

令和 4 年 5 月 16 日現在

機関番号：13901

研究種目：基盤研究(B)（一般）

研究期間：2018～2021

課題番号：18H03331

研究課題名（和文）タンパク質ヘテロ複合体の構造変化を大規模自動解析する

研究課題名（英文）Structural changes of hetero-oligomers in the Protein Data Bank

研究代表者

太田 元規（Ota, Motonori）

名古屋大学・情報学研究科・教授

研究者番号：40290895

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 13,200,000円

研究成果の概要（和文）：タンパク質のヘテロ複合体の多くは過渡的で、生理活性を高度に制御調節する。タンパク質の構造変化と機能発現は密接に関係しているため、ヘテロ複合体の構造変化には、特有の機能発現機構を解く鍵がある。本研究ではPDBに格納された立体構造から確からしい生状態のヘテロ複合体を網羅的に抽出した。次にヘテロダイマーを対象に複合体同士の立体構造比較を行い、構造変化を系統的に解析して運動を分類した。この時、申請者らが開発した、複合体の構造比較法：SCPCと、立体構造変化の同定・記述法：Motion Treeを利用した。ヘテロダイマーではホモダイマーと比べ、インターフェースで発生する運動が稀なことを発見した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

タンパク質は複合体構造をとって働くものが多い。またタンパク質の働きには構造変化が関与する。以上のことから複合体の構造変化研究は生命の成り立ちや疾病への対処を考える際に必須である。構造決定されたタンパク質の立体構造はPDBに登録されているが、そこから生状態の構造を選択することは難しい。本研究ではまず、膨大なPDBデータから尤もらしい生状態構造を取得する方法を確立した。次にヘテロダイマーを対象を絞り、構造変化を大規模に解析し、インターフェースを利用した運動が少ないことを発見した。生理活性の調節に関与するヘテロマーの運動について知見が得られたことは、その機能発現メカニズム解明の端緒となる。

研究成果の概要（英文）：Most of the protein hetero oligomers are the transient complexes and regulate physiological activities. Because protein structural change associates with its function, the study of the structural change is important to elucidate the molecular mechanism of protein function. In this study, we extracted the most plausible physiological structures of oligomers from the PDB. We compared structures of the identical hetero-dimers, analysed structural changes systematically and classified them using the protein families as the unit of statistics. To this purpose, we utilized two original applications. SCPS detected the binding mode of hetero-dimers and Motion Tree identified and illustrated structural changes. We found that the interface motions are rarer in the hetero-dimers than the homo-dimers.

研究分野：生命情報学

キーワード：立体構造 構造変化 構造機能相関

様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

生命現象の主要な担い手であるタンパク質分子は、他のタンパク質、低分子リガンド、脂質、核酸などと接触して変化を与え、機能性高分子として働く。接触から機能する過程で、タンパク質は立体構造を変化させる。例えば転移酵素はリガンドを覆うように構造変化して結合し、反応後に構造を開いて生成物をリリースする。構造変化は機能がどのように発現するかを理解する上で欠かすことができない。また、タンパク質には単体で働くものもあるが、その多くは他のタンパク質と複合体を形成し機能する。複合体には生体内でサブユニット構成が変化しない安定複合体と、環境により構成が変化する過渡的複合体があるが、生理活性の高度な制御調節には過渡的複合体が利用されている。例えば F-ATPase では ϵ サブユニットの着脱で活性が調節されている。RNA ポリメラーゼでは σ 因子の結合が転写開始を制御する。通常、同一のタンパク質サブユニットから構成されるホモ複合体は安定な複合体だが、異なるサブユニットから構成されるヘテロ複合体は過渡的な複合体となることができる。サブユニット構成を変化させることができる過渡的複合体は生命活動に重要である。

我々はタンパク質複合体の構造変化を調べるためのアルゴリズムとツールを開発してきた。SCPC は複合体の構造比較を行う方法である。SCPC を 2 つの複合体構造に適用すると、複合体の結合モードが同一か異なるかを判定できる。Motion Tree は 2 つの立体構造を比較して運動のユニットとなる剛体部分を同定する。これまでに SCPC と Motion Tree を利用して、PDB (Protein Data Bank) に登録されているホモダイマーの運動を統計的に調査した。

