

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）創薬等支援のためのタンパク質立体構造解析総合技術基盤プラットフォームによる支援と高度化  
（英語） Platform of Protein Structural Analysis and Research Support for Drug Discovery and Life Sciences

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 教授 千田俊哉  
所属 役職 氏名：（英語） Toshiya Senda, Professor, 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）

### 和文

放射光による結晶構造解析およびX線溶液散乱の支援と高度化を高エネルギー加速器研究機構(以下、本機構)フォトンファクトリーにおいて進めるとともに、再委託事業として電子顕微鏡およびNMRを用いた相関構造解析の支援と高度化を推進した。解析課題の代表機関として、課題内機関の調整や情報共有に努めるとともに、解析拠点の代表機関として、生産領域やバイオインフォマティクス領域との拠点内連携をはかり、生産拠点や情報拠点と協力して補助事業全体を円滑に運営した。

全補助事業期間において、追加支援を含む計 78 件の支援を行った（内訳は、解析領域のみ 29 件、生

産＋解析領域の複合支援 43 件、解析＋バイオインフォ領域の複合支援 2 件、生産＋解析＋バイオインフォ領域での複合支援 4 件)。構造解析支援および高度化の結果としての論文は合計 111 報（放射光ビームタイム支援を除く）であった。結晶構造解析支援では、ヒト細胞内で GTP センサータンパクとして働く PI5P4 $\beta$ の構造解析 (Sumita et al., Mol Cell, 2016) など特筆すべき成果が発表された。解析領域・バイオインフォマティクス領域・合成領域における領域間連携研究も行われ、核内受容体であるビタミン D 受容体のリガンド結合ドメインの溶液構造を明らかにして報告した (Anami et al., J. Med. Chem, 2016)。関連構造解析の代表的な成果として、巨大カドヘリンの構造解析 (Tukasaki et al., PNAS, 2015) や脂質-合成ポリマー分子のイメージング (Tanaka et al., Langmuir, 2016) が発表された。また、ビームタイム支援においても、多くの成果が得られた (代表例として、Hashiguchi et al., Cell 2015、Ohto et al., Nature, 2016、Maekawa et al., Nature Communications, 2016、Kubota et al., PNAS, 2016 等)。

結晶構造解析における高度化は、低エネルギー X 線を利用した native-SAD 法のための測定・解析技術開発 (Liebschner et al., Acta Cryst. D, 2016)、*in-situ* 測定の技術開発を中心に、各ビームラインの特色を生かす方向で行われた。一方で全ビームライン共通の基盤整備として、微小ビーム安定化、データベース PReMo を用いた解析パイプラインの開発、高速ネットワーク・ストレージの導入等も行われた。X 線溶液散乱では、データ解析ソフトウェア *SAn*gler を独自に開発 (Shimizu et al., AIP Conference Proc. 2016) し、ユーザーフレンドリーな解析環境を構築した。また、最新の SEC-SAXS/MALS 測定解析システムを導入するとともにユーザー利用のための環境を整備した。関連構造解析では、Titan Krios 電子顕微鏡および電子直接検出器装置の導入や、膜タンパク質複合体のサンプル調製法としての GraDeR 法の開発、さらには TomeX と呼ばれるトモグラフィーを用いた 2 次元結晶による電子線結晶構造解析法の開発が行われた。一方 NMR においては SAIL 法の高度化、分子間相互作用の検出技術開発、膜タンパク質の相互作用を検出する技術の高度化行われた。

## 英文

Support for structural biology research and technological development for macromolecular crystallography, and X-ray solution scattering was conducted at the synchrotron facility Photon Factory (PF), KEK. Correlation structural biology using cryo-EM and NMR was conducted in parallel as commissioned projects. The KEK-PF, as a representative for structural analysis team, coordinated the project in collaboration with the member facilities. The KEK-PF at the same time played a representative of the 'Analysis' platform, one of the three collaboration platforms, to manage the progress and to facilitate collaborations among the structural analysis team, biological production teams, and biological informatics teams. The whole program was properly managed by the representatives of the three platforms.

Throughout the program period, the KEK-PF supported 78 types of research, of which 29 were related to structural analysis, 43 were related to both structural analysis and protein production (composite), 2 to both structural analysis and biological informatics, and 4 types of research focused on structural analysis, protein production and biological informatics. The above support resulted in 111 publications (excluding the outcome of 'beam time only' support). One of the remarkable research projects, based on support using macromolecular crystallography, was the structural analysis of the protein PI5P4 $\beta$ , which works as a GTP sensor in human cells (Sumita et al., Mol Cell,

2016). As an example of collaborative research related to structural analysis and biological informatics with the help of the 'Control' platform, the solution structure of the binding domain of the vitamin D receptor was revealed (Anami et al., J. Med. Chem, 2016). Striking outcomes in correlation structural biology were the structural analysis of huge cadherin (Tukasaki et al., PNAS, 2015) and the imaging of lipids and synthetic polymer molecules (Anaka et al., Langmuir, 2016). The 'beam time only' support was effective enough with the following successful results: Hashiguchi et al., Cell 2015; Ohto et al., Nature, 2016; Maekawa et al., Nature Communications, 2016; and Kubota et al., PNAS, 2016.

Technological development in macromolecular crystallography was directed in a way to take advantage of the feature of each beamline, especially in efficient data collection and analysis using low energy X-ray for native-SAD phasing (Liebschner et al., Acta Cryst. D, 2016), and the in-situ data collection method. On the other hand, basic systems common for all the beamlines were sophisticated, such as a small beam stabilizing system, the database PreMo as a key of a data analysis pipeline, and additional high-speed network and storage devices dedicated for massive data acquisition. The development in X-ray solution scattering includes the original data analysis software *Sangler* (Shimizu et al., AIP Conference Proc. 2016) with a user friendly GUI. In addition, the latest measurement system of SEC-SAXS/MALS was equipped and opened to users. The state of the art cryo-EM system (Titan Krios) was introduced for correlation structural biology. Related methodological development proceeded: e.g. GraDeR as a preparation technique for membrane protein complexes, and TomeX as an analysis method for 2-D electron crystallography with the help of tomography. The SAIL method, techniques for detecting interactions between proteins or membrane proteins, was also developed in the field of NMR, to further support correlation structural biology.

### 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 13件、国際誌 98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. Chavas LM, Matsugaki N, Yamada Y, Hiraki M, Igarashi N, Suzuki M, Wakatsuki S. 10 years of protein crystallography at AR-NW12A beamline. *J. Phys.: Conf. Ser.* 2013, 425, 012008.
  6. Hiraki M, Yamada Y, Chavas LM, Matsugaki N, Igarashi N, Wakatsuki S. Current Status and Future prospects of an automated sample exchange system PAM for protein crystallography. *J. Phys.: Conf. Ser.* 2013, 425, 012014.
  7. Yamada Y, Matsugaki N, Chavas LM, Hiraki M, Igarashi N, Wakatsuki S. Data management System at the Photon Factory Macromolecular Crystallography Beamline. *J. Phys.: Conf. Ser.* 2013, 425, 012017.
  8. Shimizu N, Mori T, Igarashi N, Ohta H, Nagatani Y, Kosuge T, Ito K. Refurbishing of Small-Angle X-ray Scattering Beamline, BL-6A at the Photon Factory. *J. Phys.: Conf. Ser.* 2013, 425, 202008.
  9. Igarashi N, Shimizu N, Koyama A, Mori T, Ohta H, Niwa Y, Nitani H, Abe H, Nomura M, Shioya T, Tsuchiya K, Ito K. New high-brilliance beamline BL-15A of the Photon Factory. *J. Phys.: Conf. Ser.* 2013, 425, 072016.
  10. Hiraki M, Yamada Y, Chavas LM, Wakatsuki S & Matsugaki N. Improvement of an Automated Protein Crystal Exchange System PAM for High-throughput Data Collection. *J. Synchrotron Radiat.* 2013, 20, 890-93.
  11. Yamada Y, Chavas LM, Igarashi N, Hiraki M, Wakatsuki S, Matsugaki N. Improvements toward highly accurate diffraction experiments at the macromolecular micro-crystallography beamline BL-17A. *J. Synchrotron Radiat.* 2013, 20, 938-42.
  12. Chavas LM, Nagae T, Yamada H, Watanabe N, Yamada Y, Hiraki M, Matsugaki N. New methodologies at PF AR-NW12A: the implementation of high-pressure macromolecular crystallography. *J. Synchrotron Radiat.* 2013, 20, 838-42.
  13. Sugimoto K, Senda M, Kasai D, Masai E, Fukuda M, Senda T. Molecular mechanism of strict substrate specificity of an extradiol dioxygenase, DesB, derived from *Sphingobium* sp. SYK-6. *PLoS One.* 2014, 9, e92249.
  14. 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.
  15. 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.
  16. 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.
  17. 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.
18. 湯本史明, 日米のタンパク質構造生命科学プロジェクトの紹介. *ファルマシア*. 2014, 50, 428-32
  19. Nagase L, Hayashi T, Senda T, Hatakeyama M. Dramatic increase in SHP2 binding activity of *Helicobacter pylori* Western CagA by EPIYA-C duplication: its implications in gastric carcinogenesis. *Sci. Rep.* 2015, 5, 15749.
  20. 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.
  21. 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.
  22. 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 エヌ・ティー・エス. 2015, 272-6.
  23. 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.
  24. Sugiyama Y, Senda M, Senda T, Matsuda T. Crystallization and preliminary crystallographic analysis of acetophenone reductase from *Geotrichum candidum* NBRC 4597. *Acta Cryst.* 2015, F71, 320-23.
  25. 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.
  26. 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.
  27. 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.
  28. 湯本史明, 千田俊哉. 創薬等支援技術基盤プラットフォームで取り組む相関構造解析. *日本結晶学会誌* 2015, 57, 47-52.
  29. 湯本史明, 千田俊哉. 全国のライフサイエンティストに開かれた「創薬等支援技術基盤プラットフォーム」を支える放射光施設. *放射光* 2015, 28, 170-6.
  30. 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.
31. Kuwabara N, Manya 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  $\alpha$ -dystroglycan. Proc. Nat. Aca. Sci. USA. 2016, 113, 9280–85,
  32. Adachi N, Senda T, Horikoshi, M. Uncovering ancient transcription systems with a novel evolutionary indicator. Sci. Rep. 2016, 6, 27922.
  33. 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.
  34. Makyio H, Kato R. Classification and Comparison of Fucose-Binding Lectins Based on Their Structures. Trends Glycosci. Glycotechnol. 2016, 28, E25–37.
  35. 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.
  36. Hifumi E, Matsumoto S, Nakashima H, Itonaga S, Arakawa M, Katayama Y, Kato R, Uda T. A novel method of preparing the monofom structure of catalytic antibody light chain. FASEB J. 2016, 30,895-908.
  37. Sumita K, Lo YH, Takeuchi K, Senda M, Kofuji S, Ikeda Y, Terakawa J, Sasaki M, Yoshino H, Majd N, Zheng Y, Kahoud ER, Yokota T, Emerling BM, Asara JM, Ishida T, Locasale JW, Daikoku T, Anastasiou D, Senda T, Sasaki AT. The Lipid Kinase PI5P4K $\beta$  Is an Intracellular GTP Sensor for Metabolism and Tumorigenesis. Mol. Cell. 2016, 61, 187-98.
  38. Takeuchi K., Senda M, Lo Y., Kofuji S, Ikeda Y, Sasaki A, Senda T. Structural reverse genetics study of the PI5P4K $\beta$ -nucleotide complexes reveals the presence of the GTP bioenergetics system in mammalian cells. FEBS Journal.2016, 283, 3556-62.
  39. Senda M, Hayashi T, Hatakeyama M, Takeuchi K, Sasaki A, Senda T. Use of multiple cryoprotectants to improve diffraction quality from protein crystals. Crystal Growth & Design. 2016, 16, 1565-71.
  40. Liebschner D, Yamada Y, Matsugaki N, Senda M, Senda T. On the influence of crystal size and wavelength on native SAD phasing. Acta cryst. Section D. 2016, 72, 728-41.
  41. Hiraki M, Matsugaki N, Yamada Y, Senda T. Development of Sample Exchange Robot PAM-HC for Beamline BL-1A at the Photon Factory. AIP Conference Proc. 2016, 1741, 030029.
  42. Toma-Fukai S, Kim J D, Park K E, Kuwabara N, Shimizu N, Krayukhina E, Uchiyama S, Fukamizu A, Shimizu T. Novel helical assembly in arginine methyltransferase 8. J. Mol. Biol. 2016, 428, 1197-1208.
  43. Takagi H, Igarashi N, Mori T, Saijo S, Ohta H, Nagatani Y, Kosuge T, Shimizu N. Upgrade of Small Angle X-ray Scattering Beamline, BL-6A at the Photon Factory. AIP Conference Proc. 2016, 1741, 030018.
  44. 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.
45. Shimizu N, Yatabe K, Nagatani Y, Saijyo S, Kosuge T, Igarashi N. Software Development for Analysis of Small-Angle X-ray Scattering Data. AIP Conference Proc. 2016, 1741, 050017.
  46. Igarashi N, Nitani H, Takeichi Y, Niwa Y, Abe H, Kimura M, Mori T, Nagatani Y, Kosuge T, Kamijo A, Koyama A, Ohta H, Shimizu N. Newly designed double surface bimorph mirror for BL-15A of the photon factory. AIP Conf. Proc. 2016, 1741, 040021.
  47. Saijyo S, Nagai A, Kinjo S, Mashimo R, Akimoto M, Kizawa K, Yabe-Wada T, Shimizu N, Takahara H, Unno M. Monomeric Form of Peptidylarginine Deiminase Type I Revealed by X-ray Crystallography and Small-Angle X-ray Scattering. J. Mol. Biol. 2016, 428, 3058-3073.
  48. Anami Y, Shimizu N, Ekimoto T, Egawa D, Itoh T, Ikeguchi M, Yamamoto K. Apo- and antagonist-binding structures of vitamin D receptor ligand-binding domain revealed by hybrid approach combining small-angle X-ray scattering and molecular dynamics. J. Med. Chem. 2016, 59, 7888-7900.
  49. Kubota M, Takeuchi K, Watanabe S, Ohno S, Matsuoka R, Kohda D, Nakakita S, Hiramatsu H, Suzuki Y, Nakayama T, Terada T, Shimizu K, Shimizu N, Shiroishi M, Yanagi Y, Hashiguchi T. Trisaccharide containing  $\alpha$ 2,3-linked sialic acid acid is a receptor for mumps virus. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 2016, 113, 11579-11584.
  50. Kim SB, Naganawa R, Murata S, Nakayama T, Miller S, Senda T. A Bioluminescence Assay System for Imaging Metal Cationic Activities in Urban Aerosols. Methods Mol Biol. 2016, 1461, 279-87.
  51. 千田俊哉, 創薬等支援技術基盤プラットフォームにおける構造研究, 薬学雑誌, 2016, 136, 449-58.
  52. Adachi N, Aizawa K, Kratzer Y, Saijo S, Shimizu N, Senda T. Improved method for soluble expression and rapid purification of yeast TFIIA. Protein Expr. Purif. 2017, 133, 50-56.
  53. 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.
  54. 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.
  55. 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.

