

## IPR SEMINARS

非均一サンプリング NMR 測定の実際と生体高分子への応用

～自在な実験デザインと研究展開～

Practical Aspects of Non-uniform Sampling in Multi-dimensional NMR Spectroscopy and Application for Biological Systems

Jun 18 (Wed) and 19 (Thu) 2014 at Nagoya University

1. 講演: 投影法と分割法の異なる側面 Martin Billeter (Gothenburg University)  
Lecture: Different aspects of projections and decompositions  
Martin BILLETER (*Gothenburg University*)
2. 研修会: 投影スペクトルにおけるデータ分割法 Martin Billeter (Gothenburg University)  
Workshop: Data decomposition of projection spectra  
Martin BILLETER (*Gothenburg University*)
3. 講演: 非均一データサンプリングの設定と再構成法 Hari Arthanari (Harvard Medical School)  
Lecture: Nus sampling schemes and reconstruction strategies  
Hari ARTHANARI (*Harvard Medical School*)
4. 研修会: IST NMR による、非均一データサンプリング実験法の運用 Hari Arthanari (Harvard Medical School)  
Workshop: Design, code and reconstitute NUS experiments with IST NMR  
Hari ARTHANARI (*Harvard Medical School*)
5. オープニング 廣明 秀一 (名古屋大学・大学院創薬科学研究科)  
Opening remarks  
Hidekazu HIROAKI (*Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Nagoya University*)
6. 開会講演: タンパク質 NMR 技術の展望 甲斐荘 正恒 (名古屋大学・大学院理学研究科)  
Opening lecture: Perspective of protein NMR technologies  
Masatsune KAINOSHO (*Graduate School of Science Nagoya University*)
7. 基調講演: 迅速なタンパク質 NMR 解析法 Martin Billeter (Gothenburg University)  
Key-note lecture: Fast protein NMR  
Martin BILLETER (*Gothenburg University*)
8. 招待講演: タンパク質の NMR 解析における非均一サンプリング法の応用例 Hari Arthanari (Harvard Medical School)

Lecture: Practical aspects of non-uniform sampling and its application to protein spectroscopy

Hari ARTHANARI (*Harvard Medical School*)

9. 「困難な」蛋白質試料への nonlinear と maximum entropy プロセッシングの応用  
伊藤 隆 (首都大学東京・化学コース)  
Applications of nonlinear sampling and maximum entropy reconstruction to problematic protein samples  
Yutaka ITO (*Department of Chemistry Tokyo Metropolitan University*)
10. ベイズ推定を用いた NMR 立体構造計算 池谷 鉄兵 (首都大学東京・化学コース)  
A NMR structure calculation algorithm based on Bayesian inference  
Teppei IKEYA (*Department of Chemistry, Tokyo Metropolitan University*)
11. 非均一サンプリングとスペクトル最高性技術の応用例  
猪俣 晃介 (理化学研究所・生命システム研究センター)  
An application of non-uniform sampling and spectral reconstruction  
Kohsuke INOMATA (*RIKEN Quantitative Biology Center*)
12. SIFT 法による定量的 NUS データ処理—溶液、固体 NMR への応用  
松木 陽 (大阪大学・蛋白質研究所)  
"SIFT it quantitatively." - solution- and solid-state NMR applications  
Yoh MATSUKI (*Institute for Protein Research, Osaka University*)
13. Poisson-gap 非均一サンプリングによる炭素核測定のス/N および感度上昇  
竹内 恒 (産業技術総合研究所・創薬分子プロファイリング研究センター)  
Improved S/N and sensitivity of carbon detected spectra by Poisson-gap non-uniform sampling  
Koh TAKEUCHI (*Molecular Profiling Research Center for Drug Discovery, Molecular Profiling Research Center for Drug Discovery*)
14. SAIL 法及び非均一サンプリングによる高分子量蛋白質の立体構造解析  
宮ノ入 洋平 (名古屋大学・大学院理学研究科)  
Structural analysis for large molecular protein by using SAIL method and non-uniform sampling  
Yohei MIYANOIRI (*Graduate School of Science, Nagoya University*)
15. 感度を決める要因とは? -- 積算回数とサンプリング数 -  
池上 貴久 (横浜市立大学・生命医科学研究科)  
What determines the sensitivity? -- the numbers of scans and sampling -  
Takahisa IKEGAMI (*Graduate School of Medical Life Science, Yokohama City University*)
16. 多次元 NMR スペクトル測定の新技術 Eriks Kupce (ブルカー・バイオスピン)  
New ways to record multi-dimensional NMR spectra  
Eriks KUPCE (*Bruker BioSpin K.K.*)

世話人：池上 貴久（横浜市立大学・大学院生命医科学研究科）

竹内 恒（産業技術総合研究所・創薬分子プロファイリング研究センター）

藤原 敏道（大阪大学・蛋白質研究所）

宮ノ入 洋平（名古屋大学・大学院理学研究科）

Organizers: Takahisa IKEGAMI (*Graduate School of Medical Life Science, Yokohama City University*)

Koh TAKEUCHI (*Molecular Profiling Research Center for Drug Discovery,  
Molecular Profiling Research Center for Drug Discovery*)

Toshimichi FUJIWARA (*Institute for Protein Research, Osaka University*)

Yohei MIYANOIRI (*Graduate School of Science, Nagoya University*)