

### タンパク質結晶における微小なねじれの観測

阿部満理奈<sup>1</sup>, 鈴木凌<sup>1,2</sup>, 平野馨一<sup>3</sup>, 小泉晴比古<sup>4</sup>, 小島謙一<sup>1</sup>, 橘勝<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 横浜市立大学 生命ナノシステム科学研究科, <sup>2</sup> 科学技術振興機構 さきがけ,

<sup>3</sup> 高エネルギー加速器研究機構 物質構造科学研究所, <sup>4</sup> 広島大学 統合生命科学研究科

### Observation of slight twisting in dislocation-free protein single crystals

Marina ABE<sup>1</sup>, Ryo SUZUKI<sup>1,2</sup>, Keiichi HIRANO<sup>3</sup>, Haruhiko KOIZUMI<sup>4</sup>,  
Kenichi KOJIMA<sup>1</sup>, Masaru TACHIBANA<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Graduate School of Nanobioscience, Yokohama City University,

<sup>2</sup> Precursory Research for Embryonic Science and Technology, Japan Science and Technology Agency

<sup>3</sup> Institute of Materials Structure Science, High Energy Accelerator Research Organization,

<sup>4</sup> Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University

#### Abstract

本研究では、デジタルX線トポグラフィにより、主要な結晶欠陥である転位を含まない無転位で高品質なタンパク質結晶においても、結晶全体にわたる微小なねじれが存在することを発見した。観察された微小なねじれは、非対称な分子から構成されている多くのタンパク質結晶の一般的な性質であることも提案した。本成果は、タンパク質結晶の完全性の理解に留まらず、一般の非対称な分子から構成される結晶のねじれのメカニズムの解明においても重要な知見になる。

#### 1. はじめに

近年、タンパク質の構造解析にクライオ電子顕微鏡が盛んに用いられるようになってきたが、依然として結晶を用いたX線構造解析は重要である。X線構造解析の精度は結晶の品質に強く依存するため、高品質な結晶の作製が望まれる [1]。また、高品質な結晶は、タンパク質結晶の本来の性質の解明だけでなく、新材料としての応用の可能性を探る上でも重要である。

タンパク質結晶とは、ナノメートルサイズの巨大で複雑なタンパク質分子が周期的に配列した物質である。タンパク質分子間の結合は非常に弱く複雑であり、凝集エネルギーすら見積もられていない。温度、pH、濃度などの結晶化条件のわずかな違いによって、結晶構造の異なる多形が現れ、結晶化すら難しいものも多い [1]。さらに、結晶内には 30 – 80 vol.% もの多量の移動可能な水分子を含んでいる。これらの特徴は、一般の無機結晶や低分子有機結晶と大きく異なる。

最近、グルコースイソメラーゼ (GI) とフェリチンという 2 種類のタンパク質の結晶において、結晶の完全性に由来するX線の動力的回折現象が観測されている [2,3]。これらの結果により、タンパク質結晶においても完全結晶となる可能性が提案された。一方で、これまでも微小重力場や磁場中での結晶の育成などの様々な手法により無転位の高品質なタンパク質結晶が育成されてきたが、GI 結晶やフェリチン結晶のようにX線の動力的回折現象が明確に観察されるような完全性の高い結晶は得られていない。すなわち、他の多くの無転位の高品質なタンパ

ク質結晶でも、依然として何らかの不完全性あるいは結晶欠陥を有していると考えられていた。

結晶の完全性や結晶欠陥の観察方法として、X線トポグラフィ [4]、ロッキングカーブ測定 [5]、原子間力顕微鏡 (AFM) [6] や透過型電子顕微鏡 (TEM) [7] が知られている。中でもX線トポグラフィは、イメージングを伴うため、欠陥の分布や形状を知ることができる。また、結晶全体の測定を大気中で行うことができる。したがって、X線トポグラフィは、水和しているタンパク質結晶において、非破壊で結晶内の転位などの欠陥を観察できる最も有用な方法である。ただ、欠点としては分解能が数  $\mu\text{m}$  と低いことである。著者らのグループは、従来のフィルム法によるX線トポグラフィに加え、高分解能なX線 CCD カメラを用いたデジタルX線トポグラフィ法の開発を長年にわたって行ってきた。デジタルX線トポグラフィでは、結晶の Bragg 角近傍で結晶を微小回転させながら、連続的に CCD カメラで回折像を取得する。結晶欠陥の分布といった空間的な情報だけでなく、回折強度や回折角度位置、回折強度の半値幅 (FWHM) などの角度情報も定量的に評価できる。したがって、デジタルX線トポグラフィは、従来のX線トポグラフィよりも得られる情報は格段に多くなり、微小な欠陥やひずみをより詳細に解析できる [8]。