## 大阪大学

1. 宮崎直幸, 田中宏樹, 禾晃和, 高木淳一, 岩崎憲治. 光-電子相関顕微鏡法~シナプス接着メカニズム解明への応用. 生物物理. 2013, 53, 218-21.
2. 岩崎憲治, 宮崎直幸. 「ここまで進んだ 3-D 電顕」 (Advanced three-dimensional electron microscopy). メディカル・ダイジェスト, ニューサイエンス. 2014, 40, 5-6.
3. Takase H, Furuchi H, Tanaka M, Yamada T, Matoba K, Iwasaki K, Kawakami T, Mukai T. Characterization of reconstituted high-density lipoprotein particles formed by lipid interactions with human serum amyloid A. *Biochim. Biophys. Acta*. 2014, 8141, 1467-74.
4. Tsukasaki Y, Miyazaki N, Matsumoto A, Nagae S, Yonemura S, Tanoue T, Iwasaki K, Takeichi M. Giant cadherins Fat and Dachous self-bend to organize properly spaced intercellular junctions. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2014, 111, 16011-16.
5. 岩崎憲治. 電子顕微鏡技術の進展と相関解析. 日本結晶学会誌. 2015, 57, 1, 66-71.
6. Sali A, Berman HM, Schwede T, Trewhella J, Kleywegt G, Burley SK., Markley J, Nakamura H, Adams P, Bonvin AMJJ, Chiu W, Peraro MD, Maio FD, Ferrin TE., Grünewald K, Gutmanas A, Henderson R, Hummer G, Iwasaki K, Johnson G, Lawson CL., Meiler J, Marti-renom MA., Montelione GT., Nilges M, Nussinov R, Patwardhan A, Rappasilber J, Read RJ., Saibil H, Schröder GF., Schwieters CD, Seidel CAM, Svergun D, Topf M, Ulrich EL, Velankar S, Westbrook JD. Outcome of the First wwPDB Hybrid/Integrative Methods Task Force Workshop. *Structure*. 2015, 23, 1156-67.
7. Tanaka M, Hosotani A, Tachibana Y, Nakano M, Iwasaki K, Kawakami T, Mukai T. Preparation and Characterization of Reconstituted Lipid-Synthetic Polymer Discoidal Particles. *Langmuir*. 2015, 31, 12719-26.
8. 岩崎憲治. 新時代:クライオ電子顕微鏡による近原子分解能解析. ライフサイエンス領域融合レビュー. 2016, 5, e010.
9. Nagano S, Banwell EF, Iwasaki K, Michalak M, Palka R, Zhang KYJ, Voet ARD, Heddle JG. Understanding the Assembly of an Artificial Protein nanotube. *Adv. Mater. Interfaces*. 2016, 3, 1600846.
10. Matsumoto A, Miyazaki N, Takagi J, Iwasaki K. Approach for binding three-dimensional atomic model by electron microscopy image matching. *Sci. Rep*. 2017, 7, 377.
11. Heddle JG, Chakraborti S, Iwasaki K. Natural and Artificial Protein Cages: Design, Structure and Therapeutic Applications. *Curr. Opin. Struct. Biol*. 2017, 43, 148-55.
12. 岩崎憲治. 特集クライオ電子顕微鏡, 難関の結晶化が扶養、設部費は安い薬剤を設計できる解像度 3Å 超を達成, 日経バイオテク, 2017, 4-8.

## 兵庫県立大学

1. Tani K, Arthur CP, Tamakoshi M, Yokoyama K, Mitsuoka K, Fujiyoshi F, Gerle C. Visualization of two distinct states of disassembly in the bacterial V-ATPase from *Thermus thermophilus*. *Microscopy*. 2013, 62, 467-74.
2. Maeda S, Shinzawa-Itoh K, Mieda K, Yamamoto M, Nakashima Y, Ogasawara Y, Jiko C,



- Tani, K, Miyazawa, A, Gerle C, Yoshikawa S. Two-dimensional crystallization of intact F-ATP synthase isolated from bovine heart mitochondria. *Acta Crystallographica Section F: Struct. Biol. Cryst. Commun.* 2013, F69, 1368-70.
3. Oshima A, Matsuzawa T, Nishikawa K & Fujiyoshi Y. Oligomeric structure and functional characterization of *C. elegans* innexin-6 gap junction channels. *J. Biol. Chem.* 2013, 288, 10513-21.
  4. Yang F\*, Abe K\*, Tani K, Fujiyoshi Y, Carbon sandwich preparation preserves quality of two-dimensional crystals for cryo-electron microscopy. *Microscopy.* 2013, 62, 597-606 (\*co-first author)
  5. Suzuki H, Ito Y, Yamazaki Y, Mineta K, Uji M, Abe K, Tani K, Fujiyoshi Y, Tsukita S. The four-transmembrane protein IP39 of *Euglena* forms strands by a trimeric unit repeat. *Nat. Commun.* 2013, 4, 1766.
  6. Shimada S, Shinzawa-Itoh K, Amano S, Akira Y, Miyazawa A, Tsukihara T, Tani K, Gerle C, Yoshikawa S. Three-dimensional structure of bovine heart NADH: ubiquinone oxidoreductase (complex I) by electron microscopy of a single negatively stained two-dimensional crystal. *Microscopy.* 2014, 63, 167-74
  7. 阿部一啓 胃プロトンポンプの生化学と電子線結晶構造解析. *生化学*, 2014, 86, 429-40
  8. Abe K, Tani K, Fujiyoshi Y. Systematic comparison of molecular conformations of H<sup>+</sup>,K<sup>+</sup>-ATPase reveals an important contribution of the A-M2 linker for the luminal gating. *J. Biol. Chem.* 2014, 289, 30590-601
  9. Jiko C, Davies KM, Shinzawa-Itoh, K, Tani K, Maeda S, Mills DJ, Tsukihara T, Fujiyoshi Y, Kühlbrandt W, Gerle C. Bovine F1Fo ATP synthase monomers bend the lipid bilayer in 2D membrane crystals. *eLife.* 2015, 4, e06119.
  10. Hauer F, Gerle C\*, Fischer N, Oshima A, Shinzawa-Itoh K, Shimada S, Yokoyama K, Fujiyoshi Y, Stark H. GraDeR: membrane protein complex preparation for single particle cryo-EM. *Structure*, 2015, 23, 1769-75. \*equal contribution & co-corresponding
  11. Mitsuoka K, Gerle C. Recent advances of single particle analysis by cryo-electron microscopy and its application to membrane proteins. *J. of Japanese Biochem. Soc.* 2016, 88, 532-6.
  12. Gerle C. On the structural possibility of pore-forming mitochondrial FoF1 ATP synthase. *BBA – Bioenergetics.* 2016, 1857, 1191-6.
  13. Osuda Y, Shinzawa-Itoh K, Tani K, Maeda S, Yoshikawa S, Tsukihara T, Gerle C. Two-dimensional crystallization of monomeric bovine cytochrome c oxidase with bound cytochrome c in reconstituted lipid membranes. *Microscopy*, 2016, 65, 263-7.
  14. Abe K, Olesen C. Isolation of H<sup>+</sup>,K<sup>+</sup>-ATPase-enriched membrane fraction from pig stomach. *Methods Mol. Biol.* 2016, 1377, 19-28.
  15. Abe K. Two-dimensional crystallization of gastric H<sup>+</sup>,K<sup>+</sup>-ATPase for structural analysis by electron crystallography. *Methods Mol. Biol.* 2016, 1377, 433-58.
  16. 大嶋篤典. ギャップ結合チャネルの構造と多様性, 膜. 2016, 41.
  17. Oshima A, Matsuzawa T, Murata K, Tani K, Fujiyoshi Y. Hexadecameric structure of an

- invertebrate gap junction channel. *J. Mol. Biol.* 2016, 428, 1204-1213.
18. Oshima A, Tani K, Fujiyoshi Y. Atomic structure of the innexin-6 gap junction channel determined by cryo-EM. *Nat. Commun.* 2016, 7, 13681.
  19. Abe K, Fujiyoshi Y. Cryo-electron microscopy for structure analyses of membrane proteins in the lipid bilayer. *Curr. Opin. Struct. Biol.* 2016, 39, 71-78.

#### 横浜市立大学

1. Okuwaki M, Sumi A, Hisaoka M, Saotome-Nakamura A, Akashi S, Nishimura Y, Nagata K. Functions of homo- and hetero-oligomers of human Nucleoplasmin/Nucleophosmin family proteins NPM1, NPM2, and NPM3 during sperm chromatin remodeling. *Nucleic Acids Res.* 2012, 40, 4861-78.
2. Ishida M, Shimojo H, Hayashi A, Kawaguchi R, Ohtani Y, Uegaki K, Nishimura Y, Nakayama J. Intrinsic nucleic acid-binding activity of Chp1 chromodomain is required for heterochromatic gene silencing. *Mol. Cell.* 2012, 47, 228-41.
3. Saikusa K, Fuchigami S, Takahashi K, Asano Y, Nagadoi A, Tachiwana H, Kurumizaka H, Ikeguchi M, Nishimura Y, Akashi S. Gas-phase structure of the histone multimers characterized by ion mobility mass spectrometry and molecular dynamics simulation. *Anal. Chem.* 2013, 85, 4165-71.
4. Azegami N, Saikusa K, Todokoro Y, Kurumizaka H, Nagadoi A, Nishimura Y, Akashi S. Conclusive evidence of the reconstituted hexasome proved by native mass spectrometry. *Biochemistry.* 2013, 52, 5155-7.
5. Miyazawa-Onami M, Takeuchi K, Takano T, Sugiki T, Shimada I, Takahashi H. Perdeuteration and methyl-selective <sup>1</sup>H, <sup>13</sup>C-labeling by using a *Kluyveromyces lactis* expression system, *J. Biomol. NMR.* 2013, 57, 297-304.
6. Kodama Y, Takeuchi K, Shimba N, Ishikawa K, Suzuki E, Shimada I, Takahashi H. Rapid identification of ligand-binding sites by using an assignment-free NMR approach, *J. Med. Chem.* 2013, 56, 9342-50.
7. Ichikawa Y, Morohashi N, Nishimura Y, Kurumizaka H, Shimizu M. Telomeric repeats act as nucleosome-disfavouring sequences in vivo. *Nucleic Acids Res.* 2014, 42, 11541-52.
8. Okuda, M. Nishimura, Y., Extended String Binding Mode of the Phosphorylated Transactivation Domain of Tumor Suppressor p53. *J. Am. Chem. Soc.* 2014, 136, 14143-52.
9. Nishibuchi G, Machida S, Osakabe A, Murakoshi H, Hiragami-Hamada K, Nakagawa R, Fischle W, Nishimura Y, Kurumizaka H, Tagami H, Nakayama J. N-terminal phosphorylation of HP1 $\alpha$  increases its nucleosome-binding specificity. *Nucleic Acids Res.* 2014, 42, 12498-511.
10. Ono K, Takeuchi K, Ueda H, Morita Y, Tanimura R, Shimada I, Takahashi H. Structure-Based Approach To Improve a Small Molecule Inhibitor by the Use of a Competitive Peptide Ligand, *Angew. Chem. Int. Ed.* 2014, 53, 2597-601.
11. Tokunaga Y, Takeuchi K, Takahashi H, Shimada I. Allosteric enhancement of MAP kinase p38  $\alpha$ 's activity and substrate selectivity by docking interactions, *Nat. Struct. Mol. Biol.*

- 2014, 21, 704-11.
12. Takeuchi K, Tokunaga Y, Imai M, Takahashi H, Shimada I. Dynamic multidrug recognition by multidrug transcriptional repressor LmrR, *Sci. Rep.* 2014, 4.
  13. Saikusa K, Nagadoi A, Hara K, Fuchigami S, Kurumizaka H, Nishimura Y, Akashi S. Mass Spectrometric Approach for Characterizing the Disordered Tail Regions of the Histone H2A/H2B Dimer. *Anal. Chem.* 2015, 87, 2220-27.
  14. Ichikawa Y, Nishimura Y, Kurumizaka H, Shimizu M. Nucleosome organization and chromatin dynamics in telomeres. *Biomol. Concepts.* 2015, 6, 67-75.
  15. Saikusa K, Shimoyama S, Asano Y, Nagadoi A, Sato M, Kurumizaka H, Nishimura Y, Akashi S. Charge-neutralization effect of the tail regions on the histone H2A/H2B dimer structure. *Protein Sci* 2015, 24, 1224-31.
  16. Okuda M. and Nishimura Y. Real-time and simultaneous monitoring of the phosphorylation and enhanced interaction of p53 and XPC acidic domains with the TFIIH p62 subunit. *Oncogenesis.* 2015, 4, e150.
  17. Okuda M, Kinoshita M, Kakumu E, Sugasawa K, Nishimura Y. Structural Insight into the Mechanism of TFIIH Recognition by the Acidic String of the Nucleotide Excision Repair Factor XPC. *Structure* 2015, 23, 1827-37.
  18. Mizukoshi Y, Takeuchi K, Arutaki M, Takizawa T, Hanzawa H, Takahashi H, and Shimada I. Suppression of problematic compound oligomerization by cosolubilization of nondetergent sulfobetaines. *ChemMedChem* 2015, 10, 736-41.
  19. Okuda M, Nishimura Y. Dataset for the NMR structure of the intrinsically disordered acidic region of XPC bound to the PH domain of TFIIH p62. *Data in Brief.* 2016, 6, 571-7.
  20. Ohtomo H., Akashi S., Moriwaki Y., Okuwaki M., Osakabe A., Nagata, K., Kurumizaka H., Nishimura Y. The C-terminal acidic domain of histone chaperone human NAP1 is an efficient binding-assistant for histone H2A-H2B but not H3-H4. *Genes Cells.* 2016, 21, 252-63.
  21. Shimojo H, Kawaguchi A, Oda T, Hashiguchi N, Omori S, Moritsugu K, Kidera A, Hiragami-Hamada K, Nakayama J, Sato M, Nishimura Y. Extended string-like binding of the phosphorylated HP1 $\alpha$  N-terminal tail to the lysine 9-methylated histone H3 tail. *Sci. Rep.* 2016, 6, 22527.
  22. Moriwaki Y, Yamane T, Ohtomo H, Ikeguchi M, Kurita J, Sato M, Nagadoi A, Shimojo H, Nishimura Y. Solution structure of the isolated histone H2A-H2B heterodimer. *Sci. Rep.* 2016, 6, 24999.
  23. Okuda M., Higo J., Komatsu Y., Konuma T., Sugase K., and Nishimura Y. Dynamics of the Extended String-Like Interaction of TFIIE with the p62 Subunit of TFIIH. *Biophysical J.* 2016, 111, 950-62.
  24. Okuda M, Araki K, Ohtani K, and Nishimura Y. The Interaction Mode of the Acidic Region of the Cell Cycle Transcription Factor DP1 with TFIIH. *J. Mol. Biol.* 2016, 428, 4993-5006.
  25. Kiyonaka S, Kubota R, Michibata Y, Sakakura M, Takahashi H, Numata T, Inoue R, Yuzaki M, and Hamachi I. Allosteric activation of membrane-bound glutamate receptors using

## 名古屋大学

1. Hiroaki H, Recent applications of isotopic labeling for protein NMR in drug discovery. Expert Opinion on Drug Discovery, invited review, 2013, 8, 523-36.
2. Ihara M, Hamamoto S, Miyanoiri Y, Takeda M, Kainosho M, Yabe I, Uozumi N, Yamashita A. Molecular bases of multimodal regulation of a fungal transient receptor potential (TRP) channel. J. Biol. Chem. 2013, 288, 15303-17.
3. Miyanoiri Y, Takeda M, Okuma K, Ono AM, Terauchi T, Kainosho M. Differential isotope-labeling for Leu and Val residues in a protein by E. coli cellular expression using stereo-specifically methyl labeled amino acids. J. Biomol. NMR. 2013, 57, 237-49.
4. Sato T, Miyanoiri Y, Takeda M, Naoe Y, Mitani R, Hirano K, Takehara S, Kainosho M, Matsuoka M, Ueguchi-Tanaka M, Kato H. Expression and purification of a GRAS domain of SLR1, the rice DELLA protein. Protein Expr. Purif. 2014, 95, 248-54.
5. Takeda M, Miyanoiri Y, Terauchi T, Yang CJ, Kainosho M. Use of H/D isotope effects to gather information about hydrogen bonding and hydrogen exchange rates. J. Magn. Reson. 2014, 241, 148-154.
6. Fujiwara Y, Goda N, Tamashiro T, Narita H, Satomura K, Tenno T, Nakagawa A, Oda M, Suzuki M, Sakisaka T, Takai Y, Hiroaki H. Crystal structure of afadin PDZ domain–nectin-3 complex shows the structural plasticity of the extended ligand-binding site. Protein Sci. 2015, 24, 376-85
7. Goda N, Matsuo N, Tenno T, Ishino S, Ishino Y, Fukuchi S, Ota M, Hiroaki H. An optimized Npro-based method for the expression and purification of intrinsically disordered proteins for an NMR study. Intrinsically Disordered Proteins. 2015, 3, 1-6.
8. Goda N, Shimizu K, Kuwahara Y, Tenno T, Noguchi T, Ikegami T, Ota M, Hiroaki H. A Method for Systematic Assessment of Intrinsically Disordered Protein Regions by NMR. Int. J. Mol. Sci. 2015, 16, 15743-60.
9. Ohnishi T, Yanazawa M, Kitamura Y, Sasahara T, Nishiyama T, Komura H, Hiroaki H, Fukazawa Y, Kii I, Kakita A, Takeuchi A, Ito A, Takeda H, Hirao H, Inoue M, Muramatsu S, Matsui K, Tada M, Sato M, Goda N, Takino N, Sakai S, Arai Y, Umetsu Y, Takahashi H, Hagiwara M, Sawasaki T, Iwasaki G, Nakamura Y, Nabeshima Y, Teplow TB, Hoshi M. Na,K-ATPase $\alpha$ 3 Is a Death Target of Alzheimer Patient Amyloid- $\beta$  Assembly. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 2015, 112, E4465–74.
10. Shigemitsu Y, Iwaya N, Goda N, Matsuzaki M, Tenno T, Narita A, Hoshi M, Hiroaki H. Nuclear magnetic resonance evidence for the dimer formation of beta amyloid peptide 1-42 in 1,1,1,3,3,3-hexafluoro-2-propanol. Anal. Biochem. 2016, 498, 59-67
11. Wang S, Parthasarathy S, Nishiyama Y, Endo Y, Nemoto T, Yamauchi K, Asakura T, Takeda M, Terauchi T, Kainosho M, Ishii Y. Nano-mole scale side-chain signal assignment by  $^1\text{H}$ -detected protein solid-state NMR by ultra-fast magic-angle spinning and stereo-array isotope labeling. PLoS One. 2015, 10, e0122714.

