

三木生物超分子結晶学研究室

Biological Supramolecular Crystallography Laboratory

主任研究員 三木 邦夫
MIKI, Kunio

生命現象を理解するためには、生命を構成する個々の分子が、どのようにお互いに協調して高度に統合された超分子システムを作っているかということをはっきりとすることが重要である。当研究室ではこのような視点から、生物学的に重要な種々の生命システムを対象として放射光を利用した X 線結晶構造解析の手法を用いて構造生物学的研究を行っている。対象とする生命システムとして現在、ABC トランスポーターが関与する物質輸送、細胞環境応答、細胞分裂制御、バイオポリエステルの生合成と分解、細胞内シグナル伝達制御、芳香族化合物代謝に焦点を当て、研究を進めている。これらの生命システムに含まれる生体高分子の立体構造を、SPRing-8 の特性を最大限に利用した X 線結晶構造解析によって、迅速かつ高精度に決定し、得られた立体構造情報を基盤とする機能解析を目指している。加えて、その他の物理化学的手法も駆使して、生体分子の分子機構を統括的に理解しようとしている。また、構造ゲノム科学の推進に貢献するために、X 線結晶構造解析の迅速化、そのための新規手法についても開発を進めている。(本年度より研究室名を理論構造生物学研究室から三木生物超分子結晶学研究室へ変更)

1. 生命システムの構造生物学的研究

(1) ABC トランスポーター関連タンパク質の構造生物学的研究 (竹田 *1, 平野 *2, 三木)

ABC トランスポーターは ATP の加水分解エネルギーを利用して各種の物質を輸送する膜タンパク質複合体である。当研究室では、大腸菌由来の脂質結合タンパク質輸送 (Lol) 因子群や高度好熱菌由来の各種 ABC トランスポーターを主な研究対象として ABC トランスポーターの輸送機構の解明に取り組んでいる。変異体の利用や ATP 加水分解の条件の制御により、各種の中間状態を選択的かつ安定に作り出し、輸送の際の構造変化の原子レベルでの解明を目指す。Lol 因子はグラム陰性細菌に広く見られる因子で、細胞の内膜で脂質修飾されたタンパク質をシグナルによって選別し、外膜に局在化されるべき脂質結合タンパク質を内膜から外膜へ親水的環境であるペリプラズム空間を横切って輸送する。これまでに Lol 因子群の脂質結合タンパク質特異的分子シャペロン LolA と脂質結合タンパク質受容体 LolB の構造を解明している。本年度は、脂質結合タンパク質の輸送において欠陥を持つ変異体や各種の脂質結合タンパク質、LolA-脂質結合タンパク質複合体の結晶化、構造解析を行った。LolA (R43L) は結合した脂質結合タンパク質を受容体 LolB に渡すことのできない変異体であるが、結晶構造解析の結果から、脂質結合タンパク質の結合の際に起こる構造変化が、非結合型でもすでに見られることが明らかとなった。(東京大学分子細胞生物学研究所 徳田教授、京都大学大学院理学研究科との共同研究)

また、高度好熱菌の ABC トランスポーターの ATP アーゼサブユニットを ATP 非結合型、ATP アナログ (AMPPNP) 結合型、ADP 結合型について構造解析し、ATP の結合や加水分解に共役した構造変化を明らかにした。

(2) 生物の環境感知・適応システムの研究 (宮武, 金 *3, 三木)

原核生物が持つ環境感知・適応システムとして、二成分情

報伝達系がよく知られている。二成分情報伝達系では、周囲の環境情報を感知するセンサーキナーゼと、それらから情報を受け取る転写制御因子との 2 つのタンパク質によって、環境情報を転写システムにまで伝達する。我々は、二成分情報伝達系に共通した情報伝達機構を解明するために、結晶構造解析を中心とした研究を行っている。転写制御因子の二量体化に関する知見を得るため、これまで得られていたものとは異なる晶系の結晶を調製した。現在、分子置換法による構造解析を進めている。

一方、ラン藻には二成分情報伝達系の原型が多数存在していると考えられており、二成分情報伝達系を進化的な側面からとらえようとする際に興味深い。我々は、ラン藻 *Anabaena* sp. PCC 7120 のゲノムにおいてヘム-PAS ドメインの一種である COS (Cyanobacterial oxygen sensor) ドメインを見いだした。これはラン藻で初めて見つかった、酸素センサー機能を有すると推定されるドメインであり、原核生物に見られる酸素センサーの原型と考えられる。この COS ドメインが含まれているタンパク質は、11 個のドメインから成り、COS ドメインの C 末端側にヒスチジンキナーゼドメイン、N 末端にレスポンスレギュレータードメインと、OmpR 型 DNA 結合ドメインを持つ、特異なドメイン構造を有していた。このようなマルチドメインタンパク質の酸素感知機構を詳細に解析するために、COS ドメインとヒスチジンキナーゼドメインからなるトランケート体、およびレスポンスレギュレータードメインと OmpR 型 DNA 結合ドメインからなるトランケート体をそれぞれ調製した。前者に関しては、酸化状態、還元状態におけるリン酸化能、後者に関しては、アセチルリン酸存在下、非存在下における DNA 結合能をそれぞれ測定した。これらの結果から、このタンパク質全体としての酸素感知機構が明らかになりつつある。(東京大学大学院総合文化研究科 池内教授との共同研究)

