka (2, 3), Kazunori Zikihara (2), Hitomi Katsura (2) and Satoru Tokutomi (2). (1: Dep. Physics, Faculty of Science and Technology, Keio University; 2: Dep. Biological Science, Graduate School of Science, Osaka Prefecture University; 3: Research Center for Environmental Genomics, Kobe University)

2P333 スルメイカロドプシンのX線結晶構造解析

○村上 緑¹⁾, 神山 勉¹⁾

1) 名大院・理・物理

Crystal structure of squid rhodopsin

Midori MURAKAMI and Tsutomu KOUYAMA. (Department of Physics, Graduate School of Science, Nagoya University)

2P336 粘土層間におけるロドプシン発色団の性質

○井戸 一智¹⁾, 古谷 祐詞¹⁾, 小川 誠²⁾, 神取 秀樹¹⁾

1) 名工大・院工 2) 早大

Characteristics of the Rhodopsin Chromophore in Clay Interlayers

Kazutomo IDO (1), Yuji FURUTANI (1), Makoto OGAWA (2), and Hideki KANDORI (1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology; 2: Department of Earth Sciences, School of Education, Waseda University)

2日目 (12/22) E会場午前 9:00~11:48

蛋白質 (構造・構造機能相関) (Proteins— structure and structure-function relationship)

2P001 蛋白質における残基ネットワークの普遍的特性

○森田 英俊¹⁾, 高野 光則¹⁾

1) 早大理工

Universal network characteristics of residues in proteins

Hidetoshi Morita and Mitsunori Takano. (Faculty of Science and Engineering, Waseda University)

2P002 残基間コンタクトパターンによる50残基長タンパク質セグメントの構造空間の構築

○園部 裕樹¹⁾, 伊東 純一¹⁾, 山岸 明彦²⁾, 肥後 順一¹⁾

1) 東薬大、生命科学、生物情報 2) 東薬大、生命科学、細胞機能

Conformational space of 50-residue protein segments constructed by residue-residue contact patterns

Jun-ichi Ito(1), Yuki Sonobe(1), Akihiko Yamagishi(1), Junichi Higo(1). (School of Life Sciences, Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences)

2P006 自由エネルギー変分原理に基づく相対的結合自由エネルギー計算とそのFK506結合タンパク阻害剤への応用

○新江 雄一¹⁾, 南 康智¹⁾, 菊地 武司¹⁾

1) 立命館大・情報理工・生命情報

Relative binding free energy calculation with a free energy variational principle and its application to FK506-binding protein inhibitors

Yuichi Shine, Yasutomo Minami and Takeshi Kikuchi (Dept Bioscience and Bioinformatics Col Information Science and Engineering Ritsumeikan Univ)

2P013 Dynamics portal - An integral effort on developing and organizing dynamics web servers/databases

○Yang Lee-Wei¹⁾, 二島 涉¹⁾, 北尾 彰朗¹⁾

1) 東大・分生研

Dynamics portal - An integral effort on developing and organizing dynamics web servers/databases

Lee-Wei Yang, Wataru Nishima and Akio Kitao (Institute of Molecular and Cellular Biosciences, University of Tokyo)

2P003 線形応答理論によるタンパク質構造変化のデータベース解析

○雨宮 崇之¹⁾, 小池 亮太郎^{2,3)}, 淵上 壮太郎¹⁾, 池口 満徳¹⁾, 木寺 詔紀¹⁾

1) 横浜市大院・国際総合 2) 東工大・学国情セ 3) BIRD JST

Database analysis of the protein structural change by the linear response theory

Takayuki Amemiya(1), Ryotaro Koike(2,3), Sotaro Fuchigami(1), Mitsunori Ikeguchi(1) and Akinori Kidera (1). (1: International Graduate School of Arts and Sciences, Yokohama City University, 2: Global Scientific Information and Computing Center, Tokyo Institute of Technology, 3: BIRD JST)

2P029 古細菌型シャペロニンの1分子構造変化計測

○飯塚 怜¹⁾, 上野 太郎¹⁾, 船津 高志¹⁾

1) 東大・院薬系

Single molecule observation of ATP-induced conformational dynamics in archaeal group II chaperonin

Ryo Iizuka, Taro Ueno, and Takashi Funatsu (Graduate School of Pharmaceutical Sciences, The University of Tokyo)

2P042 高速原子間力顕微鏡を用いたシャペロニン GroEL における基質タンパク質の結合と解離の一分子観察

○谷口 雅昭¹⁾, 山本 大輔^{1,2)}, 古寺 哲幸¹⁾, 安藤 敏夫^{1,2)}

1) 金沢大・理・物理 2) JST/CREST

Single-molecule observation of the binding and release of substrate proteins in the chaperonin GroEL by high-speed atomic force microscopy

Masaaki Taniguchi (1), Daisuke Yamamoto(1), (2), Noriyuki Kidera(1) and Toshio Ando(1), (2). (1: Dept of Physics, Kanazawa Univ, 2: JST/CREST)

2P048 脂質膜により誘起されるアミロイドβペプチドの二次構造形成におけるC末端側疎水性領域の役割

○依田 真由美¹⁾, 三浦 隆史¹⁾, 竹内 英夫¹⁾

1) 東北大院・薬

Role of the hydrophobic C-terminal region in lipid membrane-induced secondary structure formation of amyloid-β peptide

Mayumi Yoda, Takashi Miura, and Hideo Takeuchi. (Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Tohoku University)

2P028 抗原・抗体複合体の直接観察：抗原の大きさ、結合価、及び抗体の結合親和性の影響

○古賀 舞子¹⁾, 真柳 浩太²⁾, 北井 麻希¹⁾, 村上 明一³⁾, 東 隆親³⁾, 織田 昌幸¹⁾

1) 京都府大院・農 2) 長浜バイオ大・バイオサイエンス 3) 東京理大・生命研

Direct observation of antigen-antibody complex: Effects of antigen size, valence, and binding affinity of antibody

Maiko Koga (1), Kouta Mayanagi (2), Aki Kitai (1), Akikazu Murakami (3), Takachika Azuma (3) and

Masayuki Oda (1). (1: Graduate School of Agriculture, Kyoto Prefectural University; 2: Nagahama Institute of Bio-Science and Technology; 3: Reserch Institute for Biological Sciences, Tokyo University of Science)

2P045 口腔連鎖球菌グルコシルトランスフェラーゼ-Iによるデキストラン結合の熱力学的解析: ストイキオメトリーに対する触媒ドメインの影響

○小松 英幸¹⁾

1)九州工大

Thermodynamics of the dextran binding of mutans streptococcus glucosyltransferase-I: Effect of the catalytic domain on the stoichiometry

Hideyuki Komatsu (Dept Bioscience & Bioinformatics, Kyushu Inst of Technology)

2P046 時間分割蛍光法によるRNase T1中Tryptophan残基の複数の誘電緩和特性に関する研究

○乙須 拓洋¹⁾, 西本 悦子¹⁾, 宮崎 義史¹⁾, 山下 昭二¹⁾

1)九大院・生資環

Time-resolved fluorescence study on multiple dielectric relaxation properties of single tryptophan residue in RNase T1

Takuhiro Otsu, Etsuko Nishimoto, Yoshifumi Miyazaki, Shoji Yamashita (Institute of Biophysics, Faculty of Agriculture, Kyushu University)

2P030 プロテアーゼインヒビター、シスタチンにおける活性制御要因としてのN-terminal motion

○宮崎 義史¹⁾, 高橋 大輔¹⁾, 西本 悦子¹⁾, 山下 昭二¹⁾

1)九大院・生資環

The N-terminal motion of protease inhibitor, cystatin as the activity regulation factor

Yoshifumi Miyazaki, Daisuke Tkahasi, Etsuko Nishimoto, Syoji Yamashita (Institute of Biophysics, Faculty of Agriculture, Kyushu University)

2P049 T4ファージロングテイルファイバーgp34のC末端欠損タンパク質の性状解析

○Sunanda donny¹⁾, 金丸 周司¹⁾, 有坂 文雄¹⁾

1)東工大院・生命理工・生物プロセス

characterization of the C-terminal-truncated mutant proteins of gp34, the proximal half tail fiber of bacteriophage T4

Donny Sunanda (1), Shuji Kanamaru (1) and Fumio Arisaka (1) (1. Dept. Bioengineering, Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Inst. of Tech.

2日目 (12/22) F会場午前 9:00~11:48

蛋白質 (物性 (安定性、折れ畳みなど)) (Proteins— stability, folding, and other physicochemical properties)

2P067 翻訳開始因子サブユニットの会合の熱力学的解析

○中木戸 誠¹⁾, 田中 良和¹⁾, 曾我部 正彰²⁾, 坂井 直樹²⁾, 姚 閔²⁾, 田中 勲²⁾, 津本 浩平¹⁾

1)東大院・新領域 2)北大院・生命

Thermodynamic analysis of the assembly of the α -, β -, γ -subunits of archaeral initiation factor 2

Makoto Nakakido (1), Yoshikazu Tanaka (1), Masaaki Sokabe (2), Naoki Sakai (2), Min Yao (2), Isao Tanaka (2), Kouhei Tsumoto (1). (1: Dept. of Med. Genome Sci., Grad. Sch. of Front. Sci., The Univ. of Tokyo; 2: Faculty of Adv. Life Sci., Hokkaido Univ)

2P068 イヌミルクリゾチームの物性解析に向けた安定化変異体の構築

○野中 康宏¹⁾, 秋枝 大介¹⁾, 神谷 昌克^{1,2)}, 相沢 智康^{1,2)}, 出村 誠^{1,2)}, 河野 敬一^{1,2)}

1)北大院・理・生命理学 2)北大院・生命科学

Construction of mutant canine milk lysozyme stabilized against degradation for physical analysis

Yasuhiro Nonaka (1), Daisuke Akieda (1), Masakatsu Kamiya (1,2), Tomoyasu Aizawa (1,2), Makoto Demura (1,2) and Keiichi Kawano (1,2). (1: Div. Biological Sciences, Grad. Sch. of Science, Hokkaido Univ.; 2: Div. Life Science, Grad. Sch. of Life Science, Hokkaido Univ.)

2P069 ジスルフィド結合を導入することによって高度に安定化した低温ショック相同蛋白質の熱力学的評価

○長谷川 葵¹⁾, 飯塚 一成¹⁾, 林(岩崎) 容子²⁾, 城所 俊一¹⁾

1)長岡技科大・生物系 2)共和化工株式会社・環境微生物学研究所

Thermodynamic evaluation of the highly stabilized cold shock protein homologue by introducing a disulfide bond

Aoi Hasegawa(1), Kazunari Iizuka(1), Yoko Hayashi-Iwasaki(2), Shun-ichi Kidokoro(1) (1:Department of Bioengineering, Nagaoka University of Technology;2:Institute of Environmental Microbiology, Kyowa Kako Co., Ltd)

2P076 タンパク質圧力変性の分子機構

○原野 雄一¹⁾, 吉留 崇²⁾, 木下 まさひろ²⁾

1) 東工大・グローバルエッジ研究院 2) 京大・エネルギー理工

Molecular Mechanism of Pressure Denaturation

Yuichi Harano (1), Takashi Yoshidome (2), and Masahiro Kinoshita (2). (1: Global Edge Institute, Tokyo Institute of Technology; 2: Institute of Advanced Energy, Kyoto Univ)

2P079 Denaturant-Induced Helix-Coil Transition Studied by X-Ray Scattering

○新庄 正路¹⁾, 加納 文昌²⁾, 清水 昭夫³⁾, 松村 義隆¹⁾, 木原 裕¹⁾

1) 関西医科大学 2) 昭和大学 3) 創価大学

Denaturant-Induced Helix-Coil Transition Studied by X-Ray Scattering

Masaji Shinjo(1), Fumiaki Kano(2), Akio Shimizu(3), Yoshitaka Matsumura(1) and Hiroshi Kihara(1) (1:Dept of Physics, Kansai Medical University; 2:Dept of Physics, Showa University; 3:Dept of Bioengineering, Faculty of Engineering, Soka University)

2P081 「タンパク質による周囲の水分子の分極制御」を取りこんだ、ヘリックス-コイル転移機構の提案

○水野 和子¹⁾

1) 福井大院・工・生物応用化学

A new paradigm to study [Protein and Water]; A Protein has a specific ability to control the polarization of surrounding water

Kazuko Mizuno, Dep. Applied Chem. and Biotech., Graduate School of Engi. Univ. of Fukui

2P089 真空紫外 CD 分光法によるアルコール変性タンパク質の二次構造解析

○松尾 光一¹⁾, 桜田 芳恵²⁾, 月向 邦彦²⁾

1) 広大・放射光 2) 広大・院理

Secondary-Structure Analysis of Alcohol-Denatured Proteins by a Vacuum-Ultraviolet Circular Dichroism Spectroscopy

Koichi Matsuo(1), Yoshie Sakurada(2), and Kunihiko Gekko(2). (1:Synchrotron Radiation Center, ; 2:Graduate School of Science, Hiroshima University)

2P091 フラグメント化によるTIMバレルタンパク質のフォールディングコアの同定

○赤沼 哲史¹⁾, 山岸 明彦¹⁾

1) 東薬大・生命・分子生命

Fragmentation analysis to identify the folding core of a TIM-barrel protein

Satoshi Akanuma and Akihiko Yamagishi (Dept of Mol Biol, Tokyo Univ of Pharm and Life Sci)

2P092 β_2 -ミクログロブリンの酸変性と巻き戻り

○向山 厚¹⁾, 槇 互介¹⁾, 後藤 祐児²⁾, 桑島 邦博^{1,3)}

1) 岡崎・統合バイオ 2) 阪大・蛋白研、CREST 3) 総研大

Equilibrium and kinetics of β_2 -Microglobulin from the acid-unfolded state

Atsushi Mukaiyama (1), Kosuke Maki (1), Yuji Goto (2) and Kunihiro Kuwajima (1,3). (1: Okazaki Institute for Integrative Bioscience, National Institutes of Natural Science; 2: Institute for Protein Research, and CREST; 3: Dept of Functional Molecular Science, The Graduate Univ for Advanced Studies)

2P093 水素/重水素交換 NMR 法によるヤギ α -ラクトアルブミンの天然及びモルテン・グロビュール状態の構造解析

○中村 敬¹⁾, 槇 互介¹⁾, 桑島 邦博^{1,2)}

1) 岡崎統合バイオ 2) 総研大

The Native and Molten Globule States of Goat α -Lactalbumin Characterized by the NMR Hydrogen-exchange Technique

Takashi Nakamura (1), Kosuke Maki (1) and Kunihiro Kuwajima(1)(2). (1:Okazaki Institute for Integrative Bioscience; 2:Dept. Functional Molecular Science, The Graduate University for Advanced Studies)

2P094 非平衡条件下の蛋白質一分子の折りたたみ軌跡の直接観察

○鎌形 清人^{1,2)}, 木下 雅仁¹⁾, 後藤 裕児¹⁾, 高橋 聡^{1,2)}

1) 阪大・蛋白研 2) CREST・JST

Direct observation of single-molecule trajectories of protein folding under non-equilibrium condition

Kiyoto Kamagata(1,2), Masahito Kinoshita(1), Yuji Goto(1) and Satoshi Takahashi(1,2) (1:Institute for Protein Research, Osaka University, 2:CREST&middledot;JST)

2P095 ジスルフィド結合により安定化されているウマ β ラクトグロブリンの中間体におけるヘリックス構造

○中川 香奈子¹⁾, 池口 雅道¹⁾

1) 創価大・工・生物工

A disulfide bond stabilizes the α -helices in the partially folded states of equine β -lactoglobulin

Kanako Nakagawa (1) and Masamichi Ikeguchi (1). (1: Dept Bioeng, Soka Univ)

- 2P102** Equilibrium intermediate and transient intermediate of src SH3 and its mutant
 Jin Xianju¹⁾, Li Jinsong¹⁾, 松村 義隆¹⁾, 新庄 正路¹⁾, 笠井 恒希²⁾, 下高原 櫻子³⁾, 〇木原 裕¹⁾
 1) 関西医大 2) 明星大・理工 3) 東薬大・薬
Equilibrium intermediate and transient intermediate of src SH3 and its mutant
 Xianju Jin(1), Jinsong Li(1), Yoshitaka Matsumura(1), Masaji Shinjo(1), Kouki Kasai(2), Sakurako Shimotakahara(3) and Hiroshi Kihara(1)
- 2P103** 分子シャペロン GroEL/ES は BFP のフォールディング経路を速度論的だけでなく構造的にも変化させる
 〇元島 史尋¹⁾, 阪後 公善¹⁾, 吉田 賢右¹⁾
 1) 東工大・資源化学研究所
Molecular chaperone GroEL/ES change the folding pathway of green fluorescent protein (BFP) kinetically and structurally.
 Fumihito Motojima and Masasuke Yoshida (Chemical Resources Laboratory, Tokyo Tech)

2日目 (12/22) K会場午前 9:00~11:48

生体膜・人工膜 (Native and artificial biomembranes)

- 2P250** ウシラクトフェリンと酸性リン脂質二重膜との相互作用およびその抗菌作用に及ぼすカルジオリピンの影響
 〇梅山 万左子¹⁾, 吉良 敦史²⁾, 内藤 晶¹⁾
 1) 横国大・院工 2) アルバック
The Effect of Cardiolipin in Selective Interaction of LfcinB with Acidic Phospholipid Bilayers and its Antimicrobial Activity
 Masako Umeyama(1), Atsushi Kira(2), Akira Naito(1). (1: Graduate School of Engineering, Yokohama National University; 2: ULVAC, Inc.)
- 2P263** コレステロールの有無がもたらす膜環境の変化とアラメチシンに与える影響の分子動力学シミュレーション
 〇藤田 直也¹⁾, 石田 貴士¹⁾, 木下 賢吾^{1,2)}
 1) 東大・医科研 2) SORST, 科技機構
Cholesterol-induced change of a membrane environment and its influence on alamethicin: a molecular dynamics study
 Naoya Fujita (1), Takashi Ishida (1) and Kengo Kinoshita (1, 2). (1: Inst. Med. Sci., Univ. of Tokyo; 2: SORST, JST)
- 2P264** 脂質膜の非二分子膜形成における熱力学量
 〇松木 均¹⁾, 玉井 伸岳¹⁾, 金品 昌志¹⁾
 1) 徳島大院ソシオテクノサイエンス研
Thermodynamic quantities associated with non-bilayer formation of lipid membranes
 Hitoshi Matsuki, Nobutake Tamai and Shoji Kaneshina. (Dept of Life System, Institute of Technology and Science, The Univ of Tokushima)
- 2P269** 環状骨格の剛直性は環状脂質の側方拡散に如何に影響を及ぼすか
 〇芝上 基成¹⁾, 後藤 理恵¹⁾, 中村 允¹⁾, 田所 利雄¹⁾
 1) 産総研
Effect of rigid cyclic framework on lateral diffusion of cyclic lipid membranes
 Motonari Shibakami, Rie Goto, Makoto Nakamura and Toshio Tadokoro (AIST)
- 2P271** INTERMOLECULAR RELATIONS AND HYDROGEN BOND DYNAMICS AT PHOSPHOLIPID MEMBRANE INTERFACE
 〇Volkov Viktor¹⁾, Chelli R.²⁾, Righini R.¹⁾
 1) European Laboratory for Nonlinear Spectroscopy 2) Dipartimento di Chimica, Università di Firenze
INTERMOLECULAR RELATIONS AND HYDROGEN BOND DYNAMICS AT PHOSPHOLIPID MEMBRANE INTERFACE
 Viktor Volkov (1), R. Chelli (2), R. Righini (1). (1: European Laboratory for Nonlinear Spectroscopy; 2: Dipartimento di Chimica, Università di Firenze)
- 2P274** 抗菌性ペプチドマガイニン 2 のポア形成に脂質膜の表面電荷密度がおよぼす効果
 〇丹波 之宏¹⁾, Masum Shah Md²⁾, 山崎 昌一^{1,2)}
 1) 静岡大・イノベーション共同研究セ 2) 静岡大・創造院
Effects of Surface Charge Density of Lipid Membranes on the Pore Formation Induced by Antimicrobial Peptide, Magainin 2
 Yukihiro Tamba (1), Shah Md Masum (2) and Masahito Yamazaki (1), (2). (1: Innovative Joint Research

- Center; 2: Integrated Bioscience Section, Graduate School of Science and Technology, Shizuoka Univ)
- 2P281 生体モデル膜ラフトドメインのエンドサイトーシス**
 ○濱田 勉¹⁾, 三浦 陽子¹⁾, 高木 昌宏¹⁾
 1)北陸先端大・マテリアル
Dynamic Processes of Endocytic Transformation in a Raft-exhibiting Model Membrane
 Tsutomu Hamada, Yoko Miura, Masahiro Takagi. (School of Material Science, Japan Advanced Inst. Sci. Tech.)
- 2P282 光による脂質二分子膜小胞の形態転移**
 ○石井 健一¹⁾, 濱田 勉¹⁾, 長崎 健²⁾, 高木 昌宏¹⁾
 1)北陸先端大・マテリアル 2)大阪市立大・工
Photo-induced reversible transformation in a cell-sized lipid vesicle
 Ken-ichi Ishii(1), Tsutomu Hamada(1), Takeshi Nagasaki(2) and Masahiro Takagi(1). (1:School of Materials Science, Japan Advanced Institute of Science and Technology; 2:Graduate School of Engineering, Osaka City Univ)
- 2P285 バクテリオファージ T4 の感染初期過程**
 ○二島 渉¹⁾, 金丸 周司²⁾, 有坂 文雄²⁾, 北尾 彰朗¹⁾
 1)東大・分生研 2)東工大・生命理工
Initial process of bacteriophage T4 infection
 Wataru Nishima(1), Shuji Kanamaru(2), Fumio Arisaka(2) and Akio Kitao(1). (1: Institute of Molecular and Cellular Biosciences, University of Tokyo; 2:Department of Life Science, Faculty of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Institute of Technology)
- 2P286 ナノダイヤモンド/ナノシリカの表面における溶菌酵素の飽和および吸着反応**
 ○呉 為克¹⁾
 1)Dept of Chemical and Materials Engineering, National Kaohsiung Univ of Applied Sciences, 80782 Kaohsiung, Taiwan, Rep of China
Saturation Adsorption of Nanodiamond/Nanosilica with Lysozyme
 Victor Wei-Keh Wu (1: Dept Chemical and Materials Engineering, National Kaohsiung Univ of Applied Sciences, 80782 Kaohsiung, Taiwan, Rep of China; 2: Victor Basic Research Laboratory e. V. Gadderbaumer-Str. 22, D-33602 Bielefeld, Germany. Email:victorbres3tw@yahoo.com.tw, Tel:+886-(0)919-300-525, http://www.che.kuas.edu.tw)
- 2P287 せん断流下で振動するベシクル**
 ○野口 博司¹⁾, Gompper Gerhard¹⁾
 1)Forschungszentrum Juelich
Oscillatory dynamics of fluid vesicle in flow
 Hiroshi Noguchi and Gerhard Gompper(Institut fuer Festkoerperforschung, Forschungszentrum Juelich)
- 2P289 システインスキャン実験に見られる電圧感受性イオンチャネルのS4ヘリックスの大きな動き**
 ○下村 拓史¹⁾, 名倉 仁¹⁾, 髭 俊秀¹⁾, 今井 友也^{1,2)}, 入江 克雅^{1,2)}, 三尾 和弘³⁾, 佐藤 主税³⁾, 藤吉 好則^{1,2)}
 1)京大理・生物物理・構造生理 2) (社) バイオ産業情報化コンソーシアム 3)産総研・脳神経・構造生理
Large mobility of S4 helix in voltage-gated ion channel revealed by cysteine-scanning
 Takushi Shimomura (1), Hitoshi Nagura (1), Toshihide Hige (1), Tomoya Imai (1,2), Katsumasa Irie (1,2), Kazuhiro Mio (3), Chikara Sato (3), Yoshinori Fujiyoshi (1) (1: Dept of Biophysics, Graduate School of Science, Kyoto University, 2: Japan Biological Informatics Consortium, 3: Structure Physiology Group, Neuroscience Research Institute, AIST)
- 2P290 原核生物由来膜電位依存性ナトリウムチャネルのチャネル特性の多様性**
 ○入江 克雅^{1,2)}, 名倉 仁¹⁾, 今井 友也^{1,2)}, 下村 拓史¹⁾, 藤吉 好則¹⁾
 1)京大院・理・生物物理 2) (社) バイオ産業情報化コンソーシアム
The bacterial voltage-gated sodium channel family has various channel properties.
 Katsumasa Irie (1, 2), Hitoshi Nagura (1), Tomoya Imai (1, 2), Takushi Shimomura (1), Yoshinori Fujiyoshi (1). (1: Dept of Biophysics, Graduate School of Science, Kyoto University, 2: Japan Biological Informatics Consortium)
- 2P291 細胞接着部位へ停留する膜伸展依存性BKチャネルの1分子可視化解析**
 ○小林 剛¹⁾, 武田 美江¹⁾, 野村 健²⁾, 田中 瑞奈¹⁾, 成瀬 恵治³⁾, 曾我部 正博^{1,2)}
 1)名大院・医・細胞生物物理 2) 科技振・ICORP/SORST・細胞力覚 3)岡山大院・医歯薬・システム循環生理
Immobilization of Stretch-Activated BKCa channels to focal contacts of cell membrane as studied by single fluorophore video imaging

Takeshi Kobayashi (1), Yoshie Takeda (1), Takeshi Nomura (2), Mizuna Tanaka (1), Keiji Naruse (3) and Masahiro Sokabe (1, 2). (1: Dept Physiol, Nagoya Univ Graduate School of Medicine; 2: ICORP/SORST, Cell Mechanosensing, JST; 3: Dept Cardiovasc Physiol, Okayama Univ Graduate School of Medicine, Dentistry & Pharmaceutical Sci)

2日目 (12/22) B会場午後 14:15~15:27

分子モーター (Molecular motors)

2P164 マイナス端方向性キネシン Ncd の運動連続性について

○古田 健也¹⁾, 豊島 陽子¹⁾

1) 東大院・総合文化・生命

Processive movement of minus-end-directed motor Ncd

Ken'ya Furuta and Yoko Y. Toyoshima. (Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences., The University of Tokyo)

2P165 ncd コイルドコイル・ストロクドメインのヌクレオチド依存的な熱安定性変化の FRET 計測

○牧野 司^{1,2)}, 富重 道雄²⁾, 田之倉 優¹⁾

1) 東大院・農生科・応生化 2) 東大院・工学系・物工

Nucleotide-dependent changes in the stability of the ncd coiled-coil stalk domain as monitored by FRET

Tsukasa Makino (1) (2), Michio Tomishige (2) and Masaru Tanokura (1). (1: Department of Applied Biological Chemistry, Graduate School of Agriculture and Life Sciences, Univ. of Tokyo; 2: Department of Applied Physics, School of Engineering, Univ. of Tokyo)

2P166 真核生物ペン毛軸系内のラセン構造

○上村 慎治¹⁾, 岩本 裕之²⁾

1) 東大・総合文化・生命環境 2) SPring8・JASRI

Helical arrangement of axonemal components in sea-urchin sperm flagella revealed by small-angle X-ray diffraction analysis

Shinji Kamimura (1) and Hiroyuki Iwamoto (2) (1: Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, Univ of Tokyo; 2: Life and Environmental Division, SPring-8, JASRI)

2P170 ダイニン・微小管複合体の構造学的研究

○上野 裕則¹⁾, 安永 卓生²⁾, 真行寺 千佳子³⁾, 廣瀬 恵子¹⁾

1) 産総研・セル・生体運動 2) 九工大・情報工・生命情報工 3) 東大院・理学系

Structural analysis of outer arm dynein molecules bound to microtubules

Hironori Ueno (1), Takuo Yasunaga (2), Chikako Shingyoji (3) and Keiko Hirose (1). (1: Research Institute for Cell Engineering, AIST; 2: Department of Biochemical Engineering and Science, Kyushu Institute of Technology; 3: Department of Biological Sciences, Graduate School of Science, University of Tokyo)

2P171 クライオ電子顕微鏡法によるダイニン-微小管複合体の三次元構造決定

○成田 哲博^{1,2)}, 水野 直子³⁾, 吉川 雅英⁴⁾, 前田 雄一郎^{1,2,5)}

1) ERATO 前田アクチンプロジェクト 2) 理研播磨 3) NIAMS4) 京大院理学 5) 名大院理学

Molecular determination by electron microscopy of the dynein-microtubule complex structure

Akihiro Narita (1,2), Naoko Mizuno (3), Masahide Kikkawa (4), Yuichiro Maeda (1,2,5) (1: ERATO MAEDA actin project, 2: Riken Harima, 3: National Institute of arthritis and musculoskeletal and skin diseases, 4: Graduate School of Science, Kyoto Univ., 5: Graduate School of Science, Nagoya Univ.)

2P177 単頭ダイニン2分子による連続的運動中の個々の分子の寄与

○HoaAnh Nguyen¹⁾, 茅 元司¹⁾, 昆 隆英²⁾, 須藤 和夫²⁾, 樋口 秀男¹⁾

1) Biomedical Engineering Research Organization, Tohoku University 2) Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, University of Tokyo

The contribution of individual dynein head to the processive movement generated by two single headed dynein

HoaAnh Nguyen(1), Motoshi Kaya(1), Takahide Kon(2), Kazuo Sutoh(2) and Hideo Higuchi(1). (1: Biomedical Engineering Research Organization, Tohoku University; 2: Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, University of Tokyo)

2日目 (12/22) C会場午後 14:15~15:27

細胞生物学的課題 (接着・運動・骨格・伝達・膜) (Cell biological problems— adhesion, motility, cytoskeleton, signaling, and membrane)

2P234 紡錘体における自己組織化の直接観察

○高木 潤¹⁾, 板橋 岳志¹⁾, 島本 勇太¹⁾, Jedidiah Gaetz²⁾, Tarun Kapoor²⁾, 石渡 信一¹⁾

1)早大・先進理工・物理応物 2)Rockefeller・Chem./Cell Biol.・Lab

Direct observation of self-reorganization processes of the mitotic spindle

Jun Takagi (1), Takeshi Itabashi (1), Yuta Shimamoto (1), Jedidiah Gaetz (2), Tarun M. Kapoor (2), and Shin'ichi Ishiwata (1). (1: Dept physics, Faculty of Science & Engineering, Waseda University; 2: Laboratory of Chemistry & Cell Biology, Rockefeller University)

2P235 生体材料表面の弾性分布設計による細胞行動制御

○木戸秋 悟¹⁾, 松田 武久²⁾

1)九大先導研・生命分子化学 2)金工大ゲノム生研

Control of cell motility by the design of microelasticity distribution of biomaterial surface

Satoru Kidoaki (1), Takehisa Matsuda (2). (1: Inst Mater Chem Eng, Kyushu University; 2: Genome Biotechnol Lab, Kanazawa Inst Tech)

2P236 細胞運動及び細胞分裂の統一モデル

○西村 信一郎¹⁾, 笹井 理生¹⁾

1)名大院工

A unified mechanism of amoeboid cell locomotion and cell fission

Department of Computer Science and Engineering, Graduate School of Engineering, Nagoya University

2P237 新しいタイプの接触走性：ラチェット様の非対称な繰り返し空間パターン上での方向性のある細胞運動

○大沼 清¹⁾, 豊田 太郎²⁾, 青木 隆太¹⁾, 菅原 正¹⁾, 浅島 誠^{1,3,4)}

1)東大院・総文 2)千葉大院・工学 3)JST・ICORP 器官再生 4)産総研・器官発生

A new type of thigmotaxis: Directional cell movement in a ratchet-like repetitive asymmetrical spatial pattern

Kiyoshi Ohnuma (1), Taro Toyota (2), Ryuta Aoki (1), Tadashi Sugawara (1), Makoto Asashima (1) (3) (4). (1: Grad School of Arts and Sci, Univ of Tokyo; 2: Grad School of Eng, Chiba Univ; 3: ICORP, Organ Regeneration, JST; 4: Organ Development Research Labo, AIST)

2P240 細胞膜中コレステロールの短寿命共局在の1分子追跡と検出

○根本 悠宇里¹⁾, 小山-本田 郁子¹⁾, 実松 史幸¹⁾, 嶋田 有紀子²⁾, 八原 雅子¹⁾, 岩下 淑子²⁾, 楠見 明弘¹⁾

1)京大再生研/JST-ICORP 膜機構 2)東京都老人研・老化ゲノム機能

Single-molecule tracking and detection of transient colocalization of cholesterol in the live-cell plasma membrane

Yuri L. Nemoto (1), Ikuko Koyama-Honda (1), Fumiyuki Sanematsu (1), Yukiko Shimada (2), Masako Yahara (1), Yoshiko Ohno-Iwashita (2), and Akihiro Kusumi (1). (1: Membrane Mechanisms Project, International Cooperative Research Project, Japan Science and Technology Agency (ICORP-JST), The Institute for Frontier Medical Sciences, Kyoto University, Kyoto, 606-8507, Japan, 2: Research Team for Functional Genomics, Tokyo Metropolitan Institute of Gerontology, Tokyo, 173-0015, Japan)

2P241 細胞膜のマイクロドメインとコンパートメント：リン脂質1分子追跡による研究

○田中 賢治^{1,2)}, 藤原 敬宏^{1,2)}, 単 小遠²⁾, 鈴木 健一^{1,2)}, 楠見 明弘^{1,2,3)}

1)京大院・工学系・マイクロエンジニアリング 2)JST-ICORP 膜機構プロジェクト 3)京大院・医学系・ナノバイオプロセス

Microdomains and compartments in the smooth-muscle cell membrane: single-molecule tracking of phospholipids

Kenji J. Tanaka (1), (2), Takahiro K. Fujiwara (2), Xiao-Yuan Shan (2), Kenichi G. N. Suzuki (2), Akihiro Kusumi (1), (2), (3) (1: Department of Micro Engineering, Graduate School of Engineering, Kyoto University, 2: Membrane Mechanisms Project, ICORP-JST, Institute for Frontier Medical Sciences, Kyoto University, 3: Department of Nanobioprocesses, Graduate School of Medicine, Kyoto University)

2日目 (12/22) D会場午後 14:15~15:27

光生物学 (視覚と光受容) (Photobiology- vision and photoreception)

2P352 明暗刺激に伴う、ホヤ幼生の神経、筋肉のCa²⁺イメージング

○中川 将司¹⁾, 深野 天²⁾, 日下部 岳広¹⁾, 笹倉 靖徳³⁾, 宮脇 敦史²⁾

1)兵庫県立大・生命理学 2)理研・脳研センタ 3)筑波大・下田臨海

Ca²⁺ imaging of the muscle and neural cells in ascidian larva upon the step-down of light

Masashi Nakagawa (1), Takashi Fukano (2), Takehiro Kusakabe (1), Yasunori Sasakura (3), Atsushi Miyawaki (2) (1: Grad. School of Life Sci. Univ. Hyogo; 2: Brain Sci. Inst. RIKEN; 3: Shimoda Marine

Research Center, Univ. Tsukuba)

2P334 無脊椎動物ロドプシンにおけるレチナールシッフ塩基周辺のアミノ酸相互作用についての変異体解析

○永田 崇¹⁾, 塚本 寿夫¹⁾, 小柳 光正¹⁾, 寺北 明久¹⁾

1)大阪市大・院理・生物地球

Mutational analyses of amino acid-interactions around the retinal Schiff base in the invertebrate rhodopsin

Takashi Nagata, Hisao Tsukamoto, Mitsumasa Koyanagi, Akihisa Terakita. (Dept Biology and Geosciences, Graduate School of Science, Osaka City University)

2P348 視細胞円板膜上でのトランスデューシン及びロドプシンの一分子追跡

○林 文夫¹⁾, 柴田 信幸¹⁾, 高橋 敏広¹⁾, 妹尾 圭司²⁾

1)神戸大院・理学・生物 2)浜松医大・医・総合人間

Single molecule tracking of transducin and rhodopsin in retinal disk membrane.

Fumio Hayashi (1), Nobuyuki Shibata (1), Toshihiro Takahashi (1) and Keiji Seno (2). (1: Dept Biology, Graduate School of Science, Kobe University. 2: Faculty of Medicine, Hamamatsu University School of Medicine)

2P349 カエル視細胞のロドプシンは二量体化によって脂質ラフトへ移行する

○妹尾 圭司¹⁾, 林 文夫²⁾

1)浜松医大・医 2)神戸大・院理・生物

Rhodopsin dimerization induces rhodopsin translocation into lipid rafts in bullfrog photoreceptor.

Keiji Seno (1) and Fumio Hayashi (2). (1: Fac Medicine, Hamamatsu Univ School of Medicine; 2: Dept Biol, Graduate School of Science, Kobe Univ.)

2P335 部位特異的蛍光標識を用いた多様なロドプシンの活性化に伴う構造変化の検出の試み

○塚本 寿夫¹⁾, 小柳 光正¹⁾, 寺北 明久¹⁾

1)大阪市大・院理・生物地球

Detection of structural changes involved in activation of diverged rhodopsins using site-directed fluorescence labeling.

Hisao Tsukamoto, Mitsumasa Koyanagi and Akihisa Terakita. (Dept. Biol. and Geosci. Grad. Sch. of Sci. Osaka City Univ.)

2P341 代謝型グルタミン酸受容体の活性を制御する膜貫通領域における残基間相互作用の探索

○柳川 正隆¹⁾, 山下 高廣¹⁾, 七田 芳則¹⁾

1)京大院理・生物物理

Amino acid interactions in the transmembrane domain responsible for the activation process of metabotropic glutamate receptor

Masataka Yanagawa, Takahiro Yamashita, Yoshinori Shichida Dept. of Biophys., Grad. Sch. of Sci., Kyoto Univ., Kyoto,

2日目 (12/22) E会場午後 14:15~15:27

蛋白質 (構造・構造機能相関) (Proteins— structure and structure-function relationship)

2P050 タキプレシン I の脂質ミセルとの相互作用

杉田 圭太郎¹⁾, ○神谷 昌克²⁾, 大久保 知行¹⁾, 上島 達郎²⁾, 島本 怜史¹⁾, 多々見 文恵²⁾, 相沢 智康¹⁾, 水口 峰之³⁾, 川畑 俊一郎⁴⁾, 出村 誠²⁾, 河野 敬一¹⁾

1)北大院・理 2)北大院・生命 3)富山大・薬 4)九大院・理

Structural analysis of Tachyplesin I with lipid micelles

Keitaro Sugita(1), Masakatsu Kamiya(2), Tomoyuki Ohkubo(1), Tatsuro Kamijima(2), Satoshi Shimamoto(1), Fumie Tatami (2), Tomoyasu Aizawa(1), Mineyuki Mizuguchi (3), Shun-ichiro Kawabata(4), Makoto Demura(2) and Keiichi Kawano(1). (1: Grad. Sch. of Sci., Hokkaido Univ.; 2: Grad. Sch. of Life Sci., Hokkaido Univ.; 3: Fac. of Pharmaceut. Sci., Toyama Univ.; 4: Dept. of Biol., Grad. Sch. of Sci., Kyushu Univ.)

2P052 プロリン、グリシン、アスパラギン、セリンおよびトレオニンを豊富に含むタンデムリピートのフレキシブルな構造

○松嶋 範男¹⁾, 熊木 康裕²⁾, 神谷 昌克²⁾, 吉田 等³⁾, 田中 剛範⁴⁾, 和泉 義信⁵⁾, クレッチンガー ロバート⁶⁾

1)札幌医大・保健医療学部 2)北大院・生命科学 3)都立大・理 4)理研 5)山形大院・理工学 6)バージニア大学・生物

Flexible Structures of Proline-, Glycine-, Asparagine-, Serine-, and/or Threonine-rich Tandem Repeats in Proteins

Norio Matsushima (1), Yasuhiro Kumaki (2), Masakatsu Kamiya(2), Hitoshi Yoshida(3), Takanori Tanaka

(4), Yoshinobu Izumi (5), and Robert H. Kretsinger (6) (1. Schl Health Sciences, Sapporo Medical Univ.; 2: Graduate Sch. Science, Hokkaido Univ.; 3: Tokyo Metropolitan Univ.; 4: Riken Genomic Science Center; 5: Graduate Sch. Science and Engineering, Yamagata Univ.; 6: Univ. Virginia, Dept. Biology)

2P037 リポカリン型プロスタグランジンD合成酵素の溶液構造

○島本 茂¹⁾, 吉田 卓也¹⁾, 乾 隆^{2,3)}, 合田 圭吾⁴⁾, 小林 祐次⁵⁾, 藤森 功^{3,5)}, 鶴村 俊治³⁾, 有竹 浩介³⁾, 裏出 良博³⁾, 大久保 忠恭¹⁾

1) 阪大院・薬 2) 阪府大院・生命 3) 大阪バイオサイエンス研究所 4) 関西分子設計研究会 5) 阪薬大院

NMR Solution Structure of Lipocalin-type Prostaglandin D Synthase

Shigeru Shimamoto(1), Takuya Yoshida(1), Takashi Inui(2, 3), Keigo Gohda(4), Yuji Kobayashi(5), Ko Fujimori(3, 5), Toshiharu Tsurumura(3), Kosuke Aritake(3), Yoshihiro Urade(3), and Tadayasu Ohkubo(1). (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Osaka University; 2: Graduate School of Life and Environmental Sciences, Osaka Prefecture University; 3: Department of Molecular Behavioral Biology, Osaka Bioscience Institute; 4: Computer-Aided Molecular Modeling Research Center Kansai; 5: Osaka University of Pharmaceutical Sciences)

2P051 DNA結合タンデムドメインSTPRのDNA結合構造の解析

○相沢 智康¹⁾, 齊藤 伸¹⁾, 横山 卓也¹⁾, 上島 達朗¹⁾, 神谷 昌克¹⁾, 熊木 康裕¹⁾, 滝谷 重治²⁾, 出村 誠¹⁾, 河野 敬一¹⁾

1) 北大院・理・生命理学 2) 北大・創成研

Structural properties of the DNA-bound form of a novel tandem repeat DNA-binding domain, STPR

Tomoyasu Aizawa (1), Shin Saito (1), Takuya Yokoyama (1), Tasturo Kamijima (1), Masakatsu Kamiya (1), Yasuhiro Kumaki (1), Sigeharu Takiya (2), Makoto Demura (1) and Keiichi Kawano (1). (1: Grad Sch of Sci, Hokkaido Univ; 2: Div of Genome Dynamics, CRIS, Hokkaido Univ)

2P038 20Sプロテアソームのアッセンブリーシャペロンの結晶構造とNMR解析

○岡本 健太¹⁾, 栗本 英治¹⁾, 坂田 絵里^{1,2)}, 笹川 拓明^{1,3)}, 鈴木 淳巨⁴⁾, 山根 隆⁴⁾, 平野 裕子⁴⁾, 村田 茂穂²⁾, 田中 啓二²⁾, 加藤 晃一^{1,3)}

1) 名市大・院薬 2) 都臨床研 3) 分子研 4) 名大・院工

Crystallographic and NMR analyses of the novel 20S proteasome assembling chaperone PAC3

Kenta Okamoto (1), Eiji Kurimoto (1), Eri Sakata (1, 2), Hiroaki Sasakawa (1, 3), Atuo Suzuki (4), Takashi Yamane (4), Hirano Yuko (2), Shigeo Murata (2), Keiji Tanaka (2), Koichi Kato (1, 3) (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Nagoya City Univ; 2: The Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science; 3: Institute for Molecular Science; 4: Graduate School of Engineering, Nagoya Univ)

2P021 CLIP-170の構造機能解析

○三島 正規¹⁾, 前崎 綾子²⁾, 笠 美由希^{2,3)}, 渡辺 崇⁴⁾, 深田 正紀⁴⁾, 貝淵 弘三⁴⁾, 箱嶋 敏雄^{2,3)}

1) 首都大・理工・有機構造生物化学 2) 奈良先端大・情報・構造生物 3) CREST 4) 名古屋大・医学・神経情報薬理学

Structural and functional studies of CLIP-170

Masaki Mishima(1), Ryoko Maesaki(2), Miyuki Kasa(2) (3), Takashi Watanabe(4), Masaki Fukata(4), Kozo Kaibuchi(4) and Toshio Hakoshima(2), (3) (1: Graduate School of Science and Technology, Tokyo Metropolitan University, 2: Structural Biology Laboratory, Nara Institute of Science and Technology, 3: CREST, 4: Department of Cell Pharmacology, Nagoya University)

2日目 (12/22) F会場午後 14:15~15:27

蛋白質 (物性 (安定性、折れ畳みなど)) (Proteins— stability, folding, and other physicochemical properties)

2P105 分子動力学シミュレーションによる staphylococcal protein A の B domain のフォールディング機構の研究

○西 謙一郎¹⁾, 寺田 透²⁾, 清水 謙多郎¹⁾

1) 東大・院農・応生工 2) 東大・院農・生命情報ユニット

Folding simulation of the B-domain of staphylococcal protein A

Kenichiro Nishi, Tohru Terada, Kentaro Shimizu (Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo)

2P106 フォールディングシミュレーションにおける generalized Born モデルの比較

○寺田 透¹⁾, 清水 謙多郎^{1,2)}

1) 東大・院農・生命情報ユニット 2) 東大・院農・応生工

Comparison of generalized Born models in folding simulations

Tohru Terada, Kentaro Shimizu (Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo)

2P107 タンパク質フォールディングのエネルギー地形とネットワーク：マルチカノニカル・フラグメントアセンブリシミュレーション

○堀 直人¹⁾, 高田 彰二^{1,2)}

1) 神戸大院・自然 2) 京大・理

Network and energy landscape of a folding protein revealed by multicanonical fragment assembly simulations

Naoto Horii (1) and Shoji Takada(1,2). (1: Graduate School of Science and Technology, Kobe University; 2: Faculty of Science, Kyoto University)

2P108 非平衡状態にあるタンパク質の構造を特徴付ける有効温度

○中川 尚子¹⁾

1) 茨城大・理

Conformational Temperature Characterizing the Folding of a Protein

Naoko Nakagawa (College of Science, Ibaraki Univ)

2P109 構造予測ツールを用いたカルモジュリンの構造変化についての研究

○南 慎太郎¹⁾, 千見寺 浄慈¹⁾

1) 名大院・工・計算理工

Conformational changes of calmodulin studied by structure prediction toolbox

Shintaro Minami(1), George Chikenji(1). (1:Dept Computational biology and Engineering, Graduate School of Engineering, Univ of Nagoya)

2日目 (12/22) K会場午後 14:15~15:27

生体膜・人工膜 (Native and artificial biomembranes)

2P292 FRET法を用いた細菌機械受容チャネル MscS の細胞質ドメインのゲーティングに伴う構造変化の観察

○町山 裕亮¹⁾, 辰巳 仁史¹⁾, 曾我部 正博^{1,2,3)}

1) 名大院・医・細胞情報医学 2) JST・ICORP/SORST・細胞力覚 3) 生理研・分子生理

Gating conformational changes in the cytoplasmic domain of the bacterial mechanosensitive channel MscS as revealed by FRET spectroscopy

H. Machiyama(1), H. Tatsumi(1) and M. Sokabe(1,2,3) 1: Dept. Physiol., Nagoya Univ. Grad. Sch. Med., 2: ICORP/SORST Cell Mechanosensing, JST, 3: Dept. Mol. Physiol., NIPS

2P297 蛍光共鳴エネルギー移動を利用した TRPM8 チャネルの構造に関する研究

○池原 辰弥¹⁾, 細川 浩²⁾, 杉浦 忠男¹⁾, 小林 茂夫²⁾, 湊 小太郎¹⁾

1) 奈良先端大・情報 2) 京大院・情報

Structural analysis of TRPM8 channel by fluorescence resonance energy transfer

Tastuya Ikehara(1), Hiroshi Hosokawa(2), Tadao Sugiura(1), Shigeo Kobayashi(2), Kotaro Minato(1) (1: Graduate School of Information Science, NAIST; 2: Graduate School of Informatics, Kyoto Univ.)

2P299 酵母とラットの電位依存性カルシウムチャネルにおける変異の分子的解析

○藤 金風¹⁾, 飯田 和子²⁾, 多田 智子¹⁾, 阪 彩香¹⁾, 玉井 弥美¹⁾, 中瀬古 寛子³⁾, 赤羽 悟美³⁾, 飯田 秀利¹⁾

1) 群馬大院・医学科・生体調節 2) 都臨床研・細胞膜情報伝達 3) 東邦大・医学科・薬理

Molecular characterization of mutations of yeast and rat voltage-gated calcium channels

Jinfeng Teng (1), Kazuko Iida (2), Tomoko Tada (1), Ayaka Saka (1), Masumi Tamai (1), Hiroko Izumi-Nakaseko (3), Satomi Adachi-Akahane (3), Hidetoshi Iida (1) (1 Dept. Biol., Tokyo Gakugei Univ.; 2 Biomembrane Signaling, Tokyo Metro. Inst. Med. Sci.; 3 Dept. Pharmacol., Sch. Med. Fac. Med., Toho Univ.)

2P303 人工脂質二重膜を用いた COPII 小胞形成過程の可視化 ~GTP加水分解の役割について~

○田端 和仁¹⁾, 佐藤 健²⁾, 井出 徹⁴⁾, 西坂 崇之⁵⁾, 中野 明彦³⁾, 野地 博行¹⁾

1) 阪大産研 2) 東大院総合文化 3) 理研 4) 阪大院生命機能分子情報 5) 学習院理

Visualization of COPII vesicle formation process on artificial membrane. ~Role of GTP hydrolysis~

Kazuhito V. Tabata(1), Ken Sato(2), Toru Ide(4), Takayuki Nishizaka(5), Akihiko Nakano(3), Hiroyuki Noji(1). (1: ISIR, Osaka Univ.; 2: Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences., Univ of Tokyo; 3: Mole. memb. biol., RIKEN; 4: Graduate School of Front. Biosci., Osaka Univ.; 5: Department of Physics, Gakushuin Univ.)

2P305 マスト細胞の脱顆粒における complexin II の制御機構

○田所 哲¹⁾, 中西 守²⁾, 平嶋 尚英¹⁾

1) 名古屋市大・薬 2) 愛知学院大・薬

The regulation mechanism of degranulation in mast cells by complexin II

Satoshi Tadokoro(1), Mamoru Nakanishi(2), Naohide Hirashima(1). (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Nagoya City University; 2: School of Pharmacy, Aichi Gakuin University)

2P312 ホスホリパーゼ C-d1 PH ドメインおよび EF-hand ドメインの脂質二重膜上における構造とダイナミクス
○三宅 健史¹⁾, 川合 克久¹⁾, 八木澤 仁¹⁾, 辻 暁¹⁾

1) 兵庫県立大・院生命理

Structure and dynamics of phospholipase C-d1 PH- and EF-hand domain at the membrane surface

Takeshi Miyake(1), Katsuhisa Kawai(1), Hitoshi Yagisawa(1), Satoru tuzi(1). (1: Grad. Schl. Life Sci Univ. hyogo)

3日目 (12/23) B会場午前 9:00~11:48

分子モーター (Molecular motors)

3P136 哺乳類細胞における細胞質ダイニン複合体の IC74 と LC8 の相互作用の役割

○小林 琢也¹⁾, 古田 健也²⁾, 豊島 陽子²⁾, 片山 栄作³⁾, 村山 尚¹⁾

1) 順天堂大・医・薬理 2) 東大院・総合・生命 3) 東大・医科研・分子構造解析

Potential role of interaction between IC74 and LC8 of cytoplasmic dynein complex in intracellular transport in mammalian cells

Takuya Kobayashi (1), Ken'ya Furuta (2), Yoko Y. Toyoshima (2), Eisaku Katayama (3) and Takashi Murayama (1). (1: Dept Pharmacology, Juntendo Univ School of Medicine; 2: Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo; 3: The Institute of Medical Science, The Univ of Tokyo)

3P138 zinc-induced tubulin sheet 上における細胞質ダイニンの 1 分子観察

○三浦 未知¹⁾, 古田 健也¹⁾, 枝松 正樹¹⁾, 豊島 陽子¹⁾

1) 東大院・総合文化・生命環境

Observation of single dynein molecules on zinc-induced tubulin sheets

Michi Miura, Ken'ya Furuta, Masaki Edamatsu, Yoko Y. Toyoshima Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo

3P139 in vitro 滑り運動系における微小管の三次元トラッキング

○水谷 佳奈¹⁾, 大岩 和弘²⁾, 小嶋 寛明²⁾, 榊原 斉²⁾, 政池 知子¹⁾, 西坂 崇之¹⁾

1) 学習院大・理・物理 2) 情報通信研・関西

Three-dimensional tracking of microtubule on surfaces coated by kinesin and dynein

Kana Mizutani(1), Kazuhiro Oiwa(2), Hiroaki Kojima(2), Hitoshi Sakakibara(2), Tomoko Masaie(1) and Takayuki Nishizaka(1). (1: Dept. Phys., Gakushuin Univ. 2: Kansai Adv. Res. Ctr.)

3P152 細胞質環境における分子モーターの挙動

○阿部 祐大¹⁾, 板橋 岳志¹⁾, 島本 勇太¹⁾, Kapoor Tarun²⁾, 石渡 信一¹⁾

1) 早大・理工・物理 2) Rockefeller・Chem./Cell Biol.・Lab

Behavior of molecular motors in cytoplasmic extracts

Yuta Abe(1), Takeshi Itabashi(1), Yuta Shimamoto(1), Tarun M. Kapoor(2) and Shin'ichi Ishiwata(1). (1: Department of Physics, Faculty of Science & Engineering, Waseda University; 2: Laboratory of Chemistry & Cell Biology, Rockefeller University)

3P153 カタニン p60 の N 末端側非 AAA 領域の性質

○高橋 良典¹⁾, 枝松 正樹¹⁾, 豊島 陽子¹⁾

1) 東大院・総合文化・生命

The property of N-terminal non-AAA region of katanin p60

Yoshinori TAKAHASHI, Masaki EDAMATSU and Yoko Y. TOYOSHIMA (Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences., Univ of Tokyo)

3P156 F₁-ATPase は 3 つの部位での非対称で連続的な機構で回転する。

○有賀 隆行¹⁾, 宗行 英朗²⁾, 吉田 賢右³⁾

1) 京大院・理 2) 中央大・理工 3) 東工大・資源研

F₁-ATPase rotates by an asymmetric, sequential three-site mechanism

Takayuki Ariga (1), Eiro Muneyuki (2) and Masasuke Yoshida (3) (1: Department of Physics, Kyoto Univ.; 2: Department of Physics, Chuo Univ.; 3: Chemical Resources Laboratory, Tokyo Institute of Technology)

3P163 γ - β fusion mutant を用いた F₁-ATPase の回転における γ サブユニット N 末端の役割の解明

○小堀 綾子¹⁾, 城口 克之²⁾, 古池 晶²⁾, 吉田 賢右³⁾, 木下 一彦²⁾

1) 早大院・先進理工・物理応物 2) 早大・先進理工・物理 3) 東工大・資源研

Role of γ -subunit N-terminal residues in F_1 -ATPase rotation revealed by γ - β fusion mutants

Ayako Kohori(1), Katsuyuki Shiroguchi(1), Shou Furuike(1), Masasuke Yoshida(2) and Kazuhiko Kinoshita Jr. (1) (1:Waseda University 2:Tokyo Institute of Technology)

3P164 F_1 -ATPase の中間状態における γ subunit の位置

○岡田 薫¹⁾, 水谷 佳奈¹⁾, 政池 知子¹⁾, 西坂 崇之¹⁾

1) 学習院大・理・物理

Orientation of γ Subunit in F_1 -ATPase in the Intermediate State

Kaoru Okada (1), Kana Mizutani (1), Tomoko Masaike (1) and Takayuki Nishizaka (1). (1:Dept Phys, Gakushuin Univ.)

3P170 磁気ピンセットで強制回転させた F_1 中の ϵ サブユニットの 1 分子ダイナミクス

○税田 英一郎¹⁾, 飯野 亮太²⁾, 山田 康之³⁾, 鈴木 俊治⁴⁾, 野地 博行²⁾, 吉田 賢右^{1,4)}

1) 東工大・資源研 2) 阪大・産研 3) 立教大・理・生命 4) 科技振・ICORP

Single molecule dynamics of the epsilon subunit in F_1 forced-rotated by magnetic tweezers

Eiichiro Saita (1), Ryota Iino (2), Yasuyuki Kato-Yamada (3), Toshiharu Suzuki (4), Hiroyuki Noji (2) and Masasuke Yoshida (1, 4). (1: Chemical Resources Laboratory, Tokyo Institute of Technology; 2: The Institute of Scientific and Industrial Research, Osaka Univ; 3: Dept of Life Science, Rikkyo Univ; 4: JST, ICORP)

3P173 腸内連鎖球菌 V 型 Na^+ -ATPase の外周固定子のサブユニット構成

○山本 三沙岐^{1,2)}, 雲財 悟³⁾, 水谷 健二^{4,5)}, 寿野(池田) 千代⁵⁾, 矢吹(宮田) 有香子²⁾, 山登 一郎¹⁾, 柿沼 喜己⁶⁾, 大林 尚美²⁾, 寺田 貴帆²⁾, 外山 光俊²⁾, 白水 美香子²⁾, 岩田 想^{2,4,5,7)}, 横山 茂之^{2,8)}, 村田 武士^{2,5,7)}

1) 東京理大・基礎工 2) 理研横浜・GSC・タンパク質基盤 3) 横浜市大・院 4) Imperial Coll. 5) JST・ERATO6) 愛媛大・農 7) 京大・医 8) 東大・院理・生化

Subunit arrangement and assembly of peripheral stalk of the V-type Na^+ -ATPase from *Enterococcus hirae*

Misaki Yamamoto (1,2), Satoru Unzai (3), Kenji Mizutani (4,5), Chiyo Suno-Ikeda (5), Yukako Yabuki-Miyata (2), Ichiro Yamato (1), Yoshimi Kakinuma (6), Naomi Ohbayashi (2), Takaho Terada (2), Mitsutoshi Toyama (2), Mikako Shirouzu (2), So Iwata (2,4,5,7), Shigeyuki Yokoyama (2,8) and Takeshi Murata (2,5,7). (1: Dept Biol Sci Tech, Tokyo Univ of Science; 2: PRG, GSC, Yokohama Inst, RIKEN; 3: Protein Design Lab, Yokohama City Univ; 4: Divi Mol Biosci, Imperial College London; 5: Iwata Project, ERATO, JST; 6: Faculty Agri, Ehime University; 7: Grad Sch of Medicine, Kyoto Univ; 8: Dept Biophys Biochem, Grad Sch Sci, Univ of Tokyo)

3P174 バクテリアべん毛モーターにおける回転速度とイオンフラックスのカップリングのモデル解析

○中川 健¹⁾, 佐々木 一夫¹⁾

1) 東北大院・工・応物

The Rotation-Flux Coupling of Bacterial Flagellar Motors studied by Model Analysis

Takeshi Nakagawa(1) and Kazuo Sasaki(1). (1:Department of Applied Physics, Tohoku University)

3P175 ナトリウム駆動型キメラべん毛モーターによる回転運動と分子ダイナミクスの解析

○井上 裕一¹⁾, 福岡 創¹⁾, 高橋 泰人¹⁾, 曾和 義幸²⁾, 本間 道夫³⁾, 石島 秋彦¹⁾

1) 東北大・多元研 2) オックスフォード大・物理 3) 名大・理学系・生命理学

Torque generation of Na^+ -driven chimeric flagellar motor with PomA mutant in *Escherichia coli*.

Yuichi Inoue (1), Hajime Fukuoka (1), Hiroto Takahashi (1), Yoshiyuki Sowa (2), Michio Homma (3) and Akihiko Ishijima (1). (1: IMRAM, Tohoku University; 2: Department of Physics, University of Oxford; 3: Division of Biological Science, Graduate School of Science, Nagoya University)

3P176 高圧力によるべん毛モーターの逆回転運動

○西山 雅祥¹⁾, 曾和 義幸²⁾, 熊崎 茂一¹⁾, 木村 佳文¹⁾, 本間 道夫³⁾, 石島 秋彦⁴⁾, 寺嶋 正秀¹⁾

1) 京大院・理 2) Dept. of Physics, Univ. of Oxford 3) 名大院・理 4) 東北大・多元研

Pressure-induced reversal in the rotational direction of the bacterial flagellar motor

Masayoshi Nishiyama (1), Yoshiyuki Sowa (2), Shigeichi Kumazaki (1), Yoshifumi Kimura (1), Michio Homma (3), Akihiko Ishijima (4) and Masahide Terazima (1). (1: Dept. Chemistry, Graduate School of Science, Kyoto Univ.; 2: Dept. Physics, Univ. of Oxford; 3: Graduate School of Science, Nagoya Univ.; 4:) Inst. Multidisciplinary Research for Advanced Materials, Tohoku Univ.

3P177 Na^+ 駆動型べん毛モーターにおける遊泳速度の圧力応答

○下田 義樹¹⁾, 西山 雅祥¹⁾, 小嶋 誠司²⁾, 本間 道夫²⁾, 木村 佳文¹⁾, 寺嶋 正秀¹⁾

1) 京大院・理・化学 2) 名大院・理

Pressure-velocity relationship of sodium-driven flagellar motor of *Vibrio alginolyticus*.

3日目 (12/23) C会場午前 9:00~11:48

細胞生物学的課題 (接着・運動・骨格・伝達・膜)、水・水和、電解質 (Cell biological problems— adhesion, mobility, cytoskeleton, signaling, and membrane. Water and hydration. Electrolytes)

3P206 GPCRのモノマー・ダイマー動的平衡の解明；一分子追跡法による研究

○笠井 倫志¹⁾, Eric Prossnitz²⁾, 楠見 明弘¹⁾

1)京大・再生研 2)ニューメキシコ大

Single-molecule tracking revealed the complete kinetics of a GPCR monomer-dimer dynamic equilibrium

Rinshi S. Kasai (1), Eric R. Prossnitz (2), and Akihiro Kusumi (1). (1: Membrane Mechanisms Project, ICORP-JST, Institute for Frontier Medical Sciences, Kyoto University, Kyoto, Japan; 2: Department of Cell Biology and Physiology, University of New Mexico, Albuquerque, New Mexico, U. S. A.)

3P209 ミオシン Vb の分子内構造変化は細胞辺縁の膜輸送制御に関与している

○富永 基樹¹⁾, 村山 尚²⁾, 呉林 なごみ²⁾, 片山 栄作¹⁾

1)東大・医科研・分子構造解析 2)順天堂大・医・薬理

Conformational change of myosin Vb is involved in the regulation of peripheral membrane traffic

Motoki Tominaga (1), Takashi Murayama (2), Nagomi Kurebayashi (2) and Eisaku Katayama (1). (1: Institute of Medical Science, Univ of Tokyo; 2: Dept of Pharmacology, School of Medicine, Juntendo Univ)

3P211 細胞性粘菌における単一細胞の力測定

○岩谷 卓¹⁾, 前多 裕介¹⁾, Rieu Jean-Paul²⁾, 佐野 雅巳¹⁾

1)東大院理 2)Physique de la Matière Condensée et Nanostructures, Univ. of Lyon

Measurement of traction forces in cell motility of single Dictyostelium Discoideum cells

Suguru Iwaya(1), Yusuke T Maeda(1), Jean-Paul Rieu(2), Masaki Sano(1) (1:Dept Phys Graduate School of Science, Univ of Tokyo; 2: Laboratoire de Physique de la Matière Condensée et Nanostructures, Univ of Lyon)

3P212 ビーズでマークした赤血球で検出する、*Mycoplasma mobile*が足場におよぼす力

○金宇治 綾香¹⁾, 西坂 崇之²⁾, 宮田 真人¹⁾

1)大市大、院理、生物 2)学習院、院理、物理

Force exerted to substrate from *Mycoplasma mobile*, detected by red blood cell marked by plastic beads

Ayaka Kaneuji(1), Takayuki Nishizaka(2) and Makoto Miyata(1). (1:Department of Biology, Graduate School of Science, Osaka City University; 2:Department of Physics, Gakushuin University)

3P213 マイコプラズマの滑走運動に対する、抗Gli521-scFv抗体の新規阻害効果

○吉井 周平¹⁾, 宮田 真人¹⁾

1)大市大・院理・生物

Novel inhibitory effects of scFv antibodies against Gli521 on gliding motility of *Mycoplasma*

Shuhei Yoshii, Makoto Miyata(Dept of Biology, Graduate School of Science, Osaka City University)

3P214 *Mycoplasma mobile*のくらげ構造

○中根 大介¹⁾, 宮田 真人¹⁾

1)大市大院・理・生物

Jellyfish structure of *Mycoplasma mobile*

Daisuke Nakane and Makoto Miyata. (Dept Biology, Graduate School of Science, Univ of Osaka City)

3P215 光ピンセットを用いたマイコプラズマ・モービルのゴーストの力測定

○鈴木 純也¹⁾

1)学習院大学・理・物

Gliding force of *Mycoplasma mobile* ghost measured using optical tweezers

Suzuki Junya(1), Isao Terazima(1), Kana Mizutani(1), Tomoko Masaike(1), Miyata Makoto(2) and Takayuki Nishizaka(1). (1:Dept. Phys., Gakushuin Univ.; 2:Dept. Biol., Osaka City Univ.)

3P128 小さな球状蛋白質の熱容量と水和エントロピー

入佐 正幸¹⁾, 北里 仁美¹⁾

1)九工大・情報工・生命

Heat Capacity of Protein and Hydration Entropy

Hitomi Kitazato and Masayuki Irida. (Dept Bioscience and Bioinformatics, Faculty of Computer Science and Systems

Eng, Kyushu Institute of Technology)

3P129 分子動力学による小さな蛋白質の水和殻での水分子の分布の計算

入佐 正幸¹⁾, ○梶山 浩邦¹⁾

1) 九工大・情報工

Distribution of water molecules in hydration shell around a small globular protein calculated by using molecular dynamics

Hirokuni Kajiyama and Masayuki Iriya. (Dept Bioscience and Bioinformatics, Faculty Compu Sci and Systems Eng, Kyushu Institute of Technology)

3P130 DNAの柔らかさの塩基配列依存性と水和の関係

○米谷 佳晃¹⁾, 藤井 聡²⁾, 皿井 明倫²⁾, 河野 秀俊^{1,3)}, 郷 信広¹⁾

1) 原子力機構・量子ビーム 2) 九工大・情報工 3) JST・PRESTO

DNA sequence specific hydration and conformational deformability

Yoshiteru Yonetani (1), Satoshi Fujii (2), Akinori Sarai (2), Hidetoshi Kono (1, 3) and Nobuhiro Go (1) (1: Quantum Beam Science Directorate, Japan Atomic Energy Agency; 2: Department of Biosciences and Bioinformatics, Kyushu Institute of Technology; 3: PRESTO, Japan Science and Technology Agency)

3P131 蛋白質周辺における水分子の流れ、分子動力学計算による解析

○梅澤 公二¹⁾, 肥後 順一¹⁾, 山岸 明彦¹⁾, 田代 桜子²⁾, 神藤 平三郎²⁾

1) 東薬大・生命科学 2) 東薬大・薬学

Short-time and long-range correlative water flows around a protein investigated by molecular dynamics simulation

Koji Umezawa (1), Junichi Higo (1), Akihiko Yamagishi (1), Sakurako Tashiro (2), and Heisaburo Shindo (2). (1: School of Life Science, Tokyo University of Pharmacy and Life Science; 2: School of pharmacy, Tokyo University of Pharmacy and Life Science)

3P132 MD(分子動力学)シミュレーションを用いたダイポールフィールドの観測

○高野 憲和¹⁾, 浜崎 展行¹⁾, 宮川 博夫²⁾, 山岸 明彦¹⁾, 肥後 順一¹⁾

1) 東薬大・生命科学 2) 大正製薬

Solvent Site-Dipole Field Mediating Docking of Biomolecules

Norikazu Takano (1), Nobuyuki Hamasaki (1), Miyagawa Hiroh (2), Yamagishi Akihiko (1) and Junichi Higo (1). (1: School of Life Sciences, Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences; 2: Taisho Pharmaceutical)

3P133 分子動力学シミュレーションによる非極性分子の水和熱容量の解析

○新保 雄大¹⁾, 松本 博希¹⁾, 関 安孝¹⁾, 曾田 邦嗣¹⁾

1) 長岡技科大・生物系

Analysis of Hydration Heat Capacity of Nonpolar Molecules by Molecular Dynamics Simulation

Yudai Shimbo, Hiroki Matsumoto, Yasutaka Seki, and Kunitsugu Soda (Department of Bioengineering, Nagaoka University of Technology)

3P134 蛋白質の部分分子体積における水和効果

○関 安孝¹⁾, 藤井 淳平¹⁾, 曾田 邦嗣¹⁾

1) 長岡技科大・生物系

Hydration Effects on Partial Molecular Volume of Proteins

Yasutaka Seki (1), Junpei Fujii (1) and Kunitsugu Soda (1). (1: Dept. Bioeng., Nagaoka Univ. Technol.,

3日目 (12/23) D会場午前 9:00~11:48

光生物学 (視覚と光受容)、放射線生物学 (Photobiology– vision and photoreception. Actinobiology)

3P249 MLSCMO法による光受容タンパク質の励起状態計算

○川口 一朋¹⁾, 倭 剛久^{1,2)}

1) 名大院・理・物質理学 2) CREST, JST

The excited electronic state of solvated photoreceptor protein investigated by the improved MLSCMO method.

Kazutomo Kawaguchi (1), Takahisa Yamato (1, 2). (1: Graduate School of Science, Nagoya University; 2: CREST, JST)

3P217 固体高分解能NMRによるバクテリオロドプシンのレチナール異性化に応答するTyr残基の主鎖コンフォメーションの解析

○川村 出¹⁾, 木原 尚樹¹⁾, 田邊 純子¹⁾, 出川 嘉朗¹⁾, 辻 暁²⁾, 内藤 晶¹⁾

1) 横国大・院・工 2) 兵庫県大・院・理

High-Resolution Solid-State NMR Studies of Backbone Conformations at Tyr in Bacteriorhodopsin

corresponding to Retinal Configurations.

Izuru Kawamura(1), Naoki Kihara(1), Junko Tanabe(1), Yoshiaki Degawa(1), Satoru Tuzi(2), Akira Naito(1) (1: Graduate School of Engineering, Yokohama National University; 2: Department of Life Science, University of Hyogo)

3P240 *Gloeobacter* rhodopsinにおけるレチナールの光異性化にともなうプロトンドナーの構造変化

○橋本 匡平¹⁾, 古谷 祐詞¹⁾, Jung Kwang-Hwan²⁾, 神取 秀樹¹⁾

1)名工大院・工 2)Sogang 大学

The Proton Donor for the Schiff base is perturbed upon retinal photoisomerization in *Gloeobacter* rhodopsin

Kyohei Hashimoto (1), Yuji Furutani (1), Ah Reum Choi (2), Kwang-Hwan Jung (2) and Hideki Kandori (1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of technology; 2: Department of Life Science and Interdisciplinary Program of Integrated Biotechnology, Sogang University)

3P242 乾電池型プロテオロドプシン変異体の研究

○吉次 麻衣子¹⁾, 池田 大亮¹⁾, 柴田 幹大¹⁾, 古谷 祐詞¹⁾, 神取 秀樹¹⁾

1)名工大院・工

A Proteorhodopsin mutant engineered like a "dry-battery"

Maiko Yoshitsugu, Daisuke Ikeda, Mikihiro Shibata, Yuji Furutani and Hideki Kandori. (Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology)

3P222 光駆動アニオンポンプ・ハロロドプシンの Arg123 の役割

○久保 恵美¹⁾, 菊川 峰志²⁾, 宮内 正二¹⁾, 関 顕照¹⁾, 神谷 昌克¹⁾, 相沢 智康¹⁾, 河野 敬一³⁾, 加茂 直樹¹⁾, 出村 誠¹⁾

1)北大院・先端生命 2)北大・創成研 3)北大院・理

Role of Arg123 in Cl⁻ uptake channel of the light-driven anion pump halorhodopsin

Megumi Kubo (1), Takashi Kikukawa (2), Seiji Miyauchi (1), Akiteru Seki (1), Masakatsu Kamiya (1), Tomoyasu Aizawa (1), Keiichi Kawano (3), Naoki Kamo (1) and Makoto Demura (1). (1: Div. Life Sci., Grad. School Life Sci., Hokkaido Univ.; 2: CRIS., Hokkaido Univ.; 3: Div. Sci., Grad. School Sci., Hokkaido Univ.)

3P227 ファラオニスハロロドプシンの固体 NMR 構造解析：サンプル調製の最適化

○樋口 真理花¹⁾, 江川 文子²⁾, 神谷 昌克¹⁾, 相沢 智康³⁾, 河野 敬一³⁾, 藤原 敏道²⁾, 出村 誠¹⁾

1)北大・院生命 2)阪大・蛋白研 3)北大・院理

Solid-state NMR of *pharaonis* halorhodopsin: Optimization of sample preparation

Marika Higuchi (1), Ayako Egawa (2), Masakatsu Kamiya (1), Tomoyasu Aizawa (3), Keiichi Kawano (3), Toshimichi Fujiwara (2), and Makoto Demura (1). (1: Graduate School of Life Science, Hokkaido University, Sapporo, Hokkaido, Japan; 2: Institute for Protein Research, Osaka University, Suita, Osaka, Japan; 3: Graduate School of Science, Hokkaido University, Sapporo, Hokkaido, Japan)

3P225 ファラオニスハロロドプシンのクロライドポンプにおけるプロリン残基の役割

○柴田 幹大¹⁾, 出村 誠²⁾, 神取 秀樹¹⁾

1)名工大院・工 2)北大院・先端生命

Role of proline in the chloride pump of *pharaonis* Halorhodopsin

Mikihiro Shibata (1), Makoto Demura (2) and Hideki Kandori (1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology; 2: Division of Molecular Life Science, Faculty of Advanced Life Science, Hokkaido University)

3P236 ファラオニスセンサリーロドプシン II の光情報伝達を開始させる特異なタンパク質-発色団相互作用について

○伊藤 元博¹⁾, 須藤 雄気²⁾, 古谷 祐詞¹⁾, 沖津 貴志³⁾, 和田 昭盛³⁾, Spudich John⁴⁾, 神取 秀樹¹⁾

1)名工大院・工 2)名大院・理 3)神戸薬大・生命有機 4)テキサス大

Specific Protein-Chromophore Interaction Initiates Light Signal Transduction of *pharaonis* Sensory Rhodopsin II

Motohiro Ito (1), Yuki Sudo (2), Yuji Furutani (1), Takashi Okitsu (3), Akimori Wada (3), John L. Spudich (4) and Hideki Kandori (1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology; 2: Graduate School of Science, School of Science, Biological Science, Nagoya University; 3: Graduate School of Organic Chemistry for Life Science, Kobe Pharmaceutical University; 4: Center for Membrane Biology, Department of Biochemistry and Molecular Biology, University of Texas Medical School)

3P234 *Anabaena* sensory rhodopsin の L 中間体における細胞質側での構造変化

○川鍋 陽¹⁾, 古谷 祐詞¹⁾, Jung Kwang-Hwan²⁾, 神取 秀樹¹⁾

1) 名工大 2) Sogang 大学

Structural changes in the cytoplasmic region of the L photointermediate of *Anabaena* sensory rhodopsin

Akira Kawanabe(1), Yuji Furutani(1), Kwang-Hwan Jung(2), and Hideki Kandori(1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology, 2: Department of Life Science and Interdisciplinary Program of Integrated Biotechnology, Sogang University)

3P238 センサリーロドプシン II トランスデューサータンパク質の信号伝達ダイナミクスの研究

○井上 圭一¹⁾, 佐々木 純²⁾, John Spudich²⁾, 寺嶋 正秀³⁾

1) 東工大・資源化学研 2) テキサス大・生化分生 3) 京大院・理学系・化学

Study on the signal transduction dynamics of Sensory rhodopsin II Transducer protein

Keiichi Inoue (1), Jun Sasaki (2), John L. Spudich (2), Masahide Terazima (3). (1: Chemical Resources Laboratory, Tokyo Institute of Technology; 2: Biochemistry & Molecular Biology, University of Texas Health Science Center; 3: Dept Chemistry, Graduate School of Science, Kyoto University)

3P239 センサリーロドプシン II トランスデューサーHAMP ドメインの分子動力学研究

○西方 公郎¹⁾, 瀧上 壮太郎¹⁾, 池口 満徳¹⁾, 木寺 詔紀¹⁾

1) 横浜市大院・国際総合科学・生体超分子

Molecular Dynamics Study of the HAMP domain of Halobacterial Transducer of Rhodopsin II (HtrII)

Koro Nishikata (1), Sotaro Fuchigami (1), Mitsunori Ikeguchi (1) and Akinori Kidera (1). (1: Supramolecular Biology, Int'l Grad Schl of Arts and Sciences, Yokohama City Univ)

3P258 分子動力学計算による Photoactive Yellow Protein と水和構造と自由エネルギー

○水上 卓¹⁾, 杉山 歩²⁾, 西川 佳吾³⁾, 山本 哲徳³⁾, 長尾 秀実^{1,3)}

1) 北陸先端大・マテリアル 2) 北陸先端大・知識 3) 金沢大・計算科学

Protein-Water Interactions and Free Energy Calculation in Photoactive Yellow Protein

Taku Mizukami(1), Ayumu Sugiyama(2) Keigo Nishikawa(3), Tetsunori Nishikawa(3) and Hidemi Nagao(1) (3). (1: School of Materials Science, Japan Advanced Institute of Science and Technology; 2: School of Knowledge Science, Japan Advanced Institute of Science and Technology; 3: Division of Mathematical and Physical Science, Graduate School of Natural Science and Technology, Kanazawa University)

3P259 イエロープロテインにおける光誘起構造変化の高速伝播: ピコ秒時間分解紫外共鳴ラマン分光による観測

○水野 操¹⁾, 濱田 格雄^{2,3,4)}, 徳永 史生⁵⁾, 水谷 泰久¹⁾

1) 阪大院・理・化学 2) 京工繊大・応生 3) 阪大・VBL 4) CREST・JST 5) 阪大院・理・宇宙地球科学

Ultrafast Propagation of Structural Changes in Photoactive Yellow Protein Observed by Time-Resolved UV Resonance Raman Spectroscopy

Misao Mizuno (1), Norio Hamada (2, 3, 4), Fumio Tokunaga (5), and Yasuhisa Mizutani (1). (1: Dept Chemistry, Graduate School of Science, Osaka Univ; 2: Dev Applied Biology, Kyoto Institute of Technology; 3: VBL, Osaka Univ; 4: CREST JST; 5: Dept Earth & Space Sci, Graduate School of Science, Osaka Univ)

3P261 放射光 X 線マイクロビームによる DNA 損傷に対する細胞の応答

○富田 雅典¹⁾, 前田 宗利²⁾, 宇佐美 徳子²⁾, 松本 義久³⁾, 小林 克己²⁾

1) 電中研・原技研・放射線安全 2) 高エネ機構・物構研・放射光 3) 東工大・原子炉

Cellular response to DNA damage induced by synchrotron X-ray microbeam

Masanori Tomita (1), Munetoshi Maeda (2), Noriko Usami (2), Yoshihisa Matsumoto (3) and Katsumi Kobayashi (2). (1: Radiat. Safety Res. Center, Centl. Res. Inst. Electric Power Industry, 2: Photon Factory, IMSS, KEK 3: Research Lab. Nucl. Reactors, Tokyo Institute of Technology)

3日目 (12/23) E 会場午前 9:00~11:48

ヘム蛋白質、電子状態、蛋白質 (構造・構造機能相関) (Hemeproteins. Electronic states. Proteins- structure and structure-function relationship)

3P092 ヒトヘモグロビンにおける3つのトリプトファン残基の酸素結合にともなう変化: 近紫外 CD および紫外共鳴ラマン分光による研究

○長井 雅子¹⁾, 長井 幸史¹⁾, 小久保 昭秀²⁾, 川口 裕貴²⁾, 安藝 弥生^{1,3)}, 今井 清博^{1,2)}, 長友 重紀⁴⁾, 北川 禎三⁵⁾

1) 法政大・マイクロ・ナノテクノロジー研究センター 2) 法政大・工・生命機能 3) 金沢大院・医学系・保健 4) 筑波大院・数理物質科学 5) 豊田理研

Oxygen-linked environmental changes of tryptophan residues in human adult hemoglobin: A near-UV CD and UV resonance Raman study

Masako Nagai (1), Yukifumi Nagai (1), Akihide Kokubo (2), Yuki Kawaguchi (2), Yayoi Aki (1, 3), Kiyohiro Imai (1, 2), Shigenori Nagatomo (4) and Teizo Kitagawa (5) (1: Research Center for Micro-Nano Technology, Hosei Univ; 2: Dept of Frontier Bioscience, Faculty of Engineering, Hosei Univ; 3: Graduate School of Medical Sciences, Kanazawa Univ; 4: Dept of Chem, Univ of Tsukuba; 5: Toyota Physical & Chemical Research Institute)

3P101 膜貫通型一酸化窒素還元酵素の発現と結晶化

○松本 悠史¹⁾, 杉本 宏¹⁾, 日野 智也¹⁾, 永野 真吾¹⁾, 城 宜嗣¹⁾

1) 理研・播磨

Expression, crystallization and preliminary X-ray crystallographic study of membrane bound type nitric-oxide reductase

Yushi Matsumoto, Hiroshi Sugimoto, Tomoya Hino, Shingo Nagano and Yoshitsugu Shiro (RIKEN SPring-8 Center, Harima Inst.)

3P103 ミトコンドリア中のチトクロム c 酸化酵素の構造解析: 新たな ν (Fe-CO) ラマンモードの観測

○橋本 通子¹⁾, 柳澤 幸子¹⁾, 新沢伊藤 恭子¹⁾, 吉川 信也¹⁾, 小倉 尚志¹⁾

1) 兵庫県立大・院生命理

Observation of a New ν (Fe-CO) Raman Mode of Cytochrome c Oxidase in Mitochondria

Michiko Hashimoto, Sachiko Yanagisawa, Kyoko Shinzawa-Itoh, Shinya Yoshikawa and Takashi Ogura (Graduate School of Life science, University of Hyogo)

3P105 ウシ心筋チトクロム酸化酵素の反応中間体の X 線構造解析

○鍋倉 弘行¹⁾, 村本 和優¹⁾, 望月 正雄¹⁾, 伊藤・新澤 恭子¹⁾, 前田 友子¹⁾, 山下 栄樹²⁾, 月原 富武²⁾, 吉川 信也¹⁾

1) 兵庫県立大・院・生命理 2) 阪大・蛋白質研

X-ray structural analysis of catalytic intermediates in bovine heart cytochrome c oxidase

Hiroyuki Nabekura(1), Kazumasa Muramoto(1), Masao Mochizuki(1), Kyoko Shinzawa-Itoh(1), Tomoko Maeda(1), Eiki Yamashita(2), Tomitake Tsukihara(2) and Shinya Yoshikawa(1). (1: Department of Life Science, Univ. of Hyogo; 2: Institute for Protein Research, Osaka Univ)

3P106 ウシ心筋チトクロム酸化酵素の Zn 阻害部位の X 線構造解析

○村本 和優¹⁾, 前田 和範¹⁾, 伊藤・新澤 恭子¹⁾, 前田 友子¹⁾, 山下 栄樹²⁾, 月原 富武²⁾, 吉川 信也¹⁾

1) 兵庫県立大・院・生命理 2) 阪大・蛋白質研

X-ray structural analysis of Zn inhibitory site in bovine heart cytochrome c oxidase

Kazumasa Muramoto(1), Kazunori Maeda(1), Kyoko Shinzawa-Itoh(1), Tomoko Maeda(1), Eiki Yamashita(2), Tomitake Tsukihara(2) and Shinya Yoshikawa(1) (1: Dept of Life Science, Univ of Hyogo, 2: Inst for Protein Research, Osaka Univ)

3P107 部分還元型ウシ心筋チトクロム酸化酵素の X 線構造解析

○谷口 稔¹⁾, 村本 和優¹⁾, 伊藤・新沢 恭子¹⁾, 前田 友子¹⁾, 山下 栄樹²⁾, 月原 富武²⁾, 吉川 信也¹⁾

1) 兵庫県立大・院・生命理 2) 大阪大・蛋白質研

X-ray structural analysis of the bovine heart cytochrome c oxidase in the mixed valence state

Maki Taniguchi(1), Kazumasa Muramoto(1), Kyoko Shinzawa-Itoh(1), Eiki Yamashita(2), Tomitake Tsukihara(2) and Shinya Yoshikawa(1) (1: Dept of Life Science, Univ of Hyogo, 2: Inst for Protein Research, Osaka Univ)

3P108 シアン化物結合型チトクロム酸化酵素の X 線結晶構造解析

○望月 正雄¹⁾, 富田 勲¹⁾, 村本 和優¹⁾, 伊藤・新沢 恭子¹⁾, 山下 栄樹²⁾, 月原 富武²⁾, 吉川 信也¹⁾

1) 兵庫県立大院・生命 2) 阪大・タンパク研

X-ray crystal structural analysis of cyanide binding cytochrome c oxidase

MOCHIZUKI Masao(1), TOMITA Isao(1), MURAMOTO Kazumasa(1), SHINZAWA-ITOH Kyoko(1), YAMASHITA Eiki(2), TSUKIHARA Tomitake(2) and YOSHIKAWA Shinya(1) (1: Department of Life Science, University of Hyogo; 2: Institute for Protein Research, Osaka University)

3P109 大豆ヘムオキシゲナーゼにおけるヘム遠位環境を調節する残基の探求

○合屋 知彦¹⁾, 張 旭紅²⁾, 吉田 匡²⁾, 右田 たい子¹⁾

1) 山口大・農・生機 2) 山形大・医・生化

Searches for the residues regulating heme distal environment in soybean heme oxygenase-1

Tomohiko Gohya (1), Xuhong Zhang (2), Tadashi Yoshida (2) and Catharina Taiko Migita (1) (1: Dept

Biological Chemistry, Faculty of Agriculture, Yamaguchi Univ; 2: Yamagata Univ School of Med)

3P111 衝突誘起解離におけるグリコシド結合の解裂機構：量子化学計算による解析

○横島 智¹⁾, Tatiana Romanova¹⁾, 村上 明德¹⁾, 大黒 周作²⁾, 蟹江 治²⁾, 中村 振一郎¹⁾

1)三菱化学科技研セ&CREST-JST2)三菱化学生命科学研 (MITILS)

Mechanism of glycosidic bond cleavage in collision induced dissociation: quantum chemical study

Satoshi Yokojima(1), Tatiana A. Romanova(1), Akinori Murakami(1), Shusaku Daikoku(2), Osamu Kanie(2), Shinichiro Nakamura(1) (1:Mitsubishi Chemical Group Science and Technology Research Center, INC. & CREST-JST;2:Mitsubishi Kagaku Institute of Life Sciences (MITILS))

3P005 TRPC3 の3次元構造

三尾 和弘¹⁾, 小椋 俊彦¹⁾, ○佐藤 主税¹⁾

1)産総研・脳神経情報

Three dimensional structure of TRPC3 channel: TRPC3 has a large internal chamber surrounded by signal sensing antennas

Kazuhiro Mio, Toshihiko Ogura, Chikara Sato(Neuroscience Research Institute, AIST)

3P023 EFC/F-BAR ドメインによる脂質膜チューブ化機構

○嶋田 睦¹⁾, 丹羽 英明¹⁾, 辻田 和也²⁾, 末次 志郎^{3,4)}, 新田 浩二⁵⁾, 塙-末次 京子⁶⁾, 赤坂 領吾⁶⁾, 西野 有理¹⁾, 外山 光俊⁶⁾, 山本 雅貴¹⁾, 寺田 貴帆⁶⁾, 宮澤 淳夫¹⁾, 田仲 昭子⁶⁾, 菅野 純夫⁷⁾, 白水 美香子⁶⁾, 永山 國昭⁵⁾, 竹縄 忠臣²⁾, 横山 茂之^{6,8)}

1)理研・播磨2)神戸大・院医3)東大・分生研4)科技団・さきがけ5)自然科学研究機構・岡崎統合バイオ6)理研・GSC7)東大・院新領域8)東大・院理

Mechanism of membrane tubulation by the EFC/F-BAR domain

Atsushi Shimada (1), Hideaki Niwa (1), Kazuya Tsujita (2), Shiro Suetsugu (3,4), Koji Nitta (5), Kyoko Hanawa-Suetsugu (6), Ryogo Akasaka (6), Yuri Nishino (1), Mitsutoshi Toyama (6), Masaki Yamamoto (1), Takaho Terada (6), Atsuo Miyazawa (1), Akiko Tanaka (6), Sumio Sugano (7), Mikako Shirouzu (6), Kuniaki Nagayama (5), Tadaomi Takenawa (2) and Shigeyuki Yokoyama (6,8). (1:RIKEN SPring-8 Center, Harima Inst.; 2: Kobe Univ. Grad. Sch. Med.; 3: Inst. Mol. Cell. Biosci., Univ. Tokyo.; 4: PREST JST; 5: Okazaki Inst. Integrat. Biosci., Natl. Inst. Nat. Sci.; 6: RIKEN GSC; 7: Grad. Sch. Front. Sci., Univ. Tokyo; 8: Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)

3P002 二次構造解析によるカルモジュリンの熱安定性機構の解明

○笹倉 大督¹⁾, 布村 渉²⁾, 志波 公平^{3,4)}, 高桑 雄一²⁾

1)ブルカー・オプティクス2)東女医大・医・生化学3)シスメックス4)九大院・工学

Secondary structural analysis of thermal stability of calmodulin

Daisuke Sasakura(1), Wataru Nunomura (2), Kohei Shiba (3, 4), Yuichi Takakuwa (2). (1:Bruker Optics KK; 2:Dep Biochem, Tokyo Women's Medical Univ; 3:Sysmex; 4:Graduate School of Engineering., Univ of Kyushu)

3P024 モデル系を用いたグループ3LEAタンパク質(G3LEA)の乾燥誘導構造変化に関する研究

○清水 天平¹⁾, 三山 祥平¹⁾, 古木 隆生¹⁾, 金森 保志²⁾, 黄川田 隆弘²⁾, 奥田 隆²⁾, 高橋 剛³⁾, 三原 久和³⁾, 櫻井 実¹⁾

1)東工大・バイオセンター2)生物研3)東工大院・生命理工

Model study of the desiccation-induced structural transformations of Group-3 Late Embryogenesis Abundant (G3LEA) proteins

Tempei Shimizu (1), Shohei Miyama (1), Takao Furuki (1), Yasushi Kanamori (2), Takahiro Kikawada (2), Takashi Okuda (2), Hisakazu Mihara(3), Tsuyoshi Takahashi(3), and Minoru Sakurai (1) (1:Cent for Biological Resources and Informatics, Tokyo Institute of Technology; 2: National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS); 3:Dept Bioengineering, Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Institute of Technology)

3P025 凍結乾燥状態における poly-L-lysine の低振動スペクトルとその二次構造

○神原 大¹⁾, 田村 厚夫²⁾, 内藤 晶³⁾, 内野 隆司²⁾, 富永 圭介^{1,2)}

1)神戸大・分子フォト2)神大院・理学研究科3)横国大院・工学研究院

Low-Frequency Spectra and Secondary Structures of poly-L-lysine in a Lyophilized Form

Ohki Kambara (1), Atsuo Tamura (2), Akira Naito (3), Takashi Uchino (2), Keisuke Tominaga (1,2). (1: Molecular Photoscience Research Center, Kobe Univ., 2: Graduate School of Science, Kobe Univ., 3: Graduate School of Engineering, Yokohama National Univ.)