著者のグループは、高品質なタンパク質結晶の不完全性の解明に向けて、リゾチーム結晶のデジタルX線トポグラフィ測定を行った。結果として、無転位の高品質なリゾチーム結晶であっても、結晶全体にわたって微小なねじれが存在することを世界で初めて明らかにした [9]。また、本

研究で発見された微小のねじれは、タンパク質結晶に限らず非対称な分子から構成されている多くの結晶の本質的な性質であることも提案した。本稿では、ねじれ結晶に関する研究の背景についても少し触れ、デジタルX線トポグラフィによるタンパク質結晶の微小ねじれの観測について紹介する。

## 2. ねじれ結晶

結晶のねじれの研究は、歴史的には1811年にイギリスの鉱物学者 James Sowerby によるクロロ炭酸鉛の結晶での観察が最初と言われている [10]。その後、1929年にドイツの鉱物学者 Ferdinand Bernauer は、400以上の結晶の観察データから、世の中に存在する分子結晶の25%以上はねじれていることを予測した [11]。つまり、結晶のねじれは普遍的な現象の一つであると考えられた。一方で、1913年に Bragg 親子が NaCl 結晶などの構造解析に成功したことで、原子・分子レベルでの構造解析が可能になり、結晶学はX線回折の Bragg の法則が適用できるシンプルな結晶モデルを中心に発展することになる。ここで言うシンプルな結晶モデルとは、原子や分子などの構成要素が並進対称性と回転対称性を持ち、3次元に規則正しく配列した固体に対応する。そのため、並進対称性を持たないねじれ結晶は結晶学の表舞台から一旦外れることになる。

一方、近年は電子顕微鏡などの測定技術の発達に伴い、多くのねじれ結晶の存在が明らかになった。また、ねじれ度合いに依存する超伝導など様々な興味深い物性も報告され、ねじれ結晶が再び脚光を浴びるようになった。ねじれ結晶の形成メカニズムとして、結晶表面に誘起される応力や結晶欠陥の一種であるらせん転位による Eshelby twist など様々な外的要因によるメカニズムが提案されている [12]。一方で、最近では、構成分子の非対称性や異方の相互作用など構成分子の本来の性質に起因する内的要因による “geometric frustration” (幾何学的フラストレーション) メカニズムが提案された [13]。幾何学的フラストレーションとは局所的な格子構造がエネルギーの最適化を妨げるような現象である。例えば、磁性体で見られるスピンや電荷配置の秩序形成 (磁気転移・電荷秩序) が妨げられる現象に対しても用いられ、様々な特異な物理現象のメカニズムとして広く注目されている。

幾何学的フラストレーションに基づいた分子結晶のシミュレーションでは、結晶のねじれが明確に再現され、そのねじれの度合いが結晶のサイズの増加とともに減少することが示されている [13]。しかし、これに対応する実験的な研究はほとんどない。本稿で紹介するタンパク質結晶の微小ねじれに対する結晶サイズ依存性の測定結果は、幾何学的フラストレーションメカニズムの実験的証拠としても重要な意味をもつ。

## 3. 実験方法

### 3-1. リゾチーム結晶の作製

モデルタンパク質として知見の多いリゾチーム結晶は少

Table 1 Crystallization conditions of lysozyme crystals.

