

平成 22 年 5 月 31 日現在

研究種目：特定領域研究

研究期間：2004～2009

課題番号：16087204

研究課題名（和文） バクテリオファージの構造形成と感染機構

研究課題名（英文） Assembly and Mechanism of Infection of Bacteriophage

研究代表者

有坂 文雄 (ARISAKA FUMIO)

東京工業大学・大学院生命理工学研究科・准教授

研究者番号：80133768

研究成果の概要（和文）：

X 線結晶構造解析と電子顕微鏡画像からの三次元像再構成の手法を組み合わせることにより、構造変化前後の T4 ファージ尾部基盤におけるすべてのサブユニット蛋白質の局在を明らかにすることが出来た。その結果、感染における基盤の大きな構造変化をサブユニット蛋白質の相対的な位置の変化として理解できるようになった。また、新しい手法を用いた分子集合の研究から、基盤ウェッジの絶対逐次的分子集合はサブユニット蛋白質の誘導適合に基づくものであることが示された。

研究成果の概要（英文）：

All the subunit proteins were localized in the baseplate before and after infection by a combination of X-ray crystallography and three-dimensional image reconstruction from electron-micrographs. As a result, the gross structural change of the baseplate upon infection can be interpreted by the change of the relative positions of the subunits. Also, a new method was developed, which indicated that the stringent sequential assembly of the baseplate wedge is based on the induced-fit of the subunits upon binding.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2004 年度	11,600,000	0	11,600,000
2005 年度	29,400,000	0	29,400,000
2006 年度	12,500,000	0	12,500,000
2007 年度	12,500,000	0	12,500,000
2008 年度	12,900,000	0	12,900,000
2009 年度	12,900,000	0	12,900,000
総計	91,800,000	0	91,800,000

研究分野：蛋白質科学

科研費の分科・細目：生物科学・生物物理学

キーワード：微生物、蛋白質、ナノバイオ、分子認識、ウイルス

1. 研究開始当初の背景

当特定研究領域が開始される 2 年前の 2002 年に、本研究代表者と米国バーデュー大学 Michael G. Rossmann 教授との共同研究によ

り、分子量 36 万を越える T4 ファージ尾部基盤のテイルリゾチーム複合体の結晶構造が解明され (Nature, Kanamaru et al. 2002)、バクテリオファージの構造が原子レベルで解明される

気運が熟してきた。共同研究者の Michael G. Rossmann 教授は電子顕微鏡法と X 線結晶構造解析を組み合わせた生体超分子構造の解明を目指しておられ、その材料としてバクテリオファージが最適であると考えられ、共同研究がさらに発展する期待をいただいた。

2. 研究の目的

T4 ファージの分子集合と感染の分子機構を明らかにするために、(1)すべての尾部基盤構成蛋白質を大量発現して単離・精製し、(2)溶液中での性状解析を行った後、(3)構造解析に向けた結晶化を行い、電子顕微鏡画像からの感染前後の尾部の 3 次元再構成像にあてはめることによって構造変化を原子レベルでの実態と、構造変化を制御する分子機構を解明することを目的とした。同時に、(4)発現蛋白質間の相互作用を主として超遠心分析によって測定することによって、基盤ウェッジ部分の厳密な逐次的分子集合の分子機構を解明することを目的とした。

3. 研究の方法

(1) 基盤は 15 種類の蛋白質から構成される。

本研究を開始した時点で、ほぼすべての蛋白質をコードする遺伝子がクローニングされていたので、そのうちの多くを発現系に移し、大量発現を行って蛋白質を単離精製した。発現量が少なかったり、発現しても不溶性の凝集体となる場合には、個々の蛋白質を発現している菌体を混合し、その後に超音波破碎を行うことによって複合体の回収率が大幅に改良されることが見いだされた。

