

理論構造生物学研究室

Theoretical Structural Biology 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、生体を構成する個別の分子がどのように協調し統合されて、より高度なシステムとして働くのかということを知ることが重要である。当研究室では、いくつかの生命現象のモデルシステムを取り上げ、生物学的に重要な種々の生命システムの分子機構を構造生物学的に解明するための研究を行っている。それらの生命システムとは、例えば、脂質タンパク質輸送システム、細胞分裂開始システム、細胞環境感知・適応システム、エネルギー貯蓄システム、ストレス応答システムなどである。こうした生命システムに含まれる生体高分子の立体構造を、SPRING-8 を利用した X 線結晶構造解析によって、迅速かつ高精度に決定する。加えて、*in situ* 原子間力顕微鏡解析やその他の物理化学的手法、および分子生物学的手法、また分子シミュレーションなどの計算機科学的手法も駆使して、生体分子のシステムレベルでの総括的な理解を目指している。また、構造ゲノム科学の推進に貢献すべく、構造解析迅速化のための方法論についても開発を進めている。

1. 生命システムの構造生物学的研究

(1) 脂質タンパク質膜間輸送システムの研究 (竹田 ^{*1}, 宮武, 三木)

リポタンパク質は脂質が共有結合したタンパク質のことであるが、このリポタンパク質は原核生物から真核生物にいたるまで幅広く見られ、その機能も形態維持や物質輸送、薬剤排出等多岐にわたっている。しかしリポタンパク質は脂質を共有結合しているため不溶性であり、リポタンパク質が脂質膜から他の脂質膜へ輸送されるためには輸送を触媒するタンパク質が必要である。最近、グラム陰性菌の持つ細胞質膜 (内膜) と外膜の間のペリプラズム空間でのリポタンパク質輸送をつかさどるタンパク質群としてペリプラズム空間のシャペロンタンパク質 LolA, 外膜でのリポタンパク質受容体 LolB そして細胞質膜の ABC トランスポーター LolCDE 複合体が相次いで発見された。これまでの生化学的な知見によると、Lol システムは次のような輸送機構でリポタンパク質を外膜へ輸送する。LolCDE 複合体が ATP のエネルギーを利用してリポタンパク質を細胞質膜から遊離する。遊離したリポタンパク質は LolA と複合体を形成することによって、ペリプラズム空間に可溶化される。外膜で LolB がリポタンパク質を受け取り、外膜に組み込む。

我々はこれらの Lol 因子群による外膜リポタンパク質輸送の分子レベル・システムレベルでの機構解明をめざし、これらのタンパク質群の X 線結晶構造解析を進めている。これまでにペリプラズム空間のシャペロンタンパク質 LolA (1.65 Å 分解能) と外膜でのリポタンパク質受容体 LolB (1.90 Å 分解能) の構造を決定することに成功した。これら 2 つのタンパク質はアミノ酸配列の類似性はほとんどない (8%以下) にもかかわらず、三次元構造は驚くほど良く似ていた。その基本構造はタンパク質の中心部に疎水性のキャビティーを持つ袋状であり、多様な構造を持つリポタンパク質の脂質部分を会合するために都合の良い構造であることが分かった。また、袋のフタを形成する α ヘリックス

の配置と疎水性のキャビティーでの芳香性残基の分布が LolA と LolB では異なっていたが、この構造上のわずかな違いが ATP エネルギーを使用することなく LolA から LolB へリポタンパク質を受け渡すために重要であることが解明された。(京都大学大学院理学研究科 三木研究室, 東京大学分子細胞生物学研究所 徳田教授との共同研究)

(2) 生物の環境感知・適応システムの研究 (宮武, 金 ^{*2}, 三木)