2. 研究の目的

PDB に登録されている立体構造から生状態の構造と思われるヘテロ複合体を網羅的に抜き出し、それらの立体構造変化を調査する。ヘテロダイマーに注目し、複合体特有の運動がどのくらいのタンパク質ファミリーで見られるのかの統計をとる。

3. 研究の方法

PDB から生状態の立体構造を抽出する方法を確立し、そのパイプラインを構築する。抽出されたバイオロジカルユニット (BU) を利用して複合体構造の対を作成する。最初のステップとしてヘテロダイマーに注目し、構造対について SCPC を適用する。結合モードが同一の構造対について Motion Tree を適用する。構造対を同一のタンパク質ファミリー毎にまとめて統計をとり、ヘテロダイマーの構造変化に複合体特有のものがどれだけ含まれているかを検討する。

4. 研究成果

(1) 生状態の複合体立体構造の抽出方法の確立: PDB に登録されている立体構造は、そのままの構造が生状態を反映しているわけではない。本来はモノマーであるがアシンメトリックユニットにダイマーが登録されていることもあるし(その場合サブユニットを分離する)、逆もある(モノマーに対称操作を施しホモダイマーにする)。生状態かもしれない立体構造はあらかじめ PDB より BU として提供されているが、全ての BU が生状態ではない。このような状況のもと、最も生状態として確からしい BU を PDB から抽出する方法を試行錯誤しながら作成した。PDB フォーマットの BU, mmCIF, XML の三種類のファイル形式を用意し、mmCIF の記述から「著者とプログラム判定が生状態」としているものを選択し、図 1 のような流れで BU を得た。イムノグロブリンフォールドは複合体の多くを占めるため統計を取る時に偏りとなる。よって CATH の情報を使い除いた。得られた生状態の BU (図 1 中程の青字) の統計を図 2 上図に示す。BU の総数は 13000 ほどになった。

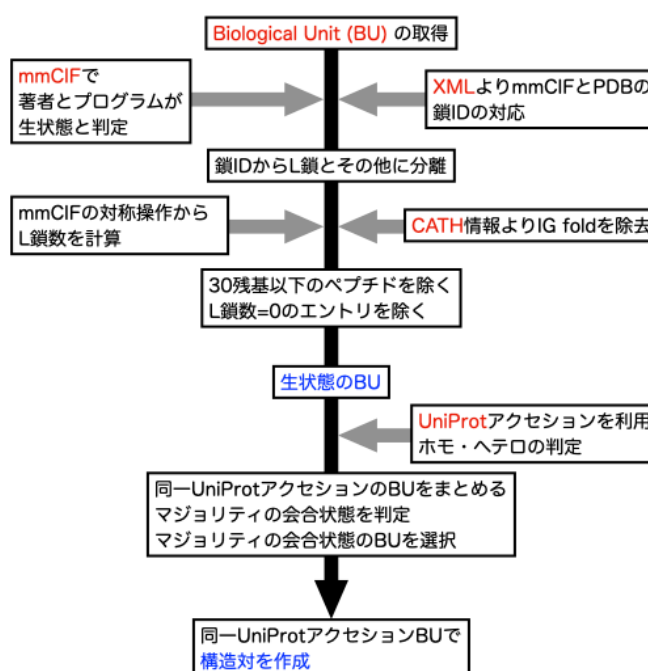


図 1: 生状態のバイオロジカルユニットの抽出と複合体の構造対を作成するパイプライン。入力としたデータは赤字で示した。図 2 で利用するデータは青字で示した。

(2) 複合体の構造対の作成: UniProt のアクセシオン番号 (タンパク質の ID) を利用して, BU の構造がホモ複合体かヘテロ複合体かを判定した. アクセシオン (のペアやグループ) が同一の BU ごとにまとめて, その中で一番多い会合状態 (4つの BU がダイマーで, 2つの BU がテトラマーならダイマーとする) をそのアクセシオンの会合状態として割り付けた. 他の BU は除いた. 得られた構造対の統計 (図 1 下部の青字) を図 2 下図に示す. 構造対の総数は 10 万程度であった.