(2) 精製された蛋白質または複合体は超遠心分析沈降速度法によって溶液中の性状を解析すると共に、電子顕微鏡観察も行った。

(3) 蛋白質間の結合部位を同定するために、結合する前の状態と複合体のプロテアーゼによる限定水解を行い、切断断片を HPLC によって単離した後、エドマン分解によって N 末端配列解析を行い、複合体を形成することによってプロテクトされる切断点を同定した。

4. 研究成果

(1) 尾部基盤ウェッジの厳密な逐次的分子集合の機構の解明

ウェッジの 7 種の蛋白質およびすべてのウェッジ前駆構造体および完成されたウェッジを単離し、沈降速度法と電子顕微鏡法による測定した。その結果は、Kikuchi & King (1975) の結果を支持すると共に、特に顕著な発見として、gp53 が付加した段階で、6 つのウェッジ前駆構造体が自発的に集合して、星形の基盤様構造が形成された。さらに、発現蛋白質のすべての可能な組み合わせを試した結果、例外的に gp6, gp53, gp25 の間に予期しなかった有意な相互作用が認められた。しかし、gp6 が gp8 までの他の蛋白質を既に結

合していると、gp25 は gp6 に結合せず、gp53 のみが強く結合し、gp25 はその後でのみ結合できるようになり、このような仕組みによって絶対的な逐次分子集合が成立していることが分かった。この結果は、分子集合に関する「ジグソーパズル」モデルではなく、サブユニットの「誘導適合」モデルが正しいことを示唆した。(文献①)

(2) プロテアーゼ限定水解による T4 ファージ基盤ウェッジ複合体の相互作用部位の同定

基盤中最も大きな蛋白質 gp7 (1031a. a.) は構造未決定であるが、基盤の分子集合に重要な役割を果たすと考えられる。Gp7 およびこれと結合する gp10 (ドメイン I ~ IV からなる) および gp11 を単離して、種々の組み合わせでプロテアーゼによる限定水解を行ったところ、以下のことが明らかになった。即ち、gp10 は単独ではドメイン III 内部の 289Lys で切断されるが、gp11 存在下ではこの部位が切断されなくなることが分かった。Gp11 は gp10 の構造未決定の第 III ドメインに結合することが明らかなので、gp10 の第 3 ドメインと gp11 との複合体の構造決定を行うことによって、安定で結晶化に適したヘテロ 6 量体が作成できると考えられる。他方、gp7 存在下で、gp10 がプロテアーゼに対して完全に耐性になることが見いだされた。gp7 自体は N 末端ドメイン (ドメイン A) だけが耐性になり、C 末端側の切断様式は変化しない。この結果は、gp7 の N 末端 (gp7N) と gp10 を共発現することによって結晶化可能な gp10/gp7N または gp11/gp10/gp7N 複合体が単離できる可能性を示唆すると考えられる。

(3) テイルリゾチームのプロセッシングによる切断部位の構造決定

2002 年のテイルリゾチームの構造では標記切断部位はゆらぎのために構造が見えなかった。そこで、切断部位を 7 種の別のアミノ酸で置換し、特にプロセッシングが完全に阻害された変異体 S351L につき、結晶構造を決定し、結合部位の構造を決定することができた。(文献④)

(4) テイルリゾチーム複合体形成における分子間相互作用

テイルリゾチーム gp5 は gp27 とヘテロ 6 量体 (正確には $(gp27)_3(gp5^*)_3(gp5C)_3$) ヘテロ 9 量体を形成する。沈降平衡法による相互作用測定の結果、gp5 は堅固な 3 量体を形成しているが、gp5 と gp27、および gp27 分子相互の結合は比較的弱く、会合は pH に依存し、pH で 8.0 で安定なヘテロ 9 量体を形成するが、pH6.0 に下げることによって各単量体に解離した。この解離は、ファージが宿主大腸菌に吸着した際にペリプラズムで起こるテイルリゾチームの活性化の過程を反映していると考えられる。(文献⑫)