原核生物には、様々な種類の環境感知・適応システムが備わっている。その中で、二成分系と呼ばれるシステムは最も詳細に研究されてきたものの 1 つである。これは、環境情報を感知するセンサーキナーゼと、遺伝子転写を制御する転写制御因子の 2 種類のタンパク質群から構成され、原核生物だけではなく一部の真核生物にも見られる汎用性の高いシステムである。本研究では、高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 をモデル生物として、その二成分系タンパク質群を構造生物学的をはじめとする手法で分子レベルでの解析を行う。現在までに、数種類の二成分系タンパク質の発現系構築に成功し、精製・結晶化を試みている。また、二成分系が更に高度に発展した系であるラン藻由来アデニル酸シクラーゼの触媒ドメインの発現も試みており、可溶化剤を用いて不溶性の封入体沈澱からのリフォールディングに成功し、活性を持つ試料が調製できた。この試料を用いて現在結晶化を試みている。(東京大学大学院総合文化研究科, 大森教授との共同研究)

(3) 細胞分裂開始面決定システムの研究 (岩崎 ^{*3}, 宮武, 三木)

細胞分裂の際、その分裂面の位置を正しく決定するということは、最も重要なプロセスの 1 つである。最近、原核生物において MinC, MinD, MinE などの一連のタンパク質群が、互いに協調して細胞分裂面を決定していることが明らかになりつつある。本研究は、これらのタンパク質の複合体の立体構造を決定し、その相互作用機構の解明によって、分裂面位置決定の分子機構を明らかにすることを目的

とする。

まず、高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来の MinC, MinD, MinE の大腸菌における大量発現系の構築を行い、MinC, MinD の組換え体を得ることができた。しかしながら、得られた MinC, MinD はそれぞれ会合体を形成しているため、MinC と MinD の複合体を作成することを行っている。現在、MinC, MinD 共発現プラスミドの構築や、無細胞系での共発現を試みている。これら以外の細胞分裂に関与するタンパク質群として、glucose-inhibited division protein A の 1.8 Å 分解能の結晶構造を MAD 法により決定し、現在、その構造機能相関を考察している。

(4) 微生物のバイオポリエステル生合成システムの研究 (久野, 三木; 土肥 (高分子化学研))

バイオポリエステル生合成におけるタンパク質間の相互作用の理解を目指して、これに関与するタンパク質群の構造解析を行っている。*Aeromonas caviae* が有するモノマー供給系の酵素 (R) 体特異的エノイル-CoA ヒドラターゼの基質認識機構を明らかにするために、基質であるクロトニル-CoA との複合体の結晶構造を解析した。バイオポリエステルモノマーの化学構造はポリエステルの物性を左右する因子の 1 つであり、その構造とモノマー供給系酵素の基質特異性は密接な関係がある。また本酵素のアミノ酸配列は真核生物のペルオキシソーム酵素と相同性があり、進化的な関係に興味を持たれる。これまでに野生型酵素の構造解析を行っており、活性部位を明らかにしている。そこで活性部位を他のアミノ酸残基に置換することにより不活性型試料を調製し、クロトニル-CoA との良質な複合体結晶を得た。SPRING-8 放射光を用いてデータ収集を行い、2.5 Å 分解能において構造解析を行った。活性部位近傍にクロトニル-CoA に対応する電子密度が得られ、クロトニル-CoA と相互作用するアミノ酸残基を明らかにすることができた。

(5) ストレス応答システムの研究 (庄村 ^{*4}, 三木)

シャペロニンは細胞の生育に必須な超分子複合体であり、ATP 依存的に変性タンパク質のリフォールディング反応を触媒する。内部に大きな空洞を持つ二重リング構造をとり、空洞内部は親水的な環境で基質タンパク質が正しい折り畳み反応を行うのに適している。これまでに、超好熱菌 *Thermococcus* strain KS-1 由来グループ II 型シャペロニンの変異体 (G65C/I125T) の結晶構造を 2.4 Å 分解能で決定した。この変異体は基質を結合して ATP を加水分解するにもかかわらず、リフォールディング活性を全く示さない。さらに、リフォールディング活性が見られる変異体 (I125T) の結晶構造を 2.9 Å 分解能で決定したところ、空洞への入り口が完全に閉じた closed 型構造をとっており、G65C/I125T との顕著な構造の違いは見られなかった。これらの構造情報およびグループ I シャペロニンの構造との比較検討から、基質タンパク質を空洞内部へ送り込むためのコンフォメーション変化には Gly65 が重要な働きをしていると考えている。(京都大学大学院理学研究科 三木研究室, 海洋バイオテクノロジー研究所 丸山博士, 東京農工大学工学部 養田助教との共同研究)

