

平成28年度医療研究開発推進事業費補助金
(創薬等ライフサイエンス研究支援基盤事業) 補助事業成果報告書

I. 基本情報

事業名：創薬等ライフサイエンス研究支援基盤事業（創薬等支援技術基盤プラットフォーム事業）
Platform Project for Supporting Drug Discovery and Life Science Research
(Platform for Drug discovery, Informatics, and Structural life science)

補助事業課題名：（日本語）大規模自動結晶化システムによる解析パイプラインの支援と高度化
（英語）Utilization and improvement of large scale automated crystallization
system in structure analysis pipeline

補助事業担当者 （日本語）高エネルギー加速器研究機構 物質構造科学研究所
構造生物学研究センター 准教授 加藤龍一

所属 役職 氏名：（英語）Ryuichi Kato, Associate Professor, Structural Biology Research Center,
Institute of Materials Structure Science,
High Energy Accelerator Research Organization (KEK)

実施期間：平成 28 年 4 月 1 日 ～ 平成 29 年 3 月 31 日

II. 成果の概要（総括研究報告）

1. 結晶化スクリーニング支援

解析パイプラインに持ち込まれるサンプルを広く受け入れ、本機構に設置された全自動結晶化観察システム(PXS)を用いて高速高効率で結晶化スクリーニングを行った。多数の支援課題はそれぞれ複数のサンプルを含んでおり、1つのサンプルあたり数百条件の結晶化条件のスクリーニングを行った。PXS は結晶化プレートへの沈殿剤およびタンパク質の分注、インキュベーターでの結晶化プレートの保存、結晶化ドロップの経時観察、からなるシステムで、上記のような大量の結晶化スクリーニングを速やかに行うことができる。利用者が送付した結晶化サンプルを受領後、速やかに PXS を用いて結晶化スクリーニングが実施される体制を整えこれを実施した。多数のものが解析領域との複合課題であり、本機構内で生産領域と解析領域とが協力して支援を実施した。

アウトリーチ活動および個別の問い合わせを通じ、複数の研究者から問い合わせを頂き、そのう

ちのいくつかは申請につながった。サンプルによってはそのままでは結晶化に適さないものもあり、それらについては研究打合せを行い、必要に応じ、さらなる精製などを行った。

また、高度化で導入した新結晶観察システム、微量分注システム、低温インキュベーターなどのシステムへの統合を行い、これらも支援に供した。

2. 高度化

タンパク質結晶のキラリティによる第二次高調波発生の原理を用いる結晶評価システム (SONICC) の導入を日本で初めて行い、当初はスタンドアロンで、後には PXS に組み込んで運用できるようにした。また、高解像度でピンぼけがない画像が得られる結晶観察装置の導入を行い、PXS で運用できるようにした。

微量分注システムおよび沈殿剤分注器の PXS への導入を行った。これにより、0.1 マイクロリットルの分注と結晶化プレートセットアップ時間約 3 分半という高速処理が達成された。

結晶化条件の拡充を行うため、4℃の自動低温倉庫の内部に結晶観察部を収納するシステムを PXS に導入した。また、利用者の拡大、結晶化プレートの保存期間の延長に対応するため、20℃対応の自動インキュベーターを PXS に導入し、収納可能プレート数を 420 枚増加した。

結晶化スクリーニングとビームラインにおける回折実験で扱う実験データを管理する統合データベース開発を行った。共通のデータベース管理ソフトでそれぞれのデータの管理を行い、データの相互参照ができる準備を行った。

1. Crystallization screening support

We widely accepted samples from users brought into the structure analysis pipeline and performed crystallization screening at high speed and high efficiency using a fully automatic crystallization observation system (PXS) installed in this facility. A large number of accepted proposals each contained multiple samples. Crystallization screening was performed for several hundreds of conditions for each sample. PXS is a system consisting of pipetting of precipitant and protein solutions to crystallization plate, preservation of crystallization plate in incubator, observation over time of crystallization drop. PXS can be carrying out large amount of crystallization screening as described above. We implemented the PXS system to perform crystallization screening immediately after receiving the sample sent by users. Many accepted proposals are complex tasks with the analysis division, and the production division and the analysis division cooperatively carried out support within our High Energy Accelerator Research Organization (KEK).