Crystal form	Tetragonal	Orthorhombic	Monoclinic	Triclinic
Lysozyme	40 mg/mL	53 mg/mL	5 mg/mL	7.5 mg/mL
Precipitant	0.5 M NaCl	0.7 M NaCl	0.3 M NaNO <sub>3</sub>	0.17 M NaNO <sub>3</sub>
pH	4.5	4.7	4.5	4.5
Temperature	23 °C	40 °C	23 °C	5 °C (5h) →23 °C

なくとも4つの晶系 (結晶多形) を持つことが知られている。そこで、本研究では4つの晶系のリゾチーム結晶の作製を行った。リゾチーム結晶は先行研究のGI結晶やフェリチン結晶と同様に、種結晶から成長させる方法を用いて育成した。種結晶は蒸気拡散法の一つであるハンギングドロップ法を用いて育成した。Table 1に示した条件で成長溶液を調製することにより、4つの晶系のリゾチーム結晶を作製した。育成した種結晶を取り出し、新たに調製した成長溶液で満たしたサンプルホルダー内に移し替えた。成長溶液の条件は種結晶育成時の条件と同様である。成長過程で生じる不均一核形成を抑制するため、40°Cで15分間熱処理を行った。その後、Table 1に示した温度で2週間静置し、再成長を行った。

### 3-2. デジタルX線トポグラフィ測定

デジタルX線トポグラフィ測定は高エネルギー加速器研究機構のPhoton Factory BL-14BおよびBL-20Bにおいて、23°Cで行った。両BLにおいて、Siの二結晶分光器で単色化された1.2 Åの単色X線を入射X線として使用した。ビームサイズ3×5 mm<sup>2</sup>の入射X線を用いて、結晶全体の測定を行った。デジタルX線トポグラフィ測定の幾何学的な配置をFig. 1に模式的に示す。結晶の入ったサンプルホルダーを精密ゴニオメーターにセットし、測定反射指数のブラッグ角近傍で結晶を微小回転 ( $\Delta\theta \approx 3.3 \times 10^{-4}$ °/枚) させた。このとき、高分解能X線CCDカメラ (Photonic Science X-RAY FDI 1.00:1) を用いて、100枚程度の連続したデジタルX線トポグラフィ像 (回折像) を取得した。得られた連続像から、回折角度位置の変化および局所的な回折角度曲線の半値幅 (FWHM) を評価した。

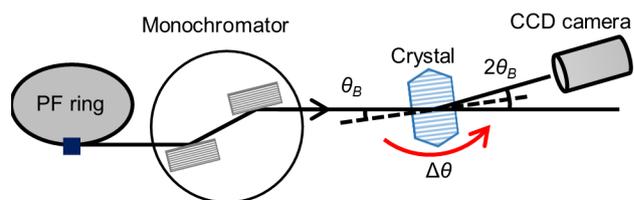


Figure 1 Experimental Laue geometry configuration for digital X-ray topography with CCD camera. A Si (111) double-crystal monochromator is used for the monochromatic incident beam. The protein crystals are slightly rotated in the direction of the red arrow. Diffracted images are obtained by the CCD camera.

## 4. 結果と考察

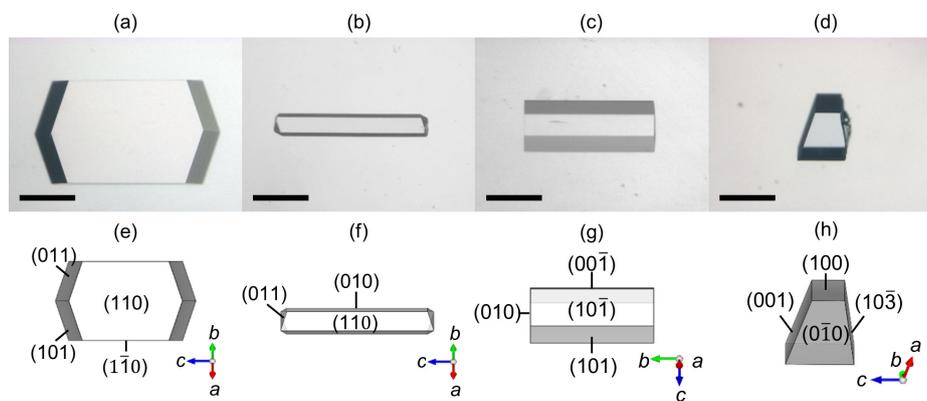
### 4-1. タンパク質結晶における微小なねじれの観測

育成したリゾチーム結晶の光学顕微鏡像を Fig. 2 に示す。結晶化条件を変化させることで、4つの晶系のリゾチーム結晶を作り分けることができた。それぞれの結晶は、真っ直ぐな結晶外形を持つ。これらの結晶において、デジタルX線トポグラフィ測定を行った。