3日目 (12/23) F会場午前 9:00~11:48

蛋白質 (物性 (安定性、折れ畳みなど)) (Proteins— stability, folding, and other physicochemical properties)

3P055 超音波破碎をもちいたアミロイド線維の分子量均質化

○茶谷 絵理¹⁾, 足達 瑠美¹⁾, 酒井 美世¹⁾, 内木 宏延²⁾, 後藤 祐児¹⁾

1) 阪大・蛋白研, CREST 2) 福井大・医, CREST

Uniforming the Molecular Weight of Amyloid Fibrils by Ultrasonication

Eri Chatani (1), Rumi Adachi (1), Miyo Sakai (1), Hironobu Naiki (2) and Yuji Goto (1). (1: Institute for Protein Research, Osaka Univ. and CREST; 2: Faculty of Medical Sciences, Univ. of Fukui and CREST)

3P056 蛋白質のアミロイド線維形成の熱力学的解析

○浜田 大三¹⁾

1) 大阪府母子センター・免疫

Thermodynamic analysis of amyloid formation by proteins

Daizo Hamada (Dept Develop Infect Dis, Osaka Med Cent Matern and Child Health)

3P057 ジスルフィド結合欠損リゾチーム線維において水素/重水素交換から保護されるペプチド領域

○橋 秀樹¹⁾, 瀧沢 岳¹⁾, 河野 良平²⁾, 赤坂 一之²⁾, 中村 新子³⁾, 加藤 稔³⁾, 木村 雅也⁴⁾, 瀬川 新一⁴⁾

1) 神戸大・理・生物 2) 近畿大・生物理工・生物工学 3) 立命館大・理工・応用化学 4) 関西学院大・理工・物理

Peptide regions protected against hydrogen/deuterium-exchange in the fibril of a hen lysozyme disulfide-deficient variant

Hideki Tachibana (1), Takeshi Takizawa (1), Ryohei Kono (2), Kazuyuki Akasaka (2), Shinko Nakamura (3), Minoru Kato (3), Masaya Kimura (4), and Shin-ichi Segawa (4). (1: Dept Bio, Grad Sch Sci, Kobe Univ; 2: Dept Biotech Sci, Sch Biol-Oriented Sci Tech, Kinki Univ; 3: Dept Appl Chem, Coll Sci Eng, Ritsmeikan Univ; 4: Dept Phys, Sch Sci Tech, Kwansai Gakuin Univ)

3P059 家族性ALSに見られるSOD1蛋白質のアミロイド形成と翻訳後修飾過程による制御メカニズム

○古川 良明¹⁾, 金子 貢巳¹⁾, 山中 宏二¹⁾, 貫名 信行¹⁾

1) 理研・脳科学

Elimination of post-translational modifications in SOD1 leads to form pathological amyloid-like aggregates in familial ALS

Yoshiaki Furukawa (1), Kumi Kaneko (1), Koji Yamanaka (1) and Nobuyuki Nukina (1). (1: Brain Science Institute, RIKEN)

3P060 プリオンのダイナミクスに基づく抗プリオン薬のデザイン

○桑田 一夫¹⁾, 鎌足 雄司¹⁾, 松本 友治¹⁾, 中村 寛則¹⁾, 早野 陽介¹⁾

1) 岐阜大・CEID

Dynamics based drug design for prion diseases

Kazuo Kuwata, Yuji O. Kamatari, Tomoharu Matsumoto, Hironori K. Nakamura, Yousuke Hayano. (Center For Emerging Infectious Diseases, Gifu University)

3P061 NDSBによる蛋白質の凝集防止とNMR測定への応用

向 瓏¹⁾, 石井 毅¹⁾, 細田 和男¹⁾, 井上 裕介¹⁾, 行木 信一¹⁾, 窪田 健二¹⁾, 楯 真一²⁾, 河野 俊之³⁾, ○若松 馨¹⁾

1) 群馬大院・工学系・化学生物 2) 広島大院・理学系・数理分子 3) 三菱化学生命研

Prevention of protein aggregation by NDSB and its application to NMR measurements

Long Xiang (1), Takeshi Ishii (1), Kazuo Hosoda (1), Yusuke Inoue (1), Nobukazu Nameki (1), Kenji Kubota (1), Shin-ichi Tate (2), Toshiyuki Kohno (3), and Kaori Wakamatsu (1) (1: Dept Chemistry & Chemical Biology, Graduate School of Engineering, Gunma Univ; 2: Dept Mathematical & Life Sciences, Graduate School of Science, Hiroshima Univ; 3: Mitsubishi Kagaku Institute of Life Sciences)

3P067 WWドメインに見るタンパク質二量体の制御とデザイン

○大西 哲^{1,2)}, 柄尾 直哉¹⁾, 赤坂 領吾¹⁾, 原田 拓志¹⁾, 富澤 忠¹⁾, 佐藤 真奈美¹⁾, 小柴 生造¹⁾, 渡部 暁¹⁾, 関 英子¹⁾, 藤倉 由紀子¹⁾, 白水 美香子¹⁾, 木川 隆則^{1,3)}, 横山 茂之^{1,4)}

1) 理研横浜研究所 ゲノム科学総合研究センター タンパク質基盤研究グループ 2) 横浜市大 国際総合科学研究科 生体超分子科学専攻 3) 東工大・院総理工 4) 東大・院理・生化

Natural Design in Controlling Dimerization of a Protein Module: Lessons from the WW domains

Satoshi Ohnishi (1,2), Naoya Tochio (1), Ryogo Akasaka (1), Takushi Harada (1), Tadashi Tomizawa (1), Manami Sato (1), Seizo Koshihara (1), Satoru Watanabe (1), Eiko Seki (1), Yukiko Fujikura (1), Mikako Shirouzu (1), Takanori Kigawa (1,3), and Shigeyuki Yokoyama (1,4). (1: RIKEN Yokohama Institute, Genomic Sciences Center; 2: Dept Protein Fold Research, Graduate School of Integrated Science, Yokohama City Univ; 3: Dept Computational Intelligence and Systems Science, Interdisciplinary Graduate School of Science and Engineering, Tokyo Institute of Technology; 4: Dept Biophysics and Biochemistry, Graduate School of Science, The Univ of Tokyo)

3P071 パーコレーション転移における蛋白質水和水の構造とダイナミクス

○中川 洋¹⁾, 片岡 幹雄^{1,2)}

1)原子力機構・量子ビーム 2)奈良先端大・物質創成

Structure and dynamics of the protein hydration water at the percolation transition

Hiroshi Nakagawa(1) and Mikio Kataoka(1,2). (1:Quantum Beam Science Directorate, Japan Atomic Energy Agency; 2:Graduate School Materials Science, Nara Institute of Science and Technology)

3P072 ネットワーク溶液内における個別F-Actinの揺らぎ観察

○出川 雅士¹⁾, Hoffmann Bernd¹⁾, Merkel Rudolf¹⁾, Giesen Margret¹⁾

1)Forschungszentrum Juelich, IBN4

Direct observation of F-Actin fluctuations in network solutions

Masashi Degawa, Bernd Hoffmann, Rudolf Merkel and Margret Giesen. Institute for Bio- and Nanosystems 4: Biomechanics, Forschungszentrum Juelich

3P073 回転拡散運動からみたタンパク質間相互作用:ポリエチレングリコールの効果

○高橋 大輔¹⁾, 西本 悦子¹⁾, 山下 昭二¹⁾

1)九大院・生資環

Effects of polyethylene glycol on protein interactions revealed by rotational diffusion analysis

Daisuke Takahashi, Etsuko Nishimoto, and Shoji Yamashita (Institute of Biophysics, Faculty of Agriculture, Graduate School of Kyushu University)

3P074 粗視化モデルによるタンパク質の構造変化とリガンド結合の共役メカニズムの解明:分子モーターへの応用

○岡崎 圭一¹⁾, 高田 彰二²⁾

1)神戸大院・自然科学 2)京大院・理学

Coupled protein conformational change and ligand-binding affinity revealed by coarse-grained simulations: application to molecular motors

Kei-ichi Okazaki(1) and Shoji Takada(2). (1: Graduate School of Science and Technology, Kobe university; 2: Graduate School of Science, Kyoto university)

3P075 分子モーターSecAのアロステリーと天然トポロジーの関係

○下山 紘充^{1,2)}, 菊池 誠^{1,2,3,4)}

1)阪大理 2)阪大サイバー 3)阪大生命機能 4)JST

The mechanism of allostery of SecA determined by its overall topology

Hiromitsu Shimoyama (1,2) and Macoto Kikuchi(2,1,3,4). (1:Dept. of Physics, Osaka Univ.; 2:Cybermedia Center, Osaka Univ.; 3:Graduate School of Frontier Biosciences; 4:JST)

3P076 蛋白質分子内における不對極性基の統計解析

○西上 慎哉¹⁾, 松本 博希¹⁾, 関 安孝¹⁾, 曾田 邦嗣¹⁾

1)長岡技科大・生物系

Statistical Analysis of Unpaired Polar Groups in Protein Interior

Shin-ya Nishiue (1), Hiroki Matsumoto (1), Yasutaka Seki (1) and Kunitsugu Soda(1). (1:Department of Bioengineering, Nagaoka University of Technology)

3日目 (12/23) K会場午前 9:00~11:48

バイオイメージング、行動、発生・分化、分子遺伝、その他 (Bioimaging, Behavior, Development and differentiation, Molecular genetics, Others)

3P318 細胞質の分子篩効果による mRNA の細胞質内局在化

○山岸 舞^{1,2)}, 石浜 陽^{1,2)}, 白崎 善隆³⁾, 貴家 康尋⁴⁾, 寺田 佳代子⁴⁾, 原田 慶恵⁴⁾, 船津 高志^{1,2)}

1)東大・院薬 2)東大・ナノバイオインテグレーション 3)かずさ DNA 研 4)都臨床研

Subcellular localization of mRNA is attributed to molecular sieving effect

Mai Yamagishi (1, 2), Yo Ishihama (1, 2), Yoshitaka Shirasaki (3), Yasuhiro Sasuga (4), Kayoko Terada (4), Yoshie Harada (4) and Takashi Funatsu (1, 2) (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, The University of Tokyo; 2: CNBI; 3: Kazusa DNA Research Institute; 4: The Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science)

3P319 DNA helicase UvrD の一分子観察

○中条 裕子^{1,2)}, 横田 浩章^{2,3)}, 原田 慶恵^{1,2,4)}

1)東大院・新領域 2)都臨床研 3)PREST, JST 4)CREST, JST

Single-molecule observation of DNA binding/unwinding by DNA helicase UvrD

Yuko Chujo(1) (2), Hiroaki Yokota(2) (3), Yoshie Harada(1) (2) (4). (1: Dept. of Fronteir Science, Tokyo Univ.; 2: The Tokyo Metropol. Inst. of Med. Sci.; 3: PREST, JST; 4: CREST, JST)

- 3P320** 同時計測顕微鏡による DNA/ヘリカーゼ相互作用の 1 分子観察
 ○横田 浩章^{1,2)}, 韓 龍雲¹⁾, Allemand Jean-Francois³⁾, Xuguang Xi⁴⁾, Vincent Croquette³⁾, Bensimon David³⁾, 原田 慶恵^{1,5)}
 1) 都臨床研・一分子 Pj2) PREST, JST3) LPS, ENS, France4) LBPA, ENS Cachan, France5) CREST, JST
Single-molecule observation of DNA/helicase interaction by novel microscopy
 Hiroaki Yokota (1,2), Yong-Woon Han (1), Jean-Francois Allemand (3), Xuguang Xi (4), Vincent Croquette (3), David Bensimon (3), Yoshie Harada (1,5). (1: Dept. Mol. Physiol., The Tokyo Metropol. Inst. Med. Sci.; 2: PREST, JST; 3: LPS, ENS, France; 4: LBPA, ENS Cachan, France; 5: CREST, JST)
- 3P328** ペプチド間相互作用タグを用いた生細胞膜受容体の特異的蛍光ラベル法
 ○矢野 義明¹⁾, 矢野 亜希子¹⁾, 杉本 幸彦¹⁾, 松崎 勝巳¹⁾
 1) 京大院・薬
Specific fluorescence labeling of membrane receptors in living cells using peptide-peptide interaction
 Yoshiaki Yano, Akiko Yano, Yukihiko Sugimoto, and Katsumi Matsuzaki (Grad Sch Pharm Sci, Kyoto Univ)
- 3P330** 温度感受性ポリマーを用いた単一細胞内温度の蛍光イメージング
 ○大山 廣太郎¹⁾, 鈴木 団²⁾, Tseeb Vadim¹⁾, 岩井 薫³⁾, 石渡 信一^{1,2)}
 1) 早大院・理工研・物理 2) 早大・科健機構 3) 奈良女・理学部・化学
Fluorescence imaging of temperature in single living cells with thermosensitive polymers
 Kotaro Oyama (1), Madoka Suzuki (2), Vadim Tseeb (1), Kaoru Iwai (3), and Shin'ichi Ishiwata (1,2). (1: Department of Physics, Faculty of Science and Engineering, Waseda University; 2: ASMeW, Waseda University; 3: Department of Chemistry, Faculty of Science, Nara Women's University)
- 3P332** 触角に人工的な付属器を装着されたオカダンゴムシの探索行動 (その 2)
 ○森山 徹¹⁾
 1) はこだて未来大・複雑系
Exploratory behavior in pill bugs wearing artificial attachments on their antennae (2)
 Tohru Moriyama (Dept. Complex Syst., Future Univ.-Hakodate)
- 3P336** 細胞性粘菌の蛍光顕微単一細胞代謝測定
 ○住井 亮暢¹⁾, 中林 誠一郎¹⁾, 日台 智明²⁾, 國分 眞一郎²⁾
 1) 埼玉大学理 2) 日大医生理
The energy metabolism monitoring of single cell ameba
 Takanobu Sumii (1), Seiichiro Nakabayashi (1), Chiaki Hidai (2) and Shinichiro Kokubun (2). (1: Dept Chem, Graduate School of Sciences., Saitama Univ; 2: Dept Physiology, School of Medicine., Nihon Univ)
- 3P337** *Escherichia coli* が作り出す同心円状パターンにおける界面揺らぎの解析
 ○加藤 高基¹⁾, 前多 裕介²⁾, 時田 理恵¹⁾, 脇田 順一¹⁾, 松下 貢¹⁾, 佐野 雅己²⁾
 1) 中大・理工・物理 2) 東大院・理・物理
Analysis of interface fluctuations in concentric ring-like pattern of *Escherichia coli*
 Takaki Kato (1), Yusuke T. Maeda (2), Rie Tokita (1), Jun-ichi Wakita (1), Mitsugu Matsushita (1) and Masaki Sano (2). (1: Dept. of Physics, Chuo Univ., 2: Dept. of Physics, Univ. of Tokyo)
- 3P340** 形態形成と遺伝子発現をつなぐ細胞のインターカレーション
 ○本多 久夫¹⁾, 長井 達三²⁾, 種村 正美³⁾
 1) 兵庫大・健康科学 2) 九州共立大・工 3) 統計数理研
A cellular dynamics links gene expression to morphogenesis in the planar cell intercalation
 Hisao HONDA (1), Tatsuzo NAGAI (2) and Masaharu TANEMURA (3). (1: Hyogo Univ.; 2: Kyushu Kyoritsu Univ.; Inst. of Statistical Math.)
- 3P343** 線虫体壁筋タンパク質の量と時期を制御している転写因子の単離同定
 ○香川 弘昭¹⁾, 中山 典子¹⁾, 中川 貴美子¹⁾, 大内 正明¹⁾
 1) 岡山大学院・自然科学・バイオサイエンス
Isolation and characterization of transcription factors controlling quantity and timing of the body wall muscle proteins in *C. elegans*
 Hiroaki Kagawa (1), Nakayama Noriko (1), Oouchi Masaaki (1) and Ookubo Takahiro Divis of Bioscience, Graduate School of Natural Science and Technology, Okayama Univ
- 3P345** 原子間力顕微鏡を用いたポリソームプロファイルによる翻訳過程における開始確率と伸長速度の評価
 ○高木 昭彦^{1,2)}, 佐藤-美甘 江利子^{1,3)}, 松本 卓也¹⁾, 田中 裕行¹⁾, 西原 力³⁾, 川合 知二¹⁾
 1) 阪大・産研 2) 理研 3) 兵庫医療大・薬
Initiation Probability and Elongation Velocity in Translational Process Evaluated from Atomic Force

Microscopy based Polysomal Profiles

Akihiko Takagi (1, 2), Eriko Mikamo-Satoh (1, 3), Takuya Matsumoto (1), Hiroyuki Tanaka (1), Tsutomu Nishihara (3) and Tomoji Kawai (1). (1: ISIR, Osaka Univ.; 2: Riken; 3: Dept. of Pharm., Hyogo Univ. of Health Sciences)

3P352 ギムネマ酸の γ -シクロデキストリンによる包接複合化

○ 小道 信孝¹⁾, 泉谷 悠介²⁾, 中村 邦臣¹⁾, 金折 賢二³⁾, 織田 昌幸^{1,2)}

1) 京都府大・農 2) 京都府大・院農 3) 京都工繊大・院工芸科学

Inclusion complexation of gymnemic acid by γ -cyclodextrin

Nobutaka Komichi (1), Yusuke Izutani (2), Kuniomi Nakamura (1), Kenji Kanaori (3), Masayuki Oda (1, 2). (1: Faculty of Agriculture, Kyoto Prefectural University; 2: Graduate School of Agriculture, Kyoto Prefectural University; 3: Graduate School of Science and Technology, Kyoto Institute of Technology)

3P353 1 分子時系列から抽出する複雑ネットワーク-Kantorovich 計量空間における動態構造一

○ 清 一人¹⁾, 小松崎 民樹^{1,2)}

1) 神戸大学大学院自然科学研究科 2) JST/CREST

Complex network extracted from single molecule time series --Dynamical structure in Kantorovich metric space--

Kazuto Sei (1) and Tamiki Komatsuzaki (1, 2). (1: Graduate School of Science and Technology, Kobe University; 2: JST/CREST)

1 日目 (12/21)

蛋白質 (構造・構造機能相関) (Proteins- structure and structure-function relationship)

1P001 酵母ゲノムでの DNA 結合蛋白質の予測

○Ngahu Antony¹⁾, 上野 たくや¹⁾, Shandah Ahmad²⁾, 皿井 明倫¹⁾

1)Kyushu Institute of Technology Faculty of Information Engineering Department of Bioscience and Bioinformatics, Sarai Lab2)National Institute of Biomedical Innovation, Saito Asagi, Osaka, 567-0085, Japan

Predictions of DNA-Binding Proteins in the Yeast Genome

Antony Ngahu(1), Takuya Ueno(1), Shandar Ahmad(2), Akinori Sarai(1)(1:Kyushu Institute of Technology Faculty of Information Engineering Department of Bioscience and Bioinformatics, Sarai Lab.2:National Institute of Biomedical Innovation, Saito Asagi, Osaka, 567-0085, Japan)

1P002 ATP アナログ結合ミオシン結晶データのパッチ解析による構造比較

○永井 喜則¹⁾, 輪湖 博²⁾, 香川 浩³⁾, Hyde Stephen⁴⁾

1)国士舘大・情科セ 2)早稲田大・社会科学 3)日本医大・物理 4)AppliedMaths, RSPHySE, ANU

Comparative study of myosin structures using patch analysis for X-ray crystallography data of different ATP analog bound myosin

Y. Nagai (1), H. Wako (2), H. Kagawa (3), S. T. Hyde (4), (1:Center for Information Science, Kokushikan University, 2:School of Social Sciences, Waseda University, 3:Physics Laboratory, Nippon Medical School, 4:Department of Applied Mathematics, RSPHySE, Australian National University)

1P003 IP₃ レセプター・リガンド結合コアの IP₃ 非結合時分子動力学シミュレーション

○井田 洋一¹⁾, 瀧上 壮太郎¹⁾, 池口 満徳¹⁾, 木寺 詔紀¹⁾

1)横浜市大・国際総合・生体超分子

Molecular dynamics simulations of the ligand-binding core of the inositol 1,4,5-trisphosphate receptor in the ligand-free state

Yoichi Ida(1), Sotaro Fuchigami (2), Mitsunori Ikeguchi (1) and Akinori Kidera(1). (1:Supramolecular Biology, International Graduate School of Arts and Sciences, Yokohama City University)

1P004 方向性を考慮したタンパク質評価関数の改良

○牧野 祥嗣¹⁾, 伊藤 伸哉¹⁾

1)富山県大・工・生物工学

The improvement of the orientation-dependent scoring function for proteins

Yoshihide Makino and Nobuya Itoh

1P005 ドメインサイズの残基出現頻度と埋もれやすさに与える影響

○城田 松之¹⁾, 石田 貴士¹⁾, 木下 賢吾^{1,2)}

1)東大・医科研 2)SORST, 科技機構

Effect of domain size on residue frequency and propensity to be buried

Matsuyuki Shirota(1), Takashi Ishida(1), Kengo Kinoshita(1,2) (1:Inst. Med. Sci., Univ of Tokyo; 2: SORST, JST)

1P006 3 α ヒドロキシステロイド脱水素酵素の分子動力学計算：基質結合ループの構造変化

○中村 昇太¹⁾, 荳口 友隆²⁾, 山根 努²⁾, 池口 満徳²⁾, 片岡 佐智予³⁾, 古賀 舞子³⁾, 織田 昌幸³⁾, 小林 祐次⁴⁾, 大久保 忠恭⁵⁾

1)阪大・微研 2)横市大・生体超分子科学 3)京府大・農学 4)大阪薬科 5)阪大院・薬学

Molecular dynamics simulation of 3 α -hydroxysteroid dehydrogenase with NADH: Structural changes in the substrate-binding loop

Shota Nakamura (1), Tomotaka Oroguchi (2), Tsutomu Yamane (2), Mitsunori Ikeguchi (2), Sachiyo Kataoka (3), Maiko Koga (3), Masayuki Oda (3), Yuji Kobayashi (4), and Tadayasu Ohkubo (5). (1: Research Institute for Microbial Diseases, Osaka University, 2: Graduate School of Integrated Science, Yokohama City University, 3: Graduate School of Agriculture, Kyoto Prefectural University 4: Osaka University of Pharmaceutical Sciences, 5: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Osaka University.)

1P007 タンパク質ユビキチンの NMR 緩和と分子シミュレーション

○竹村 和浩¹⁾, 北尾 彰朗¹⁾

1)東大・分生研

NMR Relaxation and Molecular Simulation of Ubiquitin

Kazuhiro Takemura and Akio Kitao(Institute of Molecular and Cellular Biosciences, University of Tokyo)

1P008 グルタミン側鎖に関わる β シート間振動カップリングの理論的解析

○鳥居 肇¹⁾

1) 静岡大・教育

Theoretical analysis of the inter-beta-sheet vibrational coupling involving glutamine side chains

Hajime Torii (Dept Chemistry, School of Education, Shizuoka University)

1P009 ミオシン分子モータードメインにおけるリガンド依存的アロステリック構造変化に関する分子動力学計算

○梅原 暢紘¹⁾, 高野 光則¹⁾

1) 早大院・理工・物理

Molecular Dynamics Study on Ligand Induced Allosteric Transition in Myosin Motor Domain

Nobuhiro Umehara and Mitsunori Takano (Dept. of Physics, Science and Engineering, Waseda Univ.)

1P010 アクチンGF変換の分子動力学シミュレーション

○中村 恵美子¹⁾, 高野 光則¹⁾

1) 早大院・理工・物理

Molecular Dynamics Simulation of Actin G-F Transformation.

Emiko Nakamura and Mitsunori Takano (Dept of Physics, School of Science and Engineering, Waseda Univ.)

1P011 マルチカノニカル分子動力学法による水中および30%TFE溶液中でのhumaninの自由エネルギー地形

○八木沢 良介¹⁾, 神谷 成敏²⁾, 山岸 明彦¹⁾, 肥後 順一¹⁾

1) 東京薬科・生命 2) 阪大・臨床医工学融合研究センター

Free-energy landscapes of humanin in water and in TFE/water using multicanonical molecular dynamics

Ryosuke Yagisawa (1), Narutoshi Kamiya (2), Akihiko Yamagishi (1) and Junichi Higo (1).

(1:Laboratory of Bioinformatics, school of Life Science, Tokyo University of Pharmacy and Life sciences; 2:Graduate School of Medicine, Osaka University, Open Laboratories of Advanced Bioscience and Biotechnology)

1P012 自由エネルギー変分原理に基づくジヒドロ葉酸還元酵素の相対結合自由エネルギー計算

○坂本 龍則¹⁾, 菊地 武司¹⁾

1) 立命館大学・情報理工・生命情報

Relative Binding Free Energy Dehydrofolate Reductase inhibitors based on a Free Energy Variational Principle

Tatsunori Sakamoto, Takeshi Kikuchi (Dept Bioscience and Bioinformatics Col Information Science and Engineering Ritsumeikan Univ)

1P013 デノボ構造予測に向けた粗視化ランジュバン動力学法

○佐々木 尚¹⁾, 笹井 理生¹⁾

1) 名大院・工・計算理工

A coarse-grained Langevin molecular dynamics approach to *de novo* structure prediction

Takeshi N. Sasaki (1) and Masaki Sasai (1). (1:Department of Computational Science and Engineering, Nagoya University)

1P014 IgG 結合ドメインの立体構造の違いについて -残基間平均距離統計に基づく解析-

○菊地 武司¹⁾

1) 立命館大・情報理工・生命情報

3D structural Differences in the IgG Binding Domains -Analysis based on the Interresidue Average Distance Statistics-

Takeshi Kikuchi (Dept Bioscience and Bioinformatics, College of Information Science and Engineering, Ritsumeikan University)

1P015 ロングレンジの構造情報を利用した Musashi タンパク質と標的RNAとの複合体の構造解析

○大山 貴子¹⁾, 大柄 晶太¹⁾, 宮ノ入 洋平¹⁾, 古川 亜矢子¹⁾, 今井 貴雄²⁾, 岡野 栄之²⁾, 永田 崇¹⁾, 片平 正人^{1,3)}

1) 横浜市大・院国際総合科学 2) 慶大・医 3) PRESTO

Structural analysis of Musashi protein complexed with the target RNA with long-range structural information

Takako Ohyama (1), Shota Ogara (1), Youhei Miyanoiri (1), Ayako Furukawa (1), Takao Imai (2), Hideyuki Okano (2), Takashi Nagata (1), Masato Katahira (1, 3). 1: International Graduate School of Arts and Sciences, Yokohama City University; 2: Keio University School of Medicine; 3: PRESTO, JST

1P016 セルフタイマーを内蔵するタンパク質 EA4

○柴山 修哉¹⁾, 開 俊樹²⁾, 明石 知子³⁾, Tame Jeremy²⁾, 朴 三用²⁾

1)自治医大・生理・生物物理 2)横浜市大院・分子設計 3)横浜市大院・構造生物

EA4 is a protein with a built-in self-timer

Naoya Shibayama (1), Toshiki Hiraki (2), Satoko Akashi (3), Jeremy R. H. Tame (2) and Sam-Yong Park (2). (1:Dept. of Physiology, Div. of Biophysics, Jichi Medical Univ.; 2:Protein Design Lab., Yokohama City Univ.; 3:Structural Biology Lab., Yokohama City Univ.)

1P017 ATP依存性プロテアーゼ FtsH の mobile 領域の役割

○寿野 良二¹⁾, 下立 夏香¹⁾, 下山 真和¹⁾, 吉田 賢右¹⁾

1)東工大・資源研

The role of the mobile regions in the ATP-dependent protease activity of FtsH

Ryoji Suno(1), Natsuka Shimodate(1), Masakazu Shimoyama(1), Masasuke Yoshida(1). (1:1the Chemical Resources Laboratory, Tokyo Institute of Technology)

1P018 DIX ドメインを介する Wnt タンパク質の可逆的ポリマー化の構造基盤と Wnt シグナル制御モデル

○柴田 直樹^{1,4)}, Schwarz-Romond Thomas²⁾, Fiedler Marc²⁾, Jonathan Butler²⁾, 小森 博文^{1,4)}, 庄村 康人^{1,4)}, 山本 英樹³⁾, 菊池 章³⁾, Bienz Mariann²⁾, 樋口 芳樹^{1,4)}

1)兵庫県大・院生命理学 2)MRC Laboratory of Molecular Biology 3)広島大・院医歯薬 4)理研・播磨研

Structural basis of dynamic polymerization of DIX domains: a revised model of Wnt signaling.

Naoki Shibata (1,4), Thomas Schwarz-Romond (2), Marc Fiedler (2), P. Jonathan G. Butler (2), Hirofumi Komori (1,4), Yasuhito Shomura (1,4), Hideki Yamamoto (3), Akira Kikuchi (3), Mariann Bienz (2) and Yoshiki Higuchi (1,4). (1: Dept of Life Science, Graduate School of Life Science, Univ of Hyogo; 2: MRC Laboratory of Molecular Biology, Cambridge, UK; 3: Dept of Biochemistry, Graduate School of Biomedical Sciences, Hiroshima Univ; 4: The RIKEN SPring-8 Center)

1P019 転写開始における RNA polymerase の活性型と不活性型のスイッチ機構

○今清水 正彦¹⁾, 伊藤 啓¹⁾, 田中 寛²⁾, 村上 勝彦³⁾, 嶋本 伸雄¹⁾

1)国立遺伝研 2)東大・分生研 3)Penn State USA

Mg²⁺ and Mn²⁺-triggered switching between productive and abortive synthesis in cyanobacterial RNA polymerase

Masahiko Imashimizu (1), Hiroshi Itou (1), Tanaka Kan (2), Katsuhiko Murakami (3) and Nobuo Shimamoto (1). (1: National Institute of Genetics, 2: Inst of Mol Cell biosci, Univ. of Tokyo, 3: Penn State Univ USA)

1P020 放線菌由来 NRPS アデニレーションドメインの X 線結晶構造解析

○奥村 英夫¹⁾, 植木 雅志¹⁾, 城 宜嗣²⁾, 長田 裕之¹⁾

1)理研・和光 2)理研・播磨・SPring-8

Crystal structure of NRPS A domain from Streptomyces

Hideo Okumura (1), Masashi Ueki (1), Yoshitsugu Shiro (2) and Hiroyuki Osada (1). (RIKEN 1: Wako Inst.; 2: SPring-8 Center, Harima Inst.)

1P021 アーキロドプシン-2 の 3 量体におけるバクテリオルベリンの役割

○吉村 恵子¹⁾, 神山 勉¹⁾

1)名大院・理・物理

Bacterioruberin in the Trimeric Structure of Archaerhodopsin-2

Keiko Yoshimura(1), Tsutomu Kouyama(1) (1:Department of Physics, Graduate School of Science, Nagoya University)

1P022 SPring-8 における微小タンパク質結晶構造解析の現状

○清水 伸隆¹⁾, 河本 正秀¹⁾, 長谷川 和也¹⁾, 北村 吉章²⁾, 海老原 章郎²⁾, 上野 剛²⁾, 平田 邦生²⁾, 清水 哲哉²⁾, 二澤 宏司²⁾, 倉光 成紀^{2,3)}, 熊坂 崇¹⁾, 山本 雅貴^{1,2)}

1)SPring-8/JASRI 2)理研播磨 3)阪大院理

Present Status of Protein Micro-crystallography at SPring-8

N. Shimizu(1), M. Kawamoto(1), K. Hasegawa(1), Y. Kitamura(2), A. Ebihara(2), G. Ueno(2), K. Hirata(2), T. Shimizu(2), A. Nisawa(2), S. Kuramitsu(2,3), T. Kumasaka(1) and M. Yamamoto(1,2). (1: SPring-8/JASRI, 2:RIKEN SPring-8 Center, 3: Dept Biology, Graduate School of Science, Osaka University)

1P023 リアルタイム X 線小角散乱でみたシアノバクテリア時計蛋白質の離合集散ダイナミクス

○秋山 修志^{1,2)}, 野原 淳志^{3,4)}, 伊藤 和輝²⁾, 前田 雄一郎^{3,4)}

1)科学技術振興機構 さきがけ 2)理研播磨・放射光科学総合研究センター 3)名大院・理学研究科 4)ERATO アクチンフィラメント動態プロジェクト

Real-time SAXS Observation of Assembly and Disassembly Dynamics of Cyanobacterial Circadian Clock Proteins

Shuji Akiyama (1,2), Atsushi Nohara (3,4), Kazuki Ito (2), Yuichiro Maeda (3,4). (1: PRESTO, JST;

2: RIKEN SPring-8 Center; 3: Div. of Biol. Science, Graduate School of Science, Nagoya University;
4: ERATO Actin Filament Dynamics Project)

1P024 海鼠 (グミ) 由来溶血性レクチン CEL-III の多量化機構の X 線小角散乱による解析

○郷田 秀一郎¹⁾, 貞方 仁¹⁾, 久松 啓伍¹⁾, 柊 弓絃²⁾, 畠山 智充¹⁾

1)長崎大・工・応化 2)関西医大・物理

Analysis of the oligomerization mechanism of hemolytic lectin CEL-III derived from sea cucumber by small-angle X-ray scattering

Shuichiro Goda (1), Hitoshi Sadakata (1), Keigo Hisamatsu (1), Yuzuru Hiragi (2) and Tomomitsu Hatakeyama (1) (1: Dept Appl Chem, Fac of Eng, Nagasaki Univ; 2: Phys, Kansai Med Univ)

1P025 立体構造変化に伴い機能発現する抗菌ペプチドの設計

○山本 直樹¹⁾, 田村 厚夫¹⁾

1)神戸大院・理学研究科・化学専攻

Designing an antimicrobial peptide whose function is induced upon structural transformation

Naoki Yamamoto (1) and Atsuo Tamura (2)

1P026 CD28 細胞内領域とシグナル伝達分子との相互作用解析

○肥後 邦武¹⁾, 山野 友義¹⁾, 高橋 潤¹⁾, 織田 昌幸²⁾, 中川 将利³⁾, 森井 尚之⁴⁾, 伊藤 暢聡⁵⁾, 東 隆親³⁾, 安部 良¹⁾

1)東理大・生命研・免疫生物 2)京都府大院・農 3)東理大・生命研・生命情報 4)産総研・生物機能工学 5)東医歯大院・疾患生命科学

Interactions of recombinant Gads, Grb2, p85 subunit of PI3K, and their SH2 domains with CD28 cytoplasmic domains

Kunitake Higo (1), Tomoyoshi Yamano (1), Jun Takahashi (1), Masayuki Oda (2), Masatoshi Nakagawa (3), Hisayuki Morii (4), Nobutoshi Ito (5), Takachika Azuma (3), Ryo Abe (1). (1: Div. Immunobiol., Res. Inst. Bio. Sci., Tokyo Univ. of Sci.; 2: Graduate School of Agriculture, Kyoto Prefectural Univ.; 3: Div. Biosignal., Res. Inst. Bio. Sci., Tokyo Univ. of Sci.; 4: Inst. Biol. Funct. Resources, AIST; 5: School of Biomedical Sci., Tokyo Medical & Dental Univ.)

1P027 マルチカノニカルシミュレーションによって描かれる、水中のアルツハイマーβアミロイドペプチド Aβ (12-36) の自由エネルギー地形

○池部 仁善¹⁾, 神谷 成敏²⁾, 伊東 純一¹⁾, 神藤 平三郎³⁾, 山岸 明彦¹⁾, 肥後 順一¹⁾

1)東京薬科・生命科学 2)阪大・医 3)農業生物資源研・タンパク質研究ユニット

Free-energy landscape of the disordered state of an Alzheimer's β amyloid peptide in water studied by multicanonical molecular dynamics

Jinzen Ikebe (1), Narutoshi Kamiya (2), Jun-ichi Ito (1), Heisaburo Shindo (3), and Junichi Higo (1). (1: School of Life Sciences, Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences; 2: Clinical Genome Informatics Center, Kobe University, Graduate School of Medicine; 3: School of Pharmacy, Tokyo University of Pharmacy and Life sciences)

1P028 ランダム配列タンパク質からの機能と構造の進化

○豊田 一志¹⁾, 中島 敏博^{1,2)}, 卜部 格¹⁾, 四方 哲也^{3,4,5)}

1)阪大院・工・生命先端 2)化血研 3)阪大院・情報科学 4)阪大院・生命機能 5)ERATO, JST

Evolution of functionality and structure from a random-sequence protein.

Hitoshi Toyota(1), Toshihiro Nakashima(1)(2), Itaru Urabe(1) and Tetsuya Yomo(3)(4)(5) (1: Evolution and Life System Science, Dept Biotechnology, Graduate School of Engineering, Osaka Univ; 2: Chemo-Sero-Therapeutic Research Institute; 3: Graduate School of Information Science and Technology, Osaka Univ; 4: Graduate School of Frontier Bioscience, Osaka Univ; 5: Complex Systems Biology Project, ERATO, JST)

1P029 脱窒菌 *Alcaligenes xylosoxidans* における亜硝酸還元酵素-シトクロム c551 間電子伝達 の速度論的ならびに構造的証拠

○小手石 泰康¹⁾, 野尻 正樹¹⁾, 山口 和也¹⁾, 鈴木 晋一郎¹⁾

1)阪大院理

Kinetic and structural evidence for the electron transfer between cytochrome c551 and nitrite reductase from *Alcaligenes xylosoxidans*

Hiroyasu Koteishi, Masaki Nojiri, Kazuya Yamaguchi and Shinnichiro Suzuki. (Department of Chemistry, Graduate School of Science, Osaka Univ)

蛋白質 (機能) (Proteins- functions)

1P030 アルギニン A D P リボシル化毒素のアクチン認識分子機構

○津下 英明¹⁾, 永浜 政博²⁾, 小田 真隆²⁾, 岩本 忍²⁾, 宇都宮 敬子¹⁾, 櫻井 純²⁾

1)Tokushima Bunri University, Institute for Health Sciences 2)Tokushima Bunri University, Faculty

of Pharmaceutical Science

Molecular Mechanism of Actin Recognition by Arginine ADP-ribosylating Toxin

Hideaki Tsuge(1), Hiroko Utsunomiya(1), Masahiro Nagahama (2), Masataka Oda(2), Shinobu Iwamoto (2) and Jun Sakurai(2). (1: Institute for Health Sciences, Tokushima Bunri University; 2: Faculty of Pharmaceutical Sciences, Tokushima Bunri University)

1P031 ニトリルヒドラーゼによる新規基質 tert-butyl isocyanide の加水分解反応 : ATR-FTIR 法による生成物の同定

○鈴木 博行¹⁾, 橋本 浩一²⁾, 養王田 正文²⁾, 尾高 雅文²⁾, 野口 巧¹⁾

1) 筑波大・数理物質科学 2) 東京農工大・院・工

Hydrolysis Reaction of a New Substrate tert-butyl isocyanide Catalyzed by Nitrile Hydratase: Product Analysis by ATR-FTIR Spectroscopy

Hiroyuki Suzuki (1), Kouichi Hashimoto (2), Masafumi Yohda (2), Masafumi Odaka (2) and Takumi Noguchi (1). (1: Inst. of Mater. Sci., Univ. of Tsukuba; 2: Dept. Biotechnol., Tokyo Univ. Agric. and Technol.)

1P032 MHCII 分子のペプチド交換反応機構の動的解析

○小園 晴生¹⁾, 小川 直樹²⁾, 佐川 琢麻³⁾, 東 隆親¹⁾, 佐々木 裕次³⁾, 金川 修身²⁾

1) 東京理科大・生命研 2) 理研・免疫アレルギー 3) Spring8/JASRI

pH induced dynamics enables the peptide exchange of MHCII molecules

Haruo Kozono(1), Naoki Ogawa(2), Takuma Sagawa(3), Takachika Azuma(1), Yuji Sasaki(3), Osami Kanagawa(2). (1: RIBS, Tokyo Univ of Science; 2: RIKEN, Allergy and Immunology; 3: Spring8/JASRI)

1P033 急速混合凍結 EPR 法による P450cam 反応サイクルにおける新しい反応中間体の観測

竹本 浩史¹⁾, 井上 直樹¹⁾, 堀 洋¹⁾

1) 阪大院・基礎工・生体工学

Direct observation of novel intermediate species during the catalytic cycle of cytochrome P450cam by rapid mixing freeze-quench EPR method

Koji Takemoto, Naoki Inoue and Hiroshi Hori. (Division of Bioengineering, Graduate School of Engineering Science, Osaka Univ.)

1P034 クモの糸の分子および力学特性

○宮澤 光博¹⁾, 日高 雄二²⁾, 横井 佐代子³⁾

1) 生物資源研 2) 近畿大・理工・生命科学 3) 近畿大院・総合理工

Molecular and mechanical properties of spider silk

Mitsuhiro Miyazawa (1), Yuji Hidaka (2) and Sayoko Yokoi (3). (1: Natl Inst Agrobiological Sciences; 2: Dept Life Science, School of Science and Engineering, Kinki Univ; 3: Graduate School of Science and Technology, Kinki Univ)

1P035 GroEL の C 末端欠損変異は ATP 加水分解反応を遅くする

○鈴木 深保子¹⁾, 三浦 貴宏²⁾, 上野 太郎¹⁾, 飯塚 怜¹⁾, 座古 保³⁾, 船津 高志¹⁾

1) 東大・院薬 2) 早大院・生命理工 3) 理研

C-terminal region of GroEL is required for a regular ATP hydrolysis cycle

Mihoko Suzuki(1), Takahiro Miura(2), Taro Ueno(1), Ryo Iizuka(1), Tamotsu Zako(3), Takashi Funatsu(1). (1: Dept. Bioorganic Chemistry, Graduate School of Pharmaceutical Science, the Univ. of Tokyo; 2: Dept. Bioscience & Biomedical Engineering, Graduate School of Science & Engineering, WASEDA Univ.; 3: RIKEN)

1P036 ADP が対称型 1:2 GroEL-GroES 複合体の形成を阻害する

○鮫島 知哉¹⁾, 上野 太郎¹⁾, 飯塚 怜¹⁾, 石井 則行²⁾, 寺田 尚史^{1,3)}, 船津 高志¹⁾

1) 東大・院薬 2) 産総研・生物情報 3) 理研・バイオ工学

ADP inhibits the formation of a symmetric 1:2 GroEL-GroES complex

Tomoya Sameshima (1), Ueno Taro (1), Ryo Iizuka (1), Noriyuki Ishii (2), Naofumi Terada (1,3) and Takashi Funatsu (1). (1: the Grad. Sch. of Pharm. Sci., the Univ. of Tokyo; 2: Biol. Info. Res. Center, AIST; 3: Bioengineering Laboratory, RIKEN)

1P037 高速原子間力顕微鏡による GroEL-GroES の結合・解離測定

○山本 大輔^{1,2)}, 谷口 雅昭¹⁾, 安藤 敏夫^{1,2)}

1) 金大・理 2) JST/CREST

Measurements of GroEL-GroES binding-release action by high speed AFM

Daisuke Yamamoto(1,2), Masaaki Taniguchi(1) and Toshio Ando(1,2). (1: Dept Physics, School of Science, Kanazawa University, Japan, 2: JST/CREST, Japan)

1P038 シャペロニン GroEL の第二の ATP 結合部位の同定

○高橋 一暢¹⁾, 榎 互介¹⁾, 桑島 邦博¹⁾

1) 岡崎総合バイオ・戦略的方法論研究領域

Identification of the second ATP binding site of GroEL

Kazunobu Takahashi (1), Kosuke Maki (1), Kunihiro Kuwajima (1). (1: Department of Strategic Methodology, Okazaki Institute for Integrative Bioscience, National Institutes of Natural Science

1P039 蛍光プローブを用いた Group II 型シャペロニンの helical protrusion の動的解析

○増田 莉恵¹⁾, 神前 太郎¹⁾, 飯塚 怜²⁾, 高橋 一暢³⁾, 榎 互介⁴⁾, 石井 則行⁵⁾, 桑島 邦博³⁾, 養王田 正文¹⁾

1) 農工大・院工 2) 東大・院薬 3) 岡崎総合バイオ 4) 名大・院理・物理 5) 産総研・生物情報

Dynamic analysis of helical protrusion of group II chaperonins using fluorescent probes

Rie MASUDA(1), Taro KANZAKI(1), Ryo IIZUKA(2), Kazunobu TAKAHASHI(3), Kosuke Maki(4), Noriyuki ISHII(5), Kunihiro KUWAJIMA(3), Masafumi YOYODA(1) (1:Dept. of Biotechnol., Tokyo Univ. of Agric. and Technol.; 2:Dept. of Pharmacy, Univ. of Tokyo; 3:Okazaki Inst. for Integrative Biocscience; 4:Dept. of Phys., Grad. Sch. of Sci., Nagoya Univ.; 5:Biol. Info. Res. Cent., AIST)

1P040 グループ II 型シャペロニンのサブユニット間協同性における ATPase の役割

○神前 太郎¹⁾, 飯塚 怜²⁾, 高橋 一暢³⁾, 榎 互介⁴⁾, 石井 則行⁵⁾, Muhamad Sahlan¹⁾, 古谷 昌弘⁶⁾, 桑島 邦博³⁾, 養王田 正文¹⁾

1) 農工大・院工 2) 東大・院薬 3) 岡崎総合バイオ 4) 名大・院理・物理 5) 産総研・生物情報 6) 積水化学・水無瀬研

Role of ATP hydrolysis in the cooperativity of subunits of group II chaperonins

Taro KANZAKI(1), Ryo IIZUKA(2), Kazunobu TAKAHASHI(3), Kosuke Maki(4), Noriyuki ISHII(5), Muhamad Sahlan(1), Masahiro FURUTANI(6), Kunihiro KUWAJIMA(3), Masafumi YOYODA(1) (1:Dept. of Biotechnol., Tokyo Univ. of Agric. and Technol.; 2:Dept. of Pharmacy, Univ. of Tokyo; 3:Okazaki Inst. for Integrative Biocscience; 4:Dept. of Phys., Nagoya Univ.; 5:Biol. Info. Res. Cent., AIST; 6:Minase Research Laboratory, Sekisui Chemical Co. Ltd)

1P041 如何にしてプロテアソームは分解する蛋白質を選ぶのか？

○伊野部 智由¹⁾, Prakash Sumit¹⁾, Tian Lin¹⁾, Matouschek Andreas¹⁾

1) BMBCB, Northwestern Univ.

SELECTING PROTEINS FOR DEGRADATION: THE INITIATION STEP

Tomonao Inobe, Sumit Prakash, Lin Tian, and Andreas Matouschek (Department of Biochemistry, Molecular Biology and Cell Biology, Northwestern University)

1P042 線虫 p97 ホモログ CDC-48.1 の協同的 ATP 加水分解機構

○錦織 伸吾¹⁾, 山中 邦俊¹⁾, 江崎 雅俊¹⁾, 小椋 光¹⁾

1) 熊本大・発生研

Cooperative ATP hydrolysis mechanism of CDC-48.1, a p97 homologue from *C. elegans*

Shingo Nishikori, Kunitoshi Yamanaka, Masatoshi Esaki, and Teru Ogura (Division of Molecular Cell Biology, Institute of Molecular Embryology and Genetics, Kumamoto Univ)

1P043 Elastic Network model の基準振動解析によるインテグリンの構造変化の解析

○松本 淳^{1,2)}, 鎌田 徹治³⁾, 高木 淳一⁴⁾, 岩崎 憲治^{2,4)}, 由良 敬^{1,2)}

1) 日本原子力研究開発機構・システム計算科学センター 2) CREST, JST 3) 慶大・医 4) 阪大・蛋白研

Snap residues of integrin activation identified by elastic network normal mode analysis

Atsushi Matsumoto (1,2), Tetsuji Kamata (3), Junichi Takagi (4), Kenji Iwasaki (2,4), Kei Yura (1,2) (1: Center for Computational Science and Engineering, Japan Atomic Energy Agency; 2: CREST, JST; 3: School of Medicine, Keio University; 4: Institute for Protein Research, Osaka University)

1P044 Molecular simulations toward predicting free energy change of Human Beta-Glactosidase-NOEV complex

○徐 広幸¹⁾, 柚木 克之²⁾, 榎原 康文^{1,2)}

1) 慶大院・理工学・基礎理工 2) 慶大・理工・生命

Molecular simulations toward predicting free energy change of Human Beta-Glactosidase-NOEV complex

Hiroyuki Jo (1), Katsuyuki Yugi (2), Yasubumi Sakakibara (1,2). (1:School of Fundamental Science and Technology, Graduate School of Science and Technology, Keio University; 2:Dept Life Science and Informatics, Science and Technology, Keio University)

1P045 タンパク質ーリガンド複合体予測構造の分子シミュレーションによる評価

○小田 彰史^{1,2)}, 鷹野 優²⁾, 中村 春木²⁾, 山乙 教之³⁾, 広野 修一³⁾, 高橋 央宜¹⁾, 松崎 久夫¹⁾

1) 東北薬大薬 2) 阪大蛋白研 3) 北里大薬

Molecular simulations of protein-ligand structures constructed by computational docking

Akifumi Oda (1, 2), Yu Takano (2), Haruki Nakamura (2), Noriyuki Yamaotsu (3), Shuichi Hirono (3), Ohgi Takahashi (1), Hisao Matsuzaki (1). (1: Faculty of Pharm Sci, Tohoku Pharm Univ; 2: Institute for Protein Research, Osaka Univ; 3: School of Pharm Sci, Kitasato Univ)

1P046 生体分子の自由エネルギー地形の解析

○桜庭 俊¹⁾, 北尾 彰朗²⁾

1) 東大院・新領域・情報生命 2) 東大・分生研

Estimating the free energy profile of biomolecules

Shun Sakuraba (1) and Akio Kitao (2). (1: Dept Computational Biology, Graduate School of Frontier Sciences, Univ of Tokyo; 2: Institute of Molecular & Cellular Biosciences, Univ of Tokyo)

1P047 QM/MM シミュレーションによる Pin1 蛋白質の Cis-Trans 異性化酵素活性研究

○米澤 康滋¹⁾, 神谷 成敏²⁾, 中村 春木¹⁾

1) 阪大・蛋白研 2) 阪大・MEI

QM/MM simulation study on the mechanism of cis-trans isomerization of human Pin1 protein

Yasushige Yonezawa (1), Narutoshi Kamiya (2), Haruki Nakamura (1)

1P048 CLE 酵素による生分解性プラスチックの分解機構

○榮 慶丈^{1,2)}, 松原 世明^{1,2)}, 相田 美砂子^{1,2)}, 近藤 英昌³⁾, 正木 和夫⁴⁾, 家藤 治幸⁴⁾

1) 広島大院理 2) 広島大 QuLiS3) 産総研 4) 酒総研

Theoretical study of the mechanism of the enzymatic hydrolysis of biodegradable plastics

Yoshitake Sakae (1, 2), Toshiaki Matsubara (1, 2), Misako Aida (1, 2), Hidemasa Kondou (3), Kazuo Masaki (4) and Haruyuki Iefuji (4). (1: Center for Quantum Life Sciences and Graduate School of Science, Hiroshima Univ; 2: National Institute of Advanced Industrial Science and Technology; 3: National Research Institute of Brewing

1P049 アデニル酸キナーゼの反応機構に関する理論的研究

○神谷 健秀¹⁾

1) 北里大・理・物理

Theoretical study on the reaction mechanism of adenylate kinase

Kenshu Kamiya (Dept Phys, School of Science, Kitasato University)

1P050 Ras の加水分解反応における揺らぎと構造変化

○小林 千草¹⁾, 斉藤 真司¹⁾

1) 分子研・理論・計算分子科学

Fluctuations and Conformational changes along GTP hydrolysis on Ras

Chigusa Kobayashi and Shinji Saito (Institute for Molecular Science)

1P051 3次元 RISM 理論によるミオグロビンにおける一酸化炭素および酸素の脱着反応経路の解析

○平岡 隆介¹⁾, 今井 隆志¹⁾, コバレンコ アンドリー²⁾, 平田 文男³⁾

1) 立命館大・情報理工・生命情報 2) NRC・NINT 3) 分子研

Molecular mechanism of the dissociation of carbon monoxide and oxygen from myoglobin studied by the 3D-RISM theory

Ryusuke Hiraoka (1), Takashi Imai (1), Andriy Kovalenko (2) and Fumio Hirata (3). (1: Dept Bioscience and Bioinformatics, Ritsumeikan Univ; 2: NINT. NRC; 3: IMS)

蛋白質 (計測解析の方法論) (Proteins-methodology)

1P052 光受容蛋白質 (PYP) 光サイクルの構造変化における P h e 6 と L y s 1 2 3 の役割

○KHAN Shahbaz Javaid¹⁾, 寺嶋 正秀²⁾, 片岡 幹雄³⁾, 針貝 美樹³⁾, 七田 芳則¹⁾, 今元 泰¹⁾

1) 京大学院理学研究科生物物理学教室 2) 京大院理学研究科光物理化学研究室 3) 奈良先端科学技術大院物質創成科学

Role of Phe6 and Lys123 in conformational change of photoactive yellow protein photocycle

Javaid Shahbaz Khan (1), Masahide Terazima (3), Mikio Kataoka (2), Miki Harigai (1), Yoshinori Shichida (1) and Yasushi Imamoto (1) (1: Dept Biophysics, Graduate School of Science, Kyoto Univ; 2: Graduate School of Materials Science, Nara Institute of Science & Technology; 3: Dept Chem, Graduate School of Science, Kyoto Univ)

1P053 単粒子解析における高精度 2次元平均画像生成法の開発

○川田 正晃¹⁾, 佐藤 主税²⁾

1) 産総研・グリッド 2) 産総研・脳神経

New robust method to create finer two-dimensional average images in single particle analysis

Masaaki Kawata, Chikara Sato. (National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST))

1P054 単粒子解析のための粒子投影方向決定の手法—シノグラムライン特徴量とその応用

○村山 涼子¹⁾, 安永 卓生¹⁾

1) 九工大院 情報工学研究科 情報科学専攻

A novel method to determine Euler angles for single particle analysis : Sinogram-line features and its application

Ryoko Murayama(1) and Takuo Yasunaga(1) (1:Department of Bioscience & Bioinformatics, Graduate School of Computer Science & Systems Engineering, Kyushu Institute of Technology)

1P055 多種の処理ツールの統合による半自動3次元再構成システム

○新名 人士¹⁾, 谷口 佳苗¹⁾, 西野 有里²⁾, 岩崎 憲治³⁾, 高木 淳一³⁾, 宮澤 敦夫²⁾, 安永 卓生¹⁾

1) 九工大院・情報工学系・情報科学 2) 理化学研究所・播磨研 3) 阪大・タンパク質研

Development of Three-Dimensional Reconstruction System by integration of many processing tools

Hitoshi Nina(1), Kanae Taniguchi(1), Yuri Nishino(2), Kenji Iwasaki(3), Junichi Takagi(3), Atsuo Miyazawa(2), Takuo Yasunaga(1) (1:Department of Bioscience and Bioinformatics, Computer Science and System Engineering, Kyushu Institute of Technology Graduate School; 2:RIKEN Spring-8 Center, Harima; 3:Institute for Protein Research, Osaka University)

1P056 トップエントリー型極低温電子顕微鏡を用いた電子線トモグラフィ法における最適撮影条件の探索に関する研究

○葦原 雅道¹⁾, 加藤 貴之²⁾, 宮田 知子¹⁾, 難波 啓一^{1,2)}

1) 阪大院・生命機能 2) JST・ICORP・超分子ナノマシン

Optimal conditions for electron cryotomography with liquid helium-cooled specimen stage

Masamichi Ashihara (1), Takayuki Kato (2), Tomoko Miyata (1), and Keiichi Namba (1, 2). (1: Grad. Sch. of Frontier Biosci., Osaka Univ.; 2: Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST)

1P057 固体 NMR による完全水和マルチラメラベシクル中の脂質分子の局所運動性解析

○西村 勝之¹⁾

1) 分子科学研究所

Determination of Local Mobility of Lipid in Fully Hydrated MLV by Solid State NMR

Katsuyuki Nishimura(1). (1: Institute for Molecular Science)

1P058 主成分解析を用いた NMR 滴定実験のデータ解析

○櫻井 一正¹⁾, 後藤 祐児¹⁾

1) 阪大・蛋白研

Principal component analysis of the pH-dependent conformational transitions of bovine β -lactoglobulin monitored by heteronuclear NMR

Kazumasa Sakurai and Yuji Goto. (Inst Protein Res, Osaka Univ)

1P059 統合管理型 NMR データ解析ソフトウェア KUJIRA: グラフデータ構造の導入によるインタラクティブな解析

○小林 直宏¹⁾, 柄尾 尚哉¹⁾, 富沢 忠¹⁾, 小柴 生造¹⁾, 木川 隆則^{1,2)}, 横山 茂之^{1,3)}

1) 理研 GSC 2) 東工大・院総理工 3) 東大・院理

Interactive and systematic NMR data analysis based on graph data structure on the integrated NMR data analysis platform, KUJIRA.

Naohiro Kobayashi (1), Naoya Tochio (1), Tadashi Tomizawa (1), Seizo Koshiba (1), Takanori Kigawa (1, 2), and Shigeyuki Yokoyama(1, 3) (1: RIKEN Genomic Sciences Center; 2: Tokyo Institute of Technology; 3: University of Tokyo)

1P060 3重共鳴4次元 NMR 測定への非線形サンプリングの応用

○重光 佳基^{1,2)}, 土江 祐介¹⁾, Daniel Nietlispach³⁾, Markus Waelchli⁴⁾, 伊藤 隆^{1,2)}

1) 首都大(都立大)・理 2) CREST/JST 3) Department of Biochemistry, University of Cambridge 4) ブルカーバイオスピン

Applications of nonlinear sampling scheme for four dimensional triple resonance NMR spectroscopy.

Yoshiki Shigemitsu (1, 2), Yuusuke Tsuchie (1), Daniel Nietlispach (3), Markus Waelchli (4), Yutaka Ito (1, 2). (1: Department of Chemistry, Tokyo Metropolitan University; 2: CREST/JST; 3: Department of Biochemistry, University of Cambridge; 4: Bruker Biospin)

1P061 ポンプ・プローブテラヘルツ分光装置の開発と生体高分子の低周波振動と機能研究への応用

○村上 洋¹⁾, 西 孝樹^{1,2)}, 豊田 祐司^{1,3)}

1) 原子力機構・関西光研 2) 京都工繊大・工学化学研究科 3) 大阪市大・工学研究科・電子情報

Development of pump-probe THz spectroscopy system and its application to studies on low-frequency vibrations and functions of biomolecules

Hiroshi Murakami(1), Takaki Nishi (1, 2) and Yuji Toyota (1, 3). (1: Kansai Photon Science Institute, Japan Atomic Energy Agency, 2: Division of Chemistry and Materials Technology, Graduate School of Science and Technology, Kyoto Institute of Technology 3: Dept Applied Physics, Graduate School of

Engineering, Osaka City Univ)

1P062 ラマン分光法による Hen-Egg-White-Lysozyme 水溶液の低振動数領域の collective mode の帰属

○樋口 泰則¹⁾, 加藤 稔¹⁾

1)立命館・応化

Raman spectral assignment of collective mode of hen-egg-white-lysozyme

Yasunori Higuchi, Minoru Kato. (Dept Applied Chemistry, Ritsumeikan Univ)

1P063 構造変化に伴う水和蛋白質分子の X 線スペックルパターンのシミュレーション

○坂本 啓太¹⁾, 池口 満徳²⁾, 中迫 雅由¹⁾

1)慶大・理工・物理 2)横浜市大院・総合理学

Simulation on the X-ray speckle patterns of a hydrated protein molecule with conformational variations

Keita Sakamoto (1), Mitsunori Ikeguchi (2) and Masayoshi Nakasako (1). (1: Dept Physics, Faculty of Science and Technology, Keio Univ; 2: Graduate School of Integrated Science, Yokohama City Univ)

1P064 X 線 CCD 検出器における X 線溶液散乱パターンの PSF デコンボリューションによる補正

○杉本 泰伸¹⁾, 稲野 大輔¹⁾, 若林 克三¹⁾

1)阪大院・基礎工

Correction of X-ray solution scattering pattern with PSF deconvolution in CCD-based detector utilizing X-ray image intensifier

Yasunobu Sugimoto, Daisuke Inano, and Katsuzo Wakabayashi. (Graduate School of Engineering Science, Osaka University)

1P065 ヨードチロシン導入によるタンパク質の結晶構造解析

○村山 和隆^{1,2)}, 赤坂 領吾²⁾, 村山(加藤) 美幸²⁾, 寺田 貴帆²⁾, 坂本 健作²⁾, 白水 美香子²⁾, 横山 茂之^{2,3)}

1)東北大・先進医工 2)理研・GSC3)東大・理

X-ray structure analyses for iodo-tyrosine incorporated proteins

Kazutaka Murayama(1,2), Ryogo Akasaka(2), Miyuki Kato-Murayama(2), Takaho Terada(2), Kensaku Sakamoto(2), Mikako Shirouzu(2), Shigeyuki Yokoyama(2,3). (1:Biomedical Engineering Research Organization, Tohoku Univ; 2:Genomic Sciences Center, RIKEN; 3: Dept Biological Chem., Graduate School of Science., Univ. of Tokyo)

1P066 単分子 X 線回折像からの立体構造構築法の開発

○徳久 淳師¹⁾, 石田 恒^{1,2)}, 松本 淳²⁾, 河野 秀俊¹⁾, 郷 信広³⁾

1)原子力機構・量子ビーム 2)原子力機構・システム計算科学 3)原子力機構

Development of a computational method for single-molecule X-ray structure determination

Atsushi Tokuhisa(1), Hisashi Ishida(1)(2), Atsushi Matsumoto(2), Hidetoshi Kono(1), and Nobuhiro Go(3) (1:Quantum Beam Science Directorate, Japan Atomic Energy Agency (JAEA); 2:CCSE, JAEA; 3:JAEA)

1P067 不可能を可能にするマイクロフォーカスビームライン

○平田 邦生¹⁾, 二澤 宏司¹⁾, 上野 剛¹⁾, 清水 伸隆¹⁾, 熊坂 崇²⁾, 山本 雅貴¹⁾

1)理化学研究所・播磨・放射光総合科学研究センター・研究技術開発室 2)(財)高輝度光科学研究センター

The micro-focus beamline to open the new field of protein micro-crystallography

Kunio Hirata(1), Atsushi Nisawa(1), Go Ueno(1), Nobutaka Shimizu(2), Takashi Kumasaka(2) and Masaki Yamamoto(1) (1: Division of Synchrotron Radiation Instrumentation, RIKEN SPring-8 Center, Harima Institute; 2: Japan Synchrotron Radiation Research Institute)

1P068 等温滴定熱量測定および示差走査熱量測定によるリゾチーム・阻害剤相互作用の解析

○山本 綾¹⁾, 宇於崎 麻衣子¹⁾, 城所 俊一¹⁾

1)長岡技科大・生物系

Thermodynamic analysis of lysozyme-inhibitor interaction by isothermal titration calorimetry and differential scanning calorimetry

Aya Yamamoto(1), Maiko Uozaki(1), Shun-ichi Kidokoro(1). (1:Department of Bioengineering, Nagaoka University of Technology)

1P069 蛍光標識アミノ酸の導入によるタンパク質機能の蛍光分析

○飯島 一生¹⁾, 芳坂 貴弘¹⁾

1)北陸先端大・マテリアルサイエンス

Fluorescence analysis of protein function by incorporation of fluorescent amino acids

Issei Iijima(1), Hohsaka Takahiro(1). (1:School of Materials Science., Japan Advance Institute of Science and Technology)

1P070 Designing T cell epitope peptides that bind promiscuously to several HLA class I molecules

○宇高 恵子¹⁾, 平地 泰子¹⁾, 片岡 佐誉¹⁾

1)高知大・医・免疫

Designing T cell epitope peptides that bind promiscuously to several HLA class I molecules

Keiko Udaka, Yasuko Hirachi, Sayo Kataoka (Department of Immunology, Kochi Medical School)

1P071 データベース解析によるタンパク質の極性原子周辺の水和構造予測

○松岳 大輔¹⁾, 中迫 雅由¹⁾

1)慶應大院・基礎理工・物理

Prediction of hydration structures around polar protein atoms through a data-base analysis

Daisuke Matsuoka (1) and Masayoshi Nakasako (1). (1: Graduate School of Science and Technology, Keio University)

1P072 アミノ酸配列における電荷周期性の解析によるゲノム比較

○柯 閔聡¹⁾, 美宅 成樹¹⁾

1)名大院・工・応用物理

Genome comparison by analysis of charge periodicity in amino acid sequences

Runcong Ke and Shigeki Mitaku. (Dept Appl Phys, Graduate School of Engineering, Nagoya Univ)

1P073 生体系時系列データから動力学諸量を抽出する方法論

○寺本 央¹⁾, 小松崎 民樹¹⁾

1)神戸大・理・地惑

From time series of biological systems to their dynamical

Hiroshi Teramoto (1) and Tamiki Komatsuzaki (1). (1: Department of Earth and Planetary Sciences, Faculty of Science, Kobe University)

1P074 リガンド結合によるタンパク質の構造変化の動的過程：時間依存の摂動による線型応答理論

○成富 佑輔¹⁾, 澗上 壮太郎¹⁾, 池口 満徳¹⁾, 木寺 詔紀¹⁾

1)横浜市大院

Dynamical process of protein conformational change upon ligand binding: Linear response theory with time-dependent perturbation

Yusuke Naritomi (1), Sotaro Fuchigami (1), Mitsunori Ikeguchi (1) and Akinori Kidera (1). (1: International Graduate School of Arts and Sciences, Yokohama City University)

1P075 1分子時系列から抽出するタンパク質ダイナミクスにおける階層的複雑ネットワークと情報の流れ

○Li Chun-Biu¹⁾, 小松崎 民樹^{1,2)}, Haw Yang³⁾

1)Nonlinear Science Laboratory, Department of Earth and Planetary Science, Faculty of Science, Kobe University 2)JST/CREST 3)Department of Chemistry, University of California at Berkeley

COMPLEX MULTI-SCALE NETWORKS AND INFORMATION FLOWS FOR PROTEIN DYNAMICS FROM SINGLE-MOLECULE TIME SERIES

Li Chun Biu(1), Tamiki Komatsuzaki(1,2) and Haw Yang(3). (1:Nonlinear Science Laboratory, Department of Earth and Planetary Science, Faculty of Science, Kobe University; 2:JST/CREST; 3:Department of Chemistry, University of California at Berkeley)

1P076 グラム陰性菌の高精度タンパク質細胞内局在予測方法の開発

○今井 賢一郎^{1,2)}, 朝川 直行²⁾, 辻 敏之²⁾, 赤澤 史嗣²⁾, 井野 綾乃²⁾, 園山 正史²⁾, 美宅 成樹²⁾

1)豊田理研 2)名大・院工・応用物理

Novel Method for Predicting Subcellular Localization of Proteins in Gram-negative Bacteria

Kenichiro Imai (1), (2), Naoyuki Asakawa (2), Toshiyuki Tsuji (2), Fumitsugu Akazawa (2), Ayano Ino (2), Masashi Sonoyama (2) and Shigeki Mitaku (2). (1:Toyota Phys & Chem. Res. Inst; 2:Dept. of Appl. Phys., Grad Sch. of Engi., Nagoya Univ.

1P077 超伝導 TOF-Mass による蛋白質多量体の観測

○千葉 かおり¹⁾, 浮辺 雅宏¹⁾, 陳 銀児¹⁾, 志岐 成友¹⁾, 小林 洋平¹⁾, 中西 洋志¹⁾, 大久保 雅隆¹⁾

1)(独)産総研・計測フロンティア・超分光システム

Protein multimers observed by time-of-flight mass spectroscopy with superconducting detector

Kaori Chiba-Kamoshida, Masahiro Ukibe, Yiner Chen, Shigetomo Shiki, Yohei Kobayashi, Hiroshi Nakanishi, Masataka Ohkubo. (Research Institute of Instrumentation Frontier National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

1P078 コロイドプローブ原子間力顕微鏡を用いた転写タンパク質間相互作用の直接測定

○中田 良樹¹⁾, 山口 隆広¹⁾, 鈴木 武博¹⁾, 森川 一也²⁾, 栗原 和枝¹⁾

1)東北大・多元研 2)筑波大・基礎医学系

Direct measurement of interactions between the transcription proteins using colloidal probe atomic

force microscopy

Yoshiki Nakata(1), Takahiro Yamaguchi(1), Takehiro Suzuki(1), Kazuya Morikawa(2) and Kazue Kurihara(1). (1: IMRAM, Tohoku Univ.; Basic Med., Tsukuba Univ.)

1P079 分子シミュレーションと中性子干渉性散乱で探る蛋白質の協奏的運動

○城地 保昌¹⁾, 北尾 彰朗¹⁾

1)東大・分生研

Molecular simulation study to examine the possibility of detecting collective motions in protein by coherent neutron scattering

Yasumasa Joti and Akio Kitao (IMCB, Univ of Tokyo)

蛋白質 (蛋白質工学) (Proteins-protein engineering)

1P080 フォトクロミック分子を用いたカルモジュリンの機能の光制御

○宍戸 英樹¹⁾, 山田 正文²⁾, 近藤 和典¹⁾, 丸田 晋策¹⁾

1)創価大院・工・生命情報工学 2)創価大院・工・生物工程

Photo-Control of Calmodulin function using Photochromic Compound

Hideki Shishido(1), Masafumi Yamada(2), Kazunori Kondo(1) and Shinsaku Maruta(1). (1:Division of Bioinformatics, Graduate school of Engineering, Soka University; Division of Bioengineering, Graduate school of Engineering, Soka University)

1P081 光分子ケージ化合物により光制御型産業用酵素の開発

○謝 一伸¹⁾, 山田 正文¹⁾, 前田 英勝¹⁾, 丸田 晋策¹⁾

1)創価大院・工学系・生物工

Photo-regulation of industrial enzymes using photo-responsible caged compound

E-Sin Chia(1), Masafumi Yamada(1), Hidekatsu Maeda(1), Shinsaku Maruta(1). (1:Division of Bioengineering, Graduate School of Engineering, Soka University)

1P082 小分子化補体レセプターSCR1-3 産生細胞の樹立と発現

○石井 則行¹⁾, 高川 紘明^{1,2)}, 山口 純^{1,2)}, 王 碧昭²⁾

1)産総研・生物情報 2)筑波大・生命環境

Expression of the first three short consensus repeat modules, SCR1-3, of human complement receptor type 1 in CHO cell

Noriyuki Ishii (1), Hiroaki Takagawa (1,2), Atsushi Yamaguchi (1,2), Pi-Chao Wang (2). (1: Biological Information Research Center (BIRC), National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST); 2: Graduate School of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba)

1P083 酵素の高温適応化と低温適応化-イソプロピルリンゴ酸脱水素酵素を例に

佐々木 道香¹⁾, 林 清香¹⁾, 宇野 真由美¹⁾, 渡辺 敬子¹⁾, 赤沼 哲史¹⁾, ○山岸 明彦¹⁾

1)東薬大・生命・分子生命

Adaptation of an enzyme to high and low temperatures using 3-isopropylmalate dehydrogenase as a model

Michika Sasaki, Sayaka Hayashi, Mayumi Uno, Keiko Watanabe, Satoshi Akanuma and Akihiko Yamagishi (Dept of Molecul Biol, Tokyo Univ of Pharm and Life Sci)

1P084 ハイドロキシアパタイト結晶化を促進する人工タンパク質の創製

○辻 融^{1,2)}, 小沼 一雄³⁾, 山本 晃⁴⁾, 飯島 まゆみ⁵⁾, 芝 清隆^{1,2)}

1) (財) 癌研究会癌研究所 2) JST-CREST 3) 産総研 4) (株) ペンタックス 5) 朝日大・歯学部

Creation of artificial proteins that accelerate hydroxyapatite crystal formation

Toru Tsuji (1, 2), Kazuo Onuma (3), Akira Yamamoto (4), Mayumi Iijima (5), Kiyotaka Shiba (1, 2) (1: Cancer Institute Japanese Foundation for Cancer Research; 2: JST-CREST; 3: AIST; 4: PENTAX Corporation; 5: Asahi University)

1P085 新規プロリン異性化酵素の創製

○伊倉 貞吉¹⁾, 木下 賢吾^{2,3)}, 伊藤 暢聡¹⁾

1)東京医歯大院・疾患生命 2)東大・医科研 3)JST・SORST

Design of a novel peptidyl-prolyl isomerase on the basis of the stochastic binding-and-releasing model

Teikichi Ikura(1), Kengo Kinoshita(2,3) and Nobutoshi Ito(1). (1: School of Biomedical Science, Tokyo Medical and Dental Univ; 2: Human Genome Center, Institute of Medical Science, Univ of Tokyo; 3: Structure and Function of Biomolecules, SORST, JST)

1P086 データベース解析を利用した、抗体の抗原結合フラグメントにおける高次構造決定因子の探索

○宮澤 昌志¹⁾, 中迫 雅由¹⁾

1)慶大院・基礎理工学・物理

Search for determinants regulating the quaternary structures of Fv fragments of antibodies through a database analysis

Masashi Miyazawa (1) and Masayoshi Nakasako (1). (1:Dept Physics, Graduate School of Science and Technology, Univ of Keio)

1P087 タンパク質-ペプチド相互作用：ペプチド結合に対するエピトープ様タンパク質表面領域

○吉田 屋也¹⁾, 北村 幸一郎³⁾, 西垣 功一^{2,3)}

1) 埼大院・理工・生物環境 2) 埼大院・理工・機能材料 3) 埼玉県中小企業振興公社・埼玉バイオ (REDS) グループ

Protein-peptide interaction: Epitope-like protein surface areas for peptide binding

Chuya Yoshida (1), Koichiro Kitamura (3) and Koichi Nishigaki (2, 3). (1:Dept Biological and Environmental Sciences, Graduate School of Science and Engineering, Saitama Univ; 2: Dept Functional Materials Science, Graduate School of Science and Engineering, Saitama Univ; 3: Rational Evolutionary Design of Advanced Biomolecules (REDS), Saitama Small Enterprise Promotion Corporation)

膜蛋白質 (Membrane proteins)

1P088 固体 NMR による膜表在性タンパク質 PLC- δ 1 の局所運動性の解析

○上釜 奈緒子¹⁾, 辻 暁²⁾, 八木澤 仁²⁾, 西村 勝之¹⁾

1) 分子研 2) 兵庫県立大院・生命理

Study of Local Mobility of peripheral membrane protein PLC- δ 1 by Solid State NMR

Naoko Uekama (1), Satoru Tuzi (2), Hitoshi Yagisawa (2), Katsuyuki Nishimura (1). (1: Institute for Molecular Science, 2: University of Hyogo)

1P089 多次元固体 NMR 法による膜蛋白質 pHtrII の構造解析

江川 文子¹⁾, 佐伯 美和子¹⁾, 林 ころろ²⁾, 児島 長次郎²⁾, 阿久津 秀雄¹⁾, ○藤原 敏道¹⁾

1) 阪大・蛋白研 2) 奈良先端大・バイオ

Structural analysis of transmembrane halobacterial transducer pHtrII by multi-dimensional high-resolution solid-state NMR

Ayako Egawa(1), Miwako Saeki(1), Kokoro Hayashi(2), Chojiro Kojima(2), Hideo Akutsu(1) and Toshimichi Fujiwara(1). (1:Institute for Protein Research, Osaka University;2:Graduate School of Biological Sciences, Nara Institute for Science and Technology)

1P090 Photochemistry of Sensory Rhodopsin III from *Haloarcula marismortui* (HmSRIII)

○中尾 雄高¹⁾, 下野 和実¹⁾, 菊川 峰志²⁾, 井原 邦夫³⁾, 加茂 直樹¹⁾

1) 北大院・先端生命科学 2) 北大・CRIS3) 名大・遺伝子

Photochemistry of Sensory Rhodopsin III from *Haloarcula marismortui* (HmSRIII)

Nakao Yutaka(1), Kazumi Shimono(1), Takashi Kikukawa(2), Kunio Ihara(3) and Naoki Kamo(1). (1:Grad. Sch. Life. Sci. Hokkaido Univ., 2:CRIS Hokkaido Univ., 3:Center for Gene Res. Nagoya Univ.)

1P091 ハロロドプシン三量体の界面活性剤中での解離

○塚本 卓¹⁾, 佐々木 貴規²⁾, 久保 恵美³⁾, 神谷 昌克¹⁾, 相沢 智康³⁾, 河野 敬一³⁾, 出村 誠¹⁾

1) 北大・院・生命 2) 阪大・蛋白研 3) 北大・院・理

Dissociation of Halorhodopsin Trimer in Detergent System

Takashi Tsukamoto (1), Takanori Sasaki (2), Megumi Kubo (3), Masakatsu Kamiya (1), Tomoyasu Aizawa (3), Keiichi Kawano (3), Makoto Demura (1). (1: Grad. Sch. Life Sci., Hokkaido Univ.; 2: Inst. for Protein Research, Osaka Univ.; 3: Grad. Sch. Sci., Hokkaido Univ.)

1P092 高度好塩性アルカリ古細菌 *Natronomonas pharaonis* におけるハロロドプシンの解析

○成澤 明洋¹⁾, 丸山 恵太¹⁾, 竹口 優¹⁾, 井原 邦夫²⁾, 神山 勉¹⁾

1) 名大院・理学系・構造生物学 2) 名大院・遺伝子実験施設

Halorhodopsin from an extremely haloalkaliphilic archaeon *Natronomonas pharaonis*

Akihiro Narusawa(1), Keita Maruyama(1), Yuu Takeguchi(1), Kunio Ihara(2) and Tsutomu Kouyama(1). (1:Department of Physics, Graduate School of Science, Nagoya University; 2:Reserch Center of Gene, Nagoya University)

1P093 アーキロドプシン-2 の M 中間体の X 線構造解析

○藤井 隆道¹⁾, 吉村 恵子¹⁾, 村上 緑¹⁾, 神山 勉¹⁾

1) 名大院・理学系・構造生物学

Crystal Structures of M Intermediate of Archaeorhodopsin-2

Ryudo Fujii(1), Keiko Yoshimura(1), Midori Murakami(1), and Tsutomu Kouyama(1). (1:Department of Physics, Graduate School of Science, Nagoya University)

1P094 バクテリオロドプシンミュータント L93A の結晶構造解析

○樋掛 雅則¹⁾, 山本 昌孝¹⁾, 早川 直紀¹⁾, 井原 邦夫²⁾, 神山 勉¹⁾

1) 名大院・理学系・生物物理 2) 名大・遺伝子実験施設

Crystallographic study of the Leu93 -> Ala bacteriorhodopsin mutant.

Masanori Hikake(1), Yamamoto Masataka(1), Hayakawa Naoki(1), Kunio Ihara(2) and Kouyama Tsutomu(1, 3) (1:Graduate School of Science, Nagoya University. 2:Center for Gene Research, Nagoya University. 3:RIKEN Harima institute / SPring-8)

1P095 バクテリオロドプシンの疎水キャビティに結合する希ガスとその効果

○早川 直紀¹⁾, 村上 緑¹⁾, 神山 勉¹⁾

1)名大院・理学系・構造生物学

Binding of Noble Gases to a Hydrophobic Cavity in the Cytoplasmic Half of Bacteriorhodopsin

Naoki Hayakawa(1), Midori Murakami(1) and Tsutomu Kouyama(1). (1:Department of Physics, Graduate School of Science, Nagoya University)

1P096 バクテリオロドプシン 3次元結晶の M 中間体寿命に及ぼす格子力の影響

○山本 昌孝¹⁾, 早川 直紀¹⁾, 村上 緑¹⁾, 神山 勉¹⁾

1)名大院・理学系・構造生物学

Decay kinetics of the M intermediate of bR in 3D crystals: Influence of the crystal lattice force

Masataka Yamamoto(1), Naoki Hayakawa(1), Midori Murakami(1), and Tsutomu Kouyama(1). (1:Department of Physics, Graduate School of Science, Nagoya University)

1P097 合成脂質膜に再構成したバクテリオロドプシンの光サイクルに対する分子集合状態の影響

○園山 正史¹⁾, 菊川 峰志²⁾, 横山 泰範¹⁾, 美宅 成樹¹⁾

1)名大・院工 2)北大・創成研

Effect of molecular assembly on photocycle of bacteriorhodopsin reconstituted into dimyristoylphosphatidylcholine vesicles

Masashi Sonoyama(1), Takashi Kikukawa(2), Yasunori Yokoyama(1) and Shigeki Mitaku. (1:Dept. Appl. Phys., Nagoya Univ., 2: CRIS, Hokkaido Univ.)

1P098 バクテリオロドプシン再生反応に対するイオン濃度及び温度の影響

○小糸 直希¹⁾, 杉山 浩之¹⁾, 園山 正史¹⁾, 美宅 成樹¹⁾

1)名大院・工学研究科・応用物理

Effect of Ion Concentration and Temperature on Regeneration of Bacteriorhodopsin

Naoki Koito(1), Hiroyuki Sugiyama(1), Masashi Sonoyama(1) and Shigeki Mitaku(1). (1:Dept Applied Physics, Graduate School of Engineering, Nagoya University)

1P099 中性およびアルカリ pH 条件下における光退色が引き起こす紫膜中のバクテリオロドプシンの構造変化

○横山 泰範¹⁾, 園山 正史¹⁾, 美宅 成樹¹⁾

1)名大・院工・応用物理

Structural changes of bacteriorhodopsin in purple membrane induced by irreversible photobleaching at neutral and high pH conditions

Yasunori Yokoyama, Masashi Sonoyama and Shigeki Mitaku (Dept. Appl. Phys., Nagoya Univ)

1P100 再構成バクテリオロドプシンの変性実験から見た、膜タンパク質構造安定性に与えるタンパク質間結合の寄与

○根岸 瑠美¹⁾, 美宅 成樹¹⁾

1)名大院・工・応用物理

Effect of inter-molecular interaction for stabilizing membrane protein -Denaturation experiments of reconstituted bacteriorhodopsin-

Lumi Negishi and Shigeki Mitaku(Dept applied physics, Graduate school of engineering, Nagoya University)

1P101 高速 AFM による bR2 次元結晶の脱結晶化及び再結晶化のダイナミックイメージング

○山下 隼人¹⁾, Kislou Voitchovsky²⁾, 内橋 貴之^{1,3)}, Sonia Antoranz Contera²⁾, 山本 大輔³⁾, J. F. Ryan²⁾, 安藤 敏夫^{1,3)}

1)金沢大院・自然科学 2)Bionanotechnology IRC, Dept. of Physics, Oxford Univ. 3)CREST-JST

Dynamic imaging of disassembling and recrystallization processes of bR 2D crystals by high-speed AFM

Hayato Yamashita(1), Kislou Voitchovsky(2), Takayuki Uchihashi(1, 3), Sonia Antoranz Contera(2), Daisuke Yamamoto(1, 3), J. F. Ryan(2) and Toshio Ando(1, 3) (1:Dpt of Physics, Kanazawa Univ; 2: Bionanotechnology IRC, Dept. of Physics, Oxford Univ.; 3: CREST-JST)

1P102 膜タンパク質の糖鎖修飾部位予測のためのアミノ酸配列解析

○榊原 忠朗¹⁾, 美宅 成樹¹⁾

1)名大院・工学研究科・応用物理

Amino acid sequence analysis of prediction of glycosylation sites in membrane proteins

Tadaaki Sakakibara(1), Shigeki Mitaku(1). (1:Department of Applied Physics, Graduate School of Engineering, Nagoya University)

- 1P103** Asymmetry in membrane protein sequence and structure: Glycine outside rule
 ○Jin Wenzhen^{1,2)}, Takada Syoji^{1,2)}
 1)Grad School of Science・Kyoto Univ. 2)CREST・JST
Asymmetry in membrane protein sequence and structure: Glycine outside rule
 Wenzhen Jin(1,2), Syoji Takada(1,2). (1:Grad School of Science, Kyoto Univ.; 2:CREST, JST)
- 1P104** 水-膜分配の測定を目指した水溶性膜貫通ヘリックスのデザイン
 ○島井 紀枝¹⁾, 矢野 義明¹⁾, 松崎 勝巳¹⁾
 1)京大院・薬
Design of a soluble transmembrane helix for measurement of water-membrane partitioning
 Norie Shimai, Yoshiaki Yano and Katsumi Matsuzaki. (Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Kyoto University)
- 1P105** コレステロール含有脂質二分子膜における膜貫通ヘリックス会合の熱力学量の測定
 ○山本 亜里沙¹⁾, 矢野 義明¹⁾, 松崎 勝巳¹⁾
 1)京大院・薬
Measurement of thermodynamic parameters for self-association of a transmembrane helix in lipid bilayers containing cholesterol
 Arisa Yamamoto, Yoshiaki Yano, Katsumi Matsuzaki (Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Kyoto University)
- 1P106** 無細胞タンパク質合成系を利用した新規膜タンパク質機能発現系の開発
 ○下野 和実¹⁾, 五島 美絵¹⁾, 白水 美香子¹⁾, 横山 茂之^{1,2)}
 1)理研横浜・GSC・タンパク質基盤 2)東大・院理・生化
A Novel System for Functional Membrane Protein Production Using Cell-free Protein Synthesis into Liposome
 Kazumi Shimono (1), Mie Goto (1), Mikako Shirouzu (1) and Shigeyuki Yokoyama (1,2). (1: PRG, GSC, Yokohama Inst, RIKEN; 2: Dept Biophys Biochem, Graduate School of Science, Univ of Tokyo)
- 1P107** *Paracoccus denitrificans* チトクロム酸化酵素遺伝子の*E. coli*無細胞転写翻訳系での発現に及ぼす YidC 強制発現の効果
 ○片山 幸江¹⁾, 下方 国稔^{1,2)}, 末松 誠¹⁾, 月原 富武²⁾, 吉川 信也³⁾, 島田 秀夫¹⁾
 1)慶大・医 2)阪大・蛋白研 3)兵庫県立大院・生命理
Effect of overexpressed YidC on the expression of *P. denitrificans* cytochrome *c* oxidase gene in an *E. coli* cell-free system
 Yukie Katayama(1), Kunitoshi Shimokata(1, 2), Makoto Suematsu(1), Tomitake Tsukihara(2), Shinya Yoshikawa(3), and Hideo Shimada(1). (1:Dept of Biochem and Integrative Medical Biology, School of Med, Keio Univ;2:Institute for Protein Research, Osaka Univ;3:Dept of Life Science, Univ of Hyogo)
- 1P108** 高い代替オキシダーゼ活性を有するヤエヤマクワズイモミトコンドリア内膜の電子伝達タンパク質の解析
 ○右田 たい子¹⁾, 森 雄一郎¹⁾
 1)山口大農
Mitochondrial inner-membrane proteins of the spadix of *A. atropurpurea* with high AOX activity
 Catharina Taiko Migita and Yuichiro Mori. (Dept of Biological Chemistry, Faculty of Agriculture, Yamaguchi Univ)
- 1P109** 共鳴ラマン分光法によるウシ心筋ミトコンドリア呼吸鎖 NADH: ユビキノン酸化還元酵素の FMN と鉄硫黄クラスターの測定
 ○森山 昌和¹⁾, 小倉 尚志¹⁾, 伊藤・新澤 恭子¹⁾, 吉川 信也¹⁾
 1)兵庫県立大・院・生命理
Resonance Raman spectra of the FMN and iron-sulfur clusters of the bovine heart NADH: coenzyme Q oxidoreductase.
 Masakazu Moriyama, Takashi Ogura, Kyoko Shinzawa-Itoh and Shinya Yoshikawa. (Department of Life Science, Graduate School of Life Science, University of Hyogo)
- 1P110** ウシ心筋 NADH-ユビキノン酸化還元酵素の2次元結晶化
 ○天野 聡子¹⁾, 森山 昌和¹⁾, 中島 由美子¹⁾, 伊藤・新澤 恭子¹⁾, Christoph Gerle²⁾, 谷 一寿²⁾, 藤吉 好則²⁾, 松本 佳央理¹⁾, 宮澤 淳夫³⁾, 吉川 信也¹⁾
 1)兵庫県立大・院・生命理 2)京大院・理学研究科・生物物理 3)理研・播磨・放射光科学総合研究センター・構造生理学
2D-crystallization of bovine heart NADH-ubiquinone oxidoreductase.
 Satoko Amano(1), Masakazu Moriyama(1), Yumiko Nakashima(1), Kyoko Shinzawa-Itoh(1), Christoph

Gerle(2), Kazutoshi Tani(2), Yoshinori Fujiyoshi(2), Kaori Matsumoto(1), Atsuo Miyazawa(3), and Shinya Yoshikawa(1). (1:Department of Life Science, University of Hyogo, 2:Kyoto University., Science, Biophysics, 3:Structural Physiology Research Group, RIKEN SPring-8 Center)

1P111 ブタ腎 Na⁺/K⁺-ATPase オリゴマーの電子顕微鏡観察

○田原 義和¹⁾, 宍道 暢子¹⁾, 林 雄太郎¹⁾

1) 杏林大・医学部・生化学(1)

Electron microscopic study of pig kidney Na⁺/K⁺-ATPase protomers in oligomeric form

Yoshikazu Tahara, Nobuko Shinji and Yutaro Hayashi. (Dept. Biochem(1), Kyorin Univ. School of Med.)

1P112 SDSL-ESR 法による Na⁺/H⁺交換輸送担体 (NhaA) の基質結合による構造変化の検出

○桑原 直之^{1,2)}, 山上 優¹⁾, 安田 哲¹⁾, 植木 正二^{1,3)}, 荒田 敏昭¹⁾, 金澤 浩¹⁾

1) 阪大・院理・生物 2) 理研・播磨研・放射光科学総合研究センター 3) 徳島文理・香川薬

Detection of substrate induced conformational changes of Na⁺/H⁺ antiporter (NhaA) by SDSL-ESR

Naoyuki Kuwabara(1, 2), Suguru Yamakami(1), Satoshi Yasuda(1), Shoji Ueki(1, 3), Toshiaki Arata(1), Hiroshi Kanazawa(1). (1: Dept. Biol. Sci. Osaka Univ., 2: RIKEN Harima Inst. /SP-ring 8 Center, 3: Pharm. Sci. Tokushima Bunri Univ.)

1P113 高親和性 IgE 受容体 β 鎖 ITAM モチーフの構造解析

○寺田 知新¹⁾, 村山 幸一¹⁾, 羅 智靖²⁾

1) 岐大・院医・分子生理 2) 日大・医・分子細胞免疫アレルギー

Structural study of mutated FcεRI β chain ITAM by Far-UV and Near-UV CD spectroscopy.

Tomoyoshi Terada(1), Koichi Murayama(1), Chisei Ra(2). (1:Department of Physiology and Biophysics, Gifu University Graduate School of Medicine; 2:Division of Molecular Cell Immunobiology, and Allergology, Advanced Medical Research Center, Nihon University Graduate School of Medical Science)

1P114 ホルモン結合による ANP 受容体の分子内信号伝達メカニズム

○小川 治夫¹⁾, Qiu Yue²⁾, Ogata Craig³⁾, Misono Kunio²⁾

1) 東大・分生研 2) Dept. Biochem., UNR 3) APS

Rotational mechanism for transmembrane signaling by the atrial natriuretic peptide receptor

Haruo Ogawa (1), Yue Qiu (2), Craig M. Ogata (3), Kunio S. Misono (2). (1: Institute of Molecular and Cellular Biosciences, The University of Tokyo; 2: Dept Biochem, Univ of Nevada, Reno, USA; 3: Advanced Photon Source, USA)

1P115 マグネシウム輸送体 MgtE の X 線結晶構造解析

○服部 素之¹⁾, 田中 良樹¹⁾, 深井 周也²⁾, 石谷 隆一郎¹⁾, 濡木 理^{1,3)}

1) 東工大・生命理工 2) 東大・分生研 3) PRESTO, JST

Crystal structure of the MgtE Mg²⁺ transporter

Motoyuki Hattori (1), Yoshiki Tanaka (1), Shuya Fukai (2), Ryuichiro Ishitani (1) and Osamu Nureki (1), (3) (1: Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Tech; 2: Synchrotron Radiation Research Organization, Univ of Tokyo; 3: PRESTO, JST)

1P116 マグネシウム輸送体 MgtE の分子動力学シミュレーション

○石谷 隆一郎¹⁾, 杉田 有治²⁾, 濡木 理¹⁾

1) 東工大・生命理工 2) 理研

Molecular dynamics simulation Magnesium transporter MgtE

Ryuichiro Ishitani (1), Yuji Sugita (2) and Osamu Nureki (1) (1: Dept of Biol Info, Grad Sch of Biosci and Biotech, Tokyo Inst of Tech; 2: RIKEN)

1P117 計算化学的手法を用いたアクアポリンに関する研究

○平野 秀典¹⁾, 泰岡 顕治²⁾, 末松 誠¹⁾, 安井 正人¹⁾

1) 慶應・医 2) 慶應・理工

Computational study of Aquaporin

Yoshinori Hirano (1), Kenji Yasuoka (2), Makoto Suematsu (1), and Masato Yasui (1). (1: School of Medicine, Keio University; 2: Faculty of Science and Technology, Keio University)

1P118 A Computational Study of Monoamine Oxidase A Dynamics

○Apostolov Rossen¹⁾, 米沢 康滋¹⁾, 中村 春木¹⁾

1) 阪大蛋白研究所

A Computational Study of Monoamine Oxidase A Dynamics

Rossen Apostolov(1), Yasushige Yonezawa(1) and Haruki Nakamura(1). (1: Institute for Protein Research, Osaka University)

核酸結合蛋白質 (Nucleic acid-binding proteins)

1P119 リボソーム成熟に関わるタンパク質 RimM の結晶構造解析

○上西 達也¹⁾, 竹本 千重¹⁾, 川添 将仁¹⁾, 鈴木 咲良¹⁾, 龍口 文子¹⁾, 松本 英子¹⁾, 白水 美香

子¹⁾, 武藤 裕¹⁾, 横山 茂之^{1,2)}

1) 理研横浜・GSC・タンパク質基盤 2) 東大・院理・生化

Crystal structure of RimM, a ribosome maturation factor, from *Thermus thermophilus* HB8

Tatsuya Kaminishi (1), Chie Takemoto (1), Masahito Kawazoe (1), Sakura Suzuki (1), Ayako Tatsuguchi (1), Eiko Matsumoto (1), Mikako Shirouzu (1), Yutaka Muto (1) and Shigeyuki Yokoyama (1,2). (1: Protein Research Group, Genomic Sciences Center, Yokohama Institute, RIKEN, 2: Dept. Biophys. Biochem., Graduate School of Science, The University of Tokyo)

1P120 トポイソメラーゼ II が DNA の絡まりを解くところを観る

○余語 克紀¹⁾, 小川 泰策¹⁾, 木下 一彦¹⁾

1) 早大院・理工・物理

Direct observation of DNA untangling magic by a type-II topoisomerase

Katsunori Yogo, Taisaku Ogawa, Kazuhiko Kinosita Jr. (Dept. of Phys., Grad. School of Science and Engineering, Waseda Univ.)

1P121 三次元操作可能な磁気ピンセットの開発とそれによる 1 分子観察

○小川 泰策¹⁾, 余語 克紀¹⁾, 岡本 哲明¹⁾, 木下 一彦¹⁾

1) 早大院・理工・物理

Development of three dimensional magnetic tweezers and its application to a single-molecule study

Taisaku Ogawa(1), Katunori Yogo(1), Tetsuaki Okamoto(1) and Kazuhiko Kinosita Jr. (1). (1:Dept Physics, Graduate School of Science and Engineering, Waseda University)

1P122 相同対合時に起きる RecA フィラメントの凝集

○西中 太郎¹⁾, 原 麗子¹⁾, 八島 栄次^{1,2)}

1) 科技構・ERATO・八島プロジェクト 2) 名大院・工

Compaction of RecA filaments upon homologous pairing

Taro Nishinaka(1), Reiko Hara(1) and Eiji Yashima(1,2). (1: ERATO Yashima Super-structured Helix Project, JST; 2: Institute for Advanced Research, Nagoya Univ)

1P123 FRET を用いた bHLH 因子の DNA 結合解析

○長谷川 浩二¹⁾, 後藤 達志¹⁾, 北野 大輔¹⁾, 琴浦 真理¹⁾, 徳永 史生^{1,2)}, 久富 修¹⁾

1) 大阪大・院理・宇宙地球 2) CREST・JST

DNA binding analyses of bHLH transcription factors by FRET measurements

Koji HASEGAWA (1), Tatsushi GOTO (1), Daisuke KITANO (1), Mari KOTOURA (1), Fumio TOKUNAGA (1, 2) and Osamu HISATOMI (1). (1: Graduate School of Science, Osaka Univ; 2: CREST, Japan Science and Technology Agency)

1P124 bHLH 転写因子の実時間解析

○久富 修¹⁾, 長谷川 浩二¹⁾, 後藤 達志¹⁾, 琴浦 真理¹⁾, 北野 大輔¹⁾, 徳永 史生^{1,2)}, 林 文夫³⁾

1) 阪大・院理 2) CREST・JST 3) 神戸大・院理

Real-time analyses of a bHLH transcription factor

Osamu Hisatomi (1), Koji Hasegawa (1), Tatsushi Goto (1), Mari Kotoura (1), Daisuke Kitano (1), Fumio Tokunaga (1,2), Fumio Hayashi (3). (1: Graduate School of Science, Osaka Univ.; 2: CREST, JST, Japan; 3: Graduate School of Science, Kobe Univ.)

1P125 高温領域における超好熱古細菌由来 TATA-box binding protein の二本鎖 DNA 認識機構

○長門石 暁¹⁾, 田中 良和¹⁾, 津本 浩平¹⁾

1) 東大新領域

Thermodynamic profiles of the interaction between hyperthermostable TATA-box binding protein and a double-stranded DNA at high temperature

Satoru Nagatoishi (1), Yoshikazu Tanaka (1) and Kouhei Tsumoto (1). (1: Dept medical genome sciences, Graduate school of frontier sciences, The university of tokyo)

1P126 大腸菌プロモーターにおける UV センサーモチーフ

○宮本 貴史¹⁾, 須佐 太樹^{1,2,3)}, 嶋本 伸雄^{1,2)}

1) 総研大・生命科学・遺伝学 2) 遺伝研・構造センタ 3) 現、北大・知財

UV-sensor motifs of promoters in *E. coli*

Takashi Miyamoto (1), Motoki Susa (1, 2, 3), Nobuo Shimamoto (1, 2). (1: Dept Gen, School of Life Sci, SOKENDAI; 2: Structural Biology Center, National Institute of Genetics; 3: Present, Intellectual Property, Hokkaido Univ.)

核酸 (Nucleic acid)

1P127 極低温電子顕微鏡で解析された最小構造体

○加藤 貴之¹⁾, Russell Goodman²⁾, Christoph Erben²⁾, Andrew Turberfield²⁾, 難波 啓一^{1,3)}

1) 阪大院・生命機能 2) Dep. Physics, Oxford univ. 3) 超分子ナノ・ICORP・JST

Smallest structure revealed by cryo-EM

Takayuki Kato(1), Russell Goodman(2), Christoph Erben(2), Andrew Turberfield(2), Keiichi Namba(1, 3). (1: Graduate School of Frontire Biosciences, Osaka univ; 2: Dept Physics, Univ of Oxford; 3: Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST)

1P128 リボソームおよびリボソームトンネルを通る新生ポリペプチド鎖の分子動力学シミュレーション

○石田 恒¹⁾, 由良 敬²⁾

1) 原子力機構・量子ビーム応用研究門 2) 原子力機構・システム計算科学センター

Molecular dynamics simulation of the 70S ribosome and nascent polypeptide passing through the exit tunnel

Hisashi Ishida (1) and Kei Yura (2). (1: Quantum Beam Science Directorate, JAEA; 2: Center for Computational Science & e-Systems, JAEA)

1P129 DNA 2重らせん塩基対の水素結合1個の力が計測される理由：分子動力学シミュレーションとの比較

○徳永 万喜洋^{1,2,3)}, 大村 忠弘⁴⁾

1) 遺伝研 2) 総研大 3) 理研・免疫センター 4) アクセルリス

Why are single hydrogen bonds of DNA base pairs detected by single molecule force measurement? Comparison with MD simulations

Makio Tokunaga (1, 2, 3) and Tadahiro Ohmura (4). (1: Structural Biology Center, National Institute of Genetics; 2: The Graduate Univ for Advanced Studies; 3: Research Center for Allergy and Immunology, RIKEN; 4: Accelrys K.K.)

1P130 力学的牽引とSPMを用いたクロマチン線維—染色体間に存在する中間構造の発見

○池田 健佑¹⁾, 星 治²⁾, 牛木 辰男²⁾, 水谷 武臣¹⁾, 芳賀 永¹⁾, 川端 和重¹⁾

1) 北大院・理・生命理学 2) 新潟大院・医歯学総合研究

Novel intermediate structure between chromatin fiber and chromosome revealed by mechanical stretch and SPM measurement

Kensuke Ikeda(1), Osamu Hoshi(2), Tatsuo Ushiki(2), Takeomi Mizutani(1), Hisashi Haga(1) and Kazushige Kawabata(1). (1: Divisions of Biological Sciences, Graduate School of Science, Hokkaido University; 2: Division of Microscopic Anatomy and bio-imaging, Niigata University Graduate School of Medical and Dental Sciences, Niigata University)

1P131 蛋白質・DNA認識におけるDNAバックボーンコンフォメーションの役割

○藤井 聡¹⁾, 河野 秀俊^{2,3)}, 竹中 繁織⁴⁾, 郷 信広²⁾, 皿井 明倫¹⁾

1) 九工大・情報工・生命情報 2) 原子力機構・量子ビーム 3) 科学技術振興機構・PRESTO 4) 九工大・工・応化

Role of DNA backbone conformation in protein-DNA recognition

Satoshi Fujii(1), Hidetoshi Kono(2)(3), Shigeori Takenaka(4), Nobuhiro Go(2) and Akinori Sarai(1). (1: Dept. of Biosciences and Bioinformatics, Kyushu Institute of Technology; 2: Neutron Biology Research Center, Japan Atomic Energy Agency; 3: PRESTO, JST; 4: Dept. of Materials Sci., Kyushu Institute of Technology)

1P132 主成分分析法を用いたタンパク質-DNA複合体構造のダイナミクス解析

○山崎 智¹⁾, 中村 周吾²⁾, 寺田 透³⁾, 清水 謙多郎²⁾

1) 東大・IML 2) 東大・院農・応生工 3) 東大・院農・アグリバイオインフォマティクスユニット

Dynamical analysis of protein-DNA duplex structures using principal component analysis method.

Satoshi Yamasaki (1), Shugo Nakamura (2), Tohru Terada (3) and Kentaro Shimizu (2). (1: Intelligent Modeling Laboratory, The University of Tokyo; 2: Department of Biotechnology, Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo; 3: Agricultural Bioinformatics Research Unit, Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo)

1P133 2個のT:T mismatches塩基対と水銀(II)イオンとの特異的相互作用の熱力学的特性

宮川 有香子¹⁾, 小笹 哲夫¹⁾, 小野 晶²⁾, 鳥越 秀峰¹⁾

1) 東理大・理 2) 神奈川大・工

Thermodynamic properties of the specific interaction between two T:T mismatch base pairs and mercury (II) cations

Yukako Miyakawa (1), Tetsuo Kozasa (1), Akira Ono (2) and Hidetaka Torigoe(1). (1: Dept. Applied Chemistry, Fac. Science, Tokyo Univ. of Science; 2: Dept. Applied Chemistry, Fac. Engineering, Kanagawa Univ.)

1P134 2個のC:C mismatches塩基対と銀(I)イオンとの特異的相互作用の熱力学的特性

○小笹 哲夫¹⁾, 小野 晶²⁾, 鳥越 秀峰¹⁾

1) 東理大・理 2) 神奈川大・工

Thermodynamic properties of the specific interaction between two C:C mismatch base pairs and silver (I) cations

Tetsuo Kozasa (1), Akira Ono (2) and Hidetaka Torigoe(1). (1: Dept. Applied Chemistry, Fac. Science, Tokyo Univ. of Science; 2: Dept. Applied Chemistry, Fac. Engineering, Kanagawa Univ.)

1P135 ハイブリダイゼーション速度が速くなるように考慮された DNA 配列の設計手法

○北島 哲郎¹⁾, 瀧ノ上 正浩¹⁾, 庄田 耕一郎¹⁾, 陶山 明¹⁾

1) 東大院・総文広域・生命環境系

Method of designing DNA sequences which hybridize rapidly

Tetsuro Kitajima(1), Masahiro Takinoue(1), Ko-ichiro Shohda(1), and Akira Suyama(1) (1: The Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo.)

1P136 DNA 塩基と蛋白質アミノ酸の相互作用自由エネルギーランドスケープ

○吉田 智喜^{1,2)}, 土居 英男^{1,2)}, 相田 美砂子^{1,2)}, 河野 秀俊³⁾, Kumar Shaji⁴⁾, Gromiha Michael M.⁵⁾, 皿井 明倫⁶⁾

1) 広島大・院理 2) 広島大 QuLiS3) 原研 4) Advanced Tech. Inst. 5) CBRC6) 九広大・情報工

Interaction Free Energy Landscapes between DNA Bases and Protein Side Chains

Tomoki Yoshida (1,2), Hideo Doi (1,2), Misako Aida (1,2), Hidetoshi Kono (3), Shaji Kumar (4), Michael M. Gromiha (5) and Akinori Sarai (6). (1: Dept. of Chem., Grad. Sch. of Sci. Hiroshima Univ.; 2: Center for Quantum Life Sciences (QuLiS); 3: Japan Atomic Energy Agency (JAEA); 4: Advanced Tech. Inst.; 5: Comput. Biol. Res. Cen. (CBRC); 6: Dept. of Biosci. and Bioinfo., Kyushu Inst. of Tech.

1P137 アプタマーを用いた可逆的標識による細胞分離技術の開発

○安西 悠¹⁾, 寺園 英之²⁾, 安田 賢二²⁾

1) 東大院・総合文化 2) 東京医科歯科大・生材研

Simple repeatable noninvasive cell separation method using aptamer-conjugated magnetic microbeads and nuclease digestion

Yu Anzai (1), Hideyuki Terazono (2) and Kenji Yasuda (2). (1: Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, Univ of Tokyo; 2: Institute of Biomaterials and Bioengineering, Tokyo Medical and Dental University)

1P138 出芽酵母ゲノムの転写制御ネットワークの解析

○上野 卓哉¹⁾, 河野 秀俊^{2,3)}, 皿井 明倫⁴⁾

1) 九工大院・情報工・情報科学 2) 原子力機構・量子ビーム 3) 科学技術振興機構・PRESTO4) 九工大・情報工・生命情報

Analysis of Transcriptional Regulation Network in *Saccharomyces cerevisiae*.

Takuya Ueno (1), Hidetoshi Kono (2,3) and Akinori Sarai (1) (1: Dept of Bioscience and Bioinformatics, Graduate School of Computer Science and Systems Engineering, Kyushu Institute of Technology; 2: Neutron Biology Research Center, JAEA; 3: PRESTO, JST)

筋肉 (筋蛋白質・収縮) (Muscle– muscle proteins and contraction)

1P139 単一心筋細胞における自励振動収縮の解析

○芹澤 隆博¹⁾, 大内 仁³⁾, 福田 紀男³⁾, 栗原 敏³⁾, 石渡 信一²⁾

1) 早大院・物理系・生物物理 2) 早大・物理系・生物物理 3) 慈恵医大・細胞生理

SPOC in a single cardiomyocyte

Takahiro Serizawa(1), Jin O-Uchi (3), Norio Fukuda(3), Satoshi Kurihara(3), Shin' ichi Ishiwata(2). (1: Graduate School of Pure and Applied Physics, Waseda University; 2: Department of Physics, School of Science and Engineering, Waseda University; 3: Department of Cell Physiology, Jikei University School of Medicine)

1P140 高時空間分解能で観察した骨格筋の自励振動現象における格子間隔変化と半筋節長変化の相関関係

○河井 聖太郎¹⁾, 島本 勇太²⁾, 石渡 信一²⁾

1) 早大院・理工・物理 2) 早大・理工・物理

Correlation between changes in lattice spacing and half-sarcomere length during SPOC studied with high spatial and temporal resolution

Seitaro Kawai (1), Yuta Shimamoto (2) and Shin' ichi Ishiwata (2) (1: Dept Pure and Applied Physics, Graduate School of Advanced Science and Engineering, Univ of Waseda; 2: Dept Physics, School of Science and Engineering, Univ of Waseda)

1P141 中間活性化条件における筋原線維の急速伸長に対するサルコメアの確率的応答

○島本 勇太¹⁾, 鈴木 団²⁾, 石渡 信一¹⁾

1) 早大・理工学術院・物理 2) 早大・科健機構

Stochastic response of sarcomeres to a quick stretch at partial activation of skeletal myofibrils

Yuta Shimamoto (1), Madoka Suzuki (2), Shin'ichi Ishiwata (1). (1: Dept of Physics, Faculty of Science & Engineering, Waseda Univ; 2: ASMeW, Waseda Univ)

1P142 筋原線維高次構造に与えるポリエチレングリコールの効果

○大野 哲生¹⁾

1)東京慈恵会医科大学

The effects of polyethyleneglycol to the myofibril lattice structure

Tetsuo Ohno. (Dept Physiology, The Jikei University of Medicine)

1P143 種によって異なる？昆虫飛翔筋 stretch activation のしくみ

○岩本 裕之¹⁾

1)SPring-8・JASRI

Different stretch activation mechanisms in different insects?

