

先端研究助成基金助成金(最先端・次世代研究開発支援プログラム) 実績報告書

本様式の内容は一般に公表されず

研究課題名	In vivo構造プロテオミクスの創生と展開
研究機関・ 部局・職名	首都大学東京・理工学研究科・教授
氏名	伊藤 隆

1. 研究実施期間 平成23年2月10日～平成26年3月31日

2. 収支の状況

(単位:円)

	交付決定額	交付を受けた額	利息等収入額	収入額合計	執行額	未執行額	既返還額
直接経費	108,000,000	108,000,000	0	108,000,000	108,000,000	0	0
間接経費	32,400,000	32,400,000	0	32,400,000	32,400,000	0	0
合計	140,400,000	140,400,000	0	140,400,000	140,400,000	0	0

3. 執行額内訳

(単位:円)

費目	平成22年度	平成23年度	平成24年度	平成25年度	合計
物品費	1,324,417	34,220,413	24,549,507	21,367,462	81,461,799
旅費	0	0	11,970	737,120	749,090
謝金・人件費等	0	2,670,129	8,848,596	9,253,186	20,771,911
その他	583,879	151,162	339,927	3,942,232	5,017,200
直接経費計	1,908,296	37,041,704	33,750,000	35,300,000	108,000,000
間接経費計	0	11,685,000	10,125,000	10,590,000	32,400,000
合計	1,908,296	48,726,704	43,875,000	45,890,000	140,400,000

4. 主な購入物品(1品又は1組若しくは1式の価格が50万円以上のもの)

物品名	仕様・型・性能等	数量	単価 (単位:円)	金額 (単位:円)	納入 年月日	設置研究機関名
600MHz NMRコンソール一式	Bruker社, AVANCE III 600型	1	28,875,000	28,875,000	2011/11/25	首都大学東京
600MHz超高感度NMRプローブ	Bruker社, TCI 型600MHz超高 感度NMRプ ローブ	1	19,950,000	19,950,000	2012/11/13	首都大学東京
高速冷却遠心機一式	トミー精工 Suprema21, アン グルローター NA400含む	1	2,129,400	2,129,400	2013/11/14	首都大学東京
超純水製造装置一式	ミリポア社 Milli-Q Integral-3Sシス テム	1	2,548,035	2,548,035	2014/1/8	首都大学東京

5. 研究成果の概要

本研究ではin-cell NMRという新しい磁気共鳴の測定法を用いて、生きた細胞の中で様々な蛋白質の立体構造を決定するための最先端技術の開発を行いました。研究の成果としては、①生きた真核細胞の中の蛋白質の立体構造解析に世界で初めて成功したこと、②細胞の中の環境が蛋白質の立体構造に影響を与えている事例を明らかにしたこと、③これらの先端解析を可能にする新しい実験手法を開発したこと、などがあげられます。本研究の結果、蛋白質が実際に働いている細胞の中にある状態で、立体構造やダイナミクス、相互作用の詳細な「その場」解析が可能になってきました。今後の創薬科学や先端医療への波及的効果も大いに期待されます。

課題番号	LS101
------	-------

先端研究助成基金助成金(最先端・次世代研究開発支援プログラム) 研究成果報告書

本様式の内容は一般に公表されます

研究課題名 (下段英語表記)	<i>In vivo</i> 構造プロテオミクスの創生と展開
	Initiation and development of <i>in vivo</i> structural proteomics
研究機関・部局・ 職名 (下段英語表記)	首都大学東京・理工学研究科・教授
	Professor, Graduate School of Science and Engineering, Tokyo Metropolitan University
氏名 (下段英語表記)	伊藤 隆
	Yutaka Ito

研究成果の概要

(和文):

本研究では in-cell NMR という新しい磁気共鳴の測定法を用いて、生きた細胞の中で様々な蛋白質の立体構造を決定するための最先端技術の開発を行った。研究の成果としては、①生きた真核細胞の中の蛋白質の立体構造解析に世界で初めて成功したこと、②細胞の中の環境が蛋白質の立体構造に影響を与えている事例を明らかにしたこと、③これらの先端解析を可能にする新しい実験手法を開発したこと、などがあげられる。本研究の結果、蛋白質が実際に働いている細胞の中にある状態で、立体構造やダイナミクス、相互作用の詳細な「その場」解析が可能になってきた。今後の創薬科学や先端医療への波及的効果も大いに期待される。

(英文):

This research project focused on the development of the in-cell NMR technique as a robust tool for the direct observation of protein behaviours in living cells. The achievements of this project contain: (1) the successful determination of the world's first protein 3D structure in living eukaryotic cells, (2) the detailed investigation of the effects of the intracellular environment on the folding process of proteins, and (3) the newly developed various experimental methods which enabled these advanced in-cell NMR analyses. This research project opened new avenues for the *in situ* observation of 3D structures, dynamics

and interactions of various proteins, and how they change in response to biological events in living environments. The outcome of this research can have spillover effects on drug discovery and state-of-the-art medical technologies.

1. 執行金額 140,400,000 円
(うち、直接経費 108,000,000 円、間接経費 32,400,000 円)

2. 研究実施期間 平成23年2月10日～平成26年3月31日

3. 研究目的

「分子クラウディング」と呼ばれる複合的な効果は、蛋白質の立体構造や動的変化(ダイナミクス)に対して顕著な影響を与えると考えられている。したがって、閉鎖系での平衡状態の観察を主とする試験管内の実験のみでは、細胞中の蛋白質の構造・機能相関の正確な記述は不可能と考えられる。近年、生細胞中の蛋白質の動態を詳細に解析する手法として注目されている in-cell NMR は、細胞内での蛋白質の真の挙動を立体構造の観点から解析できる唯一の手法である。

本研究では、多種多様な生体分子(特に蛋白質)に適用可能な汎用的な in-cell NMR 技術開発を目的とした。ここで確立した技術を元に、様々な蛋白質への多角的、網羅的解析につなげることで、多くの革新的な知見が得られることを期待した。

補助事業期間内には、特に(1)蛋白質のフレキシブルな領域について細胞内での立体構造解析を行う方法、(2)内在的に立体構造を取らない蛋白質(IDP)の細胞内構造解析法、(3)分子クラウディングによる蛋白質の安定性への影響の定量化手法、(4)蛋白質・蛋白質相互作用、および蛋白質・基質相互作用、の解析および技術開発を行った。

4. 研究計画・方法

(1)蛋白質のフレキシブルな領域について細胞内での立体構造解析を行う方法については、① NMR 測定法および構造解析手法に in-cell NMR に最適化した改良を施すことにより、高分解能な立体構造手法を確立した後、②実在の細胞内蛋白質の立体構造解析を進め、③蛋白質の立体構造に対する分子クラウディングの効果の考察を行うこととした。

(2)内在的に立体構造を取らない蛋白質(IDP)の細胞内構造解析法については、①IDP の立体構造解析を可能にする技術開発を進めた後、②IDP の構造・活性相関の理解を試みた。

(3)分子クラウディングによる蛋白質の安定性への影響の定量化手法については、①¹⁵N 核の緩和パラメータの測定等による細胞内蛋白質の動的性質の解析法の研究を行った後、②実在の細胞内蛋白質のダイナミクス解析を進め、③細胞内環境が蛋白質のフォールディング安定性に及ぼす影響の考察を行った。