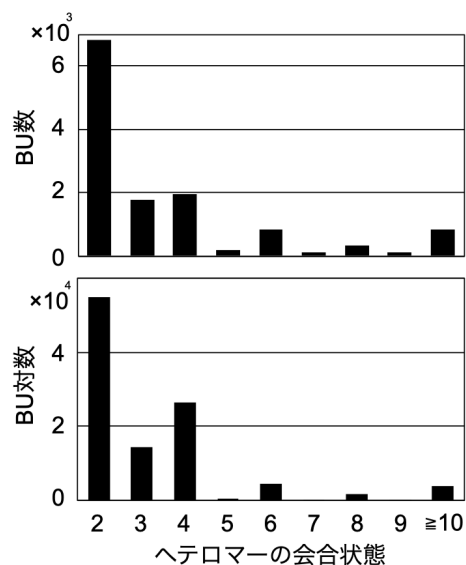


図 2: 得られた BU と構造対の統計

(3) ヘテロダイマーの解析 (前処理と SCPC): 図 2 からは BU 数も構造対数もヘテロダイマーが突出していることがわかる. 構成因子も複合体では最少であるため扱いやすい. 以上のことからヘテロダイマーを解析対象とした.

1) SCCS の付加: 解析結果は同じようなタンパク質が多重にカウントされると統計を歪めるため, タンパク質のファミリー単位でカウントする必要がある. これを行うため本研究ではタンパク質の立体構造を分類したデータベース, SCOP の ID

(SCCS: SCOP concise classification strings) を参照することにした. PDB_ID と残基番号と, SCCS の参照テーブルを利用して, 各 BU に SCCS を付与した. SCCS が不明な BU は解析対象から除外した.

2) MODEL の扱いの変更: 構造対の BU の座標ファイルで, 分子を MODEL 項目を利用して記述している PDB ファイルは解析プログラムが扱えない場合がある. よって, 座標ファイルを改変し, MODEL 項目の扱いを全て鎖 ID の扱いに変更した. 座標ファイルを二次構造 (SSE) 判定プログラム: DSSP に入力し, SCPC の処理を正確にするために, SSE の数が 2 以下の BU は除外した.

3) 異なるリガンドを含む構造対: 構造変化の解析では, 構造変化を引き起こす根拠が求められる. 一般には結合物質が異なることや翻訳後修飾 (PTM) などで構造変化が起きると考えられるので, BU に含まれるリガンドと PTM を調べ, それらが同じ構造対は除外した. この時, SO4 などの結晶構造解析でしばしば添加されるリガンドは付加されていないものとして比較を実施した.

4) SCPC: 構造対について SCPC の計算を実行し, 結合モードが同一のもの (SCPC の R スコアが 20 以上) を選択した. 1-4) の処理を経て得られた構造対は 14545 であった (図 2 下図のダイマーの 1/3 弱に減少した).

(4) ヘテロダイマーの解析 (Motion Tree): 結合モードが一致する構造対に対して Motion Tree を網羅的に適用し, 運動を分類した. Motion Tree では顕著な構造変化 (Effective node) が見られた時に, 全体構造を 2 つの構造ユニットに分割する. 構造変化が連続して起きた場合 (次の Effective node), 構造ユニットが更に 2 つの構造ユニットに分割される. 2 つの構造ユニットに, ヘテロダイマーを構成する 2 つのプロトマー領域が含まれるか, 含まれないかは 4 桁の 1/0 列で表現できる. 例えば最初の 2 桁は構造ユニット 1, 次の 2 桁は構造ユニット 2 に対応し, 1 桁と 3 桁に 1 が立てばプロトマー A を含む, 2 桁と 4 桁に 1 が立てばプロトマー B を含む, ということを示すとする. ダイマーの構造変化には以下の 3 種類が考えられる.