Hiroyuki Iwamoto. (Research & Utilization Div., SPring-8, JASRI)

1P144 Ca²⁺活性骨格筋線維の伸長中に伸長速度を減少させたときの筋線維スティフネス

○小林 孝和¹⁾, 岩井 政晃¹⁾, NguyenPhan Kien¹⁾

1)芝浦工大・工・電子

Muscle fiber stiffness during stretch with velocities reduction in Ca²⁺ activated skeletal muscle fibers.

Takakazu Kobayashi (1), Masaaki Iwai (1), Nguyen Phan Kien (1) (1:Dept. Electronic Engineering, Shibaura Institute of Technology.

1P145 骨格筋単一筋原線維アクトミオシンフィラメント構造に浸透圧が与える影響：AFMによる計測

○藤田 浩隆¹⁾, 宮代 大輔¹⁾, 濱崎 淳¹⁾, 秋山 直生¹⁾, 国岡 由紀²⁾, 山田 武範¹⁾

1)東理大・理・物理 2)JST・石川

Effects of osmotic compression on the actomyosin filament lattice in single skeletal myofibrils examined by atomic force microscopy

Fujita Hirota(1), Miyashiro Daisuke(1), Hamazaki Atsushi(1), Akiyama Nao(1), Kunioka Yuki(2), Yamada Takenori(1). (1:Dept. Physics, Fac. Science, Tokyo Univ. of Science; 2:JST, Innov. Plaza Ishikawa)

1P146 ゲルとしてのスキンド筋の保水性：イオン強度とイオン種の効果

青木 啓仁¹⁾, 木村 雅子¹⁾, ○竹森 重¹⁾

1)慈恵医大・分子生理学

Water retaining ability of skinned skeletal muscle as a gel: effects of ionic strength and ion species

Hirohito Aoki, Masako Kimura and Shigeru Takemori (Dept Mol Physiol, Jikei Univ Sch Med)

1P147 トレハロースが骨格筋スキンドファイバーの活性張力に及ぼす影響

○木村 雅子¹⁾, 青木 啓仁¹⁾, 竹森 重¹⁾

1)慈恵医大・分子生理

The effects of trehalose on the contractility of mechanically skinned fibers of frog skeletal muscle

Masako Kimura, Hirohito Aoki and Shigeru Takemori (Dept Mol Physiol, Jikei Univ Sch Med)

1P148 拍動心筋細胞における α B-クリスタリンとZ帯タンパク質との動的な相互作用の分析

○跡見 順子¹⁾, 藤田-大戸 恵理¹⁾, 山口 鉄生²⁾, 桜井 隆史²⁾, 藤田 義信²⁾

1)東大・IR3S・TIGS2)東大・総合文化・生命環境

Analysis of dynamic interaction of α B-crystallin with Z-disc protein in beating cardiac myocyte

Yoriko Atomi(1), Eri Fujita-Ohto(1), Tetsuo Yamaguchi(2), Takashi Sakurai(2) and Yoshinobu Fujita(2). (1:Transdisciplinary Initiative for Global Sustainability (TIGS), Integrated Research System for Sustainability Science (IR3S), Univ of Tokyo; 2:Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences., Univ of Tokyo)

1P149 骨格筋収縮におけるクロスブリッジ形成のトロポニン構造変化への影響

○松尾 龍人^{1,2)}, 八木 直人¹⁾

1)SPring-8/JASRI2)阪大院・基礎工

Influence of crossbridge formation on troponin structure in skeletal muscle

Tatsuhito Matsuo (1,2), Naoto Yagi(1)(1: Japan Synchrotron Radiation Research Institute, SPring-8;2: Division of Biophysical Engineering, Graduate School of Engineering Science, Osaka University)

1P150 トロポニンの遺伝性心筋症型変異が筋原繊維の機能に及ぼす影響

○松本 富美子¹⁾, 前田 佳代²⁾, 似内 靖²⁾, 小田 俊郎²⁾, 前田 雄一郎²⁾, 藤原 悟¹⁾

1)原子力機構 2)ERATO 前田プロジェクト

Effects of the cardiomyopathy type mutations of troponin on the ATPase activity and Ca²⁺ sensitization in myofibrils.

Fumiko Matsumoto(1), Kayo Maeda(2), Yasushi Nitani(2), Toshiro Oda(2), Yuichiro Maeda(2), Satoru Fujiwara(1). (1:Quantum Beam Science Directorate, Japan Atomic Energy Agency ;2:ERATO Actin Filament Dynamics Project)

1P151 家族性心筋症を引き起こす変異トロポニンの分子動力学解析

○山口 真紀¹⁾, 大塚 由美子¹⁾

1) 東京慈恵会医科大学

Structural Change of Mutant Troponin Related to Cardiomyopathy

Yamaguchi, M, Otsuka Y, Department of Physiology, Jikei University School of Medicine

1P152 蛍光消光測定による筋肉細いフィラメント上のトロポミオシン分子の動的性質研究

齋藤 隆弘¹⁾, 松田 陽介¹⁾, ○三木 正雄¹⁾

1) 福井大院・工・生物応用化学

Study of the dynamic structure of the tropomyosin molecule in muscle thin filaments by fluorescence quenching measurements.

Takahiro Saitoh, Yousuke Matsuda and Masao Miki (Applied Chemistry and Biotechnology, graduate School of Engineering, Univ of Fukui)

1P153 細いフィラメントへのミオシン頭部結合により生じる協同性のスピンラベル化トロポミオシンからの解析

○植田 啓介¹⁾, 木邑 智恵子²⁾, 相原 朋樹²⁾, 植木 正二¹⁾, 三木 正雄³⁾, 荒田 敏昭¹⁾

1) 阪大院・理・生物科学 2) ERATO・前田プロジェクト 3) 福井大・工・生物応用化学

Cooperative effect of myosin binding to spin-labeled tropomyosin on muscle thin filament

Keisuke Ueda (1), Chieko Kimura (2), Tomoki Aihara (2), Shoji Ueki (1), Masao Miki (3) and Toshiaki Arata (1). (1: Dept. of Biol. Sci. Osaka Univ., 2: ERATO-JST, 3: Dept. of Applied Chem. and Biotech. Fukui Univ.)

1P154 SDSL-EPR 法を用いた心筋トロポニン I リン酸化によるトロポニン C 構造への影響の研究

○植木 正二¹⁾, 荒田 敏昭²⁾

1) 徳島文理大・香川薬 2) 阪大院・理

SDSL-EPR study of the effect of troponin I phosphorylation on the structure of cardiac troponin C

Shoji Ueki (1) and Toshiaki Arata (2). (1: Facul Pharm Sci at Kagawa, Tokushima Bunri Univ; 2: Dept Biol Sci, Graduate School of Science, Osaka Univ)

1P155 トロポミオシン・ジャンクションのスイベルはアクチンフィラメント制御に必須である

村上 健次¹⁾, Stewart Murray²⁾, ○若林 健之¹⁾

1) 帝京大学・理工学部・バイオサイエンス 2) MRC Lab. Mol. Biol

A Swivel between Successive Tropomyosin Moecules is Crucial for Actin Filament Regulation

Kenji Murakami(1), Murray Stewart (2) and Takeyuki Wakabayashi(1). (1: Dept Biosciences, School of Science and Engineering, Teikyo University; 2: MRC Lab. Mol. Biol.)

1P156 ハイパーモバイル水の証拠: F-actin 水溶液中のプロトン拡散係数は純水より大きく myosin-S1 結合でさらに増大

○鈴木 誠¹⁾, Gan Xinying¹⁾, 和沢 鉄一¹⁾, 宮崎 崇¹⁾

1) 東北大院・工 2) CREST, JST

Evidence of hyper-mobile water: Enhanced proton diffusion coefficients in F-actin solutions with bound myosin S1 by PFG-SE NMR

Makoto Suzuki(1), Xinying Gan(1), Tetsuichi Wazawa(1) and Takashi Miyazaki(1). (1:Dept Materials Processing, Graduate School of Engineering, Tohoku University)

1P157 X線繊維回折による骨格筋ミオシンクロスブリッジの構造と動態

○大島 勘二¹⁾, 武澤 康範²⁾, 杉本 泰伸²⁾, Thomas Irving³⁾, 若林 克三²⁾

1) 大阪大学臨床医工学融合研究教育センター 2) 大阪大学大学院基礎工学研究科 3) Illinois Institute of Technology

Dispositional and Conformational Changes of Myosin Crossbridges in Skeletal Muscle Contraction and Regulation by X-ray Fiber Diffraction

Kanji Oshima (1), Yasunori Takezawa (2), Yasunobu Sugimoto (2), Thomas C. Irving (3) and Katsuzo Wakabayashi (2) (1: Cent. of Adv. Med. Eng. and Info., Osaka Univ; 2 Div. of Biophys. Eng., Graduate School of Engineering Science., Osaka Univ; 3 Dept. of Biol. Chem. Phys. Sci., Illinois Inst. of Tech., USA)

1P158 リン酸化にともなう平滑筋ヘビメロミオシンの構造変化

○沼守 孝明¹⁾, 杉本 泰伸¹⁾, 藤原 悟²⁾, 丸田 晋作³⁾, 若林 克三¹⁾

1) 阪大院・基礎工 2) 原研 3) 創価大

Conformational Changes of Smooth Muscle Heavy Mero Myosin associated with phosphorylation

Takaaki Numamori(1) Yasunobu Sugimoto(1) Satoru Fujiwara(2) Shinsaku Maruta(3) , and Katsuzo Wakabayashi(1) (1:Graduate School of Engineering Science, Osaka University, Japan 2:Japan Atomic Energy Agency, Ibaraki, Japan 3:Faculty of Engineering, Soka University, Japan)

1P159 ミオシンのATP加水分解機構の理論的研究 (II)

○香川 浩¹⁾, Gao Qi²⁾, 田村 祐介³⁾, 森 和英⁴⁾

1)日本医大・物理 2)東工大院・生命理工 3)日本SGI4)WCSC

Theoretical Study of the Myosin ATPase Mechanism (Part II)

Hiroshi Kagawa(1), Qi Gao(2), Yusuke Tamura(3), and Kazuhide Mori(4). (1: Physics Lab, Nippon Medical School, 2: Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Institute of Technology, 3: SGI Japan, Ltd., 4: WCSC)

1P160 アクチン繊維の柔軟性と運動の関係 : pH の関係

○有井 裕輔¹⁾, 羽鳥 晋由¹⁾

1)山形大院・理工学系・応用生命

Relationship between the flexibility and motile activity of actin filaments: effect of pH

Yuusuke Arai and Kuniyuki Hatori (Dept. Biosys., Graduate School of Science and Engineering, Yamagata Univ.)

1P161 F-アクチンの構造転移の可能性について

○小田 俊郎^{1,2)}, 相原 朋樹¹⁾

1)理化学研究所 2)ERAT アクチンフィラメント動態プロジェクト

Possibility of structural transition of F-actin

Toshiro Oda (1,2) Tomoki Aihara (1) (1: Harima RIKEN institute, RIKEN Spring-8 center 2: ERATO Actin-filament dynamics Project JST)

1P162 血管平滑筋ミオシン I による F アクチンの束化

○岡本 洋¹⁾, 小澤 望¹⁾, 森本 浩平¹⁾, 片山 栄作²⁾

1)室蘭工大・工・応化・生物工学 2)東大・医科研

Actin bundling induced by aorta smooth muscle myosin I

Yoh Okamoto(1), Nozomi Ozawa(1), Kohei Morimoto(1) and Eisaku Katayama(2). (1:Department of Applied Chemistry, Muroran Institute of Technology;2:The Institute of Medical Science, The University of Tokyo)

1P163 組換えヒト心筋 α -アクチンの変異体解析で明らかとなったアクチン重合時における Q 137 の 2 つの重要な役割について

○岩佐 充貞¹⁾, 前田 佳代¹⁾, 成田 哲博¹⁾, 前田 雄一郎^{1,2)}, 小田 俊郎^{1,3)}

1)JST・ERATO2)名大・理・生命理学 3)理研・播磨

Dual roles of Q137 of actin revealed by recombinant human cardiac α -actin mutants.

Mitsusada Iwasa (1), Kayo Maeda (1), Akihiro Narita (1), Yuichiro Maeda (1, 2) and Toshiro Oda (1, 3). (1: ERATO Actin Filament Dynamics Project, JST; 2: Div. of Biological Science, Graduate School of Sciences, Nagoya Univ.; 3: Structural Physiology Research Group, RIKEN SPring-8 Center)

1P164 アクチン繊維に発生する遅く変調されたゆらぎ

○松井 優大¹⁾, 羽鳥 晋由¹⁾

1)山形大院・理工学系・応用生命

Slow modulated fluctuations occurring on an actin filament as revealed by correlation analysis

Masahiro Matsui and Kuniyuki Hatori (Dept. Biosys., Graduate School of Science and Engineering, Yamagata Univ.)

1P165 アクチンフィラメント内部における柔軟性の可視化

○森 一貴¹⁾, 今井 栄一¹⁾, 御橋 廣真²⁾, 本多 元¹⁾

1)長岡技科大 生物系 2)日本福祉大 情報社会科学部

Visualizations of internal flexibility of filamentous actin

Kazutaka Mori(1), Eiichi Imai(1), Koshin Mihashi(2), Hajime Honda(1) (1:Dept. of BioEngineering, Nagaoka Univ. of Tech;2:Faculty of Social and Information Sciences, Nihon Fukushi University)

1P166 アクチンヘリックスの結合エネルギーに固有な関係式

○御橋 広真¹⁾, 小田 俊郎²⁾

1)日福大・情報社会科学 2)理研・播磨

Energy Correlation between 2 Kinds of Bond Specific to the Double-Stranded Helix of Actin

Koshin Mihashi(1) and Toshiro Oda(2). (1:Faculty of Social and Information Sciences, Nihon Fukushi University; 2:Riken Harima, Spring8)

1P167 アクチンフィラメントの熱力学的・レオロジー的挙動

○伊藤 忠直¹⁾

1)京大・低温・物質科学研究センター

Thermodynamical and rheological behaviors of actin filaments

Tadanao Ito. (Kyoto Univ Research Center of Low Temperature and Materials Sciences)

1P168 粗視化シミュレーションによるアクチンの重合

○山田 達矢¹⁾, 美宅 成樹¹⁾

1)名大院・工学

Coarse graining simulation of actin polymerization

Tatsuya Yamada, Shigeki Mitaku. Nagoya University, School of Engineering

1P169 アクチンフィラメント中のアクチン1分子イメージング

○田口 洋介¹⁾, 今井 栄一¹⁾, 嶋田 勝彦²⁾, 本多 元¹⁾

1)長岡技科大 大学院 生物系 2)名古屋市立大学 芸術工学部

Imaging a single actin molecules within a single filaments

Yousuke Taguchi (1), Eiichi Imai (1), Katsuhiko Shimada (2), Hajime Honda (1). (1: Department of BioEngineering, Nagaoka University of Technology; 2: School of Design and Architecture, Nagoya City University)

1P170 アクチン繊維のすべり運動と高さ方向揺らぎの関係

○国田 美穂子^{1,3)}, 櫻沢 繁¹⁾, 本多 元²⁾

1)公立はこだて未来大院・システム情報 2)長岡技大・生物系 3)日本学術振興会特別研究員

A relationship between the sliding movement and height fluctuation of a sliding actin filament

Mihoko Kunita (1, 3), Shigeru Sakurazawa (1) and Hajime Honda (2). (1: Graduate School of Systems Information Science, Future-University of Hakodate; 2: Dept of BioEngineering, Nagaoka University of Technology, JSPS Research Fellow)

1P171 蛍光標識によるアクチン繊維の運動の不活性化

○松下 俊介¹⁾, 羽鳥 晋由¹⁾

1)山形大院・理工学系・応用生命

Defect of motile activity of actin filaments directly conjugated with fluorophores

Syunsuke Matsushita and Kuniyuki Hatori. (Dept Biosys., Graduate School of Science and Engineering, Yamagata Univ.)

1P172 調節タンパク質を結合させたマダラアクチンのゆらぎ解析

○鷹巣 光¹⁾, 今井 栄一¹⁾, 嶋田 勝彦²⁾, 本多 元¹⁾

1)長岡技科大 大学院 生物系 2)名古屋市立大学 芸術工学部

Fluctuations of an actin filament associated with troponin-tropomyosin complexes

H. Takasu (1), E. Imai (1), K. Shimada (2) and H. Honda (1). (1: Department of BioEngineering, Nagaoka University of Technology; 2: School of Design and Architecture, Nagoya City University)

1P173 環形動物斜紋筋のコネクチン様タンパク質

○畠山 慎一郎¹⁾, Zhu Yi²⁾, Granzier Henk²⁾, 木村 澄子¹⁾

1)千葉大院・理学・生物 2)ワシントン州立大・VCAPP

Single molecule measurement of elasticity of connectin-like 1200K-protein fragment B in a polychaete (Annelida)

Shinichirou Hatakeyama (1), Yi Zhu (2), Henk Granzier (2) and Sumiko Kimura (1). (1: Dept Biology, Graduate School of Science, Chiba University; 2: Dept VCAPP, Washington State University)

1P174 バナジン酸は二枚貝の筋肉のミオシンとトウイッチンで再構成したキャッチ状態のアクチン-ミオシンフィラメント間結合を解離させない

○山田 章¹⁾, 吉雄 麻喜¹⁾, 大岩 和弘¹⁾

1)情報通信研・未来ICT・バイオ

Vanadate does not dissociate actin from myosin filaments in 'catch' reconstituted with myosin and twitchin purified from bivalve muscles

Akira Yamada, Maki Yoshio and Kazuhiro Oiwa (Biological ICT Group, National Institute of Information and Communications Technology)

1P175 微小生命機械システムを目指した昆虫細胞再構築法に関する研究

○森島 圭祐¹⁾, 秋山 佳丈¹⁾, 古川 勇二¹⁾

1)東京農工大学・工・機械

Construction of Regenerative Mechanical Systems Using Muscle Cells for a Quasi-Living Machine

Keisuke Morishima, Yoshitake Akiyama, Yuji Furukawa Dept of Mechanical Engineering, Graduate School of Engineering, Tokyo Univ of Agriculture & Technology

化学受容 (Chemoreception)

- 1P176 イモリの嗅上皮から見つかった Cp-Lipocalin (Cp-Lip) の機能解析
 ○満 都拉¹⁾, 高橋 司¹⁾, 澤田 研¹⁾, 岩佐 達郎¹⁾
 1) 室蘭工大・創成機能科学専攻
Functional analysis of Cp-Lipocalin (Cp-Lip) found in the olfactory epithelium of the newt
 Mandula Glaqin (1), Tsukasa Takahashi (1), Ken Sawada (1), Tatsuo Iwasa (1). (1: Dept of Mat. Sci and Eng., Muroran IT)
- 1P177 イモリ嗅覚組織で見つかったリポカリンスーパーファミリーに属するタンパク質
 ○高橋 司¹⁾, 澤田 研¹⁾, 岩佐 達郎¹⁾
 1) 室工大・工・材料物性工
Proteins belong to Lipocalin super-family found in olfactory organ of the newt
 Dept. of Mat. Sci. and Eng., Muroran Institute of Technology.
- 1P178 嗅上皮に見いだされたリガンド結合タンパク質の研究
 ○瓜田 裕亘¹⁾, 岩佐 達郎¹⁾, 中村 整²⁾, 岡野 恵子³⁾
 1) 室工大 工 材料物性 2) 電通大 量子物質 3) 早稲田 理工 電機情報生命工
Cp-PLBP: A possible ligand-binding protein found in the olfactory epithelium of *Cynops pyrrhogaster*
 Hironobu Urita (1), Tadashi Nakamura (2), Keiko Okano (3) and Tatsuo Iwasa (1). (1: Dept. of Mat. Sci. and Eng., Muroran IT; 2: Dept. of App. Phys. And Chem., Univ. of Electro-Comm; 3: Grad. Sch of Sci. and Eng., Waseda Univ.)
- 1P179 味刺激で誘発される活動電位に依存したマウス味細胞の ATP 放出
 ○村田 芳博¹⁾, 吉田 竜介¹⁾, 安尾 敏明¹⁾, 柳川 右千夫²⁾, 小幡 邦彦³⁾, 植野 洋司⁴⁾, Margolskee Robert F.⁵⁾, ニノ宮 裕三¹⁾
 1) 九大院・歯・口腔機能解析学 2) 群馬大院・医・遺伝発達行動学 3) 理研 4) 奈良女子大・生活環境・応用微生物学 5) マウントシナイ大・医
ATP release from mouse taste cells with action potentials in response to a tastant
 Yoshihiro Murata (1), Ryusuke Yoshida (1), Toshiaki Yasuo (1), Yuchio Yanagawa (2), Kunihiko Obata (3), Hiroshi Ueno (4), Robert F. Margolskee (5) and Yuzo Ninomiya (1) (1: Sect. of Oral Neurosci., Grad. Sch. of Dental Sci., Kyushu Univ.; 2: Grad Sch. of Med., Gumma Univ.; 3: RIKEN; 4: Nara Women's Univ.; 5: Mount Sinai Sch. of Med.)
- 1P180 味細胞の細胞型による応答特性の差異
 ○吉田 竜介¹⁾, 村田 芳博¹⁾, 安尾 敏明¹⁾, 上瀧 将史¹⁾, 柳川 右千夫^{1,2)}, 小幡 邦彦^{1,2,3)}, 植野 洋司⁴⁾, Margolskee Robert⁵⁾, ニノ宮 裕三¹⁾
 1) 九大院・歯・口腔機能解析学 2) 群馬大院・医・遺伝発達行動学 3) 理研 4) 奈良女子大・生活環境・応用微生物学 5) マウントシナイ大・医
Differences in response properties among cell types of taste cells
 Ryusuke Yoshida (1), Yoshihiro Murata (1), Toshiaki Yasuo (1), Masashi Jyotaki (1), Yuchio Yanagawa (2), Kunihiko Obata (3), Hiroshi Ueno (4), Robert F. Margolskee (5), Yuzo Ninomiya (1). (1: Sect. of Oral Neurosci., Grad. Sch. of Dental Sci., Kyushu Univ. 2: Grad Sch. of Med., Gumma Univ. 3: RIKEN 4: Nara Women's Univ. 5: Mount Sinai Sch. of Med.)
- 1P181 コレラ菌のタウリン走性に関与する化学受容体ホモログの解析
 ○西山 宗一郎^{1,2)}, 鈴木 大介^{2,3)}, 田島 寛隆^{2,3)}, 伊東 靖晃³⁾, 本間 道夫³⁾, 川岸 郁朗^{1,2)}
 1) 法政大・工・生命機能 2) 法政大・マイクロ・ナノテク研究センター 3) 名大・院理・生命理学
A chemoreceptor homolog mediates an attractant response to taurine in *Vibrio cholerae*
 So-ichiro Nishiyama (1, 2), Daisuke Suzuki (2, 3), Hirotaka Tajima (2, 3), Yasuaki Ito (3), Michio Homma (3) and Ikuro Kawagishi (1, 2). (1: Dept Frontier Science, Faculty of Engineering, Hosei Univ; 2: Research Center for Micro-Nano Technology, Hosei Univ; 3: Div Biol Sci, Grad School of Sci, Nagoya Univ)
- 1P182 コレラ菌の走化性は受容体の発現レベルで調節される
 ○鈴木 大介^{1,3)}, 伊東 靖晃^{1,4)}, 百武 晃弘^{1,5)}, 本間 道夫¹⁾, 川岸 郁朗^{2,3)}
 1) 名古屋大・院理・生命 2) 法政大・工・生命機能 3) 法政大・ナノテク研究センター 4) 現: イビデン 5) 現: 阪大・微研
Chemotaxis of *Vibrio cholerae* is controlled at the level of the chemoreceptor expression
 Daisuke Susuki (1, 3), Yasuaki Ito (1, 4), Akihiro Hyakutake (1, 5), Michio Homma (1), Ikuro Kawagishi (2, 3). (1: Graduate School of Science, Nagoya Univ., 2: Frontier Bioscience, Hosei Univ., 3: Research Center for Micro-nano Technology, Hosei Univ., 4: IBIDEN, 5: Research Institute for Microbial Diseases, Osaka Univ.)
- 1P183 コレラ菌の好気性/嫌気性による局在調節
 ○蛭沢 達朗^{1,2)}, 百武 晃宏⁴⁾, 鈴木 大介^{2,3)}, 西山 宗一郎^{1,2)}, 本間 道夫³⁾, 川岸 郁朗^{1,2)}

- 1) 法大院・工・物質化学 2) 法政大・マイクロ・ナノテクノロジー研究センター 3) 名古屋大院・理・生命
4) 阪大・微研

Aerobic/anaerobic control of localization of signaling components of *Vibrio cholerae*

Tatsuaki Ebisawa (1, 2), Akihiro Hyakutake (4), Daisuke Suzuki (2, 3), So-ichiro Nishiyama (1, 2), Michio Honma (3) and Ikuro Kawagishi (1, 2) (1: Dept. of Frontier Science, Faculty of Engineering, Hosei Univ. 2: Research Center for Micro-Nano Technology, Hosei Univ. 3: Div. of Biol. Sci., Grad. School of Sci. Nagoya Univ. 4: Reserch Institute for Microbial Diseases, Osaka Univ.)

1P184 細菌走化性受容体の結晶化によるリガンド認識とシグナル伝達メカニズムの解析

○田島 寛隆^{1,4)}, 佐久間 麻由子¹⁾, 今田 勝巳²⁾, 本間 道夫¹⁾, 川岸 郁朗^{3,4)}

1) 名大・院理・生命 2) 阪大・院生命機能 3) 法大・工・生命機能 4) 法大・ナノテクセンター

Crystallographic analyses of ligand recognition and transmembrane signaling mechanisms of the bacterial chemoreceptors

Hiroataka Tajima (1, 4), Mayuko Sakuma (1), Katsumi Imada (2), Michio Homma (1), Ikuro Kawagishi (3, 4). (1: Div of Biological Science, Graduate School of Science., Nagoya Univ; 2: Graduate School of Frontier Biosciences., Osaka Univ; 3: Dept of Frontier Bioscience, Faculty of Engineering., Hosei Univ; 4: Research center for Micro-Nano Technology., Hosei Univ

神経・感覚 (Neurons and sensory system)

1P185 コルチコステロイドによる海馬神経スパインの急性的形態変化の解析

○小松崎 良将^{1,2,3)}, 北條 泰嗣^{2,3)}, 川戸 佳^{2,3)}

1) 日大・文理・物理生命システム 2) 東大院・総合文化・広域科学 3) バイオインフォマティクス・JST

Rapid morphological changes of dendritic spines induced by corticosteroids in rat hippocampus

Yoshimasa Komatsuzaki (1), (2), (3), Yasushi Hojo (2), (3) and Suguru Kawato (2), (3). (1: Coll. of Hum. & Sci., Nihon Univ.; 2: Dept. of Biophys. & Life Sci., Univ. of Tokyo; 3: Bioinformatics Project, JST)

1P186 ラット海馬 CA1 領域の上昇層、放射状層、網状分子層におけるエストロゲンによる神経細胞スパインへの効果

○村上 元^{1,2)}, 釣木澤 朋和³⁾, 畑中 悠佑¹⁾, 小松崎 良将⁴⁾, 木本 哲也^{1,2)}, 川戸 佳^{1,2)}

1) 東京院・総合文化・広域科学 2) 科学技術振興機構 3) 味の素 4) 日大院・文理

Comparison between Basal and Apical Dendritic Spines in Estrogen-Induced Rapid Spinogenesis Principal Neurons in the rat Hippocampal CA1

G. Murakami, T. Tsurugizawa, Y. Hatanaka, Y. Komatsuzaki, T. Kimoto, S. Kawato

1P187 女性ホルモンによる海馬神経細胞スパインの形態変化

○佐藤 怜以¹⁾

1) 東大院・総合文化・生命環境

Dynamics of synapses modulated by estradiol in hippocampus

Rei Sato

1P188 海馬樹状突起スパインに及ぼす男性ホルモンの急性的効果

○畑中 悠佑¹⁾, 木本 哲也¹⁾, 川戸 佳¹⁾

1) 東大院・総合文化・生命環境

Androgens rapidly increased the density of spines in the hippocampus

Yusuke Hatanaka, Tetsuya Kimoto, and Suguru Kawato. (Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences., Univ of Tokyo)

1P189 ラット海馬における性ステロイドおよびストレスステロイドホルモンの合成

○肥後 心平¹⁾, 北條 泰嗣¹⁾, 石井 寛高¹⁾, 川戸 佳¹⁾

1) 東大院・総合文化・広域科学

Androgen and estrogen synthesis in the rat hippocampus

Shimpei Higo (1), Yasushi Hojo (1), Hiroataka Ishii (1), Suguru Kawato (1). (1: Dept. Biophys. and Life Sci, Grad. Sch. Art and Sci, Tokyo Univ.)

1P190 海馬における男性ホルモンと女性ホルモンの生理的意義の違い。

○北條 泰嗣^{1,2)}, 肥後 心平^{1,2)}, 向井 秀夫^{1,2)}, 小南 思郎³⁾, 原田 信広⁴⁾, 本間 誠次郎⁵⁾, 木本 哲也^{1,2)}, 川戸 佳^{1,2)}

1) 東大院・総合文化・広域科学 2) CREST Bioinformatics Project, JST 3) 広大院・総合科学 4) 藤田保健衛生大・医・生化学 5) 帝国臓器製薬メディカル

The differences in physiological significance for androgen and estrogen in the rat hippocampus.

Yasushi Hojo (1, 2), Shimpei Higo (1, 2), Hideo Mukai (1, 2), Shiro Kominami (3), Nobuhiro Harada (4), Seijiro Honma (5), Tetsuya Kimoto (1, 2) and Suguru Kawato (1, 2). (1: Dept. of Biophys. and Life Sci., Graduate School of Arts and Sciences, The Univ. of Tokyo; 2: CREST, Bioinformatics Project,

JST; 3: Fac. of Integrated Arts and Sci., Hiroshima Univ.; 4: Dept. of Biochem., Sch. of Med., Fujita Health Univ.; 5: Teikoku Hormone Research Medical Center Co., Ltd.)

1P191 蛍光顕微鏡による単一シナプトソームイメージング

○菊地 歩¹⁾, 川戸 佳²⁾, 太田 善浩¹⁾

1)東京農工大院・工学府・生命工学 2)東大院・総合文化・広域科学

Single synaptosomes imaging with fluorescence microscopy

Ayumu Kikuchi(1), Suguru Kawato(2) and Yoshihiro Ohta(1). (1:Dept Life Sci & Biotech, Graduate School of Engineering, Tokyo Univ of Agriculture & Technology; 2:Dept of Biophysics and Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo)

1P192 Structural Plasticity におけるカルシウムイオンの役割: アクチンダイナミクスのシミュレーションによる検討

能澤 啓司¹⁾, ○市川 一寿¹⁾

1)金沢工業大学

The role of calcium ion in the structural plasticity of a spine: simulation of actin dynamics

Keiji Nozawa and Kazuhisa Ichikawa (Dept Brain Bioinf.Sci., Kanazawa Institute of Technology)

1P193 嗅神経軸索に局在する TRPV2 は IGF-I 依存的細胞内カルシウム流入に関与する

松井 等¹⁾, 神山 直也¹⁾, 井関 健²⁾, 高草木 薫¹⁾, ○柏柳 誠¹⁾

1)旭医・生理・神経機能 2)北大院・薬・臨床薬剤

TRPV2, an insulin-like growth factor-I-regulated calcium-permeable channel, localizes to olfactory axons in adult and fetal mouse

Hitoshi Matsui (1), Naoya Kamiyama (1), Ken Iseki (2), Kaoru Takakusaki (1) and Makoto Kashiwayanagi (1). (1: Dept Sensory Physiol, Asahikawa Medical College, 2: Grad Sch Pharm Sci, Hokkaido University)

1P194 多電極アレイによる培養ニューラルネットワーク時空間ダイナミクスと自発活動の長期計測

○伊東 大輔¹⁾, 安谷屋 英之¹⁾, 玉手 宏基¹⁾, 永山 昌史¹⁾, 内田 努¹⁾, 郷原 一寿¹⁾

1)北大院・工・応用物理

Long-term measurement for spatiotemporal dynamics and spontaneous activities of cultured neural networks by multi-electrode arrays

Daisuke Ito, Hideyuki Adaniya, Hiroki Tamate, Masafumi Nagayama, Tsutomu Uchida and Kazutoshi Gohara (Division of Applied Physics, Graduate School of Engineering, Hokkaido University)

1P195 カリキュリンAにより引き起こされる神経突起縮退現象の解析

○犬束 歩¹⁾, 合田 真²⁾, 藤吉 好則¹⁾

1)京大・理・生物物理 2)理研・播磨

The analysis of neurite retraction caused by calyculin A

Ayumu Inutsuka (1), Makoto Goda (2) and Yoshinori Fujiyoshi (2). (1: Department of Biophysics, Kyoto University Graduate School of Science(2: RIKEN, Harima institute

1P196 神経細胞の初期の酸化ダメージに対する UCP2 による保護効果

○長谷田 圭亮¹⁾, 富田 憲司¹⁾, 木村 咲恵¹⁾, 山下 均²⁾, 太田 善浩¹⁾

1)東京農工大院・生命工学・生体機能工学 2)中部大・生命健康科学・生命医科学

Effects of UCP2 on protection of cells from initial oxidative damage

Keisuke Haseda (1), Kenji Tomita (1), Sakie Kimura (1), Hitosi Yamasita (2), Yoshihiro Ohta (1). (1:Division of Biotechnology and Life Science, Institute of Symbiotic Science and Technology, Tokyo University of Agriculture and Technology; 2:Unit of Environmental Health Sciences, Department of Biomedical Sciences, College of Life and Health Sciences, Chubu University)

1P197 位相差透過電子顕微鏡による神経細胞内細胞骨格フィラメントの無損傷イメージング

○福田 善之^{1,2)}, 深澤 有吾^{1,3)}, 新田 浩二⁴⁾, 重本 隆一^{1,3)}, 永山 國昭^{1,2,4)}

1)総研大・生命科学・生理科学 2)生理研・ナノ形態生理 3)生理研・脳形態解析 4)岡崎統合バイオ・ナノ形態生理

Intact images of cytoskeletal filaments in neurons with phase-contrast transmission electron microscopy

Yoshiyuki Fukuda (1,2), Yugo Fukazawa (1,3), Koji Nitta (4), Ryuichi Shigemoto (1,3), Kuniaki Nagayama (1,2,4). (1: The Graduate University for Advanced Studies, School of Life Science, Department of Physiological Science; 2: National Institute for Physiological Science, Department of Molecular Physiology, Division of Nano-Structure Physiology; 3: National Institute for Physiological Science, Department of Cerebral Research, Division of Cerebral Structure; 4: Okazaki Institute for Integrative Bioscience, Department of Strategic Methodology, Division of Nano-Structure Physiology)

1P198 蛍光相関分光法を用いた生細胞におけるアルファシヌクレインの凝集の解析

○木谷 亮太¹⁾

1) 北大院/生命科学/細胞機能

Analysis of aggregation of alpha-synuclein in live cell using fluorescence correlation spectroscopy

Ryota Kitani and Masataka Kinjo (Laboratory of Molecular Cell Dynamics, Graduate school of life science, Hokkaido University)

1P199 神経 RNA granule タンパク質 RNG105 ノックアウトによる興奮性-抑制性シナプス形成とバランスの異常

○椎名 伸之^{1,2)}, 徳永 万喜洋^{1,2,3)}

1) 遺伝研・構造遺伝学センター 2) 総研大 3) 理研・免疫センター

A deficiency of the RNA granule protein RNG105 impairs the formation and the balance of excitatory/inhibitory synapses

Nobuyuki Shiina (1, 2), Makio Tokunaga (1, 2, 3). (1: Structural Biology Center, National Institute of Genetics; 2: SOKENDAI; 3: RCAI, RIKEN)

1P200 モノアラガイの味覚嫌悪学習における遺伝子発現解析

○伊藤 悦朗¹⁾, 定本 久世¹⁾

1) 徳島文理大. 香川薬

Altered Gene Activity Correlated with Long-Term Memory Formation of Conditioned Taste Aversion in *Lymnaea*

Etsuro Ito and Hisayo Sadamoto. (Kagawa School of Pharmaceutical Sciences, Tokushima Bunri University)

1P201 ホヤの機械刺激受容システムに関わる遺伝子ファミリーの探索

○釜田 佳織¹⁾, 日下部 岳広¹⁾, 宮本 由紀¹⁾, 片野坂 友紀²⁾, 成瀬 恵治²⁾, 津田 基之^{1,3)}

1) 兵庫県立大院・生命理・生体情報 12) 岡山大院・医歯薬・システム循環生理 3) 徳島文理大・香川薬

Molecular genetic characterization of mechanosensory systems in the simple chordate *Ciona intestinalis*

Kaori KAMATA(1), Takehiro KUSAKABE(1), Yuki MIYAMOTO(1), Yuki KATANOSAKA(2), Keiji NARUSE(2) and Motoyuki TSUDA(1, 3). (1: Graduate School of Life Science, University of Hyogo; 2: Department of Cardiovascular Physiology, Okayama University Graduate School of Medicine; 3: Faculty of Pharmaceutical Sciences at Kagawa Campus, Tokushima Bunri University)

神経回路・脳の情報処理 (Neural network and brain computing)

1P202 マイクロCT法による脳組織の三次元構造解析

○水谷 隆太¹⁾, 市村 綾女¹⁾, 大山 正美¹⁾, 柳田 恵里¹⁾, 竹腰 進²⁾, 長村 義之²⁾, 竹内 晃久³⁾, 上杉 健太郎³⁾, 鈴木 芳生³⁾

1) 東海大・工・生化 2) 東海大・医・病理 3) JASRI/SPring-8・利用研究促進部門

Three-dimensional structure analysis of brain tissue using computed microtomography

Ryuta Mizutani (1), Ayame Ichimura (1), Masami Ohyama (1), Eri Yanagida (1), Susumu Takekoshi (2), R. Yoshiyuki Osamura (2), Akihisa Takeuchi (3), Kentaro Uesugi (3) and Yoshio Suzuki (3) (1: Dept of Applied Biochemistry, School of Engineering, Tokai Univ; 2: Dept of Pathology, School of Medicine, Tokai Univ; 3: Research & Utilization Div, JASRI/SPring-8)

1P203 海馬 CA3 ネットワークはトレース記憶のタイミングおよび連想記憶に重要である

○岸本 泰司^{1,2)}, 中沢 一俊^{3,4)}, 利根川 進³⁾, 狩野 方伸²⁾, 桐野 豊^{1,2)}

1) 徳島文理大院・香川薬・生物物理 2) 阪大院・医・細胞神経科学 3) NIH/NIMH4) MIT

Hippocampal CA3 NMDA receptors network is crucial for adaptive timing and retrieval of trace conditioning

Yasushi Kishimoto (1, 2), Kazu Nakazawa (3, 4), Susumu Tonegawa (4), Masanobu Kano (2), Yutaka Kirino (1). (1: Dept NeuroBiophysics, Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Tokushima Bunri Univ.; 2: Dept Neurophysiology, Graduate School of Medicine, Osaka Univ.; 3: National Institute of Mental Health, National Institutes of Health; 4: RIKEN; Massachusetts Institute of Technology Neuroscience Research Center, Center for Cancer Research, and Departments of Biology and Brain and Cognitive Sciences, Massachusetts Institute of Technology)

1P204 海馬分散培養神経回路網の編成過程における自発性活動パターンと NMDA 型グルタミン酸受容体の関与

○清原 藍^{1,2)}, 田口 隆久²⁾, 工藤 卓²⁾

1) 阪大院・理・化学 2) 産総研・セルエンジニアリング

Involvement of NMDA-Rs in developmental change of spontaneous action potential pattern in a rat hippocampal dissociated neurons.

Ai Kyohara (1), (2), Takahisa Taguchi (2), Suguru N. Kudoh (2), (1: Dept. Chem., Graduate School of Science,

Osaka Univ;2:Research Institute for Cell Engineering, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST).)

1P205 海馬 CA3 野における興奮抑制シナプスの幾何学的配置の電気生理的探索と方向性領域内興奮

○富永 貴志^{1,2)}, 市川 道教²⁾, Liu Guosong³⁾

1) 徳島文理大学・香川薬／神経研 2) 理研 BSI 3) 清華大学・医学部・記憶学習センター

Electrophysiologically probed geometric correlation of E/I synapses and directional activation of the rat hippocampal CA3 area

Takashi Tominaga (1,2), Michinori Ichikawa (2) and Guosong Liu (3) (1:Kagawa Sch Pharm Sci, Tokushima Bunri Univ., 2: RIKEN BSI, 3: CLM Sch Med, Tsinghua Univ, Beijing, CHINA)

1P206 海馬 CA1 の長期増強に対する神経ステロイド作用の解析

○大石 悠貴¹⁾, 北條 泰嗣²⁾, 川戸 佳²⁾

1) 東大院・理学系・物理 2) 東大院・総合文化・広域科学

Neurosteroids modulate Long-term potentiation of hippocampal CA1 region.

Yuki Oishi (1), Yasushi Hojo (2), and Suguru Kawato (3). (1: Dept Physics, Graduate School of Sciences., Univ of Tokyo; 2: Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences., Univ of Tokyo)

1P207 ラット海馬における NMDA 依存長期抑圧に対するエストラジオールの急性効果

○伊藤 光^{1,2)}, 井上 鑑孝^{1,2)}, 荻上 真理^{1,2)}, 川戸 佳^{1,2)}

1) 東大院・総合文化・広域科学 2) 科技機構・バイオインフォマティクス

Rapid effect of estradiol on NMDA-induced long-term depression in the rat hippocampus

Hikaru Ito (1) (2), Noritaka Inoue (1) (2), Mari Ogiue (1) (2) and Suguru Kawato (1) (2). (1: Dept Biophys. and Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, Univ of Tokyo; 2: Bioinformatics Project, JST)

1P208 膜電位感受性色素を用いて計測したラット海馬 CA1 錐体細胞における GABA シナプスを介したフィードフォワード抑制

○富永 洋子¹⁾, 富永 貴志^{1,2)}

1) 徳島文理大学・香川薬／神経研 2) 理研 BSI

GABAA-mediated feed-forward inhibition on CA1 pyramidal cells probed with voltage-sensitive dye optical imaging in rat hippocampus

Yoko Tominaga (1) and Takashi Tominaga (1,2), 1: Kagawa Sch Pharm Sci, Tokushima Bunri Univ., 2: RIKEN BSI

1P209 ラット海馬エストロゲン受容体のシナプス局在の解析

○向井 秀夫^{1,2)}, 小南 思郎³⁾, 村上 元^{1,2)}, 北條 泰嗣^{1,2)}, 川戸 佳^{1,2)}

1) 東大院・総合文化・広域科学 2) 科技機構・バイオインフォマティクス 3) 広大院・総合科学

Synaptic Localization of Estrogen Receptor alpha in the Rat Hippocampus

Hideo Mukai (1) (2), Shiro Kominami (3), Gen Murakami (1) (2), Yasushi Hojo (1) (2), and Suguru Kawato (1) (2). (1: Graduate School of Arts and Sciences, The Univ. of Tokyo, 2: Bioinformatics Project, JST, 3: Graduate School of Integrated Arts and Sciences, Hiroshima Univ)

1P210 光捕捉による海馬神経シナプスの小胞ダイナミクス

○細川 千絵^{1,2)}, 工藤 卓¹⁾, 清原 藍^{1,3)}, 田口 隆久¹⁾

1) 産総研・セルエンジニアリング 2) JST・さきがけ 3) 阪大院・理・化学

Vesicle dynamics of hippocampal synapses in optical trapping

Chie Hosokawa (1), (2), Suguru N. Kudoh (1), Ai Kiyohara (1), (3), Takahisa Taguchi (1). (1: Research Institute for Cell Engineering, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST); 2: PRESTO, Japan Science and Technology Agency (JST); 3: Dept. Chem., Graduate School of Science, Osaka Univ.)

1P211 瞬目反射条件付けの自家蛍光イメージング

○渡辺 恵¹⁾, 川原 茂敬²⁾

1) 東大院・薬学系 2) 富山大院・理工学

Imaging of eyeblink conditioning using endogenous fluorescence

Satoshi Watanabe (1), Shigenori Kawahara (2). (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Univ of Tokyo; 2: Graduate School of Science and Engineering, Univ of Toyama)

1P212 加齢によるマウス聴性脳幹反応の変化

○北村 美一郎¹⁾, 桐野 豊¹⁾

1) 徳島文理・香川薬・生物物理

Auditory brainstem response in aged mice

Yoshiichiro Kitamura (1), and Yutaka Kirino (1). (1: Lab Neuro-biophysics, Fac Pharm Sci at Kagawa Campus, Tokushima Bunri Univ)

- 1P213** 小脳抑制性シナプス伝達に対するエタノールの二重促進作用
 ○廣野 守俊¹⁾, 小幡 邦彦¹⁾
 1) 理研・脳センター・神経回路メカニズム
Ethanol enhances both action potential-dependent and independent GABAergic synaptic transmission in the cerebellum via cyclic AMP pathways
 Moritoshi Hirono (1) and Kunihiko Obata (1). (1: Neuronal Circuit Mechanisms Research Group, Brain Science Institute, RIKEN)
- 1P214** コウモリのエコーロケーションにおける周波数同調性シフトの神経機構
 ○菊地 一成¹⁾, 廣岡 成一¹⁾, 榎森 与志喜^{1,2)}
 1) 電通大院・情報システム研究科 2) 電通大院・量子物質工
Neural mechanism of frequency tuning shifts in echolocation of bat
 Kazunari Kikuchi (1), Seiichi Hirooka (1), and Yoshiki Kashimori (1) (2). (1: Dept Human Media Systems, Graduate School of Information Network Sciences, University of Electro-Communications, Chofu, Tokyo 182-8585 Japan; 2: Dept Applied Physics and Chemistry, Univ. of Electro-Communications, Chofu, Tokyo, 182-8585 Japan)
- 1P215** ショウジョウバエ幼虫の運動を制御する神経回路の解析
 ○森本一谷藤 高子¹⁾, 笹島 留衣子¹⁾, 宮川 博義¹⁾
 1) 東京薬科・生命・脳神経
Classification of Bursting Segmental Nerve Activity that Regulates Movement in Drosophila Larvae
 Ruiko Sasajima, Hiroyoshi Miyakawa, and Takako Morimoto-Tanifuji Laboratory of Cellular Neurobiology, School of Science, Tokyo University of Pharmacology and Life Sciences, 1432-1 Horinouchi, Hachioji, Tokyo, 192-0392, Japan
- 1P216** コオロギ気流応答性介在ニューロンの応答性に対する NO による調節
 ○小川 宏人¹⁾, 馬場 欣哉²⁾, 北村 美一郎³⁾, 青沼 仁志⁴⁾, 岡 浩太郎⁵⁾
 1) 埼玉医大・医・生物 2) イリノイ大・生物科学 3) 徳島文理大・香川薬・生物物理 4) 北大・電子研・神経情報 5) 慶大・理工・生命情報
NO-mediated regulation of firing activity of wind-sensitive interneurons in the cricket
 Hiroto Ogawa (1), Yoshichika Baba (2), Yoshichiro Kitamura (3), Hitoshi Aonuma (4), Kotaro Oka (5). (1: Dept Biol, Fac Med, Saitama Med Univ; 2: Dept Biol Sci, College of Liberal Arts & Sciences, Univ of Illinois at Chicago; 3: Fac Pharmaceut Sci at Kagawa Campus, Tokushima Bunri Univ; 4: Neuro-Cybernetics Lab, RIES, Hokkaido Univ; 5: Dept Bioscience and Informatics, Fac Sci and Tech, Keio Univ)
- 1P217** ヨーロッパモノアラガイにおける成長に伴うシナプス変化と条件付けによって誘発されたシナプス修飾の関係
 ○唐沢 健¹⁾, 榊原 学²⁾, 堀越 哲郎²⁾
 1) 東海院・生物系・感覚情報生理 2) 東海大・生物系・感覚情報生理
Relationship between developmental synaptic modulation and conditioning-induced synaptic change in Lymnaea
 (1) Takeshi Karasawa (2) Tetsuro Horikoshi (2) Manabu Sakakibara (1: Graduate School of High-technology for Human Welfare, Tokai University; 2: School of High Technology for human Welfare, Tokai University)
- 1P218** 軟体動物を用いた嗅覚情報処理における GABA 神経伝達の解析
 ○小林 卓¹⁾, 松尾 亮太¹⁾, 伊藤 悦朗¹⁾
 1) 徳島文理大・香川薬
GABAergic neurotransmission in odor information processing of the terrestrial mollusk Limax
 Suguru Kobayashi, Ryota Matsuo, Etsuro Ito Kagawa Sch of Pharmaceut Sci, Tokushima Bunri Univ
- 1P219** 真性粘菌ニューロコンピュータによる巡回セールスマン解決と創造的メタ問題解決
 ○青野 真士¹⁾, 原 正彦¹⁾
 1) 理化学研究所・フロンティア
Traveling Salesman Problem Solving and Creative Meta-Problem Solving with Amoeba-based Neurocomputer
 Masashi Aono (1) and Masahiko Hara (1). (1: Frontier Research System, RIKEN)
- 1P220** 脳機能評価のための新たな脳血流動態モデルの提案 (II) -酸素輸送モデル-
 ○山田 亨¹⁾, 梅山 伸二¹⁾
 1) 産総研・脳神経情報
A novel model of neurovascular hemodynamics to elucidate cerebral functional signals (II) - Oxygen transport model -

Toru Yamada (1), Shinji Umeyama (2). (1,2: Neuroscience Research Institute, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

1P221 生体情報処理システムのコーディングにおけるマルチスケール性がもたらす生命現象の普遍性に関する解析

○平林 美樹¹⁾, 大橋 弘忠¹⁾

1) 東大院・工学系・システム量子

Analysis on universality of life phenomena brought by multi-scale coding of biological information processing

Miki Hirabayashi and Hirotada Ohashi. (Dept Quantum Engr and Systems Sci, Graduate School of Engr, Univ of Tokyo)

1P222 光駆動と視覚認知におけるノイズの効果

○猪本 修¹⁾, 福島 龍太¹⁾, 甲斐 昌一¹⁾

1) 九大院・システム生命

Effects of visual noise on photic driving and visual perception

Osamu Inomoto, Ryuta Fukushima, and Shoichi Kai (Graduate School of Systems Life Sciences, Kyushu Univ.)

1P223 ノイズとシグナルの相互作用を考慮した計算論的視覚モデル

○脇坂 崇平^{1,2)}, 太田 宏之³⁾

1) 神大・理 2) 立命館大・文 3) 防衛医大・生理

The computational model of mutual interaction between noise and signal in the visual system

Sohei Wakisaka (1) and Hiroyuki Ohta (2). (1: Dept Science, Kobe Univ; 2: Dept Physiology, National Defense Medical College)

1P224 顔認知における下側頭葉のスパイク同期の神経機構

○高澤 和寛¹⁾, 櫻森 与志喜^{1,2)}

1) 電通大院・情報システム研究科 2) 電通大・量子物質工

Neural Mechanism for spike synchronicity of inferiotemporal cortex in face perception

Kazuhiro Takazawa (1) and Yoshiki Kashimori (1), (2) (1: Dept. of Human Media Systems, Graduate School of Information Network Sciences, University of Electro-Communications, Chofu, Tokyo 182-8585 Japan; 2: Dept .of Applied Physics and Chemistry, Univ. of Electro-Communications, Chofu, Tokyo, 182-8585 Japan)

1P225 TE 野神経細胞に見られる複数の発火状態と状態遷移の細胞間同期-発火系列を記述するモデルの拡張

○内田 豪¹⁾, 福田 光洋¹⁾, 谷藤 学¹⁾

1) 理研・脳研・脳統合機能

Inter-neuronal synchrony of transition between activity states revealed by extension of a model for spike trains in area TE

Go Uchida, Mitsuhiro Fukuda and Manabu Tanifuji (Brain Science Institute, RIKEN)

1P226 スパイク列に見られる履歴と神経細胞の特性との関係

○山野辺 貴信¹⁾

1) 北大院・医学・認知行動学

Relation between spiking history and properties of neurons

Takanobu Yamanobe (Dept Physiology, Graduate School of Medicine, Hokkaido Univ)

1P227 アガロースマイクロ構造内に培養した神経1細胞の長期活動計測

○鈴木 郁郎¹⁾, 安田 賢二²⁾

1) 東大院・総合文化・広域科学 2) 東京医科歯科大・生体材料工学研究所・情報

Long-term recordings of cultured single neuron in agarose microstructure.

Ikurou Suzuki (1) and Kenji Yasuda (2). (1: Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences., Univ of Tokyo; 2: Dept Biomedical Info, Division Biosystems, Institute of Biomaterials and Bioengineering, Tokyo Medical and dental University)

1P228 一細胞レベルにおける学習・記憶形成に関わる分子機構解析

○定本 久世¹⁾, 伊藤 悦朗¹⁾

1) 徳島文理大・香川薬

Single Cell Analysis for Memory Formation in Molluscan Central Nervous System

Hisayo Sadamoto, Etsuro Ito. Kagawa Sch Pharmaceut Sci, Tokushima Bunri Univ

生命情報科学 (比較ゲノミクス・分子進化) (Bioinformatics-comparative genomics and molecular evolution)

1P229 自然淘汰型進化リアクターを使ったプロモータの進化実験

○上野 泰生¹⁾, 山田 直史¹⁾, 伏見 譲¹⁾

1) 埼大院・理工学

Evolution of promoter in a natural selection-type evolution reactor

Yasuo AGENO(1), Naofumi YAMADA(1) and Yuzuru HUSIMI(1). (1: Department of Functional Materials Science, Saitama University)

1P230 ORI-GENE を用いた必須遺伝子の進化系統解析

○河野 公寿¹⁾, 水野 英明²⁾, 皿井 明倫³⁾

1) 九工大 院・情報工・情報科学 2) 中外製薬・創薬資源 3) 九工大・情報工・生命情報

Phylogenetic Analyses of Essential Genes by Using ORI-GENE

Hirtoshi Kawano (1), Hideaki Mizuno (2) and Akinori Sarai (1). (1: Dept of Bioscience and Bioinformatics, Graduate School of Computer Science and Systems Engineering, Kyushu Institute of Technology; 2: Chugai pharmaceutical co., Ltd.)

1P231 Genome distance can be measured by genome profiling (GP): Reinforced evidences and applications

○Ghimire Gautam Sunita¹⁾, Futakami Masae¹⁾, Harada Shou¹⁾, Nishigaki Koichi^{1,2)}

1) Graduate School of Science and Engineering, Saitama University, Shimo-Okubo 255, Sakura-Ku, Saitama Shi, Saitama 338-8570, Japan 2) REDS Group, Saitama Small Enterprise Promotion Corporation, SKIP City, 3-12-18 kamaoki, Kawaguchi, Saitama 333-0844, Japan

Genome distance can be measured by genome profiling (GP): Reinforced evidences and applications

Sunita Ghimire Gautam(1), Masae Futakami (1), Shou Harada(1) and Koichi Nishigaki (1, 2) (1: Graduate School of Science and Engineering, Saitama University, Shimo-Okubo 255, Sakura-Ku, Saitama Shi, Saitama 338-8570, Japan; 2: REDS Group, Saitama Small Enterprise Promotion Corporation, SKIP City, 3-12-18 kamaoki, Kawaguchi, Saitama 333-0844, Japan)

1P232 微生物ゲノムから同定された必須マップに関する実現性の検証

○東 裕介¹⁾, 太田 元規²⁾

1) 東工大 院・生命理工 2) 東工大 院・学国情セ

Feasibility of the essential maps derived from the microbial genomes

Yusuke Azuma (1), Motonori Ota (2). (1: Dept Biological Sciences, Graduate School of Biosci & Biotech, Tokyo Tech; 2: GSIC, Tokyo Tech)

1P233 代謝系における触媒ドメインを複数持つ酵素の位置づけ

○丹谷 恵子¹⁾, 太田 元規²⁾, 西川 建³⁾

1) 東工大・院生命理工 2) 東工大・学術情報セ 3) 前工大・工学部

Enzymes with multiple catalytic domains in metabolic pathways

Keiko Tan'ya (1), Motonori Ota (2), Ken Nishikawa (3). (1: Graduate School of Biosci&Biotech, Tokyo Inst. of Technology; 2: GSIC, Tokyo Inst. of Technology, 3: Dept Eng, Maebashi Inst. of Technology)

生命情報科学 (機能ゲノミクス) (Bioinformatics-functional genomics)

1P234 大腸菌と細胞性粘菌の実験室内共生系における大腸菌の遺伝子発現ダイナミクス解析

○木原 久美子¹⁾, 小野 直亮²⁾, 鈴木 真吾²⁾, 柏木 明子³⁾, 古澤 力^{2,4)}, 四方 哲也^{1,2,4)}

1) 阪大院・生命機能 2) ERATO3) 弘前大・農学生命 4) 阪大院・情報

The gene expression transition dynamics of E.coli in the symbiotic system with D.discoideum.

Kumiko Kihara(1), Ono Naoki(2), Shingo Suzuki(2), Akiko Kashiwagi(4), Chikara Furusawa(2,3), Tetsuya Yomo(1,2,3). (1: Graduate School of Frontier Bioscience, Osaka University, 2: (Kaneko Complex Systems Biology Project,) ERATO, JST, 3: Graduate School of Information Science and Technology, Osaka University, 4: Faculty of Agriculture and Life Science, Hirosaki University)

1P235 タンパク質翻訳反応に影響する大腸菌 ORF 産物の網羅探索

○数田 恭章¹⁾, 安達 仁朗¹⁾, 松浦 友亮¹⁾, 卜部 格²⁾, 森 浩禎³⁾, 四方 哲也^{1,4,5)}

1) 阪大院情報 2) 阪大院工学 3) 奈良先端バイオサイエンス 4) 阪大院生命機能 5) ERATO, JST

Comprehensive analysis on the effect of Escherichia coli ORFs on protein translation reaction

Yasuaki Kazuta (1), Jiro Adachi (1), Tomoaki Matsuura (1), Itaru Urabe (2), Hirotsada Mori (3) and Tetsuya Yomo (1), (4), (5) (1: Dept Bioinformatic Engineering, Grad School Information Science & Technology, Osaka Univ; 2: Dept Biotechnol, Grad School Engineering, Osaka Univ; 3: Dept Bioinformatics, Grad School Biological Sciences, NAIST; 4: Grad School Frontier Biosciences, Osaka Univ; 5: ERATO, JST)

1P236 タンパク質翻訳系のネットワークトポロジーとその進化

○安達 仁朗¹⁾, 小野 直亮²⁾, 数田 恭章¹⁾, 松浦 友亮¹⁾, 卜部 格³⁾, 森 浩禎⁴⁾, 四方 哲也^{1,2,5)}

1) 阪大院情報 2) ERATO, JST 3) 阪大院工学 4) 奈良先端バイオサイエンス 5) 阪大院生命機能

Network topology of protein translation system and its evolution

Jiro Adachi (1), Naoki Ono (2), Yasuaki Kazuta (1), Tomoaki Matsuura (1), Itaru Urabe (3), Hirotsada Mori (4) and Tetsuya Yomo (1), (2), (5) (1: Dept Bioinformatic Engineering, Grad School Information

Science & Technology, Osaka Univ; 2: ERATO, JST; 3: Dept Biotechnol, Grad School Engineering, Osaka Univ; 4: Dept Bioinformatics, Grad School Biological Sciences, NAIST; 5: Grad School Frontier Biosciences, Osaka Univ)

1P237 アレルゲンユニーク断片スコアとアレルゲンタンパク質構造の温度因子との相関

○朝川 直行¹⁾, 手島 玲子²⁾, 美宅 成樹¹⁾

1)名大・院工・マテリアル理工 2)国立衛研

Allergen unique fragment score correlates with fluctuated structure of allergen protein

Naoyuki Asakawa(1), Reiko Teshima(2) and Shigeki Mitaku(1). (1: Dept. Applied Physics, Graduate School of Engineering, Nagoya University; 2: Natl. Inst. of Health Sci., Japan)

生命情報科学 (構造ゲノミクス) (Bioinformatics– structural genomics)

1P238 アミノ酸配列からのタンパク質の構造的揺らぎ領域の予測

○廣瀬 修一^{1,2)}, 横田 恭宣¹⁾, 黒田 裕²⁾, 輪湖 博³⁾, 金井 理⁴⁾, 野口 保¹⁾

1)産総研・生命情報 2)農工大・工・生命工 3)早大・社会科学 4)(株)ファルマデザイン

Prediction of protein structural flexibility from an amino acid sequence

Shuichi Hirose (1,2), Kiyonobu Yokota (1), Yutaka Kuroda (2), Hiroshi Wako (3), Satoru Kanai (4) and Tamotsu Noguchi (4). (1:Computational Biology Research Center (CBRC), National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST);2:Dept of Biotech and Life Sci, Tokyo Univ of A & T (TUAT),3:School of Social Sciences, Waseda University;4:PharmaDesign, Inc.

1P239 確率的アライメントによるプロファイル-プロファイル法の性能向上

○小池 亮太郎^{1,2)}, 太田 元規¹⁾, 木寺 詔紀³⁾

1)東工大・学国情セ 2)BIRD・JST3)横浜市大・国際総合

Probabilistic profile-profile alignment method enhances sensitivity and specificity in protein fold recognition

Ryotaro Koike (1,2), Motonori Ota (1) and Akinori Kidera (3). (1: Global Scientific Information and Computing Center, Tokyo Institute of Technology; 2:BIRD, JST; 3: International Graduate School of Arts and Sciences, Yokohama City Univ.

1P240 蛋白質構造アライメントのための構造指標の統計的評価法

○矢島 龍¹⁾, 黒田 裕¹⁾

1)農工大・院・生命工

Statistical analysis of structural descriptors for efficient structural alignment

Ryoh Yajima(1) and Yutaka Kuroda(1). (1:Dept of Biotech and Life Sci, Tokyo Univ of A & T)

1P241 タンパク質立体構造予測パイプライン FORTE-SUITE 向け網羅的モデリング・構造評価システム

○本野 千恵¹⁾, 広川 貴次¹⁾, 佐藤 美和²⁾, 藤原 康広³⁾, 三十尾 潔高³⁾, 酒谷 尚文³⁾, 富井 健太郎¹⁾, 秋山 泰¹⁾

1)産総研・CBRC2)三井情報 3)(株)情数研

An exhaustive modeling and evaluation system in protein 3D structure prediction pipeline FORTE-SUITE

Chie Motono(1), Takatsugu Hirokawa(1), Miwa Sato(1,2), Yasuhiro Fujihara(3), Kiyotaka Misoo(3), Naofumi Sakaya(1,3), Kentaro Tomii(1), and Yutaka Akiyama(1,4). (1:Computational Biology Research Center, The National Institute of Advanced Industrial Science & Technology; 2: Mitsui Knowledge Industry; 3: Information & Mathematical Science Laboratory; 4: Graduate School of Information Science & Engineering, Tokyo Institute of Technology)

1P242 酵素の反応メカニズムと基質特異性を決定する配列、構造情報の抽出と機能予測法の開発

○長尾 知生子¹⁾, 長野 希美^{2,3,4)}, 水口 賢司^{1,5)}

1)医薬基盤研 2)産総研・生命情報 3)早稲田・理工 4)神戸院・人間発達環境 5)阪大院・生命機能

Protein function prediction using structural and sequence information about enzyme reaction mechanisms and substrate specificity

Chioko Nagao(1), Nozomi Nagano(2,3,4) and Kenji Mizuguchi(1,5) (1:National Institute of Biomedical Innovation (NIBIO); 2:Computational Biology Research Center (CBRC), AIST; 3: Science and Engineering, Waseda Univ.; 4: Graduate School of Human Development, Kobe Univ.; 5: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka Univ.)

1P243 変異サイトの溶媒露出度、ポケット度、アミノ酸頻度等に基づいた nsSNPs の表現型に与える影響の予測

○吉井 悠喜¹⁾, 川端 猛¹⁾

1)奈良先端大・情報

Prediction of the phenotypic effects of nsSNPs focusing accessibility, pocketness and site-specific probabilities of substituted residues

Yuuki Yoshii and Takeshi Kawabata (Grad. Sci. Info. Sci., NAIST)

1P244 ループ長依存性を利用した SVM によるドメインリンカー予測法の開発

○蝦名 鉄平¹⁾, 藤 博幸²⁾, 黒田 裕¹⁾

1) Dept of Biotech and Life Sci, Tokyo Univ of A & T (TUAT) 2) Div. Bioinf, Med. Inst. of Bioreg, Kyushu Univ

Loop length dependent SVM prediction of domain linkers

Tepei Ebina (1), Hiroyuki Toh (2) and Yutaka Kuroda (1). (1: Dept of Biotech and Life Sci, Tokyo Univ of A & T (TUAT); 2: Div. Bioinf, Med. Inst. of Bioreg, Kyushu Univ)

1P245 核局在タンパク質の分類と予測に向けて：無秩序領域の解析

○崎山 則征¹⁾, 美宅 成樹¹⁾

1) 名大・院工・マテリアル理工

Analysis of intrinsically disordered regions for classification and prediction of nuclear localization proteins

Noriyuki SAKIYAMA and Shigeki MITAKU. Department of Applied Physics, Graduate School of Engineering, Nagoya University

1P246 構造解析手法と構造状態における order-disorder 領域の比較

○横田 恭宣¹⁾, 廣瀬 修一¹⁾, 清水 佳奈¹⁾, 野口 保¹⁾

1) 産総研・生命情報工学

Comparative analysis of order-disorder region in methods of structure determination and structural states

Kiyonobu Yokota(1), Syuichi Hirose(1), Kana Shimizu(1) and Tamotsu Noguchi(1) (Computational Biology Research Center)

1P247 構造変化から見たタンパク質-タンパク質間相互作用の相違

○鹿山 浩亮¹⁾, 雨宮 崇之¹⁾, 小池 亮太郎²⁾, 洲上 壮太郎¹⁾, 池口 満徳¹⁾, 木寺 詔紀¹⁾

1) Yokohama City Univ. 2) Tokyo Inst. of Tech.

Diversity of protein-protein interactions viewed from conformational changes

Hiroaki Kayama(1), Takayuki Amemiya(1), Ryotaro Koike(2), Sotaro Fuchigami(1), Mitsunori Ikeguchi(1), Akinori Kidera(1). (1: Intntl. Grad. Schl. of Arts & Sci., Yokohama City Univ.; 2: Global Sci. Info. & Comput. Center, Tokyo Inst. of Tech.)

1P248 Prediction of the residue-based contribution to protein-protein interaction

○角田 将典¹⁾, 角越 和也¹⁾, 中村 周吾¹⁾, 清水 謙多郎¹⁾

1) 東大・院農・応生工

Prediction of the residue-based contribution to protein-protein interaction

Masanori Kakuta, Kazuya Sumikoshi, Shugo Nakamura, Kentaro Shimizu. (Dept Biotechnology, Graduate School of Agricultural and Life Sciences, Univ of Tokyo)

1P249 タンパク質-タンパク質相互作用領域の予測：ニューラルネットワークによる溶媒露出面積変化の予測

長尾 知生子¹⁾, Ahmad Shandar¹⁾, ○水口 賢司^{1,2)}

1) 医薬基盤研 2) 阪大院・生命機能

Prediction of protein-protein interaction sites using expected solvent accessibility changes and neural networks

Chioko Nagao(1), Shandar Ahmad(1) and Kenji Mizuguchi(1,2). (1: National Institute of Biomedical Innovation (NIBIO); 2: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka Univ.)

1P250 sociable な蛋白質の相互作用面の解析

○日暮 美穂¹⁾, 石田 貴士¹⁾, 木下 賢吾²⁾

1) 東大・医科研 2) SORST, JST

Comparative analysis of the interface of sociable proteins and unsociable proteins

Miho Higurashi (1), Takashi Ishida (1) and Kengo Kinoshita (2). (1: Institute of Medical Science, University of Tokyo; 2: SORST, JST)

1P251 タンパク質ファミリー内に見られる会合状態の変化

○西 羽美¹⁾, 太田 元規²⁾

1) 東工大・院生命理工 2) 東工大・学国情セ

Alternation of oligomeric states within protein families.

Hafumi Nishi (1), Motonori Ota (2). (1: Graduate School of Biosci. & Biotech., Tokyo Inst. of Tech., 2: GSIC, Tokyo Inst. of Tech.)

1P252 構造変化の大きなタンパク質におけるアミノ酸残基間の相互作用プロファイルを利用した複合体形成シミュレーション解析

○内古閑 伸之^{1,2)}, 広川 貴次²⁾

1) (社) バイオ産業情報化コンソーシアム 2) 産総研・生命情報工学研究センター

Docking analysis of a large conformational changing protein by using an interaction profile of amino acid residues pairs

Nobuyuki Uchikoga (1, 2) and Takatsugu Hirokawa (2). (1: Japan Biological Information Consortium; 2: Computational Biology Research Center)

1P253 混合正規分布モデルを用いた複合体低解像度3次元画像への短量体原子モデルの重ね合わせ計算 - 対称的な配置拘束の導入 -

○川端 猛^{1,2)}, 由良 敬^{2,3)}

1) 奈良先端大・情報 2) GREST 3) 原子力機構・量子生命

Multiple protein docking guided by low-resolution image of complex using Gaussian mixture model under the symmetric constraint

Takeshi Kawabata(1,3) and Kei Yura(2,3). (1: Grad. Sci. Info. Sci., NAIST, 2: GREST, 3: Quantum Bioinf., Japan Atomic Energy Agency)

1P254 Protein Data Bankに蓄積されたリガンド-蛋白質相互作用情報解析ツールの開発

○齊藤 美保子¹⁾, 宇都 昌志²⁾, 細見 祐輔¹⁾, 白井 剛¹⁾

1) 長浜バイオ大・生命情報 2) 三重大院・医科学専攻

Development of analyzing tools for protein-ligand interaction in Protein Data Bank

Mihoko Saito(1), Masashi Uto(2), Yusuke Hosomi(1), Tsuyoshi Shirai(1) (1: Department of Bioscience, Nagahama Institute of bioscience and technology; 2: Graduate School of medicine, Mie university)

1P255 タンパク質リガンド結合部位の構造比較方法の開発とタンパク質-薬剤相互作用予測への応用

○薬袋 良一^{1,2)}, 松尾 洋^{1,2)}, 廣田 洋^{1,2)}

1) 横市大院 2) 理研 GSC

A New method for comparing the structures of protein ligand-binding sites and its application for predicting protein-drug interactions

Ryoichi Minai(1,2), Yo Matsuo (1,2) and Hiroshi Hirota (1,2). (1: Supramolecular Biology, International Graduate School of Arts and Sciences, Yokohama City University; 2: RIKEN Genomic Sciences Center)

1P256 機械学習によるDNA結合サイトの予測: 方法の改良とベンチマーク

○Andrabi Munazah^{1,2)}, Ahmad Shandar¹⁾, 水口 賢司^{1,2)}, 皿井 明倫³⁾

1) National Institute of Biomedical Innovation, 7-6-8, Saito Asagi, Ibaraki-shi, Osaka 567-0085, Japan 2) Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University, 1-3 Yamadaoka, Suita, Osaka 565-0871 Japan 3) Department of Bioscience and Bioinformatics, Kyushu Institute of Technology, Iizuka-shi, Fukuoka, 820-8502, Japan

Prediction of DNA-binding sites from sequence and structure using machine learning

Munazah Andrabi(1,2), Shandar Ahmad(1), Kenji Mizuguchi(1,2) and Akinori Sarai(3) 1: National Institute of Biomedical Innovation, 7-6-8, Saito Asagi, Ibaraki-shi, Osaka 567-0085, Japan; 2: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University, 1-3 Yamadaoka, Suita, Osaka 565-0871 Japan; 3: Department of Bioscience and Bioinformatics, Kyushu Institute of Technology, Iizuka-shi, Fukuoka, 820-8502, Japan

1P257 DNA結合蛋白質における保存されたアミノ酸のネットワーク: ホットスポットの類似と予測への応用

○Ahmad Shandar¹⁾, Keskin Ozlem³⁾, Nussinov Ruth³⁾, 皿井 明倫²⁾

1) National Institute of Biomedical Innovation, Osaka, Japan 2) Kyushu Institute of Technology, Fukuoka, Japan 3) Koc University, Turkey; National Cancer Institute, Fredrick, USA

Clusters of conserved residue in DNA-binding proteins: Analogy with hot spots and implications to prediction

Shandar Ahmad (1), Ozlem Keskin (2), Ruth Nussinov (3), Akinori Sarai (4). (1. National Institute of Biomedical Innovation, Osaka; 2. Kyushu Institute of Tehnology, Iizuka, Fukuoka; 3. Koc UNiversity, Turkey; 4. NCI-Fredrick, USA)

1P258 生物学的分子座標データベース (OLIGAMI)

○藤原 和夫¹⁾, 池口 雅道¹⁾

1) 創価大・工・生命情報

Database of biological molecules (OLIGAMI)

Kazuo Fujiwara and Masamichi Ikeguchi. (Department of Bioinformatics, Faculty of Engineering, Soka University)

1P259 アミノ酸配列からのコイルドコイル領域の新規予測手法: SOSUicoil

○谷澤 英樹¹⁾, 美宅 成樹¹⁾

1) 名大院・工・マテリアル理工

A novel method for predicting coiled-coil regions in amino acid sequences: SOSUIcoil

Hideki Tanizawa and Shigeki Mitaku. (Dept. of Applied Physics, Nagoya Univ.)

1P260 Physicochemical properties of amino acid sequences of GPCRs for understanding GPCR-G-protein coupling

○Ghimire Ganga^{1,2}, 谷澤 英樹¹, 美宅 成樹¹

1) 名大院・工・マテリアル理工 2) 名大 VBL

Physicochemical properties of amino acid sequences of GPCRs for understanding GPCR-G-protein coupling

Ganga D. Ghimire(1,2), Hideki Tanizawa(2) and Shigeki Mitaku(2). (1: Venture Business Laboratory, Nagoya Univ.; 2: Dept. of Applied Physics, Nagoya Univ.)

1P261 膜貫通ヘリックスの物理化学的性質に着目した膜タンパク質トポロジー予測法の開発

○辻 敏之¹, 美宅 成樹¹

1) 名大・院工・マテリアル理工

Development of the Prediction Method of Membrane Protein Topology based on physicochemical properties of amino acid sequence

Toshiyuki Tsuji (1) and Shigeki Mitaku(1). (1: Department of Applied Physics, Graduate School of Engineering, Nagoya University)

1P262 膜貫通タンパク質ループ領域に存在する水溶性ドメインとその局在性

○山崎 祥拓¹, 吉田 秀一², 兼子 直², 清水 俊夫¹

1) 弘前大院・理工系・認知情報 2) 弘前大・医学系・精神神経医学

Localization analysis of soluble domains existing in the loop regions of transmembrane proteins from 108 genomes

Yoshihiro Yamazaki (1), Shuichi Yoshida (2), Sunao Kaneko (2) and Toshio Shimizu (1). (1: Dept Electronics and Information Technology, Graduate School of Science and Technology, Hirosaki Univ; 2: Dept Neuro-psychiatry, School of Medicine, Hirosaki Univ)

ゲノム生物学 (Genome)

1P263 蝶・蛾の翅模様にもられる表現型揺らぎ、および表現型相関の計測

○鈴木 誉保¹, 山口 素臣¹, 倉谷 滋¹

1) 理研・CDB・形態進化

Phenotypic Variation and Integration in Butterfly & Moth Wing Pattern

Takao SUZUKI (1), Motomi YAMAGUCHI (1) and Shigeru KURATANI (1) (1: Laboratory for Evolutionary Morphology, Center for Developmental Biology(CDB), RIKEN Kobe)

1P264 Gタンパク質共役型受容体の俯瞰 (28真核生物種の比較ゲノム解析)

○諏訪 牧子¹, 小野 幸輝¹, 藤淵 航¹

1) 産総研・生命情報工学RC

Comparative overview of GPCR Universe in 28 eukaryotes.

Makiko Suwa(1), Yukiteru Ono(1), Wataru Fujibuchi(1) Computational Biology Research Center (CBRC), National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST), 2-42 Aomi, Koto-ku, Tokyo 135-0064, JAPAN

1P265 微量液滴を用いた高速リアルタイムPCR法の開発

○寺蘭 英之¹, 服部 明弘¹, 林 真人¹, 竹井 弘之¹, 武田 一男¹, 安田 賢二¹

1) 東京医科歯科・生材研・情報

Development of Rapid Real-Time Droplet PCR Method

Hideyuki Terazono (1), Akihiro, Hattori (1), Hiroyuki Takei (1), Kazuo Takeda (1), Kenji Yasuda (1). Department of Biomedical Information, Division of Biosystems, Institute of Biomaterials and Bioengineering, Tokyo Medical and Dental University

1P266 SNOMによるBACクローン直接マッピング及びAFM切断染色体ナノ断片のDNA増幅

○杉山 滋¹, 山内 武志¹, 塚本 和巳¹, 桑崎 誠剛², 高橋 宏和¹, 山本 公子², 大谷 敏郎¹

1) 食品総合研究所 2) 農業生物資源研究所

Direct BAC clone mapping by SNOM and DNA amplification from chromosome nano-fragment dissected by AFM

Shigeru, Sugiyama (1), Takeshi Yamauchi (1), Kazumi Tsukamoto (1), Seigo Kuwazaki (2), Hirokazu Takahashi (1), Kimiko Yamamoto (2) and Toshio Ohtani (1). (1: National Food Research Institute, 2: National Institute of Agrobiological Sciences)

1P267 走査型プローブ顕微鏡で回収したナノサイズ染色体断片を用いた局所的ゲノム解析法

○山本 公子¹, 桑崎 誠剛¹, 塚本 和己², 末次 克行¹, 生川 潤子¹, 大谷 敏郎², 杉山 滋²

1) 農業生物資源研究所 2) 食品総合研究所

Region focusing genome analysis using nano-size chromosome fragment dissected by scanning probe microscopy.

Kimiko Yamamoto (1), Seigo Kuwazaki (1), Kazumi Tsukamoto (2), Yoshitaka Suetsugu (1), Junko Narukawa (1), Toshio Ohtani (2) and Shigeru Sugiyama (2). (1: National Institute of Agrobiological Sciences; 2: National Food Research Institute)

1P268 タイリングアレイを用いた大腸菌トランスクリプトームの定量的解析

○小野 直亮¹⁾, 鈴木 真吾²⁾, 縣 朋治²⁾, 古澤 力^{1,2)}, 清水 浩²⁾, 四方 哲也^{2,3)}

1) JST・ERATO2) 阪大院・情報科学 3) 阪大院・生命機能

Quantitative analysis of Escherichia coli Transcriptome using A Full tiling Microarray

Naoaki ONO (1), Shingo SUZUKI (2), Tomoharu AGATA (2), Chikara FURUSAWA (1,2), Hiroshi SHIMIZU (2), Tetsuya YOMO (1,2,3). (1: ERATO, JST, 2: Dept Bioinfo Eng, Osaka Univ, 3: Grad School of Frontier Biosciences, Osaka Univ)

1P269 酵素を使わない光ライゲーション法の開発と応用

○吉村 嘉永²⁾, 網 健裕¹⁾, 荻野 雅之²⁾, 藤本 健造^{1,2)}

1) 北陸先端大マテリアル 2) JST

Development and application of non-enzymatic DNA photoligation

Yoshinaga Yoshimura (2), Takehiro Ami (1), Masayuki Ogino (2) and Kenzo Fujimoto (1, 2). (1: School of Materials Science, Japan Advanced Institute of Science and Technology; 2: JST)

1P270 抗体 CDR-H3 の構造分類

○黒田 大祐^{1,2)}, 白井 宏樹³⁾, 中村 春木¹⁾

1) 阪大・蛋白研 2) 阪大・院生命機能 3) アステラス製薬・分子医学研究所

New classification of the structures of antibody CDR-H3

Daisuke Kuroda(1,2), Hiroki Shirai(3), Haruki Nakamura(2). (1: Graduate School of Frontier Biosciences., Osaka University; 2: Institute for Protein Research, Osaka University; 3: Molecular Medicine Laboratories, Astellas Pharma Co., Ltd.)

1P271 昆虫分類学-「古典」と「ゲノム」の良好な一致

○小森 学¹⁾, 宮本 潔²⁾, 小作 明則²⁾, 西垣 功一^{1,3)}

1) 埼玉大院・理工・機能材料 2) 獨協医・医総研 3) 埼玉バイオグループ/埼玉県中小企業振興公社

Insect taxonomy: A good correspondence between classical and novel genomic approaches

Manabu Komori (1), Kiyoshi Miyamoto (2), Akinori Kosaku (2), Koichi Nishigaki (1) (3) (1: Department of Functional Materials Science, Saitama University; 2: Institute of Medical Science, Dokkyo Medical University; 3: Rational Evolutionary Design of Advanced Biomolecules, Saitama Small Enterprise Promotion Corporation)

数理生物学、非平衡・生体リズム (Mathematical biology, biological rhythms, and non-equilibrium phenomena)

1P272 寿命を制御する分子機構の解明

○須田 斎¹⁾, 正山 哲嗣¹⁾, 尾崎 貴美¹⁾

1) 東海大・開発工・生物工

Molecular mechanism of regulation in the lifespan

Hitoshi Suda, Tetsuji Shoyama and Takami Ozaki. (1: Dept. Biological Science and Technology, Tokai Univ.)

1P273 精子運動法則の生殖医療への応用

○磯部 哲也¹⁾

1) 鈴鹿回生病院 生殖医療センター

Application of Laws of Sperm Motion to Reproductive Medicine

Tetsuya Isobe, Reproductive Medical Center, Suzuka Kaisei Hospital

1P274 癌細胞のリンパ節への移動と癌細胞増殖速度との関係についての数理解析

○高瀬 光雄¹⁾

1) LINFOPS 有限会社

Relationship between cancer cell transmission among lymph nodes and proliferation rate of cancer cells by mathematical model

Mitsuo Takase LINFOPS Inc. (Life Information Processing Systems Inc.)

1P275 T細胞等による免疫機構の微小故障診断的解釈と癌発生の抑制等の意味について

○高瀬 道子¹⁾, 高瀬 光雄¹⁾

1) LINFOPS 有限会社

Comprehension of T cells as small error detection system and its meanings to avoid cancer mass production

Michiko Takase, Mitsuo Takase LINFOPS Inc. (Life Information Processing Systems Inc.)

1P276 スピンモデルによる適応的進化の統計力学的研究

○坂田 綾香¹⁾, 福島 孝治¹⁾, 金子 邦彦^{1,2)}

1) 東大総合文化 2) ERATO 複雑系生命

Statistical mechanical study of adaptive evolution on the spin model

Ayaka Sakata(1), Koji Hukushima(1) and Kunihiro Kaneko(1, 2). (1:Dept of Basic Science, Graduate School of Arts and Sciences, Univ of Tokyo; 2:ERATO complex systems biology, JST)

1P277 生物の多様性と攪乱作用を考慮したロトカ・ヴォルテラモデル

○前川 健¹⁾

1) 東京薬科大学大学院生命科学研究科生命物理科学研究室

Study of biodiversity and disturbance action with Lotka-Volterra Model

(1)Ken Maekawa(2)Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences

1P278 結合適応モデルによる環境変化への多様な応答過程の考察

○井上 雅世¹⁾, 金子 邦彦^{1,2)}

1) 東大院・総合文化 2) ERATO 複雑系生命・JST

Variety of adaptation responses with connected adaptive dynamical model

Masayo Inoue (1) and Kunihiro Kaneko (1, 2). (1:Department of Pure and Applied Sciences, Univ. of Tokyo; 2:ERATO complex Systems Biology Project, JST)

1P279 キーストーン種と生態系の関連性

○臼井 繁¹⁾, 林 昌樹¹⁾

1) 東薬大院・生命科・生命物理

Relationship between keystone species and ecosystem

Shigeru Usui, Masaki Hayashi. (1:Dept Life Sciences, Graduate School of Life Sciences, Tokyo Univ of Pharmacy & Life Sciences; 2:Dept Theoretical Physics, School of Life Sciences, Tokyo Univ of Pharmacy & Life Sciences)

1P280 ゼブラフィッシュ体節形成における時空間パターンの数理解析

○印口 淳史¹⁾, 高松 敦子¹⁾

1) 早大院・理工・電生

Numerical Analysis on spatio-temporal pattern in Zebrafish somitogenesis

Atsushi Oshiguchi (1), Atsuko Takamatsu (1). (1:Dept of Electrical Engineering and Bioscience, Graduate School of Science and Engineering, Univ of Waseda)

1P281 ゾウリムシの膜電位の位相空間像に現れるイオンチャネル相互活性化の影響

○橋本 昇¹⁾

1) 北海道医療大・歯学部・人間基礎科学

Effects of correlated activation of ion channels expected to appear in phase portrait of membrane potential time-evolution in Paramecium

Noboru Hashimoto. (Dept Integrated Human Sciences, School of Dentistry, Health Sciences Univ of Hokkaido)

1P282 真性粘菌の誘引・忌避同時刺激に対する行動決定ダイナミクス

○高木 清二¹⁾, 若生 公一¹⁾, 上田 哲男¹⁾

1) 北大・電子研

Wavering behavior of true slime mould encountering a competitive stimulation

Seiji Takagi (1), Kouichi Wako (1) and Tetsuo Ueda (1) (1: Research Institute for Electronic Science, Hokkaido Univ)

1P283 二次元生物真正粘菌変形体におけるアロメトリックスケール則

○五味 拓真¹⁾, 高松 敦子¹⁾

1) 早大院・先進理工・電生

Allometric scaling law in two dimensional organism, *Physarum plasmodium*

Takuma GOMI, Atsuko TAKAMATSU. (Dept of Electrical Eng. and Bioscience, Waseda Univ)

1P284 真性粘菌変形体を用いたボロノイ図と Collision-free path の計算

○白川 智弘¹⁾, 郡司 ペギオ幸夫²⁾, 三宅 美博¹⁾

1) 東工大・院総理・知能システム 2) 神戸大・院理・地惑システム

Computation of Voronoi diagram and collision-free path using the plasmodium of *Physarum polycephalum*

Tomohiro Shirakawa (1), Yukio-Pegio Gunji (2), Yoshihiro Miyake (1). (1: Dept. of Computational Intelligence and Systems Sci., Interdisciplinary Graduate School of Science & Engineering, Tokyo Institute of Technology; 2: Dept. of Earth & Planetary Sci., Graduate School of Science & Technology, Kobe Univ.

1P285 大腸菌の連続培養系を用いた環境適応過程における表現型多様性の研究

鳳桐 智治¹⁾, ○浦田 沙央里²⁾, 古澤 力^{1,3)}, 清水 浩¹⁾

1) 阪大院・情報科学・バイオ情報工学 2) 阪大・工学・応用自然科 3) ERATO, JST

Study on phenotypic heterogeneity in adaptation process using continuous culture of E. coli cells

Tomoharu Hogiri (1), Saori Urata (2), Chikara Furusawa (1, 3) and Hiroshi Shimizu (1). (1: Dept Bioinformatic Engineering, Graduate School of Information Science and Technology, Osaka Univ; 2: Dept Biotechnology, School of Engineering, Osaka Univ; 3: Complex Systems Biology Project, ERATO, JST)

1P286 周期閃光刺激に対する脳波の非線形応答一位相構造の刺激周波数への依存性一

○西藤 聖二¹⁾, 藤崎 健太郎¹⁾, 田中 正吾¹⁾

1) 山口大院・理工・情報デザイン

Nonlinear response of brain wave to flicker stimuli - Dependence of phase structure on stimulus frequency -

Seiji Nishifuji (1), Kentaro Fujisaki (1) and Shogo Tanaka (1) (1. Dept Electrical and Electronic Engineering, Graduate School of Science and Engineering, Yamaguchi Univ)

1P287 心拍に見られる 1/f ゆらぎの単一細胞解析

○横川 知美¹⁾, 原田 崇広¹⁾

1) 福井大・工

Single-cell study of 1/f noise in heart-beat rate

Tomomi Yokogawa and Takahiro Harada. (Department of Human and Artificial Intelligent Systems, University of Fukui)

1P288 格子間隔に注目した筋肉の自励振動現象の数理モデル

○大瀧 昌子¹⁾, 佐藤 勝彦²⁾, 島本 勇太¹⁾, 石渡 信一¹⁾

1) 早大工学部物理 2) 東北大院 理学研究科

A muscle oscillation model focusing on lattice spacing in sarcomere

Masako Ohtaki(1), Katsuhiko Sato(2), Yuta Shimamoto(1) and Shin'ichi Ishiwata(1). (1:Department of Physics, Faculty of Science and Engineering, Waseda University, Japan; 2:Department of Physics, Tohoku University)

1P289 細胞骨格の非平衡力学特性

○水野 大介¹⁾, Tardin Catherine²⁾, MacKintosh Fred³⁾, Schmidt Christoph⁴⁾

1) 九大院・理・高等研究機構 2) IPBS-CNRS3) Dept. Phys. Vrije Univ. 4) III. Physikalisches Institut, Univ. Göttingen

Nonequilibrium mechanics of active cytoskeletal networks

D. Mizuno(1), C. Tardin(2), F. C. MacKintosh(3) and C. F. Schmidt(4)

1P290 タンパク質間相互作用ネットワークにおけるクリーク構造の偏りとその形成過程

○長谷 武志¹⁾, 新村 芳人¹⁾, 神沼 二真¹⁾, 田中 博^{1,2)}

1) 東京医科歯科・難治疾患・生命情報 2) 東京医科歯科・疾患生命科学・生命情報

Modeling the emergence of the skewed distribution of triangles in the evolution of the protein-protein interaction networks.

Takeshi Hase (1), Yoshihito Niimura(1), Tugutika Kaminuma(1) and Hiroshi Tanaka(1) (2) (1: Dept of Bioinformatics, Medical Research Institute, Tokyo Medical and Dental University; 2: Dept of Bioinformatics, School of Biomedical Science, Tokyo Medical and Dental University)

1P291 Transition by Molecular Number Fluctuation in Reaction Network

○粟津 暁紀¹⁾

1) 広大院・理

Transition by Molecular Number Fluctuation in Reaction Network

Akinori Awazu (1). (1: Dept. of Mathematical and Life Sciences, Hiroshima Univ.)

1P292 遺伝子ネットワークにおけるフィードバック機構とノイズの解析

○Jose Nacher¹⁾, 落合 友四郎²⁾

1) 公立はこだて未来大学 2) 富山県立大学

On the transcriptional noise and feed-back modules in genetic networks

Jose Nacher (1), Tomoshiro Ochiai (2) (1:Department of Complex Systems, Future University-Hakodate; 2:Faculty of Engineering, Toyama Prefectural University)

1P293 代謝ネットワークにおける代謝フラックスと分子構造保存性の関係

○鳳桐 智治¹⁾, 新福 洋平¹⁾, 小野 直亮²⁾, 古澤 力^{1,2)}, 清水 浩¹⁾

1) 阪大院・情報科学・バイオ情報工学 2) ERATO, JST

Relationship between Metabolic Flux and Preservation of Molecular Structures in Metabolic Network

Tomoharu Hogiri (1), Yohei Shinfuku (1), Naoaki Ono (2), Chikara Furusawa (1, 2) and Hiroshi Shimizu (1). (1: Dept Bioinformatic Engineering, Graduate School of Information Science and Technology, Osaka Univ; 2: Complex Systems Biology Project, ERATO, JST)

1P294 信号伝播履歴に依存する離散反応拡散系での樹状場形成

○元池 育子¹⁾

1)はこだて未来大

Branching pattern formation in a discrete reaction-diffusion system

Ikuko N. Motoike (Dept Complex Systems, School of Systems Information Science, Future Univ. - Hakodate)

1P295 時計タンパク質 KaiC の ATPase 活性

○村上 怜子¹⁾, 三宅 あゆみ¹⁾, 岩瀬 亮¹⁾, 林 史夫¹⁾, 宇津巻 竜也¹⁾, 石浦 正寛¹⁾

1)名大・遺伝子実験施設

The ATPase activity of the cyanobacterial clock protein KaiC

Reiko Murakami, Ayumi Miyake, Ryo Iwase, Fumio Hayashi, Tatsuya Uzumaki, Masahiro Ishiura (Center for Gene Research, Nagoya University, Furocho, Chikusa, Nagoya, 464-8602, Japan)

1P296 シアノバクテリア時計関連蛋白質 SasA の生化学的構造解析

○Valencia Swain Jonathan¹⁾, 尾藤 恭平¹⁾, 村上 怜子¹⁾, 今田 勝巳²⁾, 石浦 正寛¹⁾

1)名大・遺伝子実験施設 2)阪大院・生命機能

Biochemical and structural analysis of the cyanobacterial clock-related protein SasA

Jonathan VALENCIA SWAIN (1), Kyouhei BITOU (1), Reiko MURAKAMI (1), Katsumi IMADA (2), Masahiro ISHIURA (1). (1: Center for Gene Research, Nagoya University; 2: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University)

1P297 シアノバクテリア時計タンパク質 KaiB の ESR 解析

○武藤 梨沙^{1,2)}, 村上 怜子¹⁾, 三野 広幸²⁾, 石浦 正寛¹⁾

1)名大・遺伝子 2)名大院・理学

The ESR analysis of the cyanobacterial circadian clock protein KaiB

Risa Mutoh(1)(2), Reiko Murakami(1), Hiroyuki Mino(2) and Masahiro Ishiura(1). (1:Center for Gene Research, Nagoya Univ.;2:Grad. Sch. of Sci., Nagoya Univ.)

1P298 シャッフリングとアロステリック転移を用いた KaiC 概日リズムのモデル化

○依田 充正¹⁾, 江口 浩平¹⁾, 寺田 智樹¹⁾, 笹井 理生¹⁾

1)名大・工・計算理工 2)JST CREST

Monomer-shuffling and allosteric transition in KaiC circadian oscillation

Mitsumasa Yoda (1), Kohei Eguchi (1), Tomoki P. Terada (1), and Masaki Sasai (1, 2) (1:Department of Computational Science and Engineering, Nagoya University; 2:CREST-Japan Science and Technology Agency)

1P299 シアノバクテリア概日リズムの分子間相互作用を数理的に予測する

今村 寿子¹⁾, ○望月 敦史¹⁾

1)基礎生物学研究所・理論生物

Predicting molecular regulation of circadian rhythm of cyanobacteria using mathematical models

Hisako Takigawa-Imamura (1) and Atsushi Mochizuki (1). (1: Division of Theoretical Biology, National Institute for Basic Biology)

1P300 概日時計試験内再構成系の同期と特異点

○伊藤 浩史^{1,2)}, 宮崎 真帆¹⁾, 影山 伯春³⁾, 陸田 径典¹⁾, 小山 時隆¹⁾, 近藤 孝男¹⁾

1)名大・理・生命理学 2)東工大・総合理工・知能システム 3)東大・理・生物化学

Synchronization and singularity behavior of a reconstituted circadian clock in vitro.

Hiroshi Ito (1, 2), Maho Miyazaki (1), Hakuto Kageyama (3), Michinori Mutsuda (1), Tokitaka Oyama (1) and Kondo Takao (1). (1: Dept. of Biological Sciences, Graduate School of Science, Nagoya Univ.; 2: Dept. of Computational Intelligence and Systems Science, Interdisciplinary Graduate School of Science and Engineering, Tokyo Institute of Technology; 3:Dept. of Biophysics and Biochemistry, Graduate School of Science, The University of Tokyo)

1P301 リズム集団のフィードバック制御：概日リズムの制御やパーキンソン病やてんかんの治療方法の開発を目指して

○郡 宏¹⁾

1)北大院・理・数学

Feedback Control of Rhythmic Population: Toward the Control of Circadian Rhythms and Medical Treatment of Parkinson Diseases and Epilepsy

Hiroshi Kori (Dept Mathematics, Graduate School of Science, Hokkaido Univ)

1P302 自律的な DNA/RNA 分子反応で構成された振動系

○瀧ノ上 正浩¹⁾, 木賀 大介²⁾, 庄田 耕一郎¹⁾, 陶山 明¹⁾

1) 東大・院総文・生命環境・物理 2) 東工大・院総合理工・知能システム

Oscillatory system constructed with autonomous DNA/RNA molecular reactions

Masahiro Takinoue (1), Daisuke Kiga (2), Koh-ichiroh Shohda (1), and Akira Suyama (1). (1: Dept. Life Sciences, Grad. Sc. Arts and Sciences, Univ. of Tokyo; 2: Dept. Computational Intelligence and System Science, Tokyo Institute of Tech.)