(5) T4 ファージネック蛋白質 gp13 および gp14 の単離と性状解析

Gp13 と gp14 は頭部と尾部をつなぐネックを構成する主要蛋白質である。両蛋白質をコードしている遺伝子 13 と 14 をクローニングしてさらに大量発現系に組み込んだ。単離精製した蛋白質 gp13 および gp14 は試験管内で結合しなかったが、0.8M 硫酸存在下で (gp13)₁₀(gp14)₅ 複合体を形成することが明らかになった。電子顕微鏡で観察した結果、複合体は電子顕微鏡で見られるネックの形・大きさと一致していた。(文献 ⑦)

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 19 件)

- ① Yap M.L., Mio K., Leiman P.G., Kanamaru S., and Arisaka F.: The Baseplate Wedges of Bacteriophage T4 Spontaneously Assemble into Hubless Baseplate-like Structure In Vitro. *J. Mol. Biol.* **395**:349-360 (2010) 査読有
- ② Koshiyama T., Ueno T., Kanamaru S., Arisaka F., Watanabe Y.: Construction of an energy transfer system in the bio-nanocup space by heteromeric assembly of gp27 and gp5 proteins isolated from bacteriophage T4. *Org. Biomol. Chem.* **7**(12):2649-54 (2009) 査読有
- ③ Mio K., Kubo Y., Ogura T., Yamamoto T., Arisaka F. and Sato C.: The motor protein prestin is a bullet-shaped molecule with inner cavities. *J. Biol. Chem.* **283**(2):1137-45 (2008) 査読有
- ④ Koshiyama T., Yokoi N., Ueno T., Kanamaru S., Nagano S., Shiro Y., Arisaka F., Watanabe Y.: Molecular design of heteroprotein assemblies providing a bionanocup as a chemical reactor. *Small* **4**(1):50-4 (2008) 査読有
- ⑤ Nemoto M., Mio K., Kanamaru S., Arisaka F.: ORF334 in Vibrio phage KVP40 plays the role of gp27 in T4 phage to form a hetero-hexameric complex. *J. Bacteriol.* **190**(10): 3606-3612 (2008) 査読有
- ⑥ Rossmann M.G., Arisaka F., Battisti A.J., Bowman V.D., Chipman P.R., Fokine A., Hafenstein H., Kanamaru S., Kostyuchenko V.A., Mesyanzhinov V.V., Shneider M.M., Morais M.C., Leiman P.G., Palermo L.M., Parrish C.R., and Xiao C.: From structure of the complex to understanding of the biology. *Acta Cryst.* **D63**, 9-16 (2007) 査読有
- ⑦ Akhter T., Zhao L., Kohda A., Mio K., Kanamaru S., Arisaka F.: The neck of bacteriophage T4 is a ring-like structure formed by a hetero-oligomer of gp13 and gp14. *Biochim Biophys Acta.* **1774**(8):1036-43 (2007) 査読有
- ⑧ 金丸周司、有坂文雄: ウイルスに見られる新しいβモチーフ、*日本結晶学会誌* **49**:161-170 (2007) 査読有
- ⑨ 金丸周司・有坂文雄 バクテリオファージの構造生物学 野本・西山編「ウイルス研究の現在と展望 蛋白質核酸酵素 8月号増刊、**52**(10): 1069-1074 (2007) 査読無
- ⑩ Sugimoto K., Kanamaru S., Iwasaki K., Arisaka F., and Yamashita I.: Construction of a Ball-and-Spike Protein Supramolecule. *Angew. Chem. Int. Ed.* **45**: 2725-2728 (2006) 査読有
- ⑪ Ueno T., Koshiyama T., Tsuruga T., Goto T., Kanamaru S., Arisaka F. and Watanabe Y.: Bionanotube Tetrapod Assembly by In Situ Synthesis of a Gold Nanocluster with (gp5-His6)₃ from Bacteriophage T4. *Angew. Chem. Int. Ed.* **45**: 4508-4512 (2006) 査読有
- ⑫ Sarkar S.K., Takeda Y., Kanamaru S., and Arisaka F.: Association and dissociation of the cell puncturing complex of bacteriophage T4 is controlled by both pH and temperature *Biochim Biophys Acta.* **1764**(9):1487-1492. (2006) 査読有
- ⑬ Morimoto K., Yamashita E., Kondou Y., Lee S.J., Arisaka F., Tsukihara T., and Nakai M.: The Asymmetric IscA Homodimer with an Exposed [2Fe-2S] Cluster Suggests the Structural Basis of the Fe-S Cluster Biosynthetic Scaffold. *J. Mol. Biol.* **360**: 117-132 (2006) 査読有
- ⑭ Kanamaru S., Ishiwata Y., Suzuki T., Rossmann M.G. and Arisaka F.: Control of Bacteriophage T4 Tail Lysozyme Activity During the Infection Process. *J. Mol. Biol.* **346**:1013-1020 (2005) 査読有
- ⑮ Kostyuchenko V.A., Chipman P.R., Leiman P.G., Arisaka F., Mesyanzhinov, V.V. Rossmann M.G.: The tail structure of bacteriophage T4 and its mechanism of contraction. *Nat Struct Mol Biol.* **12**:810-813 (2005) 査読有
- ⑯ Fumio Arisaka, Assembly and Infection Process of Bacteriophage T4 *Chaos* **15**:047502 (2005) 査読有