2. 構造ゲノム科学

(1) 高度好熱菌タンパク質の構造決定 (宮武, 久野, 金^{*2}, 竹田^{*1}, 岩崎^{*3}, 三木)

葉酸代謝系酵素ジヒドロネオプテリナルドラーゼ, チロシン代謝系酵素 4-ヒドロキシフェニル酢酸 3-モノオキシゲナーゼ, glucose-inhibited division protein Gid A, 転写制御因子 NarL の結晶構造を決定し、現在、構造に基盤を置いた機能解析を進めている。

(2) 結晶構造解析の迅速化手法の開発 (竹田^{*2}, 宮武, 三木; 朴, 神谷 (研究技術開発室))

タンパク質結晶学において構造解析の迅速化を目指すためには、結晶化とならんで位相決定が重要な問題である。最近、位相決定に使用されはじめた I, Xe および Cs などの重原子は、いずれも通常タンパク質の構造解析で使用されるエネルギー ($E \sim 12.4$ keV) よりも非常に高いエネルギー領域 ($E \sim 35$ keV 付近) に、それらの K 吸収端を持っている。そのため、これまではこれらの重原子に多波長異常分散 (MAD) 法が適用されることがなかった。SPRING-8 ではこのエネルギー領域の X 線を利用することができるため、高エネルギー X 線を用いた MAD 法は、新規タンパク質の構造決定を迅速に行う方法として、非常に期待がもたれる。

これまでに構造既知のタンパク質を用いて、Xe を異常分散原子として用いた MAD 法による位相決定を行った。その結果、残基の種類を特定することができるモデリング可能な良好な電子密度が得られた。同様な結果は異常分散原子として I を用いることによって得られ、新規な構造を持つタンパク質を効率的に決定するための位相決定方法として、非常に有効である可能性を示すことができた。(JASRI, 河本氏との共同研究)

^{*1} 協力研究員, ^{*2} 連携研究員, ^{*3} 基礎科学特別研究員, ^{*4} ジュニア・リサーチ・アソシエイト

Research Subjects and Members of Theoretical Structural Biology Laboratory

1. Structural Biology of Biological Systems
2. Structural Genomics

Head

Dr. Kunio MIKI

Members

Dr. Hideyuki MIYATAKE

Dr. Tamao HISANO

Dr. Wakana IWASAKI^{*1}

Dr. Kazuki TAKEDA^{*2}

Dr. Seong-Hoon KIM^{*2}

^{*1} Special Postdoctoral Researcher

^{*2} Contract Researcher

Visiting Members

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

Dr. Akiko KITA (Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.)

Mr. Yasuhito SHOMURA (Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.)

Dr. Masaru TANOKURA (Univ. Tokyo)

Trainees

Mr. Hirofumi KOMORI (Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.)

Mr. Lijun LIU (Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.)

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

Mr. Nobutaka NUMOTO (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誌

Liu L., Iwata K., Kawarabayashi Y., Kikuchi H., Kita A., Yohda M., and Miki K.: "Crystallization and preliminary X-ray analysis of aspartate racemase from *Pyrococcus horikoshii* OT3", *Acta Cryst. D* **57**, 1674–1676 (2001). *

Iizuka R., Yoshida T., Maruyama T., Shomura Y., Miki K., and Yohda M.: "Glycine at the 65th position plays an essential role in ATP-dependent protein folding by Archaeal group II chaperonin", *Biochem. Biophys. Res. Commun.* **289**, 1118–1124 (2001). *

Fathir I., Mori T., Nogi T., Kobayashi M., Miki K., and Nozawa T.: "Structure of the H subunit of the photosynthetic reaction center from the thermophilic purple sulfur bacterium, *Thermochromatium tepidum*: Implications for the specific binding of the lipid molecule to the membrane protein complex", *Eur. J. Biochem.* **268**, 2652–2657 (2001).

