

平成 22 年 8 月 20 日現在

研究種目：特定領域研究
 研究期間：2004～2009
 課題番号：16087101
 研究課題名（和文）生体超分子の構造形成と機能制御の原子機構
 研究課題名（英文）Functional Mechanism and Structural Organization of Biological Macromolecular Assemblies

研究代表者
 月原 富武（TSUKIHARA TOMITAKE）
 大阪大学・蛋白質研究所・特任研究員
 研究者番号：00032277

研究成果の概要（和文）：X線結晶構造解析と電子顕微鏡構造解析に加えて、両者を組み合わせた方法を開発して、結晶化困難な生体超分子も含めてそれらの原子分解能での構造決定に取り組んだ。また、X線結晶構造解析による高分解能解析に加えて、理論計算による実験的に追跡できない解析法を開発した。広範な生物科学研究者と構造研究者とが密接な連携協力して、これらの最先端の手法を活用し、生体超分子による高度な働きの仕事の仕組みの解明を行った。多くの成果を得て超分子構造生物学の発展に寄与できた。

研究成果の概要（英文）： We have developed X-ray crystallographic method, electron microscopic method, and their combined method to determine structures of biological macromolecular assemblies including non-crystalline substances. Theoretical method to predict structural intermediate was developed to understand reaction mechanism. Applying these methods, biochemists have successfully elucidated regulation mechanisms of biological macromolecular assemblies.

交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2004年度	4,400,000	0	4,400,000
2005年度	8,900,000	0	8,900,000
2006年度	8,900,000	0	8,900,000
2007年度	8,900,000	0	8,900,000
2008年度	8,900,000	0	8,900,000
2009年度	8,900,000	0	8,900,000
総計	48,900,000	0	48,900,000

研究分野：生物学

科研費の分科・細目：生物科学・構造生物化学

キーワード：生体超分子、構造、機能、線結晶構造解析、電子線構造解析、電子顕微鏡

1. 研究開始当初の背景 細胞内に有る蛋白質、核酸等の複合体である生体超分子の大きなものは、その分子量が1億 Da をこえるものも有る。超分子の多くは生命の営みの鍵となる役割を果たしている。これらの生体超分子の立体構造を原子分解能で明らかにする方法には X線結晶構

造解析と電子顕微鏡構造解析がある。

我が国ではウイルスや膜タンパク質複合体の X線結晶構造解析及びべん毛の X線及び電子線構造解析の先進的な研究がある。そこで、これらの研究手法をさらに発展させて、非結晶性、結晶性を問わず、いかなる大きさの生体超分子

の構造を決定する新しい構造解析法を開発することが求められていた。

2. 研究の目的 非結晶性、結晶性を問わず、いかなる大きさの生体超分子を原子分解能で捉えて、そこで営まれる化学を原子レベルで明らかにすることによって、生命の仕組みを解き明かすことを目指す。

分子量が1億 Da をこえる生体超分子の立体構造を原子分解能で明らかにする方法を開発するのが第1の目的である。これまでにない複雑な構造を決めた後、その構造を詳細に検討することによって生体超分子それぞれの構造形成、離合集散する蛋白質のネットワーク構築の仕組みを明らかにするのが第2の目的である。巨大な生体超分子においてもそれぞれの立体構造は、原子レベルの正確さの再現性を保持して組み立てられている。この正確な立体構造故に可能になる精密に制御された化学過程を明らかにし、高度に制御された生命機能の原子機構を解明するのが第3の目的である。

3. 研究の方法 分子量が1億 Da をこえる生体超分子の立体構造を原子分解能で明らかにする方法を開発するために、X線結晶構造解析と電子顕微鏡を組み合わせた方法を主軸にして方法を開発する。

複雑な構造を詳細に検討することによって生体超分子それぞれの構造形成、離合集散する蛋白質のネットワーク構築の仕組みを明らかにするためには、弱く結合して複合体を構成する超分子の結晶化に取り組む。