(3) 細胞分裂関連システムの研究 (岩崎, 三木)

Stationary phase survival protein (SurE) は、真正細菌・古細菌・植物で保存されているタンパク質で、大腸菌においては、定常期の生存に必要であることが知られている。SurE は金属要求性のホスファターゼ活性を持つが、その生理機能については不明である。現在までに、2つの生物種由来の SurE の結晶構造が報告されており、二量体が2つ会合した四量体を形成していることが判っている。更に SurE の機能について知見を得るため、我々は高度好熱菌由来 SurE (ttSurE) の構造を、数種の異なる空間群に属する結晶を用いて決定した。ttSurE の単量体構造は、球状のドメインとそこから突出した β シート領域から成っており、既知の構造と同様であった。しかし、ttSurE においては、突出した β シート (このシートを介して四量体を形成する) と球状ドメインとの相対角度に相違が見られた。その結果、ttSurE の二量体・四量体は、既知の構造とはかなり異なった四次構造を取っていた。ttSurE の溶液中の会合状態について、超遠心分析法により解析した。また、活性測定の結果、ttSurE の基質選択性は、他生物種由来の SurE に比べて非常に高いことが明らかになった。基質選択性の高さは、ttSurE のユニークな四次構造に起因していると考えられ、これは、SurE の反応機構を解明する上で、有力な情報である。現在、SurE の生理的な基質の探索および反応機構の解明に向けて、研究を進めている。

(4) バイオポリエステル生合成・分解システムの研究 (久野, 三木; 土肥 (土肥高分子化学研究室))

バイオポリエステルの生合成と分解において重要な働きをするタンパク質群について、構造解析を行い、立体構造に基づいて機能および相互作用様式を明らかにすることを目的として研究を行っている。バイオポリエステル (ポリ R-3-ヒドロキシアルカン酸 (PHA)) の分解には特異的な加水分解酵素が関与している。多くの分解酵素は3つの特異的な機能を持つドメインから構成され、固体基質を効率よく分解することができる。触媒ドメインは水溶性基質に対しては非常に高い触媒作用を示すが、ポリエステル固体に対しては、その表面への吸着能がほとんどないため、固体基質に効率的に作用するためには PHA 吸着ドメインの存在が必須である。一方、カビの一種 *Penicillium funiculosum* が産生する菌体外分泌型の分解酵素は触媒ドメインのみからなるシングルドメイン酵素である。この酵素はポリエステルグラニュールに対して十分な分解活性を持っており、単一のドメインに触媒機能および吸着機能を有していると考えられる。本酵素のバイオポリエステル分解機構を解明するため、PHA 分解酵素として初めての立体構造を明らかにした。その結果、本酵素は α/β 加水分解酵素フォールドを持っていることが分かった。このことから、2つのタイプに区別される触媒ドメインの間は circular permutation の関係で結びつけられ、両者は進化的に祖先が共通であることが示唆された。酵素分子表面にはポリエステル鎖が結合するのに都合がよいクレバスが形成されている。その内部には Ser-19, Asp-101, His-135 が活性三つ組残基として配置されていた。Ser-19 をアラニンに置換した変異体が活性を持たないことを生化学的に示し、この残基が実際に触媒作用において重要であることを確認した。また、疎水的なアミノ酸残基が配置され、バイオポリエステルのメチル側鎖と相互作用するために必要と考えられる疎水性ポケット

が形成されていた。クレバス近傍の分子表面には疎水的なアミノ酸残基が平面的に配置されていた。これはポリエステルグラニュール表面への結合に都合がよいと考えられる。酵素に結合したグラニュールの表面から Ser-19 までの距離は約 7 Å と推定された。これらのことから、ポリエステル鎖が分解される際には、酵素-グラニュール間の疎水的相互作用が働くと同時にポリエステル鎖間相互作用が弱まり、ポリエステル鎖がグラニュール表面から遊離することで活性部位まで移動することができると考えられる。(群馬大学工学部 粕谷助教授, 神奈川大学理学部 齋藤教授との共同研究)

(5) 細胞内シグナル伝達制御機構の研究 (吉瀬 *3, 久野, 三木)

細胞内シグナル伝達におけるキナーゼカスケードにはシグナルがクロストークをすることなく効率よく伝わる機構が備わっている。足場タンパク質 JSAP1 は MAP キナーゼカスケードにおいてそのようなシグナル伝達の制御を担う中心的な働きをするタンパク質である。このタンパク質は、一連のシグナル伝達に関わる複数のキナーゼと統合してそれらを集積させ、キナーゼ間の効率的な相互作用の場を与えることにより、シグナル伝達制御を行っている。本研究は足場タンパク質の構造解析を行い、足場タンパク質-キナーゼ間相互作用様式を明らかにすることを目的とする。本タンパク質の大腸菌および昆虫細胞を用いた大量発現系の構築を進めている。足場タンパク質の様々なトランケート体を設計し、大腸菌での発現系を構築した。それらの大量発現系の確立にむけてさらに条件を検討する。(金沢大学がん研究所 善岡教授, 協和発酵工業との共同研究)

(6) 芳香族化合物代謝システムの研究 (金 *3, 宮武, 久野, 三木)