Through outreach activities and individual inquiries, we received inquiries from many researchers, some of which led to applications. Some samples from users are not suitable for crystallization as it is, research meetings were conducted on them, and further analysis and purification were carried out as necessary.

In addition, a new crystal observation system, a microdispensing system and a low temperature incubator etc. are introduced and integrated into PXS system, and the new functions were also open for user supports.

2. Upgrading

A new crystal evaluation system (SONICC) using the principle of second harmonic generation due to chiral property of protein crystals was installed firstly in Japan. It was initially standalone, and later incorporated into PXS. We also installed a crystal observation system that can obtain images with high resolution and no defocus, so that it can be operated with PXS.

We installed micro-dispensing system and precipitant dispenser into PXS. As a result, 0.1 microliter dispensing and high-speed processing of crystallization plate set-up time of about 3.5 minutes were achieved.

In order to expand the crystallization conditions, a low temperature incubator which stores the crystallization plates and observes drop images 4°C, was installed to PXS. To accommodate users and to extend the storage period of the crystallization plate, an automatic incubator (20°C) was added into PXS, and the number of storable plates was increased by 420.

We conducted integrated database development to manage experimental data handled in crystallization screening and X-ray diffraction experiments in beam line. We managed each data with common database management software and prepared for mutual reference of data.

III. 成果の外部への発表

(1) 学会誌・雑誌等における論文一覧 (国内誌 2 件、国際誌 2 3 件)

高エネルギー加速器研究機構

1. Uejima T, Ihara K, Sunada M, Kawasaki M, Ueda T, Kato R, Nakano A, Wakatsuki S. Direct metal recognition by guanine nucleotide exchange factor in the initial step of exchange reaction. *Acta Crystallogr. D Biol. Crystallogr.* 2013, 69, 345-51.
2. Makyio H, Takeuchi T, Tamura M, Nishiyama K, Takahashi H, Natsugari H, Arata Y, Kasai K, Yamada Y, Wakatsuki S, Kato R. Structural basis of preferential binding of fucose-containing saccharide by the *Caenorhabditis elegans* galectin LEC-6. *Glycobiology.* 2013, 23, 797-805.
3. Kuwabara N, Hu D, Tateno H, Makyio H, Hirabayashi J, Kato R. Conformational change of a unique sequence in a fungal galectin from *Agrocybe cylindracea* controls glycan ligand-binding specificity. *FEBS Lett.* 2013, 587, 3620-25.
4. Rogov VV, Suzuki H, Fiskin E, Wild P, Kniss A, Rozenknop A, Kato R, Kawasaki M, McEwan DG, Löhr F, Güntert P, Dikic I, Wakatsuki S, Dötsch V. Structural basis for phosphorylation-triggered autophagic clearance of *Salmonella*. *Biochem. J.* 2013, 454, 459-66.
5. Fujita H, Rahighi S, Akita M, Kato R, Sasaki Y, Wakatsuki S, Iwai K. Mechanism underlying IKK activation mediated by the linear ubiquitin chain assembly complex (LUBAC). *Mol. Cell. Biol.* 2014, 34, 1322-35.