1P303 連結した連続攪拌反応装置による振動化学現象の測定

○杉原 佑来¹⁾, 青柳 里果¹⁾

1) 島根大・生物資源

Observation of three-dimensional oscillating phenomena with connected continuous stirred tank reactors

Yuki Sugihara and Satoka Aoyagi Faculty of Life and Environmental Science, Shimane University

1P304 銀の“レール”上を一方向へ自律移動する水銀アクチュエータの研究

○凌 霄^{1,2)}, 前田 真吾¹⁾, 橋本 周司¹⁾

1) 早大院・理工・応用物理 2) 東大院・工学系・物理工学

Mercury drop runs unidirectionally along a silver "rail"

Xiao Ling(1) (2), Shingo Maeda(1), Shuji Hashimoto(1). (1: Department of Applied Physics Graduate School of Science and Engineering, Waseda University; 2: Department of Bioengineering, School of Engineering, The University of Tokyo)

1P305 BZ 反応を蠕動運動に変換する高分子ゲルアクチュエータの設計

○前田 真吾¹⁾, 原 雄介²⁾, 吉田 亮³⁾, 橋本 周司¹⁾

1) 早大院・応物 2) 山梨院工・医工 3) 東大院工

Design of polymer gel actuator converting BZ reaction into peristaltic motion

Shingo Maeda(1), Yusuke Hara(2), Ryo Yoshida(3) and Shuji Hashimoto(1) (1: Department of Applied Physics Graduate School of Science and Engineering, Waseda University, Okubo 3-4-1, Shinjuku-ku, Tokyo, 169-8555, Japan; 2: Laboratory of Organic Robotics, Interdisciplinary Graduate School of Medicine and Engineering, University of Yamanashi, 4-4-37 Takeda, Kofu, 400-8511, Japan; 3: Department of Material Engineering, The University of Tokyo, 7-3-1 Hongo, Bunkyo-ku, Tokyo, 113-8656, Japan)

バイオエンジニアリング (Bioengineering)

1P306 微細加工基板上をミオシンによって駆動されるアクチン運動のシミュレーション

○新田 高洋¹⁾, 小原 祐¹⁾, 棚橋 章仁¹⁾, 平野 元久¹⁾, Maria Razumova²⁾, Michael Regnier²⁾, Henry Hess³⁾

1) 岐阜大・工・数理デザイン工 2) Univ. Washington, Dept. Bioeng 3) Univ. Florida, Dept. Materials Sci and Eng

Computer Simulation of Actin Filament Movements Driven by Myosins in Microfabricated Patterns

Takahiro Nitta(1), Yu Obara(1), Akihito Tanahashi(1), Motohisa Hirano(1), Maria Razumova(2), Michael Regnier(2) and Henry Hess(3). (1: Dept Mathematical and Design Engineering., Gifu Univ; 2: Dept Bioengineering., Univ of Washington; 3: Dept Materials Science and Engineering., Univ of Florida)

1P307 微細加工技術を用いたオンチップ多種細胞同時精製システムの開発

○高口 智成¹⁾, 林 真人¹⁾, 川瀬 芳恵¹⁾, 服部 明弘¹⁾, 安田 賢二¹⁾

1) 東京医歯大・生材研・情報

Development of on-chip on-time multi cell sorting system exploiting microfabrication technology

Tomonari Kouguchi(1), Masahito Hayashi(1), Yoshie Kawase(1), Akihiro Hattori(1) and Kenji Yasuda(1) (1: Department of Biomedical Information, Institute of Biomaterials and Bioengineering, Tokyo Medical and Dental University, Tokyo)

1P308 高サンプル流速下における画像認識型セルソーターの性能改善

○林 真人¹⁾, 高口 智成¹⁾, 川瀬 芳恵¹⁾, 服部 明弘¹⁾, 安田 賢二¹⁾

1) 東京医歯大・生材研・情報

Improvement of microscopic-image recognition of on-chip cell-sorting system under high flow rates of sample particles

Masahito Hayashi (1), Tomonari Kouguchi (1), Yoshie Kawase (1), Akihiro Hattori (1) and Kenji Yasuda (1). (1: Dept Biomedical Information, Inst Biomaterials and Bioengineering, Tokyo Medical and Dental University)

1P309 3次元マイクロ流路を用いた微生物の均一径マイクロゲルカプセル化

○森本 雄矢¹⁾, 陳 偉雄¹⁾, 竹内 昌治^{1,2)}

1) 東大院・情報理工学系・知能機械情報学 2) 東大・生産研

Formation of Monodisperse Alginate Hydrogel Capsules with Microbes using Three-Dimensional Microfluidic Axisymmetric Flow-Focusing Device

Yuya Morimoto(1), Wei-Heong Tan(1) and Shoji Takeuchi(2). (1: Dept Mechano-Infomatics, Graduate School of Information Science and Technology, Univ of Tokyo; 2: Center for International Research on MicroMechatronics, Institute of Industrial Science, Univ of Tokyo)

1P310 マイクロ流路におけるクラミドモナスのアレイ化

○大屋 愛実¹⁾, 伊東 大輔²⁾, 岩井 孝介²⁾, Wei-Heong Tan²⁾, 竹内 昌治²⁾

1) 東大 教養学部 2) 東大 生産研

Arraying Chlamydomonas in a microfluidic device

Manami Oya(1), Daisuke Itoh(2), Kousuke Iwai(2), Wei-Heong Tan(2) and Shoji Takeuchi(2) (1: College of Arts and Sciences, The University of Tokyo; 2: CIRMM-IIS, The University of Tokyo)

1P311 マイクロチャンバーアレイによる一分子計測

○大田 禎生¹⁾, 北川 広明²⁾, 陳 偉雄²⁾, 竹内 昌治²⁾

1) 東京大学院・総合文化研究科・広域科学 2) 東京大学・生産研

Analysis of a single-molecule activity

Sadao Ota(1), Hiroaki Kitagawa(2), Wei-Heong Tan(2), Shoji Takeuchi(2). (1: Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences., Univ of Tokyo; 2: IIS)

1P312 細胞解析の為にのトラップ及びリリース機構を有するマイクロ流路デバイス

○岩井 孝介¹⁾, 陳 偉雄¹⁾, 竹内 昌治^{1,2)}

1) 東大院・情報理工学系・知能機械情報学 2) 東大・生産研

Trap-and-release microfluidic device for the analysis of cells

Kosuke Iwai(1), Wei-Heong Tan(1) and Shoji Takeuchi(2). (1: Dept Mechano-Infomatics, Graduate School of Information Science and Technology, Univ of Tokyo; 2: Center for International Research on MicroMechatronics, Institute of Industrial Science, Univ of Tokyo)

1P313 フォトライゲーションを用いた金表面上での DNA-ROM の実現

○金 建佑¹⁾, 遠藤 峻彦¹⁾, 滝ノ上 正浩¹⁾, 藤本 健造²⁾, 庄田 耕一郎¹⁾, 陶山 明¹⁾

1) 東大・院総文・生命環境・物理 2) JAIST・マテリアルサイエンス

DNA-ROM based on photoligation and DNA molecular addressing on a gold surface

GunWoo Kim (1), Takahiko Endoh (1), Masahiro Takinoue (1), Kenzo Fujimoto (2), Kohichiroh Shohda (1) and Akira Suyama (1). (1: Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo; 2: School of Materials Science, JAIST)

1P314 4-ジメチルアミノアゾベンゼンを側鎖として組み込んだ合成 DNA の可視光応答性

○亀井 敬¹⁾, 秋山 陽久²⁾, 工藤 成史²⁾, 和田 百代²⁾, 長沢 順一²⁾, 舟橋 正浩²⁾, 玉置 信之²⁾, 上田 太郎¹⁾

1) 産総研・セルエンジニア 2) 産総研・ナノテク

Visible-light photoresponsivity of synthetic DNA conjugated with 4-(dimethylamino)azobenzene as a side chain unit

Takashi Kamei (1), Haruhisa Akiyama (2), Masabumi Kudo (2), Momoyo Wada (2), Jun'ichi Nagasawa (2), Masahiro Funahashi (2), Nobuyuki Tamaoki (2) and Taro Q. P. Uyeda (1). (1: Research Institute for Cell Engineering, AIST; 2: Nanotechnology Research Institute, AIST)

1P315 フォトライゲーションにより安定化された自己組織化 DNA アレイ

○田川 美穂¹⁾, 庄田 耕一郎¹⁾, 藤本 健造²⁾, 陶山 明¹⁾

1) 東大・院総文・生命環境 2) 北陸先端大・マテリアルサイエンス

Self-assembled DNA arrays stabilized by template-directed photoligation

Miho Tagawa (1), Koh-ichiroh Shohda (1), Kenzo Fujimoto (2) and Akira Suyama (1). (1: Dept Life Sciences & Inst Physics, Graduate School of Arts & Sciences, The Univ of Tokyo; 2: School of Material Science, Japan Advanced Inst Science & Technology)

1P316 プライマー伸長にともなう鎖置換により駆動される DNA 状態機械

○小宮 健¹⁾, 萩谷 昌己²⁾, John Rose³⁾

1) 東工大・院総理・知能システム 2) 東大・院情報理工・コンピュータ科学 3) 立命館 APU・アジア太平洋・情報コミュニケーション工学

DNA state machine driven by primer-targeted strand displacement

Ken Komiya (1), Masami Hagiya (2) and John A. Rose (3). (1: Dept. of Computational Intelligence and Systems Science, Interdis. Grad. Sch. of Sci. and Engi., TITech.; 2: Dept. of Comp. Sci., Grad. Sch. of Info. Sci. and Tech., The Univ. of Tokyo; 3: Inst. of Info. Commu. Tech., Ritsumeikan APU)

1P317 DNAの相補性を利用した半導体微粒子の規則的配列の作製

○田中 慎一¹⁾, 宮田 知子²⁾, 加藤 貴之²⁾, 難波 啓一^{2,3)}, 柳田 敏雄⁴⁾, 佐甲 靖志¹⁾

1) 理研・細胞情報 2) 阪大院・生命機能 3) Dyanmic NanoMachine Project, ICORP, JST4) 阪大院・生命機能

Fabrication of DNA-Templated Two Color Semiconductor Quantum Dots Wire

Shin-ichi Tanaka(1), Tomoko Miyata(2), Takayuki Kato(2), Keiichi Namba(2)(3), Toshio Yanagida(4) and Yasushi Sako(1) (1: Cellular Informatics Laboratory, RIKEN; 2: Graduate school of Frontier Biosciences, Osaka University; 3 Dyanmic NanoMachine Project, ICORP, JST; 4: Graduate school of Frontier Biosciences, Osaka University)

1P318 キネシンによって駆動されるDNA修飾微小管を利用した分子ソーター

○檜山 聡^{1,2)}, 竹内 昌治³⁾, 五條 理保³⁾, 島 知弘¹⁾, 須藤 和夫¹⁾

1) 東大院・総合文化・生命環境 2) NTTドコモ・総合研究所 3) 東大・生産技術研究所

A Molecular Sorter Using DNA Labeled Microtubules Driven by Kinesins

Satoshi Hiyama (1,2), Shoji Takeuchi (3), Riho Gojo (3), Tomohiro Shima (1), and Kazuo Sutoh (1). (1: Department of Life Sciences, The University of Tokyo; 2: Research Laboratories, NTT DoCoMo, Inc.; 3: CIRMM-IIS, The University of Tokyo)

1P319 表面生体分子パターンニングのための新しい表面処理技術の研究開発

○吉良 敦史¹⁾, 鈴木 友紀子¹⁾, 田中 愛¹⁾, 眞瀬 江里子¹⁾, 村田 奉之¹⁾, 前平 謙¹⁾, 堀内 俊¹⁾, 奥野 亨¹⁾, 不破 耕¹⁾

1) (株)アルバック・技術開発部

Novel surface-engineering techniques for Biomolecular patterning

Atsushi Kira, Yukiko Suzuki, Ai Tanaka, Eriko Mase, Tomoyuki Murata, Ken Maehira, Takashi Horiuchi, Toru Okuno and Kou Huwa (ULVAC, Inc. Research and Development Division. MEMS project)

1P320 ダイヤモンド上への高強度かつ生物活性に優れるアミノシラン多層膜の形成

○雨宮 陽介¹⁾, 山田 貴壽²⁾, 上塚 洋²⁾, 中山 秀喜¹⁾, 鹿田 真一²⁾, 嶋本 伸雄¹⁾

1) 遺伝研・構造遺伝 2) 産総研・ダイヤモンドセンター

Multilayer of aminosilane on diamond surface with high mechanical strength and bioactivity

Yosuke Amemiya¹, Takatoshi Yamada², Hiroshi Uetsuka², Hideki Nakayama¹, Shinichi Shikata², Nobuo Shimamoto¹: 1: Structural Biology Center, National Institute of Genetics, Japan 2: Diamond Research Center, Advanced Industrial Science and Technology, Japan

1P321 MPCポリマーを用いたナノ針表面制御の研究

○木原 隆典^{1,2)}, 吉田 成寿²⁾, 中村 史³⁾, 深澤 今日子²⁾, 石原 一彦^{1,2)}, 三宅 淳^{1,2,3)}

1) 東大・ナノバイオ拠点 2) 東大・工 3) 産総研・セルエッジ

Surface modification of nanoneedle with MPC polymers for improving the biocompatibility with cell interior

Takanori Kihara (1,2), Narutoshi Yoshida (2), Chikashi Nakamura (3), Kyoko Fukazawa (2), Kazuhiko Ishihara (1,2), and Jun Miyake (1,2,3). (1: Center for nanobio integration, Univ of Tokyo; 2: Grad Sch of Engineering, University of Tokyo; 3: RICE, AIST)

1P322 セロトニン受容体に特異的なリガンド検出用バイオセンサー

○野口 悠紀¹⁾, 浦野 光¹⁾, 久保 泰¹⁾

1) 産総研・脳神経情報

A Sensitive Biosensor for Specific Ligands of 5-Hydroxytryptamine type-3 receptor

Yuuki Noguchi (1), Hikaru Urano (1) and Tai Kubo (1). (1: Neuroscience Research Institute, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

1P323 分子通信への適用を目指したチャンネル形成タンパク質組込膜小胞の作成

○森谷 優貴^{1,2)}, 野村 M. 慎一郎^{2,3)}, 檜山 聡¹⁾, 須田 達也^{1,4)}, 秋吉 一成^{2,3)}

1) NTTドコモ・総研 2) 東医歯大・生材研 3) 21世紀COE4) カリフォルニア大・アーバイン校

Channel Forming Protein Integrated Vesicle Creation for Molecular Communication

Yuki MORITANI (1,2), Shin-ichiro M. NOMURA (2,3), Satoshi HIYAMA (1), Tatsuya SUDA (1,4), and Kazunari AKIYOSHI (2,3). (1: Research Laboratories, NTT DoCoMo Inc.; 2: Institute of Biomaterials and Bioengineering, Tokyo Medical and Dental University; 3: 21st COE program for Frontier Research; 4: Information and Computer Science, University of California, Irvine)

1P324 リポソーム環境での膜タンパク質の合成と機能化

○野村 慎一郎^{1,2)}, 森谷 優貴³⁾, 朝山 和喜子^{1,2)}, 森田 育男^{2,4)}, 秋吉 一成^{1,2)}

1) 東医歯大・生材研 2) 21世紀COE3) NTTDoCoMo4) 東医歯大・歯

Functional Membrane Protein Expression and Integration on Lipid Vesicles.

Shin-ichiro M. NOMURA(1,2), Yuki MORITANI(1,3), Wakiko ASAYAMA(1,2) Ikuo MORITA(2,4) and Kazunari AKIYOSHI(1,2). (1: Inst Biomat & Bioeng, Tokyo Med & Dent Univ.; 2 21st COE program; 3: Res Lab,

NTT DoCoMo Inc.; 4: Dept. Cell Physiol Chem, Tokyo Med & Dent Univ.

1P325 昆虫ウイルス由来タンパク質ポリヘドリンを用いた外来タンパク質固定化技術の開発

○濱田 格雄¹⁾, 中村 亮介³⁾, 井尻 宏志²⁾, 中井 大介²⁾, 赤木 祐一郎²⁾, 日比 華子²⁾, 広島 利江²⁾, 市田 秀樹³⁾, 徳永 史生⁴⁾, 兼松 泰男³⁾, 森 肇²⁾

1)京工織大・応生、阪大・VBL、CREST・JST2)京工織大大学院・応生、CREST・JST3)阪大・VBL、CREST・JST4)阪大・院理

Immobilization of diverse foreign proteins in viral polyhedra

Nrio Hamada(1), Ryouyuke Nakamura(2), Hiroshi Ijiri(3), Daisuke Nakai(3), Yuichiro Akagi(3), Hanako Hibi(3), Rie Hirohata(3), Hideki Ichida(2), Fumio Tokunaga(4), Yasuo Kanematsu(2) and Hajime Mori(3). (1:Dev Applied Biology., Kyoto Institute of Technology, VBL., Osaka univ, CREST JST; 2:VBL., Osaka univ, CREST JST; 3: Dev Applied Biology., Kyoto Institute of Technology, CREST JST; 4: Dept Earth & Space Science, Graduate School of Science., Osaka univ, CREST JST)

1P326 レーザ照射アポトーシス誘導による細胞精製技術の開発

○服部 明弘¹⁾, 安田 賢二¹⁾

1)東京医歯大・生材研・情報

Development of a cell purification technology by laser irradiation induced apoptosis

Akihiro Hattori and Kenji Yasuda. (Department of Biomedical Information, Institute of Biomaterials and Bioengineering, Tokyo Medical and Dental University)

1P327 タンパク質フェリチンを用いた硫化亜鉛ナノ粒子の作製

○小西 徹¹⁾, 大塚 泰之¹⁾, 吉村 英恭¹⁾

1)明大・理工・物理

Fabrication of Zn-S nanoparticles using the cage protein ferritin

Toru Konishi(1), Yasuyuki Otsuka(1), and Hideyuki Yoshimura(1). (1:Dept Physics, Meiji Univ.)

1P328 球殻状タンパク質アポフェリチン内における硫化銅ナノ粒子の作製

○高木 理江¹⁾, 岩堀 健治²⁾, 山下 一郎^{1,2,3)}

1)奈良先端大・物質 2)JST/CREST3)松下電器・先端研

Fabrication of Copper Sulfide Nanoparticle in the Cage-shaped Protein, Apoferritin

Rie Takagi(1), Kenji Iwahori(2) and Ichiro Yamashita(1), (2), (3). (1:Nara Institute Science and Technology, Material Science and Technology, Material Science; 2:CREST, Japan Science and Technology Agency; 3: ATRL, Matsushita Electronic Industrial Co., Ltd.)

1P329 アポフェリチン内部空洞を利用した硫化金ナノ粒子の作製

○慶澤 景子^{1,3)}, 岩堀 健治^{1,3)}, 杉本 健二^{1,3)}, 山下 一郎^{1,2,3)}

1)JST・CREST2)松下電器・先端研 3)奈良先端大・物質

Fabrication of gold sulfide nanoparticles using the protein cage of apoferritin

Keiko Yoshizawaa (1, 3), Kenji Iwahori (1, 3) Kenji Sugimoto (1, 3) and Ichiro Yamashita (1, 2, 3). (1: CREST, Japan Science and Technology Agency; 2: Advanced Technology Research Laboratories, Panasonic; 3: Graduate School of Material Science, Nara Institute of Science and Technology.

1P330 フェリチンを用いたセリウム酸化物の作製

○奥田 充宏¹⁾, 鈴木 容子¹⁾, 山下 一郎^{1,2,3)}

1)松下電器・先端研 2)奈良先端大・物質 3)JST/CREST

Fabrication of cerium nano-particles using ferritin

Mitsuhiro Okudas (1), Yoko Suzumoto (1) and I Yamashita (1) (2) (3) (1:Advanced Technology Research Laboratories, Matsushita Electric Industrial Co., Ltd. (Panasonic); 2:Nara Institute of Science and Technology (NAIST); 3:Japan Science and Technology Agency (JST/CREST))

1P331 小型球殻状タンパク質リステリア Dps における硫化カドミウムナノ粒子の作製

○岩堀 健治¹⁾, 榎本 隆弘²⁾, 山下 一郎^{1,2,3)}

1)JST/CREST2)奈良先端大・物質 3)松下電器・先端研

Synthesis of cadmium sulfide nanoparticles in the small cge-shaped protein, Listeria Dps.

Kenji Iwahori (1), Takahiro Enomoto (2) and Ichiro Yamashita (3). (1: JST/CREST; 2:Nara Institute of Science and Technology; 3: ATRL, Matsushita Electric Industrial Co/ Ltd.

1P332 Genetic modification of Tobacco Mosaic Virus for application in constructing electronic devices

○小林 未明^{1,2)}, 山根 みどり^{1,2)}, 塚本 里加子^{1,2)}, 渡辺 雄一郎³⁾, 山下 一郎^{1,2,4)}

1)科学技術振興機構 2)奈良先端大・物質 3)東大院・総合 4)松下電器

Genetic modification of Tobacco Mosaic Virus for application in constructing electronic devices

Mime Kobayashi(1, 2), Midori Yamane(1, 2), Rikako Tsukamoto(1, 2), Yuichiro Watanabe(3), Ichiro Yamashita(1, 2, 4). (1: CREST, Japan Science and Technology Agency; 2: Graduate School of Materials Science, Nara Institute of Science and Technology; 3: Graduate School of Arts & Sciences, The

University of Tokyo; 4: Matsushita Electric Industrial Co.Ltd)

1P333 一細胞時系列を用いた *in silico* 細胞周期同調法の開発

○袴田 和巳^{1,2)}, 藤田 聡史^{1,2)}, 三宅 淳^{1,2)}

1) 東大院・工学系・バイオエンジ 2) 産総研・セルエンジ

***in silico* cell cycle synchronization based on single cell tracking.**

Kazumi Hakamada (1)(2), Satoshi Fujita (1)(2), Jun Miyake (1)(2). (1: Dept Bioeng. School of Bioengineering, Univ of Tokyo; 2: Advanced Industrial Science and Technology, Research Institute for Cell Engineering)

1P334 任意素子構造における分子シャトルシミュレーション-素子構造の最適化に向けて

○棚橋 章仁¹⁾, 平野 元久¹⁾, Downs Matthew²⁾, Hess Henry²⁾, 新田 高洋^{1,2)}

1) 岐阜大・工・数理デザイン工 2) Dept. of Materials Sci. and Eng., Univ. Florida

Molecular shuttle simulation for modules of arbitrary structure - towards optimization of module structures

Akihito Tanahashi(1), Motohisa Hirano(1), Matthew Downs(2), Henry Hess(2), and Takahiro Nitta(1). (1: Dept. of Math. and Design Eng., Gifu Univ., Gifu, Japan; 2: Dept. of Materials Sci. and Eng., Univ. Florida, Gainesville, USA)

1P335 試験管内のタンパク質合成分子オートマトンの作成

○Lee Young-Hun¹⁾, 庄田 耕一郎¹⁾, 木賀 大介²⁾, 陶山 明¹⁾

1) 東大・総合文化 2) 東工大・総合理工

Construction of *in vitro* proteosynthesis molecular automaton

Young-Hun Lee(1), Koh-ichiroh Shohda(1), Daisuke Kiga(2), Akira Suyama(1). (1: Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo; 2: Department of computational intelligence and systems science, Tokyo Institute of Technology)

1P336 微細加工基板上を運動するマイコプラズマ・モービルの軌跡の統計解析

○新田 高洋¹⁾, 平塚 祐一²⁾, 宮田 真人³⁾, 平野 元久¹⁾

1) 岐阜大・工・数理デザイン工 2) 北陸先端大・マテリアル 3) 大阪市立大院・理・生物

Statistical Analysis of *Mycoplasma mobile* Trajectories in Microfabricated Patterns

Takahiro Nitta(1), Yuichi Hiratsuka(2), Makoto Miyata(3) and Motohisa Hirano(1). (1: Dept Mathematical and Design Engineering., Gifu Univ; 2: School of Materials Science, JAIST; 3: Dept Biology, Graduate School of Science, Osaka City Univ)

1P337 千年色の冗長性：六角形タイルから成るタマムシの翅のモザイク色

○足立 榮希¹⁾

1) なし

Redundancy in Millennium Green: Mosaic Color composed of Hexagonal Tiles on the Elytron of Japanese Jewel Beetle

Eiki Adachi

1P338 酵素反応へのマイクロ波照射の効果

上田 康之¹⁾, 筑田 健介¹⁾, 松尾 聡子¹⁾, 吉村 武朗¹⁾, ○大内 将吉¹⁾

1) 九工大・生命情報

The effect on the enzymatic reaction under microwave irradiation

Yasuyuki Ueda, Kensuke Chikuda, Satoko Matsuo, Takeo Yoshimura, Shokichi Ohuchi (Dept of Biotechnology and Bioinformatics, Kyushu Institute of Technology)

計測 (New biophysical techniques and instrumentation)

1P339 飛行時間型二次イオン質量分析法によるタンパク質一分子層の構造評価法の開発

○青柳 里果¹⁾, Boireau Wilfrid²⁾, Elie-Caille Ce'line²⁾, Rouleau Alain²⁾, 土肥 誠¹⁾, 加藤 信彦³⁾, 工藤 正博³⁾

1) 島根大・生物資源 2) FEMTO-ST, Proteomic Platform, UMR6174-CNRS, France 3) 成蹊大・理工

Development of structural characterization method of protein monolayer by means of time-of-flight mass spectrometry

Satoka Aoyagi(1)*, Wilfrid Boireau(2), Ce'line Elie-Caille(2), Alain Rouleau(2), Makoto Dohi(1), Nobuhiko Kato(3), Masahiro Kudo(3). (1: Faculty of Life and Environmental Science, Shimane University, 2: FEMTO-ST Institute, Proteomic Platform, UMR6174-CNRS, France, 3: Department of Materials and Life Science, Faculty of Science and Technology, Seikei University, Seikei University)

1P340 TOF-SIMSによる電極固定化リゾチウムの表面構造測定

○岡田 慶悟¹⁾, 青柳 里果¹⁾, 加藤 信彦²⁾, 工藤 正博²⁾

1) 島根大・生物資源 2) 成蹊大・理工

Surface structure measurement of lysozyme immobilized on electrode by means of time-of-flight mass spectrometry

Keigo Okada(1), Satoka Aoyagi(1), Nobuhiko Kato(2), Masahiro Kudo(2)1: Faculty of Life and Environmental Science, Shimane University2: Department of Applied Physics, Faculty of Engineering, Seikei University

1P341 飛行時間型二次イオン質量分析法によるタンパク質測定時の表面状態の基礎的検討

○間 雄二郎¹⁾, 青柳 里果¹⁾, 岡田 慶悟¹⁾

1) 島根大・生物資源

Evaluation of surface condition at protein measurement with time-of-flight mass spectrometry

Yujiro Hazama, Keigo Okada, Satoka Aoyagi Faculty of Life and Environmental Science, Shimane University

1P342 Br 修飾されたヒトテロメア DNA の G-quadruplex 立体構造の単一分子 FRET 計測

○岡本 憲二¹⁾, 三戸 祐太¹⁾, 真下 知子¹⁾, 杉山 弘¹⁾, 寺嶋 正秀¹⁾

1) 京大院・理化

Single molecule FRET measurement of three dimensional G-quadruplex structure of human telomere DNA with Br-modification

Kenji Okamoto(1), Yuta Sannohe(1), Tomoko Mashimo(1), Hiroshi Sugiyama(1) and Masahide Terazima(1). (1:Dept. Chemistry, Graduate School of Science, Kyoto Univ.)

1P343 蛍光相互相関分光法による誘導アポトーシス時の Caspase 3, Caspase 9 の In vivo の解析

○孫 凡¹⁾, 三國 新太郎¹⁾, 金城 政孝¹⁾

1) 北大院・生命科学・細胞機能

In situ simultaneous measurement fluorescence cross correlation spectroscopy for activity of caspase 3 and caspase 9 in apoptosis

Sun Fan, Shintaro Mikuni and Masataka Kinjo Laboratory of Molecular Cell Dynamics, Graduate school of life science, Hokkaido University

1P344 蛍光偏光法を用いた DNA の一塩基ミスマッチの検出

○清水 雅史¹⁾, 南川 典子¹⁾, 荒井 宏美¹⁾, 鶴岡 誠¹⁾

1) 東京工科大

One Mismatch Detection of DNA Hybridization Using Fluorescence Polarization

Masafumi Shimizu(1), Noriko Minamikawa(1), Hiromi Arai(1), Makoto Tsuruoka(1)

1P345 発光ダイオードと CMOS を利用した小型蛍光イメージング

○三澤 宣雄¹⁾, 竹内 昌治¹⁾

1) 東大・生産研

A COMPACT FLUORESCENCE MICROSCOPY USING A LIGHT-EMITTING DIODE AND A COMPLEMENTARY METAL OXIDE SEMICONDUCTOR

N. Misawa (1) and S. Takeuchi (1). (1: IIS, The University of Tokyo)

1P346 燐光の強度相関法による寿命測定と酸素濃度測定

○西村 吾朗¹⁾, 白 燦基²⁾, 田村 守²⁾

1) 北大・電子研 2) 北大・先端生命

Oxygen concentration measurements by a phosphorescence intensity correlation method

Goro Nishimura (1), Chan-Gi Park (2) and Mamoru Tamura (2). (1: Research Institute for Electronic Science, Hokkaido Univ; 2: Faculty of Advanced Lifescience, Hokkaido Univ)

1P347 エリプソメトリーによる生細胞応答検出

○柳瀬 雄輝¹⁾, 荒木 厚則²⁾, 梶川 浩太郎³⁾, 鈴木 秀規⁴⁾, 酒井 規雄¹⁾, 秀 道広⁴⁾

1) 広大院 神経・精神薬理学 2) トーヨーエイテック株式会社 3) 東工大院 総合理工学 4) 広大院 皮膚科学

Detection of living-cell reaction by means of ellipsometry with rotating analyzer

Yuhki Yanase (1), Atsunori Araki (2), Kotaro Kajikawa (3), Hidenori Suzuki (1), Norio Sakai (1), Michihiro Hide (1). (1: Graduate School of Medical sciences, Univ of Hiroshima; 2: Toyo Advanced Technologies Co., Ltd, Hiroshima, Japan; 3: Interdisciplinary Graduate School of Science and Engineering, Tokyo Institute of Technology)

1P348 フェムトリッターチャンパーを用いたトランスポーター蛋白質輸送活性の 1 細胞計測

○仲田 昌義¹⁾, 飯野 亮太¹⁾, 西野 邦彦¹⁾, 二階堂 英司¹⁾, 松本 佳巳¹⁾, 榊原 昇一¹⁾, 竹内 昌治²⁾, 山口 明人¹⁾, 野地 博行¹⁾

1) 阪大・産研 2) 東大・生産研

Single Cell Measurement of Efflux Activity of Multidrug Transporters Enclosed in Femtoliter Chamber Array

Masayoshi Nakata(1), Ryota Iino(1), Kunihiko Nishino(1), Eiji Nikaido(1), Yoshimi Matsumoto(1), Shouichi Sakakihara(1), Shoji Takeuchi(2), Akihito Yamaguchi(1) and Hiroyuki Noji(1) (1:The institute of Scientific and Industrial Research, Osaka University; 2:Institute of Industrial Science, The University of Tokyo)

1P349 研究室系 X 線蛋白質溶液散乱回折装置の立ち上げ

○上久保 裕生¹⁾, 山崎 洋一¹⁾, 片岡 幹雄¹⁾

1) 奈良先端大・物質創成

Instrumentation of an in-house protein solution x-ray scattering diffractometer

Hironari Kamikubo, Yoichi Yamazaki, and Mikio Kataoka. (Graduate School of Materials Science, Nara Institute of Science and Technology)

1P350 X 線回折によるハエの体内脂肪結晶化の直接確認

○高橋 浩¹⁾, 片桐 千仞²⁾, 上野 聡³⁾, 井上 勝晶⁴⁾

1) 群大院・工・化学生物 2) 北大・低温研・生化 3) 広大院・生物圏 4) Spring8/JASRI

Direct confirmation of fat crystallization in a fly body by means of X-ray diffraction

Hiroshi Takahashi(1), Chihiro Katagiri(2), Satoru Ueno(3), Katsuaki Inoue(4) (1: Biophysics Lab, Dept Chem & Chem Biol, Graduate School of Engineering, Gunma Univ.; 2: Biochemistry Lab., Institute of Low Temperature Science, Hokkaido Univ; 3: Graduate School of Biosphere Science, Hiroshima Uni; 4: Spring8/JASRI)

1P351 X 線による 1 分子ダメージ評価

○佐々木 裕次^{1,2)}

1) (財) 高輝度光科学研究センター 2) JST/CREST 佐々木チーム

Single Molecular Damage Evaluation with X-rays

Yuji C. Sasaki, (Spring-8/JASRI, JST/CREST SASAKI-team)

1P352 位相差電子顕微鏡における強位相物体の新理論

○永山 國昭¹⁾, Radostin Danev¹⁾

1) 自然科学機構・岡崎統合バイオ

A Novel Phase Contrast Theory to Justify the Phase Contrast Recovery for Strong Objects

Kuniaki Nagayama and Radostin Danev (Okazaki Inst. Integrative Biosci., Natl. Inst. Natural Sci.)

1P353 ラマン散乱およびテラヘルツ分光によるリゾチームおよび BPTI 結晶の低振動数モードの観測

○市田 秀樹¹⁾, 中村 亮介²⁾, 濱田 格雄²⁾, 菅原 洋子³⁾, 安宅 光雄⁴⁾, 占部 久子⁵⁾, 兼松 泰男^{1,2)}

1) 阪大 CASI 2) JST-CREST 3) 北里大理 4) 産総研 5) 東京家政大

Low frequency modes of crystalline lysozyme and BPTI observed by Raman scattering and terahertz time-domain spectroscopy

Hideki Ichida (1), Ryosuke Nakamura (2), Norio Hamada (2), Yoko Sugawara (3), Mitsuo Ataka (4), Hisako Urabe (5), and Yasuo Kanematsu (1, 2)

1P354 溶液 33S-NMR に向けた極低温プローブ開発

○保母 史郎^{1,2)}, 高橋 雅人^{1,2)}, 横山 茂之²⁾, 前田 秀明^{1,2)}

1) 横市大院 2) 理研 GSC

Development of cryogenic probe for 33S NMR spectroscopy

Fumio Hobo (1) (2), Masato Takahashi (1) (2), Shigeyuki Yokoyama (2), Hideaki Maeda (1) (2). (1: International Graduate School of Arts and Sciences, Yokohama City University; 2: Genomic Sciences Center, RIKEN Yokohama Institute)

1P355 溶液 NMR 用 4K 極低温プローブの開発と性能向上

○高橋 雅人^{1,2)}, 保母 史郎^{1,2)}, 岡村 哲至³⁾, 横山 茂之^{1,4)}, 前田 秀明^{1,2)}

1) 理研 GSC 2) 横市大院 3) 東工大院総理工 4) 東大院理

Development and improvement of a 4 Kelvin cryogenic probe for 500 MHz solution NMR

Masato Takahashi (1, 2), Fumio Hobo (1, 2), Tetsuji Okamura (3), Shigeyuki Yokoyama (1, 4, 5) and Hideaki Maeda (1, 2). (1: GSC, RIKEN Yokohama Inst.; 2: Grad. Sch. Integ. Sci., Yokohama City Univ.; 3: Grad. Sch. Integ. Sci. Eng., Tokyo Tech.; 4: Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo; 5: Cell. Sign. Lab., RIKEN Harima Inst.)

1P356 多次元 NMR と代謝物ケミカルシフトデータベースを用いたメタボローム一斉解析法の構築

○近山 英輔¹⁾, 岡本 真美²⁾, 関山 恭代¹⁾, 平山 隆志²⁾, 齊藤 和季^{1,3)}, 菊地 淳^{1,4)}

1) 理研 PSC 2) 横浜市大院・総合理 3) 千葉大院・薬 4) 名大院・生命農

Multidimensional NMR-based metabolomics using metabolite chemical shift databases

Eisuke Chikayama (1), Mami Okamoto (2), Yasuyo Sekiyama (1), Takashi Hirayama (2), Kazuki Saito (1, 3), and Jun Kikuchi (1, 4). (1: RIKEN Plant Science Center; 2: Yokohama City Univ.; 3: Grad.

Sch. Pharm. Sci., Chiba Univ.; 6: Grad. Sch. Agri Sci., Nagoya Univ.)

1P357 原子間力顕微鏡による生細胞の応力緩和・熱振動測定

○岡嶋 孝治¹⁾, 田中 賢²⁾, 築山 周作³⁾, 山本 貞明³⁾, 下村 政嗣²⁾, 徳本 洋志⁴⁾

1) 北大情報 2) 東北大多元研 3) 北大創成 4) 北大電子研

Stress Relaxation and Fluctuation of Living Cells Measured by Atomic Force Microscopy

Takaharu Okajima(1), Masaru Tanaka(2), Shusaku Tsukiyama(3), Sadaaki Yamamoto(3), Masatsugu Shimomura(2) and Hiroshi Tokumoto(4). (1: Graduate School of Information Science and Technology, Hokkaido Univ; 2: Institute of Multidisciplinary Research for Advanced Materials, Tohoku Univ; 3: Creative Research Initiative Sousei, Hokkaido Univ; 4 Research Institute for Electronic Science, Hokkaido Univ)

1P358 AFMによるフェリチン分子の物性計測

○関口 博史¹⁾, 森 泰啓¹⁾, 猪飼 篤¹⁾

1) 東工大・生命理工・分子生命科学

Investigation of Mechanical Property of Ferritin molecule using Atomic Force Microscopy

Hiroshi Sekiguchi, Yasuhiro Mori, and Atsushi Ikai. (Dept Life Sciences, Graduate School of Biosci & Biotech, Tokyo Institute of Technology)

2 日目 (12/22)

蛋白質 (構造・構造機能相関) (Proteins— structure and structure-function relationship)

2P001 蛋白質における残基ネットワークの普遍的特性

○森田 英俊¹⁾, 高野 光則¹⁾

1) 早大理工

Universal network characteristics of residues in proteins

Hidetoshi Morita and Mitsunori Takano. (Faculty of Science and Engineering, Waseda University)

2P002 残基間コンタクトパターンによる50残基長タンパク質セグメントの構造空間の構築

○園部 裕樹¹⁾, 伊東 純一¹⁾, 山岸 明彦²⁾, 肥後 順一¹⁾

1) 東薬大、生命科学、生物情報 2) 東薬大、生命科学、細胞機能

Conformational space of 50-residue protein segments constructed by residue-residue contact patterns

Jun-ichi Ito(1), Yuki Sonobe(1), Akihiko Yamagishi(1), Junichi Higo(1). (School of Life Sciences, Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences)

2P003 線形応答理論によるタンパク質構造変化のデータベース解析

○雨宮 崇之¹⁾, 小池 亮太郎^{2,3)}, 淵上 壮太郎¹⁾, 池口 満徳¹⁾, 木寺 詔紀¹⁾

1) 横浜市大院・国際総合 2) 東工大・学国情セ 3) BIRD JST

Database analysis of the protein structural change by the linear response theory

Takayuki Amemiya(1), Ryotaro Koike(2,3), Sotaro Fuchigami(1), Mitsunori Ikeguchi(1) and Akinori Kidera(1). (1: International Graduate School of Arts and Sciences, Yokohama City University, 2: Global Scientific Information and Computing Center, Tokyo Institute of Technology, 3: BIRD JST)

2P004 タンパク質ループ領域の配列構造相関の解析

○中村 周吾¹⁾, 清水 謙多郎¹⁾

1) 東大・院農・応生工

Analysis of sequence-structure relationship of protein loop regions

Shugo Nakamura (1) and Kentaro Shimizu (1). (1: Dept of Biotechnology, Univ of Tokyo)

2P005 擬似構造活性相関モデルによる活性情報の抽出

○福西 広晃¹⁾, 寺本 礼仁²⁾, 島田 次郎¹⁾

1) NEC ナノエレクトロニクス研究所 2) NEC ビジネスイノベーションセンター 3) NEC ナノエレクトロニクス研究所

Extraction of Active Information using Pseudo Structure Activity Relationship Model

Hiroaki Fukunishi (1), Reiji Teramoto (2) and Jiro Shimada (1). (1: NEC Nano Electronics Research Laboratories, 2: NEC Business Innovation Center)

2P006 自由エネルギー変分原理に基づく相対的結合自由エネルギー計算とそのFK506結合タンパク阻害剤への応用

○新江 雄一¹⁾, 南 康智¹⁾, 菊地 武司¹⁾

1) 立命館大・情報理工・生命情報

Relative binding free energy calculation with a free energy variational principle and its application to FK506-binding protein inhibitors

Yuichi Shine, Yasutomo Minami and Takeshi Kikuchi (Dept Bioscience and Bioinformatics Col Information Science and Engineering Ritsumeikan Univ)

- 2P007** NMR および SAAP 力場を用いたモンテカルロシミュレーションによるペプチドの構造解析
 ○岩岡 道夫¹⁾, 大岡 竜太¹⁾, 大貫 裕之²⁾, 廣田 洋²⁾, 北條 裕信³⁾, 中原 義昭³⁾
 1) 東海大・理・化 2) 理研・GSC3) 東海大・工・生化
Structure analyses of peptides by NMR and Monte Carlo simulation using the SAAP force field
 Michio Iwaoka (1), Ryuta Ooka (1), Hiroyuki Onuki (2), Hiroshi Hirota (2), Hironobu Hojo (3), Yoshiaki Nakahara (3). (1: Department of Chemistry, School of Science, Tokai University; 2: RIKEN Genomic Sciences Center; 3: Department of Applied Biochemistry, Tokai University)
- 2P008** アルファとベータの二次構造を含む 40 残基の蛋白質 H-NS の folding simulation
 ○肥後 順一¹⁾, 池部 仁善¹⁾, 神谷 成敏²⁾, 中村 春木³⁾, 神藤 平三郎⁴⁾
 1) 東京薬科・生命科学 2) 阪大・医 3) 阪大・蛋白研 4) 農業生物資源研・タンパク質研究ユニット
folding simulation of a 40-residue protein, H-NS, involving alpha and beta secondary structures in explicit water
 Junichi Higo (1), Jinzen Ikebe (1), Narutosi Kamiya (2), Haruki Nakamura (3), Heisaburo Shindo (4). (1: School of Life Sciences, Tokyo Univ. of Pharmacy and Life Sciences; 2: Graduate School of Medicine, Osaka Univ.; 3: Institute for Protein Research, Osaka Univ.; 4: Protein Research Unit, National Institute of Agrobiological Sciences)
- 2P009** 大腸菌機械受容チャネル MscL の野生型ならびに変異型モデルを用いた分子動力学シミュレーションによる開口過程の解析
 ○澤田 康之¹⁾, 村瀬 雅樹²⁾, 曾我部 正博^{1,2,3)}
 1) 名大院・医・細胞生物物理 2) JST ICORP/SORST 細胞力覚 3) 生理研・分子生理
Analysis of Opening Process of E-coli Mechanosensitive Channel MscL by Molecular Dynamics Simulations on Wild Type and Mutant Models
 Yasuyuki Sawada (1), Masaki Murase (2) and Masahiro Sokabe (1, 2, 3). (1: Dept Physiol, Nagoya Univ Grad Sch Med; 2: ICORP/SORST Cell Mechanosensing, JST; 3: Dept Mol Physiol, NIPS, NINS)
- 2P010** 分子動力学シミュレーションを用いたCARDOの酸化酵素部位の解析
 ○井上 悠¹⁾, 寺田 透¹⁾, 中村 周吾¹⁾, 清水 謙多郎¹⁾
 1) 東大・農・応生工
Molecular dynamics simulation of the terminal oxygenase component of carbazole 1,9a-dioxygenase
 Yu Inoue Shugo Nakamura Tohru Terada and Kentaro Shmizu (Department of Biotechnology Graduate School of Agricultural and Life Sciences The University of Tokyo)
- 2P011** 電子顕微鏡構造データブラウザ・EM Navigator
 ○鈴木 博文^{1,2)}, 岩崎 憲治¹⁾, 中村 春木^{1,2)}
 1) 阪大・蛋白研 2) 日本蛋白質構造データバンク
EM Navigator - Electron microscopy data browser
 Hirofumi Suzuki (1, 2) Kenji Iwasaki (1) Haruki Nakamura (1, 2) (1: IPR, Osaka Univ; 2: Protein Data bank Japan)
- 2P012** タンパク質統合データベースの構築
 ○峯崎 善章¹⁾, 本間 圭一¹⁾, 多田 雅人¹⁾, 菅原 秀明¹⁾
 1) 遺伝研・生命情報DDBJ・データベース運用開発
Development of the Unified Protein Database
 Yoshiaki Minezaki (1), Keiichi Homma (1), Masahito Tada (1) and Hideaki Sugawara (1). (1: Center for Information Biology and DNA Data Bank of Japan, National Institute of Genetics)
- 2P013** Dynamics portal - An integral effort on developing and organizing dynamics web servers/databases
 ○Yang Lee-Wei¹⁾, 二島 渉¹⁾, 北尾 彰朗¹⁾
 1) 東大・分生研
Dynamics portal - An integral effort on developing and organizing dynamics web servers/databases
 Lee-Wei Yang, Wataru Nishima and Akio Kitao (Institute of Molecular and Cellular Biosciences, University of Tokyo)
- 2P014** Rho-kinase の split PH ドメインの構造・機能解析
 ○佐藤 明子¹⁾, 寺脇 慎一²⁾, 伊藤 隆¹⁾, 天野 睦紀³⁾, 貝淵 弘三³⁾, 箱嶋 敏雄^{2,4)}, 三島 正規¹⁾
 1) 首都大院・理工 2) 奈良先端科学技術大院・情報科学 3) 名古屋大・医学 4) CREST
Structural and functional analysis of split PH domain of Rho-kinase
 Akiko Sato (1), Shinichi Terawaki (2), Yutaka Ito (1), Mutsuki Amano (3), Kouzo Kaibuchi (3), Toshio Hakoshima (2) (4), and Masaki Mishima (1) (1: Graduate School of Science and Engineering, Tokyo Metropolitan University; 2: Graduate School of Information Science, Nara Institute of Science and Technology; 3: Graduate School of Medicine, Nagoya University; 4: CREST)

- 2P015** リゾチームアミロイド線維の構造
 ○八木 直人¹⁾, 太田 昇¹⁾, 松尾 龍人¹⁾
 1) 高輝度光科学研究センター, SPring-8
Structure of Amyloid Fibrils of Hen Lysozyme
 Naoto Yagi, Noboru Ohta and Tatsuhiro Matsuo (Japan Synchrotron Radiation Research Institute, SPring-8)
- 2P016** カルシウムイオンを介した基質結合様式をもつ高度好熱菌由来乳酸結合タンパク質の結晶構造解析
 ○秋山 信彦¹⁾, 竹田 一旗^{1,2)}, 三木 邦夫^{1,2)}
 1) 京大・院理・化学 2) 理研・播磨
Crystal Structure of a Bacterial Lactate Binding Protein with a Calcium Ion Mediating Ligand-Binding Manner
 Nobuhiko Akiyama (1), Kazuki Takeda (1,2) and Kunio Miki (1,2). (1: Dept. of Chemistry, Graduate School of Science, Kyoto Univ.; 2: RIKEN SPring-8 Center at Harima Institute)
- 2P017** アミノ酸配列を単純化した BPTI 変異体の結晶構造解析
 ○Mohammad Monirul Islam¹⁾, 惣谷 志保里¹⁾, 野口 恵一¹⁾, 養王田 正文¹⁾, 黒田 裕¹⁾
 1) 東京農工大・生命工
Crystal Structures of Simplified BPTIs Solved at 1.0 and 1.4 Å Resolutions
 Mohammad Monirul Islam (1), Shihori Sohya (1), Keiichi Noguchi (1), Masafumi Yohda (1), Yutaka Kuroda (1). (1: Dept. of Biotech. and Life Sci. Tokyo Univ. of A&T (TUAT))
- 2P018** 小型熱ショックタンパク質、StHsp14.0 の X 線結晶構造解析
 ○林 拓郎¹⁾, 秋山 信彦¹⁾, 阿部 哲也²⁾, 竹田 一旗¹⁾, 養王田 正文²⁾, 三木 邦夫¹⁾
 1) 京大・院理・化学 2) 農工大・院工・生命工
X-ray Crystal Structure Analysis of a Small Heat-Shock Protein, StHsp14.0
 Takuro Hayashi (1), Nobuhiko Akiyama (1), Tetsuya Abe (2), Kazuki Takeda (1), Masafumi Yohda (2) and Kunio Miki (1) (1: Graduate School of Science, Kyoto University; 2: Department of Biotechnology and Life Science, Graduate School of Science, Tokyo University of Agriculture and Technology)
- 2P019** 溶液中の多糖蛋白質複合体の構造のキャラクタリゼーション
 ○渡邊 康¹⁾, 猪子 洋二²⁾
 1) (独) 農研機構・食総研・食品素材科学 2) 阪大院・基礎工・機能創成・生体工学
Physicochemical characterization of the structure of a polysaccharide-protein complex in solution
 Yasushi Watanabe (1) and Yoji Inoko (2). (1: National Food Research Institute; 2: Graduate School of Engineering Science, Osaka University)
- 2P020** プレフォルジンβサブユニットの結晶構造
 ○木田 宗志¹⁾, 菅野 由利²⁾, 飯塚 怜^{2,3)}, 藤橋 雅宏^{2,3)}, 養王田 正文²⁾, 三木 邦夫¹⁾
 1) 京大・院理・化学 2) 農工大・院工・生命工 3) 東大・院薬
Crystal Structure of Prefoldin beta Subunits Oligomer
 Hiroshi Kida (1), Yuri Sugano (2), Ryo Iizuka (2,3), Masahiro Fujihashi (1), Masafumi Yohda (2) and Kunio Miki (1). (1: Department of Chemistry, Graduate School of Science, Kyoto University; 2: Department of Biotechnology and Life Science, Graduate School of Science, Tokyo University of Agriculture and Technology; 3: Graduate School of Pharmaceutical Science, University of Tokyo)
- 2P021** CLIP-170 の構造機能解析
 ○三島 正規¹⁾, 前崎 綾子²⁾, 笠 美由希^{2,3)}, 渡辺 崇⁴⁾, 深田 正紀⁴⁾, 貝淵 弘三⁴⁾, 箱嶋 敏雄^{2,3)}
 1) 首都大・理工・有機構造生物化学 2) 奈良先端大・情報・構造生物 3) CREST 4) 名古屋大・医学・神経情報薬理学
Structural and functional studies of CLIP-170
 Masaki Mishima (1), Ryoko Maesaki (2), Miyuki Kasa (2) (3), Takashi Watanabe (4), Masaki Fukata (4), Kozo Kaibuchi (4) and Toshio Hakoshima (2), (3) (1: Graduate School of Science and Technology, Tokyo Metropolitan University, 2: Structural Biology Laboratory, Nara Institute of Science and Technology, 3: CREST, 4: Department of Cell Pharmacology, Nagoya University)
- 2P022** ヒト毛髪構造と物性の加齢変化
 ○伊藤 隆司¹⁾, 長瀬 忍¹⁾, 梶浦 嘉夫¹⁾, 儘田 明¹⁾, 阿部 裕子¹⁾, 佐藤 直紀¹⁾, 篠原 佑也²⁾, 雨宮 慶幸²⁾
 1) 花王・ビューティケア研究センター 2) 東大院・新領域
Effect of aging on human hair structure and properties
 Takashi Itou (1), Shinobu Nagase (1), Yoshio Kajiura (1), Akira Mamada (1), Hiroko Abe (1), Naoki Satoh (1), Yuya Shinohara (2) and Yoshiyuki Amemiya (2). (1: Beauty Care Research Center, Kao

Corporation; 2: Dept Advanced Materials Sci, Graduate School of Frontier Sci., Univ of Tokyo)

2P023 X線コントラスト変調法による馬脾臓フェリチン内の鉄イオンコアの構造研究

猪子 洋二¹⁾, ○遠藤 秀之¹⁾, 渡辺 康²⁾

1) 阪大院基礎工 2) 食総研

Structural analysis of iron core in horse spleen ferritin by small-angle X-ray scattering combined with contrast variation method

Yoji Inoko(1), Hideyuki Endou(1), Yasushi Watanabe(2) (1) Graduate School of Engineering Science, Osaka Univ., (2) National Food Research Institute

2P024 アコニターゼ B とイソクエン酸脱水素酵素の X 線溶液散乱解析

○土屋 大輔¹⁾, 清水 伸隆²⁾, 富田 勝¹⁾

1) 慶應大・先端生命研 2) SPring-8/JASRI

Structural analysis of aconitase B and isocitrate dehydrogenase in solution

Daisuke Tsuchiya (1), Nobutaka Shimizu (2) and Masaru Tomita (1) (1: Inst Adv Biosci, Keio Univ; 2: SPring-8/JASRI)

2P025 X線広角散乱 (WAXS) データとヘリックス構造との相関

○中川 隆司¹⁾, 柳 茂¹⁾, 平井 光博²⁾, 野中 孝昌³⁾, 木原 裕⁴⁾, 小島 正樹³⁾

1) 東京薬大・生命科学 2) 群馬大・工 3) 岩手医大・薬 4) 関西医大・物理

Correlation between wide-angle X-ray scattering (WAXS) profile and helical structure

Takashi Nakagawa (1), Shigeru Yanagi (1), Mitsuhiro Hirai (2), Takamasa Nonaka (3), Hiroshi Kihara (4) and Masaki Kojima (3). (1: School of Life Sci, Tokyo Univ of Pharm and Life Sci; 2: Dept of Phys, Gunma Univ; 3: School of Pharm, Iwate Med Univ; 4: Dept of Phys, Kansai Med Univ)

2P026 超好熱菌由来 ADP リボースピロフォスファターゼの結晶化と中性子構造解析

○安達 基泰¹⁾, 玉田 太郎¹⁾, 栗原 和男¹⁾, 大賀 拓史²⁾, 倉光 成紀²⁾, 黒木 良太¹⁾

1) 原子力機構・量子ビーム 2) 阪大院・理学研究科

Crystallization and Neutron Diffraction Study of ADP-ribose pyrophosphatase from *Thermus thermophilus*

Motoyasu Adachi(1), Taro Tamada(1), Kazuo Kurihara(1), Takushi Ooga(2), Seiki Kuramitsu(2) and Ryota Kuroki(1). (1: Quantum Beam Science Directorate JAEA; 2: Graduate School of Science, Osaka University)

2P027 極低温電子顕微鏡によるべん毛ロッドの構造解析

○藤井 高志¹⁾, 加藤 貴之²⁾, Chevance Fabienne³⁾, Kelly Hughes³⁾, 難波 啓一^{1,2)}

1) 阪大院・生命機能 2) JST・ICORP・超分子ナノマシン 3) ユタ大学・生物

Structural insights into the difference between the rod as a drive shaft and the hook as a universal joint of the bacterial flagellum

Takashi Fujii(1), Takayuki Kato(2), Fabienne Chevance(3), Kelly Hughes(3), Keiichi Namba(1,2). (1: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University. 2: Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST. 3: Department of Biology, University of Utah.)

2P028 抗原・抗体複合体の直接観察：抗原の大きさ、結合価、及び抗体の結合親和性の影響

○古賀 舞子¹⁾, 真柳 浩太²⁾, 北井 麻希¹⁾, 村上 明一³⁾, 東 隆親³⁾, 織田 昌幸¹⁾

1) 京都府大院・農 2) 長浜バイオ大・バイオサイエンス 3) 東京理大・生命研

Direct observation of antigen-antibody complex: Effects of antigen size, valence, and binding affinity of antibody

Maiko Koga (1), Kouta Mayanagi (2), Aki Kitai (1), Akikazu Murakami (3), Takachika Azuma (3) and Masayuki Oda (1). (1: Graduate School of Agriculture, Kyoto Prefectural University; 2: Nagahama Institute of Bio-Science and Technology; 3: Reserch Institute for Biological Sciences, Tokyo University of Science)

2P029 古細菌型シャペロニンの 1 分子構造変化計測

○飯塚 怜¹⁾, 上野 太郎¹⁾, 船津 高志¹⁾

1) 東大・院薬系

Single molecule observation of ATP-induced conformational dynamics in archaeal group II chaperonin

Ryo Iizuka, Taro Ueno, and Takashi Funatsu (Graduate School of Pharmaceutical Sciences, The University of Tokyo)

2P030 プロテアーゼインヒビター、シスタチンにおける活性制御要因としての N-terminal motion

○宮崎 義史¹⁾, 高橋 大輔¹⁾, 西本 悦子¹⁾, 山下 昭二¹⁾

1) 九大院・生資環

The N-terminal motion of protease inhibitor, cystatin as the activity regulation factor

Yoshifumi Miyazaki, Daisuke Tkahasi, Etsuko Nishimoto, Syoji Yamashita (Institute of Biophysics,

Faculty of Agriculture, Kyushu University)

2P031 極低温電子顕微鏡によるシャペロン・基質複合体の単粒子解析

菅野 亮¹⁾, 小池 あゆみ²⁾, 横山 謙³⁾, 田口 英樹⁴⁾, 〇光岡 薫⁵⁾

1)京大院・理学・生物科学 2)神奈川工大・工・応用化学 3)科学技術振興機構・ICORP・ATP合成制御 4)東大院・新領域・メディカルゲノム 5)産総研・生物情報

Structure of the GroEL-GroES-ADP-substrate protein complex from *T. thermophilus* by cryo-electron microscopy

Ryo Kanno (1), Ayumi Koike (2), Ken Yokoyama (3), Hideki Taguchi (4) and Kaoru Mitsuoka (5). (1: Dept Biophysics, Faculty of Science, Kyoto Univ; 2: Faculty of Engineering, Kanagawa Institute of Technology; 3: ATP, ICORP, JST; 4: Graduate School of Frontier Sciences, Univ of Tokyo; 5: JBIRC, AIST)

2P032 ゼルニケ位相差像の単粒子解析による非選択的カチオンチャンネルTRPV4の立体構造

〇重松 秀樹¹⁾, 曾我部 隆彰²⁾, 富永 真琴^{2,3)}, 永山 國昭^{1,3)}

1)岡崎統合バイオ・ナノ形態生理 2)岡崎統合バイオ・細胞生理 3)総研大・生理科学

Tertiary Structure of Non-Selective Cation Channel TRPV4 by Single Particle Analysis using Zernike Phase Contrast Images

Hideki Shigemitsu(1), Takaaki Sokabe(2), Makoto Tominaga(2), (3), Kuniaki Nagayama(1), (3). (1: Sect. Nano-Struct. Physiol., Okazaki Inst. Integ. Biosci.; 2: Sect. Cell Signal., Okazaki Inst. Integ. Biosci.; 3: Dept. Physiol. Sci., The Grad. Univ. Adv. Studies)

2P033 DNA ligase/PCNA/DNA 複合体の単粒子解析

〇真柳 浩太¹⁾, 清成 信一²⁾, 白井 剛¹⁾, 石野 良純²⁾, 森川 耿右³⁾

1)長浜バイオ大・バイオサイエンス 2)九大院・農学 3)阪大・蛋白研

Single particle analysis of DNA ligase/PCNA/DNA complex

Kouta Mayanagi (1), Shinichi Kiyonari (2), Tsuyoshi Shirai (1), Yoshizumi Ishino (2), and Kosuke Morikawa (3). (1: Dept of Bioscience, Nagahama Institute of BioScience and Technology; 2: Graduate School of Bioresource and Bioenvironmental Sciences, Kyushu Univ; 3: Institute for Protein Research, Osaka Univ)

2P034 転写コアクチベーターMBF1の構造解析

〇永井 義崇¹⁾, 広瀬 進²⁾, 白川 昌宏³⁾, 伊藤 隆¹⁾, 三島 正規¹⁾

1)首都大院・理工学研究科 2)国立遺伝学研究所 3)京大・工学研究科

Structural analysis of transcriptional coactivator MBF1

Yoshitaka Nagai(1), Susumu Hirose(2), Masahiro Shirakawa(3), Yutaka Ito(1) and Masaki Mishima(1). (1: Graduate School of Science and Technology, Tokyo Metropolitan University; 2: National Institute of Genetics; 3: Graduate School of Engineering, Kyoto University)

2P035 キャビティに基づく構造揺らぎの検出 -T4 リゾチーム変異体の可変圧力 NMR-

〇前野 覚大^{1,2)}, 北原 亮²⁾, 横山 茂之^{3,4)}, Frederick Dahlquist⁵⁾, Frans Mulder⁶⁾, 赤坂 一之^{1,2)}

1)近大院・生物理工 2)理研 SPring-8 3)理研 GSC4 4)東大・理 5)オレゴン大・化 6)グローニンゲン大・生物物理化学

Detection of Cavity-based Fluctuations in a T4 Lysozyme Mutant. A Variable Pressure NMR Study.

(1, 2) Akihiro Maeno, (2) Ryo Kitahara, (3, 4) Shigeyuki Yokoyama, (5) Frederick W. Dahlquist, (6) Frans A. A. Mulder, (1, 2) Kazuyuki Akasaka. (1: Dep. of Biotec. Sci., Grad. Sch. of Biology-Oriented Sci. and Tec., Kinki Univ., 2: RIKEN SPring-8 Center, 3: RIKEN Genomic Sciences Center, 4: Grad. Sch. of Sci., Univ. of Tokyo, 5: Inst. of Mol. Biol. and Dep. of Chem., Univ. of Oregon, USA, 6: Dep. of Biophys. Chem., Univ. of Groningen, Netherlands)

2P036 H/D 交換と質量分析法による 70S リボソーム蛋白質ダイナミクス of Mg²⁺濃度依存性解析

〇山本 竜也¹⁾, 瀧尾 擴士¹⁾, 城 宜嗣¹⁾

1)理研・播磨

Mg²⁺ concentration-dependence of 70S ribosomal-protein dynamics revealed by H/D exchange and mass spectrometry

Tatsuya Yamamoto, Koji Takio, and Yoshitsugu Shiro (Harima Inst, RIKEN)

2P037 リポカリン型プロスタグランジンD合成酵素の溶液構造

〇島本 茂¹⁾, 吉田 卓也¹⁾, 乾 隆^{2,3)}, 合田 圭吾⁴⁾, 小林 祐次⁵⁾, 藤森 功^{3,5)}, 鶴村 俊治³⁾, 有竹 浩介³⁾, 裏出 良博³⁾, 大久保 忠恭¹⁾

1)阪大院・薬 2)阪府大院・生命 3)大阪バイオサイエンス研究所 4)関西分子設計研究会 5)阪薬大院

NMR Solution Structure of Lipocalin-type Prostaglandin D Synthase

Shigeru Shimamoto(1), Takuya Yoshida(1), Takashi Inui(2, 3), Keigo Gohda(4), Yuji Kobayashi(5),

Ko Fujimori(3, 5), Toshiharu Tsurumura(3), Kosuke Aritake(3), Yoshihiro Urade(3), and Tadayasu Ohkubo(1). (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Osaka University; 2: Graduate School of Life and Environmental Sciences, Osaka Prefecture University; 3: Department of Molecular Behavioral Biology, Osaka Bioscience Institute; 4: Computer-Aided Molecular Modeling Research Center Kansai; 5:Osaka University of Pharmaceutical Sciences)

2P038 20S プロテアソームのアッセンブリーシャペロンの結晶構造と NMR 解析

○岡本 健太¹⁾, 栗本 英治¹⁾, 坂田 絵里^{1,2)}, 笹川 拓明^{1,3)}, 鈴木 淳巨⁴⁾, 山根 隆⁴⁾, 平野 裕子⁴⁾, 村田 茂穂²⁾, 田中 啓二²⁾, 加藤 晃一^{1,3)}

1) 名市大・院薬 2) 都臨床研 3) 分子研 4) 名大・院工

Crystallographic and NMR analyses of the novel 20S proteasome assembling chaperone PAC3

Kenta Okamoto (1), Eiji Kurimoto (1), Eri Sakata (1, 2), Hiroaki Sasakawa (1, 3), Atuo Suzuki (4), Takashi Yamane (4), Hirano Yuko (2), Shigeo Murata (2), Keiji Tanaka (2), Koichi Kato (1, 3) (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Nagoya City Univ; 2: The Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science; 3: Institute for Molecular Science; 4: Graduate School of Engineering, Nagoya Univ)

2P039 1 配列で二つの構造? : ヒトの tripartite motif 39 protein の B-box ドメインの溶液構造

○富澤 忠¹⁾, 小柴 生造¹⁾, 渡部 暁¹⁾, 原田 拓志¹⁾, 木川 隆則^{1,2)}, 横山 茂之^{1,3)}

1) 理研・GSC2) 東工大・院総理工 3) 東大・院理・生化

One sequence, two folds? : Solution structures of the B-box from human tripartite motif 39 protein.

Tadashi Tomizawa (1), Seizo Koshiba (1), Satoru Watanabe (1), Takushi Harada (1), Takanori Kigawa (1, 2), and Shigeyuki Yokoyama(1, 3) (1: Protein Research Group, Genomic Sciences Center, Yokohama Institute, RIKEN; 2: Dept Computational Intelligence and Systems Science, Interdisciplinary Graduate School of Science and Engineering, Tokyo Institute of Technology; 3: Dept Biophysics and Biochemistry, Graduate School of Science, The University of Tokyo)

2P040 可変圧力下における DLC8 の構造揺らぎ

Jyoti Gaikwad^{1,2)}, 前野 覚大^{1,2)}, ○福田 明子¹⁾, 赤坂 一之^{1,2)}, Krishna Mohan³⁾, Ghosh Roy⁴⁾, R Hosur³⁾

1) 近大院・生物理工 2) 理研 SPring8 3) TaTa 研究所・化 4) TaTa 研究所・生

Conformational fluctuations of DLC8, the dynein light chain protein, studied under variable pressure

J. Gaikwad(1), (2), A. Maeno(1), (2) A. Fukuda(1), (2), K. Akasaka(1), (2), P. M. Krishna Mohan(3), Anindya Ghosh Roy(4) and R. Hosur(3). (1:Department of Biotechnological Science, School of BioOriented Science and Technology, Kinki University, 2:RIKEN Spring8 Center, RIKEN Harima Institute, 3:Department of Chemical Sciences, TaTa Institute of Fundamental Research, 4:Department of Biological Sciences, TaTa Institute of Fundamental Research

2P041 NMR と X 線溶液散乱データの構造情報の加算性, 冗長性, 相補性

○森本 康幹¹⁾, 中川 隆司¹⁾, 柳 茂¹⁾, 野中 孝昌²⁾, 小島 正樹²⁾

1) 東京薬大・生命科学 2) 岩手医大・薬

Additivity, redundancy, and complementarity between structural information from NMR and SAXS data

Yasumasa Morimoto (1), Takashi Nakagawa (1), Shigeru Yanagi (1), Takamasa Nonaka (2), Hiroshi Kihara (3), Masaki Kojima (2). (1:School of Life Sci, Tokyo Univ of Pharm and Life Sci; 2: School of Pharm, Iwate Med Univ)

2P042 高速原子間力顕微鏡を用いたシャペロン GroEL における基質タンパク質の結合と解離の一分子観察

○谷口 雅昭¹⁾, 山本 大輔^{1,2)}, 古寺 哲幸¹⁾, 安藤 敏夫^{1,2)}

1) 金沢大・理・物理 2) JST/CREST

Single-molecule observation of the binding and release of substrate proteins in the chaperonin GroEL by high-speed atomic force microscopy

Masaaki Taniguchi (1), Daisuke Yamamoto(1), (2), Noriyuki Kodera(1) and Toshio Ando(1), (2). (1:Dept of Physics, Kanazawa Univ, 2:JST/CREST)

2P043 アルツハイマー病アミロイドβペプチドの発現と精製

○竹内 誠¹⁾, 渡辺 聡¹⁾, 水口 峰之¹⁾, 鍋島 裕子¹⁾, 森 佳洋¹⁾, 篠田 裕之¹⁾, 河野 敬一²⁾

1) 富大院・薬学系・構造生物学 2) 北大院・理学系・生体高分子

Expression and purification of the Alzheimer's amyloid β-peptide

Makoto Takeuchi(1), Satoshi Watanabe(1), Mineyuki Mizuguchi(1), Yuko Nabeshima(1), Yoshihiro Mori(1), Hiroyuki Shinoda(1) and Keiichi Kawano(2). (1:Faculty of Pharmaceutical Sciences, Univ of Toyama; 2:Graduate School of Science, Hokkaido Univ)

2P044 位置特異的同位体ラベルによるアミロイドβ集積体の高次構造解析

○吉田 研誠^{1,2)}, 奈良 雅之³⁾, 小中原 猛雄²⁾, 岡田 知子¹⁾, 森井 尚之¹⁾

1)産総研・生物機能工学・分子認識 2)東京理科大・理工学・工業化学 3)東京医科歯科大・教養部・化学

Structural analysis on self-assembled amyloid- β by specific isotope labeling

Kensei Yoshida(1) (2), Masayuki Nara(3), Takeo Konakahara(2), Tomoko Okada(1) and Hisayuki Morii(1).

(1: Natl Inst Adv Industrial Science and Technology (AIST); 2: Faculty of Science and Technology, Tokyo Univ of Science (RIKADAI); 3: Dept of Chemistry, Tokyo Medical and Dental Univ (TMDU))

2P045 口腔連鎖球菌グルコシルトランスフェラーゼ-I によるデキストラン結合の熱力学的解析: ストイキオメトリーに対する触媒ドメインの影響

○小松 英幸¹⁾

1)九州工大

Thermodynamics of the dextran binding of mutans streptococcus glucosyltransferase-I: Effect of the catalytic domain on the stoichiometry

Hideyuki Komatsu (Dept Bioscience & Bioinformatics, Kyushu Inst of Technology)

2P046 時間分割蛍光法による RNase T1 中 Tryptophan 残基の複数の誘電緩和特性に関する研究

○乙須 拓洋¹⁾, 西本 悦子¹⁾, 宮崎 義史¹⁾, 山下 昭二¹⁾

1)九大院・生資環

Time-resolved fluorescence study on multiple dielectric relaxation properties of single tryptophan residue in RNase T1

Takuhiro Otosu, Etsuko Nishimoto, Yoshifumi Miyazaki, Shoji Yamashita (Institute of Biophysics, Faculty of Agriculture, Kyushu University)

2P047 抗シガトキシン抗体 10C9 Fab-シガトキシン間相互作用の構造学的・熱力学的解析

○宇井 美穂子¹⁾, 田中 良和¹⁾, 円谷 健²⁾, 藤井 郁雄²⁾, 井上 将行^{3,4)}, 平間 正博³⁾, 津本 浩平¹⁾

1)東京大院・新領域・メディカル 2)大阪府立院・理 3)東北大院・理 4)東京大院・薬

The structural and thermodynamic analysis of the interaction between ciguatoxin and its Antibody 10C9 Fab

Mihoko Ui(1), Yoshikazu Tanaka(1), Tsumuraya Takeshi(2), Ikuo Fujii(2), Masayuki Inoue(3, 4), Masahiro Hirama(3), Kouhei Tsumoto(1). (1: Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo; 2: Graduate School of Science, Osaka Prefecture University; 3: Graduate School of Science, Tohoku University; 4: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, The University of Tokyo)

2P048 脂質膜により誘起されるアミロイド β ペプチドの二次構造形成における C 末端側疎水性領域の役割

○依田 真由美¹⁾, 三浦 隆史¹⁾, 竹内 英夫¹⁾

1)東北大院・薬

Role of the hydrophobic C-terminal region in lipid membrane-induced secondary structure formation of amyloid- β peptide

Mayumi Yoda, Takashi Miura, and Hideo Takeuchi. (Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Tohoku University)

2P049 T4 ファージロングテイルファイバー gp34 の C 末端欠損タンパク質の性状解析

○Sunanda donny¹⁾, 金丸 周司¹⁾, 有坂 文雄¹⁾

1)東工大院・生命理工・生物プロセス

characterization of the C-terminal-truncated mutant proteins of gp34, the proximal half tail fiber of bacteriophage T4

Donny Sunanda (1), Shuji Kanamaru (1) and Fumio Arisaka (1) (1. Dept. Bioengineering, Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Inst. of Tech.)

2P050 タキプレシン I の脂質ミセルとの相互作用

杉田 圭太郎¹⁾, ○神谷 昌克²⁾, 大久保 知行¹⁾, 上島 達郎²⁾, 島本 怜史¹⁾, 多々見 文恵²⁾, 相沢 智康¹⁾, 水口 峰之³⁾, 川畑 俊一郎⁴⁾, 出村 誠²⁾, 河野 敬一¹⁾

1)北大院・理 2)北大院・生命 3)富山大・薬 4)九大院・理

Structural analysis of Tachyplesin I with lipid micelles

Keitaro Sugita(1), Masakatsu Kamiya(2), Tomoyuki Ohkubo(1), Tatsuro Kamijima(2), Satoshi Shimamoto(1), Fumie Tatami(2), Tomoyasu Aizawa(1), Mineyuki Mizuguchi(3), Shun-ichiro Kawabata(4), Makoto Demura(2) and Keiichi Kawano(1). (1: Grad. Sch. of Sci., Hokkaido Univ.; 2: Grad. Sch. of Life Sci., Hokkaido Univ.; 3: Fac. of Pharmaceut. Sci., Toyama Univ.; 4: Dept. of Biol., Grad. Sch. of Sci., Kyushu Univ.)

2P051 DNA 結合タンデムドメイン STPR の DNA 結合構造の解析

○相沢 智康¹⁾, 齊藤 伸¹⁾, 横山 卓也¹⁾, 上島 達郎¹⁾, 神谷 昌克¹⁾, 熊木 康裕¹⁾, 滝谷 重治²⁾, 出村 誠¹⁾, 河野 敬一¹⁾

1) 北大院・理・生命理学 2) 北大・創成研

Structural properties of the DNA-bound form of a novel tandem repeat DNA-binding domain, STPR
Tomoyasu Aizawa (1), Shin Saito (1), Takuya Yokoyama (1), Tasturo Kamijima (1), Masakatsu Kamiya (1), Yasuhiro Kumaki (1), Sigeharu Takiya (2), Makoto Demura (1) and Keiichi Kawano (1). (1: Grad Sch of Sci, Hokkaido Univ; 2: Div of Genome Dynamics, CRIS, Hokkaido Univ)

2P052 プロリン、グリシン、アスパラギン、セリンおよびトレオニンを豊富に含むタンデムリピートのフレキシブルな構造

○松嶋 範男¹⁾, 熊木 康裕²⁾, 神谷 昌克²⁾, 吉田 等³⁾, 田中 剛範⁴⁾, 和泉 義信⁵⁾, クレッチンガー ロバート⁶⁾

1) 札幌医大・保健医療学部 2) 北大院・生命科学 3) 都立大・理 4) 理研 5) 山形大院・理工学 6) バージニア大学・生物

Flexible Structures of Proline-, Glycine-, Asparagine-, Serine-, and/or Threonine-rich Tandem Repeats in Proteins

Norio Matsushima (1), Yasuhiro Kumaki (2), Masakatsu Kamiya (2), Hitoshi Yoshida (3), Takanori Tanaka (4), Yoshinobu Izumi (5), and Robert H. Kretsinger (6) (1. Schl Health Sciences, Sapporo Medical Univ.; 2: Graduate Sch. Science, Hokkaido Univ.; 3: Tokyo Metropolitan Univ.; 4: Riken Genomic Science Center; 5: Graduate Sch. Science and Engineering, Yamagata Univ.; 6: Univ. Virginia, Dept. Biology)

2P053 ランジュバン動力学と構造-配列評価の併用によるタンパク質立体構造予測

○CETIN HIKMET¹⁾, 佐々木 尚¹⁾, 笹井 理生¹⁾

1) 名大院・工学・計算理工

Search for protein structures: Combined use of the Langevin dynamics and the class-sequence assessment

Department of Computational Science and Engineering, Nagoya University

2P054 HLA とエピトープ間の結合親和性に関する理論的及び生物化学的研究

○松尾 佑里¹⁾, 大出 裕高¹⁾, 廣橋 良彦²⁾, 鳥越 俊彦²⁾, 佐藤 昇志²⁾, 根矢 三郎¹⁾, 星野 忠次¹⁾

1) 千葉大院・薬 2) 札幌医大・医・病理

Theoretical and biochemical investigation on the binding affinity between HLAs and the epitopes

Yuri Matsuo (1), Ode Hirotsuka (1), Yoshihiko Hirohashi (2), Toshihiko Torigoe (2), Noriyuki Sato (2), Saburo Neya (1), Tyuji Hoshino (1). (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Chiba University; 2: Dept of Pathology, Sapporo Medical Univ School of Medicine)

2P055 ドッキングシミュレーションによる HIV-1 インテグラーゼ阻害活性を有するペプチドの分子設計

○藤 秀義^{1,2)}, 浦野 恵美子^{3,4)}, 巖 馬華³⁾, 中原 徹⁵⁾, 堤 浩⁵⁾, 濱武 牧子³⁾, 宮内 浩典³⁾, 森川 裕子⁴⁾, 玉村 啓和⁵⁾, 杉浦 互³⁾, 山本 直樹³⁾, 駒野 淳³⁾, 星野 忠次^{1,6)}

1) 千葉大院薬 2) 理研 GSC 3) 感染研 4) 北里大院感染制御 5) 東医歯大生材工研 6) 科技機構さきがけ

Rational design of peptides that inhibit HIV-1 integrase activity by docking simulation

Hideyoshi Fuji (1, 2), Emiko Urano (3, 4), Yan Hua (3), Toru Nakahara (5), Hiroshi Tsutsumi (5), Makiko Hamatake (3), Kosuke Miyauchi (3), Yuko Morikawa (4), Hirokazu Tamamura (5), Wataru Sugiura (3), Naoki Yamamoto (3), Jun Komano (3), and Tyuji Hoshino (1, 6). (1: Dept Phys Chem, Graduate School of Pharm Sciences, Chiba Univ; 2: High-Performance Mol Sim Team, Comput and Exp Systems Biol Group, GSC RIKEN; 3: AIDS Res Cent, Nat Inst Infect Dis; 4: Kitasato Inst of Life Sciences, Graduate School of Infect Control Sciences, Kitasato Univ; 5: Inst of Biomat and Bioengng, Tokyo Med and Dent Univ; 6: PRESTO, JST)

2P056 X線小角散乱及び分子動力学計算を用いた II 型制限酵素 Eco0109I の溶液中ダイナミクスと水和構造の解析

○荻口 友隆¹⁾, 佐藤 衛¹⁾, 池口 満徳¹⁾

1) 横浜市大院・国際総合科学

Dynamics and hydration structure of Eco109I studied by small-angle X-ray scattering experiment and molecular dynamics simulation

Tomotaka Oroguchi, Mamoru Sato, and Mitsunori Ikeguchi. (International Graduate School of Arts and Sciences, Yokohama City Univ)

2P057 CASSCF 法の電荷を用いた MM/PBSA ドッキング・シミュレーション. P450 camphor の反応部位特異性への応用

○島田 次郎¹⁾, 福西 広晃¹⁾, 高田 俊和²⁾

1) NEC ナノエレクトロニクス研 2) 理研

MM/PBSA Docking Simulation with CASSCF Charges. Application to Regio-specificity of P450

Camphor

Jiro Shimada (1), Hiroaki Fukunishi (2), Toshikazu Takada (3) (1: NEC Nano Electronics Res Lab; 2: Riken)

2P058 フラグメント分子軌道(FMO)法を用いた RAN 結合タンパク質 Pumilio の配列認識特異性に関する理論研究

○栗崎 以久男¹⁾, 福澤 薫²⁾, 中野 達也^{3,5)}, 望月 祐志^{4,5)}, 渡邊 博文^{5,6)}, 田中 成典^{5,6)}

1) 神戸大院・自然科学 2) みずほ情報総研 3) 国立衛研 4) 立教大・理 5) JST CREST 6) 神戸大院・人間発達環境

Theoretical study on the sequence specific recognition mechanism of Pumilio RNA-binding domain by Fragment Molecular Orbital (FMO) method

Ikuo Kurisaki(1), Kaori Fukuzawa(2), Tatsuya Nakano(3, 5), Yuji Mochizuki(4, 5), Hirofumi Watanabe(5, 6) and Shigenori Tanaka(5, 6). (1: Kobe University, Graduate School of Science and Technology, 2: Mizuho Information & Research Institute, 3: Division of Medicinal Safety Science, National Institute of Health Sciences, 4: Rikkyo University, Faculty of Science, 5: Japan Science and Technology Agency, CREST, 6: Kobe University Graduate School of Human Development and Environment)

2P059 タンパク質間相互相互作用のインターフェイス解析のためのプロファイル比較

○小田 浩之¹⁾, 佐藤 哲也²⁾, 太田 元規³⁾, 藤 博幸²⁾

1) 九大院・シス生 2) 九大・生医研 3) 東工大・学術国際情報

Comparison of Different Profiles for the Analysis of Interface of Protein-Protein Interaction

Hiroyuki Oda (1), Tetsuya Sato(2), Motonori Ota(3), Hiroyuki Toh(2) (1: Graduate School of Systems Life Sciences, Univ of Kyushu; 2: Mib, Kyushu Univ; 3: GSIC, Tokyo Tech)

2P060 タンパク質 AMP 結合部位の構造多様性

○岡本 恵¹⁾, 土屋 裕子¹⁾, 城田 松之¹⁾, 木下 賢吾^{1,2)}

1) 東大・医科研 2) SORST, 科技機構

Structural diversity of AMP binding sites in proteins

Megumi Okamoto (1), Yuko Tsuchiya (1), Matsuyuki Shirota (1) and Kengo Kinoshita (1, 2). (1: Inst. Med. Sci., Univ. of Tokyo; 2: SORST, JST)

2P061 分子動力学計算によるタンパク質のドメイン運動に関する研究

○近藤 寛子¹⁾, 末永 敦²⁾, 二木 紀行²⁾, 野内 涼子²⁾, 森本 元太郎²⁾, 大野 洋介²⁾, 藤 秀義³⁾, 沖本 憲明²⁾, 泰地 真弘人²⁾

1) 東大院・新領域・情報生命 2) 理研 GSC 高速分子シミュレーション研究チーム 3) 千葉大院薬

Investigation of Domain Motions in Proteins by Molecular Dynamics Simulations

Hiroko Kondo (1), Atsushi Suenaga (2), Noriyuki Futatsugi (2), Ryoko Yanai (2), Gentaro Morimoto (2), Yousuke Ohno (2), Hideyoshi Fuji (3), Noriaki Okimoto (2), Makoto Taiji (2). (1: Dept of Computational Biology, Graduate School of Frontier Sciences, Univ of Tokyo; 2: High-Performance Molecular Simulation Team, Computational and Experimental System Biology Group, Genomic Sciences Center, RIKEN; 3: Dept of Phys Chem, Graduate School of Pharm Sciences, Chiba Univ)

2P062 MD シミュレーションによる GFP 変異体のトラジェクトリ解析

○小林 貴幸¹⁾, 上岡 哲矢¹⁾, 朱田 梨恵¹⁾, 養王田 正文¹⁾, 黒田 裕¹⁾

1) 農工大・工・生命工

Trajectory analysis of GFP mutant by Molecular Dynamics Simulation

Takayuki Kobayashi (1), Tetsuya Kamioka (1), Rie Akada (1), Masahumi Yohda (1) and Yutaka Kuroda (1). (1: Dept of Biotech and Life Sci, Tokyo Univ of A & T)

2P063 機能の異なる天然変性蛋白質の比較解析

○石田 貴士¹⁾, 木下 賢吾^{1,2)}

1) 東大・医科研 2) SORST, JST

Comparative analysis among functionally different disordered protein regions

Takashi Ishida(1) and Kengo Kinoshita(1)(2). (1: Inst. Med. Sci., Univ. of Tokyo; 2: SORST, JST)

蛋白質 (物性 (安定性、折れ量みなど)) (Proteins— stability, folding, and other physicochemical properties)

2P064 1H-3-Hydroxy-4-oxoquinaldine 2,4-Dioxygenase の構造安定性

○神山 匡¹⁾, Guddorf Jessica²⁾, Albers Alexander²⁾, Fetzner Susanne²⁾, Hinz Hans-J.²⁾

1) 近大・理工 2) WWU Muenster, Germany

Stability and unfolding of 1H-3-Hydroxy-4-oxoquinaldine 2,4-Dioxygenase

Tadashi Kamiyama(1), Jessica Guddorf(2), Alexander Albers(3), Susanne Fetzner(3) and Hans-Jürgen Hinz(2). (1: Dept Chemistry, School of Science and Engineering, Univ of Kinki; 2: Inst Physikalische Chemie, WWU Münster, Germany; 3: Inst Molekulare Mikrobiologie und Biotechnologie, WWU Münster,

Germany)

2P065 高温細菌 *Hydrogenophilus thermoluteolus* 由来シトクロム *c* の安定化機構

○袴田 さやか^{1,2)}, 園山 貴文^{1,2)}, 三本木 至宏^{1,2)}

1) 広大院・生物圏 2) CREST・JST

Molecular Dissection for the Stability Mechanism of Cytochrome *c* from a Moderately Thermophilic Bacterium, *Hydrogenophilus thermoluteolus*

Sayaka Hakamada (1, 2), Takafumi Sonoyama (1, 2) and Yoshihiro Sambongi (1, 2). (1: Graduate School of Biosphere Science, Hiroshima University; 2: CREST of Japan Science and Technology Corporation)

2P066 150°C 近くに変性温度をもつ超好熱菌由来 CutA1 の熱安定性に果たす表面電荷残基の役割

○山本 等¹⁾, 松浦 祥悟¹⁾, 澤野 雅英¹⁾, 小笠原 京子²⁾, 加藤 悦子³⁾, Bagautdin Bagautdinov¹⁾, 国島 直樹¹⁾, 油谷 克英¹⁾

1) 理研・播磨 2) 阪大・蛋白研 3) 農業生物資源研

Role of surface charged residues in the thermostability of CutA1 from a hyperthermophile, with a denaturation temperature of nearly 150°C.

Hitoshi Yamamoto (1), Yoshinori Matsuura (1), Masahide Sawano (1), Kyoko Ogasahara (2), Etsuko Katoh (3), Bagautdin Bagautdinov (1), Naoki Kunishima (1) and Katsuhide Yutani (1). (1: RIKEN SPring-8 Center, Harima Institute; 2: Institute for Protein Research, Osaka Univ.; 3: National Institute of Agrobiological Sciences)

2P067 翻訳開始因子サブユニットの会合の熱力学的解析

○中木戸 誠¹⁾, 田中 良和¹⁾, 曾我部 正彰²⁾, 坂井 直樹²⁾, 姚 閔²⁾, 田中 勲²⁾, 津本 浩平¹⁾

1) 東大院・新領域 2) 北大院・生命

Thermodynamic analysis of the assembly of the α -, β -, γ -subunits of archaeal initiation factor 2

Makoto Nakakido (1), Yoshikazu Tanaka (1), Masaaki Sokabe (2), Naoki Sakai (2), Min Yao (2), Isao Tanaka (2), Kouhei Tsumoto (1). (1: Dept. of Med. Genome Sci., Grad. Sch. of Front. Sci., The Univ. of Tokyo; 2: Faculty of Adv. Life Sci., Hokkaido Univ)

2P068 イヌミルクリゾチームの物性解析に向けた安定化変異体の構築

○野中 康宏¹⁾, 秋枝 大介¹⁾, 神谷 昌克^{1,2)}, 相沢 智康^{1,2)}, 出村 誠^{1,2)}, 河野 敬一^{1,2)}

1) 北大院・理・生命理学 2) 北大院・生命科学

Construction of mutant canine milk lysozyme stabilized against degradation for physical analysis

Yasuhiro Nonaka (1), Daisuke Akiyeda (1), Masakatsu Kamiya (1, 2), Tomoyasu Aizawa (1, 2), Makoto Demura (1, 2) and Keiichi Kawano (1, 2). (1: Div. Biological Sciences, Grad. Sch. of Science, Hokkaido Univ.; 2: Div. Life Science, Grad. Sch. of Life Science, Hokkaido Univ.)

2P069 ジスルフィド結合を導入することによって高度に安定化した低温ショック相同蛋白質の熱力学的評価

○長谷川 葵¹⁾, 飯塚 一成¹⁾, 林(岩崎) 容子²⁾, 城所 俊一¹⁾

1) 長岡技科大・生物系 2) 共和化工株式会社・環境微生物学研究所

Thermodynamic evaluation of the highly stabilized cold shock protein homologue by introducing a disulfide bond

Aoi Hasegawa (1), Kazunari Iizuka (1), Yoko Hayashi-Iwasaki (2), Shun-ichi Kidokoro (1) (1: Department of Bioengineering, Nagaoka University of Technology; 2: Institute of Environmental Microbiology, Kyowa Kako Co., Ltd)

2P070 サルモネラ菌べん毛蛋白質輸送装置サブユニット FlhAc 温度感受性変異体の物理化学的測定

○島田 賢史¹⁾, 西條 由見子²⁾, 古川 進朗²⁾, 南野 徹^{1,2)}, 今田 勝巳^{1,2)}, 難波 啓一^{1,2)}

1) 阪大院 生命機能 2) Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST

Physicochemical analysis of TS-mutants of FlhAc, a subunit of the flagellar protein export apparatus of *Salmonella*

Masafumi Shimada (1), (2), Yumiko Saijo-Hamano (2), Yukio Furukawa (2), Tohru Minamino (1), (2), Katsumi Imada (1), (2), Keiichi Namba (1), (2), (1: Grad Sc Frontier Biosci, Osaka Univ; 2: Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST)

2P071 トランス-シクロヘキサジアンによるリボヌクレアーゼ A とリゾチームの加熱失活抑制: 静電力と疎水性力の役割

○平野 篤¹⁾, 浜田 寛之¹⁾, 白木 賢太郎¹⁾

1) 筑波大院・数理物質

Trans-cyclohexanediamine prevents thermal inactivation of ribonuclease A and lysozyme: Roles of electrostatic and hydrophobic forces.

Atsushi Hirano (1), Hiroyuki Hamada (1) and Kentaro Shiraki (1). (1: Inst. Appl. Phys., Univ. Tsukuba)

2P072 超好熱菌由来タンパク質 PCP-OSH の変性初期過程における構造のゆらぎの解明

○梅峯 太郎¹⁾, 飯村 哲史²⁾, 野田 康夫¹⁾, 油谷 克英³⁾, 瀬川 新一¹⁾

1) 関学大・理工 2) テキサス A&M 大・医学 3) 理研・播磨研

Structural fluctuations in the folded structure of PCP-OSH at the initial stage of unfolding

Taro Umezaki (1), Satoshi Iimura (2), Yasuo Noda (1), Katsuhide Yutani (3) and Shin-ichi Segawa (1). (1: Sch. Sci. & Tech., Kwansai Gakuin Univ; 2: Health Science Center., Texas A&M Univ; 3: RIKEN SPring-8 Center., Harima Inst)

2P073 超好熱菌由来ペプチジル tRNA 加水分解酵素 2 の結晶構造と熱安定性

○清水 勝美¹⁾, 国島 直樹¹⁾, 油谷 克英¹⁾

1) 理研播磨

Crystal structure and thermostability of peptidyl-tRNA hydrolase 2 from hyper-thermophilic archaea

Katsumi Shimizu, Naoki Kunishima, Katsuhide Yutani (RIKEN SPring-8 Center, Harima Institute)

2P074 Tk-RNase HII の安定性に果たすプロリン残基の役割

○東 亮吾¹⁾, 向山 厚¹⁾, 古賀 雄一¹⁾, 高野 和文^{1,2)}, 金谷 茂則¹⁾

1) 阪大院・工・生命先端 2) CREST, JST

The role of proline residues in the stability of Tk-RNase HII

Ryogo Higashi (1), Atsushi Mukaiyama (1), Yuichi Koga (1), Kazufumi Takano (1), (2), Shigenori Kanaya (1). (1: Dept. Mat. & Life Sci., Grad. Sch. Eng., Osaka Univ.; 2: CREST, JST)

2P075 超好熱菌由来蛋白質の安定性とフォールディングに及ぼす Osmolyte の効果

○高野 和文¹⁾, 向山 厚¹⁾, 古賀 雄一¹⁾, 金谷 茂則¹⁾

1) 阪大・院工

The Effect of an Osmolyte on the Stability and Folding of a Hyperthermophilic Protein

Kazufumi Takano (1), Atsushi Mukaiyama (1), Yuichi Koga (1), Shigenori Kanaya (1) 1: Dept Material and Life Science, Osaka Univ.

2P076 タンパク質圧力変性の分子機構

○原野 雄一¹⁾, 吉留 崇²⁾, 木下 まさひろ²⁾

1) 東工大・グローバルエッジ研究院 2) 京大・エネルギー理工

Molecular Mechanism of Pressure Denaturation

Yuichi Harano (1), Takashi Yoshidome (2), and Masahiro Kinoshita (2). (1: Global Edge Institute, Tokyo Institute of Technology; 2: Institute of Advanced Energy, Kyoto Univ)

2P077 タンパク質の等温圧縮率測定

○月向 邦彦¹⁾, 荒賀 麻里子²⁾, 神山 匡³⁾, 大前 英司¹⁾, 赤坂 一之²⁾

1) 広大院理 2) 近大生物理工 3) 近大理工

Measurements of isothermal compressibility of proteins

Kunihiko Gekko (1), Mariko Araga (2), Tadashi Kamiyama (3), Eiji Ohmae (1) and Kazuyuki Akasaka (2). (1: Graduate School of Science, Hiroshima Univ.; 2: Dept. Biotech. Sci., Kinki Univ.; 3: Dept. Chemistry, Kinki Univ.)

2P078 時分割 X 線小角散乱法によるバルナーゼの折り畳み中間体の研究

○小沼 剛¹⁾, 木村 哲就¹⁾, 松本 周三¹⁾, 後藤 祐児¹⁾, 藤澤 哲郎²⁾, 高橋 聡^{1,3)}

1) 阪大院・蛋白研 2) 岐阜大院・工学 3) CREST/JST

Time-resolved small angle x-ray scattering study on the burst phase intermediate in the folding of barnase

Tsuyoshi Konuma (1), Tetsunari Kimura (1), Shuzo Matsumoto (1), Yuji Goto (1), Tetsuro Fujisawa (2) and Satoshi Takahashi (1,3) (1: Institute for Protein Research, Osaka Univ; 2: Dept Biomol Sci, Graduate School of Engineering, Gifu Univ; 3: CREST/JST)

2P079 Denaturant-Induced Helix-Coil Transition Studied by X-Ray Scattering

○新庄 正路¹⁾, 加納 文昌²⁾, 清水 昭夫³⁾, 松村 義隆¹⁾, 木原 裕¹⁾

1) 関西医科大学 2) 昭和大学 3) 創価大学

Denaturant-Induced Helix-Coil Transition Studied by X-Ray Scattering

Masaji Shinjo (1), Fumiaki Kano (2), Akio Shimizu (3), Yoshitaka Matsumura (1) and Hiroshi Kihara (1) (1: Dept of Physics, Kansai Medical University; 2: Dept of Physics, Showa University; 3: Dept of Bioengineering, Faculty of Engineering, Soka University)

2P080 球状タンパク質の unfolding-refolding 過程における浸透圧の影響を X 線広角散乱法で解明

○陳 剛¹⁾, 小内 輝明¹⁾, 井上 勝晶²⁾, 平井 光博¹⁾

1) 群大院・工学 2) 高輝度光科学研究センター

Effect of Osmotic Pressure On Unfolding-Refolding of Globular Protein Clarified by Wide-Angle X-ray Scattering

Chen gang(1), Teruaki Onai(1), Katsuaki Inoue(2) and Mitsuhiro Hirai(1). (1: Graduate school of Engineering, Gunma University; 2: Japan synchrotron Radiation Reserch Institute)

2P081 「タンパク質による周囲の水分子の分極制御」を取りこんだ、ヘリックス-コイル転移機構の提案
○水野 和子¹⁾

1) 福井大院・工・生物応用化学

A new paradigm to study [Protein and Water]; A Protein has a specific ability to control the polarization of surrounding water

Kazuko Mizuno, Dep. Applied Chem. and Biotech., Graduate School of Engi. Univ. of Fukui

2P082 クラウディング環境での小分子添加剤を用いたタンパク質リフォールディング

○菅 俊幸¹⁾, 浜田 寛之¹⁾, 白木 賢太郎¹⁾

1) 筑波大院・数理物質

Comparative analysis of chemical chaperons on lysozyme refolding between crowded and diluted solutions.

Toshiyuki Kan (1), Hiroyuki Hamada (1) and Kentaro Shiraki (1). (1: Inst. Appl. Phys., Univ. Tsukuba)

2P083 Kinetic refolding of Fyn SH3

○松村 義隆¹⁾, Kim Seung Joong²⁾, Li Jinsong¹⁾, 新庄 正路¹⁾, Jin Xianju¹⁾, Dumont Charles²⁾, Guo Liang³⁾, Gruebele Martin^{2,4)}, 木原 裕¹⁾

1) 関西医大・物理 2) Dept Physics, Univ of Illinois 3) BioCAT at APS, BCPS Dept, Illinois Institute of Technology 4) Dept Chemistry, and Center for Biophysics and Computational Biology, Univ of Illinois

Kinetic refolding of Fyn SH3

Yoshitaka Matsumura (1), Seung Joong Kim (2), Jinsong Li (1), Masaji Shinjo (1), Xianju Jin (1), Charles Dumont (2), Liang Guo (3), Martin Gruebele (2, 4) and Hiroshi Kihara (1) (1: Dept Physics, Kansai Medical Univ; 2: Dept Physics, Univ of Illinois; 3: BioCAT at APS, BCPS Dept, Illinois Institute of Technology; 4: Dept of Chemistry & Center for Biophysics & Computational Biology, Univ of Illinois)

2P084 C末端欠損スタフィロコッカルヌクレアーゼが示す誘導折り畳み反応の分子メカニズム

○鬼塚 正義¹⁾, 上久保 裕生¹⁾, 山崎 洋一¹⁾, 片岡 幹雄¹⁾

1) 奈良先端大・物質創成

Molecular mechanism of induced-folding of C-terminal truncated staphylococcal nuclease

Masayoshi Onitsuka, Hironari Kamikubo, Yoichi Yamazaki and Mikio Kataoka (Graduate school of Materials and Science, Nara institute of Science and Technology)

2P085 水溶性セレン試薬を用いたリボヌクレアーゼ A の酸化リフォールディング経路における安定な 3S 中間体の観測

○熊倉 史雄¹⁾, 荒井 堅太¹⁾, 岩岡 道夫¹⁾

1) 東海大・理・化

Observation of stable 3S intermediates on the oxidative folding pathways of ribonuclease A by using a water-soluble selenium reagent

Fumio Kumakura, Kenta Arai, Michio Iwaoka. (Department of Chemistry, School of Science, Tokai University)

2P086 シトクロム c のモルテングロビュール状態の熱力学的研究

○中村 成芳¹⁾, 関 安孝¹⁾, 城所 俊一¹⁾

1) 長岡技科大・生物系

Thermodynamic study on the molten globule state of cytochrome c

Shigeyoshi Nakamura (1), Yasutaka Seki (1), Kunitsugu Soda (1) and Shun-ichi Kidokoro (1). (1: Dept. Bioengineer., Nagaoka Univ. Tech)

2P087 プロリン残基を含まないスタフィロコッカル・ヌクレアーゼ変異体のアンフォールディング転移の解析
中村 敬¹⁾, 槇 互介¹⁾, 桑島 邦博^{1,2)}

1) 岡崎統合バイオ 2) 総研大

Analysis of Unfolding Transition of a Proline-free Variant of Staphylococcal Nuclease

Takashi Nakamura (1), Kosuke Maki (1) and Kunihiro Kuwajima (1) (2). (1: Okazaki Institute for Integrative Bioscience; 2: Dept. Functional Molecular Science, The Graduate University for Advanced Studies)

2P088 ウマβ-ラクトグロブリンの近紫外部円二色性スペクトルに対する各チロシン残基の寄与

○金森 敬子¹⁾, 中川 香奈子¹⁾, 藤原 和夫¹⁾, 池口 雅道¹⁾

1) 創価大・工・生命情報

Contribution of each tyrosine residue to the near-UV circular dichroism spectrum of equine

β -lactoglobulin

Keiko Kanamori, Kanako Nakagawa, Kazuo Fujiwara, Masamichi Ikeguchi Dept. of Bioinfo., Soka Univ.

2P089 真空紫外 CD 分光法によるアルコール変性タンパク質の二次構造解析

○松尾 光一¹⁾, 桜田 芳恵²⁾, 月向 邦彦²⁾

1) 広大・放射光 2) 広大・院理

Secondary-Structure Analysis of Alcohol-Denatured Proteins by a Vacuum-Ultraviolet Circular Dichroism Spectroscopy

Koichi Matsuo(1), Yoshie Sakurada(2), and Kunihiko Gekko(2). (1:Synchrotron Radiation Center, ; 2:Graduate School of Science, Hiroshima University)

2P090 アラニン挿入変異が折れ畳み過程に及ぼす影響

○澤田 宏起¹⁾, 上久保 裕生¹⁾, 鬼塚 正義¹⁾, 山崎 洋一¹⁾, 片岡 幹雄¹⁾

1) 奈良先端大・物質

The effect of alanine insertion mutation for folding process

Hiroki Sawada, Hironari Kamikubo, Masayoshi Onitsuka, Yoichi Yamazaki and Mikio Kataoka. (Graduate school of Materials Science, Nara Institute of Science and Technology)

2P091 フラグメント化によるTIMバレルタンパク質のフォールディングコアの同定

○赤沼 哲史¹⁾, 山岸 明彦¹⁾

1) 東薬大・生命・分子生命

Fragmentation analysis to identify the folding core of a TIM-barrel protein

Satoshi Akanuma and Akihiko Yamagishi (Dept of Mol Biol, Tokyo Univ of Pharm and Life Sci)

2P092 β_2 -ミクログロブリンの酸変性と巻き戻り

○向山 厚¹⁾, 槇 互介¹⁾, 後藤 祐児²⁾, 桑島 邦博^{1,3)}

1) 岡崎・統合バイオ 2) 阪大・蛋白研、CREST3) 総研大

Equilibrium and kinetics of β_2 -Microglobulin from the acid-unfolded state

Atsushi Mukaiyama (1), Kosuke Maki (1), Yuji Goto (2) and Kunihiro Kuwajima (1,3). (1: Okazaki Institute for Integrative Bioscience, National Institutes of Natural Science; 2: Institute for Protein Research, and CREST; 3: Dept of Functional Molecular Science, The Graduate Univ for Advanced Studies)

2P093 水素/重水素交換 NMR 法によるヤギ α -ラクトアルブミンの天然及びモルテン・グロビュール状態の構造解析

○中村 敬¹⁾, 槇 互介¹⁾, 桑島 邦博^{1,2)}

1) 岡崎統合バイオ 2) 総研大

The Native and Molten Globule States of Goat α -Lactalbumin Characterized by the NMR Hydrogen-exchange Technique

Takashi Nakamura (1), Kosuke Maki (1) and Kunihiro Kuwajima(1)(2). (1:Okazaki Institute for Integrative Bioscience; 2:Dept. Functional Molecular Science, The Graduate University for Advanced Studies)

2P094 非平衡条件下の蛋白質一分子の折りたたみ軌跡の直接観察

○鎌形 清人^{1,2)}, 木下 雅仁¹⁾, 後藤 裕児¹⁾, 高橋 聡^{1,2)}

1) 阪大・蛋白研 2) CREST・JST

Direct observation of single-molecule trajectories of protein folding under non-equilibrium condition

Kiyoto Kamagata(1,2), Masahito Kinoshita(1), Yuji Goto(1) and Satoshi Takahashi(1,2) (1:Institute for Protein Research, Osaka University, 2:CREST&middledot;JST)

2P095 ジスルフィド結合により安定化されているウマ β ラクトグロブリンの中間体におけるヘリックス構造

○中川 香奈子¹⁾, 池口 雅道¹⁾

1) 創価大・工・生物工

A disulfide bond stabilizes the α -helices in the partially folded states of equine β -lactoglobulin

Kanako Nakagawa (1) and Masamichi Ikeguchi (1). (1: Dept Bioeng, Soka Univ)

2P096 構造を失ったリゾチーム 2SS 変異体に誘起される秩序構造

○徳永 直紀¹⁾, 吉田 篤史¹⁾, 野田 康夫¹⁾, 橋 秀樹²⁾, 瀬川 新一¹⁾

1) 関学大・理工 2) 神戸大・理

Ordered conformation induced in unstructured 2SS-variants of lysozyme

Naoki Tokunaga(1), Atsushi Yoshida(1), Yasuo Noda(1), Hideki Tachibana(2) & Shin-ichi Segawa(1). (1:Sch. Sci. & Tech., Kwansei Gakuin Univ.;2:Fac. Sci., Kobe Univ.)