微生物による芳香族化合物の代謝は、環境浄化の観点からも重要な生物学的現象である。そうした中で、4-ヒドロキシフェニル酢酸の微生物分解においては、4-ヒドロキシフェニル酢酸 3-モノオキシゲナーゼが初発酵素として働く。この酵素は、フラビンを補酵素として一原子酸素の添加反応を触媒するオキシゲナーゼコンポーネントと、フラビン:NADH 酸化還元酵素であるリダクターゼコンポーネントの2つの成分から構成されている。リダクターゼコンポーネントは NADH を用いて FAD を還元するが、還元された FAD は酵素から解離することができ、溶媒中に拡散することによりオキシゲナーゼコンポーネントに受け渡される。このようなフラビン拡散型のオキシゲナーゼシステムは、芳香族化合物を基質とする他の酸素添加酵素にも見られ、two-component flavin-diffusile monooxygenase (TC-FDM) ファミリーを形成している。このファミリーに特徴的な、両コンポーネントにおける FAD の結合・解離機構を酵素の立体構造に基づいて解明するために、高度好熱菌由来の 4-ヒドロキシフェニル酢酸 3-モノオキシゲナーゼリダクターゼコンポーネント HpaC とその複合体の構造解析を行った。アポ体の HpaC については既に結晶構造を明らかにしており、本年度は HpaC-FAD-NAD, HpaC-FAD 複合体を調製して構造解析し、アポ体との比較を行った。その結果、HpaC-FAD 複合体の活性クレフト中には FAD に対応する明瞭な電子密度は認められなかった。一方、HpaC-FAD-NAD 複合体結晶においては、FAD および NAD に相当する明瞭な電子

密度が活性クレフト中に見られ、NAD のニコチンアミド基と FAD のイソアロキサジン環は電子の受け渡しが可能な距離にあることが分かった。三者複合体の構造は TC-FDM 酵素において初めて得られた情報であり、TC-FDM ファミリーにおける電子伝達機構を詳細に検討することが可能となった。さらに、HpaC の酸化還元活性の測定を行い、本酵素の酸化還元機構を詳細に解明する。

2. 構造ゲノム科学研究

(1) 高度好熱菌タンパク質の構造決定 (宮武, 久野, 岩崎, 金^{*3}, 吉瀬^{*3}, 竹田^{*1}, 三木)

ABC トランスポーターの ATP アーゼサブユニット, Stationary phase survival protein (SurE), *N*-acylamino acid racemase の結晶構造解析を行った。特に ABC トランスポーター ATP アーゼサブユニットについては ATP 非結合型, ATP アナログ (AMPPNP) 結合型, ADP 結合型について構造を明らかにした。

(2) タンパク質結晶のヨウ素化法の開発 (宮武, 金^{*3}, 三木)

ヨウ素は長波長 X 線領域 ($> \sim 2 \text{ \AA}$) で $f'' > \sim 12e$ の異常分散効果を示すことから, Cr- K_{α} X 線 ($\lambda = 2.29 \text{ \AA}$) または長波長放射光 X 線をヨウ素化結晶に適用することによって, 位相情報を得ることができる。しかし, 目的結晶をヨウ素溶液にソーキングする方法では, 結晶性が損なわれる場合が多く, 占有率も上がりにくい等の問題点がある。また, ヨウ素化合物をタンパク質結晶に導入する場合でも, 目的タンパク質に対して親和性が高い化合物を用いなくてはならず, 一般的な方法ではない。我々は, より汎用的にヨウ素を位相決定に利用するため, ヨウ素の気化を利用した, タンパク質結晶をヨウ素化する新規な方法を開発した。この手法では, ヨウ素分子が結晶中に徐々に浸透していくため, 結晶性が損なわれることが少なく, また, タンパク質分子中のチロシン残基がヨウ素化されるため, 占有率が上がりやすいなどの特長がある。この方法をソーマチン結晶に適用したところ, 十分な異常分散効果を生じる結晶が調製でき, 分子モデルの自動構築が可能な位相情報を得ることができた。さらに5種類の異なるタンパク質結晶に対して同手法を用いたところ, すべての場合において結晶性を損なうことなくヨウ素を導入できた。(理学電機(株)との共同研究)

(3) 全自動結晶化・観察ロボットの開発 (宮武, 金^{*3}, 三木)

タンパク質の結晶化および観察は構造生物学研究において律速段階の1つであり, 自動化が強く望まれている。我々は, タンパク質全自動結晶化・観察ロボット HTS-80 を開発した。さらにオペレーションの高速化を図るため, 分注ヘッドのマルチチャンネル化, シーリング方法の改良, 観察速度の高速化等によって, 全体の性能を向上させた。(パナソニックファクトリーソリューションズ(株)との共同研究)

^{*1} 協力研究員, ^{*2} 研修生, ^{*3} 連携研究員

Research of our laboratory aims to understand the molecular mechanisms of biological phenomena from view-

point of structural biology. We investigate biological molecules in living organisms to understand how they are integrated to work cooperatively as a supramolecular system. Our current research targets are: ABC transporter-mediated transport system, cellular environmental adaptation, regulatory system of cell division, biopolymer biosynthesis and degradation, cellular signal transduction, and aromatic compound metabolism. We determined precise three-dimensional structures of biological macromolecules by means of X-ray crystallography using synchrotron radiation of SPring-8. In addition, we developed several methodologies concerning protein crystallography in order to contribute structural genomics.