正確な立体構造に基づいた理論計算によって精密に制御された化学過程を明らかにし、高度に制御された生命機能の原子機構を解明する。

4. 研究成果 3研究項目を設定して実施した。研究は極めて順調に進んでおり、超分子構造生物学の発展に大きく寄与している。以下、個々の項目毎に述べる。

(1) 研究項目 A01 X線及び電子線による超分子の構造解析法の研究

X線結晶構造解析技術開発

球状ウイルスの正20面体対称性を利用した *ab initio* 構造解析法を開発した。SPRING-8 の生体超分子構造解析ビームライン BL44XU の高精度化をはかり回折強度データの質の向上を達成した。その結果チトクロム酸化酵素の完全酸化型結晶中の活性中心の構造を確定した。ギャップ結合チャネル及び Exportin-5:RanGTP:pre-miRNA 複合体の構造決定に成功した。1千万 Da を超える巨大なボルトの構造決定に成功した。

電子顕微鏡解析のハイスループット高分解能化を目指す技術開発

エネルギー分光型極低温電子顕微鏡を改良して、細菌べん毛ポリロッド、ポリフックの構造を7 Å分解能で解析した。またいずれの構造もサブユニット構造と合わせることで

によって超分子全体の原子モデルの構造を構築できた。

細菌のべん毛フックの構造を低温電子顕微鏡像の画像解析法による低分解能立体像と、サブユニット蛋白質のX線構造を組み合わせ、擬似原子モデルを構築することに成功した。この原子モデルをもとにした分子動力学シミュレーションにより、ユニバーサルジョイント機能を解明した。

X線構造解析と電子顕微鏡解析の相補的連携を目指す研究

べん毛基部体の電子顕微鏡像解析とともに、各構成蛋白質のX線結晶構造解析を進めた。疑似原子分解能の構造モデルを構築した。

単粒子解析法の開発

単粒子構造解析における画像データ解析過程で最も困難な画像からの三次元再構成プログラムの開発に成功した。

電子線トモグラフィーの高分解能化

Rice Gall Dwarf Virus (RDGV)由来の微小管を構成するチューブリンの可視化に成功した。

分子シミュレーション法

大規模シミュレーションを用いた生体超分子の機能メカニズムの研究によって、細菌べん毛の繊維を構成する蛋白質 Flagellin アンフォールディングと輸送後に繊維末端に会合するメカニズムを明らかにした。

(2) 研究項目 A02 鞭毛、ウイルスの構造形成と感染機構の研究

ウイルスの構造形成機構および感染機構

イネ萎縮ウイルスの12種のタンパク質のそれぞれに役割を明らかにして、感染、増殖、構造形成機構の全容を解明した。

べん毛の構造形成機構と運動機構

べん毛蛋白質輸送装置の構造解析を行い輸送機構を明らかにした。極低温電子顕微鏡像解析によるべん毛立体像解析の高分解能化とこれらの構成分子の構造によって、べん毛全体の高精度擬似原子モデル構築した。

(3) 研究項目 A03 蛋白質複合体における高度な機能制御機構の研究

チトクロム酸化酵素

酸化型及び還元型酵素のそれぞれ1.8 Å, 1.9 Å分解能の構造とHela細胞を用いた発現系による変異体の機能解析によって、従来から唱えているHパス説を実証した。

光エネルギー変換系

光合成の初発過程を担う光化学系II膜蛋白質複合体(PSII)のマンガングラスタの近傍に2つの塩素結合部位を見出した。

Exocyst 複合体

開口放出で働く滞留因子である exocyst 複合体を構成する Sec3 のN末ドメインと Rho1 との複合体の構造を2.6 Å分解能で決定した。

植物ホルモン受容体の動的複合体形成機構

Arabidopsis の GID1a と生理活性型ジベレリン、DELLA タンパク質の代表の一つである GAI との

三者複合体の結晶構造解析に成功した。

転写、翻訳複合体

tRNAのアンチコドン文字目のウリジン(U34)は、一般に2位がチオ化されている。オウリジル化酵素MnmAとtRNAとの複合体の結晶構造を決定し、チオ化機構を明らかにした。

