

4-7 生命・錯体分子科学研究領域

生体分子機能研究部門

加藤 晃一（教授）（2008 年 4 月 1 日着任）

立尾 清悟（特任助教）

林 成一郎（特任研究員（IMS フェロー））

矢木 真穂（特別訪問研究員）

谷中 冴子（特別訪問研究員）

沈 晋補（特別共同利用研究員）

高木 克樹（特別共同利用研究員）

西崎 竜平（特別共同利用研究員）

米山 樹（特別共同利用研究員）

梶田 大起（特別共同利用研究員）

高木 励（特別共同利用研究員）

近藤 幸子（特任専門員）

磯野 裕貴子（技術支援員）

新美 しおり（技術支援員）

上條 真弘（技術支援員（派遣））

穂積 知佳子（技術支援員（派遣））

笠原 裕子（事務支援員）

福富 幸代（事務支援員）

A-1) 専門領域：構造生物学，タンパク質科学，糖鎖生物学，NMR 分光学

A-2) 研究課題：

- a) 生命分子ネットワークが創発する高次機能のメカニズム探査と設計と制御
- b) 極限環境において生命活動を司る分子集団の構造・動態・機能の解析

A-3) 研究活動の概略と主な成果

- a) 生命が多様な機能を発現する背景には、分子間相互作用や化学修飾によって形成される動的な分子秩序が存在する。本研究グループでは、このような生命分子の「動秩序」がどのように創発し生体機能を支えているのかを明らかにすることを目的として研究を推進した。本年度は特に、糖鎖修飾および抗体分子を中心とする糖タンパク質の構造ダイナミクスに着目し、NMR 分光法、質量分析、分子動力学シミュレーションなどを統合した解析を進めた。抗体 IgG の Fc 領域に関する研究では、糖鎖構造の違いが抗体の構造ダイナミクスおよび免疫エフェクター機能に与える影響を解析した。安定同位体標識 NMR 分光法と分子動力学シミュレーションを組み合わせた解析により、Fc 糖鎖のガラクトシル化が C_{H2} ドメインの構造安定性を高め、Fcγ 受容体や補体系タンパク質との相互作用に関わる分子ダイナミクスを制御することを明らかにした。また、IgG1 Fc 領域のメチル基 NMR シグナルの部位特異的帰属を確立するとともに、天然同位体存在比の抗体試料にも適用可能な NMR 解析基盤を構築した。さらに、メチオニン酸

化に伴う局所構造変化を NMR と質量分析の統合解析により残基レベルで解明し、抗体医薬の高次構造評価および品質管理に資する分析手法を提示した。抗体分子の構造形成機構に関する研究として、IgG1 ヒンジ領域の構造機能解析も進めた。ヒンジ領域の Pro230 残基の欠失により重鎖間相互作用が失われ、半分子抗体 (half-IgG) が形成されることを見出し、この構造変化の分子機構と Fcγ 受容体依存的機能への影響を明らかにした。これらの成果は、抗体分子の柔軟な構造制御機構の理解と次世代抗体医薬設計の基盤となるものである。糖鎖の構造ダイナミクスに関しては、分子動力学シミュレーションと NMR 分光法を組み合わせた解析を行い、糖鎖のコンフォメーション変化を支配する分子内相互作用を明らかにした。さらに非線形相関解析を導入することにより、グリコシド結合の二面角や水素結合ネットワークが糖鎖構造の動的安定性に与える影響を定量的に解析し、糖鎖機能の分子基盤となる構造ダイナミクスの理解を進めた。また、モデル生物として広く用いられるラットを対象として血清糖タンパク質の網羅的グライコミクス解析を行い、血清 N-グリカン構造の時間変動および性差を明らかにした。特に O-アセチル化シアル酸を含む特徴的な糖鎖構造が存在することを示すとともに、グライコプロテオミクス解析によりこれらの糖鎖を担う糖タンパク質群を同定し、生理条件による糖鎖動態の変化に関する基盤データを提供した。さらに、細胞内オルガネラの構造と分子局在を三次元的に解析するため、免疫電子顕微鏡法と連続切片走査電子顕微鏡を組み合わせた三次元免疫電子顕微鏡法を開発した。本手法によりゴルジ体マトリックスタンパク質の三次元局在を可視化し、オルガネラ構造と分子分布を統合的に解析するための新しい手法基盤を確立した。加えて、国内外の共同研究を通じて糖鎖や糖タンパク質の機能解析を推進し、以下の成果を得た。