1. Structural biology of biological systems

(1) ABC transporter-mediated transport systems of biomolecules

ABC-transporters are membrane bound protein-complexes which transport various compounds with ATP-hydrolysis energy. The complexes may be suitable for elucidation the transporting mechanism at atomic resolutions because of the transient intermediate states can be trapped by means of mutant proteins or ATP analogues. We especially target lipoprotein transporting (Lol) factors from *Escherichia coli* and thermostable subunits from *Thermus thermophilus*. So far, we reported crystal structures of the lipoprotein carrier LolA and lipoprotein receptor LolB of the Lol proteins. In addition, mutants of LolA, lipoproteins and LolA-lipoprotein complex are now used for further investigation. The crystal structure of the free form of a mutant LolA(R43L), which cannot transfer the associated lipoprotein to LolB, has structural changes expected to occur at the binding of the lipoprotein. For ATPase subunits from *T. thermophilus*, structures of nucleotide-free, ATP analogue (AMPPNP)-bound and ADP-bound states are determined so as to reveal the structural change upon the ATP binding and hydrolysis.

(2) Cellular environmental adaptation

Two-component regulatory systems are well known as environmental adaptation machineries dominantly found in prokaryotes. The systems consist of two types of proteins, sensor-kinases that sense environmental information and response regulators that transmit the information to the translational proteins. We obtained a new crystal form of the response regulator. We have tried to solve the crystal structure by the molecular replacement technique using a previously determined model as a probe. On the other hand, two-component systems of *Anabaena* sp. PCC 7120 are intriguing in the view of evolutionary aspects. We found a candidate for an oxygen sensor domain containing the heme-PAS motif in the genome of this organism. We prepared a recombinant protein with heme-PAS and histidine kinase domains and analyzed the self-phosphorylation activity in the reduced or oxidized forms. From these studies, a plausible oxygen-sensing mechanism of this protein will be proposed.

(3) Regulatory system of cell division

Stationary-phase survival protein SurE is distributed among eubacteria, archaea and plants, and it is necessary for survival during the stationary phase in *E. coli*. SurE has a metal ion-dependent phosphatase activity, but its physiological role is not clear. We determined the crystal structures of SurE from *T. thermophilus* HB8 (ttSurE) in a few different space groups. The ttSurE structure consists of a globular domain and a β -sheet region that mediates molecular tetramerization as so far reported. However, the angle between the protruding region and the globular do-

main of ttSurE is different. As a result, the dimeric- and tetrameric-structures of ttSurE were quite different from the known SurE structures. We studied the self-associative properties of ttSurE in solution using the analytical ultracentrifugation. Phosphatase activity assays are done and its substrate specificity seems to be strict compared to SurE from other species.

(4) Biopolyester biosynthesis and degradation

Biopolyester poly (*R*-3-hydroxyalkanoate) (PHA) is degraded by a specific enzyme, PHA depolymerase. Extracellular PHA depolymerases are typically composed of three functional domains. Some fungal depolymerases are only composed of a single domain with an efficient affinity to PHA substrates and catalysis. We solved the first crystal structure of the PHA depolymerase composed of a single domain at 1.7 Å resolution. The structure represents an α/β hydrolase fold with a novel secondary structure topology. This observation indicates that two types of the catalytic domains of depolymerase are evolutionary related through circular permutation. Catalytic triad residues are located at the bottom of a crevice formed on the surface of the molecule. The catalytic site with no obvious lid structure is open to bulk solvent. Surface-exposed hydrophobic residues are located around the catalytic site, which allows us to propose a degradation mechanism of polyester chains during degradation of PHA.

(5) Cellular signal transduction regulation

Scaffold protein is important for regulation of cellular signal transduction. JSAP-1 is a scaffold protein involved in the MAP kinase cascade. To obtain sufficient amount of the protein for crystallography, various truncated mutants were designed, and an establishment of the *E. coli* expression system in large scale is in progress.

(6) Aromatic compound metabolism

Biological metabolism of aromatic compounds by microorganisms is crucial phenomena in the view of environmental clean up. One of the aromatic compounds, 4-hydroxyphenylacetate (4-HPA), is degraded by a two-component flavin-diffusible monooxygenase, HpaB and HpaC. In this fiscal year, we focused on the studies of HpaC through the analysis of complexes with FAD alone and both FAD and NAD. In the catalytic cleft of the HpaC-FAD complex, the electron density corresponding to the FAD is smeared. On the other hand, there are unambiguous electron densities corresponding to the bound FAD and NAD in the catalytic cleft of the HpaC-FAD-NAD complex. The structure of the ternary complex is the first observation for the TC-FDM enzymes, which allows us to understand precise mechanism of electron transfer.

2. Structural genomics

(1) Structure determination of proteins from *Thermus thermophilus* HB8

Crystal structures of ATPase subunits of ABC transporters, stationary-phase survival protein SurE, *N*-acylamino acid racemase were determined as the structural genomics project.

(2) Development of a novel method for iodination of protein crystals.

