

Structural Energy Bioscience Research Section

M. Katahira, Professor
 T. Nagata, Associate Professor
 Y. Yamaoki, Assistant Professor

Introduction

We investigate how biomolecules such as proteins (including enzymes) and functional nucleic acids (DNA and RNA) operate at atomic resolution using structural biology approaches with NMR. By determining both static and dynamic structures, supported by the development of novel methodologies, we elucidate the mechanisms underlying their functions. We also apply structural biology to analyze enzymes involved in degradation of woody biomass at atomic resolution. This analysis contributes to the development of methods for extracting energy and valuable compounds from woody biomass, which can serve as raw materials for a wide range of products. Through these efforts, we aim to support the paradigm shift from oil-based refineries to biorefineries. The following are the main research achievements of 2025.

1. Structural insights into feruloyl esterases and their potential for polyester degradation

Feruloyl esterases (FAEs) are serine hydrolases that cleave feruloyl ester linkages in lignocellulosic biomass, thereby improving substrate accessibility for other enzymes involved in biomass degradation. Among the FAEs available in current database, several fungal FAEs are of particular interest because of their relatively broad substrate tolerance toward aromatic esters, including feruloyl esters and diferulates. Previous structural and biochemical analyses revealed that certain fungal FAEs possess an open substrate-binding pocket that can accommodate bulky aromatic ester substrates. Based on these structural features, this study examined whether fungal FAE candidates could act on synthetic aromatic polyester-related compounds. Enzymatic activity assays were conducted using polyethylene terephthalate (PET) and its model substrates, bis(2-hydroxyethyl) terephthalate (BHET) and mono(2-hydroxyethyl) terephthalate (MHET), to evaluate whether these enzymes can hydrolyze ester bonds in PET-related compounds. These experiments provided an initial assessment of FAE activity toward PET-related substrates. In parallel, structural analyses using X-ray crystallography were performed to investigate how these enzymes accommodate PET-related aromatic esters within their active site architecture. These

structural insights provide a basis for understanding the molecular basis of substrate recognition in fungal FAEs and help define their substrate scope (Figure 1). Together, these findings suggest that fungal FAEs may have potential for polyester degradation and provide a foundation for future studies aimed at improving their activity toward polyester substrates.

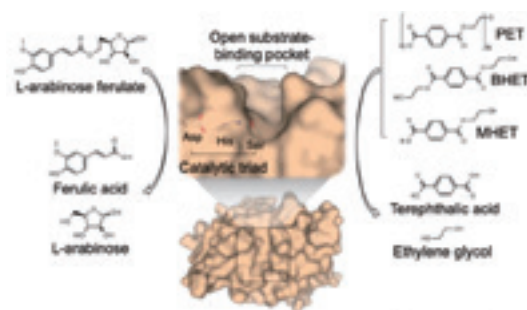


Figure 1. Structural basis for the accommodation of feruloyl esters by fungal FAEs and their potential relevance to PET-related compounds.

2. Assessment of LPMO adsorption to lignin and its suppression by surfactant

Enzymatic saccharification of lignocellulose is a key process for producing glucose, a fundamental feedstock for second-generation bioethanol and biochemicals. Cellulose is hydrolyzed by cellulases. Cellulose-active lytic polysaccharide monooxygenases (LPMOs) enhance cellulase activity by introducing nicks into the crystalline surface of cellulose, thereby improving glucose yields. We have been investigating the synergistic effects of LPMOs and cellulases. During the enzymatic hydrolysis of lignocellulose, coexisting lignin affects glucose yields. It is known that nonproductive binding of cellulases to lignin reduces the efficiency of cellulose degradation. As a countermeasure, the addition of surfactants has been reported to suppress the binding of cellulases to lignin. However, the adsorption behavior of LPMO toward lignin and the effect of this adsorption on LPMO activity remain unclear. In 2025, we assessed the binding of LPMO to lignin and the effect of surfactants on lignocellulose degradation by LPMO. We demonstrated that the binding of LPMO to lignin can be suppressed by surfactants, leading to enhanced synergistic cellulose degradation by cellulases and

LPMO.