(4)蛋白質・蛋白質相互作用、および蛋白質・基質相互作用の解析法については、①in-cell NMR を用いた NMR シグナルの帰属法の高度化を行った後、②蛋白質間相互作用や蛋白質・基

質相互作用の解析手法の充実を図り、その後③さまざまな生命現象への応用研究への展開を試みた。

5. 研究成果・波及効果

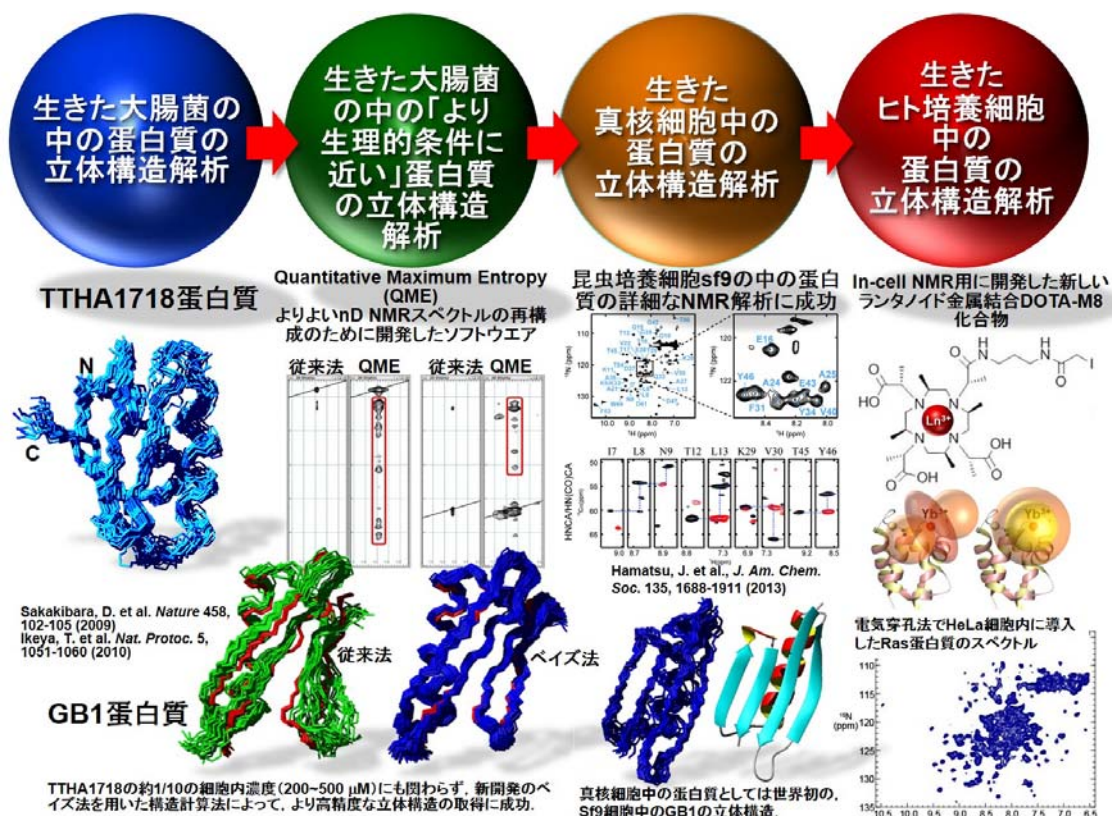


図 1. 本研究で行った、細胞内蛋白質の立体構造解析法の概要と成果。様々な要素技術の開発と改良を行うことによって、研究開始時には大腸菌内の非常に高濃度に存在する蛋白質でのみ可能であった立体構造解析が、~100 μM 程度の濃度の真核細胞内蛋白質においても可能になった。

上記の(1)~(4)の研究項目のうち、(1)蛋白質のフレキシブルな領域について細胞内での立体構造解析を行う方法については、「大腸菌内蛋白質」→「大腸菌内のより生理的条件に近い濃度の蛋白質」→「真核細胞内蛋白質」→「ヒト培養細胞内蛋白質」の順に立体構造解析手法の高度化を行った(図 1)。まず、①迅速な NMR 測定法、新しいデータ処理法、ベイズ推定を用いた立体構造解析法などの要素技術の開発を行うことによって、大腸菌中の連鎖球菌 protein G B1 ドメイン(GB1)の構造解析に成功した(細胞内蛋白質の構造解析としては世界で 2 番目の例)。この結果、従来よりも 1 ケタ低い濃度の試料についても高分解能の立体構造を算出することに成功した。また、②昆虫培養細胞 sf9 を用いた in-cell NMR の系について NMR 測定技術・立体構造解析技術の開発を行った。この研究においては、世界初の真核細胞中の蛋白質主鎖シグナルの帰属を sf9 の系で成功し[Hamatsu, et al. *J. Am. Chem. Soc.* 135, 1688-1691 (2013)], さらに世界初となる真核細胞内蛋白質の立体構造決定に挑戦した。これまで開発してきた要素技術を結集した結果、まだ精密化が必要ではあるが、sf9 内の GB1 蛋白質の詳細な立体構造の算出に成功した。

ヒト培養細胞の系では、③常磁性 NMR による構造情報取得のための DOTA 骨格を持つ新規ラントノイド結合分子プローブの合成を行った。このプローブを用いることで、細胞内の還元的な環境下で常磁性効果による長距離の立体構造情報の取得が可能になり、これまで不可能だった細胞内濃度の低い蛋白質の立体構造解析に道を開いた。④細胞内蛋白質のプロテオミクスの解析については、通算 74 種の蛋白質について、良好な in-cell NMR スペクトルを与える試料の探索を行った。結果として、74 種のうち約 43%の蛋白質について ^{15}N 標識最少培地での十分な蛋白質発現が確認された。これらの発現が良好な蛋白質のうち、約 41%の蛋白質である程度の ^1H - ^{15}N 相関クロスピークの観測に成功し、約 22%は異種核 3D NMR の測定が可能であり、約 13%の蛋白質については良好な 3D NOESY が観測可能であった。このデータは M9 最少培地で良好な発現を示した低分子量蛋白質のうち約 1 割は、大腸菌の系で詳細な解析を行うことができることを示唆している。現在までに、私たちは 2 種の蛋白質の大腸菌細胞内立体構造を決定しているが、現在追加でさらに 2 種について 3D NOESY の解析と立体構造計算を行っている。

(2)内在的に立体構造を取らない蛋白質 (IDP) の細胞内構造解析法については、ヒト Rad52C 末端領域、酵母 Mre11C 末端領域、ヒト Ras やショウジョウバエ drkN SH3 ドメイン (試験管内でフォールド状態と変性状態の平衡) 等を用いて in-cell NMR 解析を行った。特に、drkN SH3 ドメインについては、クラウディング剤存在下および生細胞中で解析を行い細胞内環境が構造の平衡に与える影響を詳細に分析した結果、分子クラウディング環境が drkN の平衡を変性状態にシフトさせている可能性が示唆された (図 2)。