Iodine generates such sufficient anomalous scattering effect in the longer X-ray wavelengths that to determine phase information by SAD technique. We established a novel effective iodination technique using iodine vapor. We applied the technique to a native thaumatin crystal, and found that tyrosine residues in the crystals were successfully iodinated. We could automatically build the molecular model solely by SAD phases. We further applied the

present technique to five other crystals. They were labeled by iodine atoms without serious loss of the crystalline orders.

(3) Development of a fully automated crystallization/observation robotic system HTS-80

The HTS-80 system has been improved to fasten the dispensing speed and observation routines. The dispensing head was multi-channeled to have 8 independent nozzles. Sealing and data transferring speed are also improved in the current version of the robotic system.

Staff

Head

Dr. Kunio MIKI

Members

Dr. Hideyuki MIYATAKE

Dr. Tamao HISANO

Dr. Wakana IWASAKI

Dr. Kazuki TAKEDA *¹

Dr. Minoru HAYASHIDA *¹

Dr. Seong-Hoon KIM *²

Dr. Tomoyasu KICHISE *²

*¹ Contract Researcher

*² Researcher, Structurome Research Group Project

in collaboration with

Dr. Nobuo KAMIYA (Div. Bio-Crystallogr. Technol.)

Dr. Sam-Yong PARK (Div. Bio-Crystallogr. Technol.)

Dr. Yoshiharu DOI (Polym. Chem. Lab.)

Visiting Members

Dr. Masahiro FUJIIHASHI (Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.)

Dr. Noriko FUJII (Res. React. Inst., Kyoto Univ.)

Dr. Akiko KITA (Res. React. Inst., Kyoto Univ.)

Dr. Koji NAGATA (Univ. Tokyo)

Dr. Tsuyoshi NONAKA (Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.)

Mr. Nobutaka NUMOTO (Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.)

Dr. Hai PANG (Tsinghua Univ., China)

Dr. Zihe RAO (Tsinghua Univ., China)

Dr. Masaru TANOKURA (Univ. Tokyo)

Dr. Noritake YASUOKA

Trainees

Mr. Yu HIRANO (Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.)

Mr. Daisuke MARUYAMA (Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.)

Mr. Akira NAKAMURA (Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.)

Mr. Satoshi WATANABE (Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.)

誌 上 発 表 Publications

[雑誌]

(原著論文) *印は査読制度がある論文

Iwasaki W., Miyatake H., Ebihara A., and Miki K.: "Crystallization and preliminary X-ray crystallographic studies of the small form of glucose-inhibited division protein A from *Thermus thermophilus* HB8", *Acta Cryst. D* **60**, 515–517 (2004). *

Numoto N., Kita A., and Miki K.: "Structure of the C subunit of V-type ATPase from *Thermus thermophilus* at 1.85 Å resolution", *Acta Cryst. D* **60**, 810–815 (2004). *

Kort R., Komori H., Adachi S., Miki K., and Eker A.: "DNA apophotolyase from *Anacystis nidulans*: 1.8 Å structure, 8-HDF reconstitution and X-ray induced FAD-reduction", *Acta Cryst. D* **60**, 1205–1213 (2004). *

Nagata K., Tsutsui S., Lee W. C., Ito K., Kamo M., Inoue Y., and Tanokura M.: "Crystallization and preliminary X-ray analysis of carboxypeptidase 1 from *Thermus thermophilus*", *Acta Cryst. D* **60**, 1445–1446 (2004). *

Nakamura A., Komori H., Kobayashi G., Kita A., Wada C., and Miki K.: "The N-terminal domain of the replication initiator protein RepE is a dimerization domain forming a stable dimer", *Biochem. Biophys. Res. Commun.* **315**, 10–15 (2004). *

Takeda K., Miyatake H., Park S., Kawamoto M., Kamiya N., and Miki K.: "Multi-wavelength anomalous diffraction method for I and Xe atoms using ultra-high-energy X-rays from SPring-8", *J. Appl. Cryst.* **37**, 925–933 (2004). *

Pang H., Bartlam M., Zeng Q., Miyatake H., Hisano T., Miki K., Wong L. L., Gao G. F., and Rao Z.: "Crystal structure of human Pirin: an iron-binding nuclear protein and transcription cofactor", *J. Biol. Chem.* **279**, 1491–1498 (2004). *

Nonaka T., Fujihashi M., Kita A., Saeki K., Itoh S., Horikoshi K., and Miki K.: "The crystal structure of an oxidatively stable subtilisin-like alkaline serine protease, KP-43, with a C-terminal β -barrel domain", *J. Biol. Chem.* **279**, 47344–47351 (2004). *

Numoto N., Kita A., and Miki K.: "Crystal structure of the co-chaperonin Cpn10 from *Thermus thermophilus* HB8", *Proteins: Struct., Funct., Bioinf.* **58**, 498–500 (2004). *

(その他)

Takeda K. and Miki K.: "Crystal structures of bacterial lipoprotein localization factors, LolA and LolB", *SPring-8 Res. Frontiers* **2004**, 18–19 (2004).

大島泰郎, 横山茂之, 田之倉優, 三木邦夫: "特集 進む「タンパク 3000 プロジェクト」座談会", *Sci. Technol. J.* **14**, 10–17 (2005).

[単行本・Proc.]