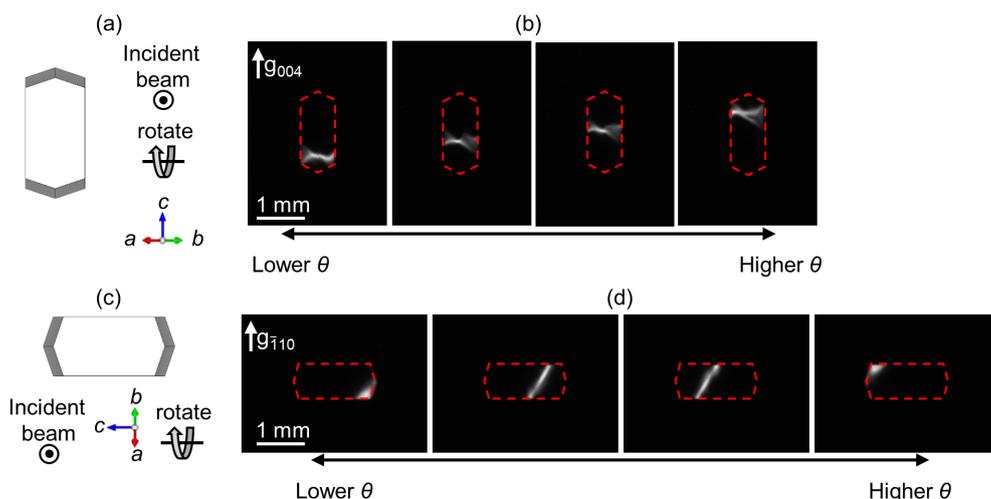
測定したすべてのリゾチーム結晶において、結晶の回転に伴って Bragg 回折を満たす領域が移り変わる様子が観測された。正方晶リゾチーム結晶のデジタルX線トポグラフィ測定の結果を Fig. 3 に示す。まず、Fig. 3(a)のように結晶を配置し、矢印の方向に結晶を微小回転させて 004 回折の測定を行った。Fig. 3(b)に正方晶リゾチーム結晶の 004 回折のデジタルX線トポグラフィ像を示す。白色のバンド状のコントラストは Bragg 回折が生じている領域に対応し

ている。結晶の回転に伴って、Bragg 回折を満たす領域が結晶の回転方向（結晶の回転軸と垂直な方向）に移り変わる様子が確認された。このような現象はダイヤモンドなど完全性の高い他の結晶でも観測される現象であり、一般的には分光結晶と測定試料の面間隔の不一致から説明することが出来る [8]。

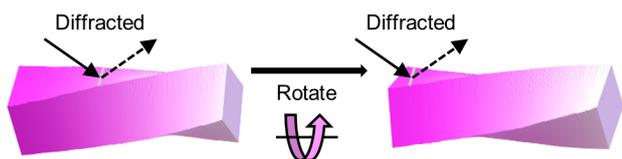
一方で、各晶系の他の回折面の測定では、結晶の回転方向に一致せず、結晶の回転軸と平行な方向に回折位置の移り変わる様子が観測された。Fig. 3(d)に正方晶リゾチーム結晶の  $\bar{1}10$  回折のデジタルX線トポグラフィ像を示す。Fig. 3(b)の 004 回折とは異なり、結晶の回転軸と平行な方向に回折位置が移り変わることがわかる。このような現象は分光結晶と測定試料の面間隔の不一致といった幾何学的な要因では説明することが出来ない。Fig. 4 に示すように、 $c$  軸に沿った結晶の左巻きのねじれによって説明できる。



**Figure 2** Optical micrographs and corresponding schematics of typical (a),(e) tetragonal, (b),(f) orthorhombic, (c),(g) monoclinic, and (d),(h) triclinic lysozyme crystals. The scale bar is 500  $\mu\text{m}$ . These schematics were prepared using the VESTA software [14].