Kharel Y., Zhang Y., Fujihashi M., Miki K., and Koyama T.: "Identification of significant residues for homoallylic substrate binding of *micrococcus luteus* B-P 26 undecaprenyl diphosphate synthase", *J. Biol. Chem.* **276**, 28459–28464 (2001). *

Fukami T. A., Yohda M., Taguchi H., Yoshida M., and Miki K.: "Crystal structure of chaperonin-60 from *Paracoccus denitrificans*", *J. Mol. Biol.* **312**, 501–509 (2001). *

Adachi S., Oguchi T., Tanida H., Park S., Shimizu H., Miyatake H., Kamiya N., Shiro Y., Inoue Y., Ueki T., and Iizuka T.: "The RIKEN structural biology beamline II (BL44B2) at the SPring-8", *Nucl. Instrum. Methods Phys. Res. A* **467/468**, 711–714 (2001). *

Komori H., Masui R., Kuramitsu S., Yokoyama S., Shibata T., Inoue Y., and Miki K.: "Crystal structure of thermostable DNA photolyase: Pyrimidine-dimer recognition mechanism", *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **98**, 13560–13565 (2001). *

Komori H., Tsujiuchi H., Masui R., Kuramitsu S., Yokoyama S., Shibata T., Inoue Y., and Miki K.: "Crystallization and preliminary X-ray studies of a thermostable DNA photolyase from *Thermus thermophilus*", *Protein Pept. Lett.* **8**, 495–498 (2001). *

Inaka K., Kanaya E., Kikuchi M., and Miki K.: "Crystal structure of a mutant human lysozyme with a substi-

tuted disulfide bond", *Proteins: Struct., Funct., Genet.* **43**, 413–419 (2001).

Kitano K., Maeda N., Fukui T., Atomi H., Imanaka T., and Miki K.: "Crystal structure of a novel-type archaeal Rubisco with pentagonal symmetry", *Structure* **9**, 473–481 (2001). *

(総 説)

Nogi T. and Miki K.: "Structural basis of bacterial photosynthetic reaction centers", *J. Biochem.* **130**, 319–329 (2001).

小森博文, 和田千恵子, 三木邦夫: "DNA 複製開始タンパク質 RepE の構造と機能", *生物物理* **41**, 235–239 (2001).

宮武秀行, 城宜嗣: "酸素センサー蛋白質 FixL の酸素濃度感知機構", *日本結晶学会誌* **43**, 158–163 (2001).

[単行本・Proc.]

(総 説)

Miki K. and Sogabe S.: "Cytochrome c_2 ", *Handbook of Metalloproteins*, edited by Messerschmidt A., Huber R., Poulos T., and Wieghardt K., John Wiley & Sons, Chichester, pp. 55–68 (2001).

口 頭 発 表 Oral Presentations

(国際会議等)

Miki K.: "Structure of a prokaryotic replication initiation protein bound to DNA", *Int. Conf. on Fundamental Sciences: Biological and Chemical Sciences*, (National University of Singapore and others), Singapore, Singapore, May (2001).

Liu L., Iwata K., Kita A., Kawarabayashi Y., Yohda M., and Miki K.: "Crystal structure of aspartate racemase from *Pyrococcus horikoshii*", 2001 Ann. Meet. of American Crystallographic Assoc., Los Angeles, USA, July (2001).