⑰ 金丸周司、有坂文雄：バクテリオファージの構造と感染機構 阿久津、月原、嶋田編「生命秩序を担う生体超分子」蛋白質核酸酵素 8月号増刊 **50**(10):1341-1348 (2005)査読無

⑱ Rossmann M.G, Mesyanzhinov V.V, Arisaka F and Leiman P.G: The bacteriophage T4 DNA injection machine. *Current Opinion in Structural Biology* **14**: 171-180 (2004) 査読有

⑲ Takeda S., Suzuki M., Yamada T., Kageyama M., and Arisaka F: Mapping of functional sites on the primary structure of the contractile tail sheath protein of bacteriophage T4 by mutation analysis. *Biochim. Biophys. Acta* **1699** (1-2): 163-171 (2004) 査読有

[学会発表] 計 (43) 件

①Yap Moh Lan・有坂文雄、Baseplate Wedge Assembly of Bacteriophage T4 in vitro 日本生物物理学会第 47 回年会 2009. 10. 29, 徳島

②油井孔兵・寺内允・金丸周司・有坂文雄 人工 3 本鎖 β -ヘリックス蛋白質の効率的生産と会合抑制 日本生化学会年会, 2009. 10. 24, 神戸

③Moh Lan Yap, Yasunori Monzaki, Kazuhiro Mio, Petr Leiman, Shuji Kanamaru, and Fumio Arisaka. In vitro Assembled Wedge of Phage T4 Spontaneously Formed Baseplate-like Structure, The 21st Biannual Phage/Virus Assembly Meeting, 2009. 9. 25 Annecy, France

④Moh Lan Yap, Yasunori Monzaki, Kazuhiro Mio, Petr Leiman, Shuji Kanamaru, and Fumio Arisaka, In vitro Assembly of the Tail Wedge of Phage T4 as observed by AUC-SV The 18th International Conference on Analytical Ultracentrifugation 2009. 9. 18 Uppsala, Sweden

⑤有坂文雄, In vitro Assembled Wedges of Phage T4 Spontaneously Form Baseplate-like Structure, the 18th Evergreen International Phage Biology meeting, 2009. 8. 11, The Evergreen State College, WA, USA

⑥根本舞・金丸周司・有坂文雄 T4 ファージの溶菌阻止に関する Sp 蛋白質の構造と機能, 第 9 回蛋白質科学会年会 2009. 5. 22, 熊本

⑦Yap Moh Lan・中尾朋子・長尾達也・門崎泰憲・三尾和弘・金丸周司・有坂文雄 The baseplate wedge assembly pathway of phage