3. Engineering Yeast for Robust Ethanol Production under Glucose–Acetic Acid Co-Fermentation

This study investigated the molecular and structural basis of improved ethanol production, acetic acid tolerance, hypoxia adaptation, and flocculation in engineered *Saccharomyces cerevisiae* during glucose–acetic acid co-fermentation. Comparative transcriptomic and ultrastructural analyses were performed for a parental strain and its engineered derivatives. Of these strains, the most extensively engineered strain, which carried multiple modifications affecting redox and central carbon metabolism, exhibited the most extensive transcriptional remodeling and the strongest adaptive phenotype. This strain repressed genes involved in respiratory metabolism, oxidative phosphorylation, amino acid biosynthesis, and iron–sulfur cluster assembly, consistent with reduced reliance on energy-intensive mitochondrial functions. By contrast, genes related to glycolysis, fermentation, membrane remodeling, and stress adaptation were upregulated. The same strain also strongly induced subtelomeric genes associated with hypoxia adaptation, cell adhesion, and flocculation, together with genes involved in cell-wall remodeling, including chitin- and β -glucan-related pathways. Transmission electron and fluorescence microscopy supported these findings, revealing a porous outer cell envelope, pronounced aggregation, enlarged vacuoles, and lipid droplet accumulation. These results indicate that targeted metabolic engineering drove coordinated transcriptional and structural reprogramming in the engineered yeast, providing a system-level basis for enhanced ethanol production and stress tolerance under lignocellulosic fermentation conditions.

4. Mechanistic insight into the enhancement of APOBEC3A deaminase activity by the HIV-1 Vif–human E3 ubiquitin ligase complex

The HIV-1 Vif–human E3 ubiquitin ligase complex is widely recognized as a viral factor that counteracts host APOBEC3 proteins. In our previous studies, we showed that this complex suppresses the deaminase activities of APOBEC3B, APOBEC3F, APOBEC3G, and APOBEC3C. In contrast, cytidine deaminase activity of APOBEC3A (A3A) toward single-stranded DNA (ssDNA) was enhanced in the presence of the Vif complex. This result suggests that the Vif complex exerts distinct regulatory effects on different APOBEC3 family members. To examine the basis of this unusual activation, we investigated the interactions among A3A, the Vif–human E3 ubiquitin ligase complex (V β BCC), and ssDNA. Bio-layer interferometry showed that V β BCC does not directly bind A3A. In contrast, fluorescence anisotropy

experiments showed that V β BCC directly binds ssDNA. Together, these results suggest that the enhancement of A3A activity is not mediated by a direct interaction between V β BCC and A3A, but rather by the binding of V β BCC to the ssDNA substrate. These findings provide insight into the diverse regulatory roles of the Vif complex within the APOBEC3 family and suggest a previously unrecognized substrate-associated mechanism by which the HIV-1 Vif complex may modulate host antiviral enzyme activity.

5. Structural analysis of an RNA aptamer and its complex with α -synuclein

α -Synuclein (α Syn) is an intrinsically disordered protein whose aggregation is a hallmark of Parkinson's disease. Truncated α Syn variants lacking the C-terminal region (α Syn-dCs) show an increased propensity for aggregation. Furthermore, these truncated species promote the fibrillization of full-length α Syn. Accordingly, α Syn-dCs have emerged as promising targets for diagnostic and therapeutic applications. An RNA aptamer, s1R6, selected against α Syn1-95, binds monomeric α Syn1-95 and full-length α Syn with nanomolar affinity and inhibits the formation of high-molecular-weight aggregates in vitro. However, the structural basis of s1R6 and its recognition of α Syn remain unclear. Here, we used NMR spectroscopy to investigate the structure of s1R6 and its complex with α Syn in a collaboration work with Prof. Murakami of the Graduate School of Agriculture, Kyoto University. We first assigned the NMR resonances of s1R6 to determine its secondary structure. Base protons, H1', and imino protons were successfully assigned sequentially. Based on the imino-imino NOEs, we determined that s1R6 adopts a stem-loop structure in solution (Figure 2A). Furthermore, upon addition of α Syn1-95 to s1R6, specific signal attenuation in the TOCSY spectrum of s1R6 indicated that the loop and adjacent residues constitute the primary binding interface (Figure 2B). This represents a first step toward understanding the mechanism by which the aptamer recognizes α Syn.