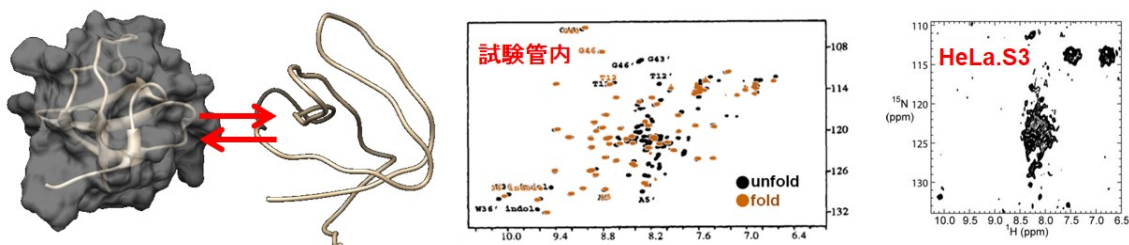


図 2. ショウジョウバエの drk 蛋白質 N 末端の SH3 ドメインは、試験管内では中性付近で fold 型と unfold 型が約 1:1 で存在する大変興味深い蛋白質である。In-cell NMR 研究により、大腸菌細胞内およびヒト培養細胞 HeLa.S3 では大きく unfold 型に平衡が偏っていることが示唆されました。全ての蛋白質がこのように大きな細胞内環境の影響を受けるとは考えにくいですが、蛋白質表面のフレキシブルな部分や、ドメインが数珠つなぎになっているマルチドメイン蛋白質のドメイン間の相対位置、天然変性蛋白質の局所構造等は、細胞内環境の影響を受けやすいと考えられる。

(3)分子クラウディングによる蛋白質の安定性への影響の定量化手法については、①大腸菌細胞における 2 種の蛋白質のダイナミクスについて、 ^{15}N 緩和解析という手法を用いて詳細に解析を行った。また②この 2 種の蛋白質について大腸菌細胞中で ^{15}N -DEST (dark-state exchange saturation transfer) 実験を行った結果、これらの蛋白質が細胞内の巨大構造体と非選択的に相互作用していることが示唆された。この相互作用が蛋白質の構造不安定化に寄与している可能性があり、注目される。さらに Sf9 の系および HeLa 細胞の系を用いて、真核細胞内蛋白質の蛋白質主鎖のダイナミクス解析にも挑戦した。

(4)蛋白質・蛋白質相互作用、および蛋白質・基質相互作用の解析法については、真核細胞を

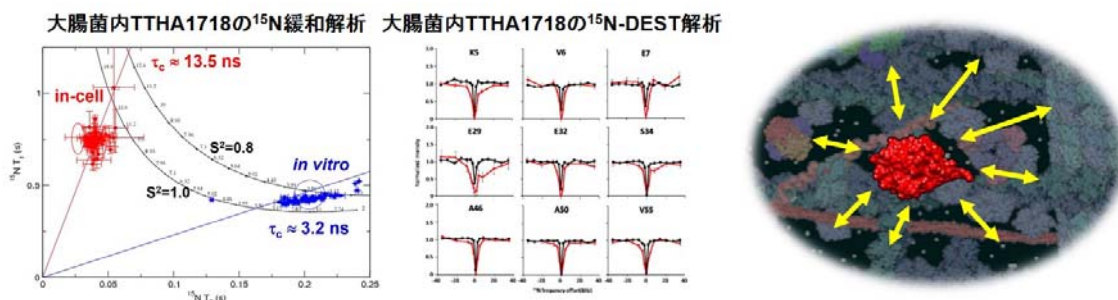


図3. 大腸菌内TTHA1718のダイナミクス解析. ^{15}N 緩和解析(パネル左)から細胞内蛋白質は単に細胞内の粘性の影響を受けるのみならず、試験管内とか本質的に異なった挙動をとることが判明. ^{15}N -DEST 解析(パネル中)より細胞内の巨大構造体との非選択的な相互作用(パネル右)が示唆された. この相互作用が蛋白質の構造不安定化に寄与している可能性がある.

用いた in-cell NMR 研究に注目し、①培養昆虫細胞やヒト培養細胞を用いた系における、NMR シグナルの解析法の改良を試みた. その上で、②がん遺伝子産物 Ras および相互作用因子の RGL-RBD 等を用い、電気穿孔法と膜透過ペプチドの 2 種の蛋白質導入による蛋白質間相互作用解析の系の確立を行った(図4).

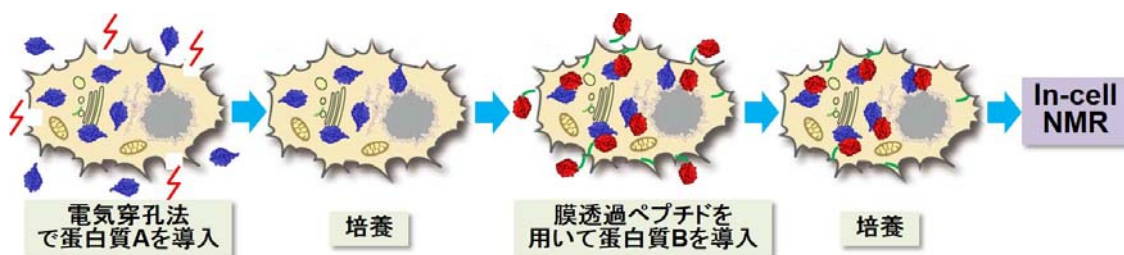


図4. ヒト培養細胞に安定同位体試料を導入する方法としては、膜透過ペプチドを用いる方法、膜破壊毒素を用いる方法、および電気穿孔法がある. 膜透過ペプチドを用いる方法と電気穿孔法を併用し、蛋白質 A, B 間の相互作用を in-cell NMR で測定する際の実験方法を模式的に示した.

研究目的が達成されることによってライフ・イノベーションの推進に与える影響、及び、関連研究分野の進展や国民生活における課題解決などの波及効果としては以下のことが考えられる.

まず、本研究の成果によって、 $\sim 100 \mu\text{M}$ 程度の細胞内濃度を有する蛋白質について細胞内での立体構造を決定するための道筋がたった. IDP やマルチドメイン蛋白質のみならず、球状蛋白質のフレキシブルな領域は、細胞内環境によって試験管内とは異なる立体構造をとる可能性がある. In-cell NMR によって細胞内蛋白質の立体構造が明らかになれば、「より真実の姿に近い」細胞内立体構造を用いた薬剤設計が可能になると推察される(図5左). また、in-cell NMR によって、従来の解析に比べて高分解能という付加価値が付いた薬剤のスクリーニングも可能になる(図5右). 従来の立体構造をもとにした薬剤開発の際には、薬剤のデザイン・合成とその後の試験管内解析終了後は、細胞試料や個体を用いた試験を行う. しかし、これらの試験は時間がかかり、かつ細胞内での薬剤と標的蛋白質の直接結合を確認するのが難しいという問題があった. In-cell NMR を用いたスクリーニングでは、薬剤の膜透過性と標的蛋白質上のデザインされた部位への結合を、細胞内で簡便に解析できる可能性があるため、従来法よりも効率の良い薬剤探索が可能になると考えられる. 事実、本研究終了後、英国バーミンガム大・がん科学のグループと

