

談 話 室

第13回国際生物物理学会議に参加して

去る1999年9月19日-24日にインドのニューデリーで開催された「第13回国際生物物理学会議」に参加する若手研究者に対し、生物物理学会では参加援助を行うこととし、希望者を公募して選考した結果、次の4名の方々に援助を致しました。

斉藤あゆむ (埼玉大学工学部, 修士課程院生)

Michael Gromiha (理化学研究所ライフサイエンス つくばセンター, Post Doctoral Fellow)

中村寛則 (名古屋大学大学院人間情報学研究所, 博士課程院生)

Mohammed Naimuddin (埼玉大学工学部, 博士課程院生)

これらの方々から、参加報告書を提出して頂きましたが、紙面の都合上、ここに斉藤さんとGromihaさんの報告書を書きました。中村さんとNaimuddinさんの報告書は、インターネット上の「PRCニュースレター (URL: <http://zzub.qchem.kuchem.kyoto-u.ac.jp/prc/>)」に掲載されます。PRC (Protein Research Communications, 事務局長 中村春木 大阪大学蛋白質研究所教授) は、平成7-10年度 特定領域研究(A)「タンパク質立体構造の構築原理」(代表者 郷 信広 京都大学教授) から生まれた蛋白質科学者のグループで、生物物理学会が支援している団体です。現在のPRCニュースレターの読者は630名余です。

第13回国際生物物理学会議の報告書 (埼玉大学 西垣研究室 斉藤あゆむ*)

この度は格別のご支援をいただきありがとうございました。私にとって初めての海外でもあって緊張の連続でしたが、おかげさまで数多くの経験を得ることができました。埼玉大学からは5人程参加し、なにより心強かったのはインドの留学生がいたことです。私はニューデリーには19日の夕方に入りました。雨上がりであったようで、思っていたよりも蒸し暑く、意外に簡素

な空港を出ると早速タクシー業の人々が囲むようにやってきて、「300ルピーで街まで運んでやる」というありさまで、早くも当地の雰囲気を味わわれました。金銭感覚がよく分からない状態で、結局140ルピーでホテルまで行ったのですが、そこまでの道のりが初めてのインド風景だったことも手伝ってか、とても印象的でした。まず日本人感覚ですと運転が荒い国産タクシーも含めて走っている車の質に唖然。つくづく日本は豊かであることと同時に無駄なことをしている感覚も覚えました。車窓からは噂に聞いていた野良牛や道路脇で生活する人々なども目の当たりにして、とても興奮しました。そうしてホテルに到着、あまりきれいなところではありませんでしたが、先輩と同室でここから6日間学会会場であるアショカホテルとの往復が始まりました。

さて、その学会ですが、立派なホテルの豪華で立派な会場で、シンポジウムとポスターの発表が行われました。シンポジウムの中でバイオインフォマティクスといった分野に今後の発展を予測する内容には、私の研究テーマと関連して嬉しいものがありました。しかし正直なところ英語を聞き取ることが大変でたまらなく(特にインド調の英語が)、一般の会話を含めて英語力の重要性を強く痛感する日々でした。私はポスター形式の発表は初めてだったのですが、多くの内容を自分のペースで見ることができ、たいへん吸収することができました。私自身のポスターにもたくさんのお客様がいらっしゃり説明することができました。中には有意な提案もいただくこともありまして、お陰でより自信がついてしまいました。後に知ったことですが世界的に知られた方もいらしていたのには驚きました。開催中はほとんどホテル内にいたわけですから、毎日昼食は会場が用意してくれるため、ここの中庭でインド料理をいただきましたが、全般にスパイシーですがさほど辛くなく、よく口に合う中身でした。ただ、デザートはどれも頭が痛いほどとても甘いものでした。

最終日、帰国は翌日の予定だったので観光ということでデリーから近い(といっても200km)アグラで1泊しました。車で5時間の場所で、アグラ城では歴史とイギリスの存在を感じ、主な目的のあの有名なタージマハルでは美を感じました。タージマハルはお墓です。今回は体調もおおむね良好で、本当にさまざまなことを観ることができて、しあわせだと思いました。しか