6. Suzuki H, Tabata K, Morita E, Kawasaki M, Kato R, Dobson RC, Yoshimori T, Wakatsuki S. Structural basis of the autophagy-related LC3/Atg13 LIR complex: recognition and interaction mechanism. *Structure*. 2014, 22, 47-58.
7. Makyio H, Kato R. A New Structure Determination Method of Lectins, Using a Selenium-containing Sugar Ligand."Lectins / Methods in Molecular Biology 1200" ed. by J. Hirabayashi et al. Humana Press. 2014, 491-9.
8. Suzuki T, Makyio H, Ando H, Komura N, Menjo M, Yamada Y, Imamura A, Ishida H, Wakatsuki S, Kato R, Kiso M. Expanded potential of seleno-carbohydrates as a molecular tool for X-ray structural determination of a carbohydrate-protein complex with single/multi-wavelength anomalous dispersion phasing. *Bioorg. Med. Chem.* 2014, 22, 2090-2101.
9. Xin X, Akasaka-Manyu K, Manyu H, Furukawa J, Kuwahara N, Okada K, Tsumoto H, Higashi N, Kato R, Shinohara Y, Irimura T, Endo T. POMGNT1 is glycosylated by mucin-type O-glycans. *Biol. Pharm. Bull.* 2015, 38, 1389-94.
10. Kuwabara N, Minami R, Yokota N, Matsumoto H, Senda T, Kawahara H, Kato R. Structure of a BAG6 (Bcl-2-associated Athanogene 6)-Ubl4a (Ubiquitin-like Protein 4a) Complex Reveals a Novel Binding Interface That Functions in Tail-anchored Protein Biogenesis. *J. Biol. Chem.* 2015, 290, 9387-98.
11. 牧尾尚能, 加藤龍一. セレン含有糖鎖を用いた糖鎖結合タンパク質の位相決定法. 糖鎖の新機能開発・応用ハンドブック, 津本浩平他編 エス・ティー・エス. 2015, 272-6.
12. Makyio H, Kato R. X-ray Crystallography of Sugar Related Proteins in "Glycoscience: Biology and Medicine" ed. by Taniguchi, N. et al. Springer. 2015, 175-82.
13. Tanaka H, Takahashi T, Xie Y, Minami R, Yanagi Y, Hayashishita M, Suzuki R, Yokota N, Shimada M, Mizushima T, Kuwabara N, Kato R, Kawahara H. A conserved island of BAG6/Scythe is related to ubiquitin domains and participates in short hydrophobicity recognition. *FEBS J.* 2016, 283, 662-77.
14. Kuwabara N, Minami R, Yokota N, Matsumoto H, Senda T, Kawahara H, Kato R. Structure of a BAG6 (Bcl-2-associated athanogene 6)-Ubl4a (ubiquitin-like protein 4a) complex reveals a novel binding interface that functions in tail-anchored protein biogenesis. *J. Biol. Chem.* 2015, 290, 9387-98.
15. Xin X, Akasaka-Manyu K, Manyu H, Furukawa J, Kuwahara N, Okada K, Tsumoto H, Higashi N, Kato R, Shinohara Y, Irimura T, Endo T. POMGNT1 is glycosylated by mucin-type O-glycans. *Biol. Pharm. Bull.* 2015, 38, 1389-94.
16. Makyio H, Shimabukuro J, Suzuki T, Imamura A, Ishida H, Kiso M, Ando H, Kato R. Six independent fucose-binding sites in the crystal structure of *Aspergillus oryzae* lectin. *Biochem Biophys Res Commun.* 2016, 477, 477-82.
17. Kuwabara N, Manyu H, Yamada T, Tateno H, Kanagawa M, Kobayashi K, Akasaka-Manyu K, Hirose Y, Mizuno M, Ikeguchi M, Toda T, Hirabayashi J, Senda T, Endo T, Kato R. Carbohydrate-binding domain of the POMGnT1 stem region modulates O-mannosylation sites of α -dystroglycan. *Proc. Nat. Aca. Sci. USA.* 2016, 113, 9280-85,

18. Tanaka H, Takahashi T, Xie Y, Minami R, Yanagi Y, Hayashishita M, Suzuki R, Yokota N, Shimada M, Mizushima T, Kuwabara N, Kato R, Kawahara H. A conserved island of BAG6/Scythe is related to ubiquitin domains and participates in short hydrophobicity recognition. FEBS J. 2016, 283, 662-77.
19. Makyio H, Kato R. Classification and Comparison of Fucose-Binding Lectins Based on Their Structures. Trends Glycosci. Glycotechnol. 2016, 28, E25-37.
20. 牧尾尚能, 加藤龍一. 立体構造に基づいたフコースを結合するレクチンの比較と分類. Trends Glycosci. Glycotechnol. 2016, 28, J25-38.
21. Hifumi E, Matsumoto S, Nakashima H, Itonaga S, Arakawa M, Katayama Y, Kato R, Uda T. A novel method of preparing the monoform structure of catalytic antibody light chain. FASEB J. 2016, 30, 895-908.
22. Yamada Y, Hiraki M, Matsugaki N, Kato R, Senda T. In-situ data collection at the Photon Factory macromolecular crystallography beamlines. AIP Conference Proc. 2016, 1741, 050023.
23. Akiyama T, Yamada Y, Takaya N, Ito S, Sasaki Y, Yajima S. Crystal structure of an IclR homolog from Microbacterium sp. strain HM58-2. Acta Crystallogr F Struct Biol Commun 2017, 73, 16-23.
24. Nagae M, Liebschner D, Yamada Y, Morita-Matsumoto K, Matsugaki N, Senda T, Fujita M, Kinoshita T, Yamaguchi Y. Crystallographic analysis of murine p24y2 Golgi dynamics domain. PROTEINS: STRUCTURE, FUNCTION, AND BIOINFORMATICS, 2017, 85, 764-770.
25. Sato M, Liebschner D, Yamada Y, Matsugaki N, Arakawa T, Wills SS, Hattie M, Stubbs KA, Ito T, Senda T, Ashida H, Fushinobu S. The First Crystal Structure of a Family 129 Glycoside Hydrolase from a Probiotic Bacterium Reveals Critical Residues and Metal Co-factors. J. Biol. Chem. 2017, accepted.