T4 in vitro, 第 9 回蛋白質科学会年会 2009. 5. 21, 熊本

⑧油井孔兵・寺内允・金丸周司・有坂文雄・人工 3 本鎖 β -Helix 蛋白質の効率的生産と会合抑制, 第 9 回蛋白質科学会年会 2009. 5. 21, 熊本

⑨油井孔兵、寺内充、金丸周司、有坂文雄、長さ、太さの調節可能な人工三本鎖 β -ヘリックス蛋白質の作製 第 81 回生化学会大会(BMB2008) 2008.12.9-12 神戸

⑩Moh Lan Yap, Tomoko Nakao, Tatsuya Nagao, Syuiji Kanamaru, and Fumio Arisaka Identification of interacting domains of the wedge proteins gp11, gp10, gp7, and gp8 of bacteriophage T4 by limited proteolysis 第 46 回日本生物物理学会年会 2008.12.3-5 福岡

⑪Shuji Kanamaru, Tomoko Nakao, Tatsuya Nagao and Fumio Arisaka Domain interaction analyses of gp7, gp10 and gp11 of bacteriophage T4 for crystallization. IUCr2008 2008.8.24-28, 大阪

⑫Arisaka F Structural Analysis of Baseplate Wedge Proteins of Bacteriophage, T4. PRICPS-AOHUPO 2008, 2008.6.22-26, Cairns, Australia

⑬Shuji Kanamaru, Tomoko Nakao, Tatsuya Nagao and Fumio Arisaka Domain interaction analyses of gp7, gp10 and gp11 of bacteriophage T4 FASEB 2008 Summer Research Conferences 2008.6.20-29 Saxtons River U.S.A

⑭Donny Sunanda, Shuji Kanamaru, Fumio Arisaka Interaction of gp34, the proximal half long tail fiber of T4 with the socket baseplate protein, gp9 FASEB 2008 Summer Research Conference 2008.6.20-29 Saxtons River U.S.A

⑮根本舞、金丸周司、有坂文雄、ビブリオフィージ KVP40 の gp5-ORF334 複合体の構造と機能 第 8 回蛋白質科学会年会 2008.6.10-13 東京

⑯油井孔兵、金丸周司、有坂文雄、T4 類縁ファージ S-PM2 テイルリゾチーム gp5 の発現と性状解析 第 8 回蛋白質科学会年会 2008.6.10-13 東京

⑰中尾朋子、長尾達也、金丸周司、有坂文雄、T4 ファージ基盤構成蛋白質 gp7, gp10, gp11 の相互作用部位の同定 第 30 回日本分子生物学会年会、第 80 回日本生化学会大会 2007. 12. 11-15 横浜