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 241 件) (すべて査読有)

1. Chimari Okada, Yamashita Eiki, Soo Jae Lee, Satoshi Shibata, Jun Katahira, Atsushi Nakagawa, *Yoshihiro Yoneda and *Tomitake Tsukihara (2009) A high resolution structure of the pre-microRNA nuclear export machinery. *Science*, 326, 1275-1279
2. Shoji Maeda, So Nakagawa, Michihiro Suga, Eiki Yamashita, Atsunori Oshima, Yoshinori Fujiyoshi and *Tomitake Tsukihara (2009) Structure of the connexin-26 gap junction channel at 3.5 Å resolution. *Nature*, 458, 597-602
3. Hideaki Tanaka, Koji Kato, Eiki Yamashita, Tomoyuki Sumizawa, Yong Zhou, Min Yao, Kenji Iwasaki, Masato Yoshimura, *Tomitake Tsukihara (2009) The structure of rat liver vault at 3.5 Å resolution. *Science*, 323, 384-388
4. Fujii, T., Kato, T. & *Namba, K. (2009) Specific arrangement of α -helical coiled coils in the core domain of the bacterial flagellar hook for the universal joint function. *Structure*, 17, 1485-1493.
5. Mio, K., Ogura, T., Yamamoto, T., Hiroaki, Y., Fujiyoshi, Y., *Kubo, Y. & *Sato, C. Reconstruction of the P2X₂ receptor revealed a vase-shaped structure with lateral tunnels above the membrane. *Structure* 17, 266-275, (2009)
6. Kiyonaka, S., Kato, K., Nishida, M., Mio, K., Numaga, T., Sawaguchi, Y., Yoshida, T., Wakamori, M., Mori, E., Numata, T., Ishii, M., Takemoto, H., Ojida, A., Watanabe, K., Uemura, A., Kurose, H., Morii, T., Kobayashi, T., Sato, Y., Sato, C., Hamachi, I., *Mori, Y. Selective and direct inhibition of TRPC3 channels underlies biological activities of a pyrazole compound. *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A* 106, 5400-5405, (2009)
7. Maruyama, Y., Ogura, T., Mio, K., Kato, K., Kaneko, T., Kiyonaka, S., Mori, Y., *Sato, C. Tetrameric Orai1 is a teardrop-shaped molecule with a long, tapered cytoplasmic domain. *J. Biol. Chem.* 284, 13676-13685, (2009)
8. Hiroshi Aoyama, Kazumasa Muramoto, Kyoko Shinzawa-Itoh, Kunio Hirata, Eiki Yamashita, Tomitake Tsukihara, Takashi Ogura, *Shinya Yoshikawa (2009) A Peroxide Bridge between Fe and Cu Ions in the O₂ Reduction Site of Fully Oxidized Cytochrome c Oxidase could suppress the Proton Pump, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106, 2165-2169.
9. Keisuke Kawakami, Yasufumi Umena, *Nobuo Kamiya, *Jian-Ren Shen (2009) Location of chloride and its possible functions in oxygen-evolving photosystem II revealed by X-ray crystallography. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106, 8567-8572.
10. Kimura, Y., Yu, L.-J., Hirano, Y., Suzuki, H., and * Wang, Z.-Y. (2009) Calcium ions are required for the enhanced thermal stability of the light-harvesting-reaction center core complex from thermophilic purple sulfur bacterium *Thermochromatium tepidum*. *J. Biol. Chem.* 284, 93-99.
11. Wei, T., Uehara-Ichiki, T., Miyazaki, N., Hibino, H., Iwasaki, K. and *Omura, T. (2009) Association of Rice gall dwarf virus with microtubules is necessary for viral release from cultured insect vector cells. *Journal of Virology* 83, 10830-10835.
12. Koji Kato, Hideaki Tanaka, Tomoyuki Sumizawa, Masato Yoshimura, Eiki Yamashita, Kenji Iwasaki, *Tomitake Tsukihara (2008) A vault ribonucleoprotein particle exhibiting 39-fold dihedral symmetry. *Acta Crystallogr. D* 64, 525-531
13. Se-Young Son, Jichun Ma, Youhei Kondou, Masato Yoshimura, Eiki Yamashita, and *Tomitake Tsukihara (2008) Structure of human monoamine oxidase at 2.2 Å resolution: The control of opening the entry for substrates/inhibitors. *Proc. Natl. Acad. USA*, 105, 5739-5744
14. Kojima, S., Shinohara, A., Terashima, H., Yakushi, T., Sakuma, *M., Homma, M., Namba, K., *Imada, K. (2008) Insights into the stator assembly of the Vibrio flagellar motor from the crystal structure of MotY. *PNAS* 105, 7696-7701.
15. Minamino, T., Imada, K. & *Namba, K. (2008) Molecular motors of the bacterial flagella. *Current Opinion in Structural Biology*, 18, 693-701.
16. Minamino, T. & *Namba, K. (2008). Distinct roles of the FliI ATPase and proton motive force in bacterial flagellar protein export. *Nature* 451, 485-488.
17. Mio, K., Kubo, Y., Ogura, T., Yamamoto,