12. Wang S, Parthasarathy S, Xiao Y, Nishiyama Y, Long F, Matsuda I, Endo Y, Nemoto T, Yamauchi K, Asakura T, Takeda M, Terauchi T, Kainosho M, Ishii Y. Nano-mole scale sequential signal assignment by <sup>1</sup>H-detected protein solid-state NMR. Chem Commun (Camb). 2015, 51, 15055-8.
13. Yang CJ, Takeda M, Terauchi T, Jee JG, Kainosho M. Differential Large-Amplitude Breathing Motions in the Interface of FKBP12-Drug Complexes. Biochemistry, 2015, 54, 6983-95.
14. Hiroaki H. Application of NMR in Drug Discovery. Special Periodical Reports; Nuclear Magnetic Resonance, 2016, 45, 217-39 (invited review)
15. 宮ノ入洋平, 武田光広, 寺内勉, 甲斐荘正恒. 立体選択的 <sup>13</sup>C 標識 Leu, Val の高分子量蛋白質の NMR 研究への応用. 分光研究. 2016, 65, 46-9.
16. Miyanoiri Y, Ishida Y, Takeda M, Terauchi T, Inouye M, Kainosho M. Highly efficient residue-selective labeling with isotope-labeled Ile, Leu, and Val using a new auxotrophic E. coli strain. J. Biomol. NMR, 2016, 65, 109-19.
17. 宮ノ入洋平, 武田光広, 甲斐荘正恒. 高分子量タンパク質の動態に迫る NMR 技術の開発. 生化学. 2016, 88, 452-64.
18. Takeda M, Miyanoiri Y, Terauchi T, Kainosho M. <sup>13</sup>C-NMR studies on disulfide bond isomerization in bovine pancreatic trypsin inhibitor (BPTI). J. Biomol. NMR, 2016, 66, 37-53.
19. Miyanoiri Y, Takeda M, Terauchi T, Kainosho M. Stable-Isotope aided NMR Spectroscopy. Modern Magnetic Resonance / Springer. 2017, 2, 1-16.

(2) 学会・シンポジウム等における口頭・ポスター発表

高エネルギー加速器研究機構

1. タンパク質結晶構造解析を支援するロボットの開発, 口頭, 平木雅彦, 山田悠介, Chavas Leonard MG, 松垣直宏, 五十嵐教之, 若槻壮市, 13 回高エネ研メカ・ワークショップ, 2012/04/06, 国内.
2. 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.
3. 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.
4. Current status and Future Prospects of Automated Sample Exchange System PAM for Protein Crystallography, ポスター, Hiraki M, Yamada Y, Chavas LMG, Matsugaki N, Igarashi N, Wakatsuki S, The 11th International Conference on Synchrotron Radiation Instrumentation (SRI 2012), 2012/07/11, 国外.
5. Data Management System at the Photon Factory Macromolecular Crystallography Beamline, ポスター, Yamada Y, Matsugaki N, Chavas L, Hiraki M, Igarashi N,

- Wakatsuki S, The 11th International Conference on Synchrotron Radiation Instrumentation (SRI 2012), 2012/07/11, 国外.
6. 10 years of protein crystallography at AR-NW12A beamline, ポスター, Chavas L, Yamada Y, Hiraki M, Igarashi T, Matsugaki N, Wakatsuki S, The 11th International Conference on Synchrotron Radiation Instrumentation (SRI 2012), 2012/07/11, 国外.
  7. New high-brilliance beamline BL-15A at the Photon Factory, ポスター, Igarashi N, Shimizu N, Koyama A, Mori T, Ohta H, Niwa Y, Nitani H, Abe H, Nomura M, Ito K, The 11th International Conference on Synchrotron Radiation Instrumentation (SRI 2012), 2012/07/12, 国外.
  8. Development of Small-Angle X-ray Scattering Beamline, BL-6A at the Photon Factory, ポスター, Shimizu N, Mori T, Igarashi N, Ohta H, Nagatani Y, Kosuge T, Ito K, The 11th International Conference on Synchrotron Radiation Instrumentation (SRI 2012), 2012/07/12, 国外.
  9. SAD Experiment using 2.7 Å Wavelength Performed at the Photon Factory., 口頭, Matsugaki N, Yamada Y, Chavas L, Hiraki M, Igarashi N, Okazaki S, Suzuki H, Kawasaki M, Kato R, Wakatsuki S, The 2012 Annual Meeting of the American Crystallographic Association, 2012/07/31, 国外.
  10. 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, The 27th European Crystallographic Meeting (ECM27), 2012/08/09-10, 国外.
  11. 放射光ビームラインのより上手な使い方, 口頭, 山田悠介, 大阪大学蛋白質研究所セミナー, 2012/09/20, 国内.
  12. 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.
  13. Asian Connections, 口頭, 若槻壮市, Symposium to honor Herman Winich 80th celebration, 2012/10/02, 国外.
  14. 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.
  15. PFX 線小角散乱ビームラインの整備・開発状況, 口頭, 五十嵐教之, 清水伸隆, 森丈晴, 大田浩正, 小山篤, 伊藤健二, 平成24年度日本結晶学会年会および総会, 2012/10/26, 国内.
  16. 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.
  17. 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.
  18. Refurbishment and New Construction of Small-Angle X-ray Scattering beamlines at the Photon Factory, ポスター, Shimizu N, Igarashi N, Mori T, Ohta H, Nagatani Y, Kosuge T, Ito K, The 2nd International GISAS Meeting (GISAS2012 Kyoto), 2012/11/14,

国内.

19. Current status of Small-Angle X-ray Scattering beamlines at the Photon Factory, ポスター, Shimizu N, Igarashi N, Mori T, Ohta H, Nagatani Y, Kosuge T, Ito K, the 15th International Small-Angle Scattering conference (SAS 2012), 2012/11/20, 国外.
20. Sulfur SAD structure solution using wavelength from 2.7Å to 3.3Å, ポスター, Matsugaki N, Yamada Y, Chavas LMG, Hiraki M, Wakatsuki S, AsCA 12/CRYSTAL 28 in association with The Bragg symposium, 2012/12/03, 国外.
21. 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.
22. 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.
23. Photon Factory 新 BL-15A 建設計画, 口頭, 五十嵐教之, 清水伸隆, 森丈晴, 大田浩正, 小山篤, 仁谷浩明, 丹羽尉博, 阿部仁, 伊藤健二, 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, 2013/01/12, 国内.
24. Photon Factory の小角散乱ビームラインの現状, 口頭, 清水伸隆, 五十嵐教之, 森丈晴, 大田浩正, 永谷康子, 小菅隆, 伊藤健二, 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, 2013/01/13, 国内.
25. 低エネルギー構造生物学ビームライン KEK-PF BL-1A の現状と高度化計画, ポスター, 松垣直宏, 山田悠介, Chavas Leonard, 平木雅彦, 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.
26. タンパク質結晶交換システム PAM の現状と PF BL-1A 用新結晶交換システムの開発, ポスター, 平木雅彦, 松垣直宏, Chavas Leonard MG, 山田悠介, 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.
27. 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.
28. 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.
29. 放射光による X 線小角散乱実験の現状, 口頭, 清水伸隆, 第 2 回東大新領域・KEK 連携教育シンポジウム, 2013/02/22, 国内.
30. PF X 線ビームラインの整備計画, 口頭, 五十嵐教之, 物構研サイエンスフェスタ (第 30 回 PF シンポジウム), 2013/03/15, 国内.
31. フォトンファクトリーの小角散乱ビームラインの高度化, ポスター, 清水伸隆, 五十嵐教之, 森丈晴, 大田浩正, 永谷康子, 小菅隆, 伊藤健二, 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.
32. タンパク質結晶交換システム PAM の現状, ポスター, 平木雅彦, 山田悠介, Chavas Leonard MG, 松垣直宏, 物構研サイエンスフェス (第 30 回 PF シンポジウム), 2013/03/14, 国内.
33. 低エネルギー構造生物学ビームライン BL-1A の現状, ポスター, 松垣直宏, 山田悠介,

- Chavas Leonard MG, 平木雅彦, 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.
34. 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.
  35. AR-NW12A および BL-5A における 2012 年度の実施と成果, ポスター, Chavas Leonard MG, 平木雅彦, 山田悠介, 五十嵐教之, 清水伸隆, 松垣直宏, 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.
  36. Development of simultaneous SAXS/WAXS data collection system based on PILATUS detectors at BL-6A of the Photon Factory, ポスター, Igarashi N, Shimizu N, Mori T, Ohta H, Nagatani Y, Kosuge T, Ito K, 4th International Symposium on Diffraction Structural Biology, 2013/05/28, 国内.
  37. Improvement of Automated Protein Crystal Exchange System PAM for High-throughput Data Collection, ポスター, Hiraki M, Yamada Y, Chavas LMG, Matsugaki N, 4th International Symposium on Diffraction Structural Biology, 2013/05/28, 国内.
  38. Improvements toward highly precious diffraction experiments at the macromolecular micro-crystallography beamline BL-17A, ポスター, Yamada Y, Chavas LMG, Igarashi N, Hiraki M, Wakatsuki S, Matsugaki N, 4th International Symposium on Diffraction Structural Biology, 2013/05/28, 国内.
  39. New methodologies at PF AR-NW12A: implementation of high-pressure MX, 口頭, Chavas L, 4th International Symposium on Diffraction Structural Biology, 2013/05/27, 国内.
  40. 創薬等支援技術基盤プラットフォーム —解析拠点の紹介—, 口頭, 千田俊哉, 第 13 回蛋白質科学会年会, 2013/06/12, 国内
  41. PF の現状とピロリ菌発がんタンパク質 CagA の結晶構造解析, 口頭, 千田俊哉, 第 13 回蛋白質科学会年会, 2013/06/14, 国内
  42. ピロリ菌発がんタンパク質 CagA の結晶構造解析と機能解析, 2013 年度第 1 回日本農芸化学会関東支部例会, 2013/7/6, 国内
  43. A novel approach of crystal-quality improvement by “the multi-step soaking method, ポスター発表, 千田美紀, 千田俊哉, American Crystallographic Association (ACA), 2013/7/22, 国外
  44. 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.
  45. 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.
  46. Crystal quality improvement with cryoprotectants, 口頭, Senda T, 7th International Conference on Structural Genomics(ICSG2013-SLS), 2013/07/30, 国内



47. Current Upgrades of SAXS Beamlines at KEK-PF, ポスター, Igarashi N, Mori T, Koyama A, Ohta H, Kamijo A, Saijo S, Nagatani Y, Kosuge T, Shimizu N, The International Conference on Structural Genomics 2013 Structural Life Science, 2013/07/31, 国内.
48. Current Status of the Upgrades on Structural Biology Beamlines at the Photon Factory, ポスター, Matsugaki N, Yamada Y, Chavas LMG, Hiraki M, Shimizu N, Igarashi N, Soichi, The 28th European Crystallographic Meeting, 2013/08/26-28, 国外.
49. BL-15A: Semi-microbeam XAFS/XRF and High-brilliance SAXS beamline at Photon Factory, ポスター, Igarashi N, Koyama A, Mori Takeharu, Ohta H, Kamijo A, Saijo S, Niwa Y, Nitani H, Hiroshi Abe, Shimizu N, 11th International Conference on Biology and Synchrotron Radiation (BSR), 2013/09/09, 国外.
50. Improvement and Upgrade Plan of Small-Angle X-ray Scattering Beamlines at Photon Factory, ポスター, Shimizu N, Mori Takeharu, Ohta Hiromasa, Nagatani Yasuko, Saijo S, Kamijyo A, Kosuge T, Igarashi N. 11th International Conference on Biology and Synchrotron Radiation (BSR), 2013/09/09, 国外.
51. 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.
52. 補酵素 FAD の構造変化がフェレドキシン還元酵素 BphA4 の全体構造変化に与える影響, 口頭発表, 千田美紀, 西澤明人, 木村成伸, 石田哲夫, 福田雅夫, 千田俊哉, 第 85 回日本生化学会大会, 2013/9/13, 国内
53. 無酸素条件下での結晶化, 口頭発表, 千田美紀, 千田俊哉, 日本結晶学会年会平成 25 年度年会, 2013/10/13, 国内
54. 高輝度 XAFS/XRF/SAXS ビームライン PF BL-15A の開発, 口頭, 五十嵐教之, 小山篤, 森丈晴, 上條亜衣, 大田浩正, 丹羽尉博, 仁谷浩明, 阿部仁, 清水伸隆, 平成 25 年度日本結晶学会年会及び総会, 2013/10/13, 国内.
55. PF 構造生物学ビームラインにおける回折データの自動処理, 口頭, 山田悠介, Chavas Leonard MG, 千田俊哉, 松垣直宏, 平成 25 年度日本結晶学会年会及び総会, 2013/10/13, 国内.
56. 創薬等支援技術基盤プラットフォーム事業における生体高分子 X 線溶液散乱, ポスター, 清水伸隆, 西條慎也, 大田浩正, 森丈晴, 永谷康子, 上條亜衣, 小菅隆, 五十嵐教之, 平成 25 年度日本結晶学会年会及び総会, 2013/10/13, 国内.
57. 創薬ターゲット蛋白質の迅速構造解析法の開発～ SACLA におけるシリアルフェムト秒 X 線結晶構造解析～, ポスター, 南後恵理子, 鈴木守, 田中里枝, 登野健介, 城地保昌, 亀島敬, Jaehyun Park, Changyong Song, 初井宇記, 矢橋牧名, 潘東青, 小段篤史, 山口知宏, 中津亨, 加藤博章, 田中良樹, 寿野千代, 伊原健太郎, 豊田洋輔, 島村達郎, 溝端栄一, 北郷悠, 高木淳一, 石谷隆一郎, 濡木理, Gallat FX, 山田悠介, 松垣直宏, 湯本史明, Chavas Leonard MG, 岩田想, 平成 25 年度日本結晶学会年会及び総会, 2013/10/13, 国内.
58. フォトンファクトリーにおける小角散乱ビームラインの刷新, 口頭, 清水伸隆, 第 51 回日本生