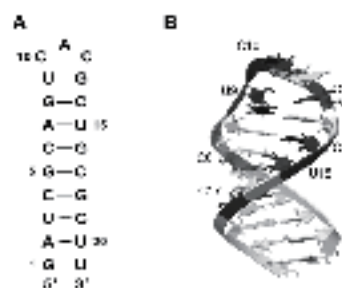


Figure 2. (A) Secondary structure of s1R6 determined by NMR. (B) Three-dimensional model of s1R6 predicted by AlphaFold 3. Residues shown in black indicate the primary binding interface.

Collaboration Works

片平正人, University of Naples "Federico II" (イタリア), プリオン蛋白質の悪性化を阻害する RNA アプタマーへの化学修飾の導入による高性能化

片平正人, 山置佑大, Nanyang Technological University (シンガポール) & University of Bordeaux (フランス), テロメアの i-モチーフ DNA と薬剤の相互作用の解析

永田崇, Institute of Biophysical Chemistry, Goethe-University, Frankfurt am Main (ドイツ), 深層学習の技術を取り入れた多次元 NMR 解析とタンパク質立体構造解析のシステム開発

永田崇, 山置佑大, State University of New York at Albany, Albany, NY (アメリカ), 核酸の in-cell NMR 測定方法の開発

永田崇, Kansas State University, KS (アメリカ), 翻訳開始制御に関わる RNA の作用機序

永田崇, Rutgers University, NJ, United States; RCSB Protein Data Bank (アメリカ), Utrecht University (オランダ), University of Lille, CNRS (フランス), Vilnius University Life Sciences Center (リトアニア), AI を活用した配列ベースのエピトープ予測

永田崇, COGNANO 株式会社, 標識 VHH 抗体を用いた抗原抗体複合体構造モデリングへのデータ駆動型アプローチ

永田崇, アルメッド株式会社, 天然変性タンパク質によるシナプス可塑性制御

Financial Support

1. Grant-in-Aid for Scientific Research

片平正人, 基盤研究(B), 核酸の塩基対の開閉挙動及びリガンドとの相互作用の試験管内と生細胞中における違い

片平正人, 挑戦的研究(萌芽), ヒト生細胞中における核酸の立体構造とダイナミクスの細胞周期依存性

片平正人, 基盤研究(B), 核酸アプタマーによる細胞内認識の構造化学と脳関門透過戦略による神経変性疾患治療 (分担金)

永田崇, 基盤研究(C), HIV のヒト蛋白質分解機構を阻害する RNA アプタマーの開発とその作用機序の解明

永田崇, 基盤研究(C), HBV X 蛋白質変異体の凝集化による HBV 複製と肝病変発症機構の解明と阻害剤の検討 (分担金)

永田崇, 基盤研究(C), 好冷菌セルラーゼ遺伝子群のクローニングおよび組換えタンパク質の生産 (分担金)

Phienluphon Apisan, 若手研究, Novel insight into fungal feruloyl esterase utilization for polyethylene terephthalate degradation

Phienluphon Apisan, 研究活動スタート支援, Rational design of feruloyl esterase for efficient lignocellulosic biomass degradation