Taguchi K., Tsuge T., Hisano T., Fukui T., and Doi Y.: "Metabolic pathways of bacteria for polyhydroxyalkanoate biosynthesis from fatty acids", *Gordon Research Conf. on Biodegradable Polymers*, Oxford, UK, July (2001).

Takeda K., Miyatake H., Park S., Kawamoto M., Miki K., and Kamiya N.: "MAD method using ultra-high energy X-rays at SPring-8 BL41XU", 7th Int. Conf. on Biology and Synchrotron Radiation (BSR 2001), São Pedro, Brazil, July–Aug. (2001).

Komori H., Masui R., Kuramitsu S., Yokoyama S., Shibata T., Inoue Y., and Miki K.: "Crystal structure of DNA photolyase from *Thermus thermophilus*: Pyrimidine-dimer recognition mechanism", 4th Int. Conf. on Molecular Structural Biology, (Biochemistry Subgroup of the Austrian Chemical Society), Vienna, Austria, Sept. (2001).

Miki K.: "Structural basis of two DNA interacting proteins: DNA repair enzyme, photolyase and replication initiator protein, RepE", 2001 Ann. Meet. of Korean Crystallographic Assoc., Pohang, Korea, Nov. (2001).

Miki K.: "Structure and molecular recognition of DNA

- photolyase”, 6th Harima Int. Forum Harima Conf. HIF2002 on Structural Organization of Macromolecular Assemblies, Harima, Japan, Jan. (2002).
- Takeda K., Miyatake H., Park S., Kawamoto M., Kamiya N., and Miki K.: “Protein crystallography by MAD method using ultra-high energy X-rays”, Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- (国内会議)
- 柘植丈治, 久野玉雄, 田口一徳, 田口精一, 土肥義治: “*Aeromonas caviae* (R)-特異的エノイル CoA ヒドラターゼの活性中心解析”, 第 50 回高分子学会年次大会, 大阪, 5 月 (2001).
- 藤橋雅宏, 張元偉, 藤倉慶太郎, Kharel Y., 樋口芳樹, 李曉園, 古山種俊, 三木邦夫: “cis 型プレニル鎖延長酵素の構造と反応制御機構”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).
- 小林一雄, 田川精一, 渡部聡, 喜田昭子, 三木邦夫: “酸化ストレス応答制御転写因子 SoxR の構造と機能”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).
- 三木邦夫: “蛋白質複合体と集合系の構造生物学: おわりに”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).
- 飯塚怜, 吉田尊雄, 丸山正, 庄村康人, 三木邦夫, 養王田正文: “超好熱性古細菌 *Thermococcus* strain KS-1 由来シャペロニン Cly-65 のタンパク質フォールディングにおける役割”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).
- 藤橋雅宏, 張元偉, 古山種俊, 三木邦夫: “cis 型 prenyl 鎖延長酵素の反応触媒機構”, 第 11 回ドリコールおよびイソプレノイド研究会例会, 東京, 7 月 (2001).
- 藤倉慶太郎, 張元偉, 藤橋雅宏, 三木邦夫, 古山種俊: “ウンデカプレニルニリン酸合成酵素のアリル性基質認識部位の同定”, 第 11 回ドリコールおよびイソプレノイド研究会例会, 東京, 7 月 (2001).
- 久野玉雄, 柘植丈治, 福居俊昭, 岩田忠久, 土肥義治, 三木邦夫: “ヒドラターゼ 2 モチーフを有する微生物由来 (R)-ヒドラターゼの炭素鎖長識別機構”, 文科省科研費補助金特定領域研究 (A) 第 4 回ワークショップ「生物マシーナリー」, 福岡, 8 月 (2001).
- 金成熟, 米本年邦, 三木邦夫: “部分循環式フリーフロー等電点電気泳動法による多成分タンパク質の同時連続分離”, 文科省科研費補助金特定領域研究 (A) 第 4 回ワークショップ「生物マシーナリー」, 福岡, 8 月 (2001).