- T., Arisaka, F. & *Sato, C. The motor protein prestin is a bullet-shaped molecule with inner cavities. *J. Biol. Chem.* 283, 1137-1145, (2008)
18. Wei, T., Shimizu, T. and* Omura, T. (2008b) Endomembranes and myosin mediate assembly into tubules of Pns10 of Rice dwarf virus and intercellular spreading of the virus in cultured insect vector cells. *Virology*, 372, 349-356.
 19. Kimura, Y., Hirano, Y., Yu, L.-J., Suzuki, H., Kobayashi, M. and * Wang, Z.-Y. (2008) Calcium ions are involved in the unusual red-shift of the light-harvesting 1 Q_y transition of the core complex in thermophilic purple sulfur bacterium *Thermochromatium tepidum*. *J. Biol. Chem.* 283, 13867-13873.
 20. Imada, K., Minamino, T., Tahara, A. & *Namba, K. (2007) Structural similarity between the flagellar type III ATPase FliI and F1-ATPase subunits. *Proc. Nat'l. Acad. Sci. U.S.A.* 104, 485-490.
 21. Maruyama, Y., Ogura, T., Mio, K., Kiyonaka, S., Kato, K., Mori, Y., *Sato, C. (2007) Three-dimensional reconstruction using transmission EM reveals a swollen, bell-shaped structure of TRPM2 cation channel. *J. Biol. Chem.* 282(51), 36961-36970
 22. Yazawa, M., Ferrante, C., Feng, J., Mio, K., Ogura, T., Zhang, M., Lin, P.-H., Pan, Z., Komazaki, S., Kato, K., Nishi, M., Zhao, X., Weisleder, N., Sato, C., Ma, J., & *Takeshima, H. (2007) TRIC channels are essential for Ca^{2+} handling in intracellular stores. *Nature* 448, 78-82
 23. Meinhold, L., Smith, J.C., Kitao, A., *Zewail, A.H., (2007) Picosecond fluctuating protein energy landscape mapped by pressure temperature molecular dynamics simulation. *PNAS*. 104(44), 17261-17265
 24. Wei, T., Chen, H., Ichiki-Uehara, T., Hibino, H., and *Omura, T. (2007). Entry of Rice dwarf virus into cultured cells of its insect vector involves clathrin-mediated endocytosis. *Journal of Virology*, 81, 7811-7815.
 25. Shinzawa-Itoh, K., Aoyama, H., Muramoto, K., Terada, H., Kurauchi, T., Tadehara, Y., Yamasaki, A., Sugimura, T., Kurono, S., Tsujimoto, K., Mizushima, T., Yamashita, E., Tsukihara, T., *Yoshikawa, S. Structures and physiological roles of thirteen lipids of bovine heart cytochrome *c* oxidase, *EMBO J.* 26 (2007) 1713-1725.