- ①配位ケージの内部空間を利用して糖鎖がタンパク質活性部位に結合する現象を明らかにし、分子空間による糖鎖認識制御の新しい概念を提示した。
- ②酵素的プレニル化反応を利用して抗菌ペプチドの化学空間を拡張する手法を開発し、生理活性ペプチドの機能改変の可能性を示した。
- ③糖鎖硫酸化酵素欠損マウスを用いた研究により、脊髄損傷後の運動機能回復に糖鎖修飾が関与することを明らかにした。

以上の研究により、糖鎖修飾や化学修飾、タンパク質間相互作用によって形成される生命分子の動的秩序の理解が進展するとともに、生命分子ネットワークが創発する高次機能の分子基盤の解明が進んだ。

- b) 生命が極限環境においてどのように存続し機能しうるのかという根源的な問いに迫ることを目的として、極限環境において生命活動を司る分子集団の構造・動態・機能の解析を進めた。本年度は特に、糖鎖修飾およびタンパク質集合体形成に着目し、極限環境生物、微生物、さらに巨大ウイルスを対象として、生命分子の構造多様性と適応機構の解明に取り組んだ。クマムシの乾眠に関連する糖鎖修飾の研究では、N 型糖鎖を対象とした網羅的なグライコミクス解析により、クマムシにおいて paucimannose 型糖鎖が主要な糖鎖構造として存在することを明らかにした。さらに、非還元末端に Fucα1,3-GlcNAc を有する特徴的な糖鎖構造を同定し、これらの糖鎖修飾が酸化ストレス防御や細胞外マトリックス関連タンパク質に付加されていることを示した。これらの結果は、極限環境耐性に関わる分子機構において糖鎖修飾が重要な役割を果たしている可能性を示唆するものである。また、アンモニア酸化古細菌 *Nitrososphaerota* に関する研究では、グライコプロテオミクス解析を通じて、S-layer タンパク質を中心とした N 型糖鎖の全体像を明らかにした。その結果、キトビオースコアを有する新規 N-グリカン構造を同定するとともに、近縁種間で糖鎖修飾様式が大きく異なることを見出し、極限環境微生物の細胞表層構造の多様性と環境適応機構に関する新たな知見を得た。さらに、巨大ウイルスの糖鎖修飾機構の解明を目的として、*Mimiviridae* および *Marseilleviridae* に属するウイルスの比較グライコミクス解析を行った。その結果、これらの巨大ウイルスは宿主の分

泌経路に依存した *N* 型糖鎖修飾システムに依存するのではなく、独自の糖鎖生合成機構を利用して系統特異的な *O* 型糖鎖を形成していることを明らかにし、ウイルス糖鎖の進化的多様性に関する新たな知見を提示した。加えて、国際宇宙ステーションにおける微小重力環境を利用したタンパク質集合体形成研究を行い、家族性アルツハイマー病関連変異体である Tottori 型 A β の線維形成過程を解析した。その結果、微小重力条件下ではアモルファス凝集体の形成が抑制され、構造解析に適した線維が形成されることを見出した。クライオ電子顕微鏡解析により複数のプロトマー構造を有する線維構造を決定し、アミロイド線維形成の自由エネルギー景観の理解に新たな知見をもたらした。これらの研究により、極限環境において生命活動を支える分子集団の構造と機能に関する理解が進展するとともに、生命分子の適応機構や進化的多様性を理解するための基盤的知見が得られた。