- 物物理学学会年会, 2013/10/28, 国内.
59. Bio-SAXS in the Platform for Drug Discovery, Informatics, and Structural Life Science (PDIS), ポスター, 清水伸隆, 西條慎也, 大田浩正, 永谷康子, 上條亜衣, 森丈晴, 小菅隆, 五十嵐教之, 第 51 回日本生物物理学学会年会, 2013/10/30, 国内.
  60. 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 回日本生物物理学学会年会, 2013/10/30, 国内.
  61. Upgrade plan and the current status on structural biology beamlines at the photon factory, ポスター, Matsugaki N, Yamada Y, Chavas LMG, Hiraki M, Shimizu N, Igarashi N, Wakatsuki S, Senda T, 12th Conference of the Asian Crystallographic Association Meeting (AsCA'13), 2013/12/08, 国内.
  62. Upgrade and Promotion of Industrial Use of Small Angle X-ray Scattering Beamlines at the Photon Factory, ポスター, Takagi H, Shimizu N, Igarashi N, Mori T, Saijo S, Ohta H, Kamijo A, Komuro M, Nomura M, Upgrade and Promotion of Industrial Use of Small Angle X-ray Scattering Beamlines at the Photon Factory, 2014/01/10, 国内.
  63. 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.
  64. Photon Factory の小角散乱ビームラインの高度化, ポスター, 清水伸隆, 森丈晴, 大田浩正, 永谷康子, 西條慎也, 高木秀彰, 上條亜衣, 小菅隆, 五十嵐教之, 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.
  65. KEK-PF BL-1A における低エネルギーSAD 測定のための回折計高度化, ポスター, 松垣直宏, 山田悠介, Chavas Leonard, 平木雅彦, 若槻壮市, 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.
  66. 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.
  67. 構造生物学ビームライン AR-NE3A における大規模全自動実験のための結晶交換システム PAM の開発, ポスター, 平木雅彦, 山田悠介, 松垣直宏, 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.
  68. PF BL-15A : 高輝度 XAFS/XRF/SAXS ビームライン, ポスター, 五十嵐教之, 小山篤, 森丈晴, 上條亜衣, 西條慎也, 大田浩正, 仁谷浩明, 丹羽尉博, 阿部仁, 清水伸隆, 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.
  69. Structure and function of the CagA oncoprotein from *Helicobacter pylori*, 千田俊哉, The 2<sup>nd</sup> T-LSI symposium –Frontiers of Drug Discovery by Protein Structure Analysis-, 2014/01/21, 国内
  70. 構造生物学における X 線溶液散乱 -何が分かるのか?, 口頭, 清水伸隆, 蛋白研セミナー「結晶構造を併用したハイブリッド構造研究の最前線」, 2014/02/07, 国内.

71. 創薬等支援技術基盤プラットフォームにおける Bio-SAXS, ポスター, 清水伸隆, 西條慎也, 森丈晴, 大田浩正, 永谷康子, 高木秀彰, 上條亜衣, 小菅隆, 五十嵐教之, 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.
72. 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.
73. AR-NE3A における大規模全自動実験のための結晶交換システム PAM の改良, ポスター, 平木雅彦, 山田悠介, 松垣直宏, 千田俊哉, 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.
74. X 線ビームラインの現状および整備計画, ポスター, 五十嵐教之, 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.
75. 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, 物構研サイエンスフェスタ 2013 (第 31 回 PF シンポジウム), 2014/03/19, 国内.
76. 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.
77. Recent developments of macromolecular crystallography beamlines at the Photon Factory, 口頭, Yamada Y, Liebschner D, RD8 WORKSHOP 2014 に参加後、Diamond Light Source において研究成果の発表および新しい低エネルギー SAD 専用ビームラインの見学, 2014/04/14, 国外.
78. Bio-SAXS を利用したハイブリッド構造解析と放射光ビームラインの高度化, 口頭, 清水伸隆, 第一回解析領域-バイオインフォマティクス領域連携ワークショップ, 2014/04/22, 国内.
79. 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タンパク質 X 線小角散乱実験, ポスター, 西條慎也, 清水伸隆, 森丈晴, 大田浩正, 永谷康子, 高木秀彰, 上條亜衣, 小菅隆, 五十嵐教之, 第 14 回日本蛋白質科学会年会, 2014/06/26, 国内.
80. 放射光を用いた構造生物学-放射光施設が果たす生命科学への貢献-, 口頭, 山田悠介, 社会公開セミナー, 2014/06/26, 国内.
81. PF BL-15A for semi-microbeam XAFS/XRF and high-brilliance SAXS/GI-SAXS, ポスター, Igarashi N, Koyama A, Mori T, Kamijo A, Ohta H, Nitani H, Niwa Y, Abe H, Shimizu N, The 23rd Congress and General Assembly of the International Union of Crystallography (IUCr2014), 2014/08/06, 国外.
82. Improvement and Upgrade of Small-Angle X-ray Scattering Beamlines at the Photon Factory, ポスター, Shimizu N, Mori T, Ohta H, Nagatani Y, Saijyo S, Takagi H, Kamijyo A, Kosuge T, Igarashi N, The 23rd Congress and General Assembly of the International Union of Crystallography (IUCr2014), 2014/08/06, 国外.
83. SAD experiment using the wavelength of 2.7 Å or longer, ポスター, Matsugaki N, Yamada Y, Hiraki M, Liebschner D, Watanabe N, Yao M., Shinoda A, Kato K, Tanaka I, Senda T, The 23rd Congress and General Assembly of the International Union of Crystallography (IUCr2014), 2014/08/06, 国外.
84. 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.
85. Structure and function of the CagA oncoprotein from *Helicobacter pylori*, ポスター, Senda T, The 23rd Congress and General Assembly of the International Union of Crystallography (IUCr 2014), 2014/08/11, 国外
86. Anaerobic crystallization for protein crystallography, ポスター発表, 千田美紀, 千田俊哉, 23rd Congress of the IUCr, 2014/8/11, 国外
87. 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.
88. Structure and Function of an Oncoprotein CagA from *Helicobacter Pylori*, 口頭, Senda T, 8th Asia-Oceania Forum for Synchrotron Radiation Research, 2014/09/16, 国外
89. 放射光ビームラインにおける試料交換システムの開発, 口頭, 平木雅彦, 松垣直宏, 山田悠介, 富田文菜, 千田俊哉, 第32回日本ロボット学会学術講演会, 2014/09/04, 国内
90. Large-scale purification of general transcription factor TFIIF, ポスター発表, 安達成彦, 相沢恭平, 山口佑香, 千田俊哉, Cold Spring Harbor Laboratory Meeting: Epigenetics & Chromatin, 2014/09/10, 国外.
91. Molecular and cellular analysis of functional crosstalk among the small GTPases through interaction with a VSP9-domain protein Rin1, ポスター, Doi M, Tsukakoshi S, Sato Y, Senda T, Protein Island Matsuyama International Symposium, 2014/9/17, 国内
92. 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.
93. Current status of BioSAXS beamlines at Photon Factory, ポスター, Shimizu N, Saijyo S, Ohta H, Mori T, Nagatani Y, Yatabe K, Kamijyo A, Kosuge T, Igarashi N, 第52回日本生物物理学会年会, 2014/09/25, 国内.
94. X-ray crystal structures of carbonmonoxy hemoglobin photolysis intermediates, ポスター, Tomita A, Sato T, Noguchi T, Nozawa S, Koshihara S, Park SY, Shibayama N, Adachi S, 第52回日本生物物理学会年会, 2014/09/27, 国内.
95. Bio-SAXS を利用したハイブリッド構造解析と PF SAXS ビームラインの高度化, 口頭, 清水伸隆, 創薬産業構造解析コンソーシアム分野別研究会, 2014/10/07, 国内.
96. Automated sample exchange robot in Photon Factory (Update and Overview), 口頭, Hiraki M, LCLS/SSRL Annual User's Meeting and Workshops, 2014/10/07, 国外.
97. ピロリ菌由来のがんタンパク質 CagA の構造-機能相関研究, 千田俊哉, 第87回日本生化学会大会合同大会, 2014/10/16, 国内
98. Double surface bimorph mirror for new high brilliance X-ray beamline, PF BL-15A, ポスター, Igarashi N, Nitani H, Takeichi Y, Koyama A, Shimizu N, MEDSI2014, 2014/10/22, 国外.
99. エピジェネティックおよび疾病関連タンパク質の構造生物学研究, 学術賞受賞講演, 千田俊哉, 平成26年度日本結晶学会年会, 2014/11/01, 国内

100. フェレドキシ還元酵素 BphA4 の酸化還元状態依存的な構造変化と親和性調節の解明, 口頭発表, 千田美紀, 星野忠次, 木村成伸, 千田俊哉, 日本結晶学会平成 26 年度年会, 2014/11/1, 国内
101. KEK-PF タンパク質結晶構造解析ビームラインの現状, ポスター, 松垣直宏, 山田悠介, 富田文菜, 平木雅彦, 千田俊哉, 平成 26 年度日本結晶学会年会及び総会, 2014/11/03, 国内.
102. 構造生物学ビームライン BL-17A の高度化計画, ポスター, 山田悠介, 富田文菜, 上條亜衣, 小山篤, 松垣直宏, 千田俊哉, 平成 26 年度日本結晶学会年会及び総会, 2014/11/03, 国内.
103. Photon Factory での創薬等支援技術基盤プラットフォーム事業による生体高分子 X 線小角散乱実験, ポスター, 西條慎也, 清水伸隆, 森丈晴, 大田浩正, 永谷康子, 高木秀彰, 上條亜衣, 小菅隆, 五十嵐教之, 平成 26 年度日本結晶学会年会及び総会, 2014/11/03, 国内.
104. data collection at synchrotron, 口頭, 松垣直宏, CCP4 Crystallography School and Workshop, 2014/11/04, 国内.
105. 構造解析の自動化と将来, 口頭, 千田俊哉, 平成 28 年度日本結晶学会年会, 2016/11/18, 国内
106. 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, 館野浩章, 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
107. GTP エネルギーを感知するキナーゼの同定と癌における役割, 口頭, 佐々木敦朗, 竹内恒, 壽美田一貴, Lo Yu-Hua, 千田美紀, 寺川純平, 大黒多希子, Lewis Cantley, 千田俊哉, 第 37 回日本分子生物学会年会, 2014/11/26, 国内
108. フォトンファクトリーの小角散乱ビームラインの高度化, 口頭, 清水伸隆, 研究会「分子システム研究における溶液散乱」, 2014/12/20, 国内.
109. PF 高輝度 XAFS/XRF/SAXS ビームライン BL-15A の現状, ポスター, 五十嵐教之, 仁谷浩明, 武市泰雄, 小山篤, 森丈晴, 上條亜衣, 大田浩正, 丹羽尉博, 阿部仁, 清水伸隆, 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, 2015/01/12, 国内.
110. PF 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, 上條亜衣, 小山篤, 富田文菜, 平木雅彦, 松垣直宏, 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, 2015/01/11, 国内.
111. 長波長放射光を利用したタンパク質結晶構造解析の展開, 口頭, 山田悠介, 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, 2015/01/11, 国内.
112. タンパク質結晶構造解析ビームラインにおける試料交換ロボットの現状, ポスター, 平木雅彦, 松垣直宏, 山田悠介, 富田文菜, 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, 2015/01/11, 国内.
113. ビーム安定性向上のための床補強工事とその評価, ポスター, 上條亜衣, 小山篤, 山田悠介, 富田文菜, 大田浩正, 松本利男, 五十嵐教之, 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, 2015/01/11, 国内.
114. 単結晶構造解析用ビームライン (BL2S1) の現状, ポスター, 永江峰幸, 山田悠介, 松垣直宏, 富田文菜, 田淵雅夫, 渡邊信久, 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, 2015/01/11, 国内.
115. 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
116. Photon Factory 1A Update, 口頭, Matsugaki N, 5th Winter School on Soft X-Rays in MX, 2015/03/02, 国外.
117. 創薬等支援技術基盤プラットフォーム, 口頭, 千田俊哉, WINTech, 2015/03/12, 国内
118. 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.
119. 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.
120. 創薬等支援技術基盤プラットフォーム事業による生体高分子 X線小角散乱, ポスター, 西條慎也, 清水伸隆, 森丈晴, 大田浩正, 永谷康子, 谷田部景子, 高木秀彰, 上條亜衣, 小菅隆, 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.
121. 新生タンパク質の品質管理に関する 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
122. 低エネルギー構造生物学ビームライン BL-1A 用試料交換システム PAM-HC, ポスター, 平木雅彦, 松垣直宏, 山田悠介, 富田文菜, 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.
123. *Streptomyces cremeus* における Cremeomycin 生合成に関する新規亜硝酸脱離酵素 CreG の X線結晶構造解析, 一般講演, 勝山洋平, 東山洋輔, 佐藤優花里, 菅井佳宣, 千田美紀, 千田俊哉, 大西康夫, 日本農芸化学会年次大会, 2015/3/27, 国内
124. 長波長 X線ビームライン PF/BL-1A 用試料交換システム PAM-HC の開発, 口頭, 平木雅彦, 山田悠介, 松垣直宏, 千田俊哉, 第16回高エネ研メカ・ワークショップ, 2015/04/10, 国内.
125. フォトンファクトリー蛋白質結晶構造解析ビームラインにおける試料交換ロボットの開発, ポスター, 平木雅彦, 松垣直宏, 山田悠介, 富田文菜, 千田俊哉, ロボティクス・メカトロニクス講演会 2015 in Kyoto, 2015/05/19, 国内.
126. Photon Factory における BioSAXS ビームラインの現状, ポスター, 西條慎也, 清水伸隆, 森丈晴, 大田浩正, 永谷康子, 谷田部景子, 高木秀彰, 上條亜衣, 小菅隆, 五十嵐教之, 第15回日本蛋白質科学会年会, 2015/06/26, 国内.
127. タンパク質結晶の質を効率良く改善するための結晶工学的処理の手法, 口頭発表, 千田美紀, 千田俊哉, 第15回日本蛋白質科学会年会, 2015/06/26
128. 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.
129. Newly designed double surface bimorph mirror for the BL-15A of the Photon Factory, ポスター, Igarashi N, Nitani H, Takeichi Y, Abe H, Kimura M, Mori T, Koyama A, Shimizu N, The 12th International Conference on Synchrotron Radiation Instrumentation (SRI 2015), 2015/07/07, 国外.
130. Software development for analysis of small-angle X-ray scattering data, ポスター, Shimizu N, Yatabe K, Nagatani Y, Saijyo S, Kosuge T, Igarashi N, The 12th International