- ⑱伊藤麻紗子、金丸周司、有坂文雄、T4 フェージ基盤終結蛋白質 gp48, gp54 の大量発現系の構築と性状解析 第 30 回日本分子生物学会年会、第 80 回日本生化学会大会 2007. 12. 11-15 横浜
- ⑲二島渉、金丸周司、有坂文雄、北尾彰朗、バクテリオファージ T4 尾部の膜貫通機構 第 7 回日本蛋白質科学会年会, 2007. 5. 24-26 仙台国際センター
- ⑳Donny Sunanda、金丸周司、有坂文雄、Construction and purification of N terminal of the proximal long tail fiber, gp34, of Bacteriophage T4 第 7 回日本蛋白質科学会年会 2007. 5. 24-26 仙台国際センター
- ㉑中尾朋子、長尾達也、金丸周司、有坂文雄、T4 フェージ基盤構成蛋白質群のドメイン構造と相互作用部位の同定, 第 7 回日本蛋白質科学会年会 2007. 5. 24-26, 仙台国際センター
- ㉒Makoto Terauchi, Shuji Kanamaru, Fumio Arisaka, Artificial three-stranded β -helix protein as a nanotube, Fifth East Asian Biophysics Symposium and 44th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, November 12-16 (2006), Naha, Okinawa
- ㉓Mai Nemoto, Shuji Kanamaru, Fumio Arisaka Interactions between Vibrio phage KVP40 gp5 and gene product of ORF334, T4 gp27 homologue, Fifth East Asian Biophysics Symposium and 44th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, November 12-16 (2006), Naha, Okinawa
- ㉔Tsukasa Makino, Hiisayuki Morii, Takashi Shimizu, Fumio Arisaka, Yusuke Kato, Koji Nagata, Masaru Tanokura, Flexible and rigid regions in the stalk domain of ncd motor protein. Fifth East Asian Biophysics Symposium and 44th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, November 12-16 (2006), Naha, Okinawa
- ㉕有坂文雄, バクテリオファージ研究の最近の動向, 大阪大学蛋白質研究所セミナー、9.15-9.16 (2006) 大阪
- ㉖金丸周司, T4 フェージの構造生物学, 大阪大学蛋白質研究所セミナー、9.15-9.16 (2006) 大阪
- ㉗Mai Nemoto, Shuji Kanamaru, Fumio Arisaka Structure and Function of the Tail-lysozyme of T4-related Bacteriophages, The HFSP 17th Anniversary-Sixth Awardees Annual Meeting, July 2-5th, 2006, Paris
- ㉘Mai Nemoto, Suji Kanamaru, Fumio Arisaka, The gene product of ORF334 of Vibrio phage KVP40 is the homologue of T4 gp27 which binds to the tail lysozyme, gp5, 2006 FASEB Summer Research Conferences, Virus Assembly, June 17-23, Vermont Academy, Saxtons River, Vermont, U.S.A. (2006)
- ㉙Tahmina Akhter, Shuji Kanamaru and Fumio Arisaka, Purification, characterization and solution interactions of the neck proteins, gp13 and gp14, from Bacteriophage T4, 2006 FASEB Summer Research Conferences, Virus Assembly, June 17-23, Vermont Academy, Saxtons River, Vermont (2006)
- ㉚根本舞、金丸周司、有坂文雄、ビブリオフィージ KVP40 における T4gp27 ホモログの同定とテイルルプチーム gp5 との結合. 日本蛋白質科学会年会 4.24-26 (2006) 京都
- ㉛須貝伸治、金丸周司、有坂文雄、T4 フェージ尾鞘蛋白質の重合化に関する変異体の解析 日本蛋白質科学会年会 4.24-26 (2006) 京都
- ㉜Akhter Tahmina, 金丸周司、有坂文雄、Protein interactions among neck proteins, gp13/gp14, and the connector protein, gp15, of bacteriophage T4, 生物物理学会 第 43 回年会、11.23-11.25 札幌 (2005)
- ㉝根本舞、金丸周司、有坂文雄、Lysozyme or not? Characterization of gp5 from Vibrio phage KVP40, 第 78 回日本生化学会大会、10.19-10.22 神戸 (2005)
- ㉞金丸周司、龍頭聡、有坂文雄、ナノ材料としての人工 3 本鎖 β ヘリックスポリペプチドの作成と性状解析, 第 5 回日本蛋白質科学会年会、6.30-7.2 福岡 (2005)
- ㉟藤田大悟、金丸周司、Venigalla B. Rao、有坂文雄、T4DNA パッケージング蛋白質 gp16 および gp17 の相互作用の解析, 第 5 回日本蛋白質科学会年会、6.30-7.2 福岡 (2005)
- ㊱金丸周司, Structural landscape of assembly and infection processes of bacteriophage, TIT-Bioxtal Symposium "Structural Biology of Genetic Flow and Control", 1.19 横浜 (2005)
- ㊲有坂文雄, Assembly and Infection Process of Bacteriophage T4, Self-organization-Initiative Nano-Engineering (SINE) 1.17-18 和光 (2005)
- ㊳中尾朋子、Ali Said、金丸周司、有坂文雄、T4 フェージ基盤蛋白質 gp10 と gp11 の蛋白質間相互作用, 日本生物物理学会第 4 2 回年会、12.13-15、京都 (2004)