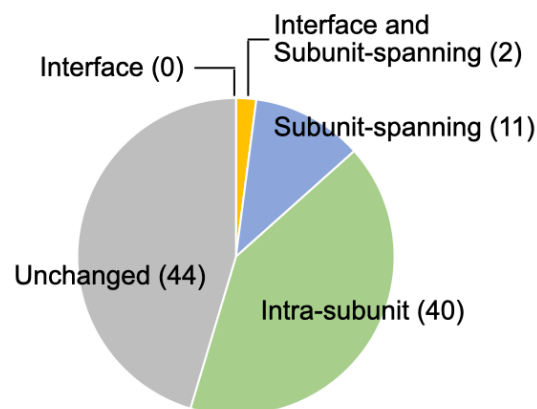


図 3: ヘテロダイマーの運動. 97 の SCCS のファミリーが同じヘテロダイマー単位で運動をまとめた. 2 つのファミリーでインターフェース運動とサブユニットに渡る運動の両方が観察された (黄). 11 のファミリーでサブユニットに渡る運動が観察された (青).

1) インターフェース運動 (Interface motion: 1001, 0110): 構造変化がプロトマーの相互作用面で発生する運動. 各構造ユニットが A と B のみから構成される.

2) サブユニットに渡る運動 (Subunit-spanning motion: 1111): 構造変化が相互作用面を横切るような場所を軸として発生する運動. 各構造ユニットが A と B の両方から

構成される。

3) サブユニット内の運動 (Intra-subunit motion: 1011, 0111, 1110, 1101, 1010, 0101) : 構造変化がプロトマー内で発生する運動. 1つの構造ユニットはAかBのいずれかから構成される. ここに含まれるプロトマーは, もう1つの構造ユニットにも含まれる.

インターフェース運動とサブユニットに渡る運動はモノマーでは見られず, ダイマー構造をとって初めて見られる複合体特有の運動である. それに対しサブユニット内の運動はモノマーでも観察される運動になる. Motion Treeの結果を4桁表記して, 各BU構造対の運動をEffective node毎に分類した. SCCSのファミリー毎に統計をとり, 構造変化しない場合を含め

てまとめた. この時, 1つでも運動があれば (他の構造対では運動が見られなくても) それを採用した. 同一SCCSを持つ構造対の中に1つでも複合体特有の運動があれば, それを採用した. 得られた統計データを図3に示す. 驚くべきことに, 電頭構造などを除く全PDBのヘテロダイマーを対象としても, たった93ファミリーの統計しか得ることができない. これを見ると, 構造変化は全体の55%で発生している. ホモダイマーの場合も全体の55%であったので, 構造変化の発生頻度には差がない. しかし構造変化の内訳は異なり, ヘテロダイマーではサブユニット内の運動が構造変化の75%を占める (ホモダイマーでは60%). つまり複合体特有の運動は少ない. 特にインターフェース運動は2つのファミリーでしか見られず (構造変化の2% : ホモダイマーでは9%), 圧倒的に少ないことがわかった. ホモダイマーの解析では, インターフェース運動は小さい相互作用面で発生することがわかっている. ヘテロダイマーは過渡的複合体を多く含むのでホモダイマーに比べて相互作用面は一般的に小さいはずである. そうであればインターフェース運動は頻発しても良いはずだが統計はそうではなかった. 運動を観測するには安定な相互作用の状態が複数必要となる. ヘテロダイマーは安定な相互作用ができる範囲が狭いため, 複数の安定状態を確保できず, 結合と乖離という2状態しか観測できないのではないかと考えている. 図4にインターフェース運動を含むMotion Treeの例を示す. この運動はヒトのサイクリン依存性キナーゼ2 (SCCS: d144.1.7) とサイクリンA2 (a.74.1.1+a.74.1.1) の複合体で見られた (PDB: 1fvvのBU1と2uzbのBU2). 1fvvはリガンド107 (3文字表記) を含む. 2uzbはC75を含み, 160番目のThrがリン酸化されている. 図4ではEffective node Aでまずインターフェース運動が起き, その後Effective node Bではサイクリン依存性キナーゼ2内で小さなセグメントの運動が起きている.