2P097 リゾチームの1SS-、2SS-変異体のS-S結合再生反応のキネティクス

○松尾 和宏¹⁾, 野田 康夫¹⁾, 橋 秀樹²⁾, 瀬川 新一¹⁾

1) 関学大・理工 2) 神戸大・理

Kinetic studies of disulfide regeneration of 1SS- or 2SS-variants of lysozyme

Kazuhiro Matsuo(1), Yasuo Noda(1), Hideki Tachibana(2) and Shin-ichi Segawa(1). (1: School of Sci. and Tech., Kwasei Gakuin University; 2: Faculty of Science, Kobe University)

2P098 リゾチーム 1SS 変異体の部分秩序構造形成に対するグリセロールの影響

○村上 周作¹⁾, 徳永 直紀¹⁾, 野田 康夫¹⁾, 橋 秀樹²⁾, 瀬川 新一¹⁾

1) 関学大・理工 2) 神戸大・理

Effects of glycerol on the formation of partially ordered structures in 1SS-variants of lysozyme

Shusaku Murakami(1), Naoki Tokunaga(1), Yasuo Noda(1), Hideki Tachibana(2), and Shin-ichi Segawa(1) (1: School of Sci. & Tech., Kwasei Gakuin University; 2: Faculty of Science, Kobe University)

2P099 真空紫外CD分光法によるジスルフィド結合除去リゾチームの二次構造解析

○渡部 秀典¹⁾, 松尾 光一²⁾, 楯 真一¹⁾, 橋 秀樹³⁾, 月向 邦彦¹⁾

1) 広島大・院理 2) 広島大・放射光 3) 神戸大・理・生物

Secondary-Structure Analysis of Disulfide-Deleted Lysozyme by VUVCD Spectroscopy

Hidenori Watanabe(1), Koichi Matsuo(2), Shin-ichi Tate(1), Hideki Tachibana(3), Kunihiro Gekko(1) (1: Graduate School of Science, 2: Synchrotron Radiation Center, Hiroshima Univ.; 3: Department of Biology, Graduate School of Science, Kobe Univ.)

2P100 高速混合によるアポミオグロビン折り畳み初期収縮の観察

○辰巳 哲馬¹⁾, 木下 雅仁¹⁾, 後藤 祐児¹⁾, 高橋 聡^{1,2)}

1) 阪大・蛋白研 2) CREST/JST

Observation of the initial collapse in apomyoglobin folding by ultra-rapid mixing

Tetsuma Tatsumi (1), Masahito Kinoshita (1), Yuji Goto (1), Satoshi Takahashi (1), (2). (1: Institute for Protein Research, Osaka University; 2: CREST/JST)

2P101 タイチン I27 ドメインのメカニカルアンフォールディングに対する温度の影響

○谷口 幸範¹⁾, 川上 勝¹⁾

1) 北陸先端大・マテリアル

Influence of temperature on mechanical unfolding of titin I27 domain

Yukinori Taniguchi and Masaru Kawakami (School of Materials Science, Japan Advanced Institute of Science and Technology)

2P102 Equilibrium intermediate and transient intermediate of src SH3 and its mutant

Jin Xianju¹⁾, Li Jinsong¹⁾, 松村 義隆¹⁾, 新庄 正路¹⁾, 笠井 恒希²⁾, 下高原 櫻子³⁾, 木原 裕¹⁾

1) 関西医大 2) 明星大・理工 3) 東薬大・薬

Equilibrium intermediate and transient intermediate of src SH3 and its mutant

Xianju Jin(1), Jinsong Li(1), Yoshitaka Matsumura(1), Masaji Shinjo(1), Kouki Kasai(2), Sakurako Shimotakahara(3) and Hiroshi Kihara(1)

2P103 分子シャペロン GroEL/ES は BFP のフォールディング経路を速度論的だけでなく構造的にも変化させる

○元島 史尋¹⁾, 阪後 公善¹⁾, 吉田 賢右¹⁾

1) 東工大・資源化学研究所

Molecular chaperone GroEL/ES change the folding pathway of breen fluorescent protein (BFP) kinetically and structurally.

Fumihito Motojima and Masasuke Yoshida (Chemical Resources Laboratory, Tokyo Tech)

2P104 蛋白質の折り畳み運動を観測するための一分子測定手法の開発

○木下 雅仁¹⁾, 鎌形 清人^{1,2)}, 前田 晃央¹⁾, 後藤 祐児^{1,3)}, 小松崎 民樹^{2,3)}, 高橋 聡^{1,3)}

1) 阪大・蛋白研 2) CREST・JST 3) 神戸大・理

Development of a technique for the investigation of folding dynamics of single proteins for extended time periods

Masahito Kinoshita(1), Kiyoto Kamagata(1,2), Akio Maeda(1), Yuji Goto(1,2), Tamiki Komatsuzaki(2,3), and Satoshi Takahashi(1,2). (1: Inst. Protein. Res.; 2: CREST, JST; 3: Dept of Earth and Planetary Science, Faculty of Science, Kobe University)

2P105 分子動力学シミュレーションによる staphylococcal protein A の B domain のフォールディング機構の研究

○西 謙一郎¹⁾, 寺田 透²⁾, 清水 謙多郎¹⁾

1) 東大・院農・応生工 2) 東大・院農・生命情報ユニット

Folding simulation of the B-domain of staphylococcal protein A

Kenichiro Nishi, Tohru Terada, Kentaro Shimizu (Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo)

2P106 フォールディングシミュレーションにおける generalized Born モデルの比較

○寺田 透¹⁾, 清水 謙多郎^{1,2)}

1) 東大・院農・生命情報ユニット 2) 東大・院農・応生工

Comparison of generalized Born models in folding simulations

Tohru Terada, Kentaro Shimizu (Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo)

2P107 タンパク質フォールディングのエネルギー地形とネットワーク：マルチカノニカル・フラグメントアセンブリシミュレーション

○堀 直人¹⁾, 高田 彰二^{1,2)}

1) 神戸大院・自然 2) 京大・理

Network and energy landscape of a folding protein revealed by multicanonical fragment assembly simulations

Naoto Horii (1) and Shoji Takada(1,2). (1: Graduate School of Science and Technology, Kobe University; 2: Faculty of Science, Kyoto University)

2P108 非平衡状態にあるタンパク質の構造を特徴付ける有効温度

○中川 尚子¹⁾

1) 茨城大・理

Conformational Temperature Characterizing the Folding of a Protein

Naoko Nakagawa (College of Science, Ibaraki Univ)

2P109 構造予測ツールを用いたカルモジュリンの構造変化についての研究

○南 慎太郎¹⁾, 千見寺 浄慈¹⁾

1) 名大院・工・計算理工

Conformational changes of calmodulin studied by structure prediction toolbox

Shintaro Minami (1), George Chikenji (1). (1: Dept Computational biology and Engineering, Graduate School of Engineering, Univ of Nagoya)

2P110 マルチカノニカル分子動力学を用いた $\beta\beta\alpha$ フォールドを持つミニ・タンパク質 FSD-EY のフォールディング機構の研究

○古田 忠臣¹⁾, 寺田 透¹⁾

1) 東大・院農・生命情報ユニット

Study of the folding mechanism of a mini-protein FSD-EY with a $\beta\beta\alpha$ fold by the multicanonical molecular dynamics

Tadaomi Furuta (1), and Tohru Terada (1) (1: Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo)

2P111 1 分子計測および MD シミュレーションによるタンパク質アンフォールディングの確率的経路と複数の中間状態の検出

○深川 暁宏¹⁾, 廣島 通夫²⁾, 桑島 邦博³⁾, 徳永 万喜洋^{1,2,4)}

1) 遺伝研 2) 免疫センター・理研 3) 岡崎統合バイオ 4) 総研大

Stochastic pathways and multiple intermediates of protein unfolding detected by single molecule measurements and MD simulation

Akihiro Fukagawa (1), Michio Hiroshima (2), Kunihiro Kuwajima (3) and Makio Tokunaga (1, 2, 4) (1: Structural Biology Center, National Institute of Genetics; 2: Research Center for Allergy and Immunology, RIKEN; 3: Department of Strategic Methodology, Okazaki Institute for Integrative Bioscience; 4: Department of Genetics, The Graduate University for Advanced Studies)

2P112 ボランティアコンピューティングによるタンパク質フォールディングシミュレーション

○安藤 格士¹⁾, 小林 直記²⁾, 武田 正之²⁾, 山登 一郎¹⁾

1) 東理大・基礎工・生物工 2) 東理大・理工・情報科学

Protein Folding Simulation on Volunteer Computing

Tadashi Ando (1), Naoki Kobayashi (2), Masayuki Takeda (2), and Ichiro Yamato (1). (1: Department of Biological Science and Technology, Tokyo University of Science; 2: Department of Information Sciences, Tokyo University of Science)

2P113 徐冷分子動力学法に基づく低誘電率中での Gramicidin A のフォールディング・シミュレーション

○森 貴治¹⁾, 岡本 祐幸¹⁾

1) 名大院・理

Simulated Annealing Molecular Dynamics Simulations of Gramicidin A in the Low-Dielectric Environment

Takaharu Mori and Yuko Okamoto (Dept of Physics, Graduate School of Science, Nagoya Univ.)

2P114 蛋白質フォールディングの解析的モデル

○鈴木 陽子¹⁾, Onuchic N. Jose²⁾

1) 明星大・理工 2) UCSD

Analytical Model for Protein Folding

Yoko Suzuki(1), and Jose N. Onuchic(2). (1: Dept of Physics, School of Science and Engineering, Meisei Univ.; 2: Center for Theoretical Biological Physics and Dept of Physics, Univ. of California at San Diego)

2P115 フォールディングの安定性とキネティクスにおけるアミノ酸残基の役割—3次元格子タンパク質に統計力学モデルを適用して—

○安部 晴男¹⁾, 輪湖 博²⁾

1) 西日本工大・教養 2) 早大・社会科学

Statistical mechanical analyses of roles of individual amino acid residues in stability and kinetics of folding of 3D lattice proteins

Haruo Abe (1), Hiroshi Wako (2). (1: Dept. of Natural Sci., Nishinippon Inst. of Tech.; 2: Sch. of Social Sci., Waseda Univ.)

分子モーター (Molecular motors)

2P116 AFMで捉えたミオシン分子の柔軟性

○谷口 美恵子¹⁾, 平野 智子¹⁾, 鈴木 繁仁¹⁾, 山根 隆¹⁾

1) 名大院 工学部 生物機能

Conformational flexibility of myosin measured by atomic force microscopy

Mieko Taniguchi(1), Tomoko Hirano(1), Shigehito Suzuki(1) and Takashi Yamane(1): Department of Biotechnology and Biomaterial Chemistry, Graduate School of Engineering, Nagoya Univ.)

2P117 電子分光クライオ電子顕微鏡法による unconventional myosins の解析

○藤原 真悟¹⁾, 狩野 要介¹⁾, 佐藤 治²⁾, 本間 和明²⁾, 池辺 礼子²⁾, 池辺 光男²⁾, 安永 卓生¹⁾

1) 九工大院 情報工学研究科 情報科学専攻 2) Univ. of Massachusetts Medical School

Analysis of unconventional myosins by spectroscopic electron cryo-microscopy.

Shingo Fujiwara(1), Yousuke Kano(1), Osamu Sato(2), Kazuaki Honma(2), Reiko Ikebe(2), Mitsuo Ikebe(2), Takuo Yasunaga(1). (1: Department of Bioscience & Bioinformatics, Graduate School of Computer Science & Systems Engineering, Kyushu Institute of Technology; 2: Univ. of Massachusetts Medical School)

2P118 アクチン D-loop に加えた変化がミオシンとの相互作用に及ぼす影響

○久保田 寛顕¹⁾, 大木 高志¹⁾, 石渡 信一¹⁾

1) 早大・理工・物理

Effects of modification of D-loop of actin on the interaction with myosin

Hiroaki Kubota, Takashi Ohki, and Shin'ichi Ishiwata. (Department of Physics, Faculty of Science and Engineering, Waseda University)

2P119 アゾベンゼン含有高分子表面の格子構造を用いた細胞骨格フィラメントの運動方向制御

○井川 泰爾¹⁾, 塩澤 真人¹⁾, 成田 麻美子¹⁾, 毛利 誠¹⁾, 星野 文彦¹⁾, 渡辺 修¹⁾, 若園 佳彦²⁾, 寺川 進²⁾, 枝松 正樹³⁾, 豊島 陽子³⁾

1) 豊田中研 2) 浜松医大・光量子 3) 東大院・生命環境

Controlled movement of cytoskeletal filaments by the grooved surface of a polymer containing azobenzenes

Taiji Ikawa (1), Masahito Shiozawa (1), Mamiko Narita (1), Makoto Mouri (1), Fumihiko Hoshino (1), Osamu Watanabe (1), Yoshihiko Wakazono (2), Susumu Terakawa (2), Masaki Edamatsu (3) and Yoko Toyoshima (3). (1: Toyota Central R&D Labs., Inc.; 2: Photon Medical Research Center, Hamamatsu Univ School of Medicine; 3: Dept Life Sci, Graduate School of Arts and Sciences, The Univ of Tokyo)

2P120 アクチン滑り運動中のミオシン頭部コンフォメーションの解析

○片山 栄作¹⁾, 木森 義隆¹⁾, 上田 太郎²⁾

1) 東大・医科研・分子構造解析 2) 産総研・セルエンジニアリング

Further characterization of the configuration of actin-attached myosin-crossbridges during in vitro sliding

Eisaku Katayama (1), Yoshitaka Kimor (1) and Taro Q.P. Uyeda (2) (1 Div. Biomolecular Imaging, Institute of Medical Science, The Univ of Tokyo, 2 Div. Cell Engineering, Advanced Institute of Science and Technology)

2P121 ミオシンフィラメント上の計測により見えてきた骨格筋ミオシン1分子の力学特性

○茅 元司¹⁾, 樋口 秀男¹⁾

1) 東北大 先進医工 2) 東北大 先進医工

Mechanical properties of a single skeletal myosin revealed by measurement of force / step of

individual myosins assembled into filaments

Motoshi Kaya (1) and Hideo Higuchi (1). (1: Biomedical Engineering Research Organization, Tohoku Univ)

2P122 アクト-S1 キメラ蛋白質フィラメントとミオシンとの相互作用

○和沢 鉄一^{1,2)}, Md. Shahjahan P. Siddique²⁾, 宮崎 崇^{1,2)}, 片山 栄作³⁾, 上田 太郎⁴⁾, 鈴木 誠^{1,2)}

1) 科技振・CREST 2) 東北大院・工・マテリアル 3) 東大院・医科研 4) 産総研・セルエンジニアリング

Interaction of myosin with the filament of acto-S1 chimera protein

Tetsuichi Wazawa (1, 2), Md. Shahjahan P. Siddique (2), Takashi Miyazaki (1, 2), Eisaku Katayama (3), Taro Q. P. Uyeda (4) and Makoto Suzuki (1, 2). (1: CREST, JST; 2: Dept of Materials Processing, Graduate School of Engineering, Tohoku Univ; 3: Institute of Medical Science, Univ of Tokyo; 4: Research Institute for Cell Engineering, AIST)

2P123 ミオシン Va の ATPase 活性と運動活性の相関について

○岩根 敦子^{1,2)}, 西川 正俊²⁾, 小森 智貴²⁾, 三室 孝子³⁾, 有賀 隆行²⁾, 柳田 敏雄^{1,2,3)}

1) Dept. Phys., Grad. Sch. of Medicine, Osaka Univ. 2) Lab. for Nanobiology, Grad. Sch. of Frontier, Osaka Univ. 3) Soft nano, CREST, JST

Relationship between actin-activated ATPase activity and motility of Myosin Va.

Atsuko H. Iwane (1) (2), Masatoshi Nishikawa (2), Tomotaka Komori (2), Takako Mimuro (3), Takayuki Ariga (2) and Toshio Yanagida (1) (2) (3)

2P124 単頭ミオシン V による力学-化学反応カップリングの直接計測

○小森 智貴¹⁾, 西川 宗²⁾, 有賀 隆行¹⁾, 岩根 敦子²⁾, 柳田 敏雄¹⁾

1) 阪大院 生命機能 2) 阪大院 医学系研究科

Direct observation of mechanochemical coupling in single-headed myosin V

Tomotaka Komori (1), So Nishikawa (2), Takayuki Ariga (1), Atsuko H. Iwane (2) and Toshio Yanagida (1). (1: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University, 2: Dept of Physiology and Biosignaling, Graduate School of Medicine, Osaka Univ)

2P125 ミオシン 5 の高速 1 分子イメージング

○西川 宗¹⁾, 須河 光弘¹⁾, 上野 博史²⁾, 岩根 敦子¹⁾, 柳田 敏雄¹⁾

1) 阪大院・生命機能 2) 阪大・産業科学研究所

Single myosin V tracking with improved time resolution

So Nishikawa (1), Mitsuhiro Sugawa (1), Hiroshi Ueno (2), Atsuko H. Iwane (1) and Toshio Yanagida (1). (1: Frontier Biosciences, Osaka Univ.; 2: ISIR, Osaka Univ.)

2P126 連続移動中の双頭ミオシン 5 のメカノケミカルカップリングの同時観察

○須河 光弘¹⁾, 西川 宗¹⁾, 岩根 敦子¹⁾, 柳田 敏雄¹⁾

1) 阪大院・生命機能

Simultaneous observation of individual mechanochemical events of myosin V during processive 36 nm steps

Mitsuhiro Sugawa (1), So Nishikawa (1), Atsuko Iwane (1) and Toshio Yanagida (1). (1: Graduate School of Frontier Biosciences, Univ of Osaka)

2P127 ミオシン V の 36 nm ステップに伴う 2 つの 90° 回転

○小森 靖則^{1,2)}, 岩根 敦子^{1,3)}, 柳田 敏雄^{1,2,3)}

1) 阪大院・生命機能・ナノ生体科学 2) 科学技術振興機構・CREST・ソフトナノマシン 3) 阪大院・医学系・情報生理

Two Brownian 90° Rotations of Myosin-V during 36 nm-Step

Yasunori Komori (1, 2), Atsuko H. Iwane (1, 3), Toshio Yanagida (1, 2, 3). (1: Laboratories for Nanobiology, Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka Univ.; 2: Formation of Soft Nano-Machines, CREST JST; 3: Dept Physiology and Biosignaling, Graduate School of Medicine, Osaka Univ.)

2P128 レバーアームを用いないミオシン V の運動機構

○齊藤 優太¹⁾, 名倉 直希¹⁾, 田中 祐介¹⁾, 安藤 敏夫^{1,2)}

1) 金沢大院・自然科学・数物科学 2) JST/CREST

Myosin V S1 tethered at its head can propel actin filaments movement

Yuta Saito (1), Naoki Nagura (1), Yusuke Tanaka (1) and Toshio Ando (1, 2). (1: Dept. of Physics, Kanazawa Univ.; 2: JST/CREST)

2P129 ミオシン V のカルシウム調節

○田中 慎一郎¹⁾, 小出 博史¹⁾, 表 冴子¹⁾, 安藤 敏夫^{1,2)}

1) 金沢大院・自然科学研究科 2) CREST/JST

Calcium regulation of Myosin V

Shin'ichiro Tanaka(1), Hiroshi Koide(1), Saeko Omote(1) and Toshio Ando(1) (2) (1: Department of physics, Kanazawa University; 2: CREST/JST)

2P130 Dynamic cooperative binding of myosin V on actin filament

○小塚 淳^{1,2)}, 石井 由晴²⁾, 柳田 敏雄^{1,2)}

1) 阪大院・生命機能 2) JST

Dynamic cooperative binding of myosin V on actin filament

Jun Kozuka(1, 2), Yoshiharu Ishii(2) and Toshio Yanagida(1, 2) (1: Soft Biosystem Group, Laboratories for Nanobiology, Graduate School of Frontier Biosciences, University of Osaka; 2: Formation of Soft Nanomachines, Core Research for Evolution Science and Technology, Japan Science and Technology Agency)

2P131 吊られたアクチンフィラメント上の束縛されないミオシンVの運動の直接観察

○田島 勇治¹⁾, 城口 克之²⁾, 木下 一彦²⁾

1) 早大院・先進理工・物理応物 2) 早大・先進理工・物理応物

Direct observation of unconstrained motion of myosin V on a suspended actin filament

Yuji Tajima (1), Katsuyuki Shiroguchi (1) and Kazuhiko Kinoshita Jr. (1). (1: Dept Physics, Graduate School of Science and Engineering, Waseda University)

2P132 ミオシンVにおけるADP解離の負荷方向角度依存性

○小口 祐伴¹⁾, Mikhailenko Sergey V.¹⁾, 大木 高志¹⁾, Olivares Adrian O.²⁾, De La Cruz Enrique M.²⁾, 石渡 信一¹⁾

1) 早大・理工・物理 2) Yale 大・分子生物&生化学

Angular dependence of ADP dissociation kinetics in myosin V under directional loading

Yusuke Oguchi (1), Sergey V. Mikhailenko (1), Takashi Ohki (1), Adrian O. Olivares (2), Enrique M. De La Cruz (2), and Shin'ichi Ishiwata (1). (1: Department of Physics, Faculty of Science & Engineering, Waseda University, Tokyo, Japan.; 2: Molecular Biophysics & Biochemistry Department, Yale University, New Haven USA.

2P133 頭部を基板に固定したミオシンV-S1でのアクチン滑り運動

○名倉 直希¹⁾, 斉藤 優太¹⁾, 田中 祐介¹⁾, 安藤 敏夫^{1,2)}

1) 金沢大院・自然科学・数物科学 2) JST/CREST

Actin gliding over myosin V S1 tethered on a glass surface at the head domain

Naoki Nagura(1), Yuta Saito(1), Yusuke Tanaka(1) and Toshio Ando(1,2). (1: Dept. of Physics, Kanazawa Univ.; 2: JST/CREST)

2P134 高速AFMによるアクトミオシンVの動態観察

○古寺 哲幸^{1,2)}, 山本 大輔^{1,2)}, 安藤 敏夫^{1,2)}

1) 金沢大院・自然科学 2) JST・CREST

Structural dynamics of acto-myosin V revealed by high-speed AFM

Noriyuki Kodera (1, 2), Daisuke Yamamoto (1, 2), and Toshio Ando (1, 2). (1: Dept Physics, Kanazawa Univ.; 2: JST/CREST)

2P135 逆方向に動くミオシンV・ミオシンVIは、連続的な運動において、同様に両足を協調する

○Mikhailenko Sergey¹⁾, 小口 祐伴¹⁾, 大木 高志¹⁾, Olivares Adrian O.²⁾, DeLaCruz Enrique M.²⁾, 石渡 信一¹⁾

1) 早大・理工・物理 2) Yale 大・分子生物&生化学

Two heads of the oppositely directed myosins V and VI are similarly coordinated during processive stepping

Sergey V. Mikhailenko (1), Yusuke Oguchi (1), Takashi Ohki (1), Adrian O. Olivares (2), Enrique M. De La Cruz (2), and Shin'ichi Ishiwata (1). (1: Dept Physics, Faculty of Science and Engineering, Waseda Univ; 2: Molecular Biophysics & Biochemistry Dept, Yale Univ, USA)

2P136 高速スキャン実験によって明らかにされたミオシンのアクチンに対する張力依存的な結合

○岩城 光宏¹⁾, 岩根 敦子²⁾, 柳田 敏雄¹⁾

1) 阪大院・生命機能 2) 阪大院・医学系・生体生理

Strain-dependent strong binding of myosin to actin revealed by high-speed scanning experiment

Mitsuhiro Iwaki (1), Atsuko H. Iwane (2) and Toshio Yanagida (1). (1: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka Univ.; 2: Graduate School of Medicine, Osaka Univ.)

2P137 ミオシン分子モーターの運動モデル (1分子と多分子システムでの相互作用距離に注目して)

○田中 裕人¹⁾, 石島 秋彦²⁾

1) 科技振・さきがけ 2) 東北大・多元研

Mathematical model of myosin motor focused on interaction length of single myosin (stepsize) and

multiple myosin system (sliding distance)

Hiroto Tanaka (1) and Akihiko Ishijima (2). (1:PRESTO, JST; 2:IMRAM, Tohoku University)

2P138 単頭ミオシンとミオシンフィラメントの運動を矛盾なく記述する理論を目指して

○佐藤 美和¹⁾, 佐々木 一夫¹⁾

1)東北大院・工・応物

Toward a consistent theory of myosin: from single motor molecules to myosin filaments

Miwa Sato(1) and Kazuo Sasaki(1). (1:Department of Applied Physics, Tohoku University)

2P139 タイトカップルな要素によるルースカップルな現象

○増田 正¹⁾

1)東医歯大院・疾患生命

Loose coupling phenomena produced by tightly coupled elements

Tadashi Masuda (1). (1:Dept Biosystem Modeling, School of Biomedical Science, Tokyo Medical and Dental University)

2P140 アクチンフィラメント上のミオシン頭部のバイアス運動への疎水および静電相互作用の寄与

○寺田 智樹¹⁾, 笹井 理生^{1,2)}

1)名大・院工・計算理工 2)CREST-JST

Contribution of hydrophobic and electrostatic interactions in the biased motion of myosin head along actin filament

Tomoki P. Terada (1) and Masaki Sasai (1, 2). (1: Dept Computational Science and Engineering, Grad Sch of Engineering, Nagoya Univ; 2: CREST-JST)

2P141 アクトミオシン滑り運動のゆらぎ解析によるエネルギー変換機構について

○西川 正俊¹⁾, 高木 拓明^{1,2)}, 岩根 敦子¹⁾, 柳田 敏雄¹⁾

1)阪大院・生命機能 2)奈良医大・物理

Fluctuation analysis of actomyosin sliding movement and mechanochemical coupling

Masatoshi Nishikawa(1), Hiroaki Takagi(2), Atsuko H. Iwane(1), Toshio Yanagida(1) (1: Graduate School of Frontier BioSciences, Osaka Univ.; 2: Department of Physics, Nara Medical University)

2P142 結合型ラチェットモデルにおいて双安定性が輸送性に与える影響

○下川 哲也¹⁾

1)阪大院・生命

The effect of the bistability on the transport properties in the elastically coupled Brownian ratchet model

Tetsuya Shimokawa (Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University)

2P143 Flashing Ratchet Model を用いた分子モーターのエネルギー効率における粒子数依存性の解析

○毛利 一成¹⁾, 下川 哲也²⁾

1)京大院・化研・バイオインフォマティクスセンター 2)阪大・生命機能・ナノ生体科学

Effect of the Number of Molecules on the Energetic Efficiency in Molecular Motors using the Flashing Ratchet Model

Kazunari Mouri (1), Tetsuya Shimokawa (2). (1: Bioinformatics Center, Institute for Chemical Research., Kyoto University; 2: Graduate School of Frontier Biosciences., Osaka University)

2P144 拡張された郷-like モデルによるモータータンパク質の構造変化

○榎崎 博生^{1,2)}, 笹井 理生^{1,2)}

1)JST-CREST2)名大院・工学・計算理工

Conformational change of motor proteins described by extended Go-like model

Hiroo Kenzaki (1, 2) and Masaki Sasai (1, 2). (1:JST-CREST, 2:Graduate School of Engineering, Nagoya University)

2P145 分子動力学シミュレーションによるモータータンパク質 KIF1A の運動機構の解析

○桑田 豪志¹⁾, 岡崎 圭一²⁾, 巽 理恵³⁾, 古賀 信康³⁾, 高田 彰二³⁾

1)神戸大・理学系 2)神戸大・自然科学系 3)京都大・理学系

Mechanical principle of the motor protein KIF1A studied by molecular dynamics simulation

Takeshi Kuwata(1), Kei-ichi Okazaki(2), Rie Tatsumi(3), Nobuyasu Koga(3), Shoji Takada(3). (1:Kobe univ. graduate school of science; 2: Kobe univ. graduate school of science and technology; 3: Kyoto univ. graduate school of science)

2P146 分子モーターの processivity と消費エネルギーについての理論的研究

○土山 典子¹⁾, 原田 崇広¹⁾

1)福井大・工

Theoretical study of processivity and energetics of molecular motors

Noriko Tsuchiyama and Takahiro Harada. (Department of Human and Artificial Intelligent Systems,

University of Fukui)

2P147 X線小角散乱を用いた新規イネキネシンK16の構造変化の解析

○久保 優子¹⁾, 山田 正文¹⁾, 杉本 泰伸²⁾, 若林 克三²⁾, 丸田 晋策¹⁾

1)創価大院・工・生命工 2)阪大院・基礎工

Analysis of Conformational Change of Novel Rice Kinesin K16 Using Small Angle X-ray Solution Scattering

Yuko Kubo (1), Masafumi D. Yamada (1), Yasunobu Sugimoto(2), Katsuzo Wakabayashi (2) & Shinsaku Maruta (1). (1: Div of Bioinformatics, Graduate School of Engineering, Soka Univ; 2: Div of Biophysical Engineering, Graduate School of Engineering Science, Osaka Univ.)

2P148 結晶構造解析で明らかになったイネキネシンK16のネックリンカーの特徴的コンホメーション

○丸田 晋策¹⁾, 梅木 伸久²⁾, 三ツ井 敏明³⁾, 藤本 瑞⁴⁾

1)創価大院・工・生物工学 2)マサチューセッツ大・医・生理 3)新潟大院・自然科学・生物圏科学 4)農業生物資源研・生体高分子

Crystallographic analysis of the rice kinesin K16 reveals a novel conformation of neck-linker

Shinsaku Maruta (1), Nobuhisa Umeki (2), Toshiaki Mitsui (3) and Zui Fujimoto (4). (1: Division of Bioengineering, Graduate School of Bioengineering, Soka Univ.; 2: Department of Physiology, University of Massachusetts Medical Center; 3: 2Group of Plant and Microbial Genome Controls, Graduate School of Science and Technology, Niigata Univ; 4: Department of Biochem, National Institute of Agrobiological Sciences)

2P149 弾性ネットワークの非線形緩和現象と分子モーターの構造変化

○富樫 祐一¹⁾, 上田 昌宏¹⁾, Mikhailov Alexander S.²⁾, 柳田 敏雄¹⁾

1)阪大院・生命機能 2)Fritz-Haber-Inst. der MPG

Nonlinear Relaxation in Elastic Networks and Conformational Motion of Molecular Motors: A Comparative Study

Yuichi Togashi (1), Masahiro Ueda (1), Alexander S. Mikhailov (2) and Toshio Yanagida (1). (1: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka Univ.; 2: Fritz Haber Inst. of the Max Planck Society)

2P150 スピンラベル ESR でわかる微小管に結合したキネシンのループL11の動的構造

山田 正文²⁾, 近藤 和典²⁾, 前田 正勝²⁾, 丸田 晋策²⁾, ○荒田 敏昭¹⁾

1)阪大院・理・生物科学 2)創価大・工・生命情報工

Conformational Dynamics of Loop L11 in Kinesin on Microtubule Measured by Site-Directed Spin Labeling Electron Paramagnetic Resonance

Masafumi Yamada (2), Kazunori Kondo (2), Hidekatsu Maeda (2), Shinsaku Maruta (2) and Toshiaki Arata (1). (1:Dept Biol. Science, Graduate School of Science, Osaka Univ; 2:Dept Bioinformatics, Graduate School of Technology, Soka Univ.)

2P151 異なるヌクレオチド状態における分子モーターKIF1Aの構造揺らぎ

○金田 亮^{1,2)}, 高城 史子^{1,3)}, 菊池 誠^{1,3,4,5)}

1)阪大サイバー 2)京大・理 3)JST CREST 4)阪大・理 5)阪大生命機能

Structural fluctuations of molecular motor KIF1A in different nucleotide states

Ryo Kanada (1,2), Fumiko Takagi (1, 3) and Makoto Kikuchi (1, 3, 4, 5). (1: Cybermedia Center, Osaka Univ.; 2: Dept. of Biophys., Kyoto Univ.; 3: JST CREST; 4: Dept. of Phys., Osaka Univ.; 5: Grad. Sch. of Frontier Bioscience, Osaka Univ.)

2P152 微小管におけるキネシンとの相互作用部位のマッピング

○内村 誠一¹⁾, 小口 祐伴²⁾, 石渡 信一²⁾, 武藤 悦子¹⁾

1)理研・BSI 2)早大院・理工

Mapping of kinesin-interaction sites on microtubule

Seiichi Uchimura (1), Yusuke Oguchi (2), Shin'ichi Ishiwata (2) and Etsuko Muto (1) (1: Brain Science Institute, RIKEN, 2: School of Science and Engineering, Waseda University)

2P153 蛍光標識 ATP アナログを用いた新規イネキネシンK16のATPase kinetic pathway の観察

○土田 雅子¹⁾, 山田 正文²⁾, 吉村 栄子¹⁾, 近藤 和典¹⁾, 丸田 晋策^{1,2)}

1)創価大・工・生命工 2)創価大院・工・生物工

Monitoring the ATPase kinetic pathway of the novel rice kinesin K16 using fluorescent ATP analogue

Tsuchida, M(1), Yamada, M(2), Yoshimura, E(1), Kondo, K(1), and Maruta, S(1), (2) (1: Department of Bioinformatics, Soka University; 2: Department of Bioengineering, Graduate school of Engineering, Soka University)

2P154 蛍光標識 ATP アナログを用いたイネキネシン012の生化学的解析

○梅津 のぞみ¹⁾, 梅木 伸久²⁾, 近藤 和典³⁾, 三ツ井 敏明⁴⁾, 丸田 晋策^{1,3)}

1)創価大院・工学系・生物工 2)Dep. of Phys., UMMS 3)創価大・工学系・生命情報工 4)新潟大院・自然科

学系・生物圏科

Biochemical analysis of the Rice Kinesin O12 using Fluorescent-ATP Analogue

Nozomi Umezu (1), Nobuhisa Umeki (2), Kazunori Kondo (3), Toshiaki Mitsui (4) and Shinsaku Maruta (1, 3). (1:Division of Bioengineering, Graduate School of Engineering, Soka University; 2:Department of Physiology, University of Massachusetts Medical school; 3:Department of Bioinformatics, Faculty of Engineering, Soka University; 4:Laboratories of Plant and Microbial Genome Control, Graduate School of Science and Technology, Niigata University)

2P155 運動中のキネシンのステップ方向の二次元観察

○宮蘭 侑也¹⁾, 多田隈 尚史¹⁾, 菊池 径史¹⁾, 野口 裕雅¹⁾, 山田 辰也¹⁾, 中島 理子¹⁾, 富重 道雄¹⁾

1) 東大院・工学系・物理工学

Two-dimensional observation of stepping motion of single kinesin molecules along microtubule

Yuya Miyazono (1), Hisashi Tadakuma (1), Keishi Kikuchi (1), Hiromasa Noguchi (1), Tatsuya Yamada (1), Michiko Nakajima (1) and Michio Tomishige (1). (1:Dept of Applied Physics school of engineering, Univ of Tokyo)

2P156 一分子 FRET 法によるキネシン二量体の ATP 結合待ち構造の解析

○森 徹平¹⁾, Vale D. Ronald²⁾, 富重 道雄¹⁾

1) 東大院・工学系・物理工学 2) UCSF・HHMI

Configuration of kinesin dimer during ATP-waiting state probed by single molecule FRET

Tepei Mori (1), Ronald D. Vale (2), Michio Tomishige (1). (1: Dept Applied Physics, Univ of Tokyo; 2:HHMI and Dept of Cellular and Molecular Pharmacology, Univ of California)

2P157 単頭キネシンによる微小管の並進・回転運動機構の研究

○矢島 潤一郎^{1,2)}, 政池 知子¹⁾, 西坂 崇之¹⁾, Robert. A Cross²⁾

1) 学習院・物理 2) Marie Curie Research Institute

Microtubule sliding and rotation driven by multiple single-headed rat kinesins

Junichiro Yajima (1, 2), Tomoko Masaike (1), Takayuki Nishizaka (1) and Robert. A Cross (2). (1:Dept Physics, Gakushuin Univ, 2:Molecular Motors, Marie Curie Research Institute)

2P158 2分子を連結させたキネシン複合体の協調的運動の観察

○小橋川 翔太¹⁾, 森 徹平¹⁾, 富重 道雄¹⁾

1) 東大院・工・物理工学

Coordinated processive movement of cross-linked two kinesin dimers

Shota Kobashigawa, Tepei Mori, Michio Tomishige Dept. of Applied Physics, School of Engineering, Univ. of Tokyo

2P159 3次元光ピンセットによるバネ定数の計測

○寺島 勲¹⁾, 矢島 潤一郎¹⁾, 水谷 佳奈¹⁾, 政池 知子¹⁾, 西坂 崇之¹⁾

1) 学習院大・理・物理

Measurement of three-dimensional trap stiffness in optical tweezers

Isao Terashima (1), Junichiro Yajima (1), Kana Mizutani (1), Tomoko Masaike (1) & Takayuki Nishizaka (1) (1:Dept Phys, Gakushuin Univ)

2P160 再構成キネシン繊維上での微小管滑り運動の方向と速度

田場 登志希¹⁾, 枝松 正樹²⁾, 鳥羽 葉²⁾, ○今福 泰浩¹⁾, 豊島 陽子²⁾, 太和田 勝久¹⁾, 山田 章³⁾

1) 九大院・理・生物 2) 東大院・総合文化・生命 3) 情報通信研・未来 ICT 研究センター

Direction and speed of microtubule moving along kinesin motors arranged on catchin thick filaments

Toshiki Taba (1), Masaki Edamatsu (2), Shiori Toba (2), Yasuhiro Imafuku (1), Yoko Yano Toyoshima (2), Katsuhisa Tawada (1), and Akira Yamada (3). (1: Department of Biology, Graduate School of Sciences, Kyushu University; 2: Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, University of Tokyo; 3: Kobe Advanced ICT Research Center, National Institute of Information and Communications Technology)

2P161 キネシンによる微小管の動的自己組織化 -ATP 駆動型アクチュエーターを目指して-

○川村 隆三¹⁾, 角五 彰¹⁾, 古川 英光¹⁾, ゴン チェンピン¹⁾, 長田 義仁²⁾

1) 北大院理 2) 理研

Dynamic self-assembly of microtubule complex by kinesin toward ATP-fueled actuator-

Ryuzo Kawamura (1), Akira Kakugo (1), Hidemitsu Furukawa (1), JianPing Gong (1), Yoshihito Osada (2) (1:Division of Biological Sci, Graduate School of Science, Hokkaido University; 2:RIKEN)

2P162 フォトクロミック分子を利用したキネシン ATPase 活性の光制御

○山田 正文¹⁾, 中島 由希¹⁾, 前田 英勝¹⁾, 丸田 晋策¹⁾

1)創大院・工学・生物工学

Photo-control of kinesin ATPase using photochromic compound.

Masafumi D. Yamada, Yuki Nakajima, Hidekatsu Maeda & Shinsaku Maruta, (Divi. of Bioeng., Grad. Sch. of Eng., Soka Univ.)

2P163 光制御を目的とした二架反応性フォトクロミック分子を用いた分子モーターキネシンの分子間架橋

○小林 英一¹⁾, 山田 正文²⁾, 伊藤 真人²⁾, 丸田 晋策²⁾

1)創価大院・工・生命工 2)創価大院・工・生物工

Cross linking of kinesin using bifunctional photochromic compounds results in photo-regulation of ATPase activity

Eiichi Kobayashi(1), Masafumi D. Yamada(2), Masato Ito(2) and Shinsaku Maruta(2) (1:Div Bioinfo, Graduate School of Engineering, Soka University; 2: Div Bioeng, Graduate School of Engineering, Soka University)

2P164 マイナス端方向性キネシン Ncd の運動連続性について

○古田 健也¹⁾, 豊島 陽子¹⁾

1)東大院・総合文化・生命

Processive movement of minus-end-directed motor Ncd

Ken'ya Furuta and Yoko Y. Toyoshima. (Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences., The University of Tokyo)

2P165 ncd コイルドコイル・ストークドメインのヌクレオチド依存的な熱安定性変化の FRET 計測

○牧野 司^{1,2)}, 富重 道雄²⁾, 田之倉 優¹⁾

1)東大院・農生科・応生化 2)東大院・工学系・物工

Nucleotide-dependent changes in the stability of the ncd coiled-coil stalk domain as monitored by FRET

Tsukasa Makino (1) (2), Michio Tomishige (2) and Masaru Tanokura (1). (1:Department of Applied Biological Chemistry, Graduate School of Agriculture and Life Sciences, Univ. of Tokyo; 2:Department of Applied Physics, School of Engineering, Univ. of Tokyo)

2P166 真核生物ベン毛軸糸内のラセン構造

○上村 慎治¹⁾, 岩本 裕之²⁾

1)東大・総合文化・生命環境 2)SPring8・JASRI

Helical arrangement of axonemal components in sea-urchin sperm flagella revealed by small-angle X-ray diffraction analysis

Shinji Kamimura (1) and Hiroyuki Iwamoto (2) (1:Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, Univ of Tokyo; 2: Life and Environmental Division, SPring-8, JASRI)

2P167 X線繊維回折により捉えた鞭毛軸糸の構造変化

○鳥羽 栞¹⁾, 岩本 裕之²⁾, 榊原 斉¹⁾, 大岩 和弘^{1,3)}

1)情報通信研究機構 バイオ ICT グループ 2)高輝度光科学研究センター SPring-8 3)兵庫県立大学 生命理学研究科

Conformational changes of flagellar axonemes of *Chlamydomonas* studied by x-ray fiber diffraction analysis

Shiori Toba¹, Hiroyuki Iwamoto², Hitoshi Sakakibara¹, Kazuhiro Oiwa^{1,3} (1.Kobe Advanced ICT Research Center, National Institute of Information and Communications Technology 2. Research and Utilization Division, Japan Synchrotron Radiation Research Institute, SPring-8 3. Graduate School of Life Science, University of Hyogo)

2P168 ダイニン外腕 γ 重鎖を欠失した新規クラミドモナス変異株の単離と解析

○劉 中美¹⁾, 高崎 寛子²⁾, 中澤 友紀¹⁾, 八木 俊樹¹⁾, 安永 卓夫²⁾, 神谷 律¹⁾

1)東大院・理学系・生物科学・分子生理 2)九工大院・情報工・生命情報工

A *Chlamydomonas* Outer Arm Dynein Mutant with a Truncated Gamma Heavy Chain

Zhongmei Liu(1), Hiroko Takazaki(2), Yuuki Nakazawa(1), Toshiki Yagi(1), Takuo Yasunaga (2), and Ritsu Kamiya(1). (1:Department of biological sciences, Univ of Tokyo; 2:Department of Bioscience and bioinformatic, Kyushu Institute of Technology)

2P169 3つのクラミドモナス外腕ダイニン重鎖の位置と向きと構造

○高崎 寛子¹⁾, 劉 中美²⁾, 神谷 律²⁾, 安永 卓生¹⁾

1)九工大院・情報工・情報科学・生命情報 2)東大院・理学系・生物科学・分子生理

Localization, Alignment and Structure of Three *Chlamydomonas* Outer Arm Heavy Chains

Hiroko Takazaki (1), Zhongmei Liu (2), Ritsu Kamiya (2), Takuo Yasunaga (1). (1:Department of Bioscience and Bioinformatics, Graduate School of Computer Science and Systems Engineering, Kyushu Institute of Technology; 2:Department of Biological Sciences, Graduate School of Sciences,

University of Tokyo)

2P170 ダイニン・微小管複合体の構造学的研究

○上野 裕則¹⁾, 安永 卓生²⁾, 真行寺 千佳子³⁾, 廣瀬 恵子¹⁾

1)産総研・セル・生体運動 2)九工大・情報工・生命情報工 3)東大院・理学系

Structural analysis of outer arm dynein molecules bound to microtubules

Hironori Ueno (1), Takuo Yasunaga (2), Chikako Shingyoji (3) and Keiko Hirose (1). (1:Research Institute for Cell Engineering, AIST; 2:Department of Biochemical Engineering and Science, Kyushu Institute of Technology; 3:Department of Biological Sciences, Graduate School of Science, University of Tokyo)

2P171 クライオ電子顕微鏡法によるダイニン-微小管複合体の三次元構造決定

○成田 哲博^{1,2)}, 水野 直子³⁾, 吉川 雅英⁴⁾, 前田 雄一郎^{1,2,5)}

1)ERATO 前田アクチンプロジェクト 2)理研播磨 3)NIAMS4)京大院理学 5)名大院理学

Molecular determination by electron microscopy of the dynein-microtubule complex structure

Akihiro Narita (1,2), Naoko Mizuno (3), Masahide Kikkawa (4), Yuichiro Maeda (1,2,5) (1:ERATO MAEDA actin project, 2: Riken Harima, 3: National Institute of arthritis and musculoskeletal and skin diseases, 4:Graduate School of Science, Kyoto Univ., 5: Graduate School of Science, Nagoya Univ.)

2P172 クラミドモナス鞭毛の内腕ダイニン f (I1) の力学特性

○小谷 則遠¹⁾, 榊原 斉²⁾, 小嶋 寛明²⁾, 大岩 和弘^{1,2)}

1)兵庫県大院・生命理学 2)情報通信研究機構・未来 ICT

Mechanical properties of inner dynrin-f (dynein I1) studied with in vitro motility assays

Norito Kotani (1), Hitoshi Sakakibara(2), Hiroaki Kojima(2), and Kazuhiro Oiwa(1, 2) (1: Graduate School of Life Science, Univ of Hyogo; 2: Kobe Advanced Reserch Center, National Institute of Information Technology)

2P173 クラミドモナス ダイニン I1 (ダイニン f) 2 個の重鎖は異なる特性を持つ

鳥羽 栞¹⁾, Fox Laura A.²⁾, 大岩 和弘¹⁾, Porter Mary E.³⁾, Sale Winfield S.²⁾, 榊原 斉¹⁾

1)情報通信研究機構、KARC2)エモリー大 3)ミネソタ大

Distinct Properties of the 1 α and 1 β Heavy Chains of the Inner-Arm Dynein I1 of *Chlamydomonas* Flagella

Shiori Toba (1), Laura A. Fox (2), Kazuhiro Oiwa (1), Mary E. Porter (3), Winfield S. Sale (2) and Hitoshi Sakakibara (1). (1:Kobe Advanced ICT Research Center, National Institute of Information and Communications Technology; 2:Cell Biology, Emory University School of Medicine; 3:Genetics, Cell Biology and Development, University of Minnesota)

2P174 クラミドモナス鞭毛における 3 種類の新規内腕ダイニン重鎖の同定

○八木 俊樹^{1,2)}, 神谷 律¹⁾

1)東大・院理・生物科学 2)京大・院理・構造生物

Identification of three minor inner-arm dynein heavy chains in *Chlamydomonas* flagella

Toshiki Yagi (1), (2) and Ritsu Kamiya (1). (1: Dept Biological Sciences, Graduate School of Science, Univ of Tokyo; 2: Dept Biological Science, Graduate School of Science, Kyoto Univ)

2P175 新しい標識導入法によるクラミドモナス外腕ダイニンの in vitro 運動解析

○大川 茜¹⁾, 八木 俊樹²⁾, 神谷 律¹⁾

1)東大・院理・生物科学 2)京大・院理

Motile Properties of *Chlamydomonas* Outer Arm Dynein Studied Using a Novel Labeling Method

Akane Okawa (1), Toshiki Yagi (2) and Ritsu Kamiya (1). (1: Dept. Biological Sciences, Graduate School of Science, Univ of Tokyo; 2: Graduate School of Science, Univ. Kyoto)

2P176 溶液灌流による外力存在下でのクラミドモナス軸糸内腕ダイニンによる微小管滑走速度の変化

○菊島 健児¹⁾, 神谷 律¹⁾

1)東大・院理・生物科学

Effects of external flow on the velocity of in vitro microtubule translocation driven by *Chlamydomonas* inner-arm dyneins

Kenji Kikushima and Ritsu Kamiya. (Dept of Biological Sciences, Graduate School of Science, Univ of Tokyo)

2P177 単頭ダイニン 2 分子による連続的運動中の個々の分子の寄与

○HoaAnh Nguyen¹⁾, 茅 元司¹⁾, 昆 隆英²⁾, 須藤 和夫²⁾, 樋口 秀男¹⁾

1)Biomedical Engineering Research Organization, Tohoku University2)Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, University of Tokyo

The contribution of individual dynein head to the processive movement generated by two single

headed dynein

HoaAnh Nguyen(1), Motoshi Kaya(1), Takahide Kon(2), Kazuo Sutoh(2) and Hideo Higuchi(1). (1: Biomedical Engineering Research Organization, Tohoku University; 2: Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, University of Tokyo)

細胞生物的課題(接着・運動・骨格・伝達・膜) (Cell biological problems— adhesion, motility, cytoskeleton, signaling, and membrane)

2P178 サルモネラ菌 mot 変異株のべん毛モーター回転における細胞内 pH の影響

○中村 修^{1,2)}, 南野 徹^{1,2)}, 上池 伸徳²⁾, 難波 啓一^{1,2)}

1) 阪大院・生命機能 2) JST・ICORP・超分子ナノマシン

Effect of Intracellular pH on Flagellar Motor Rotation of *Salmonella* Slow Motile Mutants

Shuichi Nakamura(1,2), Tohru Minamino(1,2), Nobunori Kami-ike(2), and Keiichi Namba(1,2) (1: Graduate School of Frontier Bioscience, Osaka University; 2: Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST)

2P179 遊泳中のビブリオ菌べん毛の非線形的変形

西鳥羽 恵美¹⁾, 曲山 幸生²⁾, ○工藤 成史¹⁾

1) 桐蔭横浜大・工 2) 食総研

Nonlinear deformation of flagellar helix of *Vibrio alginolyticus* during swimming

M. Nishitoba (1), Y. Magariyama (2), and S. Kudo (1). (1: Toin Univ. of Yokohama; 2: NFRI)

2P180 重合前のフラジェリンの conformation の解析

○古川 進朗¹⁾, 松波 秀之¹⁾, Fadel Samatey A³⁾, 難波 啓一^{1,2)}

1) 科学技術振興機構, ICORP, JST 2) 阪大院・生命機能 3) 沖縄科学技術研究基盤整備機構

Analysis of the conformation of flagellin before filament formation

Yukio Furukawa(1), Hideyuki Matsunami(1), Samatey A. Fadel(3) and Keiichi Namba(1,2). (1: Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST; 2: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University; 3: Okinawa Institute of Science & Technology)

2P181 Crystallization trial of the bacterial flagellar rod proteins

○西條 由見子¹⁾, 松波 秀行¹⁾, 難波 啓一^{1,2)}

1) JST・ICORP・超分子ナノマシン 2) 阪大院・生命機能

Crystallization trial of the bacterial flagellar rod proteins

Yumiko Saijo-Hamano(1), Hideyuki Matsunami(1), Keiichi Namba(1)(2) (1: Grad Sc Frontier Biosci, Osaka Univ; 2: Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST)

2P182 サルモネラ菌由来べん毛分泌型シャペロンの結晶化と予備的 X 線結晶構造解析

○松波 秀行¹⁾, Fadel A. Samatey^{1,3)}, 長島 重広¹⁾, 今田 勝巳^{1,2)}, 難波 啓一^{1,2)}

1) JST・ICORP・超分子ナノマシン 2) 阪大院・生命機能・プロトニックナノマシン 3) (独) 沖縄科学技術研究基盤整備機構

Crystallization and preliminary X-ray Analysis of *Salmonella* FlgA, a periplasmic chaperone for flagellar P-ring assembly

Hideyuki Matsunami (1), Fadel A. Samatey (1,3), Shigehiro Nagashima (1), Katsumi Imada (1, 2) and Keiichi Namba (1, 2). (1: Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST; 2: Grad. Sch. Frontier. Biosci., Osaka Univ; 3: Okinawa Institute of Science and Technology)

2P183 サルモネラ菌べん毛タイプ III 輸送装置構成蛋白質 FliJ の性質と結晶化

○伊吹 達也^{1,2)}, 島田 賢史^{1,2)}, 南野 徹^{1,2)}, 今田 勝巳^{1,2)}, 難波 啓一^{1,2)}

1) 阪大院・生命機能 2) JST・ICORP・超分子ナノマシン

Characterization and crystallization of FliJ, a cytoplasmic component of the flagellar type III protein export apparatus of *Salmonella*.

Tatsuya Ibuki(1, 2), Masafumi Shimada(1, 2), Tohru Minamino(1, 2), Katsumi Imada(1, 2) and Keiichi Namba(1, 2). (Grad. Sch. of Frontier Biosci., Osaka Univ. .1, Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST2)

2P184 サルモネラ菌べん毛ロッドキャップ蛋白質 FlgJ の結晶化と予備的 X 線構造解析

○菊地 祐希¹⁾, 松波 秀行²⁾, 山根 みどり¹⁾, 今田 勝巳^{1,2)}, 難波 啓一^{1,2)}

1) 阪大院・生命機能 2) JST・ICORP・超分子ナノマシン

Crystallization and preliminary X-ray analysis of *Salmonella* FlgJ, a putative flagellar rod cap protein

Yuki Kikuchi (1), Hideyuki Matsunami (2), Midori Yamane (1), Katsumi Imada (1,2) and Keiichi Namba (1,2). (1: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University, 2: Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST)

2P185 双方向及び一方向回転型べん毛モータースイッチタンパク質 FliM のクローニング及び機能解析

○小嶋 勝¹⁾, 篠原 将志¹⁾, 本間 道夫¹⁾, 川岸 郁朗^{1,2)}

1) 名大・院理・生命理学 2) 現所属: 法政大・工学・生命機能学

Cloning and characterization of bidirectional and unidirectional flagellar motor switch protein FliM
Masaru Kojima(1), Masashi Shinohara(1), Michio Homma(1) and Ikuro Kawagishi(1), (2). (1:Div of Bio Sci, Graduate School of Science, Nagoya Univ; 2:Present address: Dept of Frontier Bioscience & Micro-Nano Technology Research Center, Hosei Univ)

2P186 べん毛3型蛋白質輸送装置のATPase, FliI における触媒部位の変異の影響

○風谷 謙一¹⁾, 南野 徹^{1,2)}, 加藤 貴之²⁾, 難波 啓一^{1,2)}

1) 阪大院・生命機能 2) JST・ICORP・超分子ナノマシン

Effect of catalytic mutation on FliI, the ATPase component of the flagellar type III protein export apparatus

Ken-ichi Kazetani(1), Tohru Minamino(2), Takayuki Kato(2) and Keiichi Namba(1), (2) (1:Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University; 2:ICORP Dynamic Nanomachine, JST)

2P187 ナトリウム駆動型べん毛モーターのCリング付き基体精製の試み

○小池 雅文¹⁾, 小嶋 誠司¹⁾, 本間 道夫¹⁾

1) 名大院・理・生命理

Initial attempt to purify the hook-basal body with C-ring from the Na⁺-driven flagellar motor

Masafumi Koike (1), Seiji Kojima (1) and Michio Homma (1). (1:Division of Biological Science, Graduate School of Science, Nagoya University)

2P188 共役イオン依存的なナトリウムイオン駆動型べん毛モーターの固定子複合体の集合

○和田 智之¹⁾, 福岡 創²⁾, 小嶋 誠司¹⁾, 石島 秋彦²⁾, 本間 道夫¹⁾

1) 名大院・理・生命理 2) 東北大院・生命科学・分子生命

Assembly of the stator complex of Na⁺-driven flagellar motor dependent on coupling ion

Tomoyuki Wada(1), Hajime Fukuoka(2), Seiji Kojima(1), Akihiko Ishijima(2), Michio Homma(1) (1:Division of Biological Science, Graduate School of Biological Science, Nagoya University; 2:Institute of Multidisciplinary Research for Advanced Materials, Tohoku University)

2P189 ナトリウムイオン駆動型べん毛モーター固定子タンパク質 PomA のC末端荷電アミノ酸残基の役割の解析

○小原 円¹⁾, 薬師 寿治²⁾, 小嶋 誠司¹⁾, 本間 道夫¹⁾

1) 名大院・理・生命理学 2) 信大・農・応生

Characterization of charged residues in the C-terminal region of PomA, a stator component of the Na⁺-driven flagellar motor

Madoka Obara(1), Toshiharu Yakushi(2), Seiji Kojima(1) and Michio Homma(1). (1:Div of Biol Sci, Graduate School of Science, Nagoya Univ; 2:Dept of Biosci And Biotech, Faculty of Agriculture, Shinshu Univ)

2P190 細菌べん毛モーター固定子タンパク質 MotB のベリプラズム側断片の精製と結晶化

○小嶋 誠司^{1,2)}, 佐久間 麻由子¹⁾, 須藤 雄気¹⁾, 児嶋 長次郎³⁾, 南野 徹^{2,4)}, 今田 勝巳^{2,4)}, 難波 啓一^{2,4)}, 本間 道夫¹⁾

1) 名大院・理・生命理学 2) JST・ICORP・超分子ナノマシン 3) 奈良先端大・バイオ 4) 阪大院・生命機能

Purification and crystallization of periplasmic fragments of MotB, a stator component of the bacterial flagellar motor

Seiji Kojima (1,2), Mayuko Sakuma (1), Yuki Sudo (1), Chojiro Kojima (3), Tohru Minamino (2,4), Katsumi Imada (2,4), Keiichi Namba (2,4) and Homma Michio (1). (1: Division of Biological Science, Graduate school of Science, Nagoya Univ.; 2:Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST; 3:Graduate school of Biological Sciences, Nara Institute of Science and Technology; 4:Graduate school of Frontier Biosciences, Osaka Univ.

2P191 バクテリアべん毛蛋白質輸送におけるFliI ATPaseとプロトン駆動力の役割

○南野 徹^{1,2)}, 難波 啓一^{1,2)}

1) 阪大院・生命機能 2) JST・ICORP・超分子ナノマシン

Distinct roles of the ATPase and proton motive force in bacterial flagellar protein export

1: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka Univ.; 2: Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST

2P192 べん毛蛋白質輸送装置の輸送基質特異性の適切な切り替えにおけるFliKN (フック長制御蛋白質FliKのN末ドメイン)の役割

○守屋 奈緒^{1,2)}, 南野 徹^{1,3)}, 難波 啓一^{1,3)}

1) 阪大院・生命機能 2) 学振・特別研究員 DC3) JST、ICORP、超分子ナノマシン

Role of the N-terminal domain of the hook-length control protein FliK in timely switching of export

substrate specificity

Nao Moriya (1, 2), Tohru Minamino (1, 3) and Keiichi Namba (1, 3). (1: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University; 2: JSPS Research Fellow DC; 3: Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST)

2P193 大腸菌べん毛モーターPリングタンパク質 FlgI と固定子タンパク質 MotB 間の架橋

○檜作 洋平¹⁾, 小嶋 誠司¹⁾, 薬師 寿治²⁾, 川岸 郁朗³⁾, 本間 道夫¹⁾

1)名大・院理・生命 2)信州大・農・応用生命 3)法政大・工・生命機能

Cross-link between the P-ring component FlgI and the stator component MotB of the flagellar motor of *Escherichia coli*

Yohei Hizukuri (1), Seiji Kojima (1), Toshiharu Yakushi (2), Ikuro Kawagishi (3) and Michio Homma (1).

(1: Div of Biol Sci, Grad Sch of Sci, Nagoya Univ; 2: Dept of Biosci and Biotech, Faculty of Agriculture, Shinshu Univ; 3: Dept of Frontier Biosci, Faculty of Engineering, Hosei Univ)

2P194 無細胞タンパク質合成を用いた膜への細菌べん毛モーター固定子タンパク質の再構成

○寺島 浩行¹⁾, 小嶋 誠司¹⁾, 本間 道夫¹⁾

1)名大院・理・生命

Reconstitution of stator proteins of the bacterial flagellar motor in membrane using cell-free protein synthesis system

Hiroyuki Terashima, Seiji Kojima and Michio Homma. (Division of Biological Science, Graduate School of Science, Nagoya University)

2P195 Na⁺駆動型鞭毛モーター固定子複合体、PomA/PomB の FTIR 解析

○須藤 雄気¹⁾, 北出 祐也²⁾, 古谷 祐詞²⁾, 小嶋 勝¹⁾, 小嶋 誠司¹⁾, 神取 秀樹²⁾, 本間 道夫¹⁾

1)名大・院理・生命 2)名工大・院工・物質工学

FTIR analysis of the PomA/PomB stator complex of sodium-driven flagellar motor

Yuki Sudo (1), Yuya Kitade (2), Yuji Furutani (2), Masaru Kojima (1), Seiji Kojima (1), Hideki Kandori (2) and Michio Homma (1). (1:Div. of Biol. Sci., Grad. Sch. of Sci., Nagoya Univ.; 2:Dept. of Mat. Sci. & Eng., Nagoya Inst. of Tech.)

2P196 *Vibrio alginolyticus* 極べん毛の形成位置と本数を制御する FlhF の GTP 結合モチーフの機能解析

○楠本 晃子¹⁾, 小嶋 誠司¹⁾, 本間 道夫¹⁾

1)名大院・理・生命理学専攻

Mutational analysis of GTP-binding motif in FlhF which regulates the placement and number of the polar flagellum in *Vibrio alginolyticus*

Akiko Kusumoto, Seiji Kojima and Michio Homma. (Div. of Biological Science., Grad. Sch. of Science., Nagoya Univ.)

2P197 細胞性粘菌における走電性運動の解析

○高木 拓明¹⁾, 佐藤 雅之²⁾, 柳田 敏雄²⁾, 上田 昌宏²⁾

1)奈良医大・物理 2)阪大院・生命機能

Analysis of electrotactic movement in *Dictyostelium* cells

Hiroaki Takagi (1), Masayuki J. Sato (2), Toshio Yanagida (2) and Masahiro Ueda (2). (1: Dept Physics, Nara Med Univ; 2: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka Univ)

2P198 振動する電気シグナルの細胞運動への影響

○佐藤 雅之¹⁾, 柳田 敏雄¹⁾, 上田 昌宏¹⁾

1)阪大院・生命機能

Effects of oscillating electric signals on cell movements

Masayuki J. Sato (1), Toshio Yanagida (1) and Masahiro Ueda (1). (1: Laboratories for Nanobiology, Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University)

2P199 走電性時の細胞性粘菌における PI3 キナーゼとグラニル酸シクラーゼ依存情報伝達経路の細胞内ダイナミクス

○高山 愛理¹⁾, 佐藤 雅之¹⁾, 新井 由之¹⁾, 柳田 敏雄¹⁾, 上田 昌宏¹⁾

1)阪大院・生命機能

Intracellular dynamics of PI3-kinase and guanylyl cyclase-dependent signaling pathways in *Dictyostelium* cells during electrotaxis.

Airi Takayama (1), Masayuki J. Sato (1), Yoshiyuki Arai (1), Toshio Yanagida (1) and Masahiro Ueda (1). (1: Laboratories for Nanobiology, Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University)

2P200 PI3K-PTEN システムにおける自己組織化現象

○新井 由之¹⁾, 松岡 里実¹⁾, 柳田 敏雄¹⁾, 上田 昌宏¹⁾

1)阪大院・生命機能

Traveling waves in PI3K-PTEN system for spontaneous cell migration and tactic responses.

Yoshiyuki Arai (1), Satomi Matsuoka (1), Toshio Yanagida (1) and Masahiro Ueda (1). (1: Graduate school of Frontier Biosciences, Osaka University)

2P201 細胞膜におけるPI(3,4,5)P₃脱リン酸化酵素PTENの局在形成の分子メカニズム

○松岡 里実¹⁾, 柳田 敏雄¹⁾, Devreotes Peter N.²⁾, 上田 昌宏¹⁾

1) 阪大院・生命機能・ナノ生体科学 2) Dept. of Cell Biology, Johns Hopkins Univ. School of Medicine
Dynamic regulation of PI(3,4,5)P₃ phosphatase activity of PTEN on membranes revealed by single-molecule imaging

Satomi Matsuoka (1), Toshio Yanagida (1), Peter N. Devreotes (2) and Masahiro Ueda (1). (1: Laboratories for Nanobiology, Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka Univ.; 2: Dept. of Cell Biology, Johns Hopkins Univ. School of Medicine)

2P202 バクテリア走化性受容体の共有結合修飾によるシグナル増幅への影響

○黒岩 延裕¹⁾, 柴田 達夫¹⁾

1) 広大院・理・数理分子生命理学

Effect of Covalent Modification on Signal Amplification in Bacterial Chemotactic Receptors

Nobuhiro Kuroiwa (1), Tatsuo Shitaba (1). (1: Dept Mathematical & Life Sci, Graduate School of Sciences, Hiroshima Univ)

2P203 細胞への針挿入の成功率と細胞構造

中村 史^{1,2)}, 上石 英希²⁾, 中村 徳幸^{1,2)}, 三宅 淳^{1,2)}

1) 産総研・セルエンジニアリング研究部門 2) 東京農工大院・工・生命工

Insertion probability of needle into a cell and structure of the cell

Chikashi Nakamura (1, 2), Hideki Kamiishi (2), Noriyuki Nakamura (1, 2) and Jun Miyake (1, 2). (1: Res. Inst. Cell Eng., AIST, 2: Dept. Biotechnol., Tokyo Univ. Agric. & Technol.)

2P204 脂肪分化及び脂肪分解における脂肪細胞の非同期的な挙動

○永山 昌史¹⁾, 内田 努¹⁾, 平 敏夫²⁾, 清水 恭子²⁾, 郷原 一寿¹⁾

1) 北大・院工・応用物理 2) 株式会社プライマリーセル

Asynchronous behavior of adipocytes during differentiation and lipolysis

Masafumi Nagayama (1), Tsutomu Uchida (1), Toshio Taira (2), Kyoko Shimizu (2) and Kazutoshi Gohara (1). (1: Division of Applied Physics, Graduate School of Engineering, Hokkaido University; 2: Primary Cell Co., Ltd.)

2P205 細胞ストレス下におけるATF4-GADD34 feedback loopのkinetics解析

○谷本 博一¹⁾, 加納 ふみ¹⁾, 村田 昌之¹⁾

1) 東大・院・総合文化

Kinetic analysis of ATF4-GADD34 feedback loop under different cellular stress

Hirokazu Tanimoto, Fumi Kano, Masayuki Murata. (Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences., Univ of Tokyo)

2P206 セミインタクト細胞における転写因子ATF4翻訳過程の再構成系の確立

○加納 ふみ¹⁾, 日原 さえら¹⁾, 谷本 博一¹⁾, 村田 昌之¹⁾

1) 東大院・総合文化・生命環境

Reconstitution of stress-induced translation of ATF4 transcription factor in semi-intact cells

Fumi Kano (1), Saera Hihara (1), Hirokazu Tanimoto (1), and Masayuki Murata (1). (1: Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, Univ. of Tokyo)

2P207 ラット培養心筋細胞の収縮、カルシウムイオン濃度振動に対するBTSの作用

○竹内 睦貴¹⁾, 石渡 信一²⁾

1) 早大院・理工・物理及応物専攻 2) 早大・理工・物理

Effect of BTS on the auto-oscillatory properties of contraction and Ca²⁺ concentration in cultured cardiac muscle cells

Mutsuki Takeuchi (1), Shin'ichi Ishiwata (2). (1: Grad Sch Pure/Appl Phys, Waseda Univ; 2: Dept Phys, Sch Sci/Eng, Waseda Univ)

2P208 熱パルスで誘起される単一HeLa細胞内Ca濃度変化

○鈴木 団¹⁾, Tseeb Vadim²⁾, 大山 廣太郎²⁾, 岩井 薫³⁾, 石渡 信一^{1,2)}

1) 早大・科健機構 2) 早大院・理工研・物理 3) 奈良女・理学部・化学

Ca release and uptake in a single HeLa cell induced by heat pulse

Madoka Suzuki (1), Vadim Tseeb (2), Kotaro Oyama (2), Kaoru Iwai (3) and Shin'ichi Ishiwata (1, 2). (1: ASMeW, Waseda Univ; 2: Dept Physics, Graduate School of Advanced Science and Engineering, Waseda Univ; 3: Dept Chemistry, Faculty of Science, Nara Women's Univ)

2P209 単一ミトコンドリアにおける膨潤と膜電位の関係について

○森川 大輔¹⁾, 太田 善浩¹⁾

1)東京農工大院・工学府・生命工学

Relationship the swelling and membrane potential in a single mitochondrion

Daisuke Morikawa (1) and Yoshihiro Ohta (1). (1: Div Biotech & Life Sci, Tokyo Univ of Agriculture & Technology)

2P210 ミトコンドリア膜透過性遷移の新規検出法の開発

○田澤 英二郎¹⁾, 藤田 智沙子¹⁾, Shi Xiaolei¹⁾, 太田 善浩¹⁾, 町田 清隆²⁾, 長田 裕之²⁾

1)東京農工大院・工学府・生命工学 2)理研・抗生物質研究室

Detection of mitochondrial membrane permeability transition in intact cells

Hidejiro Tazawa (1), Chisako Fujita (1), Shi Xiaolei (1), Yoshihiro Ohta (1), Kiyotaka Machida (2) and Hiroyuki Osada (2). (1: Div Biotech & Life Sci, Tokyo Univ of Agric & Tech; 2: Antibody Lab, Discov Res Inst, Riken)

2P211 心筋細胞の活動電位における圧力依存性

○谷脇 伸也¹⁾, 腰原 由公¹⁾, 内田 努¹⁾, 永山 昌史¹⁾, 平 敏夫²⁾, 清水 恭子²⁾, 郷原 一寿¹⁾

1)北大・院工・生物物理 2)株式会社プライマリーセル

Effects of pressure on action potential in cultured neonatal rat myocytes

Shinya Taniwaki (1), Yuki Koshihara (1), Tsutomu Uchida (1), Masafumi Nagayama (1), Toshio Taira (2), Kyoko Shimizu (2), and Kazutoshi Gohara (1) (1: Division of Applied Physics, Graduate School of Engineering, Hokkaido University; 2: Primary Cell Co., Ltd)

2P212 マウス心筋細胞拍動能に対する HERG channel の作用

○安東 賢太郎¹⁾, 金子 智行^{1,2)}, 野村 典正¹⁾, 鈴木 郁郎³⁾, 北村 哲生³⁾, 林 純子¹⁾, 松井 等⁴⁾, 安田 賢二¹⁾

1)東京医科歯科・生材研・情報 2)PRESTO, JST 3)東大院・総合文化 4) (株)三菱化学安全科学研究所・鹿島研究所

Effects of HERG channel on mouse cardiomyocyte beating ability

Kentaro Ando (1), Tomoyuki Kaneko (1, 2), Fumimasa Nomura (1), Ikurou Suzuki (3), Tetsuo Kitamura (3), Junko Hayashi (1), Hitoshi Matsui (4), Mayumi Obo (4), and Kenji Yasuda (1). (1: Dept Biomedical Information, Institute of Biomaterials and Bioengineering, Tokyo Medical and Dental Univ; 2: PRESTO, JST, 3: Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, Univ of Tokyo; 4: Mitsubishi Chemical Safety Institute LTD.)

2P213 心筋リエントリーネットワークのオンチップ構成的機能再構築

○野村 典正¹⁾, 北村 哲生²⁾, 林 純子¹⁾, 安藤 賢太郎¹⁾, 金子 智行^{1,3)}, 安田 賢二¹⁾

1)東京医科歯科・生材研・情報 2)東大院・総合文化・生命環境 3)PRESTO, JST

Functional reconstitution of cardiomyocyte reentry network model using *On-Chip* MEA system.

Fumimasa NOMURA (1), Tetsuo KITAMURA (2), Junko HAYASHI (1), Kentaro ANDO (1), Tomoyuki KANEKO (1, 3) and Kenji YASUDA (1). (1: Dept Biol Information, Institute of Biomaterials and Bioengineering, Tokyo Medical and Dental Univ, 2: Dept Life Sci, Graduate School of Arts & Sci, Univ of Tokyo, 3: PRESTO, JST)

2P214 線維芽細胞を介した心筋 2 細胞間電位変化における伝導遅延時間測定

○金子 智行^{1,2)}, 鈴木 郁郎³⁾, 安東 賢太郎¹⁾, 野村 典正¹⁾, 北村 哲生³⁾, 林 純子¹⁾, 安田 賢二¹⁾

1)東京医歯大・生材研・情報 2)JST・さきがけ 3)東大院・総合文化

Measurement of the delay time of the action potential in two cardiomyocytes through fibroblasts

Tomoyuki Kaneko (1, 2), Ikurou Suzuki (3), Kentaro Ando (1), Fumimasa Nomura (1), Tetsuo Kitamura (3), Junko Hayashi (1), Kenji Yasuda (1). (1: Dept Biomedical Information, Institute of Biomaterials and Bioengineering, Tokyo Medical and Dental Univ; 2: PRESTO, JST; 3: Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, Univ of Tokyo)

2P215 1細胞ベースでの in vitro 心筋毒性検査技術の開発

○北村 哲生¹⁾, 野村 典正²⁾, 林 純子²⁾, 安藤 賢太郎²⁾, 金子 智行^{2,3)}, 安田 賢二²⁾

1)東大院・総合文化・生命環境 2)東京医科歯科大・生材研・情報 3)JST, PRESTO

Development of single cell based in vitro safety study for drug cardiac toxicology

Tetsuo KITAMURA (1), Fumimasa NOMURA (2), Junko HAYASHI (2), Kentaro ANDO (2), Tomoyuki KANEKO (2, 3) and Kenji YASUDA (2). (1: Dept Life Sci, Graduate School of Arts & Sci, Univ of Tokyo, 2: Dept Biol Information, Institute of Biomaterials and Bioengineering, Tokyo Medical and Dental Univ, 3: PRESTO, JST)

2P216 レーザーラマン分光法による磁走性細菌 *Magnetospirillum magnetotacticum* MS-1 が産生する鉄化合物の同定

○渡辺 真悟¹⁾, 山中 正晴¹⁾, 酒井 彰²⁾, 澤田 研¹⁾, 岩佐 達郎¹⁾

1)室蘭工大・材料物性 2)室蘭工大・電気電子

Laser Raman spectroscopic detection of iron compounds in magnetotactic bacterium, *Magnetospirillum magnetotacticum* MS-1

Shingo Watanabe (1), Masaharu Yamanaka (1), Akira Sakai (2), Ken Sawada (1), Tatsuo, Iwasa (1)
(1:Dept of Mat Sci and eng, Muroran Institute of Technology, 2:Dept of Elec and Elec eng, Muroran Institute of Technology)

2P217 シクロフィリンDのt-BuOOH誘導性細胞死促進作用について

○藤田 智沙子¹⁾, 田澤 英二郎¹⁾, SHI XIAOLEI¹⁾, 太田 善浩^{1,2)}, 町田 清隆²⁾, 長田 裕之²⁾

1)東京農工大・院・工学府・生命工 2)理研・抗生物質研究室

Cyclophilin D promotes cell death induced by t-BuOOH

Chisako Fujita (1), Hidejiro Tazawa (1), Shi Xiaolei (1), Yoshihiro Ohta (1), Kiyotaka Machida (2) and Hiroyuki Osada (2). (1: Div Biotech & Life Sci, Tokyo Univ of Agric & Tech; 2: Antibody Lab, Discov Res Inst, Riken)

2P218 多重のパリレンシートを用いた生物材料の選択的パターンニング法

○栗林 香織¹⁾, 竹内 昌治¹⁾

1)東大 生産研

SELECTIVE PATTERNING OF BIOLOGICAL MATERIALS WITH MULTIPLE PARYLENE SHEETS

K. Kuribayashi (1) and S. Takeuchi (1). (1: CIRMM-IIS, The University of Tokyo)

2P219 ラメリポディア運動における膜の熱揺らぎの証拠

○宮田 英威¹⁾, 境 健一¹⁾, 幸本 壮吾¹⁾

1)東北大・院・理

Evidence for membrane fluctuation in lamellipodial protrusion

Hidetake Miyata(1), Kenich Sakai(1) and Sogo Kohmoto(1). (1: Physics Dept. Graduate School of Science, Tohoku University)

2P220 神経成長円錐におけるアクチン関連蛋白質 Arp ファミリーの可視化解析

○東ヶ崎 健^{1,2)}, 海老原 利枝¹⁾, 小澤 睦³⁾, 野住 素宏³⁾, 五十嵐 道弘³⁾, 加藤 薫¹⁾

1)産業技術総合研究所脳神経情報研究部門 2)筑波大学大学院生命環境科学研究科 3)新潟大学医学部

Dynamics of Arp family proteins in neuronal growth cones revealed with optical microscopy

Takeshi Tougasaki (1,2), Satoe Ebihara(1), Mutumi Ozawa(3), Hiroyuki Nozumi(3), Mitihiro Igarasi (3), Kaoru Katou(1)

2P221 成長円錐のプロテオミクスで同定されたアクチン関連蛋白質は10タイプの動態を示す。

○海老原 利枝¹⁾, 白川 彩弓¹⁾, 戸高 玲子¹⁾, 野住 素広²⁾, 小澤 睦²⁾, 五十嵐 道弘²⁾, 加藤 薫¹⁾

1)産総研・脳神経情報部門 2)新潟大医学部

Actin-associate proteins indentified by proteomics of growth cones showed ten types of dynamic behaviors

Satoe Ebihara(1), Sayumi Shirakawa(1), Reiko Todaka(1), Motohiro Nozumi(2), Mutsumi Ozawa(2), Michihiro Igarashi(2), Kaoru Katoh(1) ((1)Neuroscience Reserarch Institute, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology(AIST), (2)Division of Molecular and Cellular Biology, Graduate School of Medical and Dental Sciences, Niigata University)

2P222 細胞伸展時におけるF-アクチン束と焦点接着の再配向

○千住 洋介¹⁾, 宮田 英威¹⁾

1)東北大院・理・物理

Remodeling of actin filament bundles and focal adhesions during fibroblast spreading

Yosuke Senju (1) and Hidetake Miyata (1). (1:Dept Physics, Graduate School of Science, Univ of Tohoku)

2P223 バキュロウイルス／昆虫細胞システムを使った細胞性粘菌、ショウジョウバエとマウス骨格筋アクチンの発現

○大木 高志¹⁾, 久保田 寛顕¹⁾, 大野 力徳¹⁾, 栗原 雅¹⁾, 石渡 信一¹⁾

1)早大・理工・物理

Expression of Dictyostelium, Drosophila and mouse α -skeletal actin in the baculovirus/Sf9 cell system

Takashi Ohki (1), Hiroaki Kubota (1), Chikanori Ohno (1), Masashi Kuribara (1) and Shin'ichi Ishiwata (1). (1: Physics, Faculty of Science and Engineering, Waseda Univ)

2P224 昆虫細胞－バキュロウイルス発現系による細胞性粘菌アクチンの高収量発現と特性評価

○大野 力徳¹⁾, 大木 高志¹⁾, 久保田 寛顕¹⁾, 栗原 雅¹⁾, 石渡 信一¹⁾

1)早大・理工・物理

High-yield expression of *Dictyostelium* actin in the baculovirus/Sf9 cell system and its characterization

Chikanori Ohno(1), Takashi Ohki(1), Hiroaki Kubota(1), Masashi Kuribara(1) and Shin'ichi Ishiwata(1). (1:Department of Physics, Faculty of Science and Engineering, Waseda University)

2P225 DrebrinによるADF/cofilin 活性阻害

○石川 良樹¹⁾, 加藤 薫²⁾, 高橋 あゆみ¹⁾, 五十嵐 道弘³⁾, 中村 彰男¹⁾, 小浜 一弘¹⁾

1)群馬大・院医・臓器病態薬理 2)産総研・脳神経情報 3)新潟大・院医歯・分子細胞機能

Inhibition of the activities of ADF/cofilin by drebrin

Ryoki Ishikawa (1), Kaoru Katoh (2), Ayumi Takahashi (1), Michihiro Igarashi (3), Akio Nakamura (1), and Kazuhiro Kohama (1). (1:Dept Molecular and Cellular Pharmacology, Gunma University Graduate School of Medicine; 2:Neuroscience Research Institute, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology; 3:Division of Molecular and Cellular Biology, Graduate School of Medical and Dental Sciences, Niigata University)

2P226 機械的力は zyxin 依存的に接着斑でのアクチン重合を促進する

○平田 宏聡^{1,2)}, 辰巳 仁史³⁾, 曾我部 正博^{1,2,3)}

1)JST・ICORP/SORST・細胞力覚 2)自然科学研究機構・生理研・分子生理 3)名大院・医・細胞生物物理

Mechanical forces facilitate actin polymerization at focal adhesions in a zyxin-dependent manner.

Hiroaki Hirata (1,2), Hitoshi Tatsumi (3) and Masahiro Sokabe (1,2,3). (1: Cell Mechanosensing Project, ICORP/SORST, Japan Science and Technology Agency; 2: Dept. of Molecular Physiology, National Institute for Physiological Sciences, National Institutes of Natural Sciences; 3: Dept. of Physiology, Graduate School of Medicine, Nagoya Univ.)

2P227 アクチン線維を制御する低分子量 G タンパク質 Rac1 の接着斑へのリクルート : 1 分子追跡による研究

○柴田 明裕¹⁾, 永井 理恵¹⁾, 立松 律弥子²⁾, 成瀬 恵治²⁾, 楠見 明弘¹⁾

1)京大再生研/JST-ICORP 膜機構 2)名大院・医・細胞科学

Single-molecule observation of the recruitment of an actin-associating small G protein Rac1 to focal adhesions

Akihiro C. E. Shibata(1), Rie Nagai(1), Tsuyako Tatematsu(2), Keiji Naruse(2), and Akihiro Kusumi(1). (1:Membrane Mechanisms Project, ICORP-JST, Institute for Frontier Medical Sciences, Kyoto University; 2:Department of Physiology, Graduate School of School of Medicine, Nagoya University)

2P228 微小管結合蛋白質 4 のアクチン線維結合能の発見

○松島 一幸¹⁾, 中川 裕之²⁾, 徳楽 清孝³⁾, 小谷 享¹⁾

1)神奈川大・理・生物科学 2)福岡大・理・地球圏科学 3)都城工専・物質工学

Identification of the MAP4's ability for interacting with filamentous actin

Kazuyuki Matsushima (1), Hiroyuki Nakagawa (2), Kiyotaka Tokuraku (3) and Susumu Kotani (1). (1: Dept Biological Sciences, Univ of Kanagawa; 2: Dept Biology, Univ of Fukuoka; 3: Dept Chemical Sci & Engineering, Miyakonojo National College of Technology)

2P229 血管平滑筋のカルシウム非依存性収縮におけるアクトミオシン運動の解析

○川道 穂津美¹⁾, 王 晨¹⁾, 岸 博子¹⁾, 中村 彰男²⁾, 吉山 伸司²⁾, 小濱 一弘²⁾, 小林 誠¹⁾

1)山口大院・医学系・生体機能分子 2)群馬大院・医学系・臓器病態薬理

Roles of actomyosin motility in Ca²⁺-sensitization of smooth muscle contraction

Hozumi Kawamichi (1), Chen Wang(1), Hiroko Kishi (1), Akio Nakamura (2), Shinji Yoshiyama (2), Kazuhiro Kohama (2) and Sei Kobayashi (1). (1: Dept. Mol. Physiol. & Med. Bioregulation, Yamaguchi Univ. Graduate Sch. of Med.; 2: Dept. Mol. & Cell. Pharmacol. Fac. of Med. Gunma Univ. Grad. Sch. of Med.)

2P230 *Mycoplasma mobile* 滑走装置のギアタンパク質 Gli521 の分子形状

○野中 孝裕¹⁾, アダン 純¹⁾, 宮田 真人¹⁾

1)大市大・院理・生物

Molecular shape of Gli521, gear protein for gliding motility of *Mycoplasma mobile*

Takahiro Nonaka, Jun Adan-Kubo and Makoto Miyata. Department of Biology, Graduate School of Science, Osaka City University

2P231 もう一つの滑走マイコプラズマ、*Mycoplasma gallisepticum* の新規の細胞骨格

中根 大介¹⁾, ○宮田 真人¹⁾

1)大市大・院・理

A novel cytoskeletal structure of another gliding mycoplasma, *Mycoplasma gallisepticum*

Daisuke Nakane and Makoto Miyata. (Dept Biology, Graduate School of Science, Univ of Osaka City)

2P232 弾性体接着基盤との力学的相互作用による接着斑タンパク質 paxillin の局在変化

○原田 伊知郎¹⁾, 赤池 敏宏¹⁾

1) 東工大 大学院・生命理工

Fibroblast cultured on the elastic substrate induce intracellular localization of paxillin as mechanotransduction system

Ichiro Harada (1), and Toshihiro Akaike (1). (1: Dept. Biomolecular Engineering, Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Institute of Technology)

2P233 糸状突起の基質牽引力の可視化

○岩楯 好昭¹⁾, 祐村 恵彦¹⁾

1) 山口大院・医学系・分子機能

Traction Force generated by a single filopod

Yoshiaki Iwadate, Shigehiko Yumura. (Dept Funct Mol Biol, Graduate School of Medicine, Yamaguchi Univ)

2P234 紡錘体における自己組織化の直接観察

○高木 潤¹⁾, 板橋 岳志¹⁾, 島本 勇太¹⁾, Jedidiah Gaetz²⁾, Tarun Kapoor²⁾, 石渡 信一¹⁾

1) 早大・先進理工・物理応物 2) Rockefeller・Chem./Cell Biol.・Lab

Direct observation of self-reorganization processes of the mitotic spindle

Jun Takagi (1), Takeshi Itabashi (1), Yuta Shimamoto (1), Jedidiah Gaetz (2), Tarun M. Kapoor (2), and Shin'ichi Ishiwata (1). (1: Dept physics, Faculty of Science & Engineering, Waseda University; 2: Laboratory of Chemistry & Cell Biology, Rockefeller University)

2P235 生体材料表面の弾性分布設計による細胞行動制御

○木戸秋 悟¹⁾, 松田 武久²⁾

1) 九大先導研・生命分子化学 2) 金工大ゲノム生研

Control of cell motility by the design of microelasticity distribution of biomaterial surface

Satoru Kidoaki (1), Takehisa Matsuda (2). (1: Inst Mater Chem Eng, Kyushu University; 2: Genome Biotechnol Lab, Kanazawa Inst Tech)

2P236 細胞運動及び細胞分裂の統一モデル

○西村 信一郎¹⁾, 笹井 理生¹⁾

1) 名大院工

A unified mechanism of amoeboid cell locomotion and cell fission

Department of Computer Science and Engineering, Graduate School of Engineering, Nagoya University

2P237 新しいタイプの接触走性：ラチェット様の非対称な繰り返し空間パターン上での方向性のある細胞運動

○大沼 清¹⁾, 豊田 太郎²⁾, 青木 隆太¹⁾, 菅原 正¹⁾, 浅島 誠^{1,3,4)}

1) 東大院・総文 2) 千葉大院・工学 3) JST・ICORP 器官再生 4) 産総研・器官発生

A new type of thigmotaxis: Directional cell movement in a ratchet-like repetitive asymmetrical spatial pattern

Kiyoshi Ohnuma (1), Taro Toyota (2), Ryuta Aoki (1), Tadashi Sugawara (1), Makoto Asashima (1) (3) (4).

(1: Grad School of Arts and Sci, Univ of Tokyo; 2: Grad School of Eng, Chiba Univ; 3: ICORP, Organ Regeneration, JST; 4: Organ Development Research Labo, AIST)

2P238 細胞膜における1分子追跡のための蛍光性シリコンナノ粒子プローブの開発

○西村 博仁¹⁾, Ken Ritchie²⁾, 後藤 美樹¹⁾, 吉村 英哲¹⁾, 楠見 明弘¹⁾

1) 京大・再生研・ICORP-JST・膜機構プロジェクト 2) Purdue Univ.

Development of fluorescent silicon nanoparticle probes for single-molecule tracking in the live-cell plasma membrane

Hirohito Nishimura (1), Ken Ritchie (2), Miki Goto (1), Hideaki Yoshimura (1) and Akihiro Kusumi (1). (1: Membrane Mechanisms Project, ICORP-JST, Institute for Frontier Medical Sciences, Kyoto University; 2: Department of Physics, Purdue University)

2P239 細胞膜内層の脂質アンカー型分子と細胞膜外層ラフト分子の細胞膜を介した非対称・短寿命共局在

○小山一本田 郁子¹⁾, 藤原 敬宏¹⁾, 笠井 倫志¹⁾, 梶川 絵理子¹⁾, 八原 雅子¹⁾, 吉村 昭彦²⁾, 楠見 明弘¹⁾

1) 京大再生研・ICORP-JST 2) 九大・生体防御医

Asymmetric transient recruitment of lipid-anchored molecules at the induced clusters of raft-associating molecules across the membrane

Ikuko Koyama-Honda (1), Takahiro Fujiwara (1), Rinshi Kasai (1), Eriko Kajikawa (1), Miyako Yahara (1), Akihiko Yoshimura (2) and Akihiro Kusumi (1). (1: Membrane Mechanisms Project ICORP-JST, Kyoto Univ; 2: Med Inst of Bioregulation, Kyushu Univ)

2P240 細胞膜中コレステロールの短寿命共局在の1分子追跡と検出

○根本 悠宇里¹⁾, 小山一本田 郁子¹⁾, 実松 史幸¹⁾, 嶋田 有紀子²⁾, 八原 雅子¹⁾, 岩下 淑子²⁾,

楠見 明弘¹⁾

1)京大再生研/JST-ICORP 膜機構 2)東京都老人研・老化ゲノム機能

Single-molecule tracking and detection of transient colocalization of cholesterol in the live-cell plasma membrane

Yuri L. Nemoto (1), Ikuko Koyama-Honda (1), Fumiyuki Sanematsu (1), Yukiko Shimada (2), Masako Yahara (1), Yoshiko Ohno-Iwashita (2), and Akihiro Kusumi (1). (1: Membrane Mechanisms Project, International Cooperative Research Project, Japan Science and Technology Agency (ICORP-JST), The Institute for Frontier Medical Sciences, Kyoto University, Kyoto, 606-8507, Japan, 2: Research Team for Functional Genomics, Tokyo Metropolitan Institute of Gerontology, Tokyo, 173-0015, Japan)

2P241 細胞膜のマイクロドメインとコンパートメント：リン脂質1分子追跡による研究

○田中 賢治^{1,2)}, 藤原 敬宏^{1,2)}, 単 小遠²⁾, 鈴木 健一^{1,2)}, 楠見 明弘^{1,2,3)}

1)京大院・工学系・マイクロエンジニアリング 2)JST-ICORP 膜機構プロジェクト 3)京大院・医学系・ナノバイオプロセス

Microdomains and compartments in the smooth-muscle cell membrane: single-molecule tracking of phospholipids

Kenji J. Tanaka (1), (2), Takahiro K. Fujiwara (2), Xiao-Yuan Shan (2), Kenichi G. N. Suzuki (2), Akihiro Kusumi (1), (2), (3) (1:Department of Micro Engineering, Graduate School of Engineering, Kyoto University, 2:Membrane Mechanisms Project, ICORP-JST, Institute for Frontier Medical Sciences, Kyoto University, 3:Department of Nanobioprocesses, Graduate School of Medicine, Kyoto University)

生体膜・人工膜（構造・物性） (Native and artificial biomembranes– structure and properties)

2P242 並列イオンチャネル計測のための平面脂質二重膜アレイ

○鈴木 宏明¹⁾, Le Pioufle Bruno¹⁾, 竹内 昌治^{1,2)}

1)東大・生研 2)JST PRESTO

Planar Lipid Bilayer Array for Parallel Ion Channel Recording

Hiroaki Suzuki (1), Bruno Le Pioufle (1), Shoji Takeuchi (1, 2). (1: Institute of Industrial Science, The University of Tokyo; 2: JST PRESTO)

2P243 静磁場下における人工脂質膜のダイナミクスの光学顕微鏡観察

○玉造 広野¹⁾, 大場 哲彦¹⁾, 佐崎 元²⁾, 大木 和夫¹⁾

1)東北大院・理学研究科・物理学専攻 2)東北大・金研

Direct microscopic observation of biomembrane dynamics under a static magnetic field.

Kouya Tamatsukuri (1), Tetsuhiko Ohba (1), Gen Sasaki (2), and Kazuo Ohki (1) (1: Dept of physics, Tohoku University; 2: Institute for Materials Research, Tohoku University)

2P244 Structure-Dependent Effects of Sterols on Membrane Phase Behaviors

○ウ リ¹⁾, 哲彦 大場¹⁾, 大木 和夫¹⁾

1)Department of Physics, Graduate School of Science, Tohoku University

Structure-Dependent Effects of Sterols on Membrane Phase Behaviors

Li Wu (1), Tetsuhiko Ohba (2), Kazuo Ohki (3) (1, 2, 3: Department of Physics, Graduate School of Science, Tohoku University)

2P245 メリチンが誘導するPC膜とPE膜の膜物性変化の比較

○兒玉 篤治¹⁾, 大場 哲彦¹⁾, 大木 和夫¹⁾

1)東北大・院理・物理

Comparison of the changes of membrane properties induced by melittin between PC membrane and PE membrane

Atsuji Kodama (1), Tetsuhiko Ohba (1) and Kazuo Ohki (1). (1: Dept. of Physics, Tohoku Univ.)

2P246 コレステロールが誘導するマイクロドメイン構造の膜物性についての研究

○大木 和夫¹⁾

1)東北大・院理・物理

Study on physical properties of cholesterol-induced micro domain

Kazuo Ohki (Dept Physics, Graduate School of Science, Tohoku University)

2P247 化学物質を作用させたときの皮膚角層の構造変化の高感度検出

○八田 一郎¹⁾, 中沢 寛光²⁾, 小幡 蒼子³⁾, 太田 昇¹⁾, 井上 勝晶¹⁾, 八木 直人¹⁾

1)JASRI/SPring-8 2)関学大院・理工・物理 3)星薬科大

Highly sensitive detection of characteristic structural changes of stratum corneum after application of chemicals

Ichiro Hatta (1), Hiromitsu Nakazawa (2), Yasuko Obata (3), Noboru Ohta (1), Katsuaki Inoue (1), Naoto Yagi (1). (1: Japan Synchrotron Radiation Institute/Spring-8; 2: Dept of Physics, Graduate

School of Science and Technology, Kwansai Gakuin University; 2: Hoshi University)

2P248 ホスファチジルイノシトールのラフト局在化に対するステロールの影響

○木下 祥尚¹⁾, 風呂 周兵²⁾, 加藤 知²⁾

1) 関学大院・理工・物理 2) 関学大・理工・物理

Effect of sterols on the localization of phosphatidylinositol into the sphingomyelin and sterol mixed domain

Masanao Kinoshita (1), Shuhei Huro (2) and Satru Kato (3) (1: Dept Physics, Graduate School of Science and Technology, Kwansai-Gakuin University; 2: Dept Physics, School of Science and Technology, Kwansai-Gakuin University)

2P249 電子線回折による生体皮膚角層の非侵襲構造解析

○中沢 寛光¹⁾, 山岸 亮¹⁾, 今井 友裕¹⁾, 酒井 進吾²⁾, 井上 紳太郎²⁾, 加藤 知¹⁾

1) 関学大・理工・物理 2) カネボウ化粧品・基盤技術研究所

Structural analysis of the skin stratum corneum by electron diffraction

Hikomitsu Nakazawa (1), Akira Yamagishi (1), Tomohiro Imai (1), Shingo Sakai (2), Shintaro Inoue (2) and Satoru Kato (1). (1: Department of Physics, School of Science & Technology, Kwansai Gakuin University; 2: Basic Research Laboratory, Kanebo Cosmetics Inc.)

2P250 ウシラクトフェリシンと酸性リン脂質二重膜との相互作用およびその抗菌作用に及ぼすカルジオリピンの影響

○梅山 万左子¹⁾, 吉良 敦史²⁾, 内藤 晶¹⁾

1) 横国大・院工 2) アルバック

The Effect of Cardiolipin in Selective Interaction of LfcinB with Acidic Phospholipid Bilayers and its Antimicrobial Activity

Masako Umeyama (1), Atsushi Kira (2), Akira Naito (1). (1: Graduate School of Engineering, Yokohama National University; 2: ULVAC, Inc.)

2P251 固体NMRによる β -endorphinとコレステロール含有不飽和脂質膜の相互作用解析

○谷口 絵美¹⁾, 原田 亜弥¹⁾, 西村 勝之²⁾, 内藤 晶¹⁾

1) 横浜国大院・工 2) 分子研

Interaction of β -endorphin with a model membrane consisting of unsaturated lipids and cholesterol bilayers as studied by solid-state NMR

Emi Taniguchi (1), Aya Harada (1), Katsuyuki Nishimura (2), Akira Naito (1). (1: Graduate School of Engineering, Yokohama National University; 2: Institute for molecular Science)

2P252 固体NMRによるコレステロール-酸性混合脂質二重膜系とACTHの相互作用変化の解析

○野口 貴弘¹⁾, 明賀 博樹¹⁾, 川村 出¹⁾, 西村 勝之²⁾, 内藤 晶¹⁾

1) 横浜国大院工 2) 分子研

Different interaction of ACTH with acidic mixed lipid bilayers in the presence and absence of cholesterol as studied by Solid state NMR.

Takahiro Noguchi (1), Hiroki Myoga (1), Izuru Kawamura (1), Katsuyuki Nishimura (2) and Akira Naito (1). (1: Graduate School of Engineering, Yokohama National University; 2: Institute for Molecular Science.)

2P253 脂肪酸上に積層した二種のホスファチジルコリン複合膜の比較解析

○松本 淳¹⁾, 槇野 行修¹⁾, 伊藤 学¹⁾, 辻内 裕¹⁾

1) 秋田大・工学資源・材料工

Comparative analysis on two composite films of phosphatidylcholine on fatty acid film

Jun Matsumoto (1), Yukinobu Makino (1), Manabu Ito (1), Yutaka Tsujiuchi (1). (1: Department of Material Science and Engineering, Akita University)

2P254 脂肪酸上に積層したジミリストイルホスファチジルコリンとバクテリオロドプシンの複合薄膜

○古家 景悟¹⁾, 槇野 行修¹⁾, 伊藤 学¹⁾, 辻内 裕¹⁾

1) 秋田大・工学資源・材料工

Composite film of dimyristoyl-phosphatidylcholine and bacteriorhodopsin fabricated on fatty acid film

Keigo Furuya (1), Yukinobu Makino (1), Manabu Ito (1), Yutaka Tsujiuchi (1). (1: Department of Material Science and Engineering, Akita University)

2P255 DSC およびX線回折によるセラミドを含むモデル生体膜の物理化学的研究

○笠原 隼人¹⁾, 高橋 浩¹⁾, 石田 賢哉²⁾

1) 群馬大院・工 2) 高砂香料工業株式会社

Physicochemical studies of model membrane containing ceramide by calorimetry and x-ray diffraction

Hayato Kasahara (1), Hiroshi Takahashi (1), Kenya Ishida (2). (1: Dept. of Chem. and Chem. Biol. Gunma Univ.; 2: Takasago International Corporation)

2P256 モデル生体膜の構造に対する重水効果

○定直 高太郎¹⁾, 高橋 浩¹⁾

1) 群馬大院・工

Effect of deuterium oxide on the structure of model biomembranes

Koutarou Joujiki (1), Hiroshi Takahashi (1). (1:Dept. of Chem. and Chem.Biol. Gunma Univ.)

2P257 WAXS および SAXS によるガングリオシド混合脂質と変性蛋白質との相互作用の研究

○平井 光博¹⁾, 陳 剛¹⁾, 小内 輝明¹⁾, 井上 勝晶²⁾

1) 群大院・物質創製 2) SPring-8

Interacting of ganglioside-contained lipid mixtures with denatured protein clarified by SAXS and WAXS

Mitsuhiro Hirai (1), Chin Go (1), Teruaki Onai (1), and Katsuaki Inoue (2). (1:Graduate School of Engineering, Gunma Univ, 2:Japan Synchrotron Radiation Research Institute)

2P258 ガングリオシド/コレステロール/ジオレオイルホスファチジルコリン混合系の構造に及ぼすポリビニルピロリドンの影響

○小内 輝明¹⁾, 平井 光博¹⁾

1) 群大院・工学・物理

Effect of polyvinylpyrrolidone on the structure of ganglioside/cholesterol/dioleoylphosphatidylcholine mixtures

Teruaki Onai (1), Mitsuhiro Hirai (1). (1:Dept. of Physics, Gunma Univ.)