B-1) 学術論文

- S. YANAKA*, Y. KOSEKI, Y. MIYANOIRI, T. YAMAZAKI, T. TERAUCHI, D. KANEKO, Y. ISONO, K. TOMITA, S. KONDO, M. ONITSUKA, M. YAGI-UTSUMI, H. YAGI, A. ISHII-WATABE and K. KATO***, “Unlabeled NMR Approach with Site-Specific Methyl Assignments for Structural Evaluation of the IgG1 Fc Region,” *J. Am. Chem. Soc.* **148**(8), 8374–8382 (2026). DOI: 10.1021/jacs.5c18997
- M. YAGI-UTSUMI, S. YANAKA, N. HASHII, K. TOMITA, T. MISAWA, Y. DEMIZU, A. ISHII-WATABE and K. KATO**, “Stereochemical and Structural Characterization of Methionine Oxidation in the IgG1 Fc Region by Integrated NMR and LC-MS Analysis,” *Anal. Chem.* **98**(7), 5316–5322 (2026). DOI: 10.1021/acs.analchem.5c06092
- D. KOGA, S. KUSUMI, H. YAGI and K. KATO**, “A novel 3D Immuno-Electron Microscopy and Its Application to the Golgi Apparatus,” *Biomed. Res.* **47**, 25–34 (2026). DOI: 10.2220/biomedres.47.25
- Y. KOSEKI, Y. YAMAGUCHI, M. AOYAMA, K. HIRAKA, M. TADA, A. KODAMA, A. SENOO, A. ISHII-WATABE, T. UCHIHASHI, K. MURATA, S. UCHIYAMA, K. KATO, S. YANAKA and J. M. M. CAAVEIRO**, “Key Role of Pro230 in the Hinge Region on the Architecture and Function of IgG1,” *J. Med. Chem.* **69**, 3902–3914 (2026). DOI: 10.1021/acs.jmedchem.5c02419
- J. SHIM, C. HOZUMI, M. KUROGOCHI, M. YAGI-UTSUMI, J. FURUKAWA, M. TAKEMURA, H. YAGI and K. KATO**, “Comparative Glycomic Analysis of Mimiviridae and Marseilleviridae Uncovers Host-Related and Lineage-Specific Glycosylation,” *J. Biochem.* **179**, 117–126 (2025). DOI: 10.1093/jb/mvaf072
- M. MOROZUMI, T. OZAKI, K. NISHITSUJI, Y. TAKEDA-UCHIMURA, A. MATSUMOTO, S. ITO, S. IMAGAMA, N. ISHIGURO, H. YAGI, K. KATO, T. O. AKAMA, T. KOSUGI, S. MARUYAMA, K. KADOMATSU, S. D. ROSEN, L. J. NOBLE-HAEUSSLEIN and K. UCHIMURA**, “Enhanced Locomotor Recovery in Mice Lacking GlcNAc6ST1 and GlcNAc6ST4 Following Spinal Cord Injury,” *Life Sci. Alliance* **8**, e202503469 (2025). DOI: 10.26508/lsa.202503469
- S. YANAKA, Y. SAKAE, Y. MIYANOIRI, T. YAMAGUCHI, Y. ISONO, S. KONDO, M. IWASAKI, M. ONITSUKAH, H. YAGI and K. KATO**, “Exploring Glycoform-Dependent Dynamic Modulations in Human Immunoglobulin G *via* Computational and Experimental Approaches,” *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **122**, e2505473122 (2025). DOI: 10.1073/pnas.2505473122
- H. YAGI, S. KONDO, R. MURAKAMI, R. YOGO, S. YANAKA, F. UMEZAWA, M. YAGI-UTSUMI, A. FUJITA, M. OKINA, Y. HASHIMOTO, Y. HOTTA, Y. KATO, K. NAKAJIMA, J. FURUKAWA and K. KATO**, “Temporal and Sex-Dependent *N*-Glycosylation Dynamics in Rat Serum,” *Int. J. Mol. Sci.* **26**(15), 7266 (2025). DOI: 10.3390/ijms26157266