2. Others

片平正人, 株式会社ダイセル (成長戦略本部), バイオマスの穏和な物質変換反応を基盤とする次世代グリーン素材産業の開拓

片平正人, 株式会社ダイセル, エネルギー理工学研究所片平正人教授の学術研究推進のため

片平正人, 株式会社ダイセル, 奨励金 (研究助成)

永田崇, 株式会社 COGNANO, 構造生物学を基盤として創薬研究

永田崇, 公益財団法人 PHOENIX 木材・合板博物館, 公益財団法人 PHOENIX 木材・合板博物館 (木材由来クラフトリグニンによるアミロイド β 凝集阻害効果の解明) 八木勇成

山置佑大, 公益財団法人 服部報公会, 分子混雑環境下の核酸の運動性解析

山置佑大, 公益財団法人 関西エネルギー・リサイクル科学研究振興財団, 酸化酵素を用いたリグニン分解における膜分離バイオリアクターの活用

Publications

M. Kinoshita, T. Hayashi, Y. Nakamura, A. Yoshimori, M. Katahira, T. Nagata, A physical picture of liquid-liquid phase separation of proteins, *Journal of Molecular Liquids*, 424, 127040, 2025

SMR. Khattab, MOM. Mousa, T. Nagata, T. Watanabe, M. Katahira, Engineering a hypoxia-tolerant *Saccharomyces cerevisiae* for rapid ethanol production via co-utilization of glucose and acetic acid and redox-enhanced flocculation, *Sustainable Energy & Fuels*, 435, 132921, 2025

M. Shafiq, S. Chen, N. Matsunaga, A. Hagio, I. Suzuki, D. Koizumi, R. Togawa, Y. Yamaoki, K. Kondo, M. Katahira, M. Takeda, Novel gelling agent similar to galactomannan from the sheath-forming bacterium *Sphaerotilus hippel*, *Journal of Applied Microbiology*, 136, 9, 1xaf220, 2025

T. Koma, O. Kotani, K. Kamba, K. Miyakawa, T. Morita, H. Nakamura, M. Yokoyama, N. Doi, T. Kondo, T. Nagata, A. Ryo, A. Adachi, A. Ono, M. Katahira, M. Nomaguchi, H. Sato, Positive correlation between structural disorder of the HIV-1 Gag N-terminal segment and progeny virus particle formation, *Journal of Virology*, 99, 10, e0088725, 2025

O. Eladl, Y. Yamaoki, T. Nagata, M. Katahira, In-cell NMR spectra of chemically unmodified RNA at physiological temperature with extended lifetime through RNase inhibitor cocktail in living human cells, *Scientific Reports*, 15, 36397, 2025

A.M. Elazzazy, K.M. Alasmi, S.I. Alqurashi, W.A. Aljohani, S.A. Alsolmy, M.N. Baeshen, J.A. Mahyoub, T.S. Saleh, M.Y. Haroun, S.M.R. Khattab, S.E. Desouky, Single-Cell oils from oleaginous yeasts: a scalable biotechnological source of novel larvicides against *Aedes aegypti*, *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 41, 443, 2025

T. Katongtung, S. Sukpancharoen, M. Katahira, A. Phienluphon, N. Tippayawong, Integrated machine learning models for prediction of multiphase products from hydrothermal treatment of biomass, *Renewable Energy*, 260, 125200, 2026

K. Kuwasako, W. Dang, Y. Muto, F. He, M. Takahashi, K. Tsuda, T. Nagata, A. Tanaka, N. Kobayashi, T. Kigawa, P. Guntert, M. Shirouzu, S. Yokoyama, ¹H, ¹³C, and ¹⁵N resonance assignments and solution structure of the CID domain of SR-related- and CTD-associated factor 8 (SCAF8), *Biomolecular NMR Assignments*, 20, 7, 2025

S.M.R. Khattab, M. Katahira, T. Watanabe, Engineering *Saccharomyces cerevisiae* for ethanol production from glycerol, xylose, acetic acid, and glucose, *Bioresource Technology*, 435, 132921, 2025