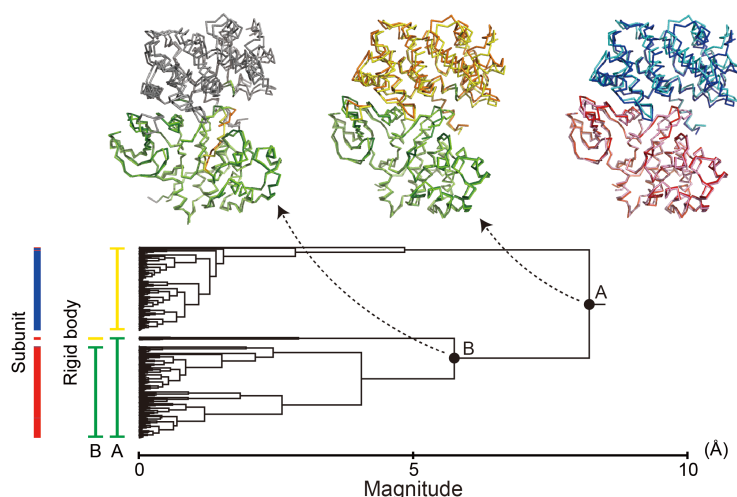


図4: インターフェース運動の例. サイクリン依存性キナーゼ2とサイクリンA2のヘテロダイマーで見られる運動. BUはPDB_code: 1fvvのBU1と2uzbのBU2を利用した. 右の複合体では赤と青が1fvvのサイクリン依存性キナーゼ2とサイクリンA2, ピンクとシアンが2uzbのサイクリン依存性キナーゼ2とサイクリンA2を示す. 構造が大きいサイクリン依存性キナーゼ2で重ね合わせた. Effective node Aでは構造ユニットを緑系とオレンジ系の色で表しているが, それぞれがサイクリン依存性キナーゼ2とサイクリンA2に対応している.

(5) ホモログヘテロダイマーの観察: 生状態のヘテロダイマー (図2上図) には配列は異なるがSCCSとしては相同なヘテロダイマーであるホモログヘテロダイマーを多く含んでいた (50ファミリー). これらの機能と進化を調べるために, 配列の変化と構造対称性の崩れを観察した. 複合体が含む2つのプロトマーで構造アラインメントを実施し, 配列一致度を計算した. 立体構造はプロトマー同士を重ね合わせRMSDを計算した (プロトマーRMSD). また, プロトマーを入れ替えて重ね合わせRMSDを計算し, 対称性の崩れを求めた (複合体RMSD). 配列一致度がある程度低くなくても複合体RMSDはプロトマーRMSDと相関するが, 配列置換だけではなく配列に挿入・欠損が生じるようになるとプロトマーRMSDからは説明できない複合体RMSDの増加 (対称性の崩れ) が発生することが観察できた.

本研究ではPDBとUniProtの情報を駆使して確からしい生状態の複合体構造を得る方法確立した. ヘテロダイマーに着目して構造変化を解析し, インターフェース運動が稀であることを発見した. 今後はより詳細な構造の調査を実施し, 構造と機能の関連を深めて論文化を進める.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計10件（うち査読付論文 9件 / うち国際共著 0件 / うちオープンアクセス 4件）

1. 著者名 Takeda Shuichi, Koike Ryotaro, Fujiwara Ikuko, Narita Akihiro, Miyata Makoto, Ota Motonori, Ma?da Yuichiro	4. 巻 433
2. 論文標題 Structural Insights into the Regulation of Actin Capping Protein by Twinfilin C-terminal Tail	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Journal of Molecular Biology	6. 最初と最後の頁 166891 ~ 166891
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.jmb.2021.166891	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Takeda Shuichi, Koike Ryotaro, Nagae Takayuki, Fujiwara Ikuko, Narita Akihiro, Ma?da Yuichiro, Ota Motonori	4. 巻 77
2. 論文標題 Crystal structure of human V-1 in the apo form	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Acta Crystallographica Section F Structural Biology Communications	6. 最初と最後の頁 13 ~ 21
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1107/S2053230X20016829	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 R. Koike, M. Amano, K. Kaibuchi, M. Ota	4. 巻 29
2. 論文標題 Protein kinases phosphorylate long disordered regions in intrinsically disordered proteins	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Prot. Sci.	6. 最初と最後の頁 564-571
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1002/pro.3789	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 R. Koike, M. Ota	4. 巻 16
2. 論文標題 All Atom Motion Tree detects side chain-related motions and their coupling with domain motion in proteins	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Biophys. Physicobiol.	6. 最初と最後の頁 280-286
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2142/biophysico.16.0_280	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 太田元規, 福地佐斗志	4. 巻 37
2. 論文標題 天然変性タンパク質: 既知のこと, 未知のこと	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 実験医学	6. 最初と最後の頁 3077-3082
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Minami Shintaro, Sawada Kengo, Ota Motonori, Chikenji George	4. 巻 34
2. 論文標題 MICAN-SQ: a sequential protein structure alignment program that is applicable to monomers and all types of oligomers	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 3324 ~ 3331
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bioinformatics/bty369	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