- H. OZAWA, A. MIYATA, S. HAYASHI, N. MIYOSHI, K. KATO, S. ITO and D. FUJINAMI**, “Expanding the Chemical Space of Antimicrobial Peptides via Enzymatic Prenylation,” *J. Am. Chem. Soc.* **147**(29), 25642–25651 (2025). DOI: 10.1021/jacs.5c06850
- M. YAGI-UTSUMI, S. YANAKA, R. N. BURTON-SMITH, C. SONG, C. GANSER, C. YAMAZAKI, H. KASAHARA, T. SHIMAZU, T. UCHIHASHI, K. MURATA and K. KATO**, “Microgravity-Assisted Exploration of the Conformational Space of Amyloid β Affected by Tottori-Type Familial Mutation D7N,” *ACS Chem. Neurosci.* **16**(14), 2682–2690 (2025). DOI: 10.1021/acschemneuro.5c00217
- K. KATO, T. WATANABE and T. YAMAGUCHI**, “Deciphering Glycan Dynamics through Nonlinear Correlation Analysis,” *Chem. Pharm. Bull.* **73**(7), 639–644 (2025). DOI: 10.1248/cpb.c25-00243
- H. YAGI, T. SAITO, S. Y. GUU, N. YAMAKAWA, S. SHIMAMURA, S. KONDO, M. YAGI-UTSUMI, K. TAKAI, J. FURUKAWA, Y. GUÉRARDEL, K. H. KHOO, K. ARAKAWA and K. KATO**, “Uncommon *N*-Glycan Structures in Anhydrobiotic Tardigrades,” *Mol. Cell. Proteomics* **24**(6), 100979 (2025). DOI: 10.1016/j.mcpro.2025.100979
- S. NAKAGAWA, H. YAGI, T. SUYAMA, S. SHIMAMURA, S. YANAKA, M. YAGI-UTSUMI, S. KATO, M. OHKUMA, K. KATO and K. TAKAI**, “Exploring Protein *N*-Glycosylation in Ammonia-Oxidizing *Nitrososphaerota archaea* through Glycoproteomic Analysis,” *mBio* **16**(6), e03859-24 (2025). DOI: 10.1128/mbio.03859-24
- T. NAKAMA, M. TADOKORO, R. EBIHARA, M. YAGI-UTSUMI, K. KATO and M. FUJITA**, “Proximity-Induced Saccharide Binding to a Protein’s Active Site within a Confined Cavity of Coordination Cages,” *Chem. Sci.* **16**(23), 10549–10554 (2025). DOI: 10.1039/d5sc00782h
- A. KUMAGAI, K. MAYANAGI, S. HAYASHI, S. NAKANO, S. ITO and D. FUJINAMI**, “In Vitro Amyloid Formation by a Bacteriocin From *Bifidobacterium longum* subsp. *infantis*,” *Proteins: Struct., Funct., Bioinf.* **93**(11), 1953–1961 (2025). DOI: 10.1002/prot.70002
- D. KOHDA, S. HAYASHI, K. FURUITA and C. KOJIMA**, “Projected Volume Method for Accurate Measurement of Cross-Peak Intensity in Two-Dimensional NMR Spectra,” *Magn. Reson. Chem.* **64**(6), 555–567 (2026). DOI: 10.1002/mrc.70095

B-3) 総説、著書

- 加藤晃一, 木川隆則, 「AI for Science 時代における NMR 研究基盤の再構築」, *Bulletin of the Nuclear Magnetic Resonance Society of Japan*, **15**, 93–98 (2026).
- H. YAGI, S. TATEO and K. KATO**, “Regulation of Glycan Modification by Glycosyltransferases in the Golgi Apparatus,” in *The Golgi Network II*, A. Nakano and J. Saraste, Eds., Subcellular Biochemistry, Springer (Cham), **111**, 251–267 (2026). DOI: 10.1007/978-3-032-16833-7_11
- 加藤晃一, 「糖鎖のコンフォメーション解析(1)」, 未来を創るグライコサイエンス——我が国のロードマップ 2025——(日本糖鎖科学コンソーシアム (JCGG) 編), 248–250 (2026).
- 加藤晃一, 藤田盛久, 矢木宏和, 立尾清悟, 山崎貴大, 木塚康彦, 「糖鎖生合成アトラス」, *細胞*, **57**, 925–929 (2025).
- H. YAGI, S. KONDO and K. KATO**, “Structural Analysis of Glycans Based on HPLC Mapping,” *Glycoforum* **28**, A18 (2025). DOI: 10.32285/glycoforum.28A18
- K. KATO, S. YANAKA and T. YAMAGUCHI**, “The Synergy of Experimental and Computational Approaches for Visualizing Glycoprotein Dynamics: Exploring Order within the Apparent Disorder of Glycan Conformational Ensembles,” *Curr. Opin. Struct. Biol.* **92**, 103049 (2025). DOI: 10.1016/j.sbi.2025.103049

K. KATO, S. YANAKA and H. YAGI, “Glycoprotein Preparation by Heterologous Expression,” in *Methods in Molecular Biology, NMR of Glycoproteins*, J. Jiménez-Barbero and O. Millet, Eds., Humana, New York, **2961**, 53–67 (2025). DOI: 10.1007/978-1-0716-4722-6_4

B-4) 招待講演

加藤晃一, 「ゴルジアトラスに基づく糖鎖修飾プログラムの解説」, 第 666 回難研セミナー 第 244 回難治疾患共同研究拠点セミナー 第 4 回学際領域展開ハブ形成プログラムセミナー, 東京, 2025 年 12 月.

矢木真穂, 「タンパク質の配置を自在にデザインしたい!」, 第 1 回生体分子設計研究会, 東京, 2025 年 12 月.