(総 説)

三木邦夫: "タンパク質の X 線結晶構造解析", *ゲノミクス・*

プロテオミクスの新展開: 生物情報の解析と応用, 今中忠行 (編), エヌ・ティー・エス, 東京, pp. 592–595 (2004).

口 頭 発 表 Oral Presentations

(国際会議等)

Tsutsui S., Lee W. C., Ito K., Inoue Y., Nagata K., and Tanokura M.: "Crystal structure of carboxypeptidase 1 from *Thermus thermophilus*", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Hisano T., Miyatake H., and Miki K.: "Crystal structure of dihydroneopterin aldolase from *Thermus thermophilus* HB8", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Nonaka T., Fujihashi M., Kita A., Hagihara H., Ozaki K., Itoh S., and Miki K.: "Crystal structures of alkaline α -amylase, AmyK38 and its complexes with oligosaccharides", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Numoto N., Nakagawa T., Kita A., Fukumori Y., and Miki K.: "Crystallographic study of multi hemoglobin system from *Oligobranchia mashikoi*", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Miki K.: "Structural genomics and proteomics in Japanese university community", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Yoshida T., Iizuka R., Shomura Y., Miki K., Maruyama T., and Yohda M.: "Structure and functional characterization of the group II chaperonin from hyperthermophilic archaeum, *Thermococcus* strain KS-1", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Miyatake H., Yamano A., Hasegawa T., and Miki K.: "De novo structure determination by sulfur(S) and iodine(I) SAD phasing using laboratory Cr $K\alpha$ X-ray equipment", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Miki K.: "Structural genomics and proteomics in Japanese university community", 9th Symp. on Recent Advances in Biophysics, (Institute of Biological Chemistry Academia Sinica), Taipei, Taiwan, May (2004).

Pang H., Bartlam M., Zeng Q., Miyatake H., Hisano T., Miki K., Wong L., Gao G. F., and Rao Z.: "Crystal structure of human Pirin: an iron binding nuclear protein and transcription cofactor", 10th Int. Conf. on the Crystallization of Biological Macromolecules (ICCBM10), (International Organization for Biological Crystallization and others), Beijing, China, June (2004).

- Fukusawa S., Umamo K., Kita A., and Miki K.: “Development of a protein crystallization observation support system”, 10th Int. Conf. on the Crystallization of Biological Macromolecules (ICCBM10), (International Organization for Biological Crystallization and others), Beijing, China, June (2004).
- Miyatake H., Kim S., Motegi I., Matsuzaki H., Kitahara H., Higuchi A., and Miki K.: “Development of full-automated macromolecular crystallization: Observation robot system”, 10th Int. Conf. on the Crystallization of Biological Macromolecules (ICCBM10), (International Organization for Biological Crystallization and others), Beijing, China, June (2004).
- Kim S., Miyatake H., Ueno T., Nagao T., and Miki K.: “Electric charge-separation of the protein for X-ray crystallography using the free-flow isoelectric focusing”, 10th Int. Conf. on the Crystallization of Biological Macromolecules (ICCBM10), (International Organization for Biological Crystallization and others), Beijing, China, June (2004).
- Iwasaki W., Miyatake H., and Miki K.: “Crystal structure of the small form of glucose-inhibited division protein A from *Thermus thermophilus* HB8”, 6th Conf. of the Asian Crystallographic Association (AsCA'04), Hong Kong, China, June (2004).
- Takeda K., Miyatake H., Yokota N., Matsuyama S., Tokuda H., and Miki K.: “Structural basis of bacterial lipoprotein transport”, 6th Conf. of the Asian Crystallographic Association (AsCA'04), Hong Kong, China, June (2004).
- Kohyama T., Nishikawa T., Tokuhisa T., Okumura H., Matsui Y., Sakai K., Murakami M., Adachi S., Kamiya N., and Takeda K.: “Crystallographic studies of the photoreaction intermediates of bacteriorhodopsin: Water translocation during the proton pumping cycle”, 8th Int. Conf. on Biology and Synchrotron Radiation (BSR2004), (Himeji City, RIKEN, and others), Himeji, Sept. (2004).
- Kuramitsu S., Ebihara A., Kanagawa M., Kuroishi C., Sato S., Agari Y., Iino H., Kashihara A., Kira S., Yanai H., Imagawa T., Nakagawa N., Masui R., Bessho Y., Hori-Takemoto C., Handa N., Kishishita S., Niino-kukimoto M., Kaminishi T., Wang H., Mizohata E., Shibata R., Kato-Murayama M., Kawazoe M., Arai R., Toyama M., Kunishima N., Tahirov T., Sekine S., Shinkai A., Vassilyev D. G., Murayama K., Terada T., Shirouzu M., Miki K., and Yokoyama S.: “A structural and functional whole-cell project for the model organism, *Thermus thermophilus* HB8”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Nakagawa N., Ebihara A., Kanagawa M., Kuroishi C., Sato S., Agari Y., Maoka N., Iino H., Kashihara A., Inoue Y., Terada T., Shirouzu M., Masui R., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: “Systematic preparation and structural determination of *Thermus thermophilus* HB8 proteins for structural genomics”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Miki K.: “Structural basis of bacterial lipoprotein localization”, 7th R.O.C.-Japan Joint Seminar on Crystallography, (Interchange Association (Japan), National Science Council (Taiwan)), Tokyo, Nov. (2004).
- Miki K.: “Structural genomics/proteomics of Japanese university community by the use of synchrotron radiation”, 16th Synchrotron Radiation Users' Workshop & KOSUA Meet., (Pohang Accelerator Laboratory), Pohang, Korea, Dec. (2004).
- (国内会議)
- 久野玉雄: “放射光による酵素タンパクの構造解析と機能評価”, 理研シンポジウム「第1回環境分子科学研究(第II期)シンポジウム:環境分子科学研究の新展開」, 和光, 6月(2004).
- 増井良治, 黒川顕, 中川紀子, 寺田貴帆, 白水美香子, 小山芳典, 徳永史生, 大島泰郎, 安永照雄, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 の比較ゲノム解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8月(2004).
- 加茂昌之, 工藤紀雄, 李愚哲, 本島浩之, 田之倉優: “*Thermus thermophilus* HB8 株由来 Peptide deformylase の結晶構造解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 岩崎わかな, 宮武秀行, 三木邦夫: “*Thermus thermophilus* HB8 由来 Glucose-inhibited division protein A の small form の結晶構造”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 筒井志穂, 李愚哲, 伊東孝祐, 加茂昌之, 井上由美子, 永田宏次, 田之倉優: “*Thermus thermophilus* 由来のカルボキシペプチターゼ1の生化学的及び結晶学的解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8月(2004).
- 久野玉雄, 佐藤伸哉, 三木邦夫: “ジヒドロネオプテリナルドラーゼの結晶構造”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 飯野均, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 揖場朱香, 北村吉章, 寛教代, 中山仁志, 真岡伸子, 上利(住口)和子, 柏原愛子, 井上由美子, 吉良聡, 松本香代子, 大森美和, 石戸恵美, 西田雅美, 新海ふじ江, 堀田佳子, 木山知美, 満足美穂, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “タンパク質結晶化”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 真岡伸子, 甲角幸秀, 黒石千寿, 上利(住口)和子, 柳楽武志, 松本香代子, 木山知美, 柏原愛子, 石戸恵美, 揖場朱香, 松本隆, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 飯野均, 井上由美子, 吉良聡, 大森美和, 西田