(2) 学会・シンポジウム等における口頭・ポスター発表

1. Linear ubiquitin chain formation and recognition: towards integrated structural biology with SR and future light sources, 口頭, Wakatsuki S, Max Planck Society Workshop "The Future of Structural Biology: New Waves Forward", 2012/05/23, 国外.
2. Targeted structural proteomics using synchrotron X-ray beams: structural and functional studies of polyubiquitin chain recognition, 口頭, Wakatsuki S, 2012 Korean Society for Biochemistry and Molecular Biology (KSBMB), 2012/06/01, 国外.
3. 大規模自動結晶化システムによる解析パイプラインの支援と高度化, 口頭, 加藤龍一, 創薬等支援技術基盤プラットフォーム第1回研究交流会, 2012/09/30, 国内.
4. Asian Connections, 口頭, 若槻壮市, Symposium to honor Herman Winich 80th celebration, 2012/10/02, 国外.

5. Nanocrystal X-ray Diffraction, 口頭, 若槻壮市, SSRL/LCLS User's Conference & Workshops LCLS-II Instrument Workshop, 2012/10/06, 国外.
6. 創薬等支援技術基盤プラットフォーム事業における Photon Factory のとりくみ, 口頭, 松垣直宏, 山田悠介, 平木雅彦, シャバスレオナルド, 五十嵐教之, 清水伸隆, 加藤龍一, 川崎政人, 若槻壮市, 平成 24 年度日本結晶学会年会および総会, 2012/10/26, 国内.
7. 先端加速器をベースとした構造生物学から構造生命科学の展望 Structural biology to structural life science with accelerator technologies, 口頭, 若槻壮市, 東北大学グローバル COE Network Medicine 創成拠点 NM 高等教育セミナー, 2012/10/29, 国内.
8. PF 構造生物学研究センターにおける創薬等支援技術基盤プラットフォームによる構造生物学研究の支援と高度化, ポスター, 山田 悠介, 松垣 直宏, 平木雅彦, Chavas Leonard MG, 清水 伸隆, 五十嵐 教之, 川崎 政人, 加藤 龍一, 若槻 壮市, 第 85 回日本生化学会大会, 2012/12/15, 国内.
9. PF 構造生物学研究センターにおける創薬等支援技術基盤プラットフォームによる構造生物学研究の支援と高度化, 口頭, 山田悠介, 第 85 回日本生化学会大会, 2012/12/16, 国内.
10. PF 構造生物ビームラインにおける結晶化プレート直接評価システムの開発, ポスター, 山田悠介, 平木雅彦, 松垣直宏, Chavas Leonard MG, 若槻壮市, 第 26 回日本放射光学会年回・放射光科学合同シンポジウム, 2013/01/14, 国内.
11. PF における構造生物学研究の取り組み, ポスター, 山田悠介, 第 2 回東大新領域・KEK 連携教育シンポジウム, 2013/02/22, 国内.
12. 構造生物学ビームライン BL-17A と AR-NE3A、および回折実験の自動化開発における現状, ポスター, 山田悠介, 松垣直宏, Chavas Leonard MG, 平木雅彦, 若槻壮市, 物構研サイエンスフェスタ (第 30 回 PF シンポジウム), 2013/03/14, 国内.
13. Upgrade Program of Structural Biology Beamlines at the Photon Factory, ポスター, Yamada Y, Matsugaki N, Chavas LMG, Hiraki M, Shimizu N, Igarashi N, Wakatsuki S, Senda T, American Crystallographic Association Annual Meeting 2013, 2013/07/23, 国外.
14. PReMo, an experimental data management system combined with automated data processing at the Photon Factory macromolecular crystallography beamlines, ポスター, Yamada Y, Chavas LMG, Hiraki M, Kato R, Wakatsuki S, Matsugaki N, The International Conference on Structural Genomics 2013 Structural Life Science, 2013/07/30, 国内.
15. PReMo, an experimental data management system integrated with data processing pipeline at the Photon Factory macromolecular crystallography beamlines, ポスター, Yamada Y, Chavas LMG, Hiraki M, Kato R, Wakatsuki S, Matsugaki N, 11th International Conference on Biology and Synchrotron Radiation (BSR), 2013/09/11, 国外.
16. Promotion of the Platform for Drug discovery, Informatics, and Structural life science (PDIS) project at Photon Factory in KEK 高エネ機構フォトンファクトリーにおける創薬等支援基盤プラットフォーム事業による構造生物学研究の支援と高度化, ポスター, 加藤龍一, 松垣直宏, 山田悠介, Chavas Leonard, 湯本史明, 川崎政人, 平木雅彦, 千田 俊哉, 第 51 回日本生物物理学会年会, 2013/10/30, 国内.