 26. Muramoto, K., Hirata, K., Shinzawa-Itoh, K., Yoko-o, S., Yamashita, E., Aoyama, H., Tsukihara, T. and *Yoshikawa, S. (2007) A histidine residue acting as a controlling site for dioxygen reduction and proton pumping by cytochrome *c* oxidase : *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 104 (2007) 7881-7886.
 27. *Kitao, A., Yonekura, K., Maki-Yonekura, S., Samatey, F. A., Imada, K., Namba, K. & Go, N. (2006) Switch interactions control energy frustration and multiple flagellar filament structures. *Proc. Nat'l. Acad. Sci. U.S.A.* 103, 4894-4899.
 28. *Kitao, A., Yonekura, K., Maki-Yonekura, S., Samatey, F.A., Imada, K., Namba, K., Go, N. (2006) Switch interactions control energy frustration and multiple flagellar filament structures. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 103, 4894-4899
 29. Wei, T., Shimizu, T., Hagiwara, K., Kikuchi, A., Moriyasu, Y., Suzuki, N., Chen, H., and *Omura, T. (2006). The Pns 12 protein of Rice dwarf virus is essential for formation of viroplasms and nucleation of viral assembly complexes. *Journal of General Virology* 87,429-438
 30. Wei, T., Kikuchi, A., Suzuki, N., Shimizu, T., Hagiwara, K., Chen, H. and *Omura, T. (2006). Pns4 of Rice dwarf virus is a phosphoprotein, localized around the viroplasm matrix and forms minitubules. *Archives of Virology* 151, 1701-1712.
 31. J. Taka, H. Naitow, M. Yoshimura, N. Miyazaki, A. Nakagawa and *T. Tsukihara. Ab initio crystal structure determination of spherical viruses that exhibit a centrosymmetric location in the unit cell. *Acta Cryst. D* 61, 1099-1106, (2005).
 32. *Yonekura, K., Maki-Yonekura, S. & *Namba, K. (2005). Building the atomic model for the bacterial flagellar filament by electron cryomicroscopy and image analysis. *Structure* 13, 407-412.
 33. Shaik T. R., Thomas D. R., Chen J. Z., Samatey F.A., Matsunami. H., Imada K., Namba K. & *DeRosier D. J. (2005). A partial atomic structure for the flagellar hook of *Salmonella typhimurium*. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*, 102, 1023-1028.
 34. *Shuji Kanamaru, Yasutaka Ishiwata, Toshiharu Suzuki, Michael G. Rossmann and Fumio Arisaka: Control of Bacteriophage T4 Tail Lysozyme Activity During the Infection Process. *J. Mol. Biol.* 346:1013-1020 (2005)
 35. Victor A. Kostyuchenko, Paul R. Chipman, Petr G. Leiman, Fumio Arisaka, Vadim V.