キナーゼの阻害剤スクリーニングに関する共同研究を開始している。このように先端医療や創薬科学などの医療産業分野にも大きな波及的効果が期待される。

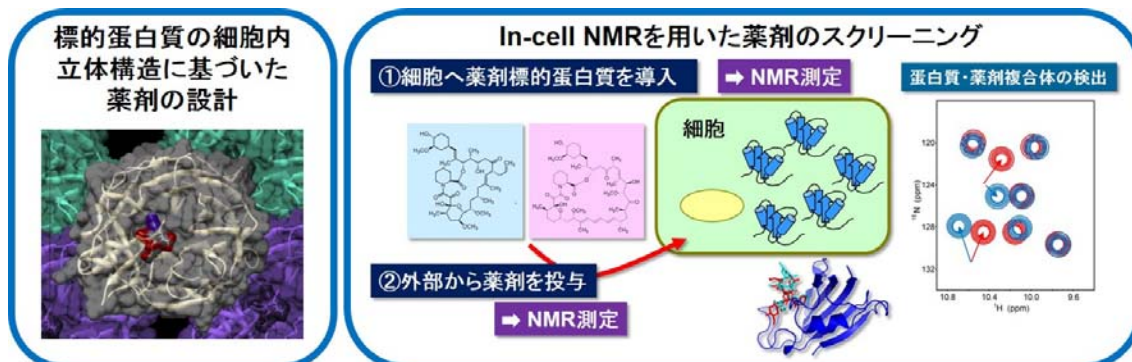


図 5. 本研究の成果は、創薬科学や先端医療に対する波及的効果が期待される。この図では、細胞内立体構造に基づいた薬剤設計の可能性(左)と、in-cell NMRを用いた、薬剤の膜透過性と標的蛋白質上のデザインされた部位への結合を、細胞内で簡便に解析できるスクリーニング法(右)を模式的に示した。

さらにもう少し先の将来には、本研究によって確立された技術が、モデル動物や実際の患者における薬物動態の精度の高い計測を行うための基盤技術等に転用されることが考えられる。更に、遺伝子導入や蛋白質導入による治療法の開発や、実際の治療経過観察における標的分子の挙動を、試験管内よりはるかに生体内に近い環境で詳細に計測できるようになる可能性もある。

6. 研究発表等

雑誌論文	(掲載済み一査読有り) 計 13 件
計 13 件	<ol style="list-style-type: none"> 1. Wei Wang, Takanori Uzawa, Naoya Tochio, Jumpei Hamatsu, Yoshinori Hirano, Seiichi Tada, Hisao Saneyoshi, Takanori Kigawa, Nobuhiro Hayashi, <u>Yutaka Ito</u>, Makoto Taiji, Toshiro Aigaki & Yoshihiro Ito "A fluorogenic peptide probe developed by <i>in vitro</i> selection using tRNA carrying a fluorogenic amino acid." <i>Chemical Communication</i> 50, 2962-2964 (2014). 2. Suzuka Mikami, Teppei Kanaba, Naoki Takizawa, Ayaho Kobayashi, Ryoko Maesaki, Toshinobu Fujiwara, <u>Yutaka Ito</u> & Masaki Mishima "Structural insights into the recruitment of SMRT by the corepressor SHARP under phosphorylative regulation." <i>Structure</i> 22, 35-46 (2014). 3. Dambarudhar S. S. Hembram, Takahiro Haremaki, Jumpei Hamatsu, Jin Inoue, Hajime Kamoshida, Teppei Ikeya, Masaki Mishima, Tsutomu Mikawa, Nobuhiro Hayashi, Masahiro Shirakawa & <u>Yutaka Ito</u> "An in-cell NMR study of monitoring stress-induced increase of cytosolic Ca²⁺ concentration in HeLa cells." <i>Biochemical and Biophysical Research Communications</i> 438, 653-659 (2013). 4. Ayaho Kobayashi, Teppei Kanaba, Ryosuke Satoh, Toshinobu Fujiwara, <u>Yutaka Ito</u>, Reiko Sugiura & Masaki Mishima "Structure of the second RRM domain of Nrd1, a fission yeast MAPK target RNA binding protein, and implication for its RNA recognition and regulation." <i>Biochemical and Biophysical Research Communications</i> 437, 12-17 (2013). 5. Suzuka Mikami, Teppei Kanaba, <u>Yutaka Ito</u> & Masaki Mishima "NMR assignments of SPOC domain of the human transcriptional corepressor SHARP in complex with a C-terminal SMRT peptide." <i>Biomolecular NMR Assignments</i> 7, 267-270 (2013). 6. Jumpei Hamatsu, Daniel O'Donovan, Takashi Tanaka, Takahiro Shirai, Yuichiro Hourai, Tsutomu Mikawa, Teppei Ikeya, Masaki Mishima, Wayne Boucher, Brian O. Smith, Ernest D. Laue, Masahiro Shirakawa & <u>Yutaka Ito</u> "High-resolution heteronuclear multidimensional NMR of proteins in living insect cells using a baculovirus protein expression system." <i>Journal of the American Chemical Society</i> 135, 1688-1691 (2013). 7. Teppei Kanaba, Ryoko Maesaki, Tomoyuki Mori, <u>Yutaka Ito</u>, Toshio Hakoshima & Masaki Mishima "Microtubule-binding sites of the CH domain of EB1 and its autoinhibition revealed by NMR." <i>Biochimica et Biophysica Acta</i> 1834, 499-507 (2013). 8. <u>Yutaka Ito</u>, Tsutomu Mikawa & Brian O. Smith "In-cell NMR of intrinsically disordered proteins: Prokaryotic cells." <i>Methods in Molecular Biology</i> 895, 19-31 (2012). 9. 伊藤 隆, 濱津 順平, 池谷 鉄兵, 「蛋白質機能における構造—ダイナミクス—安定性の関係: In-cell NMR からわかること」 <i>生物物理</i> 53, 76-81 (2013). 10. Kumiko Kawasaki, Teppei Kanaba, Momoko Yoneyama, Naoko Murata-Kamiya, Chojiro Kojima, <u>Yutaka Ito</u>, Hiroyuki Kamiya & Masaki Mishima. "Insights into substrate recognition by the <i>E. coli</i> orf135 protein through its solution structure." <i>Biochemical and Biophysical Research Communications</i> 420, 263-368 (2012). 11. Kumiko Kawasaki, Momoko Yoneyama, Naoko Murata-Kamiya, Hideyoshi Harashima, Chojiro Kojima, <u>Yutaka Ito</u>, Hiroyuki Kamiya & Masaki Mishima "¹H, ¹³C and ¹⁵N NMR assignments of the <i>Escherichia coli</i> Orf135 protein." <i>Biomolecular NMR Assignments</i> 6, 1-4 (2012). 12. Jin Inoue, Takayuki Nagae, Masaki Mishima, <u>Yutaka Ito</u>, Takehiko Shibata & Tsutomu Mikawa "A mechanism for single-stranded DNA-binding protein (SSB) displacement from single-stranded DNA upon SSB-RecO interaction." <i>Journal of Biological Chemistry</i> 286, 6720-6732 (2011).