谷中冴子, 「抗体分子の柔構造に学ぶ『柔らかさ』が拓く機能デザイン」, 第 1 回生体分子設計研究会, 東京, 2025 年 12 月.

矢木真穂, 「クマムシ由来 CAHS1 による非膜オルガネラ形成と乾燥耐性機構の構造・機能的理解」, 第 48 回日本分子生物学会年会, 横浜, 2025 年 12 月.

矢木真穂, 「アミロイド β タンパク質の線維形成の分子機構」, 大阪大学蛋白質研究所セミナー, 吹田, 2025 年 12 月.

加藤晃一, 「構造糖鎖生物学の探究: NMR 分光法と計算科学の統合による抗体機能の解明」, 日本分光学会 NMR 分光部会「集中講義」, 東京, 2025 年 10 月.

矢木真穂, 「動的溶液環境におけるアミロイド β タンパク質の分子集合」, 第 63 回日本生物物理学会年会, 奈良, 2025 年 9 月.

加藤晃一, 矢木宏和, 「血液凝固因子の分泌を司るパスポート配列のバイオ医薬生産への応用可能性」, 第 25 回日本蛋白質科学会年会, 姫路, 2025 年 6 月.

谷中冴子, 加藤晃一, 「NMR を用いた血清環境における抗体の相互作用解析」, 第 25 回蛋白質科学会年会, 姫路, 2025 年 6 月.

S. YANAKA and K. KATO, “The Role of Glycans in Antibody Function: Structural Dynamics and Functional Implications,” The International Chemical Congress of Pacific Basin Societies 2025 (Pacifichem 2025), Honolulu (USA), December 2025.

K. KATO, M. YAGI-UTSUMI and S. YANAKA, “Advancing glycoprotein structural analysis: Integrating NMR and computational approaches for therapeutic antibodies,” Pacifichem 2025, Honolulu (USA), December 2025.

M. YAGI-UTSUMI, S. G. ITOH, H. OKUMURA, K. YANAGISAWA, K. KATO and K. NISHIMURA, “Double-layered structure of amyloid- β assemblage on GM1 clusters: A catalytic platform for fibrillization in Alzheimer’s disease,” Pacifichem 2025, Honolulu (USA), December 2025.

K. KATO, “Exploring the Golgi landscape to decipher the glycosylation program,” International Symposium on Cellular biology, Tokyo (Japan), September 2025.

K. KATO, “Toward Deciphering the Blueprint of Protein Glycosylation: From Molecular Dynamics to the Sub-Golgi Landscape,” AMED International Symposium “Proteostasis in Biology and Medicine,” Kyoto (Japan), August 2025.

K. KATO, “Modulating Glycan Dynamics to Enhance Molecular Recognition and Therapeutic Potential,” 40th Biennial Meeting of the Spanish Royal Society of Chemistry, Bilbao (Spain), July 2025.

K. KATO, “Decoding Glycan-Driven Dynamics in Antibodies: NMR-Based Structural Insights into Therapeutic Glycoproteins,” Joint meeting of 11th Asia Pacific NMR (APNMR) & 30th National Magnetic Resonance Society (NMRS), Pune (India), June 2025.

K. KATO, S. YANAKA and M. YAGI-UTSUMI, “Computational and experimental approaches for antibody dynamics and interactions with amyloid fibrils,” Korea-Japan International Symposium on Protein Science, Himeji (Japan), June 2025.

B-6) 受賞, 表彰

加藤晃一, 日本薬学会 2026 年度日本薬学会賞 (2026).

Shim Jinbo, 矢木宏和, 黒河内政樹, 矢木真穂, 古川潤一, 武村政春, 加藤晃一, 第 26 回日本糖質学会ポスター賞 (2025).

矢木真穂, 第 6 回日本核磁気共鳴学会進歩賞 (2025).

西崎竜平, 令和 7 年度日本生化学会中部支部支部長賞 (2026).

B-7) 学会および社会的活動

学協会役員等

日本バイオイメーシング学会評議員 (1995–), 理事 (2012–), 会長 (2025–).

日本生化学会評議員 (2002–).

日本糖質学会評議員 (2003–), 理事 (2013–2025), 監事 (2025–).

日本核磁気共鳴学会幹事 (2020–), 評議員 (2022–), 理事 (2024–).

日本蛋白質科学会理事 (2015–), 執行役員 (2024–).