永田崇, 山置佑大, 片平正人, 核酸の in-cell NMR : ヒト生細胞内環境における塩基対開閉ダイナミクスの解析, *分光研究*, 74, 2, 48, 2025

T. Nagata, Y. Yamaoki, M. Katahira, Experimental Approaches of NMR Spectroscopy -Methodology and Application to Life Science and Material Science 2nd Edition, Chapter 12, Springer Nature, 2026

橋爪知弘, 渡辺隆司, 中村正治, 片平正人, 上高原浩, 藤田健一, 近藤敬子, 峰尾恵人, 産学共同研究によるバイオマスプロダクトツリー構想の具現化について, *化学工学*, 89, 343, 2025

山置佑大, 永田崇, 片平正人, ヒト生細胞内環境下の核酸分子を対象とした in-cell NMR 研究, *NMR*, 15, 2, 62-72, 2026

山置佑大, 永田崇, 片平正人, In-cell NMR 法によるヒト細胞内核酸の構造生物学的解析, *細胞*, 57, 4, 72-75, 2026

T. Sakamoto, Y. Yamaoki, T. Nagata, M. Katahira, Contrasting effects of different molecular crowding environments on base-pair opening/closing dynamics of DNA triplex structures, *FEBS Journal*, 2026

Presentations

T. Nagata, A DATA-DRIVEN APPROACH TO ANTIGEN-ANTIBODY COMPLEX STRUCTURE MODELING USING LABELED VHH ANTIBODIES, International Conference on Learning Representations (ICLR) 2025, Singapore EXPO, 2025.4.24-28

M. Katahira, Quadruplex RNA that inhibits the interaction between Aβ and its receptor, prion protein, and in-cell NMR studies of nucleic acids involving quadruplex DNA, 9th International Meeting on Quadruplex Nucleic Acids, ミネアポリス, 米国, 2025.6.5

長谷川拓矢, 関口真裕, 阪本智樹, 堀内正隆, 石川岳志, 片平正人, 永田崇, 山岸賢司, 坂本泰一, RNA と DNA の物理化学的特性の違いに由来する RNA aptamer と RNA-DNA Chimera aptamer の作用機序の違い, 2025 年度日本生化学会関東支部例会, 産業技術総合研究所つくばセンター共用講堂, 2025.6.14

永田崇, 免疫アルパカ由来大規模 VHH データセットを活用した AI 創薬への挑戦, 第 25 回日本蛋白質科学会年会 (シンポジウム構造生物情報学の潮流と創薬), アクリエひめじ, 2025.6.18-20

楠英樹, 田中俊之, 若松馨, 永田崇, HBV X 蛋白質変異体ペプチドの凝集化と宿主因子 Bcl-xL との相互作用に関する研究, 第 25 回日本蛋白質科学会年会 (シンポジウム構造生物情報学の潮流と創薬), アクリエひめじ, 2025.6.18-20

M. Katahira, Structure, dynamics and interaction with protein of nucleic acids in living human cells as revealed by in-cell NMR, 第 25 回日本蛋白質科学会年会, アクリエひめじ, 2025.6.18-20

片平正人, A β の病因性信号の RNA アプタマーによる遮断及び RNA に関するインセル NMR 法の方法論の開発, RNA と RNA 結合蛋白質に関する勉強会, 東京, 2025.6.25

片平正人, NMR 法による生命科学研究とバイオマス研究, 2025 年度 Spin-L リトリート, 京都大学宇治キャンパス, 2025.9.2-3

小口詩織, 中川由佳, 古川翔一, 近藤敬子, 渡辺隆司, 藤田健一, 中村正治, 有機金属触媒を用いたセルロースの直接的アミノ化反応の開発, 第 136 回触媒討論会, 東北大学, 2025.9.17-19