Mesyanzhinov, *Michiael G. Rossmann. The tail structure of bacteriophage T4 and its mechanism of contraction. Nat Struct Mol Biol. 12:810-813 (2005)

36. N.Numoto, T.Nakagawa, A.Kita, Y.Sasayama, *Y.Fukumori and *K.Miki Structure of an extracellular giant hemoglobin of the gutless beard worm *Oligobranchia mashikoi*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 102, 14521-14526, (2005).
37. Samatey, F. A., Matsunami, H., Imada, K., Nagashima, S., Shaikh, T. R., Thomas, D., Chen, J. Z., DeRosier, D. J., Kitao, A. & *Namba K. (2004). Structure of the bacterial flagellar hook and implication for the molecular universal joint mechanism. Nature 431, 1062-1068.

(学会発表) (計 911 件)

1. 月原富武, 大きさと精密さに挑む生体超分子の結晶構造解析, 第23回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム(特別講演), 2010年1月6日 - 9日, イーグレひめじ, 姫路
2. Namba, K. Structures and functions of large molecular assemblies. Awards Symposium of the 2009 Biophysical Society, Boston Convention and Exhibition Center, Boston, U.S.A., March 3, 2009.
3. Yoshikawa, S.: Reaction mechanism of bovine heart cytochrome c oxidase, 53rd National Meeting of Italian Society of Biochemistry and Molecular Biology (plenary lecture) (Riccione, Italy, 2008, September 23-26)
4. S. Yoshikawa, Reaction mechanism of bovine heart cytochrome c oxidase, The 14th European Bioenergetics Conference (plenary lecture) (Moscow Russia, 2006 July 22-27).
5. Namba, K. Molecular mechanisms of self-assembly and mechanical functions of the bacterial flagellum. Berzelius days, Stockholm University, Stockholm, Sweden, Jan. 31, 2008.
6. Namba, K. Molecular mechanisms of self-assembly and its regulation of the bacterial flagellum. 9th Asia-Pacific Microscopy Conference (APMC9), International Convention Center Jeju, Jeju Island, Korea, Nov. 4, 2008.
7. 根本 舞, 金丸周司, 有坂文雄, ピブリオファーゼ 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 油井孔兵, 金丸周司,

有坂文雄, T4類縁ファーゼ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

8. Yoshikawa, S.: Reaction mechanism of bovine heart cytochrome c oxidase, 53rd National Meeting of Italian Society of Biochemistry and Molecular Biology (plenary lecture) (Riccione, Italy, 2008, September 23-26)
9. 永田宏次, 高橋美穂子, 浅野敦子, 筒井志穂, 山田邦永, 西口賢三, 中山二郎, 園元謙二, 田之倉優, 腸球菌のペプチドフェロモンGBAPとその受容体膜タンパク質FsrCの構造解析, 日本農芸化学会, 世田谷区(東京都), 2007年3月
10. 沼本修孝, 中川太郎, 喜田昭子, 笹山雄一, 福森義宏, 三木邦夫, マシコヒゲムシ巨大ヘモグロビンの金属結合型結晶構造, 第7回日本蛋白質科学会年会, 2007年5月24日, 仙台国際センター(仙台)
11. S. Yoshikawa, Reaction mechanism of bovine heart cytochrome c oxidase, The 14th European Bioenergetics Conference (plenary lecture) (Moscow Russia, 2006 July 22-27).
12. 月原富武, 高分解能構造解析によるチトクロム酸化酵素のプロトンポンプ機構, 第43回日本生物物理学会年会, 2005年11月23日 - 25日, 札幌コンベンションセンター
13. S. Yoshikawa, Mass spectral and X-ray structural analyses of lipids in bovine heart cytochrome c oxidase, BioScience 2005-from Gene to Systems (invited presentation) (SECC, Glasgow, UK, 2005 July 17-21).
14. S. Yoshikawa, Experimental results indicating that heme a of bovine heart cytochrome c oxidase is the driving element of the proton-pumping, International Conference on Mitochondria, from Molecular Insight to Physiology and Pathology 40 Years of Bari Meetings (invited presentation) (University of Bari, Bari Italy 2005 December 17-22).

(図書) (計 16 件)

1. Shen J.-R., Henmi T. and Kamiya N, WILEY-VCH, Photosynthetic Protein Complexes, A Structural Approach, 2008,
2. 南野 徹, 難波啓一. “自己組織化体としての生体超分子”, バイオナノプロセス 溶液中でナノ構造を作るウェット・ナノテクノロジーの薦め, シーエムシー出版, pp305-317, 2008.
3. 今田勝巳, 難波啓一. 超分子構造アセン

フリーとタンパク質ネットワーク タンパク質
- タンパク質相互作用. タンパク質科学 構造・物性・機能. (後藤祐児・桑島邦博・谷澤克行[編]) 115-130. 化学同人, 2005.