日本糖鎖科学コンソーシアム常任幹事 (2016–).

学会の組織委員等

The International Glycoconjugate Organisation, National Representative (2017–).

Universal Scientific Education and Research Network (USERN), Advisory board member (2021–).

文部科学省, 学術振興会, 大学共同利用機関等の委員等

日本学術会議連携会員 (2017–).

日本学術振興会先端科学 (FoS) シンポジウム事業委員会委員 (2018–).

科学技術振興機構創発的研究支援事業事前評価外部専門家 (2023–2029).

大阪大学蛋白質研究所「共同利用・共同研究」委員会超高磁場 NMR 共同利用・共同研究専門部会委員 (2012–).

日本医療研究開発機構プログラムオフィサー (2024–).

京都大学エネルギー理工学研究所在り方検討委員会委員 (2025–2026).

学会誌編集委員

Glycoconjugate Journal, Editorial board member (2009–).

Glycobiology, Editorial board member (2011–).

Scientific Reports, Editorial board member (2015–).

International Journal of Molecular Sciences, Editorial board member (2017–2025).

理科教育活動

理科年表 (国立天文台編) 監修者 (2018–).

B-8) 大学等での講義, 客員

名古屋市立大学薬学部, 大学院薬学研究科, 特任教授, 2008 年 4 月–.

名古屋市立大学薬学部, 講義「構造生物学」「薬学物理化学 II」「生命薬科学研究入門」「一般教養科目 創薬と生命」「創薬科学・知的財産活用論」「物理系実習 II」, 2015 年–.

名古屋市立大学大学院薬学研究科, 講義「創薬生命科学基礎II」「生命分子構造学特論」, 2015年－.
京都大学複合原子力科学研究所, ユニット研究員, 2022年4月－.

B-10) 競争的資金

科学技術振興機構CREST 研究(受託研究), 「ゴルジ体の動態解明に基づく糖鎖修飾の制御」, 加藤晃一 (2021年度－2026年度).

科研費基盤研究(A), 「糖タンパク質の動的3次元構造の設計原理の解明とバイオ医薬への応用」, 加藤晃一 (2024年度－2026年度).

文部科学省科学技術試験研究委託事業(受託研究), 「NMR プラットフォーム」(代表者: 理化学研究所), 加藤 晃一(研究分担者) (2021年度－2025年度).

AMED 次世代治療・診断実現のための創薬基盤技術開発事業, 「国際競争力のある次世代抗体医薬品製造技術開発／革新的な次世代抗体医薬品製造基盤技術の開発(分子中に秘められた新規相互作用部位の探索と変化を通じた次世代抗体創成の基盤構築)」(代表者: 谷中冴子), 加藤晃一(研究分担者) (2021年度－2025年度).

AMED 次世代治療・診断実現のための創薬基盤技術開発事業, 「国際競争力のある次世代抗体医薬品製造技術開発／次世代抗体医薬品の実用化に向けた物性・品質評価及び管理手法に関する技術的研究(次世代抗体医薬品の実用化に向けた品質評価及び管理手法に関する技術的研究)」(代表者: 石井明子), 加藤晃一(研究分担者) (2021年度－2025年度).

科研費基盤研究(B), 「系統的抗体糖鎖改変と有機合成糖鎖を用いた抗体機能強化」(代表者: 眞鍋史乃), 加藤晃一(研究分担者) (2024年度－2027年度).

C) 研究活動の課題と展望

これまでの成果をさらに発展させ, 複雑な生命分子システムを舞台とする分子科学を開拓する。すなわち, 具体的には, 生命分子システム内の各構成要素のダイナミックな振る舞いを「見る」アプローチを発展させると同時に, 得られたデータを情報科学的に「読む」ための手法も開発する。さらに, 階層横断的な機能解析を実施し, 外部環境の変動の中で秩序を創発していくロバストな生命の本質を統合的に理解することを目指す。生命体を構成する多様な分子素子がダイナミックに秩序を創出するメカニズムを理解するためには, 生命分子を取り巻く不均一で複雑な環境因子の影響を考慮する必要がある。微小重力環境下で形成したアミロイド線維の構造解析を継続し, 極限環境における生命活動を司る分子集団の構造, 動態, 機能の解析を通じて, 生命の環境適応のメカニズムを理解することを目指した研究を展開する。さらに, 第3の生命鎖とよばれる糖鎖の構造・機能・形成に関する統合的な研究を推進する。