山置佑大, In-cell NMR 法による細胞内 RNA の構造、ダイナミクス、相互作用解析, 日本分光学会 NMR 分光部会 2025 年度集中講義, 東京大学, 2025.10.22

山本春香, 熊谷紀志, 神庭圭佑, 万里, 片平正人, 永田崇, 坂本泰一, HIV-1 の Vif タンパク質を含む複合体を標的とした aptamer の NMR 解析, 第 72 回日本ウイルス学会学術集会, アクトシティ浜松, 2025.10.28-30

片平正人, 抗プリオン/抗アミロイド β 活性を有する RNA アプタマーの構造機能相関及び核酸のインセル NMR 法の開発, 慶応大学セミナー, 山形, 2025.11.4

片平正人, ヒト生細胞内における核酸の構造、塩基対の開閉ダイナミクス及びタンパク質との相互作用, in-cell NMR 研究会キックオフミーティング, 岡崎, 2025.11.10

Y. Yamaoki, K. Horie, T. Masunaga, C. Nakayama, K. Kondo, T. Nagata, M. Katahira, Structural insights into a DNA-RNA hybrid G-quadruplex and its interactions with ligands, The 52nd International Symposium on Nucleic Acids Chemistry (ISNAC2025), Toyama, Japan, 2025.11.12-14

K. Tozawa, K. Kamba, Y. Yamaoki, T. Nagata, M. Katahira, Impact of the HIV-1 Vif-CBF β -Cul5 E3 Ligase Complex on the Cytidine Deaminase Activity of APOBEC Family Members, The 52nd International Symposium on Nucleic Acids Chemistry (ISNAC2025), Toyama, Japan, 2025.11.12-14

T. Shinozaki, K. Tozawa, K. Kumagai, K. Kamba, L. Wan, M. Katahira, T. Nagata, T. Sakamoto, The inhibition of interaction between V β BCC complex and A3G by RNA aptamer, The 52nd International Symposium on Nucleic Acids Chemistry (ISNAC2025), Toyama, Japan, 2025.11.12-14

山置佑大, 堀江健生, 増永泰成, 中山千尋, 近藤敬

子, 永田崇, 片平正人, DNA-RNA ハイブリッドグアニン四重鎖の構造およびリガンドとの相互作用の解析, 第 64 回 NMR 討論会, 沖縄科学技術大学院大学, 2025.11.26-28

山本章平, 山置佑大, 近藤敬子, 永田崇, 片平正人, 分子混雑環境下における生体分子の NMR 法による運動性解析, 第 48 回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 2025.12.3-5

堀江健生, 山置佑大, 増永泰成, 中山千尋, 近藤敬子, 永田崇, 片平正人, 平行型 DNA-RNA ハイブリッドグアニン四重鎖の NMR を用いた構造解析, 第 48 回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 2025.12.3-5

Li Xiang, 山置佑大, 永田崇, 村上一馬, 片平正人, α シヌクレインを標的とする RNA アプタマーの構造と相互作用の NMR 解析, 第 48 回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 2025.12.3-5

堀内正隆, 堀内留美, 坂本泰一, 永田崇, 落合正則, Development of a Secretion-Based Production and Immobilization System for GRP-tag Fusion Proteins Using Diverse Curdlan Carriers in Mammalian Cells, 第 48 回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 2025.12.3-5

桑迫香奈子, W. Dang, F. He, 高橋真梨, 津田健吾, 永田崇, 田仲昭子, 小林直宏, 木川隆則, P. Güntert, 白水美香子, 横山茂之, 武藤裕, 絨毛内タンパク質輸送装置のサブユニット Intraagellar Transport Protein 54 (IFT54) の NN-CH ドメインの溶液構造: チュープリン結合ドメインとの構造比較, 第 48 回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 2025.12.3-5

片平正人, 試験管内及び生細胞内における核酸アプタマーと標的病因タンパク質の相互作用解析, 第 48 回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 2025.12.3-5