	<p>13. Teppei Ikeya, Jun-Goo Jee, Yoshiki Shigemitsu, Jumpei Hamatsu, Masaki Mishima, <u>Yutaka Ito</u>, Masatsune Kainosho & Peter Güntert "Exclusively NOESY-based automated NMR assignment and structure determination of proteins." <i>Journal of Biomolecular NMR</i> 50, 137-146 (2011).</p> <p>(掲載済み一査読無し) 計 0 件</p> <p>(未掲載) 計 0 件</p>
<p>会議発表 計 78 件</p>	<p>専門家向け 計 75 件(末尾に*印のあるものは、本研究の直接の成果の発表。その他は本研究の成果を含む発表)。</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 彦根佑哉, 平井 剛, 袖岡幹子, <u>伊藤 隆</u>, 「In-cell NMR を志向した DOTA-M8 リガンドの合成研究」, 名古屋, 平成 26 年 3 月 28 日, 主催: 日本化学会* 2. <u>伊藤 隆</u>, 「迅速な NMR 測定及び処理」, In-cell NMR 講習会 2014(講習会を主催), 横浜, 平成 26 年 3 月 19 日* 3. <u>伊藤 隆</u>, 「Azara ME & QME での処理」, In-cell NMR 講習会 2014(講習会を主催), 横浜, 平成 26 年 3 月 19 日* 4. <u>伊藤 隆</u>, 「大腸菌および昆虫細胞を用いた in-cell NMR 試料調製」, In-cell NMR 講習会 2014(講習会を主催), 横浜, 平成 26 年 3 月 18 日* 5. 池谷鉄兵, <u>伊藤 隆</u>, 「In-cell NMR 法を用いた生きた細胞内での天然変性蛋白質の立体構造とダイナミクス」, 新学術領域研究「天然変性タンパク質の分子認識機構と機能発現」第 3 回公開シンポジウム, 福岡, 平成 26 年 2 月 27-28 日, 主催: 新学術領域研究「天然変性タンパク質の分子認識機構と機能発現」* 6. <u>伊藤 隆</u>, 「Future perspectives on eukaryotic in-cell NMR」, 第 36 回分子生物学会年会(ワークショップを企画), 神戸, 平成 25 年 12 月 5 日, 主催: 日本分子生物学会* 7. 池谷鉄兵, <u>伊藤 隆</u>, 「NMR による蛋白質分子立体構造解析の高精度化および細胞内計測を目指した CS とベイズ法適用の試み」, 新学術領域 4 班合同ミニワークショップ, 京都, 平成 25 年 11 月 17 日, 主催: 新学術領域研究「スパースモデリングの深化と高次元データ駆動科学の創生」* 8. 鴨志田一, 晴被貴洋, 濱津順平, 井上 仁, 池谷鉄兵, 三島正規, 白川昌宏, <u>伊藤 隆</u>, 「In-cell NMR を用いた, HeLa 細胞内のストレス応答による Ca²⁺濃度変化のモニタリング」, 第 52 回 NMR 討論会, 金沢, 平成 25 年 11 月 12-14 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会* 9. 田中 孝, 濱津順平, 清和恵美子, 池谷鉄兵, 三島正規, <u>伊藤 隆</u>, 「Sf9 細胞の in-cell NMR におけるアミノ酸選択的安定同位体標識」, 第 52 回 NMR 討論会, 金沢, 平成 25 年 11 月 12-14 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会* 10. 嶋崎真那人, 池谷鉄兵, 三島正規, <u>伊藤 隆</u>, Peter Güntert, 「NMR 蛋白質立体構造決定のための新規構造最適化法の開発」, 第 52 回 NMR 討論会, 金沢, 平成 25 年 11 月 12-14 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会* 11. 小林彩保, 佐藤亮介, 藤原俊伸, <u>伊藤 隆</u>, 杉浦麗子, 三島正規, 「MAP キナーゼによりリン酸化される RNA 結合タンパク質 Nrd1 の構造解析」, 第 52 回 NMR 討論会, 金沢, 平成 25 年 11 月 12-14 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会 12. 金場哲平, 矢巻菜央, 秋吉克昂, 前崎綾子, 宮崎健介, <u>伊藤 隆</u>, 三島正規, 「マルチドメインタンパク質 Protein kinase C の構造解析の試み」, 第 52 回 NMR 討論会, 金沢, 平成 25 年 11 月 12-14 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会 13. 飯沼純弥, 小林彩保, 金場哲平, <u>伊藤 隆</u>, 三島正規, 「リン酸化された SHARP/SMRT キメラの構造解析」, 第 52 回 NMR 討論会, 金沢, 平成 25 年 11 月 12-14 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会 14. <u>Yutaka Ito</u>, "In situ observation of protein structure and dynamics by in-cell NMR", Workshop on Modeling Biomolecular Systems in Cellular Environments, 京都, 平成 25

	<p>年 11 月 1 日*</p> <p>15. 角越和也, 池谷鉄兵, <u>伊藤 隆</u>, 清水 謙多郎, 「圧縮センシングを用いた NMR スペクトルの復元法」, 第 51 回日本生物物理学会年会, 京都, 平成 25 年 10 月 28-30 日, 主催: 日本生物物理学会*</p> <p>16. 嶋崎真那人, 池谷鉄兵, 三島正規, <u>伊藤 隆</u>, Peter Güntert, 「NMR タンパク質立体構造決定のための新規構造最適化法の開発」, 第 51 回日本生物物理学会年会, 京都, 平成 25 年 10 月 28-30 日, 主催: 日本生物物理学会*</p> <p>17. 小林彩保, 佐藤亮介, 藤原俊伸, 杉浦麗子, <u>伊藤 隆</u>, 三島正規, 「分裂酵母由来の MAP キナーゼによりリン酸化される RNA 結合タンパク質 Nrd1 の構造解析」, 第 51 回日本生物物理学会年会, 京都, 平成 25 年 10 月 28-30 日, 主催: 日本生物物理学会</p> <p>18. Takashi Tanaka, Jumpei Hamatsu, Emiko Seiwa, Teppei Ikeya, Masaki Mishima & <u>Yutaka Ito</u>, "Structural analysis of proteins inside living sf9 cells by in-cell NMR spectroscopy", 5th Asia-Pacific NMR Symposium, ブリスベーン(オーストラリア), 平成 25 年 10 月 27-31 日*</p> <p>19. Yutaka Ito, "Cellular (<i>in vivo</i>) structural biology by NMR", Seminar at School of Cancer Sciences, University of Birmingham, バーミンガム(英国), 平成 25 年 7 月 30 日, 主催: University of Birmingham*</p> <p>20. 小林彩保, 佐藤亮介, 藤原俊伸, <u>伊藤 隆</u>, 杉浦麗子, 三島正規, 「RNA 結合蛋白質 Nrd1 の NMR 法による構造解析」, 第 13 回日本蛋白質科学会年会, 鳥取, 平成 25 年 6 月 12-14 日, 主催: 日本蛋白質科学会</p> <p>21. 金場哲平, 秋吉克昂, 前崎綾子, 宮崎健介, <u>伊藤 隆</u>, 三島正規, 「NMR を用いた溶液中のマルチドメインタンパク質 PKC の構造解析の試み」, 第 13 回日本蛋白質科学会年会鳥取, 平成 25 年 6 月 12-14 日, 主催: 日本蛋白質科学会</p> <p>22. <u>伊藤 隆</u>, 「生理的条件における NMR 解析」, よこはま NMR 構造生物学研究会 第 46 回ワークショップ「NMR の 10 年後」, 横浜, H25 年 3 月 22 日, 主催: よこはま NMR 構造生物学研究会*</p> <p>23. Teppei Ikeya, Manato Shimazaki, <u>Yutaka Ito</u> & Peter Güntert, "Bayesian-based protein structure refinement", RRR workshop 2013, 大阪, H25 年 1 月 31 日-2 月 1 日*</p> <p>24. <u>Yutaka Ito</u>, "Cellular structural biology by NMR", 4th France-Japan Seminar, 播磨, H25 年 1 月 8 日*</p> <p>25. Dambarudhar S. S. Hembram, Jumpei Hamatsu, Takahiro Haremake, Kaori Oonishi, Masahiro Shirakawa, Teppei Ikeya, Masaki Mishima & <u>Yutaka Ito</u>, "Multi-dimensional In-cell NMR Spectroscopy of Proteins in Hela Cells", 第 35 回日本分子生物学会年会, 福岡, H24 年 12 月 14 日, 主催: 日本分子生物学会*</p> <p>26. 晴枝貴洋, Dambarudhar S. S. Hembram, 濱津順平, 池谷鉄兵, 三島正規, 白川昌宏, <u>伊藤 隆</u>, 「メチル基選択的プロトン標識を用いた HeLa 細胞中の in-cell NMR 解析」, 第 35 回日本分子生物学会年会, 福岡, H24 年 12 月 13 日, 主催: 日本分子生物学会*</p> <p>27. 三神すずか, 金場哲平, 小林彩保, <u>伊藤 隆</u>, 三島正規, 「転写抑制因子 SHARP/SMRT 複合体の溶液構造と CK2 による SMRT のリン酸化」, 第 35 回日本分子生物学会年会, 福岡, H24 年 12 月 12 日, 主催: 日本分子生物学会</p> <p>28. 金場哲平, 前崎綾子, 森 智之, <u>伊藤 隆</u>, 箱島敏雄, 三島正規, 「溶液 NMR 法を用いた EB1 の自己阻害及び活性化機構の構造研究」, 第 35 回日本分子生物学会年会, 福岡, H24 年 12 月 11 日, 主催: 日本分子生物学会</p> <p>29. 秋吉克昂, 金場哲平, 前崎綾子, 宮崎健介, <u>伊藤 隆</u>, 三島正規, 「NMR によるマルチドメインタンパク質 Protein kinase C 全長の構造解析」, 第 35 回日本分子生物学会年会, 福岡, H24 年 12 月 11 日, 主催: 日本分子生物学会</p> <p>30. 小林彩保, 金場哲平, 三神すずか, <u>伊藤 隆</u>, 三島正規, 「転写抑制補因子複合体 SHARP/SMRT の構造解析」, 第 35 回日本分子生物学会年会, 福岡, H24 年 12 月 11 日, 主催: 日本分子生物学会</p> <p>31. 池谷鉄兵, 嶋崎真那人, 三島正規, <u>伊藤 隆</u>, Peter Güntert, 「ベイズ法を利用した新規構</p>
--	---