- Conference on Synchrotron Radiation Instrumentation (SRI 2015), 2015/07/07, 国外.
131. BioSAXS を利用した相関構造解析と PF SAXS ビームライン, 口頭, 清水伸隆, 第 25 回 ERATO タンパク質関連情報交換会, 2015/07/22, 国内.
132. Recent update on the long-wavelength MX beamline BL-1A at the Photon Factory, ポスター, Matsugaki N, Liebschner DC, Yamada Y, Hiraki M, Senda M, Senda T, 2015 Annual Meeting of the American Crystallographic Association, 2015/07/27, 国外.
133. Large-scale purification and functional analyses of RNA polymerase II and general transcription factor TFIIF, ポスター発表, 安達成彦, 山口佑香, 千田俊哉, Cold Spring Harbor Laboratory Meeting: Mechanisms of eukaryotic transcription, 2015/08/26, 国外
134. Sulfur SAD phasing at the Photon Factory macromolecular crystallography beamlines in Japan, 口頭, Yamada Y, The 29th European Crystallographic Meeting (ECM29), 2015/08/27, 国外.
135. Current Status of Sample Exchange Robots at the Photon Factory Macromolecular Crystallography Beamlines, ポスター, Hiraki M, Yamada Y, Matsugaki N, Senda T, The 29th European Crystallographic Meeting (ECM29), 2015/8/26-27, 国外.
136. BioSAXS を活用したタンパク質複合体の相関構造解析, 口頭, 清水伸隆, 第 7 回生体分子相互作用解析フォーラムワークショップ, 2015/08/27, 国内.
137. 大学共同利用機関法人における社会実装～蛋白質結晶交換システムの実用化～, 口頭, 平木雅彦, 山田悠介, 松垣直宏, 千田俊哉, 第 33 回 日本ロボット学会 学術講演会, 2015/09/03, 国内.
138. New undulator saxs beamline bl-15a2 at the photon factory, ポスター, Igarashi N, Takagi H, Saijo S, Koyama A, Mori T, Shimizu N, 16th International Conference on Small-Angle Scattering (SAS2015), 2015/09/14, 国外.
139. New undulator saxs beamline bl-15a2 at the photon factory, 口頭, Igarashi N, 16th International Conference on Small-Angle Scattering (SAS2015), 2015/09/14, 国外.
140. Current Status of BioSAXS Experiment at the Photon Factory, ポスター, Shimizu N, Saijo S, Nagatani Y, Yatabe K, Mori T, Ohta H, Takagi H, Kosuge T, Igarashi N, 16th International Conference on Small-Angle Scattering (SAS2015), 2015/09/16, 国外.
141. Saxs studies on peptidyl arginine deiminase (pad) from human hair, ポスター, Saijo S, Nagai A, Mashimo R, Akimoto M, Shimizu N, Kizawa K, Takahara H, Unno M, 16th International Conference on Small-Angle Scattering (SAS2015), 2015/09/16 国外.
142. PF X 線小角散乱ビームラインの現状, ポスター, 五十嵐教之, 森丈晴, 西條慎也, 高木秀彰, 大田浩正, 谷田部景子, 永谷康子, 小菅隆, 清水伸隆, 平成 27 年度日本結晶学会年会及び総会, 2015/10/18, 国内.
143. 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.
144. PF における BioSAXS 測定システムの高度化, 口頭, 清水伸隆, 平成 27 年度日本結晶学会年会及び総会, 2015/10/18, 国内.
145. MR-SAD 法によるタンパク質-ペプチド複合体の迅速な X 線結晶構造解析, 口頭発表, 千田美紀,

- 千田俊哉, 結晶学会平成 27 年度年会, 2015/10/18, 国内
146. 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.
147. 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.
148. 構造生物学を活用した細胞内 GTP センサー同定, 口頭, 千田俊哉, 竹内恒, 羅羽華, 千田美紀, 壽美田一貴, 池田幸樹, 佐々木敦朗, BMB2015 (第 37 回日本分子生物学会年、第 88 回日本生化学会大会合同大会), 2015/12/3, 国内
149. 嫌気条件下で結晶化の成功率を高める手法, 口頭, 千田美紀, 千田俊哉、BMB2015, 2015/12/3, 国内
150. 集光/低発散ビーム用 Double-face Bimorph ミラーの開発, 口頭, 五十嵐教之, 仁谷浩明, 武市泰男, 丹羽尉博, 阿部仁, 木村正雄, 森丈晴, 永谷康子, 小菅隆, 松岡亜衣, 小山篤, 大田浩正, 清水伸隆 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, 2016/01/10, 国内.
151. 低エネルギー X 線に最適化した回折データ収集環境の開発, 口頭, 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.
152. 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.
153. 試料交換ロボット PAM-HC の安定化, ポスター, 平木雅彦, 松垣直宏, 山田悠介, 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.
154. Photon Factory の小角散乱ビームラインの現状, ポスター, 清水伸隆, 森丈晴, 大田浩正, 永谷康子, 高木秀彰, 西條慎也, 谷田部景子, 小菅隆, 五十嵐教之, 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, 2016/01/10, 国内.
155. ヒト Peptidylarginine Deiminase アイスフォームの X 線溶液散乱解析, ポスター, 西條慎也, 清水伸隆, 永井杏奈, 金城沙弥, 眞下隆太郎, 秋元恵, 木澤謙司, 高原英成, 海野昌喜, 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.
156. フェレドキシン還元酵素 BphA4 の酸化還元状態依存的な構造変化と親和性調節機構の解明, 口頭発表, 千田美紀, iBIX 研究会, 2016/1/27, 国内
157. MFS 型多剤排出トランスポーターの構造学的解析と創薬等支援技術基盤プラットフォームの仕組みを利用した研究の推進, 口頭発表, 田辺幹雄, 第 89 回日本薬理学会年会, 2016/03/11, 国内
158. 2 台の二次元検出器を用いた高角回折 X 線データ収集環境, ポスター, 松垣直宏, 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.
159. 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, 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, 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.



160. PF-AR NW12A における分光装置の開発, ポスター, 引田理英, 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.
161. Photon Factory における BioSAXS ビームラインの整備状況, ポスター, 西條慎也, 清水伸隆, 森丈晴, 大田浩正, 永谷康子, 谷田部景子, 高橋 正剛, 高木秀彰, 小菅隆, 五十嵐教之, 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.
162. 構造生物ビームライン試料交換システムの現状, ポスター, 平木雅彦, 山田悠介, 松垣直宏, 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.
163. KEK 放射光計画-ビームライン, 口頭, 五十嵐教之, 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, 2016/03/16, 国内.
164. ヘリウムチャンバーに対応した新試料交換システムの開発, 口頭, 平木雅彦, 山田悠介, 松垣直宏, 千田俊哉, 第 17 回高エネ研メカ・ワークショップ, 2016/04/15, 国内.
165. Current status of sample Exchange Robot in Photon Factory, 口頭, Hiraki M, 19th Canadian Light Source Annual User's Meeting (CLS AUM), 2016/5/2-3, 国外.
166. 出芽酵母からの超分子複合体の精製, 口頭発表, 安達成彦, 千田俊哉, 第 16 回日本蛋白質科学会年会, 2016/06/07, 国内
167. Photon Factory BioSAXS ビームラインの現状, ポスター, 西條慎也, 清水伸隆, 森丈晴, 大田浩正, 永谷康子, 谷田部景子, 高橋 正剛, 高木秀彰, 小菅隆, 五十嵐教之, 第 16 回蛋白質科学会年会, 2016/06/09, 国内
168. 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, 館野浩章, 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
169. 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
170. A novel carbohydrate binding domain of the POMGnT1 stem region modulates Omannosylation sites of alpha-dystroglycan, 口頭, Kuwabara N, Manya 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
171. 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.
172. Upgrade Program of Macromolecular Crystallography Beamlines at the Photon Factory, Japan, ポスター, Hikita M, Yamada Y, Matsugaki N, Hiraki M, Tomita-Sato A, Senda T, 2016 Annual Meeting of the American Crystallographic Association, 2016/07/23, 国外.
173. Improvement of protein crystal quality by multi-step soaking method, 口頭発表, 千田美紀, 林剛瑠, 畠山昌則, 竹内恒, 佐々木敦朗, 千田俊哉, American Crystallographic Association (ACA) 2016, 2016/07/25, 国外
174. Discovery of a GTP sensor with a structural reverse genetic approach, 口頭, Koh Takeuchi,

- Senda M, Atsuo T. Sasaki, Senda T, American Crystallographic Association Annual Meeting, 2016/07/26, 国外
175. 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.
176. 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.
177. 測定自動化の現在と未来, 口頭, 篠田晃, 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.
178. BioSAXSにおける最新測定解析, 口頭, 清水伸隆, 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」, 2016/08/02, 国内.
179. Native-SAD法をベースとした自動構造決定システム開発, 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」, 2016/08/02, 国内.
180. Discovery of a GTP sensor using a structural reverse genetic approach, 口頭, Senda T, Structural Biology 2016, 2016/08/22, 国外
181. A comprehensive strategy to obtain high quality crystals, 口頭発表, 千田美紀, 千田俊哉, Structural Biology 2016, 2016/08/22, 国外
182. Structure and function of the C-terminal ID region of onco-protein CagA, ポスター, Senda T, Structural Biology 2016, 2016/08/23, 国外
183. Upgrade of automated protein crystallization and imaging system, ポスター, Hiraki M, 12th International Conference on Biology and Synchrotron Radiation, 2016/08/23, 国外.
184. 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.
185. Native SAD data collection environment at the Photon Factory BL-1A, ポスター, Matsugaki N, Yamada Y, Liebschner DC, Harada A, Hiraki M, Senda M, Senda T, 30th European Crystallography Meeting, 2016/08/29, 国外.
186. 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, 赤坂・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
187. Cremeomycin 生合成において亜硝酸生産を担う酵素 CreD の X 線結晶構造解析, ポスター, 勝山洋平, 佐藤優花里, 東山洋輔, 菅井佳宣, 千田美紀, 千田俊哉, 大西康夫, 日本放線菌学会大会, 2016/9/9, 国内
188. Design and performance evaluation of the next generation beamlines at new KEK light source (KEK-LS), ポスター, Igarashi N, Mori T, Tanaka H, Uchida Y, Takeichi Y, Kikuchi T, Amemiya K, 9th edition of the Mechanical Engineering Design of Synchrotron Radiation Equipment and Instrumentation, 2016/09/14, 国外.
189. Uncovering ancient transcription systems with a novel evolutionary indicator, ポスター発表, 安達成彦, 千田俊哉, 堀越正美, Cold Spring Harbor Laboratory Meeting: Epigenetics & Chromatin, 2016/09/14, 国外
190. 超分子複合体の大量精製と立体構造解析に向けた試み, 口頭発表, 安達成彦, 相沢恭平, 山口

- 佑香, 千田俊哉, 第 89 回日本生化学会大会, 2016/09/25, 国内
191. The recent development of protein X-ray crystallography and Bio- SAXS beamlines at Photon Factory by Structural Biology Research Center, ポスター, 田辺幹雄, 湯本史明, 松垣直宏, 山田悠介, 清水伸隆, 五十嵐教之, 平木雅彦, 西條慎也, 引田理英, 安達成彦, 千田美紀, 川崎政人, 加藤龍一, 千田俊哉, PSDI2016 (24th Protein Structure Determination in Industry Conference), 2016/11/14, 国外
192. 自動測定とヒトに優しい未来, 口頭, 篠田晃, 2016 年度結晶学若手の会, 2016/11/16, 国内.
193. 溶液フリーマウント法の自動化, ポスター, 篠田晃, 渡邊信久, 加藤公児, 田中良和, 姚関, 田中勲, 日本結晶学会平成 28 年度年会および会員総会, 2016/11/17, 国内.
194. 高分解能 native SAD データ収集環境の開発, 口頭, 松垣直宏, 山田悠介, 原田彩佳, 平木雅彦, 千田美紀, 千田俊哉, 日本結晶学会平成 28 年度年会および会員総会, 2016/11/17, 国内.
195. X 線結晶構造解析を用いた創薬スクリーニングのための自動精密化および評価プログラムの開発, 口頭, 小祝孝太郎, 山田悠介, 諸橋香奈, 稲葉和恵, 湯本史明, 丹羽隆介, 千田俊哉, 日本結晶学会年会, 2016/11/17, 国内
196. マルチサブユニット複合体研究の出発点:大量精製と立体構造解析に向けた試み, 口頭発表, 安達成彦, 相沢恭平, 山口佑香, 千田俊哉, 第 39 回日本分子生物学会年会, 2016/11/30, 国内
197. 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, 館野浩章, 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 回日本生化学会合同大会), 2016/12/01, 国内
198. 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
199. 新生タンパク質の品質管理に関する 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
200. Native SAD Phasing with the X-ray Wavelength Longer than 3 Å, ポスター, Nohiro Matsugaki, Yamada Y, Liebschner D, Harada A, Hiraki M, Senda M, Senda T, 14th Conference of Asian Crystallographic Association (AsCA2016), 2016/12/05, 国外
201. 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
202. KEK 放射光計画におけるビームライン光学系の設計, ポスター, 五十嵐教之, 森丈晴, 田中宏和, 内田佳伯, 武市泰男, 菊地貴司, 雨宮健太, 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.
203. 低エネルギー X 線を用いたタンパク質 X 線結晶構造解析の現状, ポスター, 松垣直宏, 山田悠介, Liebschner Dorothee C, 原田彩佳, 平木雅彦, 千田美紀, 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
204. PF AR-NW12A における分光測定装置開発の現状, ポスター, 引田理英, 山田悠介, 松垣直宏, 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.

205. 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.
206. Photon Factory の小角散乱ビームラインの現状, ポスター, 清水伸隆, 高木秀彰, 西條慎也, 永谷康子, 森丈晴, 大田浩正, 米澤健人, 谷田部景子, 高橋正剛, 小菅隆, 五十嵐教之, 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.
207. Uncovering ancient transcription systems with a novel evolutionary indicator, 口頭発表, 安達成彦, JST-Bay Area Structural Biology Workshop, 2017/01/23, 国外
208. ビームライン技術の検討状況の紹介, 口頭, 五十嵐教之, 第 2 回 KEK 放射光ワークショップ, 2017/03/13, 国内.
209. 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
210. X 線結晶構造解析を用いた創薬スクリーニングのための自動精密化および評価プログラムの開発, ポスター, 小祝孝太郎, 山田悠介, 諸橋香奈, 稲葉和恵, 湯本史明, 丹羽隆介, 千田俊哉 2016 年度量子サイエンスフェスタ, 2017/03/14, 国内
211. 低エネルギータンパク質構造解析用ビームライン BL-1A の現状, ポスター, 松垣直宏, 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.
212. PF 小角散乱ビームラインの現状, ポスター, 清水伸隆, 高木秀彰, 西條慎也, 永谷康子, 森丈晴, 米澤健人, 太田浩正, 谷田部景子, 高橋正剛, 小菅隆, 五十嵐教之, 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.
213. The Software Development for Serial Bio-SAXS Data Analysis, ポスター, Yonezawa K, Takahashi M, Keiko Yatabe, Saijo S, Shimizu N, 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.
214. 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, 館野浩章, 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
215. The Software Development for Serial Bio-SAXS Data Analysis, ポスター, Yonezawa K, Takahashi M, Yatabe K, Saijo S, Shimizu N, 岡崎カンファレンス 2017 Grand challenges in Small angle Scattering, 2017/03/19, 国内.
216. 放射光小角 X 線散乱装置の概要および最新情報, 口頭, 清水伸隆, 日本化学学会第 97 回春季年会, 2017/03/19, 国内.
217. PF 小角散乱ビームラインにおける BioSAXS 測定解析, 口頭, 清水伸隆, 平成 28 年度第 2 回生物構造学研究会, 2017/03/29, 国内.