Reports of the XIII International Biophysics Congress

Ayumu SAITO*, Michael GROMIHA**

* Department of Functional Materials Science Faculty of Engineering Saitama University

**Tsukuba Life Science Center (RIKEN)

し、今回を通じて一番強く感じたことはやはり英語の必要性です。これに尽きると思います。より勉強に励む決心を固め、次回のプエノスアイレスを目指します。

Brief Report About the XIII International Biophysics Congress held at New Delhi, India during 19-24 September 1999

(Michael Gromiha**)

I attended the XIII International Biophysics Congress with the support of the Biophysical Society of Japan. It is my pleasure to share my experience in the Congress.

Several lectures have been delivered on my research interests, such as, protein folding, protein stability and protein-DNA interactions by eminent scientists in the frontier area. It was very helpful to refresh my up-to-date knowledge in the field. Further, I could gain several ideas on various approaches to dissect the problem of protein folding, understanding the role of various interactions for protein stability and the mechanism of protein-DNA interactions. Moreover, I personally discussed with several scientists about the work I am doing at present and the possible further directions in future.

During the congress, I have presented a paper on "**Development of Protein Thermodynamic Database and Analysis on Protein Stability**". In this work, we described the database developed by us, "ProTherm: Thermodynamic database for proteins and mutants" which contains numerical data for several important thermodynamic parameters, structural data, experimental methods and conditions, functional and literature information¹⁾. The database is available at <http://www.rtc.riken.go.jp/protherm.html>. By using the data we analyzed the correlation between stability changes caused by mutations and changes in 48 amino-acid properties²⁾. In buried mutations, the properties reflecting hydrophobicity strongly correlated with stability³⁾, and in partially buried mutations the stability changes at ordered structures were mainly governed by hydrophobicity whereas those at coil were mainly influenced by effects of entropy. Classification of mutations within coil based on hydrogen-bond forming capability led to better correlations. Information about local sequence and structural effects were more important for predicting stability changes caused by partially buried mutations than for buried mutations.

There was a good response to my poster and I had good interactions with several scientists from various countries, such as Canada, Colombia, India, Italy, Japan and U.S.A. They appreciated our research and commented on the usefulness of our database.

I also viewed a number of the posters and had direct discussions with the presenters to have a general idea on different aspects of biophysics, such as, protein structure and dynamics, protein folding and stability, protein design and ligand binding, DNA structure and dynamics, DNA-protein interaction, bioenergetics, molecular modelling, bioinformatics and data analysis and the works on different directions throughout the world.

I have been encouraged with several presentations which are related with our research and I wish to describe briefly some of them. (i) Chakravarthy and Varadarajan introduced a novel parameter, 'residue depth' to analyze protein structure and stability and claimed that the residue depth correlates significantly better than accessibility with effects of mutations on protein stability and on protein-protein interaction. (ii) Dalal and Regan have successfully transformed a predominantly β -sheet protein (the B1 domain) into a stable α -helical protein while retaining 50% sequence identity to the B1 domain. They have constructed a series of mutants to evaluate the balance of forces for stabilizing α -helix vs. β -strand and assessed the energetic contributions to the overall stability and fold. (iii) Funahashi *et al.* constructed several hydrophobic mutants in the solvent-exposed regions of human lysozyme located in different secondary structures and measured the stability. They found that the factors such as volume of the residues, total $ASA_{\text{non-polar}}$ values, secondary structural propensity and structural changes affect the stability. (iv) Szilagyi and Zavodszky constructed a database that contains all thermophilic proteins of known 3-D structures along with their mesophilic homologous proteins and analyzed the importance of structural properties for thermostability by statistical methods. They found that the 'number of ion-pairs' is the only property that showed significant difference between mesophilic and thermophilic proteins, and (v) Jayaram *et al.* described a consensus view of the energetics of protein-DNA recognition using 40 different protein-DNA complexes. They highlighted that packing and hydrophobic effects are favourable to complexation whereas the electrostatic shows a net unfavourable contribution to binding.