	<p>造計算手法の開発」, 第 51 回 NMR 討論会, 名古屋, H24 年 11 月 8-10 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会*</p> <p>32. 晴被貴洋, 濱津順平, Dambarudhar S. S. Hembram, 池谷鉄兵, 三島正規, 白川昌宏, 伊藤 隆, 「メチル基選択的プロトン標識を用いた HeLa 細胞中の in-cell NMR 解析」, 第 51 回 NMR 討論会, 名古屋, H24 年 11 月 8-10 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会*</p> <p>33. 秋吉克昂, 金場哲平, 前崎綾子, 宮崎健介, 伊藤 隆, 三島正規, 「NMR によるマルチドメインタンパク質 PKC の構造解析」, 第 51 回 NMR 討論会, 名古屋, H24 年 11 月 8-10 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会</p> <p>34. 濱津順平, 田中 孝, 白井隆弘, 池谷鉄兵, 三島正規, 白川昌宏, 伊藤 隆, 「Sf9 細胞の in-cell NMR: シグナル帰属と構造解析の試み」, 第 51 回 NMR 討論会, 名古屋, H24 年 11 月 8-10 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会*</p> <p>35. 田中 孝, 濱津順平, 清和恵美子, 池谷鉄兵, 三島正規, 伊藤 隆, 「Sf9 細胞の in-cell NMR における測定条件の最適化」, 第 51 回 NMR 討論会, 名古屋, H24 年 11 月 8-10 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会*</p> <p>36. 山本晃広, 池谷鉄兵, 角越和也, 三島正規, 伊藤 隆, 「Nonlinear Sampling データに対する複数の信号再構成法の包括的な比較」, 第 51 回 NMR 討論会, 名古屋, H24 年 11 月 8-10 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会*</p> <p>37. 嶋崎真那人, 池谷鉄兵, 三島正規, 伊藤 隆, Peter Güntert, 「二面角系分子動力学計算を用いたタンパク質立体構造決定における構造最適化計算法の開発」, 第 51 回 NMR 討論会, 名古屋, H24 年 11 月 8-10 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会*</p> <p>38. 池谷鉄兵, 山本晃広, 角越和也, 池田思朗, 伊藤 隆, 「測定時間を劇的に短縮: Non-Uniform Sampling 法の津々浦々」, 日本分光学会 NMR 分光部会集中講義, 東京, H24 年 10 月 24 日, 主催: 日本分光学会*</p> <p>39. Kosuke Inomata, Shuhei Murayama, Shiroh Futaki, Hidekazu Hiroaki, Yutaka Ito, Hidehito Tochio & Masahiro Shirakawa, 「細胞環境下におけるタンパク質の NMR 計測」, 第 50 回日本生物物理学会年会, 名古屋, H24 年 9 月 22-24 日, 主催: 日本生物物理学会*</p> <p>40. Teppei Kanaba, Ryoko Maesaki, Tomoyuki Mori, Yutaka Ito, Toshio Hakoshima & Masaki Mishima, 「Transferred cross-saturation 法を用いた EB1 の CH ドメインの微小管との結合界面の特定」, 第 50 回日本生物物理学会年会, 名古屋, H24 年 9 月 22-24 日, 主催: 日本生物物理学会</p> <p>41. Jumpei Hamatsu, Daniel Nietlispach, Dambarudhar S. S. Hembram, Masaki Mishima, Teppei Ikeya, Masahiro Shirakawa & Yutaka Ito, "Structural and dynamic studies of protein in living cells by in-cell NMR spectroscopy", XXV ICMRBS, Lyon, France, H24 年 8 月 19-24 日*</p> <p>42. 池谷鉄兵, 伊藤 隆, Peter Güntert, 「最新 NMR 構造決定法」, NMR discussion in KYOTO 2012 July, 京都, H24 年 7 月 27 日*</p> <p>43. Jumpei Hamatsu, Daniel Nietlispach, Masaki Mishima, Teppei Ikeya, Masahiro Shirakawa & Yutaka Ito, "Structural and dynamic studies of protein in living cells by in-cell NMR spectroscopy", Molecular Crowding 2012: Chemistry and Physics meet Biology, Ascona, Switzerland, H24 年 6 月 10-14 日*</p> <p>44. Yutaka Ito, "Applications of nonlinear sampling and maximum entropy processing to problematic protein samples", Structure Biology Seminar, Biocenter, University of Helsinki, H24 年 5 月 15 日, 主催: University of Helsinki*</p> <p>45. Yutaka Ito, "Cellular structural biology by NMR", Viiki Monday Lectures, Biocenter, University of Helsinki, H24 年 5 月 14 日, 主催: University of Helsinki*</p> <p>46. 伊藤 隆, 「In-cell NMR 法による細胞内分子動態解析」, 学振 167 委員会第 66 回研究会, 東京, H24 年 4 月 19 日, 主催: 学振 167 委員会*</p> <p>47. 伊藤 隆, 「原核細胞を用いた in-cell NMR」, 蛋白研セミナー「in cell NMR workshop 2012」, 大阪, H24 年 3 月 27 日, 主催: 大阪大学*</p> <p>48. 池谷鉄兵, 伊藤 隆, 「細胞内蛋白質構造の精密化」, 蛋白研セミナー「in cell NMR</p>
--	---