## 相関構造解析

## 大阪大学

1. Atomic model building from low resolution electron microscope images of integrin, ポスター, Matsumoto A, Iwasaki K, Takagi J, ポスター, Biophysical Society, 57<sup>th</sup> Annual Meeting, 2013/2/2-6, 国外
2. Superimposition of a crystal structure over EM images, ポスター, Matsumoto A, Takagi J, Iwasaki K, Structural Analysis of Supramolecular Assemblies by Hybrid Methods, KeyStone Symposia Conference, 2013/3/3-7, 国外
3. in vivo (in cell) crystal structural analysis using EM, ポスター&ポスター選出からの口頭発表, Iwasaki K, Miyazaki N, Iseki M, Hasegawa K, Narita A, Adachi S, Watanabe M, Structural Life Science, 7<sup>th</sup> International Conference on Structural Genomics (ICSG2013-SLS), 2013/7/29-8/1, 国外
4. Unpredictable Self-Assembly of an Artificial Capsid, ポスター, Malay AD, Iwasaki K, Brown Z, Heddle J, Stochastic Biology: from Cells to Populations, Institute of Scientific and Technology, 2014/5/5-7, 国外
5. A new protein cage architecture formed via gold cluster catalysis, ポスター, Malay AD, Iwasaki K, Brown Z, Heddle JG, The 28th Annual Symposium of The Protein Society, 2014/7/27-30, 国外
6. Building An Artificial Protein Capsid, ポスター, Malay AD, Iwasaki K, Brown Z, Heddle JG, Chem-Bio Informatics Society (CBI) Annual Meeting 2014, Tower Hall Funabori, Tokyo, 2014/10/28-30, 国外
7. Integrative modeling of macromolecular structure, 口頭, Iwasaki K, International Symposium on Structure and Folding of Disease Related Proteins -Bilateral Symposium between SNU and IPR, 2015/12/4-5, 国外.
8. From purified protein structures to in situ structures using EM, 口頭, Iwasaki K, Advanced Biological Electron Microscopy Symposium, 2016/9/23, 国外.
9. Cutting edge cryo-EM reaches atomic resolution in biological specimens, 口頭, Iwasaki K, BIO NANO 2016, 2016/11/22-23, 国外.
10. 分子分解能電顕イメージング, 口頭, 岩崎憲治, 第二回バイオイメージングセミナー, 2013/3/18, 国内.
11. 二次元 EM イメージングへの原子構造のフィッティング (Superimposition of a crystal structure over EM images), ポスター, 松本淳, 高木淳一, 岩崎憲治, 日本顕微鏡学会第 69 回学術講演会, 2013/5/20-22, 国内.
12. A new approach to build 3D atomic model from single electron microscope image, ポスター, 松本淳, 高木淳一, 岩崎憲治, 第 51 回日本生物物理学会年会, 2013/10/28-30, 国内.
13. 電顕イメージングを主軸とした相関解析技術の開発と応用 /創薬等支援のためのタンパク質立体構造解析総合技術基盤プラットフォームによる支援と高度化, 口頭, 岩崎憲治, 松本淳, 創薬等支援技術基盤プラットフォーム平成 25 年度例会, 2013/12/7-9, 国内.
14. 結晶構造と電子顕微鏡解析を組み合わせた構造解析の実際, 口頭, 岩崎憲治, 蛋白研セミナー「結晶構造を併用したハイブリッド構造解析の最前線」, 2014/2/7, 国内.
15. クライオ電子顕微鏡を用いた高分解能構造解析と創薬への応用, 口頭, 岩崎憲治, 創薬コンソ

- ーシウム：蛋白研交流会および見学会，2014/3/24，国内。
16. ハイブリッドアプローチによる電顕画像からの情報抽出，口頭，松本淳，塚崎克和，宮崎直幸，竹市雅俊，岩崎憲治，日本顕微鏡学会第70回記念学術講演会，2014/5/11-13，国内。
  17. Atomic model building from low resolution electron microscopy images, Matsumoto A, Takagi J, Iwasaki K, 14th Annual Meeting of the Protein Science Society of Japan, 2014/6/25-27, 国内
  18. 電子顕微鏡画像からの原子モデル構造の構築，口頭，松本淳，高木淳一，岩崎憲治，第14回日本蛋白質科学会年会，2014/6/25-27，国内。
  19. 電顕イメージングを主軸とした相関解析技術の開発と応用，ポスター，岩崎憲治，松本淳，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，東京，2014/8/27，国内。
  20. 2D hybrid analysis: A new approach to build 3D atomic model from 2D EM image, ポスター，Atsushi Matsumoto, Takagi J, Iwasaki K, 第52回日本生物物理学会年会，2014/9/25-27，国内
  21. 分子構造情報を得るための電顕イメージング法 EM imaging to get molecular and structural information, 口頭，岩崎憲治，第87回日本生化学会大会，2014/10/15-18，国内
  22. クライオ電顕を用いた「その場観察」による生体分子の3D構造イメージング，口頭，岩崎憲治，KRI ワークショップ 5, 2014/10/24，国内。
  23. 電子顕微鏡イメージング法：細胞から分子まで，口頭，岩崎憲治，物構研コロキウム，2014/11/6，国内。
  24. 電顕イメージングを主軸とした相関解析技術の開発と応用，口頭，岩崎憲治，松本淳，創薬等支援技術基盤プラットフォーム平成26年度例会，2014/11/10-12，国内。
  25. An approach to integrative structure determination, 口頭，岩崎憲治，メンブレンダイナミクス研究グループ15周年記念シンポジウム，2014/12/6，国内。
  26. 2D hybrid analysis: A new approach to build 3D atomic model from 2D EM image, Atsushi Matsumoto, 大阪大学蛋白質研究所セミナー，2015/3/6，国内
  27. 高分解能電顕イメージング法，口頭，岩崎憲治，第29回日本医学会総会，2015/4/11-13，国内。
  28. 電顕イメージング法の最先端，口頭，岩崎憲治，東工大資源研セミナー，2015/7/23，国内。
  29. 2D hybrid analysis: An approach to build 3D atomic model from 2D EM image, Atsushi Matsumoto, 53rd Annual meeting of biophysical society of Japan, 2015/9/13-15，国内
  30. A hybrid approach of EM, X-ray crystallography and computational biology, 口頭，岩崎憲治，The wwPDB Symposium, Integrative Structural Biology with Hybrid Methods, 2015/10/8，国内。
  31. 最先端クライオ電子顕微鏡とハイブリッドアプローチ，口頭，岩崎憲治，創薬コンソーシアム第9回分野別研究会，2015/10/13，国内。
  32. X線と電顕との融合，口頭，岩崎憲治，松本淳，平成27年度日本結晶学会年会，2015/10/17-18，国内。
  33. A 2D hybrid method for conformational analysis of flexible proteins, 口頭，岩崎憲治，BBSRC/JSPS Bilateral Collaboration Program between UK and Japan: “Integrative Structural Biology for Protein Science” Inaugural meeting, 2015/11/2-4，国内。
  34. Integrative Modeling of Macromolecular Structures. 口頭，岩崎憲治，Young Scientists

- Satellite Meeting in EAMC2, 2015/11/27-28, 国内.
35. 電顕イメージングを主軸とした相関解析技術の開発と応用, 口頭, 岩崎憲治, 松本淳, 創薬等支援技術基盤プラットフォーム平成 27 年度例会, 2015/12/22-24, 国内.
  36. 電顕による Integrative Modeling, 口頭, 岩崎憲治, 第 370 回 CBI 学会研究講演会 2016/3/3, 国内.
  37. 電顕イメージングと計算機シミュレーションによる 2D ハイブリッド解析, 口頭, 岩崎憲治, 平成 27 年度第 2 回生物構造学研究会, 2016/3/10, 国内.
  38. 細胞内分子構造から、細胞外蛋白質の構造まで, 口頭, 岩崎憲治, 宮崎直幸, 松本淳, 第 16 回日本蛋白質学会年会, 2016/6/7-9, 国内.
  39. 創薬等支援技術基盤プラットフォームにおける電子顕微鏡の活動, 口頭, 岩崎憲治, 宮崎直幸, 松本淳, 日本顕微鏡学会第 72 回学術講演会, 2016/6/14-16, 国内.
  40. Large protein dynamics revealed by EM, X-ray and computer simulation, 口頭, 岩崎憲治, The Second Trilateral Workshop for Frontier Protein Studies 2016, 2016/6/24-26, 国内.
  41. 阪大・蛋白研の電子顕微鏡の現状, 口頭, 岩崎憲治, 創薬産業構造解析コンソーシアム主催 Cryo 電子顕微鏡利用に関する意見交換会, 2016/7/13, 国内.
  42. クライオ EM (1) ~新時代: 単粒子解析法による生体分子構造解明~, 口頭, 岩崎憲治, JST-CRDS ライフサイエンス・臨床医学分野 俯瞰ワークショップ「創薬加速技術【標的探索~構造解析~評価】戦略検討会」, 2016/7/23, 国内.
  43. 最先端高分解能電子顕微鏡~現状と創薬研究への応用~, 口頭, 岩崎憲治, 小野薬品工業株式会社, 2016/7/5, 国内.
  44. ダイナミカルな分子の構造を解明する:電顕,X線結晶構造解析,計算機シミュレーション, 口頭, 岩崎憲治, 川口敦史, 松本淳, 第 89 回日本生化学会大会, 2016/9/25-27, 国内.
  45. ハイブリッド解析法による電顕データからの構造構築, 口頭, 岩崎憲治, CBI 学会 2016 年大会, 2016/10/25-27, 国内.
  46. 創薬等支援技術基盤プラットフォームにおけるクライオ電子顕微鏡の導入, 口頭, 岩崎憲治, 理研シンポジウム“クライオ電子顕微鏡が拓く未来~構造生物学研究のパラダイムシフト~, 2016/11/8, 国内.
  47. 2D ハイブリッド解析による電子顕微鏡平均画像の成分解析 (Component analysis of averaged EM images by 2D hybrid analysis), 口頭, 松本淳, 高木淳一, 川口敦史, 岩崎憲治, 第 54 回日本生物物理年会, 2016/11/25-27, 国内.
  48. Cryo-electron microscopy single particle analysis at near atomic resolution, 口頭, 宮崎直幸, 岩崎憲治, 第 54 回日本生物物理年会, 2016/11/25-27, 国内.
  49. クライオ電子顕微鏡の現状と今後, 口頭, 岩崎憲治, 構造生命領域 CREST・さきがけ合同会議, 2016/12/14, 国内.
  50. クライオ電子顕微鏡の現状および今後の課題等について, 口頭, 岩崎憲治, 武田薬品工業, 2017/1/30, 国内
  51. 阪大・蛋白質研究所における電顕解析, 口頭, 岩崎憲治, プロテイン・モール関西第 23 回情報交流セミナー, 2017/2/24, 国内
  52. 実用化された最新クライオ電顕技術 ~創薬への応用~, 口頭, 岩崎憲治, 第 11 回関西ライフサイエンス・リーディングサイエンティストセミナー, 2017/3/9, 国内.

53. 最先端クライオ電子顕微鏡による近原子分解能構造解析, 口頭, 岩崎憲治, 日本薬学会第 137 年会, 2017/3/24-27, 国内

#### 兵庫県立大学

1. 電子線結晶学による胃プロトンポンプの立体構造解析, 招待講演, 日本生体エネルギー研究会 第 38 回討論会, 阿部一啓, 2012/12/22 国内
2. Capturing rotary states of the V-type ATPase via 3D Cryo Electron Microscopy, ポスター, Hauer F, Stark H, Gerle C, Nagoya Symposium, 2013/01/22 国内
3. Unique properties and conserved conformational changes found in gastric H<sup>+</sup>,K<sup>+</sup>-ATPase. ポスター, Abe K, Tani, K, Fujiyoshi Y, Nagoya Symposium, 2013/01/22 国内
4. Progress and challenges in the two-dimensional crystallization of intact bovine F-ATP synthase. ポスター, Gerle C, Jiko C, Maeda S, Tani K, Davies K, Kühlbrant W, Yamamoto M, Maeda K, Shinzawa-Ito K, Yoshikawa S, Fujiyoshi Y. Nagoya Symposium, 2013/01/22, 国内
5. Morphology and permeability of recombinant *C. elegans* innexin-6 gap junction channels. ポスター, Oshima A, Matsuzawa T, Nishikawa K, Fujiyoshi Y, Nagoya Symposium, 2013/1/22, 国内
6. Isolation of connexin43 gap junction channels from tetracycline induced Hela cells, ポスター, Matsuzawa T, Fujiyoshi Y, Oshima A, Nagoya Symposium, 2013/1/22, 国内
7. Cryo-EM structures of gastric proton pump, 招待講演, Abe K, FAOBMB Mini symposium, 2013/04/06 国内
8. Structural study of *C. elegans* innexin-6 gap junction channels, 招待講演, Oshima A, Matsuzawa T, Nishikawa K, Fujiyoshi Y, International Gap Junction Conference, 2013/6/13-18, 国外
9. 胃プロトンポンプの生化学と電子線結晶構造解析, 口頭, 阿部一啓, 日本生化学会平成 25 年度奨励賞受賞講演, 2013/9/11, 国内
10. Biochemical and Electron crystallographic Studies of Gastric Proton Pump, 口頭, Abe K, The 86th Annual Meeting of the Japanese Biochemical Society, 2013/9/13, 国内
11. 電子顕微鏡のイメージから膜タンパク質の立体構造を再構成する, 招待講演, 阿部一啓, 第 23 回分析化学講習会 愛知地区講演会, 2013/10/25, 国内
12. Highly stable tubes of bovine mitochondrial F-ATP synthase suitable for electron cryo tomography, ポスター, Gerle C, Jiko, C, Maeda S, Davies K, Kühlbrandt W, Fujiyoshi Y, Shinzawa-Ito K, Yoshikawa S, The 51st Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2013/10/28-30, 国内
13. 胃プロトンポンプの極低温電子顕微鏡による構造解析, 招待講演, 阿部一啓, 大阪大学タンパク質研究所セミナー, 第 4 回神経科学と構造生物学の融合研究会, 2013/11/20, 国内
14. Structural analysis of *C. elegans* innexin-6 gap junction channels by electron microscopy, ポスター, 松澤朋寛, 村田和義, 西川幸希, 藤吉好則, 大嶋篤典, 電子顕微鏡による線虫イネキシン 6 ギャップ結合チャネルの構造研究, 第 51 回日本生物物理学会年会, 2013/10/28-30, 国内
15. 線虫 innexin-6 ギャップ結合チャネルの多量体構造, 招待講演, 大嶋篤典, 松澤朋寛, 村田和義, 西川幸希, 藤吉好則, 第 36 回日本分子生物学会年会, 2013/12/3, 国内



16. Structure of the bovine heart F1Fo-ATP synthase determined by sub-tomogram averaging of 2D crystals, 口頭, Gerle C, 70th annual meeting of the Japanese Society of Microscopy, 2014/05/11, 国内
17. 電子顕微鏡によるイネキシングャップ結合チャネルの構造研究, 招待講演, 大嶋篤典, 松澤朋寛, 村田和義, 西川幸希, 藤吉好則, 日本顕微鏡学会第 70 回記念学術講演会, 2014/05/11-13, 国内
18. 阿部一啓, 招待講演, 胃プロトンポンプの構造生理学, 第 9 回トランスポーター研究会, 2014/06/14, 国内
19. Oligomeric form and function of *C. elegans* innexin-6 gap junction channels, 招待講演, Oshima A, Matsuzawa T, Murata K, Nishikawa K, Fujiyoshi Y, the 23rd International Union of Crystallography (IUCr) Congress and General Assembly, 2014/8/5-12, 国外
20. Structure of the bovine heart F1Fo-ATP synthase determined by sub-tomogram averaging of 2D crystals, 口頭, Gerle C, 18th Congress of the International Union for Pure and Applied Biophysics (IUPAB), 2014/08/14, 国外
21. Structural and biochemical analysis of gastric H<sup>+</sup>,K<sup>+</sup>-ATPase in E2P-analogue conformations, 招待講演, Abe K, ASBMB Special Symposia 14th International ATPase Conference, 2014/8/30-9/5, 国外
22. Electron microscopy of *C. elegans* innexin-6 gap junction channels indicates the characteristic subunit organization, 招待講演, Oshima A, Matsuzawa T, Murata K, Nishikawa K, Fujiyoshi Y, 第 52 回日本生物物理学会年会, 2014/9/25-27, 国内
23. Electron crystallographic analysis of gastric proton pump, 招待講演, Abe K, JEM Next-Generation Microscopic Science, 2014/11/3-4, 国内
24. 電子顕微鏡で見るギャップ結合チャネルの構造と多様性, 招待講演, 大嶋篤典, 生理研研究会, 「電子顕微鏡機能イメージングの医学・生物学への応用」, 2014/11/12-13, 国内
25. 胃プロトンポンプ H<sup>+</sup>,K<sup>+</sup>-ATPase の構造生理学, 招待講演, 阿部一啓, 九州地区生理薬理系研究会, 2014/12/9, 国内
26. Bovine F1Fo ATP synthase monomers bend the lipid bilayer in 2D membrane crystals, 口頭, Gerle C, 日本生体エネルギー研究会第 40 回討論会, 2014/12/11, 国内
27. 胃 H<sup>+</sup>,K<sup>+</sup>-ATPase の E2P 遷移状態におけるコンフォメーションの体系的な比較から明らかになったゲーティングメカニズム, 口頭, 阿部一啓, 谷一寿, 藤吉好則, 日本生体エネルギー研究会, 2014/12/11-13, 国内
28. Electron Microscopic Studies of Invertebrate Gap Junction Channels, 招待講演, Oshima A, Matsuzawa T, Murata K, Nishikawa K, Tani K, Fujiyoshi Y, IGER International Symposium on Frontiers in Biological Research with Advanced Electron Microscope, 2015/1/15-16, 国内
29. Structure and diversity of gap junction channels studied by electron microscopy, Oshima A, 第 120 回日本解剖学会総会・全国学術集会・第 92 回日本生理学会大会合同大会, 2015/3/21-23, 国内
30. GraDeR: membrane protein complex preparation for single particle cryo-EM, ポスター, Gerle C, Hauer F, Fischer N, Oshima A, Shinzawa-Itoh K, Shimada S, Yokoyama K., Fujiyoshi Y, Stark H, , 3DEM Gordon Research Conference, 2015/6/21, 国外
31. Novel sample preparation for cryo-EM: in silico & in aqua, Gerle C, 招待講演, Young