**Figure 3** Experimental configurations and digital X-ray topographic images (slice images) of tetragonal lysozyme crystal taken in (a),(b) 004 reflection and (c),(d)  $\bar{1}10$  reflection. Schematic figures were prepared using the VESTA software [14]. The slice images were obtained with the rotation of the crystal. The rotation axes in (a) and (c) are parallel to  $[1\bar{1}0]$  and  $[001]$ , respectively. The incident beam is almost vertical to (110) face.



**Figure 4** Schematic model for left-handed twisting crystal, for simplicity, illustrated with unit cell stacks. The parallel shift to the rotation axis is explained by twisting of crystals.

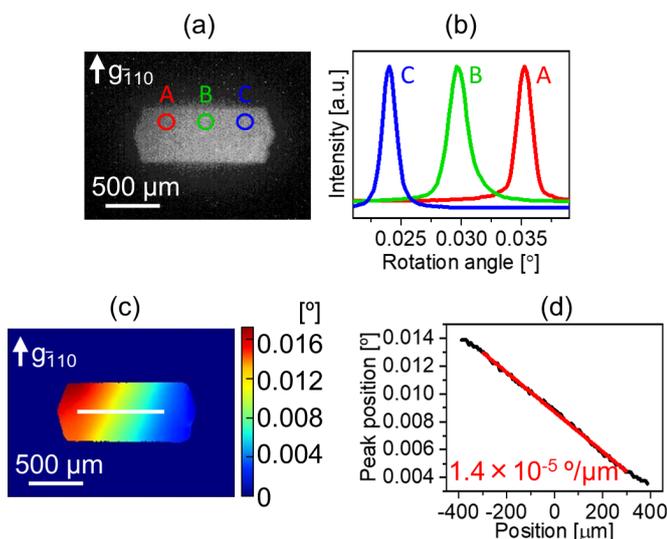
## 4-2. ねじれの大きさの解析

結晶の品質とねじれの大きさを定量的に評価するため、デジタルX線トポグラフィ像の詳細な解析を行った。Fig. 5に正方晶リゾチーム結晶の $\bar{1}10$ 回折の(a)重ね合わせたトポグラフィ像、(b)ロッキングカーブ(局所的な回折強度曲線)、(c)ロッキングカーブのピーク位置のマッピングおよび(d)図中の白線領域による回折角度位置のずれを示す。Fig. 5(a)より、測定を行ったリゾチーム結晶には転位などの格子欠陥が存在しないことが確認できる。Fig. 5(b)

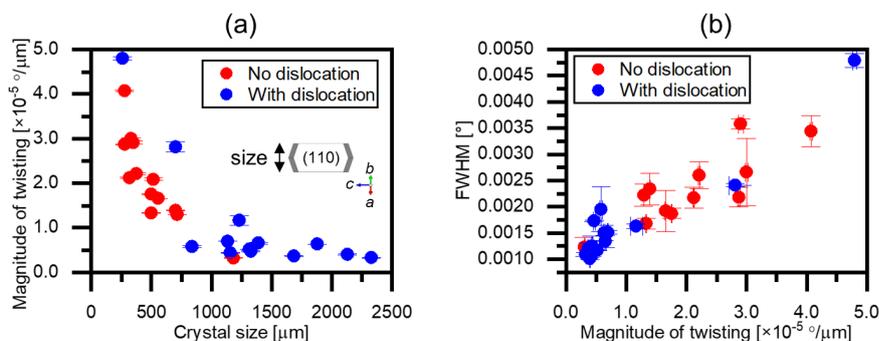
より、ロッキングカーブは鋭いシングルピークであり、結晶の品質が高いことがわかる。したがって、転位のない高品質な結晶においてもねじれが存在していると言える。