2P259 パターン化脂質膜に固定されたチトクロム P450 を用いた酵素活性アッセイ法

○上田 佳弘¹⁾, 森垣 憲一²⁾, 達 吉郎²⁾, 湯元 昇²⁾, 今石 浩正³⁾

1) 神大院・自然科学 2) 産総研・セルエンジニアリング 3) 神大・遺伝子実験センター

Immobilization of cytochrome P450 on micropatterned lipid bilayer substrates for the parallel assay of their activities

Yoshihiro Ueda (1), Kenichi Morigaki (2), Yoshiro Tatsu (2), Noboru Yumoto (2) and Hiromasa Imaishi (3). (1: Graduate School of Science and Technology, Kobe university; 2: Research Institute for Cell Engineering, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology; 3: Research Center for Environmental Genomics, Kobe University)

2P260 膜融合ペプチドにより引き起こされるリポソームと脂質平面膜の相互作用の全反射蛍光顕微鏡観察

○稲葉 岳彦¹⁾, 達 吉郎¹⁾, 森垣 憲一¹⁾

1) 産総研・関西・セル・分子創製

The effect of membrane fusion peptides on interactions between liposomes and supported planar lipid bilayers: TIRF observations

Takehiko INABA, Yoshiro TATSU and Kenichi MORIGAKI. Research Institute for Cell Engineering, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST)

2P261 流動性脂質およびポリマー脂質からなる基板支持型コンポジット二分子膜

○岡崎 敬¹⁾, 稲葉 岳彦¹⁾, 達 吉郎¹⁾, 森垣 憲一¹⁾

1) 産総研・セルエンジニアリング

Composite membranes of fluid and polymerized phospholipid bilayers on solid substrate

Takashi Okazaki (1), Takehiko Inaba (1), Yoshiro Tatsu (1), and Kenichi Morigaki (1). (1: Research Institute for Cell Engineering, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST))

2P262 長鎖リン脂質二分子膜のミクロ構造に及ぼす短鎖リン脂質の影響

○高城 雄一¹⁾, 山中 美智男¹⁾

1) 九大院理

Effects of short-chain phospholipid on the microstructure of long-chain phospholipid membranes

Yuichi Takajo (1) and Michio Yamanaka (1). (1:Department of Chemistry, Faculty of Sciences, Kyushu University)

2P263 コレステロールの有無がもたらす膜環境の変化とアラメチシンに与える影響の分子動力学シミュレーション

○藤田 直也¹⁾, 石田 貴士¹⁾, 木下 賢吾^{1,2)}

1) 東大・医科研 2) SORST, 科技機構

Cholesterol-induced change of a membrane environment and its influence on alamethicin: a molecular dynamics study

Naoya Fujita (1), Takashi Ishida (1) and Kengo Kinoshita (1, 2). (1: Inst. Med. Sci., Univ. of Tokyo; 2: SORST, JST)

2P264 脂質膜の非二分子膜形成における熱力学量

○松木 均¹⁾, 玉井 伸岳¹⁾, 金品 昌志¹⁾

1) 徳島大院ソシオテクノサイエンス研

Thermodynamic quantities associated with non-bilayer formation of lipid membranes

Hitoshi Matsuki, Nobutake Tamai and Shoji Kaneshina. (Dept of Life System, Institute of Technology and Science, The Univ of Tokushima)

2P265 ノニルフェノールによるリポソームの形態変化

○日比野 政裕¹⁾, 菅原 剛¹⁾

1) 室蘭工大・工学部・応用化学

Change on the morphology of liposomes in the presence of nonylphenol

Masahiro Hibino and Takeshi Sugawara (Dept of Applied Chemistry, Faculty of Engineering, Muroran Institute of Technology)

2P266 規則配列金属ナノゲートによる自発展開脂質二分子膜内での分子分別

○並河 英紀¹⁾, 瀧本 麦¹⁾, 大和田 昌弘¹⁾, 飯島 直純¹⁾, 村越 敬¹⁾

1) 北大院理

Molecular manipulation and separation in lipid bilayer using periodic array of metal nano-gates

Hideki Nabika, Baku Takimoto, Naozumi Iijima and Kei Murakoshi. (Graduate School of Science, Hokkaido Univ)

2P267 単一巨大リポソーム観察によるバキュロウイルスエンベロープ融合の可視化解析

○神谷 厚輝¹⁾, 吉村 哲郎¹⁾, 湊元 幹太¹⁾

1) 三重大院・工学系

Investigation of fusion properties of baculovirus envelopes using microscopic observation on individual giant unilamellar vesicles

Koki Kamiya (1), Tetsuro Yoshimura (1) and Kanta Tsumoto (1) (1) Department of Chemistry for Materials Graduate School of Engineering Mie University

2P268 生体模倣非対称モデル膜におけるドメイン構造形成

○三浦 陽子¹⁾, 濱田 勉¹⁾, 高木 昌宏¹⁾

1) 北陸先端大・マテリアル

The formation of raft domains in asymmetric vesicles.

Yoko Miura, Tsutomu Hamada and Masahiro Takagi. (School of Materials Science, Japan Advanced Institute of Science and Technology)

2P269 環状骨格の剛直性は環状脂質の側方拡散に如何に影響を及ぼすか

○芝上 基成¹⁾, 後藤 理恵¹⁾, 中村 允¹⁾, 田所 利雄¹⁾

1) 産総研

Effect of rigid cyclic framework on lateral diffusion of cyclic lipid membranes

Motonari Shibakami, Rie Goto, Makoto Nakamura and Toshio Tadokoro (AIST)

2P270 細胞サイズリポソームにおける内部区画を考慮した体積分布

○細田 一史¹⁾, 角南 武志²⁾, 松浦 友亮²⁾, 北 寛士³⁾, 市橋 伯一³⁾, 塚田 幸治⁴⁾, 四方 哲也^{1,2,3)}

1) 阪大院・生命機能 2) 阪大院・情報科学 3) ERATO・JST 4) 阪大院・工学

Inner aqueous volume distributions of cell-size liposomes in consideration of the inner-compartmentalization

Kazufumi Hosoda (1), Takeshi Sunami (2), Tomoaki Matsuura (2), Hiroshi Kita (3), Norikazu Ichihashi (3), Koji Tsukada (4) and Tetsuya Yomo (1,2,3). (1: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University; 2: Department of Bioinformatics Engineering, Graduate School of Information Science and Technology, Osaka University; 3: Complex Systems Biology Project, Exploratory Research for Advanced Technology (ERATO), Japan Science and Technology Agency (JST); 4: Department of Biotechnology, Graduate School of Engineering, Osaka University)

2P271 INTERMOLECULAR RELATIONS AND HYDROGEN BOND DYNAMICS AT PHOSPHOLIPID MEMBRANE INTERFACE

○Volkov Viktor¹⁾, Chelli R.²⁾, Righini R.¹⁾

1) European Laboratory for Nonlinear Spectroscopy 2) Dipartimento di Chimica, Università di Firenze

INTERMOLECULAR RELATIONS AND HYDROGEN BOND DYNAMICS AT PHOSPHOLIPID MEMBRANE INTERFACE

Viktor Volkov (1), R. Chelli (2), R. Righini (1). (1: European Laboratory for Nonlinear Spectroscopy; 2: Dipartimento di Chimica, Università di Firenze)

生体膜・人工膜 (ダイナミクス) (Native and artificial biomembranes– dynamics)

2P272 抗菌性ペプチドマガイニン2が脂質膜に形成するポアの特性解析

○有山 弘高¹⁾, 吉谷 卓也¹⁾, 丹波 之宏¹⁾, 山崎 昌一^{1,2)}

1) 静大・理学部・物理 2) 創造科学技大院・統合バイオサイエンス

Characterization of the pore in lipid membranes induced by antimicrobial peptide, magainin 2

Hiroataka Ariyama (1), Takuya Yoshitani (1), Yukihiro Tamba (1), and Masahito Yamazaki (2)

2P273 エピガロカテキンガレートが誘起する PC-GUV の破裂に対するコレステロールの効果

○大場 進也¹⁾, 丹波 之宏³⁾

1) 静大・理学部・物理 2) 創造科学技大院・総合バイオサイエンス 3) イノベーション共同研究センター

Effect of Cholesterol on the (-)-Epigallocatechin Gallate-Induced Burst of PC-GUVs

Shinnya Ohba (1), Tamba Yukihiro (1), Masahito Yamazaki (1) (3). (1: Dept. Phys., Fac. Sci., Shizuoka Univ.; 2: Innovative Joint Research Center; 3: Int. Biosci., Sec., Grad. Sch. Sci. Tech., Shizuoka Univ.)

2P274 抗菌性ペプチドマガイニン 2 のポア形成に脂質膜の表面電荷密度がおよぼす効果

○丹波 之宏¹⁾, Masum Shah Md²⁾, 山崎 昌一^{1,2)}

1) 静岡大・イノベーション共同研究セ 2) 静岡大・創造院

Effects of Surface Charge Density of Lipid Membranes on the Pore Formation Induced by Antimicrobial Peptide, Magainin 2

Yukihiro Tamba (1), Shah Md Masum (2) and Masahito Yamazaki (1), (2). (1: Innovative Joint Research Center; 2: Integrated Bioscience Section, Graduate School of Science and Technology, Shizuoka Univ)

2P275 脂質膜の水透過性とそれに対するアクチン細胞骨格の効果

○吉谷 卓也¹⁾, 山崎 昌一^{1,2)}

1) 静大・理学部・物理 2) 創造科学技大院・統合バイオサイエンス

Water permeability of lipid membranes of GUVs and its dependence on actin cytoskeletons inside the GUVs

Takuya Yoshitani (1), Masahito Yamazaki (1) (2). (1: Dept. Phys., Fac. Sci., Shizuoka Univ.; 2: Int. Biosci., Sec., Grad. Sch. Sci. Tech., Shizuoka Univ.)

2P276 単一 GUV 法による脂肪酸と脂質膜の相互作用の研究

稲岡 恭行¹⁾, 〇嵯峨 祐子¹⁾, 山崎 昌一^{1,2)}

1) 静大・理学部・物理 2) 創造科学技大院・統合バイオサイエンス

Flip-flop of oleic acid in PC membranes revealed by the single GUV method

Yasuyuki Inaoka (1), Yuko Saga (1) and Masahito Yamazaki (1, 2). (1: Dept. Phys., Fac. Sci., Shizuoka University; 2: Int. Biosci. Sec., Grad. Sch. Sci. Tech., Shizuoka University)

2P277 pH 変化により誘起される生体膜のキュービック相と L α 相の間の構造転移

岡本 喜日出¹⁾, 〇宮澤 はる菜¹⁾, Masum Shah Md.²⁾, 山崎 昌一^{1,2)}

1) 静大・理学部・物理 2) 創造科学技大院・統合バイオサイエンス

pH change-Induced Interconversion between Bilayer Membrane and Bicontinuous Cubic Phase in Dioleoylphosphatidylserine/Monoolein Membranes

Yoshihide Okamoto (1), Haruna Miyazawa (1), Shah Md. Masum (2), Masahito Yamazaki (1) (2). (1: Dept. Phys., Fac. Sci., Shizuoka Univ.; 2: Int. Biosci. Sec., Grad. Sch. Sci. Tech., Shizuoka Univ.)

2P278 DNA と電気的に中性なリン脂質膜との相互作用: 単一 GUV 法による研究

○眞野 純司¹⁾, 有山 弘高²⁾, Kuvichkin Vasily³⁾, 山崎 昌一^{1,2)}

1) 静大・理学部・物理 2) 創造科学技大院・統合バイオサイエンス 3) Inst. Biophys. Cell, Russ. Acad. Sci.

Single GUV Method Study on Interactions of DNA with Electrically Neutral Phospholipid Membranes

Junji Mano (1), Hiroataka Ariyama (2), Vasily Kuvichkin (3), and Masahito Yamazaki (1, 2) (1: Dept. Phys., Fac. Sci., Shizuoka Univ.; 2: Int. Biosci. Sec., Grad. Sch. Sci. Tech., Shizuoka Univ.; 3: Inst. Biophys. Cell, Russ. Acad. Sci)

2P279 セルソーターを用いた繰り返し自己生産するジャイアントベシクルの解析とジャイアントベシクル集団のソーティング

○栗原 顕輔¹⁾, 豊田 太郎²⁾, 菅原 正¹⁾

1) 東大院・総合・広域科学 2) 千葉大・工学・共生応用化学

Flow cytometric analysis and sorting on a self-reproducing system of giant vesicles

Kensuke Kurihara (1), Taro Toyota (2) and Tadashi Sugawara (1). (1: Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences., Univ of Tokyo; 2: Dept Applied Chemistry and Biotechnology, Faculty of Engineering, Chiba Univ.)

2P280 細胞サイズのリポソーム中での自律型 DNA コンピューティング

○庄田 耕一郎¹⁾, 木賀 大介²⁾, 瀧ノ上 正浩³⁾, 豊田 太郎⁴⁾, 景山 義之⁴⁾, 菅原 正⁴⁾, 陶山 明^{1,3)}

1) Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo 2) Department of computational intelligence and systems science, Tokyo Institute of

Technology3) Institute of Physics, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo4) Department of Basic Science, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo

Autonomous DNA computing in cell-sized liposome

Koh-ichiroh Shohda¹, Daisuke Kiga², Masahiro Takinoue³, Taro Toyota⁴, Yoshiyuki Kageyama⁴, Tadashi Sugawara⁴, and Akira Suyama^{1,3} (1: Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo; 2: Department of computational intelligence and systems science, Tokyo Institute of Technology; 3: Institute of Physics, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo; 4: Department of Basic Science, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo)

2P281 生体モデル膜ラフトドメインのエンドサイトーシス

○濱田 勉¹, 三浦 陽子¹, 高木 昌宏¹

1) 北陸先端大・マテリアル

Dynamic Processes of Endocytic Transformation in a Raft-exhibiting Model Membrane

Tsutomu Hamada, Yoko Miura, Masahiro Takagi. (School of Material Science, Japan Advanced Inst. Sci. Tech.)

2P282 光による脂質二分子膜小胞の形態転移

○石井 健一¹, 濱田 勉¹, 長崎 健², 高木 昌宏¹

1) 北陸先端大・マテリアル 2) 大阪市立大・工

Photo-induced reversible transformation in a cell-sized lipid vesicle

Ken-ichi Ishii(1), Tsutomu Hamada(1), Takeshi Nagasaki(2) and Masahiro Takagi(1). (1: School of Materials Science, Japan Advanced Institute of Science and Technology; 2: Graduate School of Engineering, Osaka City Univ)

2P283 細胞膜表面におけるクラスター形成の意義とメカニズム：メソスコピックなシミュレーション解析

○我妻 竜三¹, 堤 孝弘², 小林 弘³, 小長谷 明彦^{1,2}

1) 理研 GSC 2) 東工大情報工学 3) 千葉大学薬学研究院

Mesoscopic simulation analyses on clustering in the cell surface: significance and mechanisms

Ryuzo Azuma (1), Takahiro Tsutsumi (2), Hiroshi Kobayashi (3), Akihiko Konagaya (1,2). (1: RIKEN Genomic Sciences Center; 2: Dept Mathematics and Computing Sci; 3: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Chiba Univ)

2P284 Free Energy Calculation of Spaghetti-like Nanoclusters by using The Energetic Representation

○Purqon Acep¹, 西川 佳吾¹, 山本 哲徳¹, 水上 卓², 島原 秀登², 長尾 秀実¹, 西川 清¹

1) Department of Computational Science, Faculty of Science, Kanazawa University 2) School of Materials Science, Japan Advanced Institute of Science and Technology

Free Energy Calculation of Spaghetti-like Nanoclusters by using The Energetic Representation

Acep Purqon(1), Keigo Nishikawa(1), Tetsunori Yamamoto(1), Taku Mizukami(2), Hideto Shimahara(2), Ayumu Sugiyama(1), Hidemi Nagao(1), and Kiyoshi Nishikawa(1). (1: Department of Computational Science, Faculty of Science, Kanazawa University; 2: School of Materials Science, Japan Advanced Institute of Science and Technology)

2P285 バクテリオファージT4の感染初期過程

○二島 渉¹, 金丸 周司², 有坂 文雄², 北尾 彰朗¹

1) 東大・分生研 2) 東工大・生命理工

Initial process of bacteriophage T4 infection

Wataru Nishima(1), Shuji Kanamaru(2), Fumio Arisaka(2) and Akio Kitao(1). (1: Institute of Molecular and Cellular Biosciences, University of Tokyo; 2: Department of Life Science, Faculty of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Institute of Technology)

2P286 ナノダイヤモンド/ナノシリカの表面における溶菌酵素の飽和および吸着反応

○呉 為克¹

1) Dept of Chemical and Materials Engineering, National Kaohsiung Univ of Applied Sciences, 80782 Kaohsiung, Taiwan, Rep of China

Saturation Adsorption of Nanodiamond/Nanosilica with Lysozyme

Victor Wei-Keh Wu (1: Dept Chemical and Materials Engineering, National Kaohsiung Univ of Applied Sciences, 80782 Kaohsiung, Taiwan, Rep of China; 2: Victor Basic Research Laboratory e. V. Gadderbaumer-Str. 22, D-33602 Bielefeld, Germany. Email: victorbres3tw@yahoo.com.tw, Tel: +886-(0) 919-300-525, <http://www.che.kuas.edu.tw>)

2P287 せん断流下で振動するベシクル

○野口 博司¹, Gompper Gerhard¹

1) Forschungszentrum Juelich

Oscillatory dynamics of fluid vesicle in flow

Hiroshi Noguchi and Gerhard Gompper (Institut fuer Festkoerperforschung, Forschungszentrum Juelich)

2P288 ドロップレット法を用いたアクトヘビーメロミオン封入巨大リポソームの構築

○滝口 金吾¹⁾, 山田 彩子²⁾, 根岸 真紀子²⁾, 滝口 陽子¹⁾, 吉川 研一²⁾

1) 名大院・理・生命理学 2) 京大院・理・物理

ActoHMM-containing giant liposomes constructed from water-in-oil droplets

Kingo Takiguchi (1), Ayako Yamada (2), Makiko Negishi (2), Yohko Tanaka-Takiguchi (1), and Kenichi Yoshikawa (2). (1: Department of Molecular Biology, Graduate School of Science, Nagoya University; 2: Department of Physics, Graduate School of Science, Kyoto University)

生体膜・人工膜 (興奮・チャンネル) (Native and artificial biomembranes— excitation and channels)

2P289 システインスキャン実験に見られる電圧感受性イオンチャンネルのS4 ヘリックスの大きな動き

○下村 拓史¹⁾, 名倉 仁¹⁾, 髭 俊秀¹⁾, 今井 友也^{1,2)}, 入江 克雅^{1,2)}, 三尾 和弘³⁾, 佐藤 主税³⁾, 藤吉 好則^{1,2)}

1) 京大理・生物物理・構造生理 2) (社) バイオ産業情報化コンソーシアム 3) 産総研・脳神経・構造生理

Large mobility of S4 helix in voltage-gated ion channel revealed by cysteine-scanning

Takushi Shimomura (1), Hitoshi Nagura (1), Toshihide Hige (1), Tomoya Imai (1,2), Katsumasa Irie (1,2), Kazuhiro Mio (3), Chikara Sato (3), Yoshinori Fujiyoshi (1) (1: Dept of Biophysics, Graduate School of Science, Kyoto University, 2: Japan Biological Informatics Consortium, 3: Structure Physiology Group, Neuroscience Research Institute, AIST)

2P290 原核生物由来膜電位依存性ナトリウムチャンネルのチャンネル特性の多様性

○入江 克雅^{1,2)}, 名倉 仁¹⁾, 今井 友也^{1,2)}, 下村 拓史¹⁾, 藤吉 好則¹⁾

1) 京大院・理・生物物理 2) (社) バイオ産業情報化コンソーシアム

The bacterial voltage-gated sodium channel family has various channel properties.

Katsumasa Irie (1, 2), Hitoshi Nagura (1), Tomoya Imai (1, 2), Takushi Shimomura (1), Yoshinori Fujiyoshi (1). (1: Dept of Biophysics, Graduate School of Science, Kyoto University, 2: Japan Biological Informatics Consortium)

2P291 細胞接着部位へ停留する膜伸展依存性BKチャンネルの1分子可視化解析

○小林 剛¹⁾, 武田 美江¹⁾, 野村 健²⁾, 田中 瑞奈¹⁾, 成瀬 恵治³⁾, 曾我部 正博^{1,2)}

1) 名大院・医・細胞生物物理 2) 科技振・ICORP/SORST・細胞力覚 3) 岡山大院・医歯薬・システム循環生理

Immobilization of Stretch-Activated BKca channels to focal contacts of cell membrane as studied by single fluorophore video imaging

Takeshi Kobayashi (1), Yoshie Takeda (1), Takeshi Nomura (2), Mizuna Tanaka (1), Keiji Naruse (3) and Masahiro Sokabe (1, 2). (1: Dept Physiol, Nagoya Univ Graduate School of Medicine; 2: ICORP/SORST, Cell Mechanosensing, JST; 3: Dept Cardiovasc Physiol, Okayama Univ Graduate School of Medicine, Dentistry & Pharmaceutical Sci)

2P292 FRET法を用いた細菌機械受容チャンネルMscSの細胞質ドメインのゲーティングに伴う構造変化の観察

○町山 裕亮¹⁾, 辰巳 仁史¹⁾, 曾我部 正博^{1,2,3)}

1) 名大院・医・細胞情報医学 2) JST・ICORP/SORST・細胞力覚 3) 生理研・分子生理

Gating conformational changes in the cytoplasmic domain of the bacterial mechanosensitive channel MscS as revealed by FRET spectroscopy

H. Machiyama (1), H. Tatsumi (1) and M. Sokabe (1, 2, 3) 1: Dept. Physiol., Nagoya Univ. Grad. Sch. Med., 2: ICORP/SORST Cell Mechanosensing, JST, 3: Dept. Mol. Physiol., NIPS

2P293 チャンネル-薬剤相互作用の電気光学的1分子同時計測

○井出 徹^{1,2)}, 平野 美奈子¹⁾, 青木 高明¹⁾, 竹内 裕子¹⁾

1) 阪大院・生命機能 2) 理研・分子情報

Simultaneous optical and electrical measurement of single channel-drug interaction

Toru Ide (1,2), Minako Hirano (1), Takaaki Aoki (1) and Yuko Takeuchi (1). (1: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University; 2: Molecular-Informational Life Science Research Group, RIKEN)

2P294 1分子構造・機能同時計測によるMthKチャンネルのカルシウム依存的開閉機構の解明

○平野 美奈子¹⁾, 竹内 裕子¹⁾, 青木 高明¹⁾, 柳田 敏雄^{1,2)}, 井出 徹^{1,3)}

1) 阪大院・生命機能 2) CREST・ソフトナノ 3) 理研・分子情報

Simultaneous measurements of optical and electrical properties of the Ca²⁺-activated potassium channel, MthK

Minako Hirano (1), Yuko Takeuchi (1), Takaaki Aoki (1), Toshio Yanagida (12), Toru Ide (13). (1:

Laboratory for Nanobiology, Graduate School of Frontier Bioscience, Osaka University; 2: Formation of Soft Nanomachines, CREST, JST; 3: Molecular-Informational Life Science Research Group, RIKEN)
2P295 アフリカツメガエルの卵母細胞に発現させたべん毛モーター固定子 MotA/MotB 複合体のプロトン電流の計測

○蔡 榮淑¹⁾, 竹内 裕子¹⁾, 南野 徹^{1,2)}, 井出 徹¹⁾, 難波 難波^{1,2)}

1) 阪大院・生命機能 2) JST・ICORP

Proton Current Measurement of the Stator Complex MotA/MotB of the Flagellar Motor Expressed in *Xenopus Oocytes*

Yong-Suk Che(1), Yuko Takeuchi(1), Tohru Minamino(1,2), Toru Ide(1), Keiichi Namba(1,2)

2P296 人工脂質二重膜法を用いたライセニン単一チャネル解析 II: 脂質とポリリジンの影響

○青木 高明¹⁾, 平野 美奈子¹⁾, 竹内 裕子¹⁾, 小林 俊秀²⁾, 柳田 敏雄^{1,3)}, 井出 徹^{1,4)}

1) 阪大院・生命機能 2) 理研・脂質生物 3) CREST・ソフトナノ 4) 理研・分子情報

Single channel properties of lysenin measured in the artificial lipid bilayer. II: effect of lipid composition and poly-L-lysine.

Takaaki Aoki(1), Minako Hirano(1), Yuko Takeuchi(1), Toshihide Kobayashi(2), Toshio Yanagida(13), Toru Ide(14). (1: Laboratory for Nanobiology, Graduate School of Frontier Bioscience, Osaka University; 2: Lipid Biology Laboratory, RIKEN; 3: Formation of Soft Nanomachines, CREST, JST; 4: Molecular-Informational Life Science Research Group, RIKEN)

2P297 蛍光共鳴エネルギー移動を利用したTRPM8 チャネルの構造に関する研究

○池原 辰弥¹⁾, 細川 浩²⁾, 杉浦 忠男¹⁾, 小林 茂夫²⁾, 湊 小太郎¹⁾

1) 奈良先端大・情報 2) 京大院・情報

Structural analysis of TRPM8 channel by fluorescence resonance energy transfer

Tastuya Ikehara(1), Hiroshi Hosokawa(2), Tadao Sugiura(1), Shigeo Kobayashi(2), Kotaro Minato(1) (1: Graduate School of Information Science, NAIST; 2: Graduate School of Informatics, Kyoto Univ.)

2P298 リアノジン受容体カルシウムチャネルのリアノジンによるイオン選択制の変化

○葛西 道生¹⁾

1) 阪大院・生命機能・ナノ生体科学

Change of Ion Selectivity of Ryanodine Receptor Calcium Channel by Ryanodine

Michiki Kasai. (Lab Nanobiology, Graduate School of Frontier Bioscience, Osaka Univ)

2P299 酵母とラットの電位依存性カルシウムチャネルにおける変異の分子的解析

○藤 金風¹⁾, 飯田 和子²⁾, 多田 智子¹⁾, 阪 彩香¹⁾, 玉井 弥美¹⁾, 中瀬古 寛子³⁾, 赤羽 悟美³⁾, 飯田 秀利¹⁾

1) 群馬大院・医学科・生体調節 2) 都臨床研・細胞膜情報伝達 3) 東邦大・医学科・薬理

Molecular characterization of mutations of yeast and rat voltage-gated calcium channels

Jinfeng Teng(1), Kazuko Iida(2), Tomoko Tada(1), Ayaka Saka(1), Masumi Tamai(1), Hiroko Izumi-Nakaseko(3), Satomi Adachi-Akahane(3), Hidetoshi Iida(1) (1 Dept. Biol., Tokyo Gakugei Univ.; 2 Biomembrane Signaling, Tokyo Metro. Inst. Med. Sci.; 3 Dept. Pharmacol., Sch. Med. Fac. Med., Toho Univ.)

2P300 ヒト臍帯内皮細胞における TRPV2 ノックダウンによる伸展刺激依存的応答の抑制効果

○片野坂 友紀¹⁾, 成瀬 恵治¹⁾

1) 岡山大学大学院・医歯薬学総合・システム循環生理

TRPV2 knockdown suppresses the stretch-induced Ca²⁺ increase and subsequent cellular responses in HUVEC

Yuki Katanosaka and Keiji Naruse (Cardiovascular Physiology, Graduate School of Medicine, Dentistry and Pharmaceutical Sciences, Okayama University)

2P301 固体 NMR による抗菌ペプチドアラメチシンの脂質膜中での配向と精密動的構造解析

○三島 大輔¹⁾, 永尾 隆¹⁾, 川村 出¹⁾, 内藤 晶¹⁾

1) 横浜国立大学大学院工学府

Dynamic structure and orientation of antibiotic peptide alamethicin in lipid bilayers by solid-state NMR spectroscopy

Daisuke Mishima(1), Takashi Nagao(1), Izuru Kawamura(1), and Akira Naito(1)

生体膜・人工膜（輸送） (Native and artificial biomembranes- transport)

2P302 アザイド存在下におけるハロロドプシンのプロトン輸送機構の解析

○宮内 正二¹⁾, 関 顕照¹⁾, 菊川 峰志²⁾, 青山 健太郎¹⁾, 出村 誠³⁾, Ganapathy Vadivel⁴⁾, 加茂 直樹³⁾

1) 北大院・薬・生物物理化学 2) 北大・創成 3) 北大院・先端生命 4) ジョージア医科大学・生化学

Mechanism of proton transport via azide-bound halorhodopsin from *Natronomonas pharaonis*

Seiji Miyauchi (1), Akiteru Seki (1), Kentaro Aoyama (1), Takashi Kikukawa (2), Makoto Demura (3), Vadivel Ganapathy (4) and Naoki Kamo (3). (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences; 2: Creative Research Initiative "Sosei"; 3: Dep Biomolecular Science, Faculty of Advanced Life Sciences, Hokkaido Univ; 4: Dept Biochemistry and Molecular Biology, Medical College of Georgia)

2P303 人工脂質二重膜を用いたCOPII小胞形成過程の可視化 ~GTP加水分解の役割について~

○田端 和仁¹⁾, 佐藤 健²⁾, 井出 徹⁴⁾, 西坂 崇之⁵⁾, 中野 明彦³⁾, 野地 博行¹⁾

1) 阪大産研 2) 東大院総合文化 3) 理研 4) 阪大院生命機能分子情報 5) 学習院理

Visualization of COPII vesicle formation process on artificial membrane. ~Role of GTP hydrolysis~

Kazuhito V. Tabata(1), Ken Sato(2), Toru Ide(4), Takayuki Nishizaka(5), Akihiko Nakano(3), Hiroyuki Noji(1). (1: ISIR, Osaka Univ.; 2: Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences., Univ of Tokyo; 3: Mole. memb. biol., RIKEN; 4: Graduate School of Front. Biosci., Osaka Univ.; 5: Department of Physics, Gakushuin Univ.)

2P304 バクテリオロドプシンの光サイクルにおけるレチナル分子のカラー・チューニング: SAC-CI 法による研究

○浅井 康太¹⁾, 藤本 和宏^{1,2)}, 長谷川 淳也^{1,3)}, 中辻 博³⁾

1) 京大院工 2) Duke 大 3) QCRI

Color-tuning mechanism of Bacteriorhodopsin in the photocycle: A SAC-CI theoretical study

Kota Asai (1), Kazuhiro Fujimoto (1,2), Jun-ya Hasegawa (1,3) and Hiroshi Nakatsuji (3). (1: Dept Synthetic Chem and Bio Chem, Faculty of Engineering Kyoto univ. 2: Department of Chemistry, Duke University 3: Quantum Chemistry Research Institute (QCRI))

2P305 マスト細胞の脱顆粒におけるcomplexin IIの制御機構

○田所 哲¹⁾, 中西 守²⁾, 平嶋 尚英¹⁾

1) 名市大院・薬 2) 愛知学院大・薬

The regulation mechanism of degranulation in mast cells by complexin II

Satoshi Tadokoro(1), Mamoru Nakanishi(2), Naohide Hirashima(1). (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Nagoya City University; 2: School of Pharmacy, Aichi Gakuin University)

2P306 分子モーターで輸送可能な光誘導透過機構を持つリポソームの開発

○鈴木 淳¹⁾, 伊藤 真人¹⁾, 丸田 晋策¹⁾

1) 創価大院・工・生物工

Development of the photo-responsive liposome as a cargo of the molecular shuttle.

Atsushi Suzuki, Masato Itoh and Shinsaku Maruta. (Division of Bioengineering, Graduate School of Engineering, Soka University)

2P307 超高真空フリーズレプリカによるNa⁺/K⁺-ATPaseの電子顕微鏡観察

○川崎 一則¹⁾, 小林 恵美子¹⁾, 青山 一弘²⁾, 田原 義和³⁾, 林 雄太郎³⁾

1) 産総研 2) 日本FEI 3) 杏林大・医

Electron microscopic observation of Na⁺/K⁺-ATPase by ultrahigh vacuum freeze-replica.

Kazunori Kawasaki (1), Emiko Kobayashi (1), Kazuhiro Aoyama (2), Yoshikazu Tahara (3), Yutaro Hayashi (3). (1: AIST; 2: FEI Co. Japan; 3: School of Med, Kyorin Univ)

2P308 電位依存性プロトンチャネルをプロトンはどのように透過するか? : プロトン透過の温度依存性

久野 みゆき²⁾, 安藤 博之¹⁾, 森畑 宏一²⁾, 酒井 啓²⁾, 清水 啓史¹⁾, ○老木 成稔¹⁾

1) 福井大・医学部・分子生理 2) 大阪市大・医学部・生理

How does proton permeate through the voltage-gated proton channel? Temperature-dependence of proton permeation.

Miyuki Kuno (2), Hiroyuki Ando (1), Hirokazu Morihata (2), Hiromu Sakai (2), Hirofumi Shimizu (1), Shigetoshi Oiki (1). (1: Dept Molecular Physiology & Biophysics, Univ of Fukui Med Sci; 2: Dept Physiology, Graduate School of Medicine, Osaka City University)

生体膜・人工膜 (情報伝達) (Native and artificial biomembranes- signal transduction)

2P309 脂質二重膜表面におけるpleckstrin homology domainの動的構造の解析

○徳田 尚美¹⁾, 八木澤 仁¹⁾, 福井 泰久²⁾, 辻 暁¹⁾

1) 兵庫県立大・院・生命理 2) 星薬科大・医薬品開発研

Spectroscopic study of the structure and dynamics of pleckstrin homology domain at the lipid bilayer surface

Naomi Tokuda(1), Hitoshi Yagisawa(1), Yasuhisa Fukui(2), Satoru Tuzi(1) Grad. Schl. Life Sci., Univ. Hyogo, Hoshi Univ.

2P310 細胞膜分子の一分子軌跡における軌跡の停留部分検出法の開発

○坂本 晋子¹⁾, 藤原 敬宏¹⁾, 小山-本田 郁子¹⁾, 楠見 明弘¹⁾

1)京大・再生研・ICORP-JST

Detectability of stimulation-induced transient arrest of lateral diffusion (STALL) of membrane molecules in single-molecule trajectories

Kuniko Sakamoto, Takahiro Fujiwara, Ikuko Koyama-Honda, and Akihiro Kusumi. (Membrane Mechanisms Project, ICORP-JST, Institute for Frontier Medical Sciences, Kyoto University)

2P311 マスト細胞における神経毒ラトロトキシン受容体によるシグナル伝達

平松 裕之¹⁾, 中西 守²⁾, ○平嶋 尚英¹⁾

1)名古屋市大・院薬 2)愛知学院大・薬

Signal transduction mediated by latrotoxin receptor in mast cell degranulation

Hiroyuki Hiramatsu (1), Mamoru Nakanishi (2), Naohide Hirashima (1). (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Naogyu City Univ.; 2: School of Pharmacy, Aichi Gakuin University)

2P312 ホスホリパーゼ C-d1 PH ドメインおよび EF-hand ドメインの脂質二重膜上における構造とダイナミクス

○三宅 健史¹⁾, 川合 克久¹⁾, 八木澤 仁¹⁾, 辻 暁¹⁾

1)兵庫県立大・院生命理

Structure and dynamics of phospholipase C-d1 PH- and EF-hand domain at the membrane surface

Takeshi Miyake (1), Katsuhisa Kawai (1), Hitoshi Yagisawa (1), Satoru tuzi (1). (1: Grad. Schl. Life Sci Univ. hyogo)

2P313 細胞内での上皮成長因子受容体とアダプター分子間解離速度の計測

○森松 美紀¹⁾, 松田 道行¹⁾

1)京大院・生命科学・生体制御

Efficient method for measuring dissociation rates between epidermal growth factor receptor and adaptor proteins in living cells

Miki Morimatsu (1) and Michiyuki Matsuda (1) (1: Laboratory of Bioimaging and Cell Signaling, Graduate School of Biostudies, Kyoto Univ.)

光生物 (光合成) (Photobiology- photosynthesis)

2P314 光化学系 II における水分解・酸素発生反応の新しい酵素触媒機構

○楠 正美¹⁾

1)明治大理工物理

New enzyme catalysis mechanism of the water-splitting and oxygen-evolving reaction in photosystem II

Masami Kusunoki. (Dept Physics, School of Sci & Techn, Meiji Univ.)

2P315 光合成光化学系 II において蛋白質ゆらぎは P680 を還元するプロトン共役電子移動で重要な役割を演ずる

○斉藤 圭亮¹⁾, 向井 宏一郎¹⁾, 住 斉¹⁾

1)筑波大・院・数理物質

Important role of protein matrix fluctuations in the proton-coupled electron transfer of the reduction of P680 in photosystem II

Keisuke Saito (1), Koichiro Mukai (1), Hitoshi Sumi (1). (1: Inst of Materials Science, Univ of Tsukuba)

2P316 紅色光合成細菌および高等植物の反応中心の吸収ピークの温度変化の理論

○向井 宏一郎¹⁾, 斉藤 圭亮¹⁾, 住 斉¹⁾

1)筑波大 数理物質

A model for temperature-dependent peak shift of the photosynthetic reaction-center absorption

koichiro mukai (1), Keisuke Saito (1) and Hitoshi Sumi (1). (1: Institute of Materials Science, University of Tsukuba)

2P317 光合成反応中心スペシャルペアカチオンラジカルのスピン密度分布に関する理論的研究

○山崎 秀樹¹⁾, 鷹野 優¹⁾, 中村 春木¹⁾

1)阪大蛋白研

Quantum chemical study of the spin density distribution of the special pair cation radical in the bacterial photosynthetic reaction center

Hideki Yamasaki, Yu Takano, and Haruki Nakamura. (Institute for Protein Research, Osaka University)

2P318 光合成反応中心における光誘起電子移動に関する理論的研究: 複数の QM 領域を持つ QM/MM 構造最適化

○清田 泰臣¹⁾, 藤本 和宏¹⁾, 長谷川 淳也¹⁾, 中辻 博^{1,2)}

1)京大院・工 2)量子化学研究協会

Theoretical Study of Photoinduced Electron Transfer in a Bacterial Photosynthetic Reaction Center: Multi-core QM/MM geometry optimization

Yasuomi Kiyota (1), Kazuhiro Fujimoto (1), Jun-ya Hasegawa (1) and Hiroshi Nakatsuji (1, 2). (1: Dept

of Synthetic Chemistry and Biological Chemistry, Graduate School of Engineering, Kyoto Univ;
2:Quantum Chemistry Research Institute)

2P319 紅色光合成細菌 *Sphaeroides* の光反応中心におけるプロトン移動反応の理論研究

○兼子 祐¹⁾, 林 重彦²⁾, 斎藤 真司³⁾, 大峯 巖¹⁾

1)名大院・理学系・物質理学 2)京大院・理学系・化学 3)分子研

Theoretical investigation of the proton transfer in the photosynthetic reaction center of *Rh. Sphaeroides*

Yu Kaneko(1), Shigehiko Hayashi(2), Shinji Saito(3) and Ohmine Iwao(1). (1: Dept Chemistry, Graduate School of Science, Nagoya University, 2:Dept Chemistry, Graduate School of Science, Kyoto University, 3: Dept Theoretical and Computational Molecular Science, Institute for Molecular Science)

2P320 蛋白質中電子移動反応のトンネル経路の新しいモデル

○垣谷 俊昭¹⁾, 西岡 宏任¹⁾

1)名城大院・総合学術

New model for the electron tunneling pathway of electron transfer reactions in protein media

Toshiaki Kakitani(1), Hiroataka Nishioka(1). (1:Graduate School of Environmental and Human Science, Meijo University)

2P321 蛋白質中電子トンネリングカレントの揺らぎの起源

○西岡 宏任¹⁾, 垣谷 俊昭¹⁾

1)名城大学大学院総合学術研究科

Molecular origin of fluctuation of electron tunneling currents in protein media

Hiroataka Nishioka (1) and Toshiaki Kakitani (1). (1: Graduate School of Environmental and Human Science, Meijo Univ.)

2P322 FTIR 及び量子化学計算による光化学系 II におけるプラストキノンの分子相互作用の解析

○高野 晃¹⁾

1)筑波大・数理物質科学

Analysis of molecular interaction of plastoquinone in photosystemII by FTIR spectroscopy and DFT calculations

Akira Takano(1), Hiroyuki Suzuki(1), Ryouta Takahashi(1), Miwa Sugiura(2), Takumi Noguchi(1) (1:Inst. of Mater. Sci., Univ. of Tsukuba;2:Dept. of Plant Biosci., Osaka Pref. Univ)

2P323 FTIR 法による光化学系 II におけるチロシン Y_D と水分子の相互作用の検出

○高橋 亮太¹⁾, 杉浦 美羽²⁾, 野口 巧¹⁾

1)筑波大・数理物質科学 2)大阪府大・生命環境科学

Structural coupling of water molecules to Y_D in photosystem II as revealed by FTIR spectroscopy

Ryouta Takahashi (1), Miwa Sugiura (2) and Takumi Noguchi (1) (1: Inst. of Mater. Sci., Univ. of Tsukuba; 2: Dept. of Plant Biosci., Osaka Pref. Univ, Japan)

2P324 光化学系 II における Mn クラスターと炭酸水素イオンの相互作用に関する FTIR 法による研究

○青山 智佳¹⁾, 鈴木 博行¹⁾, 杉浦 美羽²⁾, 野口 巧¹⁾

1)筑波大・数理物質科学 2)大阪府大・生命環境科学

FTIR study on the structural coupling of bicarbonate to the Mn cluster in photosystem II

Chika Aoyama (1), Hiroyuki Suzuki (1), Miwa Sugiura (2) and Takumi Noguchi (1). (1:Inst. of Materials Sci., Univ. of Tsukuba; 2:Dept. Appl. Bio. Chem., Osaka Pref. Univ.)

2P325 光合成酸素発生反応における表在性蛋白質の役割: FTIR 法による解析

○富田 めぐみ¹⁾, 伊福 健太郎²⁾, 田口 雄太¹⁾, 佐藤 文彦²⁾, 野口 巧¹⁾

1)筑波大・数理物質科学 2)京大・生命

Roles of Extrinsic proteins in Photosynthetic Oxygen Evolution: Analysis by FTIR spectroscopy

Megumi Tomita (1), Kentaro Ifuku (2), Yuta Taguchi (1), Fumihiko Sato (2) and Takumi Noguchi (1) (1: Inst. of Mater. Sci., Univ. of Tsukuba, 2: Graduate School of Biostudies, Kyoto Univ.)

2P326 FTIR 分光法による光合成酸素発生系における Ca²⁺ イオンと基質水分子の構造的関与の解析

○渋谷 勇一¹⁾, 鈴木 博行¹⁾, 田口 雄太¹⁾, 野口 巧¹⁾

1)筑波大・数理物質科学

Structural relevance of the Ca²⁺ ion with substrate water in the photosynthetic oxygen evolving center as studied by FTIR spectroscopy

Yuichi Shibuya, Hiroyuki Suzuki, Yuta Taguchi and Takumi Noguchi. (Inst. of Mater. Sci., Univ. of Tsukuba)

2P327 植物葉緑体チラコイド膜中の光化学系立体分布を室温で直接観察する蛍光スペクトル顕微鏡による試み

○長谷川 慎¹⁾, 椎名 隆²⁾, 寺嶋 正秀¹⁾, 熊崎 茂一¹⁾

1)京大院・理 2)京府大・人環

Fluorescence spectral microscopy to visualize three dimensional distributions of photosystems in thylakoid membrane in plant chloroplasts

Makoto Hasegawa (1), Takashi Shiina (2), Masahide Terazima (1), Shigeichi Kumazaki (1). (1:Dept Chemistry, Graduate School of Science, Kyoto Univ; 2:Faculty of Human Environment, Kyoto Prefectural University)

2P328 ラインスキャン多光子励起半共焦点蛍光スペクトル顕微鏡の開発と糸状シアノバクテリアアナバエナ PCC7120 のチラコイド膜への応用

○熊崎 茂一¹⁾, 長谷川 慎¹⁾, ゴーナイム モハマド¹⁾, 清水 裕吾¹⁾, 岡本 憲二¹⁾, 西山 雅祥¹⁾, 大岡 宏造²⁾, 寺嶋 正秀¹⁾

1)京大院・理 2)阪大院・理

A Line-Scan Multiphoton Broad-Fluorescence Spectromicroscope Applied to the Thylakoid Membrane of a Cyanobacterium Anabaena.

Shigeichi Kumazaki (1), Makoto Hasegawa (1), Mohammad Ghoneim(1), Yugo Shimizu(1), Kenji Okamoto(1), Masayoshi Nishiyama(1), Hirozo Oh-oka(2) and Masahide Terazima(1) (1:Dept Chemistry, Graduate School of Science, Kyoto Univ; 2:Dept of Biological Sciences, Graduate School of Science, Osaka.)

2P329 ホモダイマー型光合成反応中心内の電子伝達系 ヘリオバクテリア反応中心内で機能する電子伝達体の配位構造

○近藤 徹¹⁾, 松岡 昌弘²⁾, 浅井 智広²⁾, 宮本 良¹⁾, 三野 広幸¹⁾, 大岡 宏造²⁾, 伊藤 繁¹⁾

1)名大院・理 2)阪大院・理

Arrangements of the electron transfer cofactors in the homodimer reaction center of *Heliobacterium modesticaldum*

Toru Kondo (1), Masahiro Matsuoka (2), Chihiro Azai (2), Ryo Miyamoto (1), Hiroyuki Mino (1), Hirozo Ohoka (2) and Shigeru Itoh (1). (1:Division of Material Science (Physics), Graduate school of Science, Nagoya University; 2:Department of Biological Sciences, Graduate School of Science, Osaka University)

2P330 シリカメソ多孔体への光合成反応中心光化学系 II 複合体の導入

○野地 智康¹⁾, 川上 恵典²⁾, 沈 建仁²⁾, 梶野 勉³⁾, 福嶋 喜章³⁾, 関藤 武士⁴⁾, 伊藤 繁¹⁾

1)名古屋大学大学院理学研究科 2)岡山大学大学院自然科学 3)豊田中央研究所 4)トヨタ自動車

Introduction of the photosystem II photosynthetic reaction center complex into the silica mesoporous materials

Tomoyasu Noji (1), Keisuke Kawakami (2), Jian-Ren Shen (2), Tsutomu Kajino (3), Yoshiaki Fukushima (3), Takeshi Sekitoh (4), and Shigeru Itoh (1). (1:Division of Material Science, Graduate School of Science, Nagoya University; 2:Graduate School of Natural Science and Technology, Okayama University; 3:Toyota Central R&D Labs. Inc. ; 4:Material Engineering Div. ; 3:TOYOTA MOTOR CORPORATION

2P331 シアノバクテリアにおけるフィコビリソーム超分子会合体の構築及び分解への分子シャペロン HtpG (Hsp90) の関与

岡本 直樹¹⁾, 光岡 薫²⁾, ○仲本 準¹⁾

1)埼玉大院・理工 2)産総研・生物情報

Involvement of the molecular chaperone HtpG (Hsp90) in assembly and degradation of the supramolecular complex phycobilisome.

Naoki Okamoto (1), Kaoru Mitsuoka (2) and Hitoshi Nakamoto (1). (1: Department of Biochemistry and Molecular Biology, Saitama University; 2: Biological Information Research Center, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

2P332 紅色光合成細菌の反応中心の Q_B 周囲の内部結合水

○岩田 達也¹⁾, Paddock Mark L.²⁾, Okamura Melvin Y.²⁾, 神取 秀樹¹⁾

1)名工大院・工 2)カリフォルニア大

Water Molecules around the Secondary Quinone (Q_B) Binding Pockets in the Reaction Center from *Rhodobacter sphaeroides*

Tatsuya Iwata (1), Mark L. Paddock (2), Melvin Y. Okamura (2) and Hideki Kandori (1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology; 2: Department of Physics, University of California, San Diego)

光生物 (視覚・光受容) (Photobiology- vision and photoreception)

2P333 スルメイカロドプシンの X 線結晶構造解析

○村上 緑¹⁾, 神山 勉¹⁾

1)名大院・理・物理

Crystal structure of squid rhodopsin

Midori MURAKAMI and Tsutomu KOUYAMA. (Department of Physics, Graduate School of Science, Nagoya University)

2P334 無脊椎動物ロドプシンにおけるレチナルシッフ塩基周辺のアミノ酸相互作用についての変異体解析

○永田 崇¹⁾, 塚本 寿夫¹⁾, 小柳 光正¹⁾, 寺北 明久¹⁾

1)大阪市大・院理・生物地球

Mutational analyses of amino acid-interactions around the retinal Schiff base in the invertebrate rhodopsin

Takashi Nagata, Hisao Tsukamoto, Mitsumasa Koyanagi, Akihisa Terakita. (Dept Biology and Geosciences, Graduate School of Science, Osaka City University)

2P335 部位特異的蛍光標識を用いた多様なロドプシンの活性化に伴う構造変化の検出の試み

○塚本 寿夫¹⁾, 小柳 光正¹⁾, 寺北 明久¹⁾

1)大阪市大・院理・生物地球

Detection of structural changes involved in activation of diverged rhodopsins using site-directed fluorescence labeling.

Hisao Tsukamoto, Mitsumasa Koyanagi and Akihisa Terakita. (Dept. Biol. and Geosci. Grad. Sch. of Sci. Osaka City Univ.)

2P336 粘土層間におけるロドプシン発色団の性質

○井戸 一智¹⁾, 古谷 祐詞¹⁾, 小川 誠²⁾, 神取 秀樹¹⁾

1)名工大・院工 2)早大

Characteristics of the Rhodopsin Chromophore in Clay Interlayers

Kazutomo IDO (1), Yuji FURUTANI (1), Makoto OGAWA (2), and Hideki KANDORI (1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology; 2: Department of Earth Sciences, School of Education, Waseda University)

2P337 ウシロドプシンのレチナル結合部位の構造安定性の解析-Thr118のH/D交換実験-

○古谷 祐詞¹⁾, Lorenz-Fonfria Victor¹⁾, 太田 徹¹⁾, 神取 秀樹¹⁾

1)名工大院・工・物質工学

Structural fluctuations affecting the retinal-binding pocket in bovine rhodopsin studied by hydrogen/deuterium exchange of Thr118

Yuji Furutani (1), Victor A. Lorenz-Fonfria (1), Toru Ota (1), and Hideki Kandori (1). (1:Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology)

2P338 霊長類ロドプシンから見た光受容蛋白質のヒドロキシルアミン安定性の違い

○今井 啓雄¹⁾, 針貝 美樹¹⁾, 今元 泰²⁾, 七田 芳則²⁾

1)京大・霊長研 2)京大・院理・生物物理

Difference in hydroxylamine susceptibility between primate and bovine rhodopsins.

Hiroo Imai (1), Miki Harigai (1), Yasushi Imamoto (2) and Yoshinori Shichida (2). (1: Primate Research Institute, Kyoto University; 2:Dept. Biophys., Graduate School of Science, Kyoto University)

2P339 メタロドプシン I と II における pH 依存性平衡状態の直接観測

○佐藤 恵太¹⁾, 森住 威文¹⁾, 山下 高廣¹⁾, 七田 芳則¹⁾

1)京大・院理・生物物理

Direct observation of the pH dependent equilibrium between metarhodopsin I and II

Keita Sato (1), Takehumi Morizumi (1), Takahiro Yamashita (1) and Yoshinori Shichida (1). (1:Dept Biophysics, Graduate School of Science, Kyoto Univ)

2P340 メタロドプシン Ib 中間体における Gタンパク質 α サブユニット C末端との選択的相互作用の解析

○木股 直規¹⁾, 森住 威文¹⁾, 山下 高廣¹⁾, 寺北 明久²⁾, 今元 泰¹⁾, 七田 芳則¹⁾

1)京大・院理・生物物理 2)大阪市大・院理・生物地球

Selective interaction of rhodopsin intermediate meta Ib with C-terminus of G protein α subunit

Naoki Kimata (1), Takefumi Morizumi (1), Takahiro Yamashita (1), Akihisa Terakita (2), Yasushi Imamoto (1) and Yoshinori Shichida (1). (1: Dept Biophysics, Graduate School of Sciences, Kyoto Univ; 2: Dept Bio- and Geosciences, Graduate School of Sciences, Osaka city Univ)

2P341 代謝型グルタミン酸受容体の活性を制御する膜貫通領域における残基間相互作用の探索

○柳川 正隆¹⁾, 山下 高廣¹⁾, 七田 芳則¹⁾

1)京大院理・生物物理

Amino acid interactions in the transmembrane domain responsible for the activation process of metabotropic glutamate receptor

Masataka Yanagawa, Takahiro Yamashita, Yoshinori Shichida Dept. of Biophys., Grad. Sch. of Sci., Kyoto Univ., Kyoto,

2P342 代謝型グルタミン酸受容体のヘリックス II 及び IV を介した分子内構造変化伝達

○山下 高廣¹⁾, 柳川 正隆¹⁾, 七田 芳則¹⁾

1)京大・院理・生物物理

Intramolecular signal transduction through helices II and IV of metabotropic glutamate receptor

Takahiro Yamashita, Masataka Yanagawa, and Yoshinori Shichida (Dept. of Biophys., Grad. Sch. of Sci., Kyoto Univ.)

2P343 ロドプシンの細胞外第二ループの構造・機能解析のための変異体作製

○酒井 佳寿美¹⁾, 山下 高廣¹⁾, 今元 泰¹⁾, 七田 芳則¹⁾

1)京大・院理・生物物理

Construction and expression of rhodopsin mutants for analyzing the function of the second extracellular loop

Kazumi Sakai, Takahiro Yamashita, Yasushi Imamoto and Yoshinori Shichida. (Department of Biophysics, Graduate School of Science, Kyoto University)

2P344 ニワトリメラノプシンの吸収スペクトル

○小島 大輔¹⁾, 鳥居 雅樹¹⁾, 岡野 俊行¹⁾, 仲村 厚志¹⁾, 和田 昭盛²⁾, 深田 吉孝¹⁾

1)東大・院理・生化 2)神戸薬大

Spectral properties of chicken melanopsins

Daisuke Kojima (1), Masaki Torii (1), Toshiyuki Okano (1), Atsushi Nakamura (1), Akimori Wada (2) and Yoshitaka Fukada (1). (1: Dept Biophys & Biochem, Graduate School of Science, Univ of Tokyo; 2: Kobe Pharmaceutical Univ)

2P345 S-モジュリン、s26 による GRK1/GRK7 の制御機構

○有信 大輔¹⁾, 橋木 修志¹⁾, 河村 悟¹⁾

1)阪大院・生命機能

Regulation of GRK1/GRK7 by S-modulin and s26

Daisuke Arinobu (1), Shuji Tachibanaki (1) and Satoru Kawamura (1). (1: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University)

2P346 錐体視細胞における低い信号増幅の分子機構

○橋木 修志¹⁾, 越谷 祐貴¹⁾, 河村 悟¹⁾

1)阪大院・生命機能

Molecular mechanisms of the low signal amplification in cones.

Shuji Tachibanaki, Yuki Koshitani, Satoru Kawamura (Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University)

2P347 錐体における高い cGMP 合成活性の分子メカニズム

○竹本 訓彦¹⁾, 松川 淑恵¹⁾, 橋木 修志^{1,2)}, 河村 悟^{1,2)}

1)阪大院・生命機能 2)阪大院・理・生物科学

Molecular mechanisms of highly effective cGMP synthesis in cones

Norihiko Takemoto (1), Yoshie Shimauchi-Matsukawa (1), Shuji Tachibanaki (1), (2), Satoru Kawamura (1), (2) (1: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka Univ; 2: Dept Biology, Graduate School of Science, Osaka Univ)

2P348 視細胞円板膜上でのトランスデューシン及びロドプシンの一分子追跡

○林 文夫¹⁾, 柴田 信幸¹⁾, 高橋 敏広¹⁾, 妹尾 圭司²⁾

1)神戸大院・理学・生物 2)浜松医大・医・総合人間

Single molecule tracking of transducin and rhodopsin in retinal disk membrane.

Fumio Hayashi (1), Nobuyuki Shibata (1), Toshihiro Takahashi (1) and Keiji Seno (2). (1: Dept Biology, Graduate School of Science, Kobe University. 2: Faculty of Medicine, Hamamatsu University School of Medicine)

2P349 カエル視細胞のロドプシンは二量体化によって脂質ラフトへ移行する

○妹尾 圭司¹⁾, 林 文夫²⁾

1)浜松医大・医 2)神戸大・院理・生物

Rhodopsin dimerization induces rhodopsin translocation into lipid rafts in bullfrog photoreceptor.

Keiji Seno (1) and Fumio Hayashi (2). (1: Fac Medicine, Hamamatsu Univ School of Medicine; 2: Dept Biol, Graduate School of Science, Kobe Univ.)

2P350 E113Q/M257Y 変異体の分子動力学計算によるロドプシン活性化におけるヘリックス間水素結合の役割の研究

○森田 祐斗¹⁾, 櫻井 実¹⁾

1)東工大・バイオ基盤センター

The role of interhelical hydrogen bonds in the rhodopsin activation studied by MD simulation for a

constitutive active mutant E113Q/M257Y

Yuto Morita and Minoru Sakurai. (Center for Biological Resources and Informatics, Tokyo Institute of Technology)

2P351 Caged-ATPを用いた様々な条件下でのホタル生物発光の時間分解測定

○五十嵐 竜馬¹⁾, 田中 正俊¹⁾, 和田 直久²⁾

1) 横国大院・工・物理情報 2) 東洋大・生命科学

Time-resolved measurement of firefly bioluminescent reaction triggered by Caged-ATP under various conditions

Ryoma Igarashi (1), Masatoshi Tanaka (1) and Naohisa Wada (2). (1: Faculty of Engineering, Yokohama Nat'l Univ.; 2: Faculty of Life Sciences, Toyo Univ.)

2P352 明暗刺激に伴う、ホヤ幼生の神経、筋肉のCa²⁺イメージング

○中川 将司¹⁾, 深野 天²⁾, 日下部 岳広¹⁾, 笹倉 靖徳³⁾, 宮脇 敦史²⁾

1) 兵庫大院・生命理学 2) 理研・脳研センタ 3) 筑波大・下田臨海

Ca²⁺ imaging of the muscle and neural cells in ascidian larva upon the step-down of light

Masashi Nakagawa (1), Takashi Fukano (2), Takehiro Kusakabe (1), Yasunori Sasakura (3), Atsushi Miyawaki (2) (1: Grad. School of Life Sci. Univ. Hyogo; 2: Brain Sci. Inst. RIKEN; 3: Shimoda Marine Research Center, Univ. Tsukuba)

2P353 フォトリポピンLOV1及びLOV2ドメインにおける動的構造の比較研究

○小林 弘明¹⁾, 櫻井 実¹⁾

1) 東工大院・バイオ基盤センター 2) 東工大院・バイオ基盤センター

Comparative study of the dynamical and structural properties of the LOV1 and LOV2 domains in phototropin

Hiroaki Kobayashi, Minoru Sakurai (Center for Biol. Res. Info., Tokyo Inst. Tech.)

2P354 シロイヌナズナ・フォトリポピン2のLOV1ドメインにおける二量体形成サイト

○直原 一徳¹⁾, 松岡 大介^{1,2)}, 徳富 哲¹⁾

1) 大阪府大院・理学系・生物科学 2) 神戸大・遺伝子環境センター

Dimerization site in LOV1 domain of Arabidopsis phototropin2

Kazunori Zikihara (1), Daisuke Matsuoka (1,2), Satoru Tokutomi (1). (1: Dep. Biological Science, Graduate School of Science, Osaka Prefecture University; 2: Research Center for Environmental Genomics, Kobe University)

2P355 LOVドメインにおけるフラビンのラマンおよびIRスペクトルとその振動解析

○菊池 定人¹⁾, 海野 雅司^{1,4)}, 直原 一徳²⁾, 徳富 哲²⁾, 山内 清吾³⁾

1) 佐賀大・理工 2) 大阪府立大・院理 3) 東北大・多元研 4) JST さきがけ

Vibrational Analysis of the FMN chromophore in LOV Domains

Sadato Kikuchi (1), Masashi Unno (1) (4), and Kazunori Zikihara (2), Satoru Tokutomi (2), and Seigo Yamauchi (3). (1: Department of Chemistry and Applied Chemistry, Faculty of Science and Engineering, Saga University, 2: Department of Biological Science, Graduate School of Science, Osaka Prefecture University, 3: Institute of Multidisciplinary Research for Advanced Materials, Tohoku University, 4: PRESTO, JST)

2P356 シロイヌナズナ・フォトリポピン1および2LOV1ドメインの結晶構造解析

中迫 雅由¹⁾, 松岡 大介^{2,3)}, 直原 一徳²⁾, 桂 ひとみ²⁾, 徳富 哲²⁾

1) 慶応大・理工・物理 2) 大阪府大院・理学系・生物科学 3) 神戸大・遺伝子環境センター

Crystal structure of LOV1 domains in Arabidopsis phototropin 1 and 2

Masayoshi Nakasako (1), Daisuke Matsuoka (2,3), Kazunori Zikihara (2), Hitomi Katsura (2) and Satoru Tokutomi (2). (1: Dep. Physics, Faculty of Science and Technology, Keio University; 2: Dep. Biological Science, Graduate School of Science, Osaka Prefecture University; 3: Research Center for Environmental Genomics, Kobe University)

2P357 シロイヌナズナ phot1におけるLOV2ドメインからJ α ヘリックスへの光誘起構造変化の伝達メカニズム

○山本 渥史¹⁾, 岩田 達也¹⁾, 佐藤 義彰¹⁾, 松岡 大介²⁾, 徳富 哲²⁾, 神取 秀樹¹⁾

1) 名工大・院工 2) 大阪府大・院理

The transduction mechanism of light-induced conformational changes from the LOV2 domain to the J α helix in Arabidopsis phot1.

Atsushi Yamamoto (1), Tatsuya Iwata (1), Yoshiaki Sato (1), Daisuke Matsuoka (2), Satoru Tokutomi (2) and Hideki Kandori (1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology; 2: Department of Biological Science, Graduate School of Science, Osaka Prefecture University)

2P358 青色光受容体 Phototropin LOV2 の光反応に伴う構造変化

○永徳 丈¹⁾, 中曽根 祐介¹⁾, 直原 一徳²⁾, 松岡 大介²⁾, 徳富 哲²⁾, 寺嶋 正秀¹⁾

1)京大院理・化学 2)阪府大院理・生物 3)神大遺伝子研

Conformational dynamics of Phototropin LOV2 upon photoexcitation

Takeshi Eitoku (1), Yusuke Nakasone (1), Kazunori Zikihara (2), Daisuke Matsuoka (3), Satoru Tokutomi (2) and Masahide Terazima (1). (1: Dept Chemistry, Graduate School of Science, Kyoto univ.; 2: Dept of Biology, Graduate School of Science, Osaka pref. univ.; 3: Kobe univ. Research center for Environmental Genomics)

2P359 種々のフォトトロピンにおける LOV2 ドメインと J α -helix の光誘起構造変化

○小山 貴之¹⁾, 山本 渥史¹⁾, 岩田 達也¹⁾, 佐藤 義彰¹⁾, 松岡 大介²⁾, 徳富 哲²⁾, 神取 秀樹¹⁾

1)名工大院・工 2)大阪府大院・理

Light-induced structural changes of the LOV2 domain and the J α helix in various phototropins.

Takayuki Koyama(1), Atsushi Yamamoto(1), Tatsuya Iwata(1), Yoshiaki Sato(1), Daisuke Matsuoka(2), Satoru Tokutomi(2), Hideki Kandori(1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology; 2: Department of Biological Science, Graduate School of Science, Osaka Prefecture University)

2P360 シロイヌナズナ青色光受容体 Phototropin1 の LOV2-kinase 領域の光誘起構造変化

○岡島 公司¹⁾, 嶋田 崇史²⁾, 松岡 大介³⁾, 徳富 哲¹⁾

1)大阪府大・理 2)島津製作所 3)神戸大・遺伝子

Light-induced conformational changes in LOV2-kinase polypeptide of Arabidopsis phototropin 1, a blue light sensor

Koji Okajima (1), Takashi Shimada (2), Daisuke Matsuoka (3) and Satoru Tokutomi (1) (1: Dept. of Biological Sciences, Osaka Prefecture Univ; 2: SHIMADZU; 3: Research Center for Environment Genomics, Kobe Univ)

3 日目 (12/23)

蛋白質 (構造・構造機能相関) (Proteins— structure and structure-function relationship)

3P001 X線1分子追跡法による抗原抗体反応の定量評価

○佐川 琢麻¹⁾, 東 隆親²⁾, 佐々木 裕次¹⁾

1)SPRING-8/JASRI JST/CREST (Sasaki Team) 2)東京理科大・生命科学・生命情報

The quantitative determination of antigen-antibody interactions at single molecular levels using Diffracted X-ray Tracking (DXT).

Takuma Sagawa (1), Takachika Azuma (2), Yuji C. Sasaki (1). (1: SPRING-8/JASRI JST/CREST; 2: Research Institute for Biological Sciences, Tokyo University of Science)

3P002 二次構造解析によるカルモジュリンの熱安定性機構の解明

○笹倉 大督¹⁾, 布村 渉²⁾, 志波 公平^{3,4)}, 高桑 雄一²⁾

1)ブルカー・オプティクス 2)東女医大・医・生化学 3)シスメックス 4)九大院・工学

Secondary structural analysis of thermal stability of calmodulin

Daisuke Sasakura(1), Wataru Nunomura (2), Kohei Shiba (3, 4), Yuichi Takakuwa (2). (1:Bruker Optics KK; 2:Dep Biochem, Tokyo Women's Medical Univ; 3:Sysmex; 4:Graduate School of Engineering., Univ of Kyushu)

3P003 ヒト・トロンボポエチン中和抗体 TN1 の抗原結合による構造学的・熱力学的変化

○新井 栄揮¹⁾, 玉田 太郎¹⁾, 前田 宜丈²⁾, 黒木 良太¹⁾

1)原子力機構・量子ビーム 2)麒麟ビール(株)医薬カンパニー・医薬フロンティア研究所

Structural and Thermodynamic Change upon the Antigen Binding of Human Thrombopoietin Neutralizing IgG TN1

Shigeki Arai (1), Taro Tamada (1), Yoshitake Maeda (2) and Ryota Kuroki (1). (1: Quantum Beam Science Directorate, JAEA; 2: Pharmaceutical Frontier Laboratory, Kirin Brewery Company Ltd.)

3P004 C末端領域を欠損したマウス CD38 細胞外ドメインの結晶構造解析

○新野 睦子¹⁾, 三嶋 千恵美¹⁾, 脇山 素明¹⁾, 寺田 貴帆¹⁾, 白水 美香子¹⁾, 横山 美紀²⁾, 柳下 正樹²⁾, 横山 茂之^{1,3)}

1)理研横浜・GSC・タンパク質基盤 2)東医歯大・院・硬生化 3)東大・院理・生化

Crystal structure of murine CD38 extracellular domain in the C-terminally truncated form

Mutsuko Kukimoto-Niino (1), Chiemi Mishima (1), Moktoaki Wakiyama (1), Takaho Terada (1), Mikako Shirouzu (1), Miki Hara-Yokoyama (2), Masaki Yanagishita (2) and Shigeyuki Yokoyama (1,3). (1: RIKEN Genomic Sciences Center; 2:Tokyo Medical and Dental Univ. 3: Graduate School of Sciences, Univ of Tokyo)

3P005 TRPC3 の3次元構造

三尾 和弘¹⁾, 小椋 俊彦¹⁾, ○佐藤 主税¹⁾

1)産総研・脳神経情報

Three dimensional structure of TRPC3 channel: TRPC3 has a large internal chamber surrounded by signal sensing antennas

Kazuhiro Mio, Toshihiko Ogura, Chikara Sato(Neuroscience Research Institute, AIST)

3P006 X線結晶構造解析による、超好熱古細菌由来サチライシンの成熟化機構の研究

○田中 俊一¹⁾, 松村 浩由¹⁾, 高野 和文¹⁾, 古賀 雄一¹⁾, 金谷 茂則¹⁾

1)阪大院・工学研究科

Study on the maturation mechanism of subtilisin from a hyperthermophilic archaeon with X-ray crystallographic analyses

Shun-ichi Tanaka,1 Hiroyoshi Matsumura,2,3 Yuichi Koga,1 Kazufumi Takano,1,3 and Shigenori Kanaya1(1Dept. Material & Life Sci., Grad. School of Eng., Osaka Univ., 2Dept. Applied Chem., Grad. School of Eng., Osaka Univ., and 3CREST, JST)

3P007 X線小角散乱を用いたシアノバクテリア由来の時計蛋白質 KaiC の構造変化

○野原 淳志^{1,2,3)}, 前田 雄一郎^{1,2)}, 伊藤 和輝³⁾, 西脇 妙子¹⁾, 景山 伯春¹⁾, 近藤 孝男¹⁾, 秋山 修志^{3,4)}

1)名大院・理・生命理 2)ERATO・アクチンフィラメント動態プロジェクト 3)理研播磨・放射光科学総合研究センター4)科学技術振興機構 さきがけ

Small-Angle X-ray Scattering Study on Cyanobacterial Clock Protein of KaiC

Atsushi Nohara (1, 2, 3), Yuichiro Maeda (1, 2), Kazuki Ito (3), Taeko Nishiwaki (1), Hakuto Kageyama (1), Takao Kondo (1), Shuji Akiyama (3, 4). (1:Div. of Biol. Science, Graduate School of Science, Nagoya University; 2: ERATO Actin Filament Dynamics Project; 3: RIKEN SPring-8 Center; 4: PRESTO, JST)

3P008 ブタ膵臓エラスターゼー阻害剤複合体の中性子構造解析

○玉田 太郎¹⁾, 木下 誉富²⁾, 大原 高志¹⁾, 栗原 和男¹⁾, 多田 俊治²⁾, 黒木 良太¹⁾

1)原子力機構・量子ビーム 2)阪府大・院理

Neutron structure analysis of the complex of porcine pancreatic elastase with its inhibitor

Taro Tamada (1), Takayoshi Kinoshita (2), Takashi Ohhara (1), Kazuo Kurihara (1), Toshiji Tada (2) and Ryota Kuroki (1). (1: Quantum Beam Science Directorate, Japan Atomic Energy Agency; 2: Graduate School of Science, Osaka Prefecture Univ)

3P009 ジベレリン (GA) 受容体タンパク質 GID1 と GA シグナル抑制因子タンパク質 SLR1 の複合体形成機構の解明

○相 宏宇¹⁾, 竹内 裕美²⁾, 上口 (田中) 美弥子³⁾, 村田 勝義¹⁾, 中嶋 正敏^{1,4)}, 松岡 信³⁾, 加藤 悦子^{1,3)}

1)生物研 2)長技大 3)名大 4)東大

Interaction mechanism of gibberellin (GA) receptor GID1 and GA signal regulation protein SLR1

Hongyu Xiang (1), Hiromi Takeuchi (2), Miyako Ueguchi-Tanaka (3), Katsuyoshi Murata (1), Masatoshi Nakajima (4), Makoto Matsuoka (3) and Etsuko Katoh (1). (1: Nat. Int. of Agr. Sci.; 2: Nagaoka Univ. of Technology; 3: Nagoya Univ.; 4: Univi. of Tokyo.)

3P010 熱分析によるジベレリン (GA) 受容体タンパク質 GID1 と GA 相互作用の解明

竹内 裕美²⁾, 相 宏宇¹⁾, 上口 (田中) 美弥子³⁾, 村田 勝義¹⁾, 中嶋 正敏⁴⁾, 野中 孝昌⁵⁾, 松岡 信³⁾, ○加藤 悦子¹⁾

1)生物研 2)長技大 3)名大 4)東大 5)岩医大

Thermodynamic analysis of gibberellin (GA) receptor GID1-GAs interactions

Hiromi Takeuchi (2), Hongyu Xiang (1), Miyako Ueguchi-Tanaka (3), Katsuyoshi Murata (1), Masatoshi Nakajima (4), Takamasa Nonaka (5), Makoto Matsuoka (3) and Etsuko Katoh (1) (1: Nat. Ins. of Agr. Sci., 2: Nagaoka Univ. of Tec., 3: Nagoya Univ., 4: Univ. of Tokyo, 5: Iwate Med. Univ.)

3P011 コラーゲン Type IV の凝集体に対する HP の影響

○河合 健一¹⁾, 柳野 美希¹⁾, 亀山 孝二²⁾, 町田 稔³⁾, 内藤 善哉²⁾, 清水 昭夫¹⁾

1)創価大院・工学 2)日本医大・病理学 3)国立がんセンター

Influence of HP to the aggregation of collagen type IV

Kenichi Kawai (1), Miki Yanagino (1), Koji Kameyama (2), Minoru Machida (3), Zenya Naito (2) and Akio Shimizu (1). (1: Department of Engineering, Soka University; 2: Department of Pathology, Nippon Medical School; 3: Research Center for Cancer Prevention and Screening, National Cancer Center.

3P012 コラーゲン Type IV と HP の相互作用

○柳野 美希¹⁾, 河合 健一¹⁾, 亀山 孝二²⁾, 町田 稔³⁾, 内藤 善哉²⁾, 清水 昭夫¹⁾

1)創価大院・工学 2)日本医大・病理学 3)国立がんセンター

The interaction of collagen type IV and HP

Miki Yanagino(1), Kenichi Kawai(1), Koji Kameyama(2), Minoru Machida(3), Zenya Naito(2) and Akio Shimizu(1). (1:Department of Engineering, Soka University; 2:Department of Pathology, Nippon Medical School; 3:Research Center for Cancer Prevention and Screening, National Cancer Center)

3P013 金属イオン結合性ペプチドナノチューブのデザイン

○木戸脇 彩¹⁾, 田村 厚夫¹⁾

1) 神大院・理学・化学

Designing peptide nanotubes that bind metal ions

Aya Kidowaki (1) and Atsuo Tamura (1). (1: Graduate School of Science, Kobe University)

3P014 フーリエ変換赤外分光法によるタンパク質の構造変化の解析

○福永 幸裕¹⁾, 三好 憲雄¹⁾

1) 福井大学・医学・腫瘍病理

Fourier transform infrared spectroscopic analysis of conformation change of protein.

Yukihiro Fukunaga (1) and Norio Miyoshi (1). (1: Dept Tumor Pathol, Faculty of Medicine, Univ of Fukui)

3P015 ストラクチュロームでの分子ネットワークの構築と解析

○関藤 充伸¹⁾, 皿井 明倫²⁾

1) 九工大院・情報工・生命情報 2) 九工大・情報工・生命情報

Construction and Analysis of Biomolecular Network in Structurome

Mitsunobu Sekitou (1) and Akinori Sarai (1) (1:Dept. Bioscience and Bioinformatics, Kyushu Institute of Technology)

3P016 未構造タンパク質の機能と進化的特性の解析

○黄 鶴¹⁾, 皿井 明倫²⁾

1) 九工大院・情報工・情報科学 2) 九工大・情報工・情報科学

Functional and Evolutionary Characteristics of Disordered Proteins

Huang He (1), Akinori Sarai (1). (1:Dept Life Bioscience and Bioinformatics, Graduate School of Computer Science and Systems Engineering, Kyushu Institute of Technology)

3P017 プロリンスキャン変異によるトランスサイレチンのアミロイド中間体の研究

○長井 優香里¹⁾, 水口 峰之¹⁾, 斉藤 大祐¹⁾, 竹内 誠¹⁾, 鍋島 裕子¹⁾, 森 佳洋¹⁾, 篠田 裕之¹⁾, 河野 敬一²⁾

1) 富山大院・薬学系・構造生物学 2) 北大院・理学系・生体高分子

Study of the amyloidogenic intermediate of transthyretin by proline-scanning mutagenesis.

Yukari Nagai(1), Mineyuki Mizuguchi(1), Daisuke Saitoh(1), Mokoto Takeuchi(1), Yuko Nabeshima(1), Yoshihiro Mori(1), Hiroyuki Shinoda(1) and keiichi Kawano(2) (1:Faculty of Pharmaceutical Sciences, Univ of Toyama ; 2:Graduate School of Science, Hokkaido University)

3P018 膜中での A ベータペプチドの構造と膜付近の APP フラグメントの構造

○宮下 尚之¹⁾, Straub John E.²⁾, Thirumalai Devarajan³⁾

1) 岐阜大人獣研 2) ボストン大化学 3) メリーランド大化学生化学

The Structure of Amyloid β Peptide 1-40 in the membrane and the 672-726 fragment of APP

Naoyuki Miyashita (1) (4), John E. Straub (1) (2) and Devarajan Thirumalai (3). (1: Chemistry Dept., Boston University; 2: Dept. of Chem, Montana State University; 3: Dept. of Chem. and Biochem., Maryland University; 4: Present address. CEID Gifu University)

3P019 tRNA に依存したセレノシステイン生合成の構造的基盤

○荒磯 裕平¹⁾, Palioura Sotiria²⁾, 石谷 隆一郎¹⁾, 押鐘 浩之¹⁾, 堂前 直³⁾, Söl|| Dieter²⁾, 濡木 理¹⁾

1) 東工大院・生命理工 2) Yale 大学 3) 理化学研究所

Structural insights into RNA-dependent eukaryal and archaeal selenocysteine formation

Yuhei Araiso (1), Sotiria Pailouer (2), Ryuichiro Ishitani (1), Hiroyuki Oshikane (1), Naoshi Domae (3), Dieter Söl|| Dieter (2) and Osamu Nureki (1). (1:Grad. Sch. Biosci. and Biotech., Tokyo Inst. of Tech.; 2:Yale Univ.; 3:RIKEN)

3P020 ネムリユスリカ由来 LEA タンパク質の高次構造に与える乾燥履歴の影響

○古木 隆生¹⁾, 宮澤 光博²⁾, 黄川田 隆広²⁾, 奥田 隆²⁾, 櫻井 実¹⁾

1) 東工大バイオ研究基盤支援総合センター 2) 農業生物資源研究所

Effects of drying history on the Conformational States of a Dehydrated LEA protein from *Polypedilum vanderplanki*

Takao Furuki(1), Mitsuhiro Miyazawa(2), Takahiro Kikawada(2), Takashi Okuda(2), and Minoru Sakurai(1) (1:Center for Biological Resources and Informatics, Tokyo Institute of Technology;

2:National Institute of Agrobiological Science

3P021 サルモネラ由来の FliM-FliN, FliM-FliN-FliH-FliI 複合体の精製とその性質

○長島 重広¹⁾, Degenkolbe Roland²⁾, 松波 秀行^{1,2)}, 今田 勝己^{1,2)}, 難波 啓一^{1,2)}

1) 科学技術振興機構 ICORP 超分子ナノマシンプロジェクト 2) 阪大院・生命機能

Purification and characterization of the FliM-FliN and FliM-FliN-FliH-FliI complexes from Salmonella

Shigehiro Nagashima(1), Roland Degenkolbe(2), Hideyuki Matsunami(1,2), Katsumi Imada(1,2) and Keiichi Namba(1,2) (1:Dynamic Nanomachine Project, ICORP, JST, 2:Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka Univ.)

3P022 hMTH1 による 8-oxo-dATP の認識機構

中村 照也¹⁾, 有森 貴夫¹⁾, 池水 信二¹⁾, 白川 昌宏²⁾, 中別府 雄作³⁾, ○山縣 ゆり子¹⁾

1) 熊本大院薬 2) 京大院工 3) 九大生医研

Crystal structure of 8-oxo-dATP-hMTH1 complex reveals a diversity of substrate recognition by hMTH1

Teruya Nakamura(1), Takao Arimori(1), Shinji Ikemizu(1), Masahiro Shirakawa(2), Yusaku Nakabeppu(3) and Yuriko Yamagata(1). (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Kumamoto Univ; 2: Graduate School of Engineering, Kyoto Univ; 3: Medical Institute of Bioregulation, Kyushu Univ)

3P023 EFC/F-BAR ドメインによる脂質膜チューブ化機構

○嶋田 睦¹⁾, 丹羽 英明¹⁾, 辻田 和也²⁾, 末次 志郎^{3,4)}, 新田 浩二⁵⁾, 塙-末次 京子⁶⁾, 赤坂 領吾⁶⁾, 西野 有理¹⁾, 外山 光俊⁶⁾, 山本 雅貴¹⁾, 寺田 貴帆⁶⁾, 宮澤 淳夫¹⁾, 田仲 昭子⁶⁾, 菅野 純夫⁷⁾, 白水 美香子⁶⁾, 永山 國昭⁵⁾, 竹縄 忠臣²⁾, 横山 茂之^{6,8)}

1) 理研・播磨 2) 神戸大・院医 3) 東大・分生研 4) 科技団・さきがけ 5) 自然科学研究機構・岡崎統合バイオ 6) 理研・GSC7) 東大・院新領域 8) 東大・院理

Mechanism of membrane tubulation by the EFC/F-BAR domain

Atsushi Shimada (1), Hideaki Niwa (1), Kazuya Tsujita (2), Shiro Suetsugu (3,4), Koji Nitta (5), Kyoko Hanawa-Suetsugu (6), Ryogo Akasaka (6), Yuri Nishino (1), Mitsutoshi Toyama (6), Masaki Yamamoto (1), Takaho Terada (6), Atsuo Miyazawa (1), Akiko Tanaka (6), Sumio Sugano (7), Mikako Shirouzu (6), Kuniaki Nagayama (5), Tadaomi Takenawa (2) and Shigeyuki Yokoyama (6,8). (1:RIKEN SPring-8 Center, Harima Inst.; 2: Kobe Univ. Grad. Sch. Med.; 3: Inst. Mol. Cell. Biosci., Univ. Tokyo.; 4: PREST JST; 5: Okazaki Inst. Integrat. Biosci., Natl. Inst. Nat. Sci.; 6: RIKEN GSC; 7: Grad. Sch. Front. Sci., Univ. Tokyo; 8: Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)

3P024 モデル系を用いたグループ 3LEA タンパク質 (G3LEA) の乾燥誘導構造変化に関する研究

○清水 天平¹⁾, 三山 祥平¹⁾, 古木 隆生¹⁾, 金森 保志²⁾, 黄川田 隆弘²⁾, 奥田 隆²⁾, 高橋 剛³⁾, 三原 久和³⁾, 櫻井 実¹⁾

1) 東工大・バイオセンター 2) 生物研 3) 東工大院・生命理工

Model study of the desiccation-induced structural transformations of Group-3 Late Embryogenesis Abundant (G3LEA) proteins

Tempei Shimizu (1), Shohei Miyama (1), Takao Furuki (1), Yasushi Kanamori (2), Takahiro Kikawada (2), Takashi Okuda (2), Hisakazu Mihara(3), Tsuyoshi Takahashi(3), and Minoru Sakurai (1) (1:Cent for Biological Resources and Informatics, Tokyo Institute of Technology; 2: National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS); 3:Dept Bioengineering, Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Institute of Technology)

3P025 凍結乾燥状態における poly-L-lysine の低振動スペクトルとその二次構造

○神原 大¹⁾, 田村 厚夫²⁾, 内藤 晶³⁾, 内野 隆司²⁾, 富永 圭介^{1,2)}

1) 神戸大・分子フォト 2) 神大院・理学研究科 3) 横国大院・工学研究院

Low-Frequency Spectra and Secondary Structures of poly-L-lysine in a Lyophilized Form

Ohki Kambara (1), Atsuo Tamura (2), Akira Naito (3), Takashi Uchino (2), Keisuke Tominaga (1,2). (1: Molecular Photoscience Research Center, Kobe Univ., 2: Graduate School of Science, Kobe Univ., 3: Graduate School of Engineering, Yokohama National Univ.)

3P026 サルモネラ菌 L 型直線形べん毛繊維のラマン光学活性に対するべん毛繊維濃度の影響

○内山 具典¹⁾, 園山 正史²⁾, 濱田 嘉昭³⁾, 林 史生^{1,4)}, 大澤 研二^{1,4)}

1) 群大院・工学系・ナノ材料 2) 名大院・工学系・応用物理 3) 放送大 4) 群大院・工学系・応用化学生物化学

Effect of the filament concentrations on Raman optical activity of L-type straight flagellar filaments of Salmonella

Tomonori Uchiyama(1), Masashi Sonoyama(2), Yoshiaki Hamada(3), Fumio Hayashi(1), (4), and Kenji Oosawa(1), (4) (1:Dept Nano material Systems., Univ of Gunma; 2:Dept Applied Physics., Univ of

Nagoya; 3:The University of the Air; 4:Dept Chem and Chem Bio., Univ of Gunma)

3P027 MM-PBSA 法によるヒト血清アルブミンの脂肪酸強結合部位の同定

○藤原 伸一¹⁾, 網崎 孝志¹⁾

1)鳥取大・医・保健

Identification of high affinity fatty acid binding sites on human serum albumin by MM-PBSA method
Shin-ichi Fujiwara, Takashi Amisaki (Department of Biological Regulation, Faculty of Medicine, Tottori University)

3P028 時間領域テラヘルツ分光によるバクテリオロドプシンの低振動スペクトル

○川口 新太郎¹⁾, 柴田 幹大²⁾, 神取 秀樹²⁾, 富永 圭介^{1,3,4)}

1)神戸大院理 2)名工大院工 3)神戸大分子フォトサイエンス研究センター 4)CREST/JST

Low-Frequency Spectrum of Bacteriorhodopsin Studied by Terahertz Time-Domain Spectroscopy
Shintaro Kawaguchi(1), Mikihiro Shibata(2), Hideki Kandori(2), Keisuke Tominaga(1,3,4) (1: Graduate School of Science, Kobe University, 2: Nagoya Institute of Technology 3: Molecular Photoscience Research Center, Kobe University, 4: CREST/JST)

3P029 トランスサイレチン変異体の細胞毒性

○副島 美野里¹⁾, 水口 峰之¹⁾, 五十嵐 行平¹⁾, 鍋島 裕子¹⁾, 森 佳洋¹⁾, 篠田 裕之¹⁾, 河野 敬一²⁾

1)富大院・薬学系・構造生物学 2)北大院・理学系・生体高分子

Cytotoxicity of transthyretin variants

Minori Soejima(1), Mineyuki Mizuguchi(1), Kohei Igarashi(1), Yuko Nabeshima(1), Yoshihiro Mori(1), Hiroyuki Shinoda(1) and Keiichi Kawano(2). (1: Faculty of Pharmaceutical Sciences, Univ of Toyama; 2: Graduate School of Science, Hokkaido Univ)

3P030 細胞性粘菌アクチンの部位特異的変異を用いたアクチン SS ダイマーの研究

○栗原 雅¹⁾, 氏家 加洋子¹⁾, 大木 高志¹⁾, 久保田 寛顕¹⁾, 大野 力徳¹⁾, 石渡 信一¹⁾

1)早大院・理学系・生物物理

A study on actin SS dimer by site-directed mutagenesis of *Dictyostelium* actin.

Masashi Kuribara (1), Kayoko Ujiie (1), Takashi Ohki (1), Hiroaki Kubota (1), Chikanori Ohno (1), and Shin'ichi Ishiwata (1). (1:Department of Physics, Faculty of Science and Engineering, Waseda University)

3P031 哺乳類のキサンチン脱水素酵素とバクテリア由来のキサンチン脱水素酵素との間における動的構造の差異

○菊地 浩人¹⁾, 藤崎 弘士²⁾, 渡部 昇³⁾, 岡本 研⁴⁾, Leimkuhler Silke⁵⁾, 西野 武士⁴⁾

1)日本医大・物理 2)Inst. of Phys. and Theor. Chem., J. W. Goethe-Univ., Germany 3)日本医大・情報科学センター 4)日本医大・第一生化 5)Inst. of Biochem. and Biol., Univ. of Potsdam, Germany

Difference in the dynamic structure between mammalian and bacterial xanthine oxidoreductases

Hiroto Kikuchi (1), Hiroshi Fujisaki (2), Noboru Watanabe (3), Ken Okamoto (4), Silke Leimkuhler (5) and Takeshi Nishino (4). (1: Dept. of Phys., Nippon Medical School; 2: Inst. of Phys. and Theor. Chem., J. W. Goethe-Univ., Germany; 3: Center for Info. Sci., Nippon Medical School; 4: Dept. of Biochem. and Mol. Biol., Nippon Medical School; 5: Inst. of Biochem. and Biol., Univ. of Potsdam, Germany)

3P032 SDSL-ESR 法によるシアノバクテリア概日時計タンパク質の解析

○石井 健太郎¹⁾, 村上 怜子²⁾, 武藤 梨沙²⁾, 石浦 正寛²⁾, 荒田 敏昭¹⁾

1)阪大院・理学・生物 2)名大・遺伝子

SDSL-ESR study of the cyanobacterial clock protein

Kentaro Ishii (1), Reiko Murakami (2), Risa Mutoh (2), Masahiro Ishiura (2) and Toshiaki Arata (1). (1: Dept Biology, Graduate School of Science, Osaka University; 2: Center for Gene Research, Nagoya University)

3P033 重合核形成因子 Spire によるアクチン二量体形成の促進

○伊藤 卓冬^{1,2)}, 前田 雄一郎^{1,2)}, 小田 俊郎^{2,3)}

1)名大院・理・生命理 2)ERATO・アクチンフィラメント動態プロジェクト 3)播磨理研・放射光科学・構造生理・X線

Spire enhances the actin dimerization step in the polymerization

Takuto Ito(1,2), Yuichiro Maeda(1,2) and Toshiro Oda(2,3). (1:Dept Life Science, Graduate school of Science, Univ of Nagoya; 2:ERATO Actin Filament Dynamics Project; 3:X-ray,RIKEN SPring-8 center,RIKEN Harima Inst)

3P034 光散乱法を用いた機能性タンパク質の相互作用活性および構造安定性解析

○志波 公平^{1,2)}, 森 健¹⁾, 新留 琢郎¹⁾, 小笠原 京子³⁾, 中川 敦史³⁾, 片山 佳樹¹⁾

1)九大院・工 2)シスメックス 3)阪大蛋白研

An assay of binding activity and structural stability of protein-substrates on light scattering.

Kohei Shiba(1,2), Takeshi Mori(1), Takuro Niidome(1), Kyoko Ogasahara(3), Atsushi Nakagawa(3) and Yoshiaki Katayama(1). (1: Faculty of Engineering, Kyushu University, 2: Sysmex Corporation, 3: Institute for Protein Research, Osaka University)

3P035 Zic タンパク質の構造と物性

加藤(酒井) くみ子¹⁾, ○河西 亜希子¹⁾, 石黒 亮²⁾, 御子柴 克彦²⁾, 有賀 純²⁾, 楯 直子¹⁾

1) 武蔵野大・薬 2) 理研・BSI

The conformational and physicochemical characteristics of Zic proteins

Kumiko Sakai-Kato (1), Akiko Kasai (1), Akira Ishiguro (2), Katsuhiko Mikoshiba (2), Jun Aruga (2), and Naoko Utsunomiya-Tate (1). (1: Res Instit of Pharm Sci, Musashino Univ; 2: RIKEN BSI)

3P036 C2H2 型ジンクフィンガータンパク質、Zic タンパク質の構造と Gli 及び Glis タンパク質との系統樹的關係の解析

○加藤(酒井) くみ子¹⁾, 石黒 亮²⁾, 有賀 純²⁾, 楯 直子¹⁾

1) 武蔵野大・薬 2) 理研・BSI

A structural dynamics of Zic family proteins, C2H2-type zinc finger proteins, and their relationships with Gli/Glis family proteins

Kumiko Sakai-Kato (1), Akira Ishiguro (2), Jun Aruga (2), and Naoko Utsunomiya-Tate (1). (1: Res Instit of Pharm Sci, Musashino Univ; 2: RIKEN BSI)

3P037 F₁-ATPase の ε サブユニットの N 末端ドメインは C 末端ドメインへの ATP の結合に影響する

○東川 浩子¹⁾, 今村 博臣¹⁾, 野地 博行¹⁾

1) 阪大・産研

N-terminal domain of F₁-ATPase ε subunit affects ATP binding to the C-terminal domain

Hiroko Togawa, Hiroimi Imamura, Hiroyuki Noji ISIR, Osaka Univ.

3P038 ロドプシン細胞内第 3 ループと機能的に相同な、ファミリー 2 G 蛋白質共役型受容体の細胞内ループの探索

○戸瀬 浩仁¹⁾, 山下 高廣¹⁾, 七田 芳則¹⁾

1) 京大院・理・生物物理

The cytoplasmic loop of Family 2 G protein coupled receptor that is functionally homologous to the 3rd loop of rhodopsin

Koji Tose(1), Takahiro Yamashita(1) and Yoshinori Shichida(1). (1: Dept Biophysics, Graduate School of Science, Kyoto University)

3P039 ラット S100 蛋白質中疑 EF ハンドの金属結合特性

○村山 幸市¹⁾, 寺田 知新¹⁾, 松田 禎行²⁾

1) 岐阜大院・医・分子生理 2) 北教大・旭川・地域環境教育

Metal binding property of pseudo EF hand in rat S100B protein

Koichi Murayama (1), Tomoyoshi Terada (1) and Sadayuki Matsuda (2). (1: Dept. Biophysics and Physiology, Graduate School of Medicine, Gifu University; 2: School of Natural Science, Engineering and Agriculture Hokkaido University of Education at Asahikawa)

3P040 モノクローナル抗体を用いたタンパク質の構造変化の解析

○中川 将利¹⁾, 竹川 邦子¹⁾, 東 隆親¹⁾

1) 東京理科大・生命研

A method for the detection of conformational change at neutral pH region by monoclonal antibodies

Masatoshi Nakagawa (1), Kuniko Takekawa (1) and Takachika Azuma (1). (1: Research Institute for Biological Sciences, Tokyo University of Science)

3P041 網羅的アラニン挿入変異法によるジヒドロ葉酸還元酵素の構造形成および機能発現領域の抽出

○芝 るみ¹⁾, 上久保 裕生¹⁾, 梅山 美香¹⁾, 山崎 洋一¹⁾, 巖倉 正寛²⁾, 片岡 幹雄¹⁾

1) 奈良先端大・物質 2) 産総研

Extraction of the regions encoded foldability and/or functionability from dihydrofolate reductase by a systematic alanine insertion

Rumi Shiba(1), Hironari Kamikubo(1), Mika Umeyama(1), Yoichi Yamazaki(1), Masahiro Iwakura(2) and Mikio Kataoka(1) (1: Graduate School of Material Science, Nara Institute of Science and Technology, 2: Protein Design Research Group Institute for Biological Resources and Functions National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

3P042 ジヒドロ葉酸還元酵素におけるフォールディングエレメントや活性部位の接続部位に含まれる情報の抽出

○政 さやか¹⁾, 上久保 裕生¹⁾, 梅山 美香¹⁾, 山崎 洋一¹⁾, 巖倉 正寛²⁾, 片岡 幹雄¹⁾

1)奈良先端大・物質創成科学研究科 2)産総研・タンパク質デザイン研究グループ

Elucidation of the information encoded in the regions connecting folding elements and/or active site of dihydrofolate reductase

Sayaka Tsukasa(1), Hironari Kamikubo(1), Mika Umeyama(1), Yoichi Yamazaki(1), Masahiro Iwakura(2), and Mikio Kataoka(1). (1:Graduate school of materials science, Nara institute of science and technology; 2:Protein Design Research Group, Institute for Biological Resources and Functions National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

蛋白質 (物性 (安定性、折れ畳みなど)) (Proteins- stability, folding, and other physicochemical properties)

3P043 アミロイドβペプチドにおけるアミロイド線維形成に対するグリシンの役割

○伊藤 暁¹⁾, 岡本 祐幸¹⁾

1)名大理

Role of Glycines on Amyloidogenesis of Alzheimer's Amyloid-Beta Peptide Fragments

Satoru G. Itoh (1) and Yuko Okamoto (1). (1: Dept. Physics, Nagoya Univ.)

3P044 Gelsolin domain-2 と amyloid beta-peptide の相互作用

深澤 創¹⁾, ○水口 峰之¹⁾, 高橋 真樹¹⁾, 鍋島 裕子¹⁾, 森 佳洋¹⁾, 篠田 裕之¹⁾, 河野 敬一²⁾

1)富山大・薬 2)北大・院

Interaction between gelsolin domain-2 and amyloid beta-peptide

Hajime Fukasawa (1), Mineyuki Mizuguchi (1), Masaki Takahashi (1), Yuko Nabeshima (1), Yoshihiro Mori (1), Hiroyuki Shinoda (1) and Keiichi Kawano (2). (1: Faculty of Pharmaceutical Sciences, Univ of Toyama; 2: Graduate School of Science, Hokkaido Univ)

3P045 GM1含有脂質ラフト様膜を介した毒性型アミロイドβ蛋白質の形成

岡田 琢磨^{1,2)}, 池田 恵介¹⁾, ○松崎 勝巳¹⁾

1)京大院・薬・薬品機能解析 2)学振特別研究員

Formation of toxic Aβ(1-40) fibrils on GM1 ganglioside-containing lipid raft mimicking membranes

Takuma Okada(1,2), Keisuke Ikeda (1) and Katsumi Matsuzaki (1). (1:Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Kyoto University; 2:JSPS research fellow)

3P046 マウスプリオン蛋白質のアミロイド原性ペプチドに関する研究

○山口 圭一¹⁾, 松本 友治¹⁾, 児玉 耕太¹⁾, 桑田 一夫¹⁾

1)岐阜大・人獣

Amyloidogenic synthetic peptides of mouse prion protein

Kei-ichi Yamaguchi (1), Tomoharu Matsumoto (1), Kota Kodama (1) and Kazuo Kuwata (1). (1: Center for Emerging Infectious Diseases, Gifu Univ.)

3P047 若いアミロイドプロトフィブリルの解離における活性化体積と活性化圧縮率

○河野 良平¹⁾, 大川 敏広¹⁾, 橋 秀樹²⁾, 赤坂 一之¹⁾

1)近畿大・生物理工 2)神戸大・理

Activation Volume and Activation Compressibility for Dissociation of Young Amyloid Protofibrils

Ryohei Kono(1), Toshihiro Ohkawa(1), Hideki Tachibana(2), Kazuyuki Akasaka(1). (1: Department of Biotechnological Science, School of Biology-Oriented Science and Technology, Kinki University; 2: Department of Biology, Graduate School of Science, Kobe University)

3P048 様々なアミロイド線維のパッキングに関する研究

○李 映昊¹⁾, 茶谷 絵里¹⁾, 内木 宏延²⁾, 後藤 祐児¹⁾

1)阪大 蛋白研 CREST 2)福大 医 CREST

Packing density of amyloid-like and amyloid fibrils

Young-Ho Lee (1), Eri Chatani (1), Hironobu Naiki (2) and Yuji Goto (1). (1: Institute for Protein Research, Osaka Univ. and CREST; 2: Faculty of Medical Sciences, Univ. of Fukui and CREST)

3P049 アミロイドの分子間感染

○林 逸歩¹⁾, 中塚 賢¹⁾, 前野 寛大¹⁾, 森本 康一¹⁾, 赤坂 一之¹⁾

1)近大院・生物理工・生物工学

Intermolecular Propagation of brich Protofibril

(1)Itsuho Hayashi, (1)Ken Nakatsuka, (1)Akihiro Maeno, (1)Koichi Morimoto and (1)Kazuyuki Akasaka. (1: Dept Biotechnological Science, Univ of Kinki)

3P050 タウ蛋白質由来ペプチドの凝集特性に対する化学修飾効果

○今野 卓¹⁾, 平田 晃義²⁾, 杉本 健二²⁾, 森井 孝²⁾

1)福井大・医・分子生理 2)京都大・エネルギー理工研

Effects of chemical modification upon aggregation properties of tau-derived peptides

Takashi Konno (1), Akiyoshi Hirata (2), Kennji Sugimoto (2) and Takashi Morii (2). (1:Dept Molecular Physiology and Biophysics, Faculty of Medical Sciences, Univ of Fukui; 2:Institute of Advanced

Energy, Kyoto Univ)

3P051 ヒトカルシトニンおよびヒトカルシトニン変異体のアミロイド様線維形成機構と線維構造の固体NMRによる解析

○伊藤 ひかり¹⁾, 大道寺 謙悟¹⁾, 上平 美弥²⁾, 内藤 晶¹⁾

1)横国大・院・工 2)東北大・多元物質研

Structural analyses and amyloid-like fibrillation mechanism of hCT and its mutant as studied by high-resolution ¹³C solid-state NMR

Hikari Itoh(1), Kengo Daidoji(1), Miya Kamihira(2), Akira Naito(1). (1:Grad. Sch. Eng, Yokohama Natl. Univ.; 2: Institute of Multidisciplinary Research, Tohoku Univ.)