17. 腫瘍細胞増殖抑制活性を有するヒラタケ由来 RNasePo1 の X 線結晶構造解析, ポスター, 勝谷拓也, 原由美子, 山田悠介, 東浦彰史, 秋田総理, 井口法男, 小林弘子, 鈴木守, 第 27 回日本放射光学会年回・放射光科学合同シンポジウム, 2014/01/11, 国内.
18. PF 構造生物ビームラインにおける結晶化プレート直接評価システムの開発, ポスター, 山田悠介, 松垣直宏, 平木雅彦, Chavas Leonard MG, 千田俊哉, 第 27 回日本放射光学会年回・放射光科学合同シンポジウム, 2014/01/13, 国内.
19. PF 構造生物学ビームラインおよび実験の自動化開発の現状, ポスター, 山田悠介, 平木雅彦, Leibschner D, 千田俊哉, 松垣直宏, 物構研サイエンスフェスタ 2013 (第 31 回 PF シンポジウム), 2014/03/18, 国内.
20. 創薬等支援技術基盤プラットフォームにおけるロボット技術, 口頭, 平木雅彦, 山田悠介, 松垣直宏, 加藤龍一, 清水伸隆, 五十嵐教之, 川崎政人, 湯本史明, 千田俊哉, 第 15 回高エネ研メカ・ワークショップ つくば, 2014/04/11, 国内.
21. In-situ diffraction experiments at the Photon Factory MX beamlines, ポスター, Yamada Y, Matsugaki N, Hiraki M, Kato R, Senda T, The 23rd Congress and General Assembly of the International Union of Crystallography (IUCr2014), 2014/08/07, 国外.
22. KEK・PF における創薬等支援技術基盤プラットフォームによる支援と高度化, ポスター, 構造生物学研究センター, 第二回創薬等支援技術基盤プラットフォーム公開シンポジウム, 2014/08/27, 国内.
23. PReMo, experimental data management system for macromolecular crystallography beamlines at the Photon Factory, ポスター, Yamada Y, The 10th NOBUGS conference (NOBUGS2014), 2014/09/24, 国内.
24. 糖転移酵素 POMGnT1 ステムドメインの機能同定と糖鎖認識機構解析, ポスター, 桑原直之, 萬谷博, 山田健之, 舘野浩章, 平林淳, 千田俊哉, 遠藤玉夫, 加藤龍一, 第 37 回日本分子生物学会年会, 2014/11/25, 国内
25. A novel carbohydrate binding domain of the POMGnT1 stem region modulates O-mannosylation sites of alpha-dystroglycan, ポスター, Kuwabara N, Manya H, Yamada T, Tateno H, Hirose Y, Mizuno M, Ikeguchi M, Hirabayashi J, Senda T, Endo T, Kato R. The international symposium on Glyco-Neuroscience, 2015/01/21, 国内
26. Photon Factory 1A Update, 口頭, Matsugaki N, 5th Winter School on Soft X-Rays in MX, 2015/03/02, 国外.
27. X 線ビームラインの現状および整備計画, 口頭, 五十嵐教之, 第 3 回物構研サイエンスフェスタ 及び PF ユーザーグループミーティング, 2015/03/17, 国内.
28. KEK 物構研 PF タンパク質結晶解析ビームライン BL-17A の高度化, ポスター, 山田悠介, 上條亜衣, 富田文菜, 平木雅彦, 小山篤, 松垣直宏, 千田俊哉, 第 3 回物構研サイエンスフェスタ 及び PF ユーザーグループミーティング, 2015/03/17, 国内.
29. 新生タンパク質の品質管理に関与する BAG6-Ubl4a 複合体の構造機能解析, ポスター, 桑原直之, 横田直人, 川原裕之, 加藤龍一, 第 3 回物構研サイエンスフェスタ, 2015/03/17, 国内
30. In situ data collection at the Photon Factory macromolecular crystallography beamlines, ポスター, Yamada Y, Matsugaki N, Hiraki M, Kato R, Senda T, The 12th International Conference on Synchrotron Radiation Instrumentation (SRI 2015), 2015/07/08, 国外.