- 柘植丈治, 久野玉雄, 田口一徳, 田口精一, 土肥義治: “(R)-特異的エノイル-CoA ヒドラターゼ活性部位の解析”, 平成 13 年度日本生物工学会大会, 甲府, 9 月 (2001).
- 庄村康人, 吉田尊雄, 丸山正, 飯塚怜, 養王田正文, 三木邦夫: “結晶構造に基づくグループ II シャペロニンの分子機構の解明”, 第 39 回日本生物物理学会年会, 吹田, 10 月 (2001).
- 飯塚怜, 吉田尊雄, 丸山正, 庄村康人, 三木邦夫, 久堀徹, 養王田正文: “Group II 型シャペロニンによるタンパク質フォールディングにおける Gly-65 の役割”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).
- 喜田昭子, 松永茂樹, 高井章, 片岩裕貴, 脇本敏幸, 伏谷伸宏, 磯部稔, 三木邦夫: “プロテインフォスファターゼ 1-カルクリン A 複合体の結晶構造”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).
- 藤橋雅宏, 張元偉, 古山種俊, 三木邦夫: “基質結合型ウンデカプレニルニリン酸合成酵素の構造解析”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).
- 渡部聡, 喜田昭子, 小林一雄, 田川精一, 三木邦夫: “酸化ストレス応答転写因子 SoxR タンパク質の結晶学的研究”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).
- 跡見晴幸, 北野健, 前田倫広, 福井俊昭, 三木邦夫, 今中忠行: “始原菌由来新規 Rubisco の立体構造解析”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).
- 中村顕, 小森博文, 小林元悟, 和田千恵子, 三木邦夫: “大腸菌 mini-F プラスミド複製開始タンパク質 RepE の N 末端ドメインの発現系構築と二量体構造解析”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).
- 藤倉慶太郎, 張元偉, 藤橋雅宏, 三木邦夫, 古山種俊: “部位特異的変位導入によるウンデカプレニルニリン酸合成酵素のアリル性基質認識部位の同定”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).
- 中川太郎, 中島敬二, 沼本修孝, 笹山雄一, 三木邦夫, 福森義宏: “有髭動物マシコヒゲムシ (*Oligobranchia mashikoi*) の巨大ヘモグロビンの結晶化”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).
- 岩田耕育, 劉利軍, 吉田拓允, 三木邦夫, 養王田正文: “立体構造を基にした超好熱性古細菌 *Pyrococcus horikoshii* 由来アスパラギン酸ラセマーゼの反応機能解析”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).
- 野中剛, 藤橋雅宏, 喜田昭子, 佐伯勝久, 伊藤進, 三木邦夫: “酸化剤耐性アルカリセリンプロテアーゼの結晶構造”, 日本結晶学会平成 13 年度年会, 名古屋, 10 月 (2001).
- 三木邦夫: “生体分子間相互作用と分子認識に関する結晶学的研究”, 日本結晶学会平成 13 年度年会, 名古屋, 10 月 (2001).
- 小森博文, 増井良治, 倉光成紀, 横山茂之, 柴田武彦, 井上頼直, 三木邦夫: “*Thermus thermophilus* 由来 DNA 光回復酵素の結晶構造: Pyrimidine-dimer 認識機構”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 養王田正文, 庄村康人, 吉田尊雄, 飯塚怜, 大河内美奈, 丸山正, 三木邦夫: “グループ II 型シャペロニンの構造と分子機構”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 倉光成紀, 三木邦夫, 横山茂之: “モデル生物としての高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 の構造・機能ゲノム科学”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 大谷直人, 中川紀子, 寶閑淳, 海老原章郎, 佐藤伸哉, 小林慎一郎, 上利佳弘, 増井良治, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “構造ゲノム科学的研究のための高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 蛋白質の網羅的発現と精製”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 増井良治, 黒川顕, 松尾洋, 中川紀子, 寺田貴帆, 白水美香子, 柴田武彦, 井上頼直, 安永照雄, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 蛋白質の比較解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 徳田元, 松山伸一, 横田直子, 宮本厚樹, 原崇, 金丸京子, 三木邦夫, 宮武秀行, 竹田一旗: “細菌リポ蛋白質の選別シグナルを認識し膜から遊離させる ABC トランスポーター”,