3P052 β2-ミクログロブリンのアミロイド線維形成に対する還元剤の効果

○山本 香織¹⁾, 小澤 大作¹⁾, 八木 寿梓¹⁾, 内木 宏延^{2,3)}, 後藤 祐児^{1,3)}

1)阪大・蛋白研 2)福井大・医学部 3)CREST/JST

The effects of reductant on the amyloid fibril formation of β2-microglobulin

Kaori Yamamoto (1), Daisaku Ozawa (1), Hisashi Yagi (1), Hironobu Naiki (2,3) and Yuji Goto (1,3). (1: Inst. Protein Res., Osaka Univ.; 2: Fac. Med. Sci., Univ. of Fukui; 3: CREST/JST)

3P053 ¹³C 固体 NMR によるグルカゴンの脂質二重膜存在下におけるアミロイド様線維構造と線維形成機構の解明

○山根 衣寿美¹⁾, 藤田 英樹¹⁾, 吉本 瑛梨¹⁾, 内藤 晶¹⁾

1)横国大・大学院

Amyloidogenic fibrils and the structure of glucagon in the presence and absence of phospholipids as studied by ¹³C solid-state NMR

Izumi Yamane, Hideki Fujita, Eri Yoshimoto, Akira Naito. Graduate School of Engineering, Yokohama National University

3P054 固体 NMR によるアミロイド形成ペプチドのアミロイド線維形成阻害機構の解明

○内藤 晶¹⁾, 大道寺 謙吾¹⁾, 伊藤 ひかり¹⁾, 山根 衣寿美¹⁾, 川村 出¹⁾

1)横浜国大・院工

Amyloid fibril inhibition mechanism of amyloidogenic peptides as studied by solid state NMR spectroscopy

Akira Naito, Kengo Daidoji, Hikari Itoh, Izumi Yamane and Izuru Kawamura, (Graduate School of Engineering, Yokohama National University)

3P055 超音波破碎をもちいたアミロイド線維の分子量均質化

○茶谷 絵理¹⁾, 足達 瑠美¹⁾, 酒井 美世¹⁾, 内木 宏延²⁾, 後藤 祐児¹⁾

1)阪大・蛋白研, CREST 2)福井大・医, CREST

Uniforming the Molecular Weight of Amyloid Fibrils by Ultrasonication

Eri Chatani(1), Rumi Adachi (1), Miyo Sakai (1), Hironobu Naiki (2) and Yuji Goto (1). (1: Institute for Protein Research, Osaka Univ. and CREST; 2: Faculty of Medical Sciences, Univ. of Fukui and CREST)

3P056 蛋白質のアミロイド線維形成の熱力学的解析

○浜田 大三¹⁾

1)大阪府母子センター・免疫

Thermodynamic analysis of amyloid formation by proteins

Daizo Hamada (Dept Develop Infect Dis, Osaka Med Cent Matern and Child Health)

3P057 ジスルフィド結合欠損リゾチーム線維において水素/重水素交換から保護されるペプチド領域

○橋 秀樹¹⁾, 瀧沢 岳¹⁾, 河野 良平²⁾, 赤坂 一之²⁾, 中村 新子³⁾, 加藤 稔³⁾, 木村 雅也⁴⁾, 瀬川 新一⁴⁾

1)神戸大・理・生物 2)近畿大・生物理工・生物工学 3)立命館大・理工・応用化学 4)関西学院大・理工・物理

Peptide regions protected against hydrogen/deuterium-exchange in the fibril of a hen lysozyme disulfide-deficient variant

Hideki Tachibana (1), Takeshi Takizawa (1), Ryohei Kono (2), Kazuyuki Akasaka (2), Shinko Nakamura (3), Minoru Kato (3), Masaya Kimura (4), and Shin-ichi Segawa (4). (1: Dept Bio, Grad Sch Sci, Kobe Univ; 2: Dept Biotech Sci, Sch Biol-Oriented Sci Tech, Kinki Univ; 3: Dept Appl Chem, Coll Sci Eng, Ritsumeikan Univ; 4: Dept Phys, Sch Sci Tech, Kwansai Gakuin Univ)

3P058 リゾチーム単一ジスルフィド体線維化反応の速度論ならびに構造面における変異体間相違

橋 秀樹¹⁾, ○中山 裕亮¹⁾, 河野 良平²⁾, 赤坂 一之²⁾, 藤澤 哲郎³⁾, 遊佐 光伸⁴⁾, 瀬川 新一⁴⁾

1)神戸大・理・生物 2)近畿大・生物理工・生物工学 3)岐阜大・工・生命工学 4)関西学院大・理工・物理

Kinetic and Structural Variance in the Fibrillation among Lysozyme Single-Disulfide Variants

Hideki Tachibana (1), Yusuke Nakayama (1), Ryohei Kono (2), Kazuyuki Akasaka (2), Tetsuro Fujisawa (3), Mitsunobu Yusa (4), and Shin-ichi Segawa (4). (1: Dept Bio, Grad Sch Sci, Kobe Univ; 2: Dept Biotech Sci, Sch Biol-Oriented Sci Tech, Kinki Univ; 3: Dept Biomol Sci, Grad Sch Eng, Gifu Univ; 4: Dept Phys, Sch Sci Tech, Kwansai Gakuin Univ)

3P059 家族性ALSに見られるSOD1蛋白質のアミロイド形成と翻訳後修飾過程による制御メカニズム

○古川 良明¹⁾, 金子 貢巳¹⁾, 山中 宏二¹⁾, 貫名 信行¹⁾

1) 理研・脳科学

Elimination of post-translational modifications in SOD1 leads to form pathological amyloid-like aggregates in familial ALS

Yoshiaki Furukawa (1), Kumi Kaneko (1), Koji Yamanaka (1) and Nobuyuki Nukina (1). (1: Brain Science Institute, RIKEN)

3P060 プリオンのダイナミクスに基づく抗プリオン薬のデザイン

○桑田 一夫¹⁾, 鎌足 雄司¹⁾, 松本 友治¹⁾, 中村 寛則¹⁾, 早野 陽介¹⁾

1) 岐阜大・CEID

Dynamics based drug design for prion diseases

Kazuo Kuwata, Yuji O. Kamatari, Tomoharu Matsumoto, Hironori K. Nakamura, Yousuke Hayano. (Center For Emerging Infectious Diseases, Gifu University)

3P061 NDSBによる蛋白質の凝集防止とNMR測定への応用

向 隴¹⁾, 石井 毅¹⁾, 細田 和男¹⁾, 井上 裕介¹⁾, 行木 信一¹⁾, 窪田 健二¹⁾, 楯 真一²⁾, 河野 俊之³⁾, ○若松 馨¹⁾

1) 群馬大院・工学系・化学生物 2) 広島大院・理学系・数理分子 3) 三菱化学生命研

Prevention of protein aggregation by NDSB and its application to NMR measurements

Long Xiang (1), Takeshi Ishii (1), Kazuo Hosoda (1), Yusuke Inoue (1), Nobukazu Nameki (1), Kenji Kubota (1), Shin-ichi Tate (2), Toshiyuki Kohno (3), and Kaori Wakamatsu (1) (1: Dept Chemistry & Chemical Biology, Graduate School of Engineering, Gunma Univ; 2: Dept Mathematical & Life Sciences, Graduate School of Science, Hiroshima Univ; 3: Mitsubishi Kagaku Institute of Life Sciences)

3P062 両親媒性ポリマーによるケミカルシャペロン活性の向上

○富田 峻介¹⁾, 浜田 寛之¹⁾, 白木 賢太郎¹⁾

1) 筑波大院・数理物質

Enhancement of chemical chaperon activity by amphiphilic polymers.

Shunsuke Tomita (1), Hiroyuki Hamada (1) and Kentaro Shiraki (1). (1: Inst. Appl. Phys., Univ. Tsukuba)

3P063 界面活性剤混合系におけるタンパク質の二次構造変化

○森山 佳子¹⁾, RAZALI AZAIMA¹⁾, 竹田 邦雄¹⁾

1) 岡山理大工

Secondary Structural Change of Protein in Mixed System of two Surfactants

Dep. Applied Chemistry and Biotechnology, Okayama Univ. of Science

3P064 ペプチドタグを用いた蛋白質の溶解度向上の変異解析

○加藤 淳¹⁾, 太田 勇輝¹⁾, 榎 互介²⁾, 桑島 邦博³⁾, 曾田 邦嗣⁴⁾, 黒田 裕¹⁾

1) 東京農工大・生命工 2) 名大・物理 3) 岡崎バイオセンター・戦略的方法論・生体分子物性 4) 長岡技科大・生物系

Mutational analysis of protein solubility enhancement using short peptide tags

Atsushi Kato (1), Yuki Ohta (1), Kosuke Maki (2), Kunihiko Kuwajima (3), Kunitsugu Soda (4), Yutaka Kuroda (1). (1: Dept. Biotech. and Life Sci., Tokyo Univ. of A & T (TUAT); 2: Dept. Phys., Nagoya Univ.; 3: Dept. Strat. Meth., Okazaki Inst. Integr Biosci.; 4: Dept. Bioeng., Nagaoka Univ. Tech.)

3P065 ジスルフィド結合欠損ウマβラクトグロブリンの二量体形成

○山田 好輝^{1,2)}, 伊庭 亮一¹⁾, 河津 雅幸¹⁾, 中川 香奈子¹⁾, 平良 ひとみ¹⁾, 藤原 和夫¹⁾, 池口 雅道¹⁾

1) 創価大・生命情報工 2) 奈良先端大・物質

Dimer formation of a disulfide-less mutant of equine β-lactoglobulin

Yoshiteru Yamada (1) (2), Ryouichi Iba (1), Masayuki Kawatsu (1), Kanako Nakagawa (1), Hitomi Taira (1), Kazuo Fujiwara (1), Masamichi Ikeguchi (1). (1: Dep. of Bioinfo. Soka University 2: Graduate school of Materials Science, Nara Institute of Science and Technology)

3P066 beta-lactoglobulinにおける二量体形成の分子基盤

○大友 秀明¹⁾, 小沼 剛²⁾, 池口 雅道¹⁾

1) 創価大・工学系・生命情報工 2) 阪大・蛋白研

Molecular basis of beta-lactoglobulin dimerization

Hideaki Ohotomo(1), Tsuyoshi Konuma(2: Masamichi Ikeguchi(1). (1:Dept. of Bioinfo., Fac of Tech, Soka Univ. 2: Inst. for Protein Res., Osaka Univ.)

3P067 WW ドメインに見るタンパク質二量化の制御とデザイン

○大西 哲^{1,2)}, 梶尾 直哉¹⁾, 赤坂 領吾¹⁾, 原田 拓志¹⁾, 富澤 忠¹⁾, 佐藤 真奈美¹⁾, 小柴 生造¹⁾, 渡部 暁¹⁾, 関 英子¹⁾, 藤倉 由紀子¹⁾, 白水 美香子¹⁾, 木川 隆則^{1,3)}, 横山 茂之^{1,4)}

1) 理研横浜研究所 ゲノム科学総合研究センター タンパク質基盤研究グループ 2) 横浜市大 国際総合科学研究科 生体超分子科学専攻 3) 東工大・院総理工 4) 東大・院理・生化

Natural Design in Controlling Dimerization of a Protein Module: Lessons from the WW domains

Satoshi Ohnishi (1, 2), Naoya Tochio (1), Ryogo Akasaka (1), Takushi Harada (1), Tadashi Tomizawa (1), Manami Sato (1), Seizo Koshiba (1), Satoru Watanabe (1), Eiko Seki (1), Yukiko Fujikura (1), Mikako Shirouzu (1), Takanori Kigawa (1,3), and Shigeyuki Yokoyama (1,4). (1: RIKEN Yokohama Institute, Genomic Sciences Center; 2: Dept Protein Fold Research, Graduate School of Integrated Science, Yokohama City Univ; 3: Dept Computational Intelligence and Systems Science, Interdisciplinary Graduate School of Science and Engineering, Tokyo Institute of Technology; 4: Dept Biophysics and Biochemistry, Graduate School of Science, The Univ of Tokyo)

3P068 タンパク質と麻酔薬の相互作用に関する研究

○正鑄 夕哉¹⁾, 窪内 希恵²⁾, 則 光²⁾, 長山 和史²⁾, 岡林 南洋²⁾, 秦 隆志²⁾, 佐竹 弘³⁾, 松木 均⁴⁾, 金品 昌志⁴⁾

1) 高知高専・専攻科・物質 2) 高知高専・物質 3) 徳島大学・産学官連携プラザ 4) 徳島大学大学院・ソシオテクノ

Study of the interaction between protein and anesthetic

Yuya Mamai (1), Kie Kubouchi (2), Hikaru Sunawachi (2), Kazuhito Nagayama (2), Minahiro Okabayashi (2), Takashi Hata(2), Hiromu Satake(3), Makoto Nishimoto(4), Hitoshi Matsuki(4), Shoji Kaneshina(4). (1:Advanced Course in Materials Science and Engineering, Kochi National College of Technology; 2:Department of Material Science and Technology, Kochi National College of Technology; 3:Center for Cooperative Research, The University of Tokushima; 4:Department of Biological Science and Technology, Faculty of Engineering, The University of Tokushima)

3P069 Characterization and molecular assembly of the neck proteins, gp13 and p14, of bacteriophage T4

Akhter Tahmina¹⁾, 金丸 周司¹⁾, ○有坂 文雄¹⁾

1) 東工大院・生命・生物プロセス

Characterization and molecular assembly of the neck proteins, gp13 and p14, of bacteriophage T4

Tahmina Akhter (1), Shuji Kanamaru (1), Fumio Arisaka (1). (1: Department of Biomolecular Engineering, Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Institute of Technology

3P070 中性子散乱によるアクチンの運動特性の直接測定

○藤原 悟¹⁾, 小田 俊郎²⁾, Plazanet Marie³⁾, 松本 富美子¹⁾

1) 日本原子力機構・量子ビーム応用 2) 理研播磨・SPRING8 センター/JST・ERATO アクチン動態プロジェクト 3) Institut Laue-Langevin

Direct measurements of internal dynamics of actin by neutron scattering

Satoru Fujiwara (1), Toshiro Oda (2), Marie Plazanet (3) and Fumiko Matsumoto (1). (1:Quantum Beam Science Directorate, Japan Atomic Energy Agency; 2: RIKEN SPRING-8 center, RIKEN Harima Institute/EARTO actin-filament dynamics project, JST; 3: Institut Laue-Langevin

3P071 パーコレーション転移における蛋白質水和水の構造とダイナミクス

○中川 洋¹⁾, 片岡 幹雄^{1,2)}

1) 原子力機構・量子ビーム 2) 奈良先端大・物質創成

Structure and dynamics of the protein hydration water at the percolation transition

Hiroshi Nakagawa(1) and Mikio Kataoka(1,2). (1:Quantum Beam Science Directorate, Japan Atomic Energy Agency; 2:Graduate School Materials Science, Nara Institute of Science and Technology)

3P072 ネットワーク溶液内における個別 F-Actin の揺らぎ観察

○出川 雅士¹⁾, Hoffmann Bernd¹⁾, Merkel Rudolf¹⁾, Giesen Margret¹⁾

1) Forschungszentrum Juelich, IBN4

Direct observation of F-Actin fluctuations in network solutions

Masashi Degawa, Bernd Hoffmann, Rudolf Merkel and Margret Giesen. Institute for Bio- and Nanosystems 4: Biomechanics, Forschungszentrum Juelich

3P073 回転拡散運動からみたタンパク質間相互作用: ポリエチレングリコールの効果

○高橋 大輔¹⁾, 西本 悦子¹⁾, 山下 昭二¹⁾

1) 九大院・生資環

Effects of polyethylene glycol on protein interactions revealed by rotational diffusion analysis

Daisuke Takahashi, Etsuko Nishimoto, and Shoji Yamashita (Institute of Biophysics, Faculty of Agriculture, Graduate School of Kyushu University)

3P074 粗視化モデルによるタンパク質の構造変化とリガンド結合の共役メカニズムの解明：分子モーターへの応用

○岡崎 圭一¹⁾, 高田 彰二²⁾

1) 神戸大院・自然科学 2) 京大院・理学

Coupled protein conformational change and ligand-binding affinity revealed by coarse-grained simulations: application to molecular motors

Kei-ichi Okazaki(1) and Shoji Takada(2). (1: Graduate School of Science and Technology, Kobe university; 2: Graduate School of Science, Kyoto university)

3P075 分子モーターSecAのアロステリーと天然トポロジーの関係

○下山 紘充^{1,2)}, 菊池 誠^{1,2,3,4)}

1) 阪大理 2) 阪大サイバー 3) 阪大生命機能 4) JST

The mechanism of allostery of SecA determined by its overall topology

Hiromitsu Shimoyama (1,2) and Macoto Kikuchi(2,1,3,4). (1:Dept. of Physics, Osaka Univ.; 2: Cybermedia Center, Osaka Univ.; 3: Graduate School of Frontier Biosciences; 4: JST)

3P076 蛋白質分子内における不對極性基の統計解析

○西上 慎哉¹⁾, 松本 博希¹⁾, 関 安孝¹⁾, 曾田 邦嗣¹⁾

1) 長岡技科大・生物系

Statistical Analysis of Unpaired Polar Groups in Protein Interior

Shin-ya Nishiue (1), Hiroki Matsumoto (1), Yasutaka Seki (1) and Kunitsugu Soda(1). (1: Department of Bioengineering, Nagaoka University of Technology)

3P077 ProMode データを利用したタンパク質の基準振動解析プログラムの開発

○輪湖 博¹⁾, 富澤 裕樹²⁾, 猿渡 茂³⁾

1) 早大・社会科学 2) (株)サイエンスハウス 3) 北里大学・理・物理

Development of a program with user-friendly GUI to perform normal mode analysis of proteins by ProMode users themselves

Hiroshi Wako (1), Yuhki Tomizawa (2) and Shigeru Endo (3) (1: Sch Social Sciences, Waseda Univ.; 2: Sciencehouse Inc.; 3: Dept Physics, Sch Science, Kitasato Univ.)

3P078 蛋白質 2 分子複合体の基準振動の包括的解析

○猿渡 茂¹⁾, 輪湖 博²⁾

1) 北里大学・理・物理 2) 早大・社会科学

Comprehensive Analyses of Normal Modes of Dimeric Protein Complexes

Shigeru Endo (1) and Hiroshi Wako (2) (1: Dept Physics, School of Science, Kitasato Univ.; 2: School of Social Sciences, Waseda Univ.)

3P079 分子動力学シミュレーションによる PhoB DNA 結合タンパクのダイナミクス解析

○山根 努¹⁾, 岡村 英保¹⁾, 池口 満徳¹⁾, 西村 善文¹⁾, 木寺 詔紀¹⁾

1) 横浜市立大学大学院

Dynamics of PhoB protein as revealed in the comparison between molecular dynamics simulation and NMR relaxation experiments

Tsutomu Yamane, Hideyasu Okamura, Mitsunori Ikeguchi, Yoshifumi Nishimura & Akinori Kidera(International Graduate School of Arts and Sciences, Yokohama City Univ.)

3P080 蛋白質の構造変化ダイナミクス --- 1 分子統計力学の視点からの考察

○伊藤 一仁¹⁾, 笹井 理生¹⁾

1) 名大院・工学・計算理工

Protein Conformational Dynamics from a Viewpoint of Single-molecule Statistical Physics

Kazuhito Itoh and Sasai Masaki, (Dept of Computational Science & Engineering, Graduate School of Engineering, Nagoya Univ)

3P081 アデニル酸キナーゼにおけるアロステリックコミュニケーションのカメレオン Go モデルによる研究

○山下 貴弘¹⁾, 笹井 理生^{1,2)}, 寺田 智樹¹⁾

1) 名大院・工・計算理工 2) CREST-JST

A chameleon Go model study of the allosteric communication in adenylate kinase

Takahiro Yamashita(1), Masaki Sasai(1,2) and Tomoki P. Terada(1) (1: Dept. of Computational Science and Engineering, Grad. Sch. of Engineering, Nagoya Univ; 2: CREST-JST)

3P082 タンパク質アロステリーの格子モデル

○齊藤 稔^{1,2)}, 菊池 誠^{1,2,3)}

1) 阪大サイバー2) 阪大院理 3) 阪大院生命機能

Lattice model for allosteric protein

Nen Saito (1, 2) and Macoto Kikuchi (1, 2, 3) (1: Cybermedia center, Osaka Univ 2: Dept Phys, Osaka Univ 3: Graduate School of Bio Science, Osaka Univ)

3P083 de novo モデリングにおける非経験的フラグメント構造予測法に向けて - ネイティブフラグメントの物理化学的特性 -

○山浦 雅弘¹⁾, 千見寺 浄慈¹⁾

1) 名大院・工・計算理工

Non-empirical fragment prediction for free modeling - Toward understanding physico-chemical property of fragments of native structures -

Masahiro Yamaura (1) and George Chikenji (1). (1: Dept. of Computational Science and Engineering, Graduate School of Engineering, Nagoya University)

3P084 構造変化を伴う多量体形成シミュレーション

○高城 史子^{1,2)}, 菊池 誠^{1,2,3,4)}

1) JST CREST 2) 阪大サイバー 3) 阪大院・理 4) 阪大院・生命機能

Molecular dynamics simulation of the oligomer formation accompanied by conformational change

Fumiko Takagi (1, 2) and Macoto Kikuchi (2, 3, 4, 1). (1: JST CREST; 2: CMC, Osaka Univ.; 3: Dept. Phys., Graduate School of Sci., Osaka Univ.; 4: Graduate School of Frontier Bioscience, Osaka Univ.)

3P085 統計学的手法を用いた β strand 配置予測法の開発

○鈴木 博実¹⁾

1) 明治大・農

Development of prediction method for β strand register using statistical theory

Hiroki Suzuki (1) (1: School of Agriculture, Meiji Univ)

3P086 小タンパク質の折り畳み過程に関する電子波動関数の解析

○福島 健太郎¹⁾, 櫻井 実¹⁾

1) 東工大院・バイオセンター 2) 東工大院・バイオセンター

Analysis of electronic wave functions in the folding processes of small proteins

Center for Biological Resources and Informatics, Tokyo Institute of Technology, B-62 4259 Nagatsuta-cho, Midori-ku, Yokohama 226-8501, Japan

3P087 蛋白質構造内の極性基間相互作用エネルギーの量子化学計算による評価

○松本 博希¹⁾, 西上 慎哉¹⁾, 関 安孝¹⁾, 曾田 邦嗣¹⁾

1) 長岡技科大・生物系

Evaluation of Interaction Energy between Polar Groups in Protein Structure

Hiroki Matsumoto (1), Shin-ya Nishiue (1), Yasutaka Seki (1) and Kunitsugu Soda (1). (1: Department of Bioengineering, Nagaoka University of Technology)

ヘム蛋白質 (Hemeproteins)

3P088 *Tetrahymena* 短縮型ヘモグロビンの酸素安定性と結晶構造解析

○五十嵐 城太郎¹⁾, 松岡 有樹²⁾, 清水 透¹⁾

1) 東北大・多元研 2) 福島医大

Oxygen stability and crystal structure of *Tetrahymena* truncated hemoglobin

Jotaro Igarashi (1), Ariki Matsuoka (2) and Toru Shimizu (1). (1: Institute of Multidisciplinary Research for Advanced Materials, Tohoku Univ; 2: Fukushima Medical Univ)

3P089 ヘム制御真核生物 eIF2 α キナーゼ、HRI、のヘム結合部位

○村瀬 元彦¹⁾, 平井 響子¹⁾, Miksanova Marketa¹⁾, 田中 敦成¹⁾, 五十嵐 城太郎¹⁾, 清水 透¹⁾

1) 東北大・多元研

Site-directed mutagenesis study to identify the heme binding site in a heme-regulated eukaryotic initiation factor 2 α kinase, HRI

Motohiko Murase, Kyoko Hirai, Marketa Miksanova, Atsunari Tanaka, Jotaro Igarashi, Toru Shimizu (Inst. Mult. Res. Adv. Mat., Tohoku Univ.)

3P090 クライオ電子顕微鏡法によるヘムオキシゲナーゼ-1・シトクロム P450 還元酵素複合体の結合様式の解明

○中尾 亮太¹⁾, 堤 由佳¹⁾, 東元 祐一郎²⁾, 野口 正人²⁾, 坂本 寛¹⁾, 安永 卓生¹⁾

1) 九工大院・情報工・情報科学 2) 久留米大・医・医化学

Determination of structure of heme oxygenase-1 and cytochrome P450 reductase complex by electron cryo-microscopy

Ryota Nakao (1), Yuka Tutumi (1), Yuichiro Higashimoto (2), Masato Noguchi (2), Hiroshi Sakamoto (1),

Takuo Yasunaga(1) (1: Department of Bioscience and Bioinformatics, Faculty of Computer Science and Systems Engineering, Kyusyu Institute of Technology, 2: Department of Medical Biochemistry, Kurume University School of Medicine)

3P091 電子分光クライオ電子顕微鏡法による呼吸鎖シトクロム c 酸化酵素の三次元構造決定

○寺西 亮佑¹⁾, 蠣久 大輔¹⁾, 藤島 寛¹⁾, 坂本 順司¹⁾, 安永 卓生¹⁾

1) 九工大院・情報工・情報科学・生命

Determination of the three-dimensional structure of respiratory chain cytochrome c oxidase by electron cryo-microscopy

Ryosuke Teranishi(1), Daisuke Kakihisa(1), Hiroshi Fujishima(1), Junshi Sakamoto(1), Takuo Yasunaga(1). (1: Department of Bioscience and Bioinformatics, Faculty of Computer Science and Systems Engineering, Kyusyu Institute of Technology)

3P092 ヒトヘモグロビンにおける3つのトリプトファン残基の酸素結合にともなう変化：近紫外 CD および紫外共鳴ラマン分光による研究

○長井 雅子¹⁾, 長井 幸史¹⁾, 小久保 昭秀²⁾, 川口 裕貴²⁾, 安藝 弥生^{1,3)}, 今井 清博^{1,2)}, 長友 重紀⁴⁾, 北川 禎三⁵⁾

1) 法政大・マイクロ・ナノテクノロジー研究センター 2) 法政大・工・生命機能 3) 金沢大院・医学系・保健 4) 筑波大院・数理物質科学 5) 豊田理研

Oxygen-linked environmental changes of tryptophan residues in human adult hemoglobin: A near-UV CD and UV resonance Raman study

Masako Nagai (1), Yukifumi Nagai (1), Akihide Kokubo (2), Yuki Kawaguchi (2), Yayoi Aki (1, 3), Kiyohiro Imai (1, 2), Shigenori Nagatomo (4) and Teizo Kitagawa (5) (1: Research Center for Micro-Nano Technology, Hosei Univ; 2: Dept of Frontier Bioscience, Faculty of Engineering, Hosei Univ; 3: Graduate School of Medical Sciences, Kanazawa Univ; 4: Dept of Chem, Univ of Tsukuba; 5: Toyota Physical & Chemical Research Institute)

3P093 有鬚動物マシコヒゲムシのもつ巨大ヘモグロビンの酸素運搬機能

○安藝 弥生^{1,2,3)}, 中川 太郎⁴⁾, 長井 雅子^{1,2)}, 笹山 雄一⁵⁾, 福森 義宏⁴⁾, 今井 清博^{1,2)}

1) 法政大・マイクロ・ナノテクノロジー研究センター 2) 法政大・工・生命機能 3) 金沢大院・医・保健 4) 金沢大院・自然・生命 5) 金沢大・環日本海域環境研究センター

Oxygen transport regulation in extracellular giant hemoglobin from *Oligobranchia mashikoi*

Yayoi Aki (1, 2, 3), Taro Nakagawa (4), Masako Nagai (1, 2), Yuichi Sasayama (5), Yoshihiro Fukumori (4) and Kiyohiro Imai (1, 2). (1: Res Center for Micro-Nano Tech, Hosei Univ; 2: Dept of Frontier Biosci, Hosei Univ; 3: Grad Sch of Med Sci, Kanazawa Univ; 4: Grad Sch of Natural Sci and Tech, Kanazawa Univ; 5: Noto Marine Lab, Inst of Nature and Environ Tech, Kanazawa Univ)

3P094 組み換え祖先型ミオグロビン：酸素結合特性に対する pH 及び温度の効果

石田 学¹⁾, 山崎 伊織²⁾, 村上 祐太²⁾, 太田 元規³⁾, 磯貝 泰弘⁴⁾, 今井 清博⁵⁾

1) 東薬大・生命科学 2) 法大院・工・物質化学 3) 東工大・学術国際情報セ 4) 富山県大・工・生物工 5) 法大・工・生命機能

Recombinant ancestral myoglobins: Effects of pH and temperature on oxygen-binding properties

Manabu Ishida (1), Iori Yamasaki (2), Yuta Murakami (2), Motonori Ota (3), Yasuhiro Isogai (4) and Kiyohiro Imai (5). (1: Dept. of Mol. Biol., Fac. of Life Sci., Tokyo Univ. of Pharmacy and Life Sci.; 2: Dept. of Materials Chem., Grad. Sch. of Eng., Hosei Univ.; 3: Dept. of Biosci. and Biotech., GSIC, Tokyo Tech.; 4: Dept. of Bioeng., Fac. of Eng., Toyama Pref. Univ.; 5: Dept. of Frontier Biosci., Fac. of Eng., Hosei Univ.)

3P095 祖先型と最近接現存種ミオグロビンの自動酸化反応の温度依存性

石田 学¹⁾, 村上 祐太²⁾, 安田 温²⁾, 山崎 伊織²⁾, 太田 元規³⁾, 磯貝 泰弘⁴⁾, 今井 清博⁵⁾

1) 東薬大・生命科学 2) 法大院・工・物質化学 3) 東工大・学術国際情報セ 4) 富山県大・工・生物工 5) 法大・工・生命機能

Temperature-dependence of autooxidation of ancestral and the most closely related extant myoglobins

Manabu Ishida(1), Yuta Murakami(2), Atsushi Yasuda(2), Iori Yamasaki(2), Motonori Ota(3), Yasuhiro Isogai(4) and Kiyohiro Imai(5). (1: Dept. of Mol. Biol., Fac. of Life Sci., Tokyo Univ. of Pharmacy and Life Sci.; 2: Dept of Materials Chem., Grad. Sch. of Eng., Hosei Univ.; 3: Dept. of Biosci. and Biotech., GSIC, Tokyo Tech.; 4: Dept of Bioeng., Fac. of Eng., Toyama Pref. Univ.; 5: Dept. of Frontier Biosci., Fac. of Eng., Hosei Univ.)

3P096 化学修飾ヘモグロビンの機能特性

○栗山 紗子¹⁾, 安芸 弥生²⁾, 今井 清博³⁾

1) 法大院・工・物質化学 2) 金沢大院・医・保 3) 法大・工・生命機能

Functional Properties of Chemically modified Hemoglobins

(1)Dept. of Materials Chem., Grad. Sch. of Eng., Hosei Univ., (2) Grad. Sch. of Med Sci., Kanazawa Univ., (3) Dept. of Frontier Biosci., Fac. of Eng., Hosei Univ.

3P097 ウシチトクロム酸化酵素の水形成用プロトン輸送経路 D-pathway の変異体解析

○下方 国稔^{1,2)}, 片山 幸江¹⁾, 末松 誠¹⁾, 月原 富武²⁾, 吉川 信也³⁾, 島田 秀夫¹⁾

1)慶應大学・医・医化学 2)阪大・蛋白研 3)兵庫県立大・院・生命理

Mutagenesis of D-pathway for water forming proton in bovine heart cytochrome c oxidase

Kunitoshi Shimokata (1,2), Yukie Katayama (1), Makoto Suematsu (1), Tomitake Tsukihara (2), Shinya Yoshikawa (3), and Hideo Shimada (1). (1: Dept of Biochemistry and Integrative Medical Biology, School of Medicine, Keio Univ, 2: Institute of Protein Research, Osaka Univ, 3: Dept of Life Science, Univ of Hyogo)

3P098 酸化型ウシ心筋チトクロム酸化酵素のX線構造

○青山 浩¹⁾, 村本 和優²⁾, 平田 邦夫³⁾, 菅 倫寛⁴⁾, 伊藤一新澤 恭子²⁾, 山下 栄樹⁴⁾, 吉川 信也²⁾, 月原 富武⁴⁾

1)阪大院・薬 2)兵庫県立大 3)理研播磨 4)阪大・蛋白研

X-ray structure of fully oxidized state of bovine heart cytochrome c oxidase

H. Aoyama(1), K. Muramoto(2), K. Hirata(3), M. Suga(4), K. Shinzawa-Itoh(2), E. Yamashita(4), S. Yoshikawa(3), and T. Tsukihara(4) (1:Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Osaka University; 2:Department of Life Science, University of Hyogo;3:RIKEN Harima Institute;4:Institute for Protein Research, Osaka University)

3P099 Cytochrome P450SU-1 (CYP105A1) の結晶構造と活性型ビタミンD生成反応のメカニズム

○杉本 宏¹⁾, 新京 楽²⁾, 林 恵子³⁾, 山田 雅人³⁾, 中林 佐知栄³⁾, 池田 進之介³⁾, 鎌倉 昌樹³⁾, 生城 真一³⁾, 城 宜嗣¹⁾, 榊 利之³⁾

1)理研・播磨研 2)富山県大・工学部・生物工学 3)京大・農学部

Crystal structure of cytochrome P450SU-1 (CYP105A1) reveals the mechanism of two-step activation of vitamin D₃

Hiroshi Sugimoto (1), Raku Shinkyo (2), Keiko Hayashi (3), Masato Yamada (3), Sachie Nakabayashi (3), Shinnosuke Ikeda (3), Masaki Kamakura (3), Shin-ichi Ikushiro (3), Yoshitsugu Shiro (1), and Toshiyuki Sakaki (3) (1: RIKEN SPring-8 Center; 2: Division of Food Science and Biotechnology, Graduate School of Agriculture, Kyoto Univ; 3: Biotechnology Research Center, Faculty of Engineering, Toyama Prefectural Univ)

3P100 抗癌剤の骨格を形成するチトクロム P450 StaP のX線結晶構造は P450 の珍しい触媒機構を示唆する

○牧野 正知^{1,2)}, 永野 真吾¹⁾, 杉本 宏¹⁾, 浅水 俊平³⁾, 尾仲 宏康³⁾, 城 宜嗣¹⁾

1)理研播磨 2)兵庫県大理・生命 3)富山県大工・生物工

X-ray crystal structures of cytochrome P450 StaP which produces skeleton of an anticancer drug suggest unusual catalytic mechanism of P450

Masatomo Makino(1,2), Shingo Nagano(1), Hiroshi Sugimoto(1), Shumpei Asamizu(3), Hiroyasu Onaka(3) and Yoshitsugu Shiro(1). (1:Biometal Science Laboratory, RIKEN SPring-8 Center, Harima Institute, 2:Department of Life Science, Graduate School of Life Science, University of Hyogo, 3:Department of Biotechnology, Faculty of Engineering, Toyama Prefectural University)

3P101 膜貫通型一酸化窒素還元酵素の発現と結晶化

○松本 悠史¹⁾, 杉本 宏¹⁾, 日野 智也¹⁾, 永野 真吾¹⁾, 城 宜嗣¹⁾

1)理研・播磨

Expression, crystallization and preliminary X-ray crystallographic study of membrane bound type nitric-oxide reductase

Yushi Matsumoto, Hiroshi Sugimoto, Tomoya Hino, Shingo Nagano and Yoshitsugu Shiro (RIKEN SPring-8 Center, Harima Inst.)

3P102 ヒト由来 Tryptophan 2,3-dioxygenase の分光学的解析

○福村 栄維子^{1,2)}, 杉本 宏²⁾, 永野 真吾²⁾, 瀧尾 擴士²⁾, 井柳 堯²⁾, 小倉 尚志³⁾, 城 宜嗣^{1,2,3)}

1)阪大・院理・生物科学 2)播磨理研・城生体金属科学 3)兵庫県立大・院理・生命科学

Spectroscopic study of human Tryptophan 2,3-dioxygenase

Eiko Fukumura(1,2), Hiroshi Sugimoto(2), Shingo Nagano(2), Kouji Takio(2), Takashi Iyanagi(2), Takashi Ogura(3) and Yoshitsugu Shiro(1,2,3). (1:Department of Biology, Graduate School of Science, Osaka University, 2:Biometal Science Laboratory, RIKEN SPring-8 Center, 3:Department of Life Science, Graduate School of Life Science, University of Hyogo)

3P103 ミトコンドリア中のチトクロム c 酸化酵素の構造解析：新たな (Fe-CO) ラマンモードの観測

○橋本 通子¹⁾, 柳澤 幸子¹⁾, 新沢伊藤 恭子¹⁾, 吉川 信也¹⁾, 小倉 尚志¹⁾

1) 兵庫県立大・院生命理

Observation of a New $\nu(\text{Fe-CO})$ Raman Mode of Cytochrome *c* Oxidase in Mitochondria

Michiko Hashimoto, Sachiko Yanagisawa, Kyoko Shinzawa-Itoh, Shinya Yoshikawa and Takashi Ogura (Graduate School of Life science, University of Hyogo)

3P104 共鳴ラマン分光法によるインドールアミン2, 3 ジオキシゲナーゼの解析

○四ツ谷 景子^{1,2)}, 杉本 宏¹⁾, 大槻 崇史^{1,2)}, 佐藤 秀明³⁾, 吉田 匡⁴⁾, 小倉 尚志²⁾, 城 宜嗣^{1,2)}

1) 理研・播磨 2) 兵庫大院・生命理学 3) 久留米大・医 4) 山形大・医

Analysis of substrate interaction of human indoleamine 2,3- dioxygenase by resonance Raman spectroscopy and site-directed mutagenesis.

Keiko Yotsuya(1,2), Hiroshi Sugimoto(1), Takashi Otsuki(1,2), Hideaki Sato(3), Tadashi Yoshida(4), Takashi Ogura(2), and Yoshitsugu Shiro(1,2). (1:Biometal Science Laboratory, RIKEN SPring8 Center, Harima Institute; 2:Dept Life Science, Graduate School of Science, Univ of Hyogo; 3:School of Medicine, Univ of Kurume ; 4:Dept Biochemistry, School of medicine, Univ of Yamagata

3P105 ウシ心筋チトクロム酸化酵素の反応中間体の X 線構造解析

○鍋倉 弘行¹⁾, 村本 和優¹⁾, 望月 正雄¹⁾, 伊藤・新澤 恭子¹⁾, 前田 友子¹⁾, 山下 栄樹²⁾, 月原 富武²⁾, 吉川 信也¹⁾

1) 兵庫県立大・院・生命理 2) 阪大・蛋白研

X-ray structural analysis of catalytic intermediates in bovine heart cytochrome *c* oxidase

Hiroyuki Nabekura(1), Kazumasa Muramoto(1), Masao Mochizuki(1), Kyoko Shinzawa-Itoh(1), Tomoko Maeda(1), Eiki Yamashita(2), Tomitake Tsukihara(2) and Shinya Yoshikawa(1). (1: Department of Life Science, Univ. of Hyogo; 2: Institute for Protein Research, Osaka Univ)

3P106 ウシ心筋チトクロム酸化酵素の Zn 阻害部位の X 線構造解析

○村本 和優¹⁾, 前田 和範¹⁾, 伊藤・新澤 恭子¹⁾, 前田 友子¹⁾, 山下 栄樹²⁾, 月原 富武²⁾, 吉川 信也¹⁾

1) 兵庫県立大・院・生命理 2) 阪大・蛋白研

X-ray structural analysis of Zn inhibitory site in bovine heart cytochrome *c* oxidase

Kazumasa Muramoto(1), Kazunori Maeda(1), Kyoko Shinzawa-Itoh(1), Tomoko Maeda(1), Eiki Yamashita(2), Tomitake Tsukihara(2) and Shinya Yoshikawa(1) (1:Dept of Life Science, Univ of Hyogo, 2:Inst for Protein Research, Osaka Univ)

3P107 部分還元型ウシ心筋チトクロム酸化酵素の X 線構造解析

○谷口 槇¹⁾, 村本 和優¹⁾, 伊藤・新澤 恭子¹⁾, 前田 友子¹⁾, 山下 栄樹²⁾, 月原 富武²⁾, 吉川 信也¹⁾

1) 兵庫県立大・院・生命理 2) 大阪大・蛋白研

X-ray structural analysis of the bovine heart cytochrome *c* oxidase in the mixed valence state

Maki Taniguchi(1), Kazumasa Muramoto(1), Kyoko Shinzawa-Itoh(1), Eiki Yamashita(2), Tomitake Tsukihara(2) and Shinya Yoshikawa(1) (1:Dept of Life Science, Univ of Hyogo, 2:Inst for Protein Research, Osaka Univ)

3P108 シアン化物結合型チトクロム酸化酵素の X 線結晶構造解析

○望月 正雄¹⁾, 富田 勲¹⁾, 村本 和優¹⁾, 伊藤・新澤 恭子¹⁾, 山下 栄樹²⁾, 月原 富武²⁾, 吉川 信也¹⁾

1) 兵庫県立大院・生命 2) 阪大・タンパク研

X-ray crystal structural analysis of cyanide binding cytochrome *c* oxidase

MOCHIZUKI Masao(1), TOMITA Isao(1), MURAMOTO Kazumasa(1), SHINZAWA-ITOH Kyoko(1), YAMASHITA Eiki(2), TSUKIHARA Tomitake(2) and YOSHIKAWA Shinya(1) (1:Department of Life Science, University of Hyogo; 2:Institute for Protein Research, Osaka University)

3P109 大豆ヘムオキシゲナーゼにおけるヘム遠位環境を調節する残基の探求

○合屋 知彦¹⁾, 張 旭紅²⁾, 吉田 匡²⁾, 右田 たい子¹⁾

1) 山口大・農・生機 2) 山形大・医・生化

Searches for the residues regulating heme distal environment in soybean heme oxygenase-1

Tomohiko Gohya (1), Xuhong Zhang (2), Tadashi Yoshida (2) and Catharina Taiko Migita (1) (1: Dept Biological Chemistry, Faculty of Agriculture, Yamaguchi Univ; 2: Yamagata Univ School of Med)

3P110 ヘムシャペロンタンパク質 CcmE からアポチトクロム *c* へのヘムの輸送過程の解析

○内田 毅¹⁾, 近藤 祐佳¹⁾, 石森 浩一郎¹⁾

1) 北大・院理

Heme Transfer Mechanism from Heme Chaperon to Apocytochrome *c*

Takeshi Uchida, Yuka Kondo, Koichiro Ishimori. (Dept. Chem., Hokkaido Univ.)

電子状態 (Electronic states)

3P111 衝突誘起解離におけるグリコシド結合の解裂機構：量子化学計算による解析

○横島 智¹⁾, Tatiana Romanova¹⁾, 村上 明德¹⁾, 大黒 周作²⁾, 蟹江 治²⁾, 中村 振一郎¹⁾
1)三菱化学科技研セ&CREST-JST2)三菱化学生命科学研 (MITILS)

Mechanism of glycosidic bond cleavage in collision induced dissociation: quantum chemical study

Satoshi Yokojima(1), Tatiana A. Romanova(1), Akinori Murakami(1), Shusaku Daikoku(2), Osamu Kanie(2), Shinichiro Nakamura(1) (1:Mitsubishi Chemical Group Science and Technology Research Center, INC. & CREST-JST;2:Mitsubishi Kagaku Institute of Life Sciences (MITILS))

3P112 チトクロム c 酸化酵素の新しいプロトン輸送機構への理論的アプローチ -heme a の酸化還元における電子構造とペプチドを介したプロトン移動の関係-

○鷹野 優¹⁾, 中村 春木¹⁾

1)阪大・蛋白研

A theoretical approach to a novel proton transfer pathway of cytochrome c oxidase

Yu Takano (1), Haruki Nakamura (1). (1: Institute for Protein Research, Osaka University)

3P113 生体分子の溶媒効果：マルチカノニカル QM/MM-MD による研究

○城野 亮太¹⁾, 渡邊 佑輔¹⁾, 清水 謙多郎¹⁾, 寺田 透¹⁾

1)東大院・農

Solvent effect on biomolecule: a multicanonical QM/MM molecular dynamics study

Ryota Jono, Yuusuke Watanabe, Kentaro Shimizu and Tohru Terada (Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo)

3P114 ホタルのルシフェラーゼ酵素反応において推定されたジオキセタノンに対する遷移状態説

○酒井 博則¹⁾, 和田 直久¹⁾, 楠 正美²⁾

1)東洋大生命 2)明大物理

Transition-state hypothesis of presumed dioxetanone in enzyme reaction of firefly luciferase

Hironori Sakai (1), Naohisa Wada (1) and Masami Kusunoki (2). (1: Dept of Life Sciences, Toyo University; 2: Dept of Physics, Meiji University)

3P115 ミジンコ (*Daphnia magna*) 耐久卵内の超常磁性物質の粒子径

○坂田 真信¹⁾, 川崎 たまみ¹⁾, 渋谷 俊道²⁾, 吉村 英恭³⁾, 並木 秀男⁴⁾

1)早大・理工研 2)早大・物性計測センターラボ 3)明大院・理工・生物物理 4)早大院・理工・生命理工

Estimation of the diameter of the superparamagnetic particles contained in *Daphnia* resting eggs

Masanobu Sakata(1), Tamami Kawasaki(1), Toshimichi Shibue(2), Hideyuki Yoshimura(3), Hideo Namiki(4). (1:Research Institute for Science and Engineering, Waseda Univ. ; 2:Materials Characterization Central Laboratory, Waseda Univ. ; 3:Dept. of Physics, Meiji Univ. ; 4:Dept. of Integrative Bioscience and Biomedical Engineering, Waseda Univ.)

水・水和／電解質 (Water, hydration, and electrolytes)

3P116 フェノールレッドの吸光スペクトルに及ぼす水構造破壊作用を持つ高分子の効果

○最上 譲二^{1,2)}, 宮崎 崇^{1,2)}, 鈴木 誠^{1,2)}

1)東北大院・工学系・材料システム工学 2)CREST JST

Effect of polymers as water structure maker or breaker on the visible light absorption spectra of phenol red solution

George Mogami, Takashi Miyazaki and Makoto Suzuki. (1:Department of Material Processing, Graduate School of Engineering, Tohoku University; 2:CREST JST)

3P117 誘電緩和測定によるポリアイオノン周囲の水の回転運動性の解析

○内橋 昭仁¹⁾, 宮崎 崇¹⁾, 鈴木 誠¹⁾

1)東北大院・工学系・材料システム工学

Analysis of water mobility in poly(ionene) solution by dielectric relaxation spectroscopy

Akihito Uchihashi, Takashi Miyazaki, Makoto Suzuki Grad. Sch. Eng., Tohoku University, Sendai 980-8579, Japan.

3P118 剛直な荷電高分子の水和特性に及ぼす NaCl 濃度の影響

○磯崎 洋¹⁾, 宮崎 崇¹⁾, 鈴木 誠¹⁾

1)東北大院・工学系・材料システム工学

Effect of NaCl on the hydration property of rigid charged PBDT, poly(biphenyl disulfonic acid terephthalamide), in water

Hiroshi Isozaki, Takashi Miyazaki, Makoto Suzuki (Graduate School of Engineering, Tohoku University)

3P119 溶質周りの水の誘電緩和特性の分布情報解析

○宮崎 崇¹⁾, 鈴木 誠¹⁾

1)東北大院・工 2)CREST, JST

Spatial variation analysis of dielectric relaxation property of water around solute

Takashi Miyazaki(1) and Makoto Suzuki(1). (1:Dept Materials Processing, Graduate School of Engineering, Tohoku University)

3P120 天然状態と変性状態におけるPAシトクロムcの水和解析

○神戸 克仁^{1,2)}, 宮崎 崇^{1,2)}, 和沢 鉄一^{1,2)}, 園山 隆文^{2,3)}, 三本木 至宏^{2,3)}, 鈴木 誠^{1,2)}

1)東北大学大学院 工学研究科 材料システム工学 2)CREST, JST3)広島大学大学院 生物圏科学研究科

Hydration analysis on PA Cytochrome c in native and denatured states

Katsuhito Kambe(1,2), Takashi Miyazaki(1,2), Tetsuichi Wazawa(1,2), Takahumi Sonoyama(2,3), Yoshihiro Sambongi(2,3) and Makoto Suzuki(1,2). (1: Dept of Materials Processing, Graduate School of Engineering, Tohoku Univ; 2: CREST, JST; 3: Graduate School of Biosphere Science, Hiroshima Univ)

3P121 生体関連低分子の部分分子圧縮率に対する水和の寄与の解析

○藤井 淳平¹⁾, 新保 雄大¹⁾, 関 安孝¹⁾, 曾田 邦嗣¹⁾

1)長岡技科大・生物系

Contribution of Hydration Water to Partial Molecular Compressibility of Biomolecules

Jumpei Fujii, Yudai Shimbo, Yasutaka Seki and Kunitsugu Soda. (Department of Bioengineering, Nagaoka University of Technology)

3P122 近赤外領域における癌組織内水分子振動成分イメージング

○三好 憲雄¹⁾, 福永 幸裕¹⁾

1)福井大・医学・腫瘍病理

Vibration imaging of water molecules in a tumor tissue at near infrared region.

Norio Miyoshi (1), Yukihiko Fukunaga (2). (1, 2: Dept Tumor Pathol, Faculty of Medicine, Univ of Fukui)

3P123 生体分子および極性・非極性低分子周囲の水分子の運動性と電荷の計算

○高橋 卓也¹⁾, 山下 基^{1,2)}, 鈴木 誠²⁾

1)立命館大・情理・生命 2)東北大院・工

Calculations of dynamics and charges of water molecules around apolar and polar solutes, and biomolecules

Takuya Takahashi (1). (1:Department of Bioscience and BioInformatics, College of Information Science and Engineering, Ritsumeikan University)

3P124 分子動力学シミュレーションとFT-IRを用いたアモルファストレハロースの水素結合特性の解析

○河崎 直子¹⁾, 朱 波²⁾, 古木 隆生¹⁾, 櫻井 実¹⁾

1)東工大院・バイオセンター 2)東工大院・生命理工

Analysis of Hydrogen Bonds in the Glassy States of Trehalose and Neotrehalose Using Molecular Dynamics Simulation and FT-IR Spectroscopy

Naoko Kawasaki (1), Bo Zhu (2), Takao Furuki (1) and Minoru Sakurai (1). (1: Center for Biological Resources and Informatics, Tokyo Institute of Technology; 2: Dept. of Biomolecular Engineering, Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Institute of Technology)

3P125 水溶液中におけるイノシトール異性体とβ-アミロイド間相互作用に関する分子動力学シミュレーション

張本 乾一¹⁾, ○朱雀 史朗¹⁾, 櫻井 実¹⁾

1)東工大バイオセンター

Molecular dynamics study of the interaction between inositol isomers and β-amyloid in aqueous solution

Kenichi Harimoto, Shiro Sujaku and Minoru Sakurai. (Center for Biological Resources and Informatics, Tokyo Institute of technology)

3P126 ナノポアにおけるイオン透過機構の理論的解析

○炭竈 享司¹⁾, 齊藤 真司²⁾, 大峰 巖¹⁾

1)名大院理 2)分子研

Theoretical Analysis of Ion Permeation Mechanism in Nanopore

Takashi Sumikama(1), Shinji Saito(2) and Iwao Ohmine(1). (1: Dept of Chemistry, Faculty of Science, Nagoya University; 2: Dept of Theoretical and Computational Molecular Science, Institute for Molecular Science)

3P127 3次元RISM理論による溶媒効果を取り入れた分子動力学法の開発

○宮田 竜彦¹⁾, 平田 文男¹⁾

1)分子研・理論

Combination of Molecular Dynamics Method and 3d-RISM Theory for Conformational Sampling of Flexible Molecules in Solution

Tatsuhiko Miyata and Fumio Hirata. (Department of Theoretical and Computational Molecular Science, Institute for Molecular Science)

3P128 小さな球状蛋白質の熱容量と水和エントロピー

入佐 正幸¹⁾, ○北里 仁美¹⁾

1) 九工大・情報工・生命

Heat Capacity of Protein and Hydration Entropy

Hitomi Kitazato and Masayuki Irida. (Dept Bioscience and Bioinformatics, Faculty of Computer Science and Systems Engineering, Kyushu Institute of Technology)

3P129 分子動力学による小さな蛋白質の水和殻での水分子の分布の計算

入佐 正幸¹⁾, ○梶山 浩邦¹⁾

1) 九工大・情報工

Distribution of water molecules in hydration shell around a small globular protein calculated by using molecular dynamics

Hirokuni Kajiyama and Masayuki Irida. (Dept Bioscience and Bioinformatics, Faculty of Computer Science and Systems Engineering, Kyushu Institute of Technology)

3P130 DNAの柔らかさの塩基配列依存性と水和の関係

○米谷 佳晃¹⁾, 藤井 聡²⁾, 皿井 明倫²⁾, 河野 秀俊^{1,3)}, 郷 信広¹⁾

1) 原子力機構・量子ビーム 2) 九工大・情報工 3) JST・PRESTO

DNA sequence specific hydration and conformational deformability

Yoshiteru Yonetani (1), Satoshi Fujii (2), Akinori Sarai (2), Hidetoshi Kono (1, 3) and Nobuhiro Go (1) (1: Quantum Beam Science Directorate, Japan Atomic Energy Agency; 2: Department of Biosciences and Bioinformatics, Kyushu Institute of Technology; 3: PRESTO, Japan Science and Technology Agency)

3P131 蛋白質周辺における水分子の流れ、分子動力学計算による解析

○梅澤 公二¹⁾, 肥後 順一¹⁾, 山岸 明彦¹⁾, 田代 桜子²⁾, 神藤 平三郎²⁾

1) 東薬大・生命科学 2) 東薬大・薬学

Short-time and long-range correlative water flows around a protein investigated by molecular dynamics simulation

Koji Umezawa (1), Junichi Higo (1), Akihiko Yamagishi (1), Sakurako Tashiro (2), and Heisaburo Shindo (2). (1: School of Life Science, Tokyo University of Pharmacy and Life Science; 2: School of pharmacy, Tokyo University of Pharmacy and Life Science)

3P132 MD(分子動力学)シミュレーションを用いたダイポールフィールドの観測

○高野 憲和¹⁾, 浜崎 展行¹⁾, 宮川 博夫²⁾, 山岸 明彦¹⁾, 肥後 順一¹⁾

1) 東薬大・生命科学 2) 大正製薬

Solvent Site-Dipole Field Mediating Docking of Biomolecules

Norikazu Takano (1), Nobuyuki Hamasaki (1), Miyagawa Hiroh (2), Yamagishi Akihiko (1) and Junichi Higo (1). (1: School of Life Sciences, Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences; 2: Taisho Pharmaceutical)

3P133 分子動力学シミュレーションによる非極性分子の水和熱容量の解析

○新保 雄大¹⁾, 松本 博希¹⁾, 関 安孝¹⁾, 曾田 邦嗣¹⁾

1) 長岡技科大・生物系

Analysis of Hydration Heat Capacity of Nonpolar Molecules by Molecular Dynamics Simulation

Yudai Shimbo, Hiroki Matsumoto, Yasutaka Seki, and Kunitsugu Soda (Department of Bioengineering, Nagaoka University of Technology)

3P134 蛋白質の部分分子体積における水和効果

○関 安孝¹⁾, 藤井 淳平¹⁾, 曾田 邦嗣¹⁾

1) 長岡技科大・生物系

Hydration Effects on Partial Molecular Volume of Proteins

Yasutaka Seki (1), Junpei Fujii (1) and Kunitsugu Soda (1). (1: Dept. Bioeng., Nagaoka Univ. Technol.,)

3P135 タンパク質表面上の補償溶質エクトイン選択的排除の分子機構

○優 乙石¹⁾, 長岡 正隆¹⁾

1) 名大院情報科学

Molecular Mechanism of the Preferential Exclusion of Compatible Solute Ectoine on the Protein Surface

Isseki Yu, Masataka Nagaoka (Graduate School of Information Sciences., Univ of Nagoya)

3P136 哺乳類細胞における細胞質ダイニン複合体の IC74 と LC8 の相互作用の役割

○小林 琢也¹⁾, 古田 健也²⁾, 豊島 陽子²⁾, 片山 栄作³⁾, 村山 尚¹⁾

1) 順天堂大・医・薬理 2) 東大院・総合・生命 3) 東大・医科研・分子構造解析

Potential role of interaction between IC74 and LC8 of cytoplasmic dynein complex in intracellular transport in mammalian cells

Takuya Kobayashi (1), Ken'ya Furuta (2), Yoko Y. Toyoshima (2), Eisaku Katayama (3) and Takashi Murayama (1). (1: Dept Pharmacology, Juntendo Univ School of Medicine; 2: Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo; 3: The Institute of Medical Science, The Univ of Tokyo)

3P137 LIS1 と NDEL1 によるダイニン分子運動機能調節のメカニズム

○鳥澤 嵩征¹⁾, 中山 明子¹⁾, 古田 健也¹⁾, 枝松 正樹¹⁾, 広常 真治²⁾, 豊島 陽子¹⁾

1) 東大・総合文化・生命 2) 大阪市大・医・細胞機能

Molecular mechanism of the regulation of dynein motility by LIS1 and NDEL1

Takayuki Torisawa (1), Akiko Nakayama (1), Ken-ya Furuta (1), Masaki Edamatsu (1), Shinji Hirotsune (2), Yoko Yano Toyoshima (1). (1: Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, Univ. of Tokyo; 2: Dept Genetic Disease Research, Osaka City Univ. Graduate School of Medicine

3P138 zinc-induced tubulin sheet 上における細胞質ダイニンの 1 分子観察

○三浦 未知¹⁾, 古田 健也¹⁾, 枝松 正樹¹⁾, 豊島 陽子¹⁾

1) 東大院・総合文化・生命環境

Observation of single dynein molecules on zinc-induced tubulin sheets

Michi Miura, Ken'ya Furuta, Masaki Edamatsu, Yoko Y. Toyoshima Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo

3P139 in vitro 滑り運動系における微小管の三次元トラッキング

○水谷 佳奈¹⁾, 大岩 和弘²⁾, 小嶋 寛明²⁾, 榊原 斉²⁾, 政池 知子¹⁾, 西坂 崇之¹⁾

1) 学習院大・理・物理 2) 情報通信研・関西

Three-dimensional tracking of microtubule on surfaces coated by kinesin and dynein

Kana Mizutani (1), Kazuhiro Oiwa (2), Hiroaki Kojima (2), Hitoshi Sakakibara (2), Tomoko Masaie (1) and Takayuki Nishizaka (1). (1: Dept. Phys., Gakushuin Univ. 2: Kansai Adv. Res. Ctr.)

3P140 ダイニンの構造的最小単位の同定

○沼田 直己¹⁾, Roberts Anthony²⁾, 大倉 玲子¹⁾, 有坂 文雄³⁾, 昆 隆英¹⁾, Knight Peter²⁾, Burgess Stan²⁾, 須藤 和夫¹⁾

1) 東大院・総合文化・生命環境 2) Institute of Molecular and Cellular Biology, Leeds Univ. 3) 東工大院・生命理工・生物プロセス

Are six AAA+ modules sufficient to form the ring of dynein?

Naoki Numata (1), Anthony Roberts (2), Reiko Ohkura (1), Fumio Arisaka (3), Takahide Kon (1), Peter J. Knight (2), Stan A. Burgess (2) and Kazuo Sutoh (1). (1: Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, Univ of Tokyo; 2: Inst. Molecular & Cellular Biology and Astbury Centre for Structural Molecular Biology, Univ of Leeds; 3: Graduate School and School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Inst. of Technology

3P141 Cys-light ダイニンの構築

○長谷川 雄也¹⁾, 須藤 恵子¹⁾, 大倉 玲子¹⁾, 昆 隆英¹⁾, 須藤 和夫¹⁾

1) 東大院・総合文化・生命環境

Construction of Cys-light cytoplasmic dynein

Yuya Hasegawa, Keiko Sutoh, Reiko Ohkura, Takahide Kon and Kazuo Sutoh (Department of Life Science, Graduate School of Arts and Sciences, University of Tokyo)

3P142 細胞質ダイニンの 2 つの AAA リングの協調性

○島 知弘¹⁾, 昆 隆英¹⁾, 大倉 玲子¹⁾, 須藤 和夫¹⁾

1) 東大院・総合文化・生命環境

Behavior of two heads of cytoplasmic dynein

Tomohiro Shima (1), Takahide Kon (1), Reiko Okura (1) and Kazuo Sutoh (1). (1: Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, Univ of Tokyo)

3P143 細胞質ダイニンの複数サイトにおけるヌクレオチド結合および加水分解の情報のやりとりと力発生との関連

○最上 聡文¹⁾, 昆 隆英¹⁾, 大倉 玲子¹⁾, 須藤 和夫¹⁾

1) 東大院・総合文化・生命環境

Dissection of inter-modular communication among multiple nucleotide-binding/hydrolysis sites of

cytoplasmic dynein

Toshifumi Mogami, Takahide Kon, Reiko Ohkura, Kazuo Sutoh. (Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, University of Tokyo)

3P144 細胞質ダイニンの微小管相互作用と尾部スイングの協調

○今村 謙士¹⁾, 昆 隆英¹⁾, 大倉 玲子¹⁾, 須藤 和夫¹⁾

1) 東大院・総合文化・生命環境

The coordination of cyclic microtubule association/dissociation and tail swing of cytoplasmic dynein

Kenji Imamula (1), Takahide Kon (1), Reiko Ohkura (1), and Kazuo Sutoh (1) (1: Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences., Univ of Tokyo)

3P145 ダイニンストーク部位のアイソフォームに依存した撓やかさ

○深江 和貴¹⁾, 須藤 和夫²⁾, 安永 卓生¹⁾

1) 九州工大院情報工学研究科 2) 東京大学教養学部基礎科学科

flexibility change of dynein stalk depend on their isoforms

Kazuki Fukae(1), Kazuo Sutoh(2), Takuo Yasunaga(1). (1 Dept of bioscience and bioinformatics, Graduate school of computer science and systems engineering, Kyusyu Institute of Tecnology, 2: Dept of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, University of Tokyo)

3P146 単頭ダイニンによって駆動されるビーズの運動のモデル解析

○小西 智也¹⁾, 佐々木 一夫¹⁾

1) 東北大院・工・応物

Model analysis of the motion generated by single-headed cytoplasmic dyneins attached to a bead

Tomoya Konishi(1) and Kazuo Sasaki(1). (1:Department of Applied Physics, Tohoku University)

3P147 フォトクロミック ATP アナログの合成及びモータータンパク質との相互作用

○田中 啓子¹⁾, 伊藤 真人¹⁾, 丸田 晋策¹⁾

1) 創価大院・工・生物工

Synthesis of photochromic ATP analogues and interaction with motor proteins

Keiko Tanaka, Masato Itoh and Shinsaku Maruta(Dev Bioeng, Graduate School of Engineering, Soka Univ)

3P148 Gアクチン構造状態の核酸依存性とFアクチン形成との連関

○高野 光則¹⁾, 林田 平¹⁾

1) 早大・理工・物理

Nucleotide dependence of G-actin structural state in solution and its implication for F-actin formation

Mitsunori Takano and Taira Hayashida (Dept Phys, Graduate School of Science & Engineering)

3P149 細胞性粘菌新奇発現系による酵母の優性致死変異アクチンの発現と機能解析

○上田 太郎¹⁾, 神崎 紀子²⁾

1) 産総研・セルエンジニアリング 2) 産総研・人間福祉

Purification and characterization of a dominant lethal yeast actin, using a novel expression system for toxic actin mutants.

Taro Q. P. Uyeda (1) and Noriko Kanzaki (2). (1:Research Institute for Cell Engineering; 2:Institute for Human Science & Biomedical Engineering, National Institute of Advanced Industrial Science & Technology)

3P150 細胞性粘菌アクチンのグリシンスキャニング解析

○野口 太郎^{1,2)}, 上田 太郎^{1,2)}

1) 産総研・セル 2) 筑波大・生命環境

Glycine scanning mutational analysis of Dictyostelium actin

Taro Q. P. Noguchi(1,2) and Taro Q. P. Uyeda(1,2). (1: Research Institute for Cell Engineering., AIST; 2: Life and Environmental Sciences., Univ. of Tsukuba)

3P151 アゾベンゼン含有高分子を用いた細胞骨格フィラメントの配向固定

○塩澤 真人¹⁾, 井川 泰爾¹⁾, 成田 麻美子¹⁾, 毛利 誠¹⁾, 星野 文彦¹⁾, 渡辺 修¹⁾, 若園 佳彦²⁾, 寺川 進²⁾, 枝松 正樹³⁾, 豊島 陽子³⁾

1) (株)豊田中央研究所 2) 浜松医科大・光子医学研究センター 3) 東大・生命環境科学系

Orientation-controlled immobilization of cytoskeletal filaments on a surface of a polymer containing azobenzenes

Masahito Shiozawa(1), Taiji Ikawa(1), Mamiko Narita(1), Makoto Mouri(1), Fumihiko Hoshino(1), Osamu Watanabe(1), Yoshihiko Wakazono(2), Susumu Terakawa(2), Masaki Edamatsu(3) and Yoko Toyoshima(3). (1:TOYOTA CENTRAL R&D LABS., INC.; 2:Photon Medical Research Center, Hamamatsu Univ School of Medicine; 3:Dept of Life Sciences, Graduate School of Arts & Sciences, the Univ of Tokyo)

3P152 細胞質環境における分子モーターの挙動

○阿部 祐大¹⁾, 板橋 岳志¹⁾, 島本 勇太¹⁾, Kapoor Tarun²⁾, 石渡 信一¹⁾

1)早大・理工・物理 2)Rockefeller・Chem./Cell Biol.・Lab

Behavior of molecular motors in cytoplasmic extracts

Yuta Abe(1), Takeshi Itabashi(1), Yuta Shimamoto(1), Tarun M. Kapoor(2) and Shin'ichi Ishiwata(1).

(1:Department of Physics, Faculty of Science & Engineering, Waseda University; 2:Laboratory of Chemistry & Cell Biology, Rockefeller University)

3P153 カタニン p60 の N 末端側非 AAA 領域の性質

○高橋 良典¹⁾, 枝松 正樹¹⁾, 豊島 陽子¹⁾

1)東大院・総合文化・生命

The property of N-terminal non-AAA region of katanin p60

Yoshinori TAKAHASHI, Masaki EDAMATSU and Yoko Y. TOYOSHIMA (Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences., Univ of Tokyo)

3P154 転写開始時の転写バブル形成の可視化

○加藤 悠子¹⁾, 林 正人²⁾, 原田 慶恵^{1,3)}

1)東京都臨床研 2)東京医科歯科大・生材研・システム情報 3)CREST, JST

Observation of transcription bubble formation during transcription initiation

Yuko Kato (1), Masahito Hayashi (2) and Yoshie Harada (1, 3). (1: the Tokyo Metropol. Inst. of Med. Sci.; 2: Dept. Biomedical Information, Inst. Biomaterials and Bioengineering, Tokyo Medical and Dental Univ.; 3: CREST JST)

3P155 マイクロビーズが F₁-ATPase の回転方向と逆に回転する現象について

○木下 昌威¹⁾, 木下 一彦¹⁾

1)早大院・理工系・物理応物

Reverse rotation of a microsphere driven by normally rotating F₁-ATPase

Masatake Kinoshita, Kazuhiko Kinoshita, jr. (Dept of Physics, School of Science and Engineering, Waseda Univ)

3P156 F₁-ATPase は 3 つの部位での非対称で連続的な機構で回転する。

○有賀 隆行¹⁾, 宗行 英朗²⁾, 吉田 賢右³⁾

1)京大院・理 2)中央大・理工 3)東工大・資源研

F₁-ATPase rotates by an asymmetric, sequential three-site mechanism

Takayuki Ariga (1), Eiro Muneyuki (2) and Masasuke Yoshida (3) (1: Department of Physics, Kyoto Univ.; 2: Department of Physics, Chuo Univ.; 3: Chemical Resources Laboratory, Tokyo Institute of Technology)

3P157 F₁-ATPase の ATP 加水分解中のヌクレオチド結合数、非触媒部位にヌクレオチドが結合できない変異体を使って

○下一昆 理恵子¹⁾, 宗行 英朗²⁾, 足立 健吾¹⁾, 古池 晶¹⁾, 酒井 坦³⁾, 吉田 賢右⁴⁾, 木下 一彦¹⁾

1)早大・理工・物理 2)中央大・理工・物理 3)静岡県立大・生活健康 4)東工大・資源研・生物資源

Catalytic Site-Occupancy during ATP Hydrolysis of F₁-ATPase That Lacks Non-Catalytic Nucleotide Binding Site

Rieko Shimo-Kon(1), Eiro Muneyuki(2), Kengo Adachi(1), Shou Furuike(1), Hiroshi Sakai(3), Masasuke Yoshida(4), Kazuhiko kinosita, Jr.(1). (1:Department of Physics, School of Science and Engineering Waseda University, 2:Department of Physics, Faculty of Science and Technology, Chuo University, Tokyo, 3:Department of Food and Nutritional Sciences, Graduate School of Nutritional and Environmental Sciences, University of Shizuoka, 4:Bio-Resources Division, Chemical Resources Laboratory, Tokyo Institute of Technology)

3P158 外部トルク存在下での F₁ モーターの回転

中山(渡部) 隆宏¹⁾, 吉田 賢右¹⁾, 杉山 滋²⁾, 工藤 成史³⁾, 宗行 英朗⁴⁾

1)東工大・資源研 2)食品総合研究所 3)桐蔭横浜大・工 4)中央大・理工・物理

Rotation of F₁-motor in the presence of external torque

Takahiro Nakayama-Watanabe (1), Masasuke Yoshida (1), Shigeru Sugiyama (2), Seishi Kudo (3) and Eiro Muneyuki (4). (1: Chemical Resources Lab., Tokyo Tech.; 2: NFRI; 3: Dept. of Engineering, Toin Univ. of Yokohama; 4: Dept. of Physics, Chuo Univ.)

3P159 ヌクレオチド非結合状態における F₁-ATPase の回転ポテンシャル

○藤沢 亮^{1,2)}, 飯野 亮太¹⁾, 大岩 和弘³⁾, 野地 博行¹⁾

1)阪大院・産研 2)阪大院・生命機能・生命機能 3)情報通信研究機構未来 ICT 研究センターバイオ ICT グループ

Rotary potential of F₁-ATPase depleted nucleotide

Ryo Fujisawa (1)(2), Ryota Iino (1), Kazuhiro Oiwa (3) and Hiroyuki Noji (1). (1: The Institute of Scientific and Industrial Research, Osaka University; 2: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University; 3: Kobe Advanced ICT Research Center (KARC), National Institute of Information and Communications Technology)

3P160 F₁ATPaseにおけるArg-fingerの役割の解明

○籠谷 嘉人¹⁾, 奥野 大地¹⁾, 今村 博臣¹⁾, 飯野 亮太¹⁾, 野地 博行¹⁾

1) 阪大院・工学系・生命先端

Elucidation of the role of arginine finger in F₁ATPase.

Yoshihito Komoriya, Daichi Okuno, Hiromi Imamura, Ryota Iino, Hiroyuki noji (ISIR Osaka Univ.)

3P161 FRETによるF₁-ATPaseのβsubunitの構造変化の検出

○小林 大¹⁾

1) 学習院大学・理・物理

Stepwise changes in distance between two βs of rotating F₁-ATPase revealed by single-pair FRET

Masaru Kobayashi (1), Takayuki Nishizaka (1), Tomoko Masaie (1). (1: Dept Phys, Gakushuin Univ)

3P162 F₁-ATPaseの結晶構造と化学状態との相関の決定

○奥野 大地¹⁾, 原 陽子²⁾, 藤沢 亮¹⁾, 今村 博臣¹⁾, 伊香 裕子¹⁾, 野地 博行¹⁾

1) 阪大・産研 2) 東大・生研

Determination the relationship between crystal structure and chemical state of F₁-ATPase by single molecule analysis

Daichi Okuno (1), Yoko Hirono-Hara (2), Ryo Fujisawa (1), Hiromi Imamura (1), Yuko Iko (1) and Hiroyuki Noji (1). (1: ISIR, Osaka Univ; 2: Institute of Industrial Science, The University of Tokyo)

3P163 γ-β fusion mutantを用いたF₁-ATPaseの回転におけるγサブユニットN末端の役割の解明

○小堀 綾子¹⁾, 城口 克之²⁾, 古池 晶²⁾, 吉田 賢右³⁾, 木下 一彦²⁾

1) 早大院・先進理工・物理応物 2) 早大・先進理工・物理 3) 東工大・資源研

Role of γ-subunit N-terminal residues in F₁-ATPase rotation revealed by γ-β fusion mutants

Ayako Kohori (1), Katsuyuki Shiroguchi (1), Shou Furuie (1), Masasuke Yoshida (2) and Kazuhiko Kinoshita Jr. (1) (1: Waseda University 2: Tokyo Institute of Technology)

3P164 F₁-ATPaseの中間状態におけるγ subunitの位置

○岡田 薫¹⁾, 水谷 佳奈¹⁾, 政池 知子¹⁾, 西坂 崇之¹⁾

1) 学習院大・理・物理

Orientation of γ Subunit in F₁-ATPase in the Intermediate State

Kaoru Okada (1), Kana Mizutani (1), Tomoko Masaie (1) and Takayuki Nishizaka (1). (1: Dept Phys, Gakushuin Univ.)

3P165 Studies of γ Subunit-Truncated F₁-ATPase

○Hossain Delawar Mohammad^{1,2)}, 古池 晶¹⁾, 牧 泰史³⁾, 足立 健吾¹⁾, 木下 一彦¹⁾

1) 早稲田大・理工・物理 2) Dept. of Physics, School of Physical Sciences, Shahjalal Univ. 3) 大阪医科大・物理

Studies of γ Subunit-Truncated F₁-ATPase

Mohammad Delawar Hossain (1,2), Shou Furuie (1), Yasushi Maki (3), Kengo Adachi (1) and Kazuhiko Kinoshita Jr (1) (1: Dept of Physics, Faculty of Science and Engineering, Waseda Univ; 2: Department of Physics, School of Physical Sciences, Shahjalal Univ of Sci & Tech; 3: Dept of Physics, Osaka Medical College)

3P166 基板支持人工脂質二重膜に再構成したF₀F₁-ATP合成酵素のATP駆動による回転

○飯野 亮太¹⁾, 田端 和仁¹⁾, 上野 博史¹⁾, 長谷川 理恵¹⁾, 野地 博行¹⁾

1) 阪大・産研

ATP-driven rotation of F₀F₁-ATP synthase reconstituted into supported membrane

Ryota Iino, Kazuhito V. Tabata, Hiroshi Ueno, Rie Hasegawa and Hiroyuki Noji. (Institute of Scientific and Industrial Research, Osaka University)

3P167 分子動力学計算によるF₀-motor内へのプロトン拡散過程の解析

○山崎 久嗣¹⁾, 高野 光則¹⁾

1) 早大理工

Molecular dynamics simulation of proton diffusion process into F₀ motor

Hisatsugu Yamasaki (1) and Mitsunori Takano (1). (1: Dept. of Phys., Faculty of Sci. and Eng., Waseda Univ.)

3P168 F型ATP合成酵素cリングの空孔に存在するリン脂質は何分子か? : 分子動力学シミュレーションによる推定

○瀨上 壮太郎¹⁾, 中島 恭子¹⁾, 池口 満徳¹⁾, 木寺 詔紀¹⁾

1) 横浜市大院・国際総合科学

How many phospholipids plug a central cavity of c-ring in F-type ATP synthase?: a molecular dynamics simulation approach

Sotaro Fuchigami (1), Kyoko Nakajima (1), Mitsunori Ikeguchi (1) and Akinori Kidera (1). (1: Intl. Grad. School of Arts and Sciences, Yokohama City Univ.)

3P169 ATP合成酵素の結晶化と結晶解析

○白木原 康雄¹⁾, 白鳥 綾¹⁾, 村上 聡²⁾, 鈴木 俊治³⁾, 吉田 賢右³⁾

1) 遺伝研 2) 阪大産研 3) 東工大生命理学

Crystallization and crystal analysis of ATP synthase

Yasuo Shirakihara(1), Aya Shiratori(1), Satoshi Murakami(2), Toshiharu Suzuki(3) and Masasuke Yoshida(3). (1: National Inst of Genetics; 2: Osaka Univ; 3: Tokyo Inst of Technology)

3P170 磁気ピンセットで強制回転させたF₁中のεサブユニットの1分子ダイナミクス

○税田 英一郎¹⁾, 飯野 亮太²⁾, 山田 康之³⁾, 鈴木 俊治⁴⁾, 野地 博行²⁾, 吉田 賢右^{1,4)}

1) 東工大・資源研 2) 阪大・産研 3) 立教大・理・生命 4) 科技振・ICORP

Single molecule dynamics of the epsilon subunit in F₁ forced-rotated by magnetic tweezers

Eiichiro Saita (1), Ryota Iino (2), Yasuyuki Kato-Yamada (3), Toshiharu Suzuki (4), Hiroyuki Noji (2) and Masasuke Yoshida (1, 4). (1: Chemical Resources Laboratory, Tokyo Institute of Technology; 2: The Institute of Scientific and Industrial Research, Osaka Univ; 3: Dept of Life Science, Rikkyo Univ; 4: JST, ICORP)

3P171 ADP存在下におけるV₁-ATPaseの停止位置

○西川 芳宏^{1,2)}, 今村 博臣¹⁾, 横山 謙³⁾, 野地 博行¹⁾

1) 阪大院・産研 2) 阪大院・生命機能・生命機能 3) 東工大・資源研

Pausing position of V₁-ATPase in the presence of ADP

Yoshihiro Nishikawa (1) (2), Hiromi Imamura (1), Ken Yokoyama (3) and Hiroyuki Noji (1). (1: The Institute of Scientific and Industrial Research, Osaka University; 2: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University; 3: Chemical Resources Laboratory, Tokyo Institute of Technology)

3P172 腸内連鎖球菌由来ナトリウム輸送性ATPase, V₁部分の精製, 分解, 再構成の検討

○新井 聡史¹⁾, 山登 一郎¹⁾, 柿沼 喜己²⁾, 村田 武士³⁾

1) 東京理科大院・基礎工学研究科・生物工学専攻 2) 愛媛大学農学部 3) 科学技術振興機構岩田ヒト膜受容体構造プロジェクト

V₁ part of sodium-translocating ATPase from *E. hirae* --- purification, resolution and reconstitution

Satoshi Arai(1), Ichiro Yamato(1), Yoshimi Kakinuma(2), Takeshi Murata(3). (1: Dept Biological Science and Technology, Tokyo Univ of Science; 2: Faculty Agricultural Science, Univ of Ehime; 3: JST, ERATO Iwata project)

3P173 腸内連鎖球菌V型Na⁺-ATPaseの外周固定子のサブユニット構成

○山本 三沙岐^{1,2)}, 雲財 悟³⁾, 水谷 健二^{4,5)}, 寿野(池田) 千代⁵⁾, 矢吹(宮田) 有香子²⁾, 山登 一郎¹⁾, 柿沼 喜己⁶⁾, 大林 尚美²⁾, 寺田 貴帆²⁾, 外山 光俊²⁾, 白水 美香子²⁾, 岩田 想^{2,4,5,7)}, 横山 茂之^{2,8)}, 村田 武士^{2,5,7)}

1) 東京理大・基礎工 2) 理研横浜・GSC・タンパク質基盤 3) 横浜市大・院 4) Imperial Coll. 5) JST・ERATO6) 愛媛大・農 7) 京大・医 8) 東大・院理・生化

Subunit arrangement and assembly of peripheral stalk of the V-type Na⁺-ATPase from *Enterococcus hirae*

Misaki Yamamoto (1,2), Satoru Unzai (3), Kenji Mizutani (4,5), Chiyo Suno-Ikeda (5), Yukako Yabuki-Miyata (2), Ichiro Yamato (1), Yoshimi Kakinuma (6), Naomi Ohbayashi (2), Takaho Terada (2), Mitsutoshi Toyama (2), Mikako Shirouzu (2), So Iwata (2,4,5,7), Shigeyuki Yokoyama (2,8) and Takeshi Murata (2,5,7). (1: Dept Biol Sci Tech, Tokyo Univ of Science; 2: PRG, GSC, Yokohama Inst, RIKEN; 3: Protein Design Lab, Yokohama City Univ; 4: Divi Mol Biosci, Imperial College London; 5: Iwata Project, ERATO, JST; 6: Faculty Agri, Ehime University; 7: Grad Sch of Medicine, Kyoto Univ; 8: Dept Biophys Biochem, Grad Sch Sci, Univ of Tokyo)

3P174 バクテリアべん毛モーターにおける回転速度とイオンフラックスのカップリングのモデル解析

○中川 健¹⁾, 佐々木 一夫¹⁾

1) 東北大院・工・応物

The Rotation-Flux Coupling of Bacterial Flagellar Motors studied by Model Analysis

Takeshi Nakagawa(1) and Kazuo Sasaki(1). (1: Department of Applied Physics, Tohoku University)

3P175 ナトリウム駆動型キメラべん毛モーターによる回転運動と分子ダイナミクスの解析

○井上 裕一¹⁾, 福岡 創¹⁾, 高橋 泰人¹⁾, 曾和 義幸²⁾, 本間 道夫³⁾, 石島 秋彦¹⁾

1) 東北大・多元研 2) オックスフォード大・物理 3) 名大・理学系・生命理学

Torque generation of Na⁺-driven chimeric flagellar motor with PomA mutant in *Escherichia coli*.

Yuichi Inoue (1), Hajime Fukuoka (1), Hiroto Takahashi (1), Yoshiyuki Sowa (2), Michio Homma (3) and Akihiko Ishijima (1). (1: IMRAM, Tohoku University; 2: Department of Physics, University of Oxford; 3: Division of Biological Science, Graduate School of Science, Nagoya University)

3P176 高圧力によるべん毛モーターの逆回転運動

○西山 雅祥¹⁾, 曾和 義幸²⁾, 熊崎 茂一¹⁾, 木村 佳文¹⁾, 本間 道夫³⁾, 石島 秋彦⁴⁾, 寺嶋 正秀¹⁾

1) 京大院・理 2) Dept. of Physics, Univ. of Oxford 3) 名大院・理 4) 東北大・多元研

Pressure-induced reversal in the rotational direction of the bacterial flagellar motor

Masayoshi Nishiyama (1), Yoshiyuki Sowa (2), Shigeichi Kumazaki (1), Yoshifumi Kimura (1), Michio Homma (3), Akihiko Ishijima (4) and Masahide Terazima (1). (1: Dept. Chemistry, Graduate School of Science, Kyoto Univ.; 2: Dept. Physics, Univ. of Oxford; 3: Graduate School of Science, Nagoya Univ.; 4:) Inst. Multidisciplinary Research for Advanced Materials, Tohoku Univ.

3P177 Na⁺駆動型べん毛モーターにおける遊泳速度の圧力応答

○下田 義樹¹⁾, 西山 雅祥¹⁾, 小嶋 誠司²⁾, 本間 道夫²⁾, 木村 佳文¹⁾, 寺嶋 正秀¹⁾

1) 京大院・理・化学 2) 名大院・理

Pressure-velocity relationship of sodium-driven flagellar motor of *Vibrio alginolyticus*.

Yoshiki Shimoda (1), Masayoshi Nishiyama (1), Seiji Kojima (2), Michio Homma (2), Yoshihumi Kimura (1) and Masahide Terazima (1). (1: Department of Chemistry, Graduate School of Science, Kyoto University; 2: Division of Biological Science, Graduate School of Science, Nagoya University)

3P178 複数べん毛モーターの同時計測へのアプローチ

○関 俊輔¹⁾, 福岡 創²⁾, 井上 祐一²⁾, 石島 秋彦²⁾

1) 東北大院・生命科学・生体機能分子計測 2) 東北大・多元研・複雑系プロセス設計

Approach for simultaneous measurement of multiple flagellar motors

Shunsuke Seki (1), Hajime Fukuoka (2), Yuichi Inoue (2), Akihiko Ishijima (2) (1: Grad. Sch. Life Sci., Tohoku Univ., 2: IMRAM, Tohoku Univ.)

3P179 イオン駆動回転モーター構成素子の GFP による一分子標識

○福岡 創¹⁾, 齋藤 健太²⁾, 永井 健治²⁾, 本間 道夫³⁾, 石島 秋彦¹⁾

1) 東北大・多元研 2) 北大・電子研 3) 名大院・理・生命理学

Single molecular labeling of rotor component of bacterial flagellar motor

Hajime Fukuoka (1), Kenta Saito (2), Takeharu Nagai (2), Michio Homma (3), Akihiko Ishijima (1) (1: IMRAM, Tohoku Univ., 2: RIES, Hokkaido Univ., 3: Div. Bio. Science, Grad. Sch. Science, Nagoya Univ.)

3P180 pH 感受性蛍光蛋白質フルオリンを用いた細菌の細胞内 pH 測定

○森本 雄祐^{1,2)}, 蔡 榮淑¹⁾, 南野 徹^{1,2)}, 上池 伸徳²⁾, 難波 啓一^{1,2)}

1) 阪大院・生命機能 2) JST・ICORP・超分子ナノマシン

Intracellular pH measurement of *Salmonella* with a pH-sensitive GFP, pHluorin, and a newly developed pH imaging system

Yusuke Morimoto (1, 2), Yong-Suk Che (1), Tohru Minamino (1, 2), Nobunori Kami-ike (2), and Keiichi Namba (1, 2). (1: Graduate School of Frontier Biosci., Osaka Univ.; 2: Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST)

3P181 プロトン駆動型べん毛モーターにおけるステップ特性の観察

中村 修一^{1,2)}, 南野 徹^{1,2)}, 上池 伸徳²⁾, 難波 啓一^{1,2)}

1) 阪大院・生命機能 2) 超分子ナノマシン・国際・科技振

Observation of stepping motions of the proton-driven flagellar motor of *Salmonella*

Shuichi Nakamura (1) (2), Tohru Minamino (1) (2), Nobunori Kami-ike (2) and Keiichi Namba (1) (2). (1: Graduate School of Frontier Bioscience, Osaka Univ.; 2: Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST)

3P182 テザードセルにおけるべん毛の AFM 観察

○真下 拓史¹⁾, 吉野 智之²⁾, 相沢 慎一^{1,2)}

1) JST CREST ソフトナノマシン PJ2) 県立広島大学 相沢研究室

AFM observations of flagella of the tethered cell on surfaces

Takuji Mashimo (1), Tomoyuki Yoshino (2), Shin-Ichi Aizawa (1, 2). (1: CREST, Soft Nano-Machine Project, JST 2: Prefectural University of Hiroshima)

3P183 バクテリアべん毛の剛性率の直接的測定

○原田 知明¹⁾, 保科 洋介¹⁾, 吉村 英恭¹⁾

1) Dept. of phys., Meiji Univ.

Direct measurement of bacterial flagella filament's rigidity

Tomoaki Harada(1), Yousuke Hosina(1) and Hideyuki Yoshimura(1). (1:Dept. of phys.,Meiji Univ.)

3P184 高粘度条件下における *Bradyrhizobium japonicum* の運動様式

門馬 和也¹⁾, ○神戸 正臣^{1,2)}, 相沢 慎一^{1,2)}

1) 県立広島大学 2) CREST Soft Nano-Machine Project, JST

Swimming behavior of *Bradyrhizobium japonicum* cells in high viscous solution

Kazuya Momma¹, Masaomi Kanbe^{1,2}, Shin-Ichi Aizawa^{1,2,1}. Prefectural University of Hiroshima, 2. CREST Soft Nano-Machine Project, JST

3P185 復帰突然変異体解析に基づくべん毛繊維多型変換の鍵となるアミノ酸残基の推測

○林 史夫¹⁾, 池田 佳奈美¹⁾, 深野 弘子¹⁾, 山口 滋¹⁾, 大澤 研二¹⁾

1) 群大院・工・化学生物

Candidates of key amino acid residues for transformation of *Salmonella* flagellar filaments

Fumio Hayashi, Kanami Ikeda, Hiroko Fukano, Shigeru Yamaguchi and Kenji Oosawa (Dept. Chemistry-Chemical Biology, Graduate School of Engineering, Gunma Univ.)

3P186 細菌べん毛モーター・スイッチ複合体の構造解析

○宮田 知子¹⁾, 加藤 貴之¹⁾, 藤井 高志¹⁾, 難波 啓一^{1,2)}

1) 阪大院・生命機能 2) JST・ICORP・超分子ナノマシン

Structure analysis of the flagellar hook-basal body with the C ring by electron cryomicroscopy.

Tomoko Miyata(1), Takayuki Kato(1), Takashi fuji(1) and Keiichi Namba(1, 2). (1: Graduate school of Frontier Biosciences, Osaka University; 2: Dynamic NanoMachine Project, ICORP, JST)

3P187 べん毛ロッドの成長と PL リング形成

○高橋 則子¹⁾, Fabienne Chevance²⁾, Kelly Hughes²⁾, 相沢 慎一^{1,3)}

1) CREST, Soft Nano-Machine Project, JST 2) University of Utah, USA 3) Prefectural University of Hiroshima

Flagellar rod growth and PL ring formation

Noriko Takahashi(1), Fabienne Chevance(2), Kelly Hughes(2), Shin-Ichi Aizawa(1)(2). (1: CREST, Soft Nano-Machine Project, JST; 2: University of Utah, USA; 3: Prefectural University of Hiroshima)

3P188 III型タンパク質輸送システムの FliI と InvC の ATPase 活性

○伊野部 江里¹⁾, 林 史夫¹⁾, 大澤 研二¹⁾

1) 群大院・工・化学生物

ATPase activities of FliI and InvC of the type III protein export systems

Eri Inobe, Fumio Hayashi and Kenji Oosawa. Dept. of Chemistry-Chemical Biology, Graduate School of Engineering, Gunma Univ.

3P189 BarA/SirA と Lon protease による *Salmonella typhimurium* の SPI1 遺伝子発現の制御

○水崎 秀明^{1,2)}, 高屋 明子³⁾, 山本 友子³⁾, 相沢 慎一^{1,2)}

1) 県立広島大院・生命システム 2) JST・CREST 3) 千葉大院

Expression of the SPI1/ type III secretion system is regulated by BarA/SirA and Lon protease in *Salmonella enterica* serovar Typhimurium.

Hideaki Mizusaki (1,2), Akiko Takaya (3), Tomoko Yamamoto (3) and Shin-Ichi Aizawa (1,2). (1: Department of Life Sciences, Prefectural University of Hiroshima; 2: CREST, Japan Science & Technology Agency (JST); 3: Department of Microbiology & Molecular Genetics, Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Chiba University)

細胞生物学的課題 (接着・運動・骨格・伝達・膜) (Cell biological problems— adhesion, motility, cytoskeleton, signaling, and membrane)

3P190 インフルエンザウイルスの細胞表面における運動の解析

○塚 立也¹⁾

1) 川崎医大・微生物

Characterization of influenza virus rolling and sliding

Tatsuya Sakai (Dept Microbiology, Kawasaki Medical School)

3P191 細胞認識性温度応答性高分子ゲルを用いた機械的シグナル伝達機構の解析

○八巻 和正¹⁾, 原田 伊知郎¹⁾, 赤池 敏宏¹⁾

1) 東工大院・生命理工

Analysis of mechanical signal transduction using cell-recognizable temperature sensitive hydrogel

Kazumasa Yamaki, Ichiro Harada and Toshihiro Akaike. (Graduate school of bioscience and biotechnology, Tokyo Institute of Technology)

3P192 上皮細胞の協調的集団運動を誘引するコラーゲンゲル基質上での細胞形態および細胞-基質間接着

○小椋 隼人¹⁾, 林 雅名子¹⁾, 水谷 武臣¹⁾, 川端 和重¹⁾, 芳賀 永¹⁾

1) 北大院・理・生命理学

Cell morphology and cell-matrix adhesion inducing collective movement of epithelial cells on a collagen gel substrate

Hayato Ogura, Kanako Hayashi, Takeomi Mizutani, Kazushige Kawabata and Hisashi Haga (Division of Biological Sciences, Graduate School of Science, Hokkaido University)

3P193 切断された神経軸索の再生における神経成長因子の作用

○野村 真未¹⁾, 原田 慶恵²⁾, 谷 知己³⁾

1) 東大院・新領域・メディカルゲノム 2) 東京都臨床研・1 分子プロジェクト 3) 北大・電子研・ナノシステム生理

The effect of nerve growth factor on the regenerating process of severed axons

Mami Nomura (1), Yoshie Harada (2), Tomomi Tani (3). (1: Dep Medical Genome, Graduate School of Frontier Science, Univ of Tokyo; 2: The Tokyo Metropol. Inst. of Med. Sci.; 3: Research Inst. of Electronic Science, Hokkaido Univ.)

3P194 補食細菌 *Bdellovibrio bacteriovorus* の細胞分裂パターンの解析

○神名 麻智¹⁾, Sockett Liz^{1,2)}, 相沢 慎一^{1,3)}

1) HFSP 2) Univ of Nottingham 3) 県立広島大

Cell division pattern of *Bdellovibrio bacteriovorus* in prey cells

Machi Kanna (1), Liz Sockett (1, 2) and Shin-Ichi Aizawa (1, 3). (1: Human Frontier Science Program, 2: University of Nottingham 3: Prefectural University of Hiroshima)

3P195 線虫 *C. elegans* 1 細胞期の cytoplasmic flow の測定とモデル化

○庭山 律哉¹⁾, 木村 暁^{1,2)}

1) 総研大・生命科学・遺伝学 2) 遺伝研・新分野・細胞建築

Measurement and modeling of cytoplasmic flow in the one cell stage *C. elegans* embryo.

Ritsuya Niwayama (1) and Akatsuki Kimura (1, 2). (1: Department of Genetics, Sokendai; 2: NIG, Cell Architecture Laboratory)

3P196 線虫の初期胚を用いた細胞分裂における細胞の形状の実験的・理論的解析

○小山 宏史¹⁾, 木村 暁¹⁾

1) 遺伝研・細胞建築

Experimental and theoretical analyses of cell shape transformation during cell division in *Caenorhabditis elegans* early embryonic cells

Hiroshi Koyama and Akatsuki Kimura. Cell Architecture laboratory, National Institutes of Genetics

3P197 MDCK 細胞のアノイクスに対する細胞凝集の効果

○江本 由美子¹⁾

1) 九大・院理・生物科学

Effects of cellular aggregation on anoikis of MDCK cells

Yumiko Emoto. (Dept of Biology, Graduate School of Sciences, Kyushu University)

3P198 感覚神経とマスト細胞の相互作用における接着分子の機能解析

○古野 忠秀¹⁾, 岡本 恵佑²⁾, 平嶋 尚英²⁾, 中西 守¹⁾

1) 愛知学院大・薬 2) 名市大院・薬

Adhesion molecules in communication between sensory nerves and mast cells

Tadahide Furuno (1), Keisuke Okamoto (2), Naohide Hirashima (2) and Mamoru Nakanishi (1). (1: School of Pharmacy, Aichi Gakuin University; 2: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Nagoya City University)

3P199 アクチンストレスファイバーに沿って運動する細胞内顆粒：走査型プローブ顕微鏡によるタイムラプス観察

○田村 和志¹⁾, 水谷 武臣¹⁾, 芳賀 永¹⁾, 川端 和重¹⁾

1) 北大・院理・生命理学

Intracellular particles moving along actin stress fibers visualized by time-lapse scanning probe microscopy

Kazushi Tamura (1), Takeomi Mizutani (1), Hisashi Haga (1) and Kazushige Kawabata (1). (1: Division of Biological Sciences, Graduate School of Science, Hokkaido University)

3P200 Dependence of the retrograde surface transport process on actin turnover

○延澤 大祐¹⁾, 宮田 英威¹⁾

1) 東北大院・理学・生物物理

Dependence of the retrograde surface transport process on actin turnover

Daisuke Nobezawa and Hidetake Miyata (Dept of Physics, Graduate School of Science Tohoku Univ)

3P201 マクロピノサイトーシスの初期段階におけるアクチン・ダイナミクスの役割

○浦本 薫子¹⁾, 宮田 英威¹⁾

1) 東北大院・理学・生物物理

Role of actin dynamics in early stages of macropinocytosis

Kaoruko Uramoto(1), Miyata Hidetake(1) (1:Dept Biophysics, Graduate School of Sciences., Univ of Tohoku)

3P202 G蛋白質の細胞内1分子可視化解析

○宮永 之寛¹⁾, 柳田 敏雄¹⁾, 上田 昌宏¹⁾

1) 阪大院・生命機能

Single-molecule imaging analysis of heterotrimeric G protein dynamics in Dictyostelium cells

Yukihiro Miyana (1), Toshio Yanagida (1) and Masahiro Ueda (1). (1:Laboratories for Nanobiology, Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka Univ)

3P203 大腸菌の走化性受容体の膜中の動きに対する細胞骨格タンパク質の関与

○坂野 聡美^{1,2)}, 石島 秋彦³⁾, 本間 道夫⁴⁾, 川岸 郁朗^{1,2)}

1) 法政大・工・生命機能 2) 法政大・マイクロナノテクノロジー研究センター 3) 東北大・多元物質科学研究所 4) 名大・院理・生命理学

Effect of the bacterial cytoskeleton on the movement of the chemoreceptor through the cytoplasmic membrane in *Escherichia coli*

Satomi Banno (1, 2), Akihiko Ishijima (3), Michio Homma (4) and Ikuro Kawagishi (1, 2). (1: Dept. of Frontier Bioscience, Hosei Univ; 2: Research Center for Micro-Nano Technology, Hosei Univ; 3: Inst. of Multidisciplinary Research for Advanced Materials, Tohoku Univ; 4: Div. of Biol. Sci., Grad. Sch. of Sci., Nagoya Univ)

3P204 *In Vivo* 架橋を用いた大腸菌走化性における受容体クラスターの構造機能連関の解析

○入枝 泰樹^{1,2)}, 本間 道夫¹⁾, 川岸 郁朗^{2,3)}

1) Div. of Biol. Sci., Grad. Sch. of Sci., Nagoya Univ. 2) Research Center for Micro-Nano Tech. 3) Dept. of Frontier Biosci., Hosei Univ.

Probing structure-function relation of the bacterial chemoreceptor cluster by *in vivo* crosslinking

Hiroki Irieda (1, 2), Michio Homma (1) and Ikuro Kawagishi (2, 3). (1: Div. of Biol. Sci, Grad. Sch. of Sci., Nagoya Univ.; 2: Research Center for Micro-Nano Tech.; 3: Dept. of Frontier Biosci., Hosei Univ.)

3P205 大腸菌アスパラギン酸受容体 Tar の HAMP ドメイン内の1つのアミノ酸残基置換がそのクラスター形成と極局在に与える影響

○太田 徳子^{1,2)}, 入枝 泰樹^{1,2)}, 坂野 聡美^{2,3)}, 本間 道夫¹⁾, 川岸 郁郎^{2,3)}

1) Div. of Biol. Sci., Grad. Sch. of Sci. Nagoya Univ. 2) Research Center for Micro-Nano Tec. 3) Dept. of Frontier Biosci., Hosei Univ.

Single residue substitutions in the HAMP domain of the bacterial aspartate chemoreceptor Tar affect its clustering and polar localization

Noriko Ohta (1,2), Hiroki Irieda (1,2), Satomi Banno (2,3), Michio Homma (1), Ikuro Kawagishi (2,3) (1: Division of Biological Science, Graduate School of Science, Nagoya University; 2: Research Center for Micro-Nano Technology; 3: Department of Frontier Bioscience, Hosei University)

3P206 GPCRのモノマー・ダイマー動的平衡の解明；一分子追跡法による研究

○笠井 倫志¹⁾, Eric Prossnitz²⁾, 楠見 明弘¹⁾

1) 京大・再生研 2) ニューメキシコ大

Single-molecule tracking revealed the complete kinetics of a GPCR monomer-dimer dynamic equilibrium

Rinshi S. Kasai (1), Eric R. Prossnitz (2), and Akihiro Kusumi (1). (1: Membrane Mechanisms Project, ICORP-JST, Institute for Frontier Medical Sciences, Kyoto University, Kyoto, Japan; 2: Department of Cell Biology and Physiology, University of New Mexico, Albuquerque, New Mexico, U. S. A.)