	<p>workshop 2012」, 大阪, H24 年 3 月 27 日, 主催:大阪大学, 他*</p> <p>49. 伊藤 隆, 「In-cell NMR による細胞内蛋白質分子動態解析」, 生物物質科学フォーラム, 石川, H24 年 3 月 9 日, 主催:生物物質科学フォーラム*</p> <p>50. 濱津順平, 伊藤 隆, 「In-cell NMR による細胞構造生物学」, 文部科学省・科研費特定領域研究「高次系分子科学」第 14 回ミニ公開シンポジウム(北海道大学低温科学研究所共同利用研究集会 合同研究会), 札幌, H24 年 1 月 17 日, 主催:特定領域研究「高次系分子科学」*</p> <p>51. 濱津順平, Daniel Nietlispach, 池谷鉄兵, 三島正規, 白川昌宏, 伊藤 隆, "Structural and dynamic studies of proteins in living cells by in-cell NMR spectroscopy", 34 回日本分子生物学会年会, 横浜, H23 年 12 月 14 日, 主催:日本分子生物学会*</p> <p>52. 細谷沙織, 花島知美, 濱津順平, 池谷鉄兵, 三島正規, Peter Güntert, 白川昌宏, 伊藤 隆, "Structure determination of the protein G B1 domain in living cells by in-cell NMR spectroscopy", 34 回日本分子生物学会年会, 横浜, H23 年 12 月 14 日, 主催:日本分子生物学会*</p> <p>53. 秋吉克昂, 宮崎健介, 金場哲平, 前崎綾子, 伊藤 隆, 三島正規, 「溶液 NMR 法を用いた全長 Protein kinase C の構造決定の試み」, 34 回日本分子生物学会年会, 横浜, H23 年 12 月 14 日, 主催:日本分子生物学会</p> <p>54. 伊藤 隆, 「細胞構造生物学:in-cell NMR を用いたアプローチ」, 第 14 回 生命化学研究会 ~In-Cell Interactions を調べる・動かす・組み上げる, 白浜, H23 年 12 月 2 日, 主催:生命化学研究会*</p> <p>55. Masaki Mishima, Teppei Kanaba, Ayaho Kobayashi, <u>Yutaka Ito</u> & Suzuka Mikami, "Weak and transient interaction underlying the transcriptional corepressor SHARP/SMRT complex", ISNMR 2011, The international symposium on nuclear magnetic resonance 2011, (第 50 回 NMR 討論会), 横浜, H23 年 11 月 17 日, 主催:日本核磁気共鳴学会</p> <p>56. Jumpei Hamatsu, Takahiro Shirai, Daniel Nietlispach, Teppei Ikeya, Masaki Mishima, Masahiro Shirakawa, & <u>Yutaka Ito</u>, "Structural and dynamic studies of proteins in living cells by in-cell NMR spectroscopy", ISNMR 2011, The international symposium on nuclear magnetic resonance 2011, (第 50 回 NMR 討論会), 横浜, H23 年 11 月 16-18 日, 主催:日本核磁気共鳴学会*</p> <p>57. Saori Hosoya, Tomomi Hanashima, Junpei Hamatsu, Teppei Ikeya, Masaki Mishima, Peter Güntert, Masahiro Shirakawa & <u>Yutaka Ito</u>, "Structure determination of the protein G B1 domain in living cells by in-cell NMR spectroscopy", ISNMR 2011, The international symposium on nuclear magnetic resonance 2011, (第 50 回 NMR 討論会), 横浜, H23 年 11 月 16-18 日, 主催:日本核磁気共鳴学会*</p> <p>58. Kaori Onishi, Jumpei Hamatsu, Dambarudhar S. S. Hembram, Takahiro Haremakei, Teppei Ikeya, Masaki Mishima, Masahiro Shirakawa, & <u>Yutaka Ito</u>, "Heteronuclear multidimensional NMR spectroscopy of proteins in human cultured cells", ISNMR 2011, The international symposium on nuclear magnetic resonance 2011, (第 50 回 NMR 討論会), 横浜, H23 年 11 月 16-18 日, 主催:日本核磁気共鳴学会*</p> <p>59. Teppei Kanaba, Tomoyuki Mori, Ryoko Maesaki, <u>Yutaka Ito</u>, Toshio Hakoshima & Masaki Mishima, "Autoinhibition and activation of end-binding 1 revealed by NMR", ISNMR 2011, The international symposium on nuclear magnetic resonance 2011, (第 50 回 NMR 討論会), 横浜, H23 年 11 月 16-18 日, 主催:日本核磁気共鳴学会</p> <p>60. Katsutaka Akiyoshi, Kensuke Miyazaki, Teppei Kanaba, Ryoko Maesaki, <u>Yutaka Ito</u> & Masaki Mishima, "An attempt to obtain the structural insight of the multidomain protein PKC by solution NMR", ISNMR 2011, The international symposium on nuclear magnetic resonance 2011, (第 50 回 NMR 討論会), 横浜, H23 年 11 月 16-18 日, 主催:日本核磁気共鳴学会</p> <p>61. Ayaho Kobayashi, Suzuka Mikami, Teppei Kanaba, <u>Yutaka Ito</u> & Masaki Mishima, "Structural and dynamical studies of transcriptional corepressor SHARP/SMRT</p>
--	---