- 雅美, 新海ふじ江, 矢内久陽, 今川貴仁, 堀田佳子, 有馬登志, 満足美穂, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “タンパク質発現”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 金成勲, 宮武秀行, 上野朋行, 長尾卓也, 三木邦夫: “フリーフロー等電点電気泳動法における3次構造解析向けの新規の両性電解質バッファの開発”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 金川真由美, 中川紀子, 海老原章郎, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 矢内久陽, 今川貴仁, 北村吉章, 中山仁志, 真岡伸子, 上利(住口)和子, 井上由美子, 松本香代子, 大森美和, 石戸恵美, 西田雅美, 新海ふじ江, 柳楽武志, 堀田佳子, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 満足美穂, 笈教代, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “構造機能解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 竹田一旗, 三木邦夫: “高度好熱菌 *T. thermophilus* HB8 由来 ABC トランスポーターのヌクレオチド結合タンパク質 (TT2939) の結晶構造解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 上利佳弘, 吉良聡, 中川紀子, 海老原章郎, 真岡伸子, 井上由美子, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 飯野均, 柏原愛子, 金川真由美, 上利(住口)和子, 柳楽武志, 松本香代子, 大森美和, 石戸恵美, 西田雅美, 新海ふじ江, 満足美穂, 笈教代, 矢内久陽, 今川貴仁, 北村吉章, 堀田佳子, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 中山仁志, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 に関する実験情報を管理・共有するためのデータベースシステム”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 吉瀬智康, 竹田一旗, 久野玉雄, 三木邦夫: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来 short-chain dehydrogenase/reductase (SDR) の結晶学的研究”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 山口瞳, 和田啓, 山形敦史, 高橋康弘, 福山恵一: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来 endonuclease V の結晶化”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 沼本修孝, 喜田昭子, 三木邦夫: “高度好熱菌由来 V-type ATPase C サブユニットの結晶構造”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 宮武秀行, 金成勲, 茂木逸郎, 松崎浩文, 北原秀吉, 樋口朗, 三木邦夫: “生体高分子全自動結晶化・観察ロボットシステム HTS-80 の開発”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 新海ふじ江, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 大森美和, 西田雅美, 満足美穂, 堀田佳子, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート1”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 大森美和, 西田雅美, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 新海ふじ江, 満足美穂, 堀田佳子, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート2”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 井上由美子, 満足美穂, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 堀田佳子, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート3”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 松永笑子, 藤本弥生, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松本隆, 高尾史野, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 満足美穂, 堀田佳子, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート4”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 伊東紀子, 浮田陽子, 黒石千寿, 頼永優, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 満足美穂, 堀田佳子, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート5”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 竹田一旗: “蛋白質と脂質の相互作用”, 日本学術振興会回折構造生物第169委員会第14回研究会, 仙台, 9月(2004).
- 海老原章郎, 中川紀子, 金川真由美, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 真岡伸子, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 井上由美子, 増井良治, 白水美香子, 寺田貴帆, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “原子レベルでの生物学を目指した高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクトの進捗状況”, 第77回日本生化学会大会, 横浜, 10月(2004).
- 久野玉雄, 手塚陽子, 粕谷健一, 白木麻里, 岩田忠久, 土肥