4. Kishimoto, A., Hasegawa, K., Namba, K.
-Helix is a likely core structure of yeast prion Sup35 amyloid fibers. *Spring8 Research Frontiers*, 28-29, 2005.
5. S. Yoshikawa, Structural chemical studies on the reaction mechanism of cytochrome *c* oxidase, in "Biophysical and Structural Aspects of Bioenergetics" Marten Wikström ed., Royal Society of Chemistry, Cambridge UK, 2005 pp. 55-71.
6. S. Yoshikawa, Mitochondrial cytochrome *c* oxidase in "Structures" B. Lewin ed., *Virtual Text*, Ergito Cambridge MA USA, 2005. (査読有)
7. 有坂文雄, 化学同人 タンパク質科学 579P(153-167) (2005)
8. Shen J.-R. and Kamiya N., Springer, Photosystem II: The Light-Driven Water: Plastoquinone Oxidoreductase, 2005,29.
9. 有坂文雄:「バイオサイエンスのための蛋白質科学入門」、裳華房 (2004) (2009第3版)
10. T. Mizushima, et al., R. E. Babine and S. S. Abdel-Meguid, Protein Crystallarography in Drug Discovery, 2004, 278

〔産業財産権〕

出願状況(計2件)

名称:画像処理システム、画像処理方法、プログラムおよび記録媒体

発明者:川田 正晃、佐藤 主税

権利者:独立行政法人産業技術総合研究所

種類:特許

番号:特願 2008-289005

出願年月日:2008/11/11

国内外の別:国内

名称:構造推定システム、構造推定方法およびプログラム

発明者:川田 正晃、佐藤 主税

権利者:独立行政法人産業技術総合研究所

種類:特許

公開番号:特開 2008-134212

取得年月日:2008/6/12

国内外の別:国内

取得状況(計2件)

名称:構造推定システム、構造推定方法およびプログラム

発明者:川田 正晃、佐藤 主税

権利者:独立行政法人産業技術総合研究所

種類:特許

番号:4171919

取得年月日:2008/8/22

国内外の別:国内

名称:電子顕微鏡観察像の画像処理方法および画像処理プログラム並びに記録媒体

発明者:小椋 俊彦、佐藤 主税、藤吉 好則

権利者:独立行政法人産業技術総合研究所

種類:特許

番号:3968421

取得年月日:2007/6/15

国内外の別:国内

〔その他〕

ホームページ等

<http://www.protein.osaka-u.ac.jp/crystallography/tokutei/index.htm>

6. 研究組織

(1)研究代表者

月原 富武(TSUKIHARA TOMITAKE)

大阪大学・蛋白質研究所・特任研究員

研究者番号:00032277

(2)研究分担者

難波 啓一(NAMBA KEIICHI)

大阪大学・大学院生命機能研究科・教授

研究者番号:30346142

福森 義宏(FUKUMORI YOSHIHIRO)

金沢大学・自然システム学系・教授

研究者番号:60135655

有坂 文雄(ARISAKA FUMIO)

東京工業大学・大学院生命理工学研究科・教授

研究者番号:80133768

吉川 信也(YOSHIKAWA SHINYA)

兵庫県立大学大学院生命理学研究科教授

研究者番号:40068119

大村 敏博(OOMURA TOSHIHIRO)

農業・食品産業技術総合研究機構・中央農業

総合研究センター・チーム長

研究者番号:20355499

佐藤 主税(SATO CHIKARA)

独立行政法人産業技術総合研究所・脳神経情

報研究部門・研究グループ長

研究者番号:00357146

北尾 彰朗(KITAO AKIO)

東京大学・分子細胞生物学研究所・准教授

研究者番号:30252422

永田 宏次(NAGATA KOJI)

東京大学・農学生命科学研究科・准教授

研究者番号:30280788

神谷 信夫(KAMIYA NOBUO)

大阪市立大学・大学院理学研究科・教授

研究者番号:60152865

北尾 彰朗(KITAO AKIO)

東京大学・分子細胞生物学研究所・准教授

研究者番号:30252422