	<p>complex", ISNMR 2011, The international symposium on nuclear magnetic resonance 2011, (第 50 回 NMR 討論会), 横浜, H23 年 11 月 16-18 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会</p> <p>62. Kouhei Sakaki, Katsutaka Akiyoshi, <u>Yutaka Ito</u> & Masaki Mishima, "Structural study of ternary complex formation of IRF4 using NMR", ISNMR 2011, The international symposium on nuclear magnetic resonance 2011, (第 50 回 NMR 討論会), 横浜, H23 年 11 月 16-18 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会</p> <p>63. Kunimichi Saeki, Ryoko Maesaki, <u>Yutaka Ito</u>, Toshio Hakoshima & Masaki Mishima, "Structural studies of tubulin tyrosine ligase 1", ISNMR 2011, The international symposium on nuclear magnetic resonance 2011, (第 50 回 NMR 討論会), 横浜, H23 年 11 月 16-18 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会</p> <p>64. Teppei Ikeya, Masaki Mishima, <u>Yutaka Ito</u> & Peter Güntert, "NMR structure refinement by torsion angle molecular dynamics simulation using a physical force field in CYANA", ISNMR 2011, The international symposium on nuclear magnetic resonance 2011, (第 50 回 NMR 討論会), 横浜, H23 年 11 月 16-18 日, 主催: 日本核磁気共鳴学会*</p> <p>65. <u>伊藤 隆</u>, 濱津順平, 花島知美, 細谷沙織, 大西香穂里, 白井隆弘, 晴被貴洋, Dambarudhar S. S. Hembram, 三島正規, 池谷鉄兵, Peter Güntert, 白川昌宏, 「NMR を用いた細胞構造生物学」, 分子アンサンブル 2011, 和光, H23 年 11 月 11 日, 主催: 理化学研究所*</p> <p>66. <u>Yutaka Ito</u>, "Practical aspects of protein structure determination by in-cell NMR.", The 4th Asia-Pacific NMR Symposium, 北京, 中国, H23 年 10 月 18 日*</p> <p>67. Masaki Mishima (代表発表者), "Structural basis for the transcriptional regulation by SHARP", The 4th Asia-Pacific NMR Symposium, 北京, 中国, H23 年 10 月 17 日</p> <p>68. 三島正規 (代表発表者), "Molecular recognition of the C-terminal region of SMRT by SHARP and its dynamical aspect in transcriptional regulation", 第 49 回 日本生物物理学会年会, 姫路, H23 年 9 月 16 日, 主催: 日本生物物理学会</p> <p>69. <u>伊藤 隆</u>, 「NMR を用いた細胞構造生物学」, 蛋白研セミナー「先端的 NMR 拠点から生まれる新たな潮流: 最新成果, 役割, 利用」, 大阪, H23 年 7 月 29 日, 主催: 大阪大学*</p> <p>70. <u>伊藤 隆</u>, 「多次元 NMR の原理と測定時間を短縮するアプローチ」, 日本分光学会 NMR 講習会, 東京, H23 年 7 月 20 日, 主催: 日本分光学会*</p> <p>71. <u>伊藤 隆</u>, 「生細胞内蛋白質の立体構造決定」, 第 11 回日本蛋白質科学会年会, ワークショップ「核磁気共鳴の高感度化が拓く生体内蛋白質計測の未来」, 大阪, H23 年 6 月 8 日, 主催: 日本蛋白質科学会*</p> <p>72. 金場哲平, 佐伯邦道, 森 智行, 前崎綾子, <u>伊藤 隆</u>, 箱嶋敏雄, 三島正規, 「微小管ダイナミクスを制御する蛋白質群についての構造研究」, 第 11 回日本蛋白質科学会年会, 大阪, H23 年 6 月 8 日, 主催: 日本蛋白質科学会</p> <p>73. 秋吉克昂, 宮崎健介, 金場哲平, <u>伊藤 隆</u>, 三島正規, 「NMR 法によるマルチドメインタンパク質 Protein kinase C の構場造解析の試み」, 第 11 回日本蛋白質科学会年会, 大阪, H23 年 6 月 8 日, 主催: 日本蛋白質科学会</p> <p>74. 井上 仁, 永江峰幸, 三島正規, <u>伊藤 隆</u>, 柴田武彦, 美川 務, 「蛋白質間相互作用により生じる単鎖 DNA 結合蛋白質 (SSB/ RPA) の ssDNA からの解離の一般的機構」, 第 11 回日本蛋白質科学会年会, 大阪, H23 年 6 月 8 日, 主催: 日本蛋白質科学会</p> <p>75. <u>伊藤 隆</u>, 「NMR を用いた細胞構造生物学」, よこはま NMR 構造生物学研究会第 41 回ワークショップ: 「最先端 NMR 技術で切り拓く構造生物学の未来」(よこはま NMR 構造生物学研究会主催), 横浜市, H23 年 3 月 2 日*</p> <p>一般向け 計 3 件 (全て本研究の直接の成果の発表)</p> <p>1. <u>伊藤 隆</u>, 「生きた細胞の中の蛋白質の立体構造やフレキシビリティを「その場観察」する!」, 首都大学東京・オープンユニバーシティ PRI シリーズ, 東京, H26 年 2 月 14 日</p> <p>2. <u>伊藤 隆</u>, 「細胞の中の蛋白質の「姿と動き」を見る」, 首都大学東京・オープンユニバーシ</p>
--	---

様式21

	<p>ティー PRI シリーズ, 東京, H25 年 2 月 20 日</p> <p>3. 伊藤 隆, 「生きた細胞中の蛋白質の立体構造を決定する」, 首都大学東京・オープンユニバーシティー PRI シリーズ, 東京, H24 年 2 月 15 日</p>
<p>図 書</p> <p>計 2 件</p>	<p>1. 伊藤 隆, 「In-cell NMR を用いた細胞内蛋白質の立体構造解析」, 蛍光イメージング/MRI プローブの開発(監修: 菊地和也) 分担執筆, シーエムシー出版, H23 年 9 月, 総ページ数: 196 ページ, ISBN コード: 978-4-7813-0454-0</p> <p>2. 伊藤 隆, 「細胞内環境での蛋白質の立体構造解析」, 広がる NMR の世界(編著: 朝倉哲郎) 分担執筆, コロナ社, H23 年 4 月, 総ページ数: 192 ページ, ISBN コード: 978-4-339-06619-7</p>
<p>産業財産権 出願・取得 状況</p> <p>計 0 件</p>	<p>(取得済み) 計 0 件</p> <p>(出願中) 計 0 件</p>
<p>Webページ (URL)</p>	<p>首都大学東京・大学院理工学研究科・分子物質化学専攻, 有機構造生物化学研究室, 伊藤グループ・ホームページ, http://www.comp.tmu.ac.jp/osbc/Group_lto/index.html</p>
<p>国民との科 学・技術対 話の実施状 況</p>	<p>1. In-cell NMR トレーニングコース 2014, 平成 26 年 3 月 18-19 日, 理化学研究所・横浜研究所, 専門家(企業の研究者含む)対象, 約 40 名参加. 木川隆則博士(理化学研究所), 白川昌宏教授(京都大学)と共同で主催. 本研究の成果である in-cell NMR の最新手法の紹介と, 細胞や NMR 装置を用いた実演・演習を行った.</p> <p>2. 首都大学東京オープンユニバーシティー, PRI シリーズ, 「生きた細胞の中の蛋白質の立体構造やフレキシビリティを「その場観察」する!」, 平成 26 年 2 月 14 日, 首都大学東京飯田橋キャンパス, 一般対象, 約 20 名参加. 本研究の背景および内容についてわかりやすく説明した.</p> <p>3. 第 36 回日本分子生物学会年会ワークショップ”Cellular structural biology by <i>in situ</i> magnetic resonance spectroscopy”, 平成 25 年 12 月 5 日, 神戸ポートアイランド, 専門家対象, 約 60 名参加. 菅瀬謙治博士(サントリー)と共同で主催. 国内外の研究者に, in-cell NMR および関連分野における最新の研究成果を紹介していただいた. 伊藤自身も最新の成果について報告した.</p> <p>4. 首都大学東京オープンユニバーシティー, PRI シリーズ, 「細胞の中の蛋白質の「姿と動き」を見る」, H25 年 2 月 20 日, 首都大学東京飯田橋キャンパス, 一般対象, 約 50 名参加, 本研究の背景および内容についてわかりやすく説明した.</p> <p>5. 首都大学東京オープンユニバーシティー, PRI シリーズ, 「生きた細胞中の蛋白質の立体構造を決定する」, H24 年 2 月 15 日, 首都大学東京飯田橋キャンパス, 一般対象, 約 50 名参加, 本研究の背景および内容についてわかりやすく説明した.</p>
<p>新聞・一般 雑誌等掲載 計 0 件</p>	
<p>その他</p>	<p>特になし.</p>

様式21

7. その他特記事項

特になし.