〔学会発表〕 計31件 (うち招待講演 8件 / うち国際学会 8件)

1. 発表者名 Wenruo Cao, Ryotaro Koike, Motonori Ota
2. 発表標題 Directed Protein-Protein Interaction Network Representing Intracellular Signaling Pathways
3. 学会等名 第59回日本生物物理学会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Kota Ito, Clara Shionyu, Yasunobu Sugimoto, Ryotaro Koike, Motonori Ota
2. 発表標題 Structural characterization of homologous hetero-oligomers
3. 学会等名 第59回日本生物物理学会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Haruka Tanimoto, Ryotaro Koike, Motonori Ota
2. 発表標題 Relationship between Length of Intrinsically Disordered Regions and Protein Function
3. 学会等名 第59回日本生物物理学会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 小池亮太郎, 森次圭, 太田元規
2. 発表標題 異なる機能状態にあるアクチンの構造ゆらぎとその相関関係
3. 学会等名 第21回日本蛋白質科学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Ryotaro Koike, Motonori Ota
2. 発表標題 Elastic network model analysis shows distinct flexibilities of capping protein bound to CARMIL or twinfilin
3. 学会等名 第59回日本生物物理学会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Ryotaro Koike, Motonori Ota
2. 発表標題 Structural flexibility of actin in molecular dynamics simulation
3. 学会等名 環太平洋国際化学会議2021 (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Ryotaro Koike, Mutsuki Amano, Kozo Kaibuchi, Motonori Ota
2. 発表標題 Protein kinases phosphorylate long intrinsically disordered regions of substrate proteins
3. 学会等名 環太平洋国際化学会議2021 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 S. Minami, T. Niwa, E. Uemura, R. Koike, H. Taguchi, M. Ota
2. 発表標題 Small structural pattern common in chaperonin GroE substrate proteins
3. 学会等名 第59回日本生物物理学会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 太田元規, 嘉戸裕美子, 坂本盛宇, 細田和男, 鹿間周子, 大安裕美, 高木大輔, 安保勲人, 山口敦子, 畠中秀樹, 小池亮太郎, 廣明秀一, 福地佐斗志
2. 発表標題 天然変性タンパク質データベース: IDEAL (@2021)
3. 学会等名 トーゴの日シンポジウム2021
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 岩塚光輝, 太田元規, 福地佐斗志, 安保勲人
2. 発表標題 データベースアノテーションに基づく液滴の分析
3. 学会等名 第58回日本生物物理学会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 太田元規, 福地佐斗志
2. 発表標題 液滴を作るタンパク質に見られる天然変性タンパク質
3. 学会等名 CBI学会2020年大会 (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 太田元規, 嘉戸裕美子, 坂本盛宇, 細田和男, 山口敦子, 畠中秀樹, 小池亮太郎, 廣明秀一, 福地佐斗志
2. 発表標題 天然変性タンパク質データベース: IDEAL
3. 学会等名 トーゴの日シンポジウム2020
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Motonori Ota, Satoshi Fukuchi
2. 発表標題 Intrinsically disordered proteins (IDPs) included in droplets
3. 学会等名 第43回日本分子生物学会 (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 太田元規, 福地佐斗志
2. 発表標題 液滴形成の生命情報解析
3. 学会等名 相分離メガネをかけて生命現象を見てみよう(トランスフォーマティブ化学生命融合大学院プログラム) (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Ryotaro Koike, Motonori Ota
2. 発表標題 Structural flexibility of actin studied by molecular dynamics simulation
3. 学会等名 第58回日本生物物理学会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 小池亮太郎, 太田元規
2. 発表標題 全原子Motion Treeとドメイン運動に伴う側鎖の運動