31. PF BL-17A の高度化と in-situ データ収集, 口頭, 山田悠介, 松岡亜衣, 小山篤, 小祝孝太郎, 平木雅彦, 湯本史明, 松垣直宏, 千田俊哉, 平成 27 年度日本結晶学会年会及び総会, 2015/10/18, 国内.
32. フォトンファクトリータンパク質結晶構造解析ビームラインにおける新しい測定技術, 口頭, 山田悠介, 松垣直宏, 平木雅彦, 千田俊哉, BMB2015 (第 38 回日本分子生物学会年会、第 88 回日本生化学会大会 合同大会), 2015/12/03, 国内.
33. フォトンファクトリータンパク質結晶構造解析ビームラインにおける新しい測定技術, ポスター, 山田悠介, 松垣直宏, 平木雅彦, 千田俊哉, BMB2015 (第 38 回日本分子生物学会年会、第 88 回日本生化学会大会 合同大会), 2015/12/03, 国内.
34. 高度化された PF 構造生物学ビームライン BL-17A, ポスター, 山田悠介, 平木雅彦, 松垣直宏, 千田俊哉, 松垣直宏, 山田悠介, Liebschner Dorothee C, 平木雅彦, 千田美紀, 千田俊哉, 第 28 回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 2016/01/11, 国内.
35. 構造生物学ビームライン BL-17A の高度化, ポスター, 山田悠介, 平木雅彦, 松垣直宏, Liebschner Dorothee C, 千田美紀, 千田俊哉, 2015 年度量子ビームサイエンスフェスタ 及び PF ユーザーグループミーティング, 2016/03/15, 国内.
36. 糖転移酵素 POMGnT1 のステムドメインは糖鎖を認識し、O-Man 型修飾部位の制御を行う, ポスター, 桑原直之, 萬谷博, 山田健之, 舘野浩章, 金川基, 小林千浩, 赤阪・萬谷啓子, 弘瀬友理子, 水野真盛, 池口満徳, 戸田達史, 平林淳, 千田俊哉, 遠藤玉夫, 加藤龍一, 第 16 回日本蛋白質科学会年会, 2016/06/09, 国内
37. 哺乳動物細胞内結晶を用いた結晶とタンパク質の新規調製法の確立, ポスター, 小祝孝太郎, 月本準, 東哲也, 山田悠介, 平木雅彦, 加藤龍一, 千田俊哉, Chavas Leonard MG, 伊藤孝司, 湯本史明, 第 16 回日本蛋白質科学会年会, 2016/6/9, 国内
38. A novel carbohydrate binding domain of the POMGnT1 stem region modulates Omannosylation sites of alpha-dystroglycan, 口頭, Kuwabara N, Many H, Yamada T, Tateno H, Hirose Y, Mizuno M, Ikeguchi M, Hirabayashi J, Senda T, Endo T, Kato R, GlycoT2016, 2016/6/20, 国外
39. 構造生物学への入り口の紹介, 口頭, 山田悠介, KEK・筑波大連携セミナーシリーズ 第 1 回セミナー, 2016/07/12, 国内.
40. PF における全自動データ収集・処理システム開発, 口頭, 山田悠介, PF 研究会「次世代に向けたタンパク質結晶構造解析の自動化・高効率化」, 2016/08/01, 国内.
41. 世界のロボティクス事情, 口頭, 平木雅彦, PF 研究会「次世代に向けたタンパク質結晶構造解析の自動化・高効率化」, 2016/08/01, 国内.
42. Upgrade of a macromolecular crystallography beamline, BL-17A, at the Photon Factory, ポスター, Yamada Y, 12th International Conference on Biology and Synchrotron Radiation, 2016/08/23, 国外.
43. 糖転移酵素 POMGnT1 の糖鎖認識機構解析, 口頭, 桑原直之, 萬谷博, 山田健之, 舘野浩章, 金川基, 小林千浩, 赤阪・萬谷啓子, 弘瀬友理子, 水野真盛, 池口満徳, 戸田達史, 平林淳, 千田俊哉, 遠藤玉夫, 加藤龍一, 第 35 回日本糖質学会年会, 2016/09/02, 国内