- Scientists Satellite Meeting - Toward Next Generation of Microscopic Sciences - in The 2nd East-Asia Microscopy Conference, 2015/11/27, 国内
32. In & Out of the Membrane: EM structure of the mammalian FoF1 ATP synthase, 口頭, Gerle C, Cold Spring Harbor Asia conference on Mitochondria, 2015/10/16, 国外
  33. Looking at "bad" 2D crystals can be good, 口頭, Gerle C, Seminar Talk, LMB, Cambridge, UK, 2015/07/03, 国外
  34. GraDeR: membrane protein complex preparation for single particle cryo-EM, 口頭, Gerle C, 71st annual meeting of the Japanese Society of Microscopy, 2015/05/13, 国内
  35. Technical advances in cryo-EM of rotary ATPases, 招待講演, Gerle C, Annual Meeting of the Flagellar Society, 2015/03/01, 国内
  36. Electron crystallographic and mutational analysis of acid suppressant-bound gastric proton pump, 口頭, Abe K, 日本顕微鏡学会第 71 回学術講演会, 2015/05/13-15, 国内
  37. Initial 3D reconstruction of innexin gap junction channels by electron crystallography, ポスター, Oshima A, Matsuzawa M, Murata K, Tani K, Fujiyoshi Y, 日本顕微鏡学会第 71 回学術講演会, 2015/5/13-15, 国内
  38. Structural physiology of gastric proton pump. Denmark-Japan Joint Workshop on Ion Transport Proteins, 招待講演, Abe K, 2015/9/13-15, 国内
  39. Antagonist-bound structures of gastric proton pump, 招待講演, Abe K, 第 53 回日本生物物理学会年会, 2015/9/13-15, 国内
  40. Mutational analysis of acid suppressant binding site of gastric proton pump based on its structural model. ポスター, Abe K, Tani K, Naito M., Shimokawa J., Fujiyoshi Y, 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), 2015/12/1-4, 国内
  41. Three dimensional structure of *C. elegans* innexin gap junction channels, 招待講演, Oshima A, Matsuzawa M, Murata K, Tani K, Fujiyoshi Y, 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), 2015/12/1-4, 国内
  42. 胃 H<sup>+</sup>,K<sup>+</sup>-ATPase の胃酸抑制剤結合状態についての考察, 口頭, 阿部一啓, 日本生体エネルギー研究会第 4 1 回討論会, 2015/12/21-23, 国内
  43. Looking at a cellular machine in & out of the membrane: cryo-EM of the mammalian FoF1 ATP synthase, 招待講演, Gerle C, IPR Seminar 'Introduction and overview of cryo-electron microscopy', 2016/02/19, 国内
  44. CryoEM of the mammalian F-ATP synthase: possible implications for the mitochondrial permeability transition pore, 招待講演, Gerle C, Departmental seminar, 2016/05/09, 国外
  45. 電子線結晶学と機能解析に基づいた胃プロトンポンプの構造生理学, 阿部一啓, 招待講演, 大阪大学蛋白質研究所セミナー『膜タンパク質のダイナミクス』, 2016/5/12-13, 国内
  46. Electron crystallography of tomographic volumes, ポスター, Tani K, Davies K, Jiko C, Maeda S, Shinzawa-Itoh K, Mills D, Tsukihara T, Fujiyoshi Y, Kühlbrandt W, Gerle C, 3DEM Gordon Research Conference, 2016/6/21, 国外
  47. Membrane bending and more: cryoEM of the mammalian F-ATP synthase, Mitochondrial bASiCs: ATP, 招待講演, Gerle C, Signaling and Calcium symposium, 2016/07/01, 国外
  48. On the structural possibility of pore forming mitochondrial FoF1 ATP synthase, 招待講演,

- Gerle C, EBEC 2016, 2016/07/02-07, 国外
49. 胃プロトンポンプの構造生理学, 招待講演, 阿部一啓, 千里ライフサイエンスセミナーK 2 トランスポーターと創薬, 2016/7/6, 国内
  50. 胃プロトンポンプの胃酸抑制剤結合構造と変異体および類縁化合物を用いた結合状態の解析, 招待講演, 阿部一啓, 第 89 回日本生化学会大会, 2016/9/25-27, 国内
  51. ギャップ結合チャネルの多様な構造と機能, 招待講演, 大嶋篤典, 第 89 回日本生化学会大会 2016/9/25-27, 国内
  52. クライオ電子顕微鏡による Innexin-6 ギャップ結合チャネルの原子分解能構造, 招待講演, 大嶋篤典, 日本顕微鏡学会関西支部特別講演会, 2016/10/29, 国内
  53. GraDeR: membrane protein preparation for single particle cryo-EM & more, ポスター, Gerle C, Hauer F, Fischer N, Shinzawa-Itoh K, Shimada S, Yokoyama K, Oshima K, Fujiyoshi Y, Stark H, The 54th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2016/11/25-27, 国内
  54. Binding model of the acid suppressant to the gastric proton pump, Japan Biophysical Society meeting, 招待講演, Abe K, 2016/11/25-27, 国内
  55. In & out of the membrane: cryoEM of bovine FoF1 ATP synthase, 口頭発表, Gerle C, Minisymposium on Structure-Based Bioenergetics, 2016/12/1, 国内
  56. クライオ電子顕微鏡による膜タンパク質の高分解能単粒子解析, 招待講演, 大嶋篤典, 第 3 回名古屋大学-ラクオリア創薬 創薬シンポジウム, 2016/12/8, 国内
  57. Cryo-EM Hands-on, 口頭, 大嶋篤典, Workshop, 2017/2/23-24, 国内
  58. ギャップ結合チャネルの構造と cryo-EM サンプル調製法, 招待講演, 大嶋篤典, 日本学術振興会構造生物 169 委員会 第 52 回研究会, 2017/3/6, 国内
  59. クライオ電子顕微鏡を用いた INX-6 ギャップ結合チャネルの原子分解能単粒子解析, 招待講演, 大嶋篤典, 谷一寿, 藤吉好則, 日本薬学会第 137 回年会, 2017/3/24-27, 国内

#### 横浜市立大学

1. What happens on the histone multimers in the gas phase?, 口頭, Saikusa K, Fuchigami S, Takahashi K, Asano Y, Nagadoi A, Tachiwana H, Kurumizaka H, Ikeguchi M, Nishimura Y, Akashi S, 19th International Conference on Mass Spectrometry, 2012/9/16-21.
2. Characterization of histone multimers in the gas phase by ion mobility mass spectrometry and molecular dynamics simulation, ポスター, Saikusa K, Fuchigami S, Takahashi K, Asano Y, Nagadoi A, Tachiwana H, Kurumizaka H, Ikeguchi M, Nishimura Y, Akashi S, 第 50 回日本生物物理学会年会, 2012/9/22-24, 国内.
3. 質量分析を用いたヌクレオソームのアセチル化に伴う構造変化の解析, ポスター, 畔上奈々子, 七種和美, 神蔵祐典, 戸所泰人, 立和名博昭, 長土居有隆, 胡桃坂仁志, 西村善文, 明石知子, 第 85 回日本生化学会大会, 2012/12/14-16, 国内.
4. IDP structures of chromatin-related proteins, 口頭, 西村善文, International Symposium on Intrinsically Disordered Proteins, 2013/1/23-24, 国内.
5. NMR によるエピゲノム関連タンパク質の機能解析, 口頭, 西村善文, よこはま NMR 構造生物学研究会第 46 回ワークショップ, 2013/3/22, 国内.

6. Structure of histone H2A/H2B dimer analyzed by ion mobility mass spectrometry and molecular dynamics simulation, ポスター, Saikusa K, Fuchigami S, Asano Y, Nagadoi A, Tachiwana H, Kurumizaka H, Ikeguchi M, Nishimura Y, Akashi S, The 61st ASMS Conference on Mass Spectrometry and Allied Topics, 2013/6/9-13, 国外.
7. 構造解析用核内タンパク質等の生産と評価および相関構造解析法のための NMR 相互作用による創薬基盤技術の開発, 口頭, 西村善文, よこはま NMR 構造生物学研究会第 47 回ワークショップ「創薬等プラットフォーム」, 2013/7/3, 国内.
8. Structural epigenetics on heterochromatin-related proteins, osium on the Structure and Folding of Disease Related Proteins, 口頭, Nishimura Y, 2013/7/4-7, 国外.
9. 核内天然変性タンパク質の NMR による構造解析, 口頭, 西村善文, 天然変性タンパク質の分子認識機構と機能発現 第 4 回領域会議, 2013/9/3-5, 国内.
10. 横浜市大における先端 NMR 共用施設の高度化と拡充, 口頭, 西村善文, よこはま NMR 構造生物学研究会セミナー「NMR 共用プラットフォーム」, 2013/9/9, 国内.
11. イオンモビリティ質量分析と分子動力学シミュレーションを用いたヒストン多量体の構造解析, 口頭, 七種和美, 瀧上壮太郎, 浅野裕輝, 高橋恭平, 長土居有隆, 立和名博昭, 胡桃坂仁志, 池口満徳, 西村善文, 明石知子, 第 61 回質量分析総合討論会, 2013/9/10-12, 国内.
12. スクレオソームコアの再構成生成物の質量分析, ポスター 第 61 回質量分析総合討論会, ポスター, 畔上奈々子, 七種和美, 戸所泰人, 長土居有隆, 胡桃坂仁志, 西村善文, 明石知子, 2013/9/10-12, 国内.
13. NMR for Drug Discovery, 口頭, 高橋栄夫, RRR Workshop 2014, 2014/2/2, 国内.
14. ヒストン H2A/H2B 二量体の気相中における構造多様性の要因, 口頭, 七種和美, 長土居有隆, 原佳那, 瀧上壮太郎, 胡桃坂仁志, 西村善文, 明石知子, 第 62 回質量分析総合討論会, 2014/5/14-16, 国内.
15. NMR によるタンパク質被認識部位の同定法, 口頭, 高橋栄夫, 日本蛋白質科学会 第 1 回蛋白質工学研究会ワークショップ, 2014/5/24, 国内.
16. Drug Discovery and Design by NMR, 口頭, 高橋栄夫, よこはま NMR 研究会 第 50 回記念公開ワークショップ, 2014/7/9, 国内.
17. 緩和現象を活用した NMR 相互作用解析技術, 口頭, 高橋栄夫, 第 15 回若手 NMR 研究会, 2014/7/12, 国内.
18. Native Mass Spectrometry of Reconstituted Human Nucleosome Core Particle, ポスター, Akashi S, Azegami N, Saikusa K, Todokoro Y, Nagadoi A, Kurumizaka H, Nishimura Y, 20th International Conference on Mass Spectrometry, 2014/8/24-28, 国外.
19. Behavior of the disordered tail regions of the histone H2A/H2B dimer, ポスター, Saikusa K, Nagadoi A, Hara K, Fuchigami S, Kurumizaka H, Nishimura Y and Akashi S, 20th International Conference on Mass Spectrometry, 2014/8/24-28, 国外.
20. テイル欠損したスクレオソームの調製と修飾による構造変化の解析, ポスター, 前澤拓也, 七種和美, 長土居有隆, 胡桃坂仁志, 西村善文, 明石知子, 第 87 回日本生化学会大会, 2014/10/15-18, 国内.
21. 高難度タンパク質の NMR 解析に向けた酵母発現系の活用, 口頭, 高橋栄夫, 大浪真由美, 杉木俊彦, 坂倉正義, 竹内恒, 嶋田一夫, 第 53 回 NMR 討論会, 2014/11/4, 国内.

22. An NMR-based approach to improve a small-molecule inhibitor, 口頭, Takahashi H, IPR seminar: International NMR Symposium on Pharmaceutical NMR, 2014/12/20, 国内.
23. 創薬と NMR と計算科学, 口頭, 高橋栄夫, 第 358 回 CBI 学会講演会 バイオ NMR 創薬活用への新展開, 2015/1/14, 国内.
24. タンパク質複合体中の天然変性領域の振る舞い, 口頭, 七種和美, 足立風水也, 越阪部晃永, 前澤拓也, 西村善文, 胡桃坂仁志, 明石知子, 第 63 回質量分析総合討論会, 2015/6/17-19. 国内.
25. An NMR approach to improve a small-molecule inhibitor, 口頭, Takahashi H, The 4th International Symposium on Drug Discovery and Design by NMR, 2015/2/5, 国内.
26. 創薬研究における NMR の活用, 口頭, 高橋栄夫, 第 33 回メディシナルケミストリーシンポジウム, 2015/11/27, 国内.
27. NMR を用いた脂質二重膜中におけるヒト膜タンパク質の解析, ポスター, 坂倉正義, 真嶋健大, 藤井萌, 太田修平, 小池賢一郎, 高橋栄夫, 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, 2015/12/1, 国内.
28. NMR 構造解析を指向した酵母発現系による安定同位体標識ヒト膜タンパク質試料の調製, ポスター, 鈴木里佳, 坂倉正義, 太田修平, 伏見威俊, 高橋栄夫, 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, 2015/12/2, 国内.
29. NMR approach for biomedical application, 口頭, Takahashi H, Pacificchem 2015: Biomolecular Structure and Dynamics: Recent Advances in NMR, 2015/12/18, 国外.
30. NMR analysis of ligand-induced structural changes to identify key structures of ligand molecules, Takahashi H, ポスター, Pacificchem 2015: Molecular Function of Natural Products: Advances towards Chemical Biology, 2015/12/17, 国外.
31. NMR を用いた脂質二重膜中におけるヒト膜タンパク質 C99 の解析, ポスター, 真嶋健大, 坂倉正義, 藤井萌, 三尾和弘, 高橋栄夫, 日本薬学会第 136 年会, 2016/3/28, 国内.
32. NMR を用いた相同組換え反応の補助因子 Sfr1 とリコンビナーゼ Rad51 の相互作用解析, ポスター, 栗原美里, 坂倉正義, 真木孝尚, 村山泰斗, 岩崎博史, 高橋栄夫, 日本薬学会第 136 年会, 2016/3/28, 国内.
33. NMR Analyses of Human Transmembrane Protein C99 in Lipid Bilayers, Sakakura M, Mashima T, Fujii M, Mio K, Sanders CR, Takahashi H, ポスター, The XXVIIth International Conference on on Magnetic Resonance in Biological Systems, 2016/8/21-26, 国内.
34. Methyl-Selective Isotope Labeling Strategy Using the Yeast *Pichia pastoris*, Suzuki R, Sakakura M, and Takahashi H, ポスター, The XXVIIth International Conference on on Magnetic Resonance in Biological Systems, 2016/8/25, 国内.
35. NMR Study of the Isolated Histone H2A-H2B Heterodimer, ポスター, Ohtomo H, Moriwaki Y, Yamane T, Ikeguchi M, Kurita J, Sato M, Nagadoi A, Shimojo H, Nishimura Y, The XXVIIth International Conference on on Magnetic Resonance in Biological Systems, 2016/8/21-26, 国内.
36. NMR Study on the Interaction between the Tumor Suppressor p53 and the General Transcription Factor TFIID, ポスター, Okuda M, Nishimura Y, The XXVIIth International Conference on on Magnetic Resonance in Biological Systems, 2016/8/21-26, 国内.