浦川恵介, メンブレンバイオリアクターを活用したマンガンペルオキシダーゼによる稲わらリグニンの分解, 第 5 回京都大学エネルギー理工学研究所学生研究発表会, 京都大学宇治キャンパス, 2025.12.10

山本章平, 山置佑大, 近藤敬子, 永田崇, 片平正人, 分子混雑環境下における生体分子の NMR 法による運動性解析, 第 5 回京都大学エネルギー理工学研究所学生研究発表会, 京都大学宇治キャンパス, 2025.12.10

堀江健生, 山置佑大, 増永泰成, 中山千尋, 近藤敬子, 永田崇, 片平正人, NMR 法による運動性解析, 第 5 回京都大学エネルギー理工学研究所学生研究

発表会, 京都大学宇治キャンパス, 2025.12.10

B. Valencia, Structural Determinants of PET Degradation in Feruloyl Esterase AaFaeD, 第 5 回京都大学エネルギー理工学研究所学生研究発表会, 京都大学宇治キャンパス, 2025.12.10

西村裕志, 牧村裕, 井関優侑, 富士元みゆ, 大西京子, 小牧真樹, 近藤敬子, 永田崇, 片平正人, 脱炭素社会に向けた NMR 分光法によるリグノセルロース系バイオマスの構造解析, 2025 年度 ZE 拠点年会, 京都大学, 2025.12.11

松下泰幸, 西本泰城, 峯岸光, 片平正人, リグニン活用のための革新的アプローチ: 選択的安定同位体標識法による精密反応挙動解析, 2025 年度 ZE 拠点年会, 京都大学, 2025.12.11

泉田香音, 片平正人, 岸本崇生, リグニンの重合機構と化学構造の解明, 2025 年度 ZE 拠点年会, 京都大学, 2025.12.11

武田穰, M. Shafiq, S. Chen, 斎藤朝昌, 荒木優衣, 松永直樹, 近藤敬子, 片平正人, 水産加工副産物からの新規多糖の発酵生産, 2025 年度 ZE 拠点年会, 京都大学, 2025.12.11

片平正人, フェルラ酸エステラーゼによる PET/PBT の分解とインセル NMR, エネルギー理工学研究所附属カーボンネガティブ・エネルギー研究センター 2025 年度中間報告会, 京都大学, 2025.12.12

和賀祥, 堀江健生, 増永泰成, 中山千尋, 近藤敬子, 永田崇, 片平正人, 山置佑大, DNA 複製に関わる DNA-RNA ハイブリッドグアニン四重鎖の構造解析, 2025 年度 ZE 拠点年会, 京都大学, 2025.12.11

黒川理樹, 山本章平, 山置佑大, 近藤敬子, 永田崇, 片平正人, 分子混雑環境下における非コード核酸の NMR 法による運動性解析, 2025 年度 ZE 拠点年会, 京都大学, 2025.12.11

今村比呂志, 永田崇, 片平正人, 山置佑大, 核酸の異常構造の解析, 2025 年度 ZE 拠点年会, 京都大学, 2025.12.11

T. Sakamoto, Y. Yamaoki, T. Nagata, M. Katahira, DNA 三重鎖の塩基対開閉ダイナミクスに対する分子込み合い効果の研究, 2025 年度 ZE 拠点年会, 京都大学, 2025.12.11

楠英樹, 天野亮, 水上拓郎, 永田崇, 複合体構造に基づいた細胞増殖を制御する機能性ペプチドの創生に向けた研究, 2025 年度 ZE 拠点年会, 京都大学, 2025.12.11

長谷川拓矢, 阪本智樹, 関口真裕, 堀内正隆, 石川岳志, 片平正人, 永田崇, 山岸賢司, 坂本泰一, 植物や微生物の成長や増殖を制御する生体分子の開発のための NMR 解析, 2025 年度 ZE 拠点年会, 京都大学, 2025.12.11