3P207 グルタミン酸受容体のシナプスへの出入り：1分子法と多分子法による研究

○中田 千枝子¹⁾, 土方 博子¹⁾, 吉田 広人¹⁾, 長谷川 理恵²⁾, 岡部 繁男³⁾, 楠見 明弘¹⁾

1) JST-ICORP/京大・再生研 2) 阪大・産研 3) 東大院医・神経細胞生物

Turnover of glutamate receptors in the synapse of cultured hippocampal neurons: single molecule and bulk studies.

Chieko Nakada (1), Hiroko Hijikata (1), Hiroto Yoshida (1), Rie Hasegawa (2), Shigeo Okabe (3) and Akihiro Kusumi (1). (1: JST-ICORP/Inst. Frontier Medical Sciences, Kyoto University; 2: Institute of Scientific and Industrial Research, Osaka University; 3: Graduate School of Medicine, University of Tokyo)

3P208 情報伝達タンパク質 Ras、Raf1 間の分子認識の細胞内1分子可視化解析

○日比野 佳代¹⁾, 柳田 敏雄²⁾, 佐甲 靖志¹⁾

1) 理研・細胞情報 2) 阪大院・生命機能、医学系

Molecular recognition between intracellular signaling molecules Ras and Raf investigated by single molecule analysis in living cells

Kayo Hibino (1), Toshio Yanagida (2) and Yasushi Sako (1). (1: Lab. of Cellular Informatics, RIKEN; 2: Lab. for Nanobiology, Grad. Sch. of Frontier Biosci., and Medicine, Osaka Univ.)

3P209 ミオシン Vb の分子内構造変化は細胞辺縁の膜輸送制御に関与している

○富永 基樹¹⁾, 村山 尚²⁾, 呉林 なごみ²⁾, 片山 栄作¹⁾

1) 東大・医科研・分子構造解析 2) 順天堂大・医・薬理

Conformational change of myosin Vb is involved in the regulation of peripheral membrane traffic

Motoki Tominaga (1), Takashi Murayama (2), Nagomi Kurebayashi (2) and Eisaku Katayama (1). (1: Institute of Medical Science, Univ of Tokyo; 2: Dept of Pharmacology, School of Medicine, Juntendo Univ)

3P210 赤血球における細胞骨格の力学的研究

○中路 雅登¹⁾, 関口 博史¹⁾, Afrin Rehana¹⁾, 猪飼 篤¹⁾

1) 東工大・生命理工・分子生命

Mechanical Study of the Erythrocyte Cytoskeleton

Masato Nakaji (1), Hiroshi Sekiguchi (1), Rehana Afrin (1) and Atsushi Ikai (1). (1: Dept. of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Institute of Technology)

3P211 細胞性粘菌における単一細胞の力測定

○岩谷 卓¹⁾, 前多 裕介¹⁾, Rieu Jean-Paul²⁾, 佐野 雅巳¹⁾

1) 東大院理 2) Physique de la Matière Condensée et Nanostructures, Univ. of Lyon

Measurement of traction forces in cell motility of single Dictyostelium Discoideum cells

Suguru Iwaya (1), Yusuke T Maeda (1), Jean-Paul Rieu (2), Masaki Sano (1) (1: Dept Phys Graduate School of Science, Univ of Tokyo; 2: Laboratoire de Physique de la Matière Condensée et Nanostructures, Univ of Lyon)

3P212 ビーズでマークした赤血球で検出する、Mycoplasma mobile が足場におよぼす力

○金宇治 綾香¹⁾, 西坂 崇之²⁾, 宮田 真人¹⁾

1) 大市大・院理、生物 2) 学習院、院理、物理

Force exerted to substrate from Mycoplasma mobile, detected by red blood cell marked by plastic beads

Ayaka Kaneuji (1), Takayuki Nishizaka (2) and Makoto Miyata (1). (1: Department of Biology, Graduate School of Science, Osaka City University; 2: Department of Physics, Gakushuin University)

3P213 マイコプラズマの滑走運動に対する、抗 Gli 521 - scFv 抗体の新規阻害効果

○吉井 周平¹⁾, 宮田 真人¹⁾

1) 大市大・院理・生物

Novel inhibitory effects of scFv antibodies against Gli521 on gliding motility of Mycoplasma

Shuhei Yoshii, Makoto Miyata (Dept of Biology, Graduate School of Science, Osaka City University)

3P214 Mycoplasma mobile のくらげ構造

○中根 大介¹⁾, 宮田 真人¹⁾

1) 大市大院・理・生物

Jellyfish structure of Mycoplasma mobile

Daisuke Nakane and Makoto Miyata. (Dept Biology, Graduate School of Science, Univ of Osaka City)

3P215 光ピンセットを用いたマイコプラズマ・モービルのゴーストの力測定

○鈴木 純也¹⁾

1) 学習院大学・理・物

Gliding force of Mycoplasma mobile ghost measured using optical tweezers

Suzuki Junya (1), Isao Terasima (1), Kana Mizutani (1), Tomoko Masaike (1), Miyata Makoto (2) and Takayuki Nishizaka (1). (1: Dept. Phys., Gakushuin Univ.; 2: Dept. Biol., Osaka City Univ.)

光生物 (視覚・光受容) (Photobiology- vision and photoreception)

3P216 熱力学摂動法によるバクテリオロドプシンの構造変化に関する理論的研究

○渡辺 宙志¹⁾, 倭 剛久^{1,2)}

1) 名大院・理学・物質理学 2) CREST・JST

Theoretical study on the structural change of bacteriorhodopsin by the thermodynamic perturbation method.

Hiroshi Watanabe (1) and Takahisa Yamato (1, 2). (1: Dept Physics, Graduate School of Science, Nagoya Univ; 2: CREST, JST)

3P217 固体高分解能 NMR によるバクテリオロドプシンのレチナール異性化に応答する Tyr 残基の主鎖コ

ンフォメーションの解析

○川村 出¹⁾, 木原 尚樹¹⁾, 田邊 純子¹⁾, 出川 嘉朗¹⁾, 辻 暁²⁾, 内藤 晶¹⁾

1) 横国大・院・工 2) 兵庫県大・院・理

High-Resolution Solid-State NMR Studies of Backbone Conformations at Tyr in Bacteriorhodopsin corresponding to Retinal Configurations.

Izuru Kawamura(1), Naoki Kihara(1), Junko Tanabe(1), Yoshiaki Degawa(1), Satoru Tuzi(2), Akira Naito(1) (1: Graduate School of Engineering, Yokohama National University; 2: Department of Life Science, University of Hyogo)

3P218 固体 NMR によるバクテリオロドプシンおよびバクテリオオプシンの細胞外ループにおける動的構造解析

○田辺 純子¹⁾, 大嶺 将人¹⁾, 川村 出¹⁾, 辻 暁²⁾, 内藤 晶¹⁾

1) 横国大・院・工 2) 兵庫県大・院・理

Dynamic aspects of extracellular loop of bacteriorhodopsin and bacterio-opsin as studied by solid-state NMR

Junko Tanabe(1), Masato Ohmine(1), Izuru Kawamura(1), Satoru Tuzi(2) and Akira Naito(1). (1: Graduate School of Engineering, Yokohama National University; 2: Department of Life Science, University of Hyogo)

3P219 固体 NMR によるバクテリオロドプシン中トリプトファン残基の構造分析

○田島 可奈¹⁾, 川村 出¹⁾, 辻 暁²⁾, 内藤 晶¹⁾

1) 横国大・院・工 2) 兵庫県大・院・理

Conformational analysis of tryptophan residues in bacteriorhodopsin by solid-state NMR

Kana Tajima(1), Izuru Kawamura(1), Satoru Tuzi(2), Akira Naito(1). (1: Graduate School of Engineering, Yokohama National University; 2: Department of Life Science, University of Hyogo)

3P220 固体 NMR によるバクテリオロドプシンのレチナル近傍のタンパク質主鎖コンフォメーションの解析

○成川 由佳¹⁾, 田辺 純子¹⁾, 川村 出¹⁾, 辻 暁²⁾, 内藤 晶¹⁾

1) 横国大・院・工 2) 兵庫県大・院・理

Backbone conformations of Bacteriorhodopsin in the vicinity of retinal as studied by solid-state ¹³C NMR spectroscopy

Yuka Narukawa(1), Junko Tanabe(1), Izuru Kawamura(1), Satoru Tuzi(2) and Akira Naito(1). (1: Graduate School of Engineering, Yokohama National University, 2: Department of Life Science, University of Hyogo)

3P221 バクテリオロドプシンを発現した大腸菌の光生理反応

○井原 邦夫¹⁾

1) 名大・遺伝子

Photophysiological response of bacteriorhodopsin expressing Escherichia coli

Kunio Ihara (Center for Gene Research, Nagoya University)

3P222 光駆動アニオンポンプ・ハロロドプシンの Arg123 の役割

○久保 恵美¹⁾, 菊川 峰志²⁾, 宮内 正二¹⁾, 関 顕照¹⁾, 神谷 昌克¹⁾, 相沢 智康¹⁾, 河野 敬一³⁾, 加茂 直樹¹⁾, 出村 誠¹⁾

1) 北大院・先端生命 2) 北大・創成研 3) 北大院・理

Role of Arg123 in Cl⁻ uptake channel of the light-driven anion pump halorhodopsin

Megumi Kubo (1), Takashi Kikukawa (2), Seiji Miyauchi (1), Akiteru Seki (1), Masakatsu Kamiya (1), Tomoyasu Aizawa (1), Keiichi Kawano (3), Naoki Kamo (1) and Makoto Demura (1). (1: Div. Life Sci., Grad. School Life Sci., Hokkaido Univ.; 2: CRIS., Hokkaido Univ.; 3: Div. Sci., Grad. School Sci., Hokkaido Univ.)

3P223 浸透圧を加えた条件下におけるハロロドプシンの光化学反応

○菊川 峰志¹⁾, 重村 洋明²⁾, 久保 恵美²⁾, 出村 誠²⁾, 宮内 正二³⁾, 加茂 直樹²⁾

1) 北大・創成研 2) 北大院・先端生命 3) 北大院・薬

Osmotic effects on the photocycle of *pharaonis* halorhodopsin

Takashi Kikukawa (1), Hiroaki Shigemura (2), Megumi Kubo (2), Makoto Demura (2), Seiji Miyauchi (3) and Naoki Kamo (2). (1: CRIS, 2: Faculty of Advanced Life Sciences, 3: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Hokkaido Univ)

3P224 硝酸イオン結合型ファラオニスハロロドプシンの赤外分光

○中島 啓介¹⁾, 柴田 幹大¹⁾, 出村 誠²⁾, 神取 秀樹¹⁾

1) 名工大院・工 2) 北大・先端生命

FTIR Study of Nitrate-bound *pharaonis* Halorhodopsin

Keisuke Nakashima (1), Mikihiro Shibata (1), Makoto Demura (2) and Hideki Kandori (1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology; 2: Division of

Molecular Life Sciences, Faculty of Advanced Life Science, Hokkaido University)

3P225 ファラオニスハロロドプシンのクロライドポンプにおけるプロリン残基の役割

○柴田 幹大¹⁾, 出村 誠²⁾, 神取 秀樹¹⁾

1) 名工大院・工 2) 北大院・先端生命

Role of proline in the chloride pump of *pharaonis* Halorhodopsin

Mikihiro Shibata (1), Makoto Demura (2) and Hideki Kandori (1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology; 2: Division of Molecular Life Science, Faculty of Advanced Life Science, Hokkaido University)

3P226 ハロロドプシンの光異性化初期過程の超高速ポンプ - プローブ分光 : ハロゲンイオン依存性と異性化ダイナミクス

○中村 巧¹⁾, 竹内 佐年¹⁾, 柴田 幹大²⁾, 出村 誠³⁾, 神取 秀樹²⁾, 田原 太平¹⁾

1) 理研田原分子分光 2) 名工大院工 3) 北大院先端生命

Ultrafast Pump-Probe Study of Primary Reaction Dynamics of Halorhodopsin: Halide Dependence and Isomerization Dynamics

Takumi Nakamura (1), Satoshi Takeuchi (1), Mikihiro Shibata (2), Makoto Demura (3), Hideki Kandori (2), and Tahei Tahara (1). (1: Molecular Spectroscopy Laboratory, RIKEN; 2: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology; 3: Division of Molecular Life Science, Faculty of Advanced Life Science, Hokkaido Univ.)

3P227 ファラオニスハロロドプシンの固体 NMR 構造解析 : サンプル調製の最適化

○樋口 真理花¹⁾, 江川 文子²⁾, 神谷 昌克¹⁾, 相沢 智康³⁾, 河野 敬一³⁾, 藤原 敏道²⁾, 出村 誠¹⁾

1) 北大・院生命 2) 阪大・蛋白研 3) 北大・院理

Solid-state NMR of *pharaonis* halorhodopsin: Optimization of sample preparation

Marika Higuchi (1), Ayako Egawa (2), Masakatsu Kamiya (1), Tomoyasu Aizawa (3), Keiichi Kawano (3), Toshimichi Fujiwara (2), and Makoto Demura (1). (1: Graduate School of Life Science, Hokkaido University, Sapporo, Hokkaido, Japan; 2: Institute for Protein Research, Osaka University, Suita, Osaka, Japan; 3: Graduate School of Science, Hokkaido University, Sapporo, Hokkaido, Japan)

3P228 固体 NMR による ppR の光活性化状態における構造解析

○西尾 拓道¹⁾, 池田 陽一²⁾, 和田 昭盛³⁾, 川村 出¹⁾, 加茂 直樹²⁾, 内藤 晶¹⁾

1) 横浜国立大学大学院工学府 2) 北海道大学大学院薬学研究科 3) 神戸薬科大学

Analysis of Photoactivated *pharaonis* Phoborhodopsin by Solid-State NMR

Takudo Nishio (1), Youichi Ikeda (2), Akimori Wada (3), Izuru Kawamura (1), Naoki Kamo (2) and Akira Naito (1). (1: Graduate School of Engineering, Yokohama National University; 2: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Hokkaido University; 3: Kobe Pharmaceutical University)

3P229 ファラオニスフォボロドプシンの「水中」における膜タンパク質間相互作用の全反射赤外分光法による解析

○北出 祐也¹⁾, 古谷 祐詞¹⁾, 加茂 直樹²⁾, 神取 秀樹¹⁾

1) 名工大院・工 2) 北大院・薬

Protein-protein interaction in the *pharaonis* phoborhodopsin-pHtrII complex under the aqueous environment studied by ATR-FTIR spectroscopy

Yuya Kitade (1), Yuji Furutani (1), Naoki Kamo (2), Hideki Kandori (1) (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology; 2: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Hokkaido University)

3P230 ファラオニスフォボロドプシンにおける N 様中間体の観測

○阿部 孝行¹⁾, 菊川 峰志²⁾, 加茂 直樹¹⁾

1) 北大院・薬・生物物理 2) 北大創成研

Observation of a N-like intermediate in *pharaonis* phoborhodopsin

Takayuki Abe (1), Takashi Kikukawa (2) and Naoki Kamo (1). (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, 2: Creative Research Initiative "Sosei" (GRIS), Hokkaido University)

3P231 ¹³C 固体 NMR によるファラオニスフォボロドプシンと複合体を形成したトランスデューサータンパク質のダイナミクスとコンフォメーションの解析

○大澤 一弘¹⁾, 池田 陽一²⁾, 川村 出¹⁾, 西尾 拓道¹⁾, 加茂 直樹²⁾, 内藤 晶¹⁾

1) 横国大・院・工 2) 北大・院・薬

Dynamics and conformation of transducer protein complexed with *pharaonis* phoborhodopsin as studied by ¹³C solid state NMR

Kazuhiro Osawa (1), Yoichi Ikeda (2), Izuru Kawamura (1), Takudo Nishio (1), Naoki Kamo (2), Akira Naito (1). (1) Graduate School of Engineering, Yokohama National University (2) Graduate School of

3P232 高度好塩菌の負の光センサー pPR と大腸菌走化性レセプター Tsr の機能的複合体の形成

○奈良 敏文¹⁾

1) 松山大・薬・生物物理化学

Coupling of archaeal photosensor pPR (*NpSR*II) and eubacterial chemoreceptor Tsr mediates a photoresponse in *Escherichia coli*.

Toshifumi Nara (Department of Biophysical Chemistry, College of Pharmaceutical Sciences, Matsuyama University)

3P233 *Salinibacter ruber* の持つセンサーロドプシンの大腸菌での発現

○北島 智美¹⁾, 須藤 雄気¹⁾, 本間 道夫¹⁾

1) 名大院・理・生命

Expression of sensory rhodopsin I from *Salinibacter ruber* in *E. coli*

Tomomi Kitajima-Ihara (1), Yuki Sudo (1) and Michio Homma (1). (1: Div Biological Science, Graduate School of Science, Nagoya Univ)

3P234 *Anabaena* sensory rhodopsin の L 中間体における細胞質側での構造変化

○川鍋 陽¹⁾, 古谷 祐詞¹⁾, Jung Kwang-Hwan²⁾, 神取 秀樹¹⁾

1) 名工大院・工 2) Sogang 大学

Structural changes in the cytoplasmic region of the L photointermediate of *Anabaena* sensory rhodopsin

Akira Kawanabe(1), Yuji Furutani(1), Kwang-Hwan Jung(2), and Hideki Kandori(1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology, 2: Department of Life Science and Interdisciplinary Program of Integrated Biotechnology, Sogang University)

3P235 赤外分光法によるセンサーロドプシン I の赤色光照射時の構造変化および相互作用の変化

○高橋 はづき¹⁾, 古谷 祐詞¹⁾, 佐々木 純²⁾, 須藤 雄気³⁾, Spudich John²⁾, 神取 秀樹¹⁾

1) 名工大・院・工 2) テキサス大・医 3) 名大院・理

Structural and Interaction Changes of Sensory Rhodopsin I with its Transducer Protein studied by FTIR Spectroscopy.

Hazuki Takahashi(1), Yuji Furutani(1), Jun Sasaki(2), Yuki Sudo(3), John L. Spudich(2) and Hideki Kandori(1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology; 2: Department of Biochemistry and Molecular Biology University of Texas Health Science Center; 3: Graduate School of Science, School of Science, Nagoya University)

3P236 ファラオニスセンサーロドプシン II の光情報伝達を開始させる特異なタンパク質-発色団相互作用について

○伊藤 元博¹⁾, 須藤 雄気²⁾, 古谷 祐詞¹⁾, 沖津 貴志³⁾, 和田 昭盛³⁾, Spudich John⁴⁾, 神取 秀樹¹⁾

1) 名工大院・工 2) 名大院・理 3) 神戸薬大・生命有機 4) テキサス大

Specific Protein-Chromophore Interaction Initiates Light Signal Transduction of *pharaonis* Sensory Rhodopsin II

Motohiro Ito (1), Yuki Sudo (2), Yuji Furutani (1), Takashi Okitsu (3), Akimori Wada (3), John L. Spudich (4) and Hideki Kandori (1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology; 2: Graduate School of Science, School of Science, Biological Science, Nagoya University; 3: Graduate School of Organic Chemistry for Life Science, Kobe Pharmaceutical University; 4: Center for Membrane Biology, Department of Biochemistry and Molecular Biology, University of Texas Medical School)

3P237 ファラオニストランスデューサータンパク質、pHtrII の構造学的研究

○林 こころ¹⁾, 須藤 雄気^{2,4)}, Jee JunGoo¹⁾, 三島 正規¹⁾, 原 秀之³⁾, 加茂 直樹⁴⁾, 児嶋 長次郎¹⁾

1) 奈良先端大・バイオ 2) 名大・院理 3) ブルカーバイオスピ 4) 北大院・薬

Structural studies of juxtamembrane region of a *pharaonis* transducer protein, pHtrII by NMR and EPR

Kokoro Hayashi (1), Yuki Sudo (2, 4), JunGoo Jee (1), Masaki Mishima (1), Hideyuki Hara (3), Naoki Kamo (2), Chojiro Kojima (1). (1: Graduate School of Biological Sciences, Nara Institute of Science and Technology; 2: Division of Biological Science, Graduate School of Science, Nagoya University; 3: ESR Division, Bruker Biospin K.K.; 4: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Hokkaido University)

3P238 センサーロドプシン II トランスデューサータンパク質の信号伝達ダイナミクスの研究

○井上 圭一¹⁾, 佐々木 純²⁾, John Spudich²⁾, 寺嶋 正秀³⁾

1) 東工大・資源化学研 2) テキサス大・生化分生 3) 京大院・理学系・化学

Study on the signal transduction dynamics of Sensory rhodopsin II Transducer protein

Keiichi Inoue (1), Jun Sasaki (2), John L. Spudich (2), Masahide Terazima (3). (1: Chemical Resources Laboratory, Tokyo Institute of Technology; 2: Biochemistry & Molecular Biology, University of Texas Health Science Center; 3: Dept Chemistry, Graduate School of Science, Kyoto University)

3P239 センサリロードプシン II トランスデューサー-HAMP ドメインの分子動力学研究

○西方 公郎¹⁾, 瀨上 壮太郎¹⁾, 池口 満徳¹⁾, 木寺 詔紀¹⁾

1) 横浜市大院・国際総合科学・生体超分子

Molecular Dynamics Study of the HAMP domain of Halobacterial Transducer of Rhodopsin II (HtrII)

Koro Nishikata (1), Sotaro Fuchigami (1), Mitsunori Ikeguchi (1) and Akinori Kidera (1). (1: Supramolecular Biology, Int'l Grad Schl of Arts and Sciences, Yokohama City Univ)

3P240 *Gloeobacter* rhodopsin におけるレチナールの光異性化にともなうプロトドナーの構造変化

○橋本 匡平¹⁾, 古谷 祐詞¹⁾, Jung Kwang-Hwan²⁾, 神取 秀樹¹⁾

1) 名工大院・工 2) Sogang 大学

The Proton Donor for the Schiff base is perturbed upon retinal photoisomerization in *Gloeobacter* rhodopsin

Kyohei Hashimoto (1), Yuji Furutani (1), Ah Reum Choi (2), Kwang-Hwan Jung (2) and Hideki Kandori (1). (1: Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of technology; 2: Department of Life Science and Interdisciplinary Program of Integrated Biotechnology, Sogang University)

3P241 SnO₂ 透明電極を用いた測定によるプロテオロドプシン (PR) の光誘起プロトン移動について

○田母神 淳¹⁾, 菊川 峰志²⁾, 宮内 正二¹⁾, 宗行 英朗³⁾, 加茂 直樹¹⁾

1) 北大・生命科学院 2) 北大・創成研 3) 中央大・理工・物理

Photo-induced proton transfer of proteorhodopsin (PR) measured by a SnO₂ transparent electrode

Jun Tamogami (1), Takashi Kikukawa (2), Seiji Miyauchi (1), Eiro Muneyuki (3), Naoki Kamo (1) (1: Grad. Sch. Life Sci., Hokkaido Univ. ; 2: GRIS, Hokkaido Univ. ; 3: Fac. Sci. Eng., Chuo Univ.)

3P242 乾電池型プロテオロドプシン変異体の研究

○吉次 麻衣子¹⁾, 池田 大亮¹⁾, 柴田 幹大¹⁾, 古谷 祐詞¹⁾, 神取 秀樹¹⁾

1) 名工大院・工

A Proteorhodopsin mutant engineered like a "dry-battery"

Maiko Yoshitsugu, Daisuke Ikeda, Mikihiko Shibata, Yuji Furutani and Hideki Kandori. (Department of Materials Science and Engineering, Nagoya Institute of Technology)

3P243 青色光受容タンパク質 TePixD における、ESR によるフラボセミキノンと近傍アミノ酸間の光誘起電子スピン間相互作用の観測

○長井 浩子¹⁾, 福島 佳優¹⁾, 岡島 公司^{2,3)}, 池内 昌彦²⁾, 三野 広幸¹⁾, 伊藤 繁¹⁾

1) 名大院・理 2) 東大院・総合文化 3) 大阪府大院・理

Light-induced spin-spin-interacting ESR signal between the flavosemiquinone and a nearby amino acid in a blue light sensor protein TePixD

Hiroko Nagai (1), Yoshimasa Fukushima (1), Koji Okajima (2) (3), Masahiko Ikeuchi (2), Hiroyuki Mino (1), and Shigeru Itoh (1). (1: Division of Material Science, Graduate School of Science., Nagoya Univ; 2: Dept Life Life Science, Graduate school of Arts and Sciences., Univ of Tokyo; 3: Dept Biological Science, Graduate school of Sciences., Osaka Prefecture Univ)

3P244 BLUF タンパク質 TePixD の低温分光解析: 二回の光励起で形成されるセミキノン型フラビン

○福島 佳優¹⁾, 岡島 公司^{2,3)}, 池内 昌彦²⁾, 伊藤 繁¹⁾

1) 名大院・理 2) 東大院・総合文化 3) 大阪府大院・理

Formation of flavin semiquinone by two times photon-absorption in the BLUF-domain protein TePixD

Yoshimasa Fukushima (1), Koji Okajima (2, 3), Masahiko Ikeuchi (2), Shigeru Itoh (1)

3P245 アップコンバージョン法による BLUF タンパク質 TePixD の超高速時間分解蛍光寿命解析

○村井 義也¹⁾, 佐藤 陽祐^{1,2)}, 福島 佳優¹⁾, 岡島 公司^{3,4)}, 池内 昌彦³⁾, 柴田 穰¹⁾, 伊藤 繁¹⁾

1) 名大院・理 2) 東大・CCSR 3) 東大院・総合文化 4) 大阪府大院・理

Time-resolved ultra-fast fluorescence decay analysis of a BLUF protein TePixD by up-conversion

Yoshiya Murai (1), Yosuke Sato (1, 2), Yoshimasa Fukushima (1), Koji Okajima (3, 4), Masahiko Ikeuchi (3), Yutaka Shibata (1) and Shigeru Itoh (1). (1: Graduate School of Science, Nagoya University; 2: Center for Climate System Research, University of Tokyo; 3: Department of Life Sciences, University of Tokyo; 4: Graduate School of Science, Osaka Prefecture University)

3P246 紅色細菌の光合成装置形成における青色光受容 BLUF タンパク質 AppA の Q63L/W104A 変異の影響

○増田 真二¹⁾, 富田 祥之¹⁾, 太田 啓之²⁾, 高宮 建一郎¹⁾

1) 東工大・生命理工 2) 東工大・バイオセンター

Physiological analysis of Q63L and W104A mutant BLUF protein, AppA, in *Rhodobacter sphaeroides*
Shinji Masuda (1), Yoshiyuki Tomida (1), Hiroyuki Ohta (2) and Ken-ichiro Takamiya (1). (1: Graduate School of Biosci. & Biotech., Tokyo Institute of Technology; 2: Center for Biological Resources & Informatics, Tokyo Institute of Technology)

3P247 BLUF 蛋白質における光誘起分子内・分子間相互作用変化

○中曽根 祐介¹⁾, 小野 高明²⁾, 石井 麻子³⁾, 増田 真二⁴⁾, 寺嶋 正秀¹⁾

1) 京大院理 2) 茨城大工 3) 桐蔭横浜大院理 4) 東工大生命理工

The photo-induced change of inter/intra molecular interaction of BLUF protein

Yusuke Nakasone (1), Takaaki Ono (2), Asako Ishii (3), Shinji Masuda (4), Masahide Terazima (1). (1. Dept Science, Graduate School of Kyoto Univ, 2, Ibaraki Univ, 3, Toin Univ of Yokohama, 4, Tokyo Institute of Technology)

3P248 青色光受容 BLUF タンパク質 TePixD の光反応ダイナミクス

○田中 啓介¹⁾, 中曽根 祐介¹⁾, 岡島 公司²⁾, 徳富 哲²⁾, 池内 昌彦³⁾, 寺嶋 正秀¹⁾

1) 京大院・理 2) 阪府大院・理 3) 東大院・総合文化

Photoreaction Dynamics of a Blue Light Receptor BLUF Protein TePixD

Keisuke Tanaka (1), Yusuke Nakasone (1), Koji Okajima (2), Satoru Tokutomi (2), Masahiko Ikeuchi (3) and Masahide Terazima (1). (1: Department of Chemistry, Graduate School of Science, Kyoto University; 2: Research Institute for Advanced Science and Technology, Osaka Prefecture University; 3: Department of Life Sciences, The University of Tokyo)

3P249 MLSCMO 法による光受容タンパク質の励起状態計算

○川口 一朋¹⁾, 倭 剛久^{1,2)}

1) 名大院・理・物質理学 2) CREST, JST

The excited electronic state of solvated photoreceptor protein investigated by the improved MLSCMO method.

Kazutomo Kawaguchi (1), Takahisa Yamato (1, 2). (1: Graduate School of Science, Nagoya University; 2: CREST, JST)

3P250 Photoactive yellow protein の光反応における Val122 の作用

○針貝 美樹¹⁾, 山崎 洋一²⁾, 片岡 幹雄²⁾, 今元 泰³⁾

1) 京大・霊長研 2) 奈良先端大・物質 3) 京大院・理

Function of Val122 on the photoreaction of photoactive yellow protein

Miki Harigai (1), Yoichi Yamazaki (2), Mikio Kataoka (2) and Yasushi Imamoto (3) (1: Primate Research Inst., Kyoto Univ., 2: Graduate School of Materials Science, Nara Inst. of Science and Technology, 3: Graduate School of Science, Kyoto Univ.)

3P251 Rhodobacter capsulatus 由来 PYP の光反応における pH 依存性

○浴口 真幸¹⁾, 山崎 洋一¹⁾, 上久保 裕生¹⁾, 片岡 幹雄¹⁾

1) 奈良先端大・物質

pH dependent kinetic property on the photoreaction of the Rc-PYP

Masayuki Sakoguchi (1), Yoichi Yamazaki (1), Hironari Kamikubo (1) and Mikio Kataoka (1). (1: Graduate School of Materials Science, Nara Institute of Science and Technology)

3P252 紅色光合成細菌 Rhodospirillum centenum 由来 PYP 様ドメインの光反応サイクルの特性

○小山 知則¹⁾, 上久保 裕生¹⁾, 山崎 洋一¹⁾, 片岡 幹雄¹⁾

1) 奈良先端大・物質

Characterization of the photocycle of photoactive yellow protein like domain from *Rhodospirillum centenum*

Tomonori Koyama, Hironari Kamikubo, Yoichi Yamazaki, and Mikio Kataoka. (Graduate school of Materials Science, Nara Institute of Science and Technology)

3P253 Ala/Val スキャンニングによる Photoactive Yellow Protein の構造・機能に対する重要なアミノ酸残基のマッピング

○永田 大介¹⁾, 山崎 洋一¹⁾, 上久保 裕生¹⁾, 今元 泰²⁾, 片岡 幹雄¹⁾

1) 奈良先端大・物質 2) 京大・院理

Mapping of the essential amino acid residues for the structure and function of photoactive yellow protein by Ala/Val-scanning mutagenesis

Daisuke Nagata (1), Yoichi Yamazaki (1), Hironari Kamikubo (1), Yasushi Imamoto (2), Mikio Kataoka (1). (1: Graduate School of Materials Science, Nara Institute of Science and Technology; 2) Graduate School of Science, Kyoto University)

- 3P254** Photoactive Yellow Protein を用いた中性子結晶構造解析
 ○山口 繁生¹⁾, 上久保 裕生¹⁾, 栗原 和男²⁾, 山崎 洋一¹⁾, 大西 裕季³⁾, 黒木 良太²⁾, 新村 信雄³⁾, 片岡 幹雄^{1,2)}
 1) 奈良先端大・物質創成 2) 原研 3) 茨大院・理工・応用粒子線
Neutron crystallographic study of photoactive yellow protein
 Shigeo Yamaguchi (1), Hironari Kamikubo (1), Kazuo Kurihara (2), Yoichi Yamazaki (1), Yuki Ohnishi (3), Ryota Kuroki (2), Nobuo Niimura (3) and Mikio Kataoka (1, 2). (1: Graduate School of Materials Science, Nara Institute of Science and Technology; 2: Japan Atomic Energy Agency; 3: Graduate School of Science and Engineering, Univ of Ibaraki)
- 3P255** イエロープロテインの光反応サイクルにおける構造変化メカニズム
 ○今元 泰¹⁾, Kovaleva Valentina²⁾, 笹山 裕晃²⁾, 針貝 美樹³⁾, 片岡 幹雄²⁾
 1) 京大・院理・生物物理 2) 奈良先端大・物質 3) 京大・霊長研
Structural switch of photoactive yellow protein during the photocycle
 Yasushi Imamoto (1), Valentina Kovaleva (2), Hiroaki Sasayama (2), Miki Harigai (3) and Mikio Kataoka (2) (1: Graduate School of Science, Kyoto Univ.; 2: Graduate School of Materials Science, Nara Inst. of Science and Technology; 3: Primate Research Institute, Kyoto Univ.)
- 3P256** Rhodobacter capsulatus PYP の分光学的特性の解析
 ○山崎 洋一¹⁾, 上久保 裕生¹⁾, 今元 泰²⁾, 片岡 幹雄¹⁾
 1) 奈良先端大・物質 2) 京大・院理
Identification of spectral species in the Photoactive Yellow Protein of Rhodobacter capsulatus.
 Yoichi Yamazaki (1), Hironari Kamikubo (1), Yasushi Imamoto (2) and Mikio Kataoka (1). (1: Department of Materials Science, Nara Institute of Science and Technology., 2:
- 3P257** PYP の N 末端領域における構造変化についての理論研究
 ○神谷 基司¹⁾, 斉藤 真司²⁾, 大峯 巖¹⁾
 1) 名大院・理 2) 分子研
A theoretical study on the structural change of the N-terminal domain in the photocycle of PYP
 Motoshi Kamiya (1), Shinji Saito (2), Iwao Ohmine (1). (1: Chemistry Department, Nagoya University; 2, Department of Computational Molecular Science, Institute for Molecular Science)
- 3P258** 分子動力学計算によるPhotoactive Yellow Proteinと水和構造と自由エネルギー
 ○水上 卓¹⁾, 杉山 歩²⁾, 西川 佳吾³⁾, 山本 哲徳³⁾, 長尾 秀実^{1,3)}
 1) 北陸先端大・マテリアル 2) 北陸先端大・知識 3) 金沢大・計算科学
Protein-Water Interactions and Free Energy Calculation in Photoactive Yellow Protein
 Taku Mizukami (1), Ayumu Sugiyama (2), Keigo Nishikawa (3), Tetsunori Nishikawa (3) and Hidemi Nagao (1) (3). (1: School of Materials Science, Japan Advanced Institute of Science and Technology; 2: School of Knowledge Science, Japan Advanced Institute of Science and Technology; 3: Division of Mathematical and Physical Science, Graduate School of Natural Science and Technology, Kanazawa University)
- 3P259** イエロープロテインにおける光誘起構造変化の高速伝播: ピコ秒時間分解紫外共鳴ラマン分光による観測
 ○水野 操¹⁾, 濱田 格雄^{2,3,4)}, 徳永 史生⁵⁾, 水谷 泰久¹⁾
 1) 阪大院・理・化学 2) 京工繊大・応生 3) 阪大・VBL 4) CREST・JST 5) 阪大院・理・宇宙地球科学
Ultrafast Propagation of Structural Changes in Photoactive Yellow Protein Observed by Time-Resolved UV Resonance Raman Spectroscopy
 Misao Mizuno (1), Norio Hamada (2, 3, 4), Fumio Tokunaga (5), and Yasuhisa Mizutani (1). (1: Dept Chemistry, Graduate School of Science, Osaka Univ; 2: Dev Applied Biology, Kyoto Institute of Technology; 3: VBL, Osaka Univ; 4: CREST JST; 5: Dept Earth & Space Sci, Graduate School of Science, Osaka Univ)
- 3P260** イエロー蛋白質のM中間体から暗状態への回復過程の計算化学的研究
 TSEDENBAL BATTSETSEG¹⁾, 小林 弘明¹⁾, 櫻井 実¹⁾
 1) 東工大・バイオセンター
Computational study of the recovery process from the M intermediate to the dark state in photoactive yellow protei
 Tsedenal Battsetseg, Hiroaki Kobayashi and Minoru Sakurai (Center for Biological Resources and Informatics, Tokyo Inst Tech)

放射線生物／活性酸素 (Photobiology– radiation biology, and active oxygen)

- 3P261** 放射光X線マイクロビームによるDNA損傷に対する細胞の応答
 ○富田 雅典¹⁾, 前田 宗利²⁾, 宇佐美 徳子²⁾, 松本 義久³⁾, 小林 克己²⁾

1) 電中研・原技研・放射線安全 2) 高エネ機構・物構研・放射光 3) 東工大・原子炉

Cellular response to DNA damage induced by synchrotron X-ray microbeam

Masanori Tomita (1), Munetoshi Maeda (2), Noriko Usami (2), Yoshihisa Matsumoto (3) and Katsumi Kobayashi (2). (1: Radiat. Safety Res. Center, Centl. Res. Inst. Electric Power Industry, 2: Photon Factory, IMSS, KEK 3: Research Lab. Nucl. Reactors, Tokyo Institute of Technology)

3P262 放射線感受性細胞を用いた放射線誘導性アポトーシス制御のクロストークの解析

○中島 徹夫¹⁾, 王 冰¹⁾, 根井 充¹⁾

1) 放医研・放射線防護研究センター

Analysis of cross-talk in radiation-induced apoptosis regulations using radiosensitive cells.

Tetsuo Nakajima, Bing Wang and Mitsuru Neno. (Research Center for Radiation Protection, National Institute of Radiological Sciences)

3P263 X線マイクロビームを用いたバイスタンダー細胞死の研究

○前田 宗利¹⁾, 富田 雅典²⁾, 宇佐美 徳子¹⁾, 小林 克己¹⁾

1) 高エネ機構・物構研・放射光 2) 電中研・原技研・放射線安全

Bystander cell death in V79 cells irradiated with X-ray microbeams of different sizes

Munetoshi Maeda (1), Masanori Tomita (2), Noriko Usami (1) and Katsumi Kobayashi (1). (1: Photon Factory, Institute of Materials Structure Science, High Energy Accelerator Research Organization; 2: Radiation Safety Research Center, Central Research Institute of Electric Power Industry)

生命の起源・進化 (The genesis of life, and biological evolution)

3P264 情報集積的中枢の出現

○西川 麻樹¹⁾

1) 神戸大院・自然科学研究科・非線形

The appearance of the information gathering center agent

Asaki Nishikawa, Graduate School of Science and Technology, and, Department of Earth and Planetary Science, Faculty of Science, Kobe University, Nada, Kobe, Japan

3P265 表現型ゆらぎと遺伝子摂動への応答の関係：細胞モデルによる解析

○古澤 力^{1,3)}, 金子 邦彦^{2,3)}

1) 阪大院・情報科学・バイオ情報 2) 東大院・総合文化 3) ERATO・JST

Analysis of relationship between phenotypic fluctuation and response to genetic perturbation using abstract cell model

Chikara Furusawa (1,3), Kunihiko Kaneko (2,3). (1: Dept. Bioinformatic Engineering, Graduate School of Information Science and Technology, Osaka Univ.; 2: Department of Pure and Applied Sciences, Univ. of Tokyo; 3: Complex Systems Biology Project, ERATO, JST)

3P266 細胞性粘菌の生活環モデルにおける利他行動の進化ダイナミクス

○立川 正志¹⁾

1) ERATO, 複雑系生命

Evolutionary dynamics of altruism in a model of Dictyostelium life cycle

Masashi Tachikawa. (ERATO Complex Systems Biology Project, JST.)

3P267 生態系フローネットワークにおける不均衡と均衡化

○春名 太一¹⁾, 郡司 幸夫²⁾

1) 神大院・自然科学 2) 神大・理学・地球惑星

Imbalance and Balancing in Ecological Flow Networks

Taichi Haruna (1) and Yukio-Pegio Gunji (2). (1: Graduate School of Science & Technology, Kobe Univ; 2: Dept Earth & Planetary Sci, Kobe Univ)

3P268 プロテノイド・マイクロスフィアが存在する熱水環境下でのアミノ酸の重合

○今井 栄一¹⁾, 本多 元¹⁾

1) 長岡技科大・生物

Prebiotic oligomerization of amino acids in protenoid maicrosphere in hydrothermal environments

Eiichi Imai, Hajime Honda (Dept of BioEngineering, Nagaoka Univ. of Tech.)

3P269 配列空間における構造自由エネルギー地形の描像

○相田 拓洋^{1,2)}, 伏見 譲¹⁾

1) (財) 埼玉県中小企業振興公社 2) 埼玉大・工・機能材料

Conformational Free Energy Landscapes in Sequence Space for a Certain Protein Conformation

Takuyo Aita (1,2) and Yuzuru Husimi (2). (1: Rational Evolutionary Design of Advanced Biomolecules (REDS) Group/JST, Saitama Small Enterprise Promotion Corporation; 2: Dept. of Functional Materials Science, Saitama University)

3P270 抽象原始多細胞系における代数方程式を用いた最大多様性パターンの解析

○吉田 寛¹⁾, Brown Christopher W.²⁾, 穴井 宏和³⁾, 堀本 勝久⁴⁾

1) 九大・理・数理 2) Dept Computer Sci., United States Naval Academy 3) 富士通研/GREST JST. 4) CBRC, AIST
Analysis of (a)periodic pattern with the highest cell-type diversity in the primitive multicells by algebraic equations

Hiroshi Yoshida (1), Christopher W. Brown (2), Hirokazu Anai (3) and (4) Katsuhisa Horimoto. (1: Faculty of Mathematics, Kyushu Univ.; 2: Dept Computer Science, United States Naval Academy Annapolis; 3: Fujitsu Lab. LTD./GREST, JST.; 4: CBRC, AIST)

3P271 リポソーム内自己複製系の構築

○北 寛士¹⁾, 角南 武志²⁾, 松浦 友亮²⁾, 細田 一史³⁾, 市橋 伯一¹⁾, 塚田 幸治⁴⁾, 卜部 格⁴⁾, 四方 哲也^{1,2,3)}

1) ERATO・JST 2) 阪大院・情報科学 3) 阪大院・生命機能 4) 阪大院・工学

RNA-protein self-replicating system in liposome

Hiroshi Kita (1), Takeshi Sunami (2), Tomoaki Matsuura (2), Kazufumi Hosoda (3), Norikazu Ichihashi (1), Koji Tsukada (4), Itaru Urabe (4), Tetsuya Yomo (1, 2, 3). (1: ERATO, JST, 2: Department of Bioinformatics Engineering, Graduate School of Information Science and Technology, Osaka University, 3: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University, 4: Department of Biotechnology, Graduate School of Engineering, Osaka University)

3P272 RNAとタンパク質からなる人工自己複製系の速度論的解析

○市橋 伯一¹⁾, 北 寛士¹⁾, 細田 一史⁴⁾, 角南 武志²⁾, 塚田 幸治³⁾, 松浦 友亮²⁾, 四方 哲也^{1,2,4)}

1) ERATO・JST 2) 阪大院・情報科学 3) 阪大院・応用生物 4) 阪大院・生命機能

Kinetic analysis of an RNA-Protein self-replication system

Norikazu Ichihashi (1), Hiroshi Kita (1), Kazufumi Hosoda (4), Takeshi Sunami (2), Kouji Tsukada (3), Tomoaki Matsuura (2) and Tetsuya Yomo (1, 2, 4)

蛋白質 (蛋白質工学/進化学) (Proteins— protein engineering, and evolutionary engineering)

3P273 ブロックシャッフリングによる新規タンパク質の創出; In vitro virus (IVV) 法による免疫抑制剤 FK-506 結合タンパク質の選択

○鬼丸 美智子¹⁾, 辻 融¹⁾, 高嶋 秀昭¹⁾, 宮本 悦子¹⁾, 土居 信英¹⁾, 柳川 弘志¹⁾

1) 慶大・院理工

Creation of novel proteins by block shuffling; Selection of FK-506-binding proteins by IVV method

Michiko Onimaru, Toru Tsuji, Hideaki Takashima, Etsuko Miyamoto-Sato, Nobuhide Doi, Hiroshi Yanagawa (Sch. Sci. & Tech., Keio Univ.)

3P274 原始的な DNA 結合タンパク質の実験進化

○石川 慶太郎²⁾, 松浦 友亮¹⁾, 豊田 一志⁴⁾, 卜部 格⁴⁾, 四方 哲也^{1,2,3)}

1) 大阪大学大学院情報科学研究科 2) 大阪大学大学院生命機能研究科 3) 科学技術振興機構 複雑系生命プロジェクト 4) 大阪大学大学院工学研究科

Experimental evolution of a primordial DNA binding protein

Keitaro Ishikawa (2), Tomoaki Matsuura (1), Tetsuya Yomo (1) (2) (3). (1: Graduate School of Information Science and Technology, Osaka University; 2: Graduate School of Frontier Bioscience, Osaka University; 3: Complex Systems Biology Project, ERATO, JST)

3P275 新規 in vitro virus の開発

○新井 秀直¹⁾, 上野 真吾¹⁾, 鈴木 美穂¹⁾, 伏見 譲¹⁾

1) 埼玉大院・理工

Development of a new species of in vitro virus

Hidenao Arai, Shingo Ueno, Miho Suzuki, Yuzuru Husimi (Dept. of Functional Materials Sci, Saitama Univ.)

3P276 全生物共通祖先の超好熱性翻訳システム: Thermus thermophilus 由来グリシル tRNA 合成酵素の祖先型変異体の解析

清水 秀明¹⁾, ○羽根 晃平¹⁾, 横堀 伸一¹⁾, 山岸 明彦¹⁾

1) 東薬大・生命科学・分子生命科学

Hyperthermophilic translation system in the last common ancestor: ancestral mutants of Thermus thermophilus glycyl-tRNA synthetase

Hideaki Shimizu, Kohei Hane, Shin-ichi Yokobori, Akihiko Yamagishi (Dept Mol Biol, Sch Life Sci, Tokyo University of Pharmacy and Life Science)

3P277 新規タンパク質の進化に関する研究: ゲノム由来モザイクタンパク質の潜在能力

○須賀 敬弘¹⁾, 大田 雄一郎²⁾, 西垣 功一^{1,3)}

1) 埼玉大院・理工・機能材料 2) 埼玉大・工・機能材料 3) 埼玉バイオグループ/埼玉県中小企業振興公社

Study on the evolution of novel proteins: Potentiality of genome-derived mosaic proteins

Takahiro Suga (1), Yuichiro Ohta (2), Koichi Nishigaki (1, 3). (1:Dept. Functional Material Science Graduate School of Science and Engineering., Saitama Univ.; 2: Dept. Functional Material Science School of Engineering., Saitama Univ.; 3:REDS Group, Saitama Small Enterprise Promotion Corporation)

3P278 進化実験から描いた蛋白質の適応度地形

○林 勇樹¹⁾, 相田 拓洋^{2,3)}, 豊田 一志⁴⁾, 伏見 譲³⁾, 卜部 格⁴⁾, 四方 哲也^{5,6,7)}

1)東大 先端研 ケミカルバイオテクノロジーラボ 2)REDS Group/JST3)埼玉大 工学部 4)阪大 工 生 命先端 5)阪大 情報 バイオ情報 6)阪大 生命機能 7)ERATO JST

Fitness landscape in protein sequence space based on *n vitro* molecular evolution experiment.

Yuuki Hayashi (1), Takuyo Aita (2, 3), Hitoshi Toyota (4), Yuzuru Husimi (3), Itaru Urabe (4) and Tetsuya Yomo (5, 6, 7). (1: RCAST, Chem Bio and Biotech lab., Univ of Tokyo; 2: REDS Group/JST; 3: Dept Functional Materials Sci., Univ of Saitama; 4: Dept of Eng., Univ of Osaka; 5: Dept of Bioinfo Eng., Univ of Osaka; 6: Graduate School of Frontier Biosciences, Univ of Osaka; 7: ERATO JST)

3P279 タンパク質モジュールシャッフリングによる新規フォールド出現の可能性: 計算機実験

○吉井 博昭¹⁾, 朴 聖俊¹⁾, 金 文珍²⁾, 高田 彰二²⁾

1)神大院・理学 2)京大院・理学

Can new-folds emerge by protein module shuffling?:Computer experiment

Hiroaki Yoshii (1), Sung-Joon Park (1), Wenzhen Jin (2) and Takada Shoji (2). (1:Kobe Univ. Graduate School of Science;2:Kyoto Univ. Graduate School of Science)

バイオイメージング (Bioimaging)

3P280 生物細胞の可視化、定量化、解析のための定量位相顕微鏡

○池田 貴裕¹⁾

1)浜松ホトニクス株式会社

Quantitative Phase microscopy for visualization, quantification and analysis of live cells

Takahiro Ikeda (1). (1:The 4th Research Group, Central Research Lab., Hamamatsu Photonics K.K.)

3P281 電子顕微鏡で観察できる遺伝的コード化標識の開発

平瀬 愛¹⁾, 福永 優子¹⁾, 西野 有里¹⁾, ○宮澤 淳夫¹⁾

1)理研・放射光センター・生体マルチソーム

Development of a genetically encoded tag enabling protein detection by electron microscopy

Ai Hirase, Yuko Fukunaga, Yuri Nishino and Atsuo Miyazawa. (Bio-multisome Research Team, RIKEN SPring-8 Center, Harima Institute)

3P282 電子顕微鏡と蛍光顕微鏡に併用可能な新しい高分解能蛋白質標識モジュールの開発

○村山 尚¹⁾, 小林 琢也¹⁾, 櫻山 拓¹⁾, 諸根 信弘²⁾, 上田 太郎³⁾, 片山 栄作⁴⁾

1)順天堂大・医・薬理 2)国立精神神経センター・神経研 3)産総研・セルエンジニアリング 4)東大・医科 研・分子構造解析

Engineering of a novel module for high-resolution labeling of the protein components useful for electron and fluorescent microscopy

Takashi Murayama (1), Takuya Kobayashi (1), Taku Kashiya (1), Nobuhiro Morone (2), Taro Q. P. Uyeda (3), and Eisaku Katayama (4). (1: Dept Pharmacology, Juntendo Univ School of Medicine; 2: National Institute of Neuroscience, National Center of Neurology and Psychiatry; 3: National Institute of Advanced Industrial Science and Technology; 4: The Institute of Medical Science, The Univ of Tokyo)

3P283 位相差電子顕微鏡による氷包埋シアノバクテリア細胞内の核酸の観察

○金子 康子¹⁾, 新田 浩二²⁾, 永山 国昭²⁾

1)埼玉大・教育・生物 2)自然科学機構・岡崎統合バイオ

Observation of in vivo nucleic acids in ice embedded cyanobacterial cells by Hilbert differential contrast TEM

Yasuko Kaneko (1), Koji Nitta (2), Kuniaki Nagayama (2). (1. Biology Section in Faculty of Education, Saitama Univ; Okazaki Institute for Integrative Bioscience, National Institutes of Natural Sciences)

3P284 ゼルニケ位相差顕微鏡を用いた単粒子解析

○Danev Radostin¹⁾, 永山 国昭¹⁾

1)自然科学研究機構・統合バイオ・ナノ形態生理

Single Particle Analysis Based on Zernike Phase Contrast TEM

Radostin Danev (1), Kuniaki Nagayama (1). (1: Okazaki Institute for Integrative Bioscience, National Institutes of Natural Sciences (NINS))

3P285 位相差電子顕微鏡を用いた凍結切片の微細構造観察

○新田 浩二¹⁾, 重松 秀樹¹⁾, 永山 國昭¹⁾

1) 統合バイオ・ナノ形態生理

Ultrastructural Observation with Phase Contrast Transmission Electron Microscope of Vitreous Sections

Koji Nitta(1), Hideki Shigematsu(1), Kuniaki Nagayama(1). (1: National Institute of Natural Sciences, Okazaki Integrative Biosciences)

3P286 ボロンラベルを用いた大腸菌の電子分光機能イメージング

○Loukanov Alexandre¹⁾, 新田 浩二²⁾, 重松 秀樹²⁾, 永山 國昭²⁾

1) 総研大・生命科学研究科・生理科学専攻 2) 自然科学研究機構・統合バイオ・ナノ形態生理

Functional Electron Spectroscopic Imaging of Boron-Labeled Escherichia Coli

Alexandre R. Loukanov(1), Koji Nitta(2), Hideki Shigematsu(2) and Kuniaki Nagayama(2). (1: The Graduate University for Advanced Studies (SOKENDAI), 2: National Institutes for Natural Sciences)

3P287 画像処理システム Eos と統合した 3次元電子顕微鏡法の開発

○安永 卓生^{1,2)}, 岩崎 憲治^{2,3)}, 宮澤 淳夫^{2,4)}

1) 九工大・情報工・生命 2) CREST・JST3) 阪大・蛋白研 4) 理研・播磨

Development of three-dimensional electron microscopy integrating image processing system, Eos

Takuo Yasunaga(1,2), Kenji Iwasaki(2,3) and Atsuo Miyazawa(2,4). (1: Dept Biosci. and Bioinformatics, Faculty Comp. Sci. Systems Eng. Kyushu Inst. Tech.; 2: CREST, JST; 3: IPR, Osaka Univ; 4: Harima, RIKEN)

3P288 3次元電子断層撮影法のための GUI ツールの開発

○後藤 龍伯¹⁾, 永井 里奈²⁾, 今村 元樹¹⁾, 松浦 亜由美¹⁾, 高木 淳一²⁾, 岩崎 憲治²⁾, 安永 卓生¹⁾

1) 九工大 情報工学研究科 情報科学専攻 2) 阪大 蛋白質研究所

Development of GUI-based tools for three dimensional electron tomography

Tatsunori Goto (1), Rina Nagai (2), Motoki Imamura (1), Ayumi Matsuura (1), Junichi Takagi (2), Kenji Iwasaki (2), Takuo Yasunaga (1). (1: Department of Bioscience & Bioinformatics, Graduate School of Computer Science & Systems Engineering, Kyushu Institute of Technology; 2: Institute for Protein Research, Osaka University)

3P289 高速 AFM のための高速スキャナーとそのアクティブダンピングについて

○高橋 尚久¹⁾, 古寺 哲幸¹⁾, 内橋 貴之^{1,2)}, 安藤 敏夫^{1,2)}

1) 金大・理・物理 2) JST/CREST

A high-speed scanner and its active damping for high-speed AFM

Naohisa Takahashi (1), Noriyuki Kodera (1), Takayuki Uchihashi (1) (2) and Toshio Ando (1) (2). (1: Dept. of Physics, Kanazawa Univ., 2: CREST/JST)

3P290 高速原子間力顕微鏡のスキャナーの改良

○安藤 彰良¹⁾, 今井 将之¹⁾, 古寺 哲幸¹⁾, 内橋 貴之^{1,2)}, 安藤 敏夫^{1,2)}

1) 金沢大・理 2) JST/CREST

Improvement of high-speed AFM scanner

Akira Ando(1), Masayuki Imai(1), Noriyuki Kodera(1), (2), Takayuki Uchihashi(1), (2) and Toshio Ando(1), (2) (1: Department of Physics, Kanazawa Univ., Japan (2: JST/CREST)

3P291 ナフィオン膜上に作製したナノ構造体のアニール前後での AFM 観察

○梅村 和夫¹⁾, Yanfeng Gao²⁾, 永井 正幸²⁾, 中山 陽介²⁾, 一ノ瀬 拓也²⁾, 黒田 玲子^{3,4)}, 前田 悠太²⁾

1) 鴨志田企画 2) 武蔵工業大学 3) 東京大学 4) ERATO-SORST

AFM observation of nanostructures fabricated on a nafion film before and after annealing.

Kazuo Umemura(1), Yanfeng Gao(2), Masayuki Nagai(2), Yosuke Nakayama(2), Takuya Ichinose(2), Reiko Kuroda(3,4), Yuta Maeda(2). (1: Kamoshita Planning, 2: Musashi Institute of Technology, 3: The University of Tokyo, 4: ERATO-SORST)

3P292 AFM によるグルタミン酸脱水素酵素結晶表面の観察

○佐藤 恒郎¹⁾, 中迫 雅由¹⁾

1) 慶大院・基礎理工

Observation of the Surface of Glutamate Dehydrogenase's Crystals by Atomic Force Microscopy

Tsuneo Sato (1), Masayoshi Nakasako (1). (1: Graduate School of Science and Technology, Keio Univ)

3P293 原子間力顕微鏡による超好熱菌および常温菌由来タンパク質の力学的安定性の計測

○若山 純一¹⁾, 赤沼 哲史²⁾, 大谷 敏郎¹⁾, 杉山 滋¹⁾

1) 食総研・ナノバイオ工学 2) 東薬大・生命

Measurement of mechanical stability of proteins from extreme thermophile and mesophile with AFM

Jun'ichi Wakayama (1), Satoshi Akanuma (2), Toshio Ohtani (1) and Shigeru Sugiyama (1). (1: Nano-Biotechnology Laboratory, National Food Research Institute, 2: Department of Molecular Biology, Tokyo University of Pharmacy and Life Science)

3P294 クライオ原子間力顕微鏡による凍結切断試料の液浸観察

○山川 奈津子¹⁾, 真塩 海里¹⁾, 山本 昌孝¹⁾, 五藤 俊明¹⁾, 神山 勉¹⁾

1) 名大院・理・物質理学

Atomic force microscopy of freeze-fractured biological specimens in cryogenic solvent

Natsuko Yamakawa, Masataka Yamamoto, Kairi Mashio, Toshiaki Goto and Tsutomu Kouyama (Department of Physics, Graduate School of Science Nagoya University)

3P295 AFMによる受容体とリガンドの相互作用観察

○吉野 智之¹⁾, 二瓶 亜三子²⁾, 大谷 敏郎³⁾, 杉山 滋³⁾

1) 県立広島大・生命環境 2) セイコーインスツル(株) 3) (独) 農研機構・食総研

Observation of interaction between ligand and receptor by AFM

Tomoyuki Yoshino (1), Amiko Nihei (2), Toshio Ohtani (3) and Shigeru Sugiyama (3). (1: Faculty of Life and Environmental Sciences, Prefectural Univ of Hiroshima; 2: Seiko Instruments Inc.; 3: National Food Research Institute)

3P296 Visualization of unstructured segments in the chromatin remodeling FACT protein by High-speed AFM

○宮城 篤¹⁾, 津中 康央^{2,3)}, 森川 耿右²⁾, 安藤 敏夫^{1,4)}

1) Kanazawa University 2) Institute for Protein Research, Osaka University 3) JSPS 4) JST/CREST

Visualization of unstructured segments in the chromatin remodeling FACT protein by High-speed AFM

Atsushi Miyagi (1), Yasuo Tsunaka (2, 3), Kosuke Morikawa (2) and Toshio Ando (1, 4). (1: Kanazawa University; 2: Institute for Protein Research, Osaka University; 3: JSPS; 4: JST/CREST)

3P297 生体内分子イメージングを用いた肥満脂肪組織機能異常・リモデリングの可視化

○西村 智¹⁾

1) 東京大学循環器内科

In vivo molecular imaging revealed adipose tissue malfunction and remodeling in obesity

Satoshi Nishimura (1). (1: Department of Cardiovascular Medicine, The University of Tokyo.)

3P298 ミューラー行列イメージングの構築

○松元 峻士¹⁾, 大場 哲彦¹⁾, 大木 和夫¹⁾

1) 東北大院・物理・生物物理

Construction of Mueller Matrix imaging

Takashi Matsumoto, Tetsuhiko Ohba and Kazuo Ohki (Dept Physics, Graduate School of Science Tohoku Univ)

3P299 2 + 3次元画像を用いた、可視化・可聴化による特徴像の解析補助ツールの開発

○瀧本 雄介¹⁾, 安永 卓生¹⁾

1) 九工大 院・情報工学・情報科学・生命情報

A new molecular viewer with visualization of 2+3 dimensional images and audibilization

Yusuke Takimoto & Takuo Yasunaga (Department of Bioscience and Bioinformatics, Computer Science and System Engineering, Kyushu Institute of Technology Graduate School)

3P300 バイオサーファクタント含有正電荷リポソームによる新規の遺伝子導入機構

○伊納 義和¹⁾, 上野 義信²⁾, 古野 忠秀¹⁾, 平嶋 尚英²⁾, 中西 守¹⁾

1) 愛院大・薬 2) 名市大院・薬

Biosurfactant MEL-A-containing liposomes show a new pathway for transfection

Yoshikazu Inoh (1), Yoshinobu Ueno (2), Tadahide Furuno (1), Naohide Hirashima (2), and Mamoru Nakanishi (1). (1: School of Pharmacy, Aichi Gakuin University, 2: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Nagoya city University.)

3P301 ナノスケールの間隙における脂質二分子膜内の単一分子拡散挙動評価

○瀧本 麦¹⁾, 並河 英紀¹⁾, 村越 敬¹⁾

1) 北大院理

Characterization of Molecular Diffusion in Lipid Bilayer at Metal Nano-gap via Single Molecule Tracking

Baku Takimoto, Hideki Nabika and Kei Murakoshi. (Graduate school of Science, Hokkaido Univ.)

3P302 レーザー走査ラマン顕微鏡による細胞動態の観察

○藤田 克昌¹⁾, 浜田 敬作²⁾, 井上 康志²⁾, 河田 聡^{1,3)}

1) 阪大院・工 2) 阪大院・生命機能 3) 理研

Laser scanning Raman microscopy for observation of cell dynamics

Katsumasa Fujita (1), Keisaku Hamada (2), Yasushi Inouye (2), Satoshi Kawata (1, 3). (1: Dept Appl Phys, Osaka University, 2: Dept Frontier Biosci, Osaka University, 3: RIKEN)

3P303 チップ増強ラマン分光による生体分子ナノ分析

○市村 垂生¹⁾, 井上 康志²⁾, 河田 聡^{1,3)}

1) 阪大院・工・応用物理 2) 阪大院・生命機能 3) 理研

Tip enhanced Raman spectroscopy for nano-analysis of biomolecules

Taro Ichimura (1), Yasushi Inouye (2), and Satoshi Kawata (1,3). (1: Dept. Applied Physics, Graduate School of Engineering, Osaka University; 2: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University; 3: Nanophotonics Laboratory, RIKEN)

3P304 金属微粒子の生細胞内導入における表面増強ラマンスペクトル測定

○石飛 佐和子¹⁾, 藤田 克昌²⁾, 浜田 啓作¹⁾, 河田 聡^{2,3)}, 井上 康志¹⁾

1) 阪大院・生命機能 2) 阪大院・工学部・応物 3) 理研

Surface enhanced Raman spectroscopy of living cells with gold nanoparticles

Sawako Ishitobi (1), Katsumasa Fujita (2), Keisaku Hamada (1), Satoshi Kawata (2, 3) and Yasushi Inouye (1). (1: Department of Frontier Biosciences, Osaka University, 2: Department of Applied Physics, Osaka University, 3: RIKEN)

3P305 群青色蛍光蛋白質の開発

○友杉 亘¹⁾, 松田 知己¹⁾, 小寺 一平¹⁾, 齋藤 健太¹⁾, 永井 健治¹⁾

1) 北海道大学電子科学研究所ナノシステム生理学分野

Development of a fluorescent protein with deep blue colour

Wataru Tomosugi, Tomoki Matsuda, Ippei Kotera, Kenta Saito and Takeharu Nagai (Lab. for Nanosystems Physiology, RIES, Hokkaido University)

3P306 緑色蛍光タンパクを用いたミトコンドリア形態観察

○高山 稔文¹⁾, 佐藤 道比古²⁾, 藤井 順逸³⁾, 金城 政孝³⁾, Feng Zhonggang⁴⁾, 中村 孝夫¹⁾, 野村 保友¹⁾

1) 山大院・医学系・生命環境医科学 2) 山大院・実験実習センタ 3) 北大院・先端生命 4) 山大院・理工・応用生命

Monitoring of mitochondrial morphology in a single living cell using green fluorescent protein

Toshifumi Takayama (1), Michihiko Sato (2), Fumihiko Fujii (3), Masataka Kinjo (3), Zhonggang Feng (4), Takao Nakamura (1), and Yasutomo Nomura (1). (1: Department of Environmental Life Science, Graduate School of Medical Science; 2: Central Laboratory for Research and Education, School of Medicine, Yamagata University; 3: Lab Molecular Cell Dynamics, Graduate School of Life Science, Hokkaido University; 4: Department of Bio-System Engineering, Graduate School of Science and Engineering, Yamagata University)

3P307 蛍光相関分光法とマイクロウェルを用いた遺伝子移送とタンパク質発現の単一細胞解析

○佐々木 章¹⁾, 坂田 啓司¹⁾, 金城 政孝¹⁾

1) 北大院・生命科学院・細胞機能

Single cell analysis of gene transfer and protein expression using fluorescence correlation spectroscopy and microwell

Akira Sasaki, Hiroshi Sakata and Masataka Kinjo. (Laboratory of Molecular Cell Dynamics, Graduate school of life science, Hokkaido University)

3P308 src 遺伝子産物のミリスチル基の部位特異的修飾法を用いた機能解析

○近藤 晶子¹⁾, 萩原 英雄¹⁾, 谷川 瑞穂¹⁾, 中村 政志¹⁾, 大野 敏²⁾, 横川 隆志²⁾, 光岡 有美子²⁾, 細谷 孝充³⁾, 平松 俊行³⁾, 鈴木 正昭⁴⁾, 橋本 敬一郎¹⁾, 西川 一八²⁾, 林 宣宏¹⁾

1) 藤田保健衛生大・総医研 2) 岐阜大・工・生命工 3) 東工大・院・生命理工 4) 岐阜大・院医・再生医科学

Functional analyses of N-terminal myristoylation of Src using site-directed-labeling method

Akiko Kondow (1), Hideo Hagihara (1), Mizuho Yagawa (1), Masashi Nakamura (1), Satoshi Ohno (2), Takashi Yokogawa (2), Yumiko Mitsuoka (2), Takamitsu Hosoya (3), Toshiyuki Hiramatsu (3), Masaaki Suzuki (4), Keiichiro Hashimoto (1), Kazuya Nishikawa (2) and Nubuhiko Hayashi (1) (1: Inst. for Comprehen. Med. Sci., Fujita Hlth. Univ.; 2: Fac. of Eng., Gifu Univ; 3: Grad. Sc. of Biosci. and Biotech., Tokyo Inst. of Tech; 4: Grad. Sch. of Med, Gifu Univ)

3P309 細胞サイズベシクル内における転写反応の実時間解析

○辻 明彦¹⁾

1) 科学技術振興機構・ICORP・時空間秩序プロジェクト

Analysis of Transcription Reactions in a Cell-Sized Vesicle

Akihiko Tsuji, Spatio-Temporal Order Project, ICORP, JST

3P310 GFPの相互作用による蛍光変化を用いたタンパク質構造変化の検出

○岩井 草介¹⁾, 上田 太郎¹⁾

1)産総研・セルエンジニアリング

Detection of conformational changes of proteins using GFP proximity imaging method

Sosuke Iwai and Taro Q.P. Uyeda (Research Institute of Cell Engineering, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

3P311 全反射蛍光顕微鏡を用いたリアルタイム多点型蛍光相関分光法の開発

○大杉 友¹⁾, 金城 政孝¹⁾

1)北大院・生命科学院・細胞機能科学

Multipoint fluorescence correlation spectroscopy for analysis of molecular dynamics in live cells by total internal reflection microscopy

Yu Ohsugi(1) and Masataka Kinjo(1). (1:Lab of Molecular Cell Dynamics, Graduate School of Life Science, Hokkaido Univ.)

3P312 Dual FRET imaging: 単一細胞における2つのFRETの同時可視化

○新野 祐介¹⁾, 堀田 耕司¹⁾, 岡 浩太郎¹⁾

1)慶大院・基礎理工・生命システム情報

Dual FRET imaging: simultaneous visualization with two FRET sensors in single cells

Yusuke Niino, Kohji Hotta and Kotaro Oka. (Center for Biosciences and Informatics, School of Fundamental Science and Technology, Keio Univ)

3P313 安価に高速度画像記録装置を作る方法とその生細胞動態顕微鏡観測への応用

○藤原 久志¹⁾, 石渡 孝¹⁾, 洲崎 悦子²⁾

1)広市大院・情報 2)就実大学・薬

A way to construct an inexpensive high-speed image-recording system; its application to the microscopic observation of a living cell

Hisashi Fujiwara (1), Takashi Ishiwata (1), and Etsuko Suzaki (2). (1: Graduate School of Information Sciences, Hiroshima City Univ.; 2: School of Pharmacy, Shujitsu Univ.)

3P314 分子シャペロンプレフォルディンとアミロイドβの複合体の1分子解析

○寺田 尚史¹⁾, 座古 保¹⁾, 迫野 昌文¹⁾, 養王田 正文²⁾, 前田 瑞夫¹⁾

1)理研・バイオ工学 2)東京農工大・工・生命工学

Single-molecule analysis of the complex formed between molecular chaperone prefoldin and amyloid beta

Naofumi Terada(1), Tamotsu Zako(1), Masafumi Sakono(1), Masafumi Yohda(2) and Mizuo Maeda(1). (1:Bioengineering Laboratory, RIKEN; 2:Dept Biotech & Life Sci, Tokyo Univ of Agriculture & Technology)

3P315 ミトコンドリアのマグネシウム輸送とその細胞死への影響の解析

○新藤 豊¹⁾, 久保田 健¹⁾, 小松 広和²⁾, 堀田 耕司¹⁾, 小川 宏人³⁾, 鈴木 孝治^{2,4)}, 岡 浩太郎¹⁾

1)慶大院・基礎理工・生命システム情報 2)慶大院・基礎理工・応化 3)埼玉大・生物 4)JST-CREST

Analysis of mitochondrial magnesium transport and its effect to cell death

Yutaka Shindo (1), Takeshi Kubota (1), Hirokazu Komatsu (2), Kohji Hotta (1), Hiroto Ogawa (3), Koji Suzuki (2,4) and Kotaro Oka (1). (1: Ctr Biosci Info, Fac Sci Tech, Keio Univ; 2: Dept Appl Chem, Fac Sci Tech, Keio Univ; 3 Dept Biol, Saitama Med Univ; 4: JST-CREST)

3P316 翻訳終結経路における分岐経路の発見

○中山 秀喜^{1,2)}, 嶋本 伸雄^{1,2)}, 伊藤 耕一³⁾

1)遺伝研・構造セ 2)総研大学・生命 3)東大・医科研

Discovery of the branched pathway in translation termination.

Hideki Nakayama(1,2), Nobuo Shimamoto(1,2), Koichi Ito(3). (1:Structural Biology Center, National Institute of Genetics, 2:School of Life Science, SOKENDAI, 3:Institute of Medical Science, The University of Tokyo)

3P317 生きた単一細胞における内在性 mRNA のリアルタイム定量

○岡部 弘基¹⁾, 船津 高志²⁾, 原田 慶恵^{1,3)}

1)都臨床研 2)東大院・薬学系 3)CREST・JST

Real time quantitation of the endogenous mRNA in single living cells

Kohki Okabe (1), Takashi Funatsu (2) and Yoshie Harada (1) (3). (1:The Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science; 2:Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Univ of Tokyo; 3:CREST, JST)

3P318 細胞質の分子篩効果による mRNA の細胞質内局在化

○山岸 舞^{1,2)}, 石浜 陽^{1,2)}, 白崎 善隆³⁾, 貴家 康尋⁴⁾, 寺田 佳代子⁴⁾, 原田 慶恵⁴⁾, 船津 高

志^{1,2)}

1) 東大・院薬 2) 東大・ナノバイオインテグレーション 3) かずさ DNA 研 4) 都臨床研

Subcellular localization of mRNA is attributed to molecular sieving effect

Mai Yamagishi (1, 2), Yo Ishihama (1, 2), Yoshitaka Shirasaki (3), Yasuhiro Sasuga (4), Kayoko Terada (4), Yoshie Harada (4) and Takashi Funatsu (1, 2) (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, The University of Tokyo; 2: CNBI; 3: Kazusa DNA Research Institute; 4: The Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science)

3P319 DNA helicase UvrD の一分子観察

○中条 裕子^{1,2)}, 横田 浩章^{2,3)}, 原田 慶恵^{1,2,4)}

1) 東大院・新領域 2) 都臨床研 3) PREST, JST 4) CREST, JST

Single-molecule observation of DNA binding/unwinding by DNA helicase UvrD

Yuko Chujo (1) (2), Hiroaki Yokota (2) (3), Yoshie Harada (1) (2) (4). (1: Dept. of Frontier Science, Tokyo Univ.; 2: The Tokyo Metropol. Inst. of Med. Sci.; 3: PREST, JST; 4: CREST, JST)

3P320 同時計測顕微鏡による DNA/ヘリカーゼ相互作用の 1 分子観察

○横田 浩章^{1,2)}, 韓 龍雲¹⁾, Allemand Jean-Francois³⁾, Xuguang Xi⁴⁾, Vincent Croquette³⁾, Bensimon David³⁾, 原田 慶恵^{1,5)}

1) 都臨床研・一分子 Pj 2) PREST, JST 3) LPS, ENS, France 4) LBPA, ENS Cachan, France 5) CREST, JST

Single-molecule observation of DNA/helicase interaction by novel microscopy

Hiroaki Yokota (1, 2), Yong-Woon Han (1), Jean-Francois Allemand (3), Xuguang Xi (4), Vincent Croquette (3), David Bensimon (3), Yoshie Harada (1, 5). (1: Dept. Mol. Physiol., The Tokyo Metropol. Inst. Med. Sci.; 2: PREST, JST; 3: LPS, ENS, France; 4: LBPA, ENS Cachan, France; 5: CREST, JST)

3P321 1 分子イメージングによる転写因子の核内動態解析

○十川 久美子¹⁾, 徳永 万喜洋^{1,2,3)}

1) 理研・免疫センター 2) 遺伝研 3) 総研大

Single molecule imaging and quantitative analysis of transcription factor in living cells

Kumiko Sakata-Sogawa (1) and Makio Tokunaga (1) (2) (3). (1: RCAI, RIKEN; 2: Natl. Inst. of Genetics; 3: Grad. Univ. for Advanced Studies)

3P322 ヌクレオソーム DNA の断片化をリアルタイムで検出する方法の開発

○谷之口 貴光¹⁾, 山岸 舞¹⁾, 寺田 尚史²⁾, 船津 高志¹⁾

1) 東大院・薬学系 2) 理研・バイオ工学

Development of detection method of the fragmentation of nucleosomal linker DNA in real time

Takaaki Taninokuchi (1), Mai Yamagishi (1), Naofumi Terada (2) and Takashi Funatsu (1). (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Univ of Tokyo; 2: Bioengineering Laboratory, RIKEN)

3P323 リガンド結合にともなう神経成長因子受容体 TrkA の構造ダイナミクスを可視化する試み

○谷 知己^{1,3)}, 齋藤 健太²⁾, 永井 健治^{1,2)}

1) 北大・電子研・ナノシステム生理 2) 北大・ニコニイメージングセンター 3) JST さきがけ

Approaches to visualize the structural dynamics of nerve growth factor receptor TrkA upon binding to its ligand

Tomomi Tani (1) (3), Kenta Saito (2) and Takeharu Nagai (1) (2). (1: Research Inst. Electronic Sci., Hokkaido Univ.; 2: Nikon Imaging Center, Hokkaido Univ.; 3: PRESTO, JST)

3P324 転写因子の免疫刺激による共局在の変化：マルチカラー分子イメージング

○新倉 和美¹⁾, 十川 久美子²⁾, 木村 宏³⁾, 徳永 万喜洋^{1,2,4)}

1) 遺伝研 2) 理研・免疫センター 3) 情通研・未来 ICT 4) 総研大

Stimulation-induced changes in colocalization of transcription factors using multi-color molecular imaging

Kazumi Shinkura (1), Kumiko Sakata-Sogawa (2), Hiroshi Kimura (3), Makio Tokunaga (1, 2, 4). (1: Structural Biology Center, National Institute of Genetics; 2: Research Center for Allergy and Immunology, RIKEN; 3: Kansai Advanced Research Center, NICT; 4: Department of Genetics, The Graduate Univ for Advanced Studies)

3P325 高度発達型培養筋細胞における GLUT4 分子動態イメージング

○藤田 英明¹⁾, 渡邊 朋信¹⁾, 根建 拓¹⁾, 樋口 秀男¹⁾, 神崎 展¹⁾

1) 東北大・先進医工

Live cell imaging of the movement of GLUT4 molecule in highly differentiated C2C12 myotubes.

Hideaki Fujita (1), Tomonobu Watanabe (1), Taku Nedachi (1), Hideo Higuchi (1) and Makoto Kanzaki (1). (1: TUBERO, Tohoku Univ.)

3P326 細胞内 ATP を蛍光で可視化する

○今村 博臣¹⁾, Kim Huynh Nhat Phuong¹⁾, 齊藤 健太²⁾, 飯野 亮太¹⁾, 山田 康之³⁾, 永井 健治²⁾, 野地 博行¹⁾

1) 阪大・産研 2) 北大・電子研 3) 立大・理

Fluorescent visualization of intracellular ATP

Hiroimi Imamura (1), Huynh Nhat Phuong Kim (1), Kenta Saito (2), Ryota Iino (1), Yasuyuki Kato-Yamada (3), Takeharu Nagai (2), and Hiroyuki Noji (1). (1: ISIR, Osaka Univ; 2: RIES, Hokkaido Univ; 3: Dept Life Science)

3P327 細胞内 RNA 解析を目指した新規蛍光オリゴヌクレオチド

○久保田 健¹⁾, 池田 修司¹⁾, 岡本 晃充¹⁾

1) 理研 フロンティア

Hybridization dependent fluorescent oligonucleotide for intracellular RNA analysis

Takeshi Kubota, Shuji Ikeda and Akimitsu Okamoto. (Frontier Research System, Riken)

3P328 ペプチド間相互作用タグを用いた生細胞膜受容体の特異的蛍光ラベル法

○矢野 義明¹⁾, 矢野 亜希子¹⁾, 杉本 幸彦¹⁾, 松崎 勝巳¹⁾

1) 京大院・薬

Specific fluorescence labeling of membrane receptors in living cells using peptide-peptide interaction

Yoshiaki Yano, Akiko Yano, Yukihiko Sugimoto, and Katsumi Matsuzaki (Grad Sch Pharm Sci, Kyoto Univ)

3P329 マイクロウェルアレイを用いた単一細胞分泌タンパク質解析法の開発

○貴家 康尋^{1,2)}, 寺田 佳代子^{1,2)}, 大江 良洋^{1,3)}, 小原 収^{4,5)}, 原田 慶恵^{1,2,3)}

1) 都臨床研 2) GREST・JST3) 東大院・新領域 4) かずさ DNA5) 理研 RCAI

Development of a microscopic platform for analyses of secretory protein at single-cell level using picoliter microwell array

Yasuhiro Sasuga (1, 2), Kayoko Terada (1, 2), Yoshihiro Ooe (1, 3), Osamu Ohara (4, 5), and Yoshie Harada (1, 2, 3). (1: The Tokyo Metropolitan Inst. of Med. Sci.; 2: GREST, JST; 3: Dept. of Frontier Science, Tokyo Univ.; 4: Kazusa DNA Inst.; 5: RCAI, RIKEN)

3P330 温度感受性ポリマーを用いた単一細胞内温度の蛍光イメージング

○大山 廣太郎¹⁾, 鈴木 団²⁾, Tseeb Vadim¹⁾, 岩井 薫³⁾, 石渡 信一^{1,2)}

1) 早大院・理工研・物理 2) 早大・科健機構 3) 奈良女・理学部・化学

Fluorescence imaging of temperature in single living cells with thermosensitive polymers

Kotaro Oyama (1), Madoka Suzuki (2), Vadim Tseeb (1), Kaoru Iwai (3), and Shin'ichi Ishiwata (1, 2). (1: Department of Physics, Faculty of Science and Engineering, Waseda University; 2: ASMeW, Waseda University; 3: Department of Chemistry, Faculty of Science, Nara Women's University)

3P331 ナノ開口基板を用いたシャペロニンの1分子機能解析

○上野 太郎¹⁾, 谷井 孝志²⁾, 島本 直伸²⁾, 三宅 丈雄²⁾, 園部 弘典²⁾, 赤堀 玲奈²⁾, 船津 孝志¹⁾, 大泊 巖²⁾

1) 東大・院薬 2) 早大院・電生

Single molecule imaging of chaperonin functions using zero-mode waveguides

Taro Ueno (1), Takashi Tanii (2), Naonobu Shimamoto (2), Takeo Miyake (2), Hironori Sonobe (2), Reina Akahori (2), Takashi Funatsu (1) and Iwao Odomari (2). (1: Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Univ of Tokyo; 2: Graduate School of Science and Engineering, Waseda Univ)

行動 (Behavior)

3P332 触角に人工的な付属器を装着されたオカダンゴムシの探索行動 (その2)

○森山 徹¹⁾

1) はこだて未来大・複雑系

Exploratory behavior in pill bugs wearing artificial attachments on their antennae (2)

Tohru Moriyama (Dept. Complex Syst., Future Univ.-Hakodate)

3P333 アリのデジタル歩行とスケールリング則

○花井 一光¹⁾, 昌子 浩登¹⁾, 尾崎 まみこ²⁾, 山内 大悟³⁾

1) 京府医・医・生命情報分子科学 2) 神戸大・理・生物 3) 工織大・応用生物

The digital nature involved in the locomotion of ant and the scaling rule

Kazumitsu Hanai, Hiroto Shoji, Mamiko Ozaki, Daigo Yamauchi (1: Dept. Physics, Kyoto Pref. Univ. Med.; 2: Dept. Biol., Fac. of Sci., Kobe Univ.; 3: Dept. App. Biol., Kyoto Inst. Tech.)

3P334 コカイン投与マウスのロコモータ活性の解析

○昌子 浩登¹⁾, 中富 康仁²⁾, 横山 ちひろ³⁾, 福居 顯二²⁾, 花井 一光¹⁾

1) 京府医・医学・生命情報分子化学 2) 京府医・医学・精神医学 3) 理研・分子イメージング

The Characteristics of the locomotor activity in cocaine-applied mice

Hiroto Shoji (1), Yasuhito Nakatomi (2), Chihiro Yokoyama (3), Kenji Fukui (2) and Kazumitsu Hanai (1).
(1: Dept Physics, Graduate School of Medical Science, Kyoto Prefectural Univ of Medicine; 2: Dept Psychiatry, Graduate School of Medical Science, Kyoto Prefectural Univ of Medicine; 3: Functional Probe Research Lab, Molecular Imaging Research Program, RIKEN Frontier Research System)

3P335 モルヒネ報酬効果および探索行動の発現におけるアラキドン酸カスケードの関与

○窪田 剛志¹⁾, 桐野 豊¹⁾

1) 徳島文理大・香川薬・生物物理

Involvement of arachidonic acid cascade in morphine dependence

Takashi Kubota, Yutaka Kirino. Laboratory of Neurobiophysics, Kagawa School of Pharmaceutical Sciences, Tokushima Bunri University

発生・分化 (Development and differentiation)

3P336 細胞性粘菌の蛍光顕微単一細胞代謝測定

○住井 亮暢¹⁾, 中林 誠一郎¹⁾, 日台 智明²⁾, 國分 眞一郎²⁾

1) 埼玉大学理 2) 日大医生理

The energy metabolism monitoring of single cell ameba

Takanobu Sumii (1), Seiichiro Nakabayashi (1), Chiaki Hidai (2) and Shinichiro Kokubun (2). (1: Dept Chem, Graduate School of Sciences., Saitama Univ; 2: Dept Physiology, School of Medicine., Nihon Univ)

3P337 *Escherichia coli* が作り出す同心円状パターンにおける界面揺らぎの解析

○加藤 高基¹⁾, 前多 裕介²⁾, 時田 理恵¹⁾, 脇田 順一¹⁾, 松下 貢¹⁾, 佐野 雅己²⁾

1) 中大・理工・物理 2) 東大院・理・物理

Analysis of interface fluctuations in concentric ring-like pattern of *Escherichia coli*

Takaki Kato (1), Yusuke T. Maeda (2), Rie Tokita (1), Jun-ichi Wakita (1), Mitsugu Matsushita (1) and Masaki Sano (2). (1: Dept. of Physics, Chuo Univ., 2: Dept. of Physics, Univ. of Tokyo)

3P338 ショウジョウバエ胚において Bicoid の確率的拡散と協同的結合が *hunchback* の発現に及ぼす影響

○岡部 ゆりえ¹⁾, 村上 博紀¹⁾, 笹井 理生¹⁾

1) 名大院・工・計算理工

Effects of stochastic diffusion and cooperative binding of Bicoid on expression of *hunchback* in *Drosophila* embryo

Yurie Okabe (1), Hiroki Murakami (1) and Masaki Sasai (1). (1: Dept Computational Science and Engineering, Graduate School of Engineering, Nagoya University)

3P339 ショウジョウバエの初期胚における Bicoid と Hunchback の 3 次元確率シミュレーション

○村上 博紀¹⁾, 岡部 ゆりえ¹⁾, 笹井 理生¹⁾

1) 名大院・工・計算理工

Stochastic three-dimensional simulation of Bicoid and Hunchback in the early *Drosophila* embryo

Hiroki Murakami (1), Yurie Okabe (1) and Masaki Sasai (1). (Dept Computational Science and Engineering, Graduate School of Engineering, Nagoya University)

3P340 形態形成と遺伝子発現をつなぐ細胞のインターカレーション

○本多 久夫¹⁾, 長井 達三²⁾, 種村 正美³⁾

1) 兵庫大・健康科学 2) 九州共立大・工 3) 統計数理研

A cellular dynamics links gene expression to morphogenesis in the planar cell intercalation

Hisao HONDA (1), Tatsuzo NAGAI (2) and Masaharu TANEMURA (3). (1: Hyogo Univ.; 2: Kyushu Kyoritsu Univ.; Inst. of Statistical Math.)

分子遺伝 (Molecular genetics)

3P341 低酸素誘導因子の内在性アンチセンス RNA の蛍光測定

○後藤 猛仁¹⁾, 若松 容子²⁾, 長尾 一生³⁾, 金城 政孝⁴⁾, 佐藤 道比古⁵⁾, Feng ZhongGang⁶⁾, 中村 孝夫¹⁾, 野村 保友¹⁾

1) 山大院・医学系・生命環境医科学 2) 山大工・応用生命システム 3) バイオ産業情報化コンソーシアム 4) 北大院・先端生命 5) 山大医・実験実習センタ 6) 山大院・理工・応用生命システム

Detection of natural antisense transcript of hypoxia inducible factor-1 α using fluorescence spectroscopy

Takehito Goto (1), Yoko Wakamatsu (2), Issei Nagao (3), Masataka Kinjo (4), Michihiko Sato (5), ZhongGang Feng (6), Takao Nakamura (1) and Yasutomo Nomura (1). (1: Dept Environmental Life Science, Graduate School of Medical Science, Yamagata Univ; 2: Dept Bio-System Eng, Faculty Eng, Yamagata University; 3: Functional RNA Group, Japan Biological Informatics Consortium; 4: Lab Molecular Cell Dynamics, Graduate School of Life Science, Hokkaido University; 5: Central Laboratory for Research and Education, Faculty Med; and 6: Dept Bio-System Eng, Graduate School of Science and

Eng, Yamagata University

3P342 低酸素誘導因子核移行の酸素濃度依存性

○伊藤 浩平¹⁾, 甘利 修一²⁾, 高橋 英嗣³⁾, 佐藤 道比古⁴⁾, Feng ZhongGang¹⁾, 中村 孝夫⁵⁾, 野村 保友⁵⁾

1) 山大院・理工学系・応用生命システム工 2) 山形大・工・応用生命システム工 3) 山大医・腫瘍分子医科学 4) 山大医・実験実習機器センター 5) 山大院・医学系・生命環境医科学

Oxygen dependency of nuclear translocation of HIF-1 α in human cell line

Kohei Ito(1), Shuichi Amari(1), Eiji Takahashi(2), Michihito Sato(3), Zhonggang Feng(1), Takao Nakamura(4), and Yasutomo Nomura(4). (1: Department of Bio-System Engineering, Graduate School of Science and Engineering; 2: Department of Molecular Cancer Science, School of Medicine, Yamagata University; 3: Central Laboratory for Research and Education, School of Medicine, Yamagata University; 4: Department of Environmental Life Science, Graduate School of Medical Science, Yamagata University)

3P343 線虫体壁筋タンパク質の量と時期を制御している転写因子の単離同定

○香川 弘昭¹⁾, 中山 典子¹⁾, 中川 貴美子¹⁾, 大内 正明¹⁾

1) 岡山大学院・自然科学・バイオサイエンス

Isolation and characterization of transcription factors controlling quantity and timing of the body wall muscle proteins in *C. elegans*

Hiroaki Kagawa (1), Nakayama Noriko (1), Oouchi Masaaki (1) and Ookubo Takahiro Divis of Bioscience, Garaduate School of Natural Science and Technology, Okayama Univ

その他 (Others)

3P344 小角 X 線回折による形状の異なる毛髪構造解析

○柿澤 みのり¹⁾, 飯野 雅人¹⁾, 川副 智行¹⁾, 太田 昇¹⁾, 八木 直人²⁾, 八田 一郎²⁾

1) (株)資生堂 ライフサイエンス研究センター 2) (財)高輝度光科学研究センター (JASRI/SPring-8)

Structural analysis of human hairs with different shapes by small angle X-ray diffraction

Minori Kakizawa(1), Masato Iino(1), Tomoyuki Kawasoe(1), Noboru Ohta(2), Naoto Yagi(2), Ichiro Hatta(2), (1: SHISEIDO CO.,LTD., (2: Japan Synchrotron Radiation Research Institute (JASRI/SPring-8))

3P345 原子間力顕微鏡を用いたポリソームプロファイルによる翻訳過程における開始確率と伸長速度の評価

○高木 昭彦^{1,2)}, 佐藤-美甘 江利子^{1,3)}, 松本 卓也¹⁾, 田中 裕行¹⁾, 西原 力³⁾, 川合 知二¹⁾

1) 阪大・産研 2) 理研 3) 兵庫医療大・薬

Initiation Probability and Elongation Velocity in Translational Process Evaluated from Atomic Force Microscopy based Polysomal Profiles

Akihiko Takagi (1, 2), Eriko Mikamo-Satoh(1, 3), Takuya Matsumoto(1), Hiroyuki Tanaka(1), Tsutomu Nishihara(3) and Tomoji Kawai(1). (1: ISIR, Osaka Univ.; 2: Riken; 3: Dept. of Pharm., Hyogo Univ. of Health Sciences)

3P346 一分子 DNA loop-mediated isothermal amplification (LAMP) 法の直接観察

○LIZA LAM¹⁾, 榎原 昇一¹⁾, 石塚 康司¹⁾, 竹内 昌治²⁾, 野地 博行¹⁾

1) 阪大院・産研 2) 東大院・生産研

Direct observation of single-molecule DNA loop-mediated isothermal amplification

Liza Lam (1), Shouichi Sakakihara (1), Koji Ishizuka (1), Shoji Takeuchi (2), Hiroyuki Noji (1). (1: Institute of Scientific and Industrial Research, Osaka Univ; 2: Center for International Research on MicroMechatronics, Univ of Tokyo)

3P347 コラーゲントネルを用いた血液脳関門モデルの構築

○柴田 克也¹⁾, 寺園 英之²⁾, 服部 明弘^{2,3)}, 安田 賢二²⁾

1) 東大院・総合文化・生命環境 2) 東京医科歯科大・生材研・情報 3) 早大院・先進・生命理工

In vitro blood-brain barrier model using collagen micro flow channel

Katsuya Shibata (1), Hideyuki Terazono (2), Akihiro Hattori (2) (3) and Kenji Yasuda (2). (1: Dept Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, Univ of Tokyo; 2: Institute of Biomaterials and Bioengineering, Tokyo Medical and Dental Univ; 3: Department of Physics, School of Science and Advanced Research Institute for Science and Engineering, Waseda Univ)

3P348 オンチップ 1 細胞システムを用いたマクロファージの貪食ダイナミクスの測定

○川瀬 芳恵^{1,3)}, 松村 和典²⁾, 石渡 信一³⁾, 安田 賢二¹⁾

1) 東京医科歯科大学・生材研・情報 2) 東大院・総合文化・生命環境 3) 早大院・先進・生命理工

Phagocytosis dynamics after a series of antigen stimulation in macrophages by on-chip single cell cultivation system

Yoshie Kawase(1) (3), Kazunori Matsumura(2), Shin'ichi Ishiwata(3) and Kenji

Yasuda(1). (1:Institute of Biomaterials and Bioengineering, Tokyo Medical and Dental University;2:Department of Life Sciences, Graduate School of Arts and Sciences, University of Tokyo;3:Department of Physics, School of Science and Engineering, and Advanced Research Institute for Science and Engineering, Waseda University)

3P349 オンチップ1細胞培養システムを用いた大腸菌の1次元運動解析

○綾野 賢¹⁾, 梅原 千慶²⁾, 服部 明弘^{3,4)}, 安田 賢二⁴⁾

1)東大院・総合文化・生命環境 2)スタンフォード大・ゲノムテクノロジーセンター 3)早稲田院・理工 4)医科歯科大・生材研・情報

One-dimensional motility analysis of *Escherichia coli* cells using on-chip single-cell cultivation system
Satoru Ayano(1), Senkei Umehara(2), Akihiro Hattori(3)(4), Kenji Yasuda(4) (1:Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo; 2:Stanford Genome Technology Center, Stanford University; 3:Graduate School of Science and Engineering, Waseda University; 4:Institute of Biomaterials and Bioengineering, Tokyo Medical and Dental University)

3P350 マイクロ流体チップを用いたオルガネラソーティング

○杉野 弘和¹⁾, 青木 時彦²⁾, 白崎 善隆³⁾, 荒川 貴博²⁾, 庄子 習一²⁾, 船津 高志¹⁾

1)東大・院薬 2)早大院・ナノ理工 3)かずさ DNA 研究所

Organelle Sorting with a Microfluidic Chip

Hirokazu Sugino (1), Tokihiko Aoki (2), Yoshitaka Shirasaki (3), Takahiro Arakawa (2), Shuichi Shoji (2), and Takashi Funatsu (1). (1:Graduate School of Pharmaceutical Sciences, The University of Tokyo;2:Major in Nano-science and Nano-engineering, Waseda University;3:Lab. of Genome tech., Dep. of Human Genome Res., KAZUSA DNA Res. Inst.)

3P351 腸炎ビブリオ菌の三型分泌装置複合体の可溶化

○谷ヶ崎 仁¹⁾, 飯田 哲也²⁾, 本間 道夫¹⁾

1)名大院・理学・生命理学 2)阪大・微研・感染症国際研究センター

Solubilization of Type III Secretion Structural Proteins in Search of Needle Structures of *Vibrio parahaemolyticus*

Jin Yagasaki (1), Tetsuya Iida (2) and Michio Homma (1). (1: Div of Biol Sci, Grad Sch of Sci, Nagoya Univ; 2: International Research Center for Infectious Diseases, Res Inst for Microb Diseases, Osaka Univ)

3P352 ギムネマ酸の γ -シクロデキストリンによる包接複合化

○小道 信孝¹⁾, 泉谷 悠介²⁾, 中村 邦臣¹⁾, 金折 賢二³⁾, 織田 昌幸^{1,2)}

1)京都府大・農 2)京都府大・院農 3)京都工繊大・院工芸科学

Inclusion complexation of gymnemic acid by γ -cyclodextrin

Nobutaka Komichi (1), Yusuke Izutani (2), Kuniomi Nakamura (1), Kenji Kanaori (3), Masayuki Oda (1, 2). (1: Faculty of Agriculture, Kyoto Prefectural University; 2: Graduate School of Agriculture, Kyoto Prefectural University; 3: Graduate School of Science and Technology, Kyoto Institute of Technology)

3P353 1分子時系列から抽出する複雑ネットワーク-Kantorovich計量空間における動態構造一

○清 一人¹⁾, 小松崎 民樹^{1,2)}

1)神戸大学大学院自然科学研究科 2)JST/CREST

Complex network extracted from single molecule time series --Dynamical structure in Kantorovich metric space--

Kazuto Sei(1) and Tamiki Komatsuzaki(1, 2). (1:Graduate School of Science and Technology, Kobe University; 2:JST/CREST)

3P354 アミノ酸生合成系にみられる遺伝子発現量のノイズとその発現量制御構造の相関の解析

○山田 忠司¹⁾, 古澤 力^{1,3)}, 四方 哲也^{1,2,3)}, 清水 浩¹⁾

1)阪大院・情報科学・バイオ情報 2)阪大院・生命機能 3)ERATO JST

Analysis of the relationship between noise in gene expression and the regulatory structure in amino acid biosynthesis pathway

Tadashi Yamada (1), Chikara Furusawa (1,3), Tetsuya Yomo (1,2,3) and Hiroshi Shimizu (1) (1: Department of Bioinformatic Engineering, Graduate School of Information Science and Technology, Osaka University; 2: Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University; 3: Complex Systems Biology Project, ERATO JST)

3P355 結晶化実験支援システムーデータベースと結晶観察システムの開発ー

○竹本 千重¹⁾, 赤坂 領吾¹⁾, 内窪 友美¹⁾, 西野 綾¹⁾, 村山 和隆¹⁾, 白水 美香子¹⁾, 横山 茂之^{1,3)}

1)理研横浜研究所・GSC・タンパク 2)東北大学 TUBERO3)東大・院理・生化

Crystallization Experiment Support System - Development of Database and Imaging System

Chie Takemoto (1), Ryogo Akasaka (1), Tomomi Uchikubo (1), Aya Nishino (1), Kazutaka Murayama (2), Mikako Shirouzu (1), and Shigeyuki Yokoyama (1, 3). (1: GSC, RIKEN Yokohama Inst., 2: TUBERO, Tohoku univ., 3: Grad Sch. Sci., Univ. of Tokyo.)

3P356 生体高分子 NMR データベース : BMRB の新しいデータ登録ウェブサイト「ADIT-NMR」

○中谷 英一^{1,2)}, 原野 陽子¹⁾, 阿久津 秀雄¹⁾, 中村 春木¹⁾, 藤原 敏道¹⁾

1) 阪大・蛋白研 2) JST・BIRD

New data deposition website "ADIT-NMR" of BMRB as a biological macro molecular NMR database

Eiichi Nakatani (1) (2), Yoko Harano (1), Hideo Akutsu (1), Haruki Nakamura (1), Toshimichi Fujiwara (1).

(1: Institute for Protein Research, Osaka University; 2: Japan Science Technology Agency - Institute for Bioinformatics Research and Development)

3P357 マシコヒゲムシ巨大ヘモグロビンの硫化水素結合サイトの理論的研究とエネルギー表示法による自由エネルギー計算

○山本 哲徳¹⁾, 西川 佳吾¹⁾, 杉山 歩¹⁾, 長尾 秀実¹⁾, 杉森 公一²⁾, 沼本 修考¹⁾, 三木 邦夫^{3,4)}, 福森 義宏¹⁾

1) 金沢大院・自然 2) 金城大 3) 京都大院・理 4) 理研

Theoretical study of sulfide-binding mechanism and free energy of giant hemoglobin of *Oligobranchia mashikoi* in the energy representation

Tetsunori Yamamoto (1), Keigo Nishikawa (1), Ayumu Sugiyama (1), Hidemi Nagao (1), Kimikazu Sugimori (2), Nobutaka Numoto (1), Kunio Miki (3, 4), Yoshihiro Fukumori (1)

3P358 自由エネルギー計算による Azurin(I)-Cytochrome c_{551} (III) 複合体のドッキング構造安定性に関する研究

○西川 佳吾¹⁾, 山本 哲徳¹⁾, 杉山 歩¹⁾, Acep Purqon¹⁾, 水上 卓²⁾, 島原 秀登²⁾, 長尾 秀実¹⁾, 西川 清¹⁾

1) 金沢大学院・自然 2) 北陸先端大

Docking stability of Azurin(I) - Cytochrome c_{551} (III) Complex Systems by Free Energy Calculation

K. Nishikawa (1), T. Yamamoto (1), A. Sugiyama (1), A. Purqon (1), T. Mizukami (2), H. Shimahara (2), H. Nagao (1:2) and K. Nishikawa (1). (1: Department of Computational Science, Faculty of Science, Kanazawa University, Kakuma, Kanazawa 920-1192, Japan; 2: School of Materials Science, Japan Advanced Institute of Science and Technology, Nomi, Ishikawa 923-1211, Japan)