44. 糖転移酵素 POMGnT1 の糖鎖認識機構解析, ポスター, 桑原直之, 萬谷博, 山田健之, 舘野浩章, 平林淳, 千田俊哉, 遠藤玉夫, 加藤龍一, BMB2015(第 38 回日本分子生物学会年会、第 88 回日本生化学大会合同大会), 2016/12/01, 国内
45. ヒトリソソーム性シアリダーゼ NEU1 の細胞内結晶の解析と構造決定に向けて, ポスター, 小祝孝太郎, 月本準, 東哲也, 山田悠介, 平木雅彦, 加藤龍一, Chavas Leonard MG, 千田俊哉, 伊藤孝司, 湯本史明, ヒトリソソーム性シアリダーゼ NEU1 の細胞内結晶の解析と、構造決定に向けて, 第 39 回日本分子生物学会年会, 2016/12/01, 国内
46. 新生タンパク質の品質管理に関与する BAG6-Ubl4a 複合体の構造機能解析, ポスター, 桑原直之, 横田直人, 川原裕之, 加藤龍一, 新学術研究領域「ユビキチンネオバイオロジー」第 1 回領域班会議, 2014/12/04, 国内
47. Structure of a BAG6-Ubl4a complex reveals a novel binding interface that functions in tail-anchored protein biogenesis, ポスター, 新学術領域研究「ユビキチンネオバイオロジー」第 2 回領域班会議, 桑原直之, 横田直人, 川原裕之, 加藤龍一, 2016/12/16, 国内
48. 構造生物ビームラインにおける試料交換システムの現状, ポスター, 平木雅彦, 松垣直宏, 山田悠介, 引田理英, 千田俊哉, 第 30 回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 2017/01/08, 国内.
49. タンパク質 X 線結晶構造解析ビームラインにおける全自動測定, ポスター, 山田悠介, 篠田晃, 平木雅彦, 引田理英, 松垣直宏, 千田俊哉, 2016 年度量子ビームサイエンスフェスタ 及び PF ユーザーグループミーティング, 2017/03/14, 国内
50. 糖転移酵素 POMGnT1 の機能同定と糖鎖認識機構解析, ポスター, 桑原直之, 萬谷博, 山田健之, 舘野浩章, 金川基, 小林千浩, 赤阪・萬谷啓子, 弘瀬 友理子, 水野真盛, 池口満徳, 戸田達史, 平林淳, 千田俊哉, 遠藤玉夫, 加藤龍一, 2016 年度量子ビームサイエンスフェスタ, 2017/03/14, 国内

(3) 「国民との科学・技術対話社会」に対する取り組み

1. 加速器と医学薬学生物学、加藤龍一、板橋区歯科医師会館、2015.11.11、国内

(4) 特許出願

なし