- 義治, 齊藤光實, 三木邦夫: “カビ由来バイオポリエステ
ル分解酵素の結晶構造”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜,
10 月 (2004).
- 北野健, 喜田昭子, 箱嶋敏雄, 新村洋一, 三木邦夫: “*Am-
phibacillus xylinus* 由来 10 量体ペルオキシレドキシ
(AhpC) の結晶構造解析”, 日本結晶学会平成 16 年度年
会, 吹田, 11 月 (2004).
- 田崎修平, 座古保, 佐治仁, 喜田昭子, 養王田正文, 三木邦夫:
“*Pyrococcus horikoshii* OT3 由来アスパラギン酸ラセマー
ゼホモログ (PH1733) の結晶構造解析”, 日本結晶学会平
成 16 年度年会, 吹田, 11 月 (2004).
- 野中剛, 喜田昭子, 酒井伸也, 加藤悦子, 稲垣言要, 山崎俊正,
三木邦夫: “イネ由来のヌクレオシド 2 リン酸キナーゼ 2
の X 線結晶構造解析”, 日本結晶学会平成 16 年度年会, 吹
田, 11 月 (2004).
- 金成勲, 竹田一旗, 久野玉雄, 三木邦夫: “高度好熱菌 *Ther-
mus thermophilus* 由来 *N*-acylamino acid racemase の結
晶学的研究”, 日本結晶学会平成 16 年度年会, 吹田, 11 月
(2004).
- 沼本修孝, 喜田昭子, 三木邦夫: “高度好熱菌由来 V-type
ATPase C サブユニットの結晶構造”, 日本結晶学会平成
16 年度年会, 吹田, 11 月 (2004).
- 林拓郎, 広瀬摩耶, 喜田昭子, 養王田正文, 三木邦夫: “小型
熱ショックタンパク質, Hsp16 の X 線結晶構造解析”, 日
本結晶学会平成 16 年度年会, 吹田, 11 月 (2004).
- 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 増井良治, 三木邦夫,
横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌丸ごと一匹プロジェク
トの進捗状況”, 第 5 回極限環境微生物学会年会, 東京, 11
月 (2004).
- 海老原章郎, 中川紀子, 金川真由美, 甲角幸秀, 佐藤伸哉,
上利佳弘, 真岡伸子, 飯野均, 柏原愛子, 黒石千寿, 増井
良治, 白水美香子, 寺田貴帆, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光
成紀: “Progress in the whole cell project of *Thermus
thermophilus* HB8 toward atomic-resolution biology”, 第
27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 渡部聡, 松見理恵, 喜田昭子, 跡見晴幸, 今中忠行, 三木邦夫:
“[NiFe] ヒドロゲナーゼ成熟化に關与する Hyp タンパク
質群の結晶学的研究”, 第 42 回日本生物物理学会年会, 京
都, 12 月 (2004).
- 圓山大介, 西谷優一, 野中剛, 喜田昭子, 深海隆明, 曾我部
智, 三尾俊之, 岡部尚文, 岡部とし子, 三木邦夫: “*Candida
albicans* 由来 UDP-*N*-acetylglucosamine pyrophosphory-
lase の結晶構造と反応機構”, 第 42 回日本生物物理学会
年会, 京都, 12 月 (2004).
- 西谷優一, 圓山大介, 野中剛, 喜田昭子, 深海隆明, 曾我部
智, 三尾俊之, 岡部尚文, 岡部とし子, 三木邦夫: “*N*-
acetylglucosaminephosphate mutase(*Candida albicans*
由来) の結晶構造”, 第 42 回日本生物物理学会年会, 京
都, 12 月 (2004).
- 野中剛, 藤橋雅宏, 喜田昭子, 佐伯勝久, 伊藤進, 堀越弘毅,
三木邦夫: “プロテアーゼの結晶構造と subtilisin の酸化
による基質特異性変化”, 第 42 回日本生物物理学会年会,
京都, 12 月 (2004).
- 中川敦史, 三木邦夫: “構造ゲノム科学・構造プロテオミク
スにおける先端的技術開発”, 第 42 回日本生物物理学会
年会, 京都, 12 月 (2004).
- 木田宗志, 喜田昭子, 三木邦夫: “高度好熱菌由来 4-
oxalocrotonate tautomerase の結晶構造”, 第 42 回日本
生物物理学会年会, 京都, 12 月 (2004).
- 秋山信彦, 喜田昭子, 三木邦夫: “高度好熱菌由来 amino acid
transporter の ATP 結合ドメインの結晶構造”, 第 42 回
日本生物物理学会年会, 京都, 12 月 (2004).
- 三木邦夫: “Hi-potential iron-sulfur protein (HiPIP) の超
高分解能結晶構造”, 第 18 回日本放射光学会年会・放射
光科学合同シンポジウム, 鳥栖, 1 月 (2005).
- 金川真由美, 中川紀子, 海老原章郎, 甲角幸秀, 佐藤伸哉,
上利佳弘, 真岡伸子, 飯野均, 柏原愛子, 黒石千寿, 三木
邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “Progress report on the
whole-cell project of *Thermus thermophilus* HB8”, 理
研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物
学における新ツール」, 播磨, 1 月 (2005).