- 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 竹田一旗: “Cs(I)”, 第 5 回 SPring-8 利用技術に関するワークショップ, 播磨, 12 月 (2001).
- 宮武秀行: “Xe”, 第 5 回 SPring-8 利用技術に関するワークショップ, 播磨, 12 月 (2001).
- 久野玉雄, 柘植丈治, 福居俊昭, 岩田忠久, 土肥義治, 三木邦夫: “(R) 体特異的エノイル-CoA ヒドラターゼに対するエノイル-CoA 分子の結合モード”, 第 15 回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 柏, 1 月 (2002).
- 竹田一旗, 宮武秀行, 朴三用, 河本正秀, 神谷信夫, 三木邦夫: “高エネルギー領域に吸収端を持つ原子 (I, Xe, Cs) を用いた多波長異常分散法による蛋白質 X 線結晶構造解析”, 第 15 回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 柏, 1 月 (2002).
- 藤橋雅宏, Peapus D. H., 神谷信夫, 長田嘉穂, 三木邦夫: “MAD 法によるヒロチャワンタケ由来レクチンの結晶構造解析”, 日本放射光学会第 15 回年会・放射光科学合同シンポジウム, 柏, 1 月 (2002).
- 深海隆明, 養王田正文, 田口英樹, 吉田賢右, 三木邦夫: “*Paracoccus denitrificans* 由来シャペロニン 60 の結晶構造解析”, 日本放射光学会第 15 回年会・放射光科学合同シンポジウム, 柏, 1 月 (2002).
- 小森博文, 増井良治, 倉光成紀, 横山茂之, 柴田武彦, 井上頼直, 三木邦夫: “*Thermus thermophilus* 由来 DNA 光回復酵素の X 線結晶構造解析”, 日本放射光学会第 15 回年会・放射光科学合同シンポジウム, 柏, 1 月 (2002).
- 喜田昭子, 松永茂樹, 高井章, 片岩裕貴, 脇本敏幸, 伏谷伸宏, 磯部稔, 三木邦夫: “プロテインフォスファターゼ 1-カリクリン A 複合体の結晶構造解析”, 日本放射光学会第 15 回年会・放射光科学合同シンポジウム, 柏, 1 月 (2002).
- 竹田一旗, 三木邦夫: “外膜リボ蛋白質局在化因子群 LolA, LolB の結晶構造”, 文科省研費特定領域研究 (A) 第 3 回ワークショップ「生物マシーナリー」, 京都, 1 月 (2002).
- 久野玉雄, 柘植丈治, 福居俊昭, 岩田忠久, 土肥義治, 三木邦夫: “(R) 体特異的エノイル-CoA ヒドラターゼの基質特異性の構造的基盤”, 日本農芸化学会 2002 年度大会, 仙台, 3 月 (2002).
- 野中剛, 藤橋雅宏, 喜田昭子, 萩原浩, 尾崎克也, 伊藤進, 三木邦夫: “カルシウムを含まない α アミラーゼの結晶構造解析”, 日本農芸化学会 2002 年度大会, 仙台, 3 月 (2002).
- 藤橋雅宏, Peapus D. H., 神谷信夫, 長田嘉穂, 三木邦夫: “ヒロチャワンタケ由来フコース特異的レクチンの結晶構造”, 日本農芸化学会 2002 年度大会, 仙台, 3 月 (2002).
- 竹田一旗, 宮武秀行, 横田直子, 松山伸一, 徳田元, 三木邦夫: “大腸菌リボ蛋白質外膜局在化因子 LolA, LolB の X 線結晶構造解析”, 日本農芸化学会 2002 年度大会, 仙台, 3 月 (2002).