堀内正隆, 永田崇, 好冷菌型セルラーゼによる結晶性セルロース分解システムの研究, 2025 年度 ZE 拠点年会, 京都大学, 2025.12.11

田中陽一郎, 永田崇, 遺伝子発現調節が可能な大腸菌由来グアニン四重鎖の特性解析, 2025 年度 ZE 拠点年会, 京都大学, 2025.12.11

A. Phienluphon, K. Kondo, B. Mikami, K. S. K. Teo, K. Saito, T. Watanabe, T. Nagata, M. Katahira, Structural Characterization of Fungal Feruloyl Esterases: Unveiling Their Substrate Specificity and Potential Applications, Pacificchem 2025, ホノルル, 米国, 2025.12.15-20

T. Sakamoto, R. Amano, Y. Nomura, Y. Tanaka, K. Yamagishi, M. Katahira, T. Nagata, Biophysical analysis of the interaction between aptamers and AML1 Runt domain, Pacificchem 2025, ホノルル, 米国, 2025.12.15-20

T. Sakamoto, T. Hasegawa, Y. Nomura, M. Horiuchi, H. Yoshida, T. Sakamoto, M. Katahira, T. Nagata, K. Yamagishi, Biophysical analysis of the interaction between aptamers and human IgG, Pacificchem 2025, ホノルル, 米国, 2025.12.15-20

M. Katahira, RNA that inhibits the pathological interaction between A β and its receptor, prion protein, and a new tool for in-cell NMR studies of nucleic acids, Pacificchem 2025, ホノルル, 米国, 2025.12.15-20

M. Katahira, Analysis of the interaction between virus factors and antiviral factors using in-cell NMR, Kyoto University Symposium for Microbiology and Immunology, 京都, 2026.1.13

永田崇, 免疫アルパカ由来大規模 VHH データセットで AI 駆動型創薬に挑む, 令和 7 年度 大阪大学先導的学際研究機構 創薬サイエンス部門シンポジウム AI×ビッグデータ×創薬 未来医療を切り拓く挑戦, 大阪大学, 2026.1.30

八木勇成, 近藤敬子, 大賀恵利, 井関優侑, カタブサダト モハメド レズク, 岸本崇生, 渡辺隆司, 永田崇, 片平正人, Tween 20 によるセルラーゼ-LPMO9 シナジー活性の増強: 基質結合に着目したリグノセルロース分解, 日本農芸化学会 2026 年度京都大会, 同志社大学, 2026.3.9-12

近藤敬子, 酵素を活用した木質バイオマスの有用

物質化, 第 21 回京都大学附置研究所・センターシンポジウム, 京都大学, 2026.3.15

小林直子, 大槻彰良, 江川智哉, 近藤敬子, 橋爪知弘, 片平正人, 渡辺隆司, リグノセルロースのギ酸溶解による新素材研究 – 木質可溶化及びバイオマスフィルムコーティング –, 第 76 回日本木材学会大会, 広島大学, 2026.3.16-18

山田美紗登, 近藤敬子, 西尾直高, 片平正人, 上高原浩, メチル誘導体化によるカラマツ鋸屑の成分分離:フェニルグリコシド結合型リグニン-セルロース複合体含有フラクションの抽出と構造解析, 第 76 回日本木材学会大会, 広島大学, 2026.3.16-18

泉田香音, 近藤敬子, 永田崇, 片平正人, 岸本崇生, p-クマリルアルコールの酵素脱水素重合物の化学構造解析, 第 76 回日本木材学会大会, 広島大学, 2026.3.16-18

阪本知樹, 山置佑大, 永田崇, 片平正人, 細胞内分子込み合い環境における三重鎖構造をはじめとする非標準構造を形成する核酸の構造とダイナミクスの in-cell NMR 法による解析, 日本薬学会第 146 年会, 関西大学, 2026.3.26-29