37. Isotope labeling strategies for the study of large proteins using yeast expression systems, 口頭, Takahashi H, The 5th International Symposium of Drug Discovery and Design, 2016/8/30, 国内.
38. NMRによる分子間相互作用解析 Screening and beyond, 口頭, 高橋栄夫, 平成28年度日本分光学会NMR分光部会集中講義 生体高分子あるいは薬剤を題材として分子間相互作用解析, 2016/9/14, 国内.
39. 蛋白質選択的飽和によるタンパク質-リガンド相互作用観測の試み, ポスター, 栗田順一, 平尾優佳, 西村善文, 第55回NMR討論会, 2016/11/16-18, 国内
40. NMRを用いた相同組換え反応の補助因子 Sfr1 とリコンビナーゼ Rad51 の相互作用解析, ポスター, 栗原美里, 坂倉正義, 真木孝尚, 村山泰斗, 岩崎博史, 高橋栄夫, 第39回 日本分子生物学会, 2016/11/31, 国内.
41. アセチル化に伴うヌクレオソームの構造変化の解析, 口頭, 七種和美, 新屋大貴, 加藤大貴, 畔上奈々子, 長土居有隆, 泉俊輔, 西村善文, 胡桃坂仁志, 明石知子, 日本化学会第 97 春季年会, 2017/3/16-19, 国内.

## 名古屋大学

1. Mechanism of the multimodal regulation of Fungal TRP channel, ポスター, Ihara M, Hamamoto S, Miyanoiri Y, Takeda M, Kainosho M, Yabe I, Yamashita A, Nagoya Symposium Frontiers in Structural Physiology, 2013/1/22-24, 国内.
2. I型AAA-ATPaseのN末端ドメインに存在するCa<sup>2+</sup>結合部位の機能比較, ポスター, 岩谷奈央子, 合田名都子, 高須博敏, 白川昌宏, 田中俊樹, 濱田大三, 廣明秀一, 日本薬学会第133年会, 2013/3/29, 国内.
3. 家族性ALSに関与するOptineurin ZnFドメインの構造・機能解析, 天野剛志, 口頭, 市川大哉, 池上貴久, 廣明秀一, 日本薬学会第133年会, 2013/3/29, 国内.
4. IDEAL: the collection and visualization of knowledge regarding intrinsically disordered proteins verified by experiments, ポスター, Amemiya T, Sakamoto S, Nobe Y, Murakami S, Kado Y, Hosoda K, Koike R, Hiroaki H, Ota M, Fukuchi S, The 2nd International Symposium on Intrinsically Disordered Proteins, 2013/1/24, 国内.
5. Preparation of IDPs using auto-cleavage protease fusion protein, ポスター, Goda N, Tenno T, Ishino S, Ishino Y, Hiroaki H, The 2nd International Symposium on Intrinsically Disordered Proteins, 2013/1/24, 国内.
6. Structural and functional analyses of LNX1PDZ2 that regulates intercellular adhesion machinery, ポスター, Nakakura Y, Akiyoshi Y, Goda N, Narita H, Suzuki M, Tenno T, Hamada D, Fujiwara Y, Nakagawa A, Furuse M, Hiroaki H, Nagoya Symposium Frontiers in Structural Physiology, 2013/1/22-24, 国内.
7. A hypothesis of membrane skeleton: Do SPFH-domain proteins form membrane scaffolding fibers?, ポスター, Hiroaki H, Nagoya Symposium Frontiers in Structural Physiology, 2013/1/22-24, 国内.
8. 高度な安定同位体標識技術を利用した高分子量蛋白質の立体構造解析法の開発, 口頭, 宮ノ入洋平, 武田光広, 楊淳峻, 寺内勉, 甲斐荘正恒, 2015/3/5, 国内

9. Perspectives of the SAIL Method for Studying Structures and Dynamics of Larger Proteins, 口頭, Kainosho M, Advanced Isotopic Labeling Methods for Integrated Structural Biology (AILM) 2015, 2015/2/2-5, 国外
10. 芳香族アミノ酸側鎖のダイナミクスによる蛋白質と蛋白質及び蛋白質とリガンド相互作用の観測, ポスター, 楊淳峻, 武田光広, 宮ノ入洋平, 寺内勉, 甲斐荘正恒, 第53回 NMR討論会, 2014/11/4-6, 国内
11. 大腸菌生合成系を利用した新規SAILアミノ酸標識法の開発, ポスター, 宮ノ入洋平, 石田洋二郎, 武田光広, 寺内勉, 井上正順, 甲斐荘正恒, 第53回NMR討論会, 2014/11/4-6, 国内.
12. SAIL法を利用したタンパク質構造揺らぎのNMR研究, 口頭, 武田光広, 甲斐荘正恒, 第53回NMR討論会, 2014/11/4-6, 国内.
13. Application of H/D isotope effects for gathering information about hydrogen bonding and hydrogen exchange rates for polar side-chains in proteins, 口頭, Kainosho M, The 5th Japan-Taiwan Bilateral NMR Symposium, 2014/9/29-30, 国内.
14. Interface Dynamics in FKBP12-ligand Complexes Studied by the High Pressure SAIL NMR Method ポスター, Yang CJ, Takeda M, Miyanoiri Y, Terauchi T, Kainosho M, The XXVIth International Conference on Magnetic Resonance in Biological System, 2014/8/24-29, 国外.
15. NMR method for investigating hydrogen exchange rate of lysine side-chain amino group, ポスター, Takeda M, Terauchi T, Kainosho M, The XXVIth International Conference on Magnetic Resonance in Biological System, 2014/8/24-29, 国外
16. Large-Amplitude Slow Breathing Motions of Protein-ligand Interfaces as Revealed by Relaxation-Optimized SAIL Method, 口頭, Yang CJ, Takeda M, Miyanoiri Y, Terauchi T, Kainosho M, The XXVIth International Conference on Magnetic Resonance in Biological System, 2014/8/24-29, 国外
17. Designer Labeling of Amino Acids -beyond the stereo-array isotope labeling (SAIL) method, 招待講演, Kainosho M, Univ Wisconsin-Madison, 2014/7/28, 国外
18. FKBP12-Drug Binding Interface Dynamics as Studied by the SAIL NMR Method at High Pressure, ポスター, Yang CJ, Takeda M, Jee JG, Miyanoiri Y, Terauchi T, Kainosho M, 第12回 次世代を担う若手のためのフィジカル・ファーマフォーラム, 2014/7/14-15, 国内.
19. Structural analysis of large molecular proteins using SAIL method and non-uniform sampling, 口頭, Miyanoiri Y, Takeda M, Yang CJ, Terauchi T, Kainosho M, IPR seminar “Practical Aspects of in Non-uniform Sampling in Multi-dimensional NMR Spectroscopy & Applications for Biological Systems”, 2014/6/18-19, 国内
20. Perspective of protein NMR Technologies, 口頭, Kainosho M, IPR seminar “Practical Aspects of in Non-uniform Sampling in Multi-dimensional NMR Spectroscopy & Applications for Biological Systems”, 2014/6/18-19, 国内
21. 高度な安定同位体標識技術を利用した新しい溶液NMR法の開発, 口頭, 宮ノ入洋平, 武田光広, 楊淳峻, 寺内勉, 甲斐荘正恒, 平成27年度日本生物物理学会中部支部講演会, 2016/2/29, 国内
22. Large-amplitude, slow breathing motions in proteins - New insights for the dynamics of

- protein interiors and protein-ligand interfaces, 口頭, 甲斐荘正恒, Pacificchem 2015, 2015/12/15-20, 国外
23. Principal Component Analysis Of  $^1\text{H}$ - $^{15}\text{N}$  NMR Spectra Of Amyloid Beta (1-42) Peptide Deciphers Its Conformational Equilibrium Shifts Induced By Food-derived Compound, ポスター, 岩谷奈央子, 合田名都子, 松崎瑞希, 成田哲博, 重光佳基, 天野剛志, 阿部義人, 星美奈子, 廣明秀一 Pacificchem 2015, Pacificchem 2015, 2015/12/15-20, 国外
24. Recent Progress in the Selective SAIL Method for Studying Structures and Dynamics of Proteins and Protein Complexes, 口頭, 甲斐荘正恒, 14<sup>th</sup> FAOBMB Congress and 84<sup>th</sup> Annual Meeting of SBC (I), 2015/11/29, 国外
25. 核緩和最適化SAILアミノ酸を利用した高分子量蛋白質複合体の溶液立体構造解析法の開発, ポスター, 宮ノ入洋平, 武田光広, 寺内勉, 甲斐荘正恒, 第54回NMR討論会, 2015/11/6-8, 国内
26. HFIP中におけるアミロイドβ(1-42)ペプチドの二量体形成, 口頭, 重光佳基, 岩谷奈央子, 天野剛志, 合田名都子, 松崎瑞希, 成田哲博, 星美奈子, 廣明秀一, 第13回次世代を担う若手のためのフィジカル・ファーマフォーラム, 2015/8/21-22, 国内.
27. Perspectives of the SAIL Method for Studying Structures and Dynamics of Proteins and Protein Complexes, 口頭, 甲斐荘正恒, Symposium: Recent Advances in Nuclear Magnetic Resonance- *in honor of Prof. Tai-huang Huang*, 2015/7/3, 国外
28. 天然変性タンパク質がもつ普遍的分子機能-凍結保護作用の発見, ポスター, 松尾直紀, 合田名都子, 清水佳奈, 福地佐斗志, 太田元規, 廣明秀一, 第15回日本蛋白質科学会年会, 2015/6/24-26, 国内,
29. βアミロイド(1-42)ペプチドはHFIP中で二量体を形成する, ポスター, 重光佳基, 岩谷奈央子, 合田名都子, 松崎瑞希, 天野剛志, 成田哲博, 星美奈子, 廣明秀一, 第15回日本蛋白質科学会年会, 2015/6/24-26, 国内
30. Relaxation Optimized SAIL Method for Studying Structures and Dynamics of Proteins and Protein Complexes -The Next Wave of Isotope Labeling, 口頭, 甲斐荘正恒, The Frontier NCPSS Series -2015 NMR Forum and Summer School for Protein NMR and Drug Discovery, 2015/6/2, 国外.
31. 安定同位体利用 NMR 技術の最近の進歩-蛋白質-リガンド結合界面の揺らぎを捉える, 口頭, 甲斐荘正恒, 第三回熊本大学イメージングセミナー-NMR と MRI の邂逅, 2015/5/7, 国内.
32. ヒト Rnase H1 と遺伝子修復因子 FANCM の天然変性領域間での相互作用, ポスター, 清水沙紀, 合田名都子, 山上健, 石野園子, 石野良純, 兒玉哲也, 廣明秀一, 第 16 回日本蛋白質科学会年会, 2016/6/7-9, 国内
33. 高分子クラウダーとしての天然変性タンパク質とその応用, 口頭, 松尾直樹, 岡崎寛貴, 天野剛志, 合田名都子, 清水佳奈, 福地佐斗志, 太田元規, 廣明秀一, 第 16 回日本蛋白質科学会年会, 2016/6/7-9, 国内
34. 核酸医薬品の高度化を志向したヒト RNase H1 の機能解析, 口頭, 清水沙紀, 合田名都子, 山上健, 石野園子, 石野良純, 兒玉哲也, 廣明秀一, 第 62 回日本薬学会東海支部総会, 2016/6/2, 国内.



35. Dimer formation of amyloid beta peptides in 1,1,1,3,3,3-hexafluoro-2-propanol, ポスター, 重光佳基, 岩谷奈央子, 合田名都子, 松崎瑞季, 天野剛志, 成田哲博, 星美奈子, 廣明秀一, XXVII<sup>th</sup> ICMRBS 2016, 2016/8/21-26, 国内.
36. <sup>1</sup>H<sup>N</sup> Amide Temperature Coefficients: Yet Another NMR Method To Assess Intrinsically Disordered Protein Regions, ポスター, 岡崎寛貴, 松尾直紀, 天野剛志, 合田名都子, 福地佐斗志, 太田元則, 廣明秀一, XXVII<sup>th</sup> ICMRBS 2016, 2016/8/21-26, 国内
37. Structural Studies of Larger Proteins Using Relaxation Optimized SAIL Amino Acids, ポスター, Miyanoiri Y., Takeda M., Terauchi T, Ishida Y, Inouye M, Kainosho M., XXVII<sup>th</sup> ICMRBS 2016, 2016/8/21-26, 国内
38. Large-amplitude, slow breathing motions in proteins as evaluated by aromatic ring flipping motions- Insights into the dynamics of protein interiors and protein-ligand interfaces, 口頭, Kainosho, M. The 42nd Naito Conference. In the Vanguard of Structural Biology: Revolutionizing Life Sciences, 2016/10/4-6. 国内
39. Structural studies of larger proteins using relaxation optimized SAIL amino acids, ポスター, Miyanoiri Y., Takeda M., Terauchi T, Kainosho M. The 42nd Naito Conference. In the Vanguard of Structural Biology: Revolutionizing Life Sciences, 2016/10/4-6. 国内
40. Relaxation-optimized SAIL method for structural studies of large proteins, 口頭 Miyanoiri, Y., Takeda, M., Terauchi,T., Kainosho, M., 第 55 回 NMR 討論会, 2016/11/16-18, 国内
41. ヒトタンパク質由来天然変性ペプチドを用いた細胞凍結保存, ポスター, 天野(合田)名都子, 松尾直紀, 廣明秀一, 第 39 回日本分子生物学会年会, 2016/11/30-12/2, 国内
42. 天然変性蛋白質は別の蛋白質の凍結を保護する, 口頭, 廣明秀一, 企業現場のニーズと先端蛋白質科学との接点を探るシンポジウム, 2016/11/16, 国内.
43. ペプチド構造解析と治療ワクチンへの応用, 口頭, 廣明秀一, 富井健太郎, 伊藤暢聡, 難治疾患共同研究拠点集会・能動免疫療法シンポジウム, 2017/2/22, 国内
44. インシリコスクリーニングと NMR を組合わせた新規 Dvl 阻害剤の探索, 口頭, 味岡果澄, 岡崎寛貴, 三上翔平, 矢藤まり, 近藤優衣, 伊藤素行, 合田名都子, 天野剛志, 廣明秀一, 日本薬学会第 137 年会, 2017/3/24-27, 国内.
45. FANCM との相互作用様式に着目したヒト RNase H1 の構造・機能解析, ポスター, 清水沙紀, 合田名都子, 山上健, 石野園子, 石野良純, 重光佳基, 小林直宏, 兒玉哲也, 廣明秀一, 日本薬学会第 137 年会, 2017/3/24-27, 国内
46. アミロイド線維形成を阻害するアシル化キナ酸類の合成, ポスター, 石原健広, 渡邊紀之, 山田智美, 尾山公一, 重光佳基, 天野名都子, 廣明秀一, 近藤忠雄, 吉田久美, 日本農芸化学会 2017 年度大会, 2017/3/17-20, 国内

(3) 「国民との科学・技術対話社会」に対する取り組み

該当なし

(4) 特許出願

相関構造解析

横浜市立大学

1. 「神経選択的転写抑制因子 NRSF に特異的に結合する mSin3B に結合する化合物の利用。」西村善文、長土居有隆、平尾優佳、五嶋良郎、山下直也（宮田直樹、鈴木龍大（名古屋市立大学）、植田弘師（名古屋大学））。

2015/12/11, 特許 2015-5850321 号. 2015/12/9, US 9/206,125 B2

2. 「線維筋痛症の予防または治療薬、神経疾患に関連する神経特異的転写抑制因子（NRSF）のコリプレッサー mSin3 への結合を阻害する化合物の NMR による同定とモデルマウスでの実証。」西村善文、植田弘師、PRISM BioLab 株式会社、  
2012/12/6, 特願 2012-267599 号

名古屋大学

1. 「タイトジャンクションの緩和剤、該緩和剤を含む薬剤吸収補助剤、及び該緩和剤を含む医薬組成物」発明者 廣明秀一、天野剛志、野田翔太、  
PCT/JP2016/065324, 出願日 2016/5/24
2. 「タイトジャンクション形成制御剤及び該制御剤を含む医薬組成物」発明者 廣明秀一、天野剛志、中倉由香子、野田翔太、  
PCT/JP2015/070767, 出願日 2015/7/22
3. 「タンパク質凍結保存用保護剤」発明者 廣明秀一、天野名都子、松尾直紀、太田元規、福地佐斗志、岩村佳奈、  
PCT/JP2015/050131, 出願日 2015/1/6