次に、ロッキングカーブのピーク位置の解析より、ねじれの大きさを定量的に評価する。Fig. 5(c)のカラーマッピング図は結晶内の各位置におけるロッキングカーブのピーク位置を示している。青色から赤色の順にBragg回折が生じる角度が連続的に変化していることを示しており、Fig. 3(d)に対応している。また、Fig. 5(d)より、回折角度位置が結晶の $c$ 軸に沿って連続的かつ一様に変化していることがわかる。これは測定した正方晶リゾチーム結晶に均一なねじれが存在していることを示している。回折角度位置の変化の傾きはねじれの大きさに対応しており、ねじれの大きさは $1.4 \times 10^{-5} \text{ }^\circ/\mu\text{m}$ と見積もられた。従来のねじれ結晶に関する研究は、光学顕微鏡や電子顕微鏡で確認できる大きなねじれ( $10^{-3} \text{ }^\circ/\mu\text{m}$ から $10^4 \text{ }^\circ/\mu\text{m}$ )に限られている。本研究ではデジタルXトポグラフィ法により、従来の観察では確認できない微小なねじれの観測に世界で初めて成功した。

さらに、様々なサイズの正方晶リゾチーム結晶において



**Figure 5** (a) Digital X-ray topographic images of tetragonal lysozyme crystal taken with  $\bar{1}10$  reflection. (b) local rocking curves in selected regions in (a). (c) The map of angular position of maximum intensity (peak position) for local rocking curves in tetragonal lysozyme crystals. (d) Peak position of local rocking curve as a function of the location along the straight line in the map in (c).

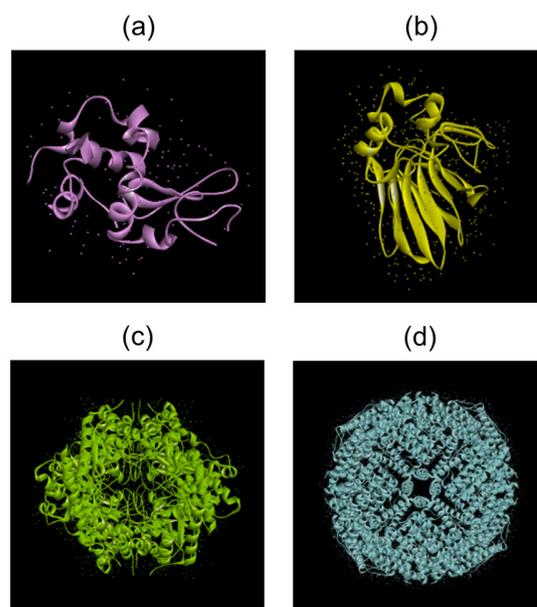


**Figure 6** Correlation of (a) the magnitude of twisting with the crystal size, and (b) the magnitude of twisting with the full width at half maximum (FWHM) in tetragonal lysozyme crystals, excluding (red) and including (blue) dislocations. Note that the crystal size corresponds to the length of the crystal along  $[1\bar{1}0]$ . The magnitude of twisting and FWHM are average values. The error bar is determined from the standard deviation.

同様の測定と解析を行った。測定した 55 個の結晶はすべて左巻きにねじれていた。Fig. 6(a) に結晶サイズとねじれの大きさの関係を示す。ここで、結晶サイズは短軸方向の長さに対応している。結晶サイズが小さいほど、ねじれ度合いが大きい相関が明瞭に見られた。また、Fig. 6(a) 中の赤と青のプロットはそれぞれ結晶中の転位の有無に対応する。転位の有無に関係なく、同様のねじれのふるまいが観察された。したがって、ねじれと転位には関係がないことがわかる。次に、ロッキングカーブの半値幅とねじれの相関を Fig. 6(b) に示す。ねじれが小さいほどロッキングカーブの半値幅は狭い傾向が見られた。すなわち、ねじれが小さいほど、結晶の品質が高いことを示している。さらに、これらの相関は結晶欠陥である転位の存在には依存しない。したがって、転位といったいわゆる原子、分子による格子欠陥ではなく、ねじれが結晶の品質を左右する最後に残された欠陥であることを意味する。結晶内のねじれを制御することで、さらなる結晶の完全性の向上が期待できる。