3. 学会等名 第19回日本蛋白質科学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 葉山雄揮, 小池亮太郎, 太田元規
2. 発表標題 タンパク質-タンパク質間相互作用の有向ネットワークが示す細胞内情報伝達
3. 学会等名 第19回日本蛋白質科学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Ryotaro Koike, Motonori Ota
2. 発表標題 Full-atom Motion Tree detects side-chain motions and their coupling with domain motions
3. 学会等名 第57回日本生物物理学会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Ryotaro Koike, Motonori Ota
2. 発表標題 Structural flexibility of actin monomer in molecular dynamics simulation
3. 学会等名 11th Toyota Riken International Workshop, Actin Workshop (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 太田元規・嘉戸裕美子, 坂本盛宇, 細田和男, 山口敦子, 畠中秀樹, 小池亮太郎, 廣明秀一, 福地佐斗志
2. 発表標題 天然変性タンパク質データベース: IDEAL
3. 学会等名 トーゴの日シンポジウム2019
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Motonori Ota
2. 発表標題 Structural pattern that would be recognized by GroE
3. 学会等名 Patterns in protein sequence and structure (reloaded) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Motonori Ota
2. 発表標題 A database of intrinsically disordered proteins: IDEAL
3. 学会等名 Elixir IDP user community meeting (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 葉山雄揮, 太田元規
2. 発表標題 - 相互作用と相分離現象
3. 学会等名 第2回LLPS研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 太田元規・福地佐斗志
2. 発表標題 液滴を作るタンパク質に見られる天然変性タンパク質
3. 学会等名 大阪大学蛋白研セミナー (第3回LLPS研究会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 小池亮太郎, 天野睦紀, 貝淵弘三, 太田元規
2. 発表標題 リン酸化部位を含む天然変性領域
3. 学会等名 第18回日本蛋白質科学会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 嘉戸裕美子, 細田和男, 坂本盛宇, 小池亮太郎, 福地佐斗志, 太田元規
2. 発表標題 リン酸化によって誘起されるイベントのRDF記述フォーマット
3. 学会等名 第18回日本蛋白質科学会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 柴田哲郎, 南慎太郎, 小池亮太郎, 太田元規
2. 発表標題 類縁タンパク質立体構造中の二次構造スワップの解析
3. 学会等名 第18回日本蛋白質科学会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Ryotaro Koike, Kei Moritsugu, Motonori Ota
2. 発表標題 Description of structural changes by Motion Tree
3. 学会等名 63rd Annual Meeting of the Biophysical Society (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Motonori Ota
2. 発表標題 A database of intrinsically disordered protein: IDEAL (and its application to Protean segments)
3. 学会等名 17th European Conference on Computational Biology Pre-meeting "Intrinsically disordered proteins: advances and state-of-the-art of the field" (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Motonori Ota
2. 発表標題 Property of intrinsically disordered "hub" proteins
3. 学会等名 4th Symposium on non-globular proteins (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 太田元規, 嘉戸裕美子, 坂本盛宇, 細田和男, 小池亮太郎, 廣明秀一, 福地佐斗志
2. 発表標題 天然変性タンパク質データベース: IDEAL
3. 学会等名 トーゴの日シンポジウム2018
4. 発表年 2018年

〔図書〕 計2件

1. 著者名 福地佐斗志, 太田元規	4. 発行年 2021年
2. 出版社 ニューサイエンス社	5. 総ページ数 78(うち4)
3. 書名 天然変性タンパク質の機能部位: 理解の変容と進展(月刊細胞710号)	

1. 著者名 太田元規, 福地佐斗志	4. 発行年 2020年
2. 出版社 東京化学同人	5. 総ページ数 402(うち5)
3. 書名 ドロプレット形成のデータベースと予測(相分離生物学の全貌 白木賢太郎編)	

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関