③Akhter Tahmina、趙麗、金丸周司、有坂文雄、Protein-protein interactions between gp13, a neck protein, and the connector, gp15, of bacteriophage T4, 日本生物物理学会第42回年会、12.13-15、京都 (2004)

④有坂文雄、Application of cell-free translation system for analysis of cofactor binding protein FMN-binding protein, 第77回日本生化学会大会、10.13-16、横浜 (2004)

④根本舞、金丸周司、有坂文雄、Characterization of gp5 from cyanophage S-pm2, 第77回日本生化学会大会、10.13-16、横浜 (2004)

④M. Nemoto, S. Kanamaru, F. Arisaka, Similarity and Variation in the Tail Lysozyme of T4-Related Phages, The New Phage Biology, 8.1-5, FLORIDA, (2004)

④Kanamaru, S., Ishiwata, Y., Leiman, P.G., Kostyuchenko, V.A., Mesyanzhinov, V.V., Rossmann, M.G., Arisaka, F., The atomic structure and function of the tail lysozyme of bacteriophage T4, The HFSP 15th Anniversary -Fourth Awardees Annual Meeting. May 15-18, Hakone (2004)

[図書] (計6件)

①有坂文雄 化学同人
やさしい原理からはいるタンパク質科学実験2
タンパク質をみるー構造と挙動 232P (67-96)
(2009)

②有坂文雄、化学同人 タンパク質科学 579P
(153-167) (2005)

③有坂文雄：細胞に穴を開ける分子機械、第18回「大学と科学」公開シンポジウム講演収録集「タンパク質のかたちから生命のなぞを解く」ー生物マシーナリーー ー構造生物学の最前線ー (共著) 231P (144-156) (2004)

④有坂文雄：「バイオサイエンスのための蛋白質科学入門」、265P 裳華房 (2004) (2009 第3版)

⑤有坂文雄：超遠心分析、東京工業大学大学院生命理工学研究科編「図解バイオ活用技術のすべて」247P, pp.176-179 5章6節、工業調査会 (2004) (共著)

⑥有坂文雄：松沢 洋編「タンパク質工学の基礎」(応用生命科学シリーズ6) 1章～3章 (pp.1-40)、東京化学同人 (2004) (共著)

[その他]

ホームページ：
<http://www.farisaka.bio.titech.ac.jp/>
フーザージ研究会
ウイルス構造研究会

6. 研究組織

(1) 研究代表者

有坂 文雄 (ARISAKA FUMIO)
東京工業大学・大学院生命理工学研究科・准教授

研究者番号：80133768

(2) 研究分担者

金丸 周司 (KANAMARU SYUJI)
東京工業大学・大学院生命理工学研究科・助教

研究者番号：50376951

武田 茂樹 (TAKEDA SHIGEKI)

群馬大学・大学院工学研究科・准教授

研究者番号：80282854

○研究協力者

博士課程修了

モーラン・ヤップ (Moh Lan Yap, 2007-2010)

根本 舞 (Mai Nemoto, 2003-2008)

ターミナ・アクター (Tahmina Akhter, 2004-2007)

シュボット・サルカー (Subodh Sarkar, 2003-2006)

修士課程修了

油井孔兵 (Kohei Aburai, 2007-2010)

門崎泰憲 (Yasunori Monzaki, 2008-現在)

奥田真子 (Mako Okuda, 2009-現在)

内田一也 (Kazuya Uchida, 2009-現在)

名村実公賢 (Mikiyoshi Namura, 2009-現在)

寺内 允 (Makoto Terauchi, 2006-2008)

伊藤麻紗子 (Masako Ito, 2006-2008)

堀越祐介 (Yusuke Horikoshi, 2006-2008)

藤田大悟 (Daigo Fujita, 2004-2007)

須貝伸治 (Shinji Sugai, 2004-2007)

長尾達也 (Tatsuya Nagao, 2005-2007)

ドニー・スナンダ (Donny Sunanda, 2005-2007)

中尾朋子 (Tomoko Nakao, 2004-2007)