### 4-3. ねじれの起源についての考察

本研究では、斜方晶、単斜晶および三斜晶リゾチーム結晶においても同様の測定を行った。それらの結果を正方晶リゾチーム結晶の測定結果と合わせて Table 2 に示す。すべての晶系のリゾチーム結晶において、結晶の回転軸に垂直な方向に回折位置が移り変わる様子が 1 つの反射面においてのみ観測された。一方で、他の反射面の測定では、結晶の回転軸と平行な方向に回折位置が移り変わる現象が観測された。したがって、晶系に関わらず結晶中に微小なねじれを有していることがわかる。ねじれの軸は正方晶系と斜方晶系は  $c$  軸、単斜晶系は  $b$  軸、三斜晶系は  $a$  軸に対応している。また、唯一らせん軸を持たない三斜晶系においても微小なねじれが観測されたため、ねじれは結晶のらせん軸とは関係がないということがわかる。さらに、Table 2 に示すように、単斜晶系のみ回折の移り変わる方向が他の晶系と逆方向を示した。したがって、正方晶系、斜方晶系および三斜晶系は左巻き、単斜晶系は右巻きにねじれていることが考えられる。これは、同じ形状のリゾチーム分子で構成されているにも関わらず、ねじれのふるまいが異なることを意味する。この理由として、単位格子を構成する要素の対称性が考えられる。単斜晶系では 2 つの分子で構成される非対称単位が単位格子を構成しているのに対し、他の晶系では分子単体が配列して単位格子を構成してい



**Figure 7** Molecular shape drawn with the Discovery studio software [15]. The structure information is obtained from the Protein Data Bank (PDB). (a) Lysozyme (PDB ID; 1lyz), (b) thaumatin (PDB ID; 1rqw), (c) GI (PDB ID; 1mnz), (d) ferritin (PDB ID; 3f32). Note that these are not drawn to scale.

る。以上より、結晶学的ならせん軸ではなく、構成要素の非対称性が結晶中のねじれを引き起こしていることが推測される。

リゾチームとは異なるタンパク質であるタウマチン結晶においても、リゾチーム結晶と同様な微小なねじれが観察された。一方で、先行研究で極めて高品質な結晶であることが示されている GI 結晶とフェリチン結晶において、微小なねじれは観察されなかった。リゾチーム分子、タウマチン分子、GI 分子、フェリチン分子の形状を Fig. 7 に示す。ねじれの観測されたリゾチーム分子やタウマチン分子はいびつな形状（クロワッサン型）であるのに対し、GI 分子とフェリチン分子は球のような高い対称性を持つ形状である。タンパク質結晶の微小なねじれは結晶を構成する分子の非対称な形状によって引き起こされていると考えられる。冒頭で述べたように、結晶がねじれるメカニズムとして幾何学的フラストレーションメカニズムが提案されている。本研究はその概念のはじめての実験的な証拠となる可能性がある。

**Table 2** Direction of the shift in the peak position of local rocking curve in lysozyme crystals with four crystal forms.

Crystal form							
Tetragonal		Orthorhombic		Monoclinic		Triclinic	
Reflection	Direction	Reflection	Direction	Reflection	Direction	Reflection	Direction
004	↑	002	↑	020	↑	100	↑
110	←	110	←	004	→	001	←
200	←	020	←	101	→	10 $\bar{3}$	←
		120	←	10 $\bar{1}$	→		

## 5. まとめ

本研究では、無転位の高品質なタンパク質結晶であっても、結晶全体にわたった微小なねじれが存在することを示した。このねじれは結晶の大きさに強く依存しており、結晶が大きいほどねじれの程度が小さくなることがわかった。これらの結果は、今回観察された微小なねじれが、非対称な分子から構成されている多くのタンパク質結晶にみられる普遍的な現象であることを示唆している。したがって、一般的に非対称な分子から構成されているタンパク質結晶は本質的にねじれを含むため、いわゆる教科書にあるような完全な結晶を得ることは難しい。ただ、あえて完全結晶を作製するためには、結晶化条件の制御や不純物、欠陥の導入によって結晶成長時の非対称分子による異方的相互作用の抑制を行い、ねじれを緩和させることが必要であろう。

さらに、本研究では、放射光デジタルX線トポグラフィによって今まで観察されていなかった微小なねじれの観測に成功した。本手法を用いることによって、まだ知られていない多くのねじれ結晶の発見や、ねじれが結晶の普遍的な現象であることが実験的にも実証されることが期待される。このように放射光X線デジタルトポグラフィは今までの光学顕微鏡や電子顕微鏡では観測できない領域のねじれの研究に有力な方法となる。本研究は、タンパク質結晶の完全性の理解だけに留まらず、一般の結晶のねじれのメカニズムの解明にも繋がると考えられる。

## 謝辞

X線トポグラフィ測定は放射光共同利用実験課題(2019G103, 2021G022)によって、KEK-PFのBL-14BおよびBL-20Bにて実施されたものです。ビームライン担当者の物質構造科学研究所の杉山弘助教に心から感謝いたします。また、本研究はJST さきがけ(JPMJPR1995)、JSPS 科研費(16K06708, 17K06797, 19K23579, 21K04654)および池谷科学技術振興財団(0291078-A)の助成を受けたものです。

## 引用文献

- [1] N.E. Chayen, J.R. Helliwell, E.H. Snell, *Macromolecular Crystallization and Crystal Perfection*, Oxford Univ Press, Oxford, (2010).
- [2] R. Suzuki, H. Koizumi, K. Hirano, T. Kumasaka, K. Kojima, M. Tachibana, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **115**, 3634 (2018).
- [3] M. Abe, R. Suzuki, K. Kojima, M. Tachibana, *IUCrJ* **7**, 1 (2020).
- [4] Y. Mukobayashi, et al., *Phys. Status Solidi A* **206**, 1825 (2009).
- [5] D. Lübbert, A. Meents, E. Weckert, *Acta Cryst.* **D60**, 987 (2004).
- [6] A. J. Malkin, Y. G. Kuznetsov, A. McPherson, *J. Struct. Biol.* **117**, 124 (1996).
- [7] H. P. Stevenson, et al., *Acta Cryst.* **D72**, 603 (2016).
- [8] R. Suzuki, M. Abe, K. Kojima, M. Tachibana, *J. Appl. Cryst.* **54**, 163 (2021).
- [9] M. Abe, R. Suzuki, K. Hirano, H. Koizumi, K. Kojima, M. Tachibana, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **119**, e2120846119 (2022).
- [10] J. Sowerby, *British Mineralogy*, R. Taylor and Company, London, (1811).
- [11] F. Bernauer, "Gedrillte" Kristalle, Gebrüder Borntraeger, Berlin, (1929).
- [12] A. G. Shtukenberg, Y. O. Punin, A. Gujral, B. Kahr, *Angew. Chem. Int. Ed.* **53**, 672 (2014).
- [13] Efi Efrati, *Isr. J. Chem.* **60**, 1185 (2020).
- [14] K. Momma, F. Izumi, *J. Appl. Cryst.* **44**, 1272 (2011).
- [15] BIOVIA, Dassault Systèmes, BIOVIA Discovery Studio 2020, San Diego: Dassault Systèmes, (2019).  
<https://www.3ds.com/products-services/biovia/products/molecular-modeling-simulation/biovia-discovery-studio/>  
(原稿受付日: 2023年3月1日)

## 著者紹介

阿部満理奈 Marina ABE



横浜市立大学 生命ナノシステム科学研究科 物質システム科学専攻 博士後期課程3年

〒236-0027 神奈川県横浜市金沢区瀬戸22-2

e-mail: n205302g@yokohama-cu.ac.jp

略歴: 2018年3月横浜市立大学 国際総合科学部 国際総合科学科 卒業。2020年3月横浜市立大学 生命ナノシステム科学研究科 物質システム科学専攻 博士前期課程 修了。

最近の研究: タンパク質結晶の完全性の解明。

趣味: 弓道(四段), ディズニー

鈴木凌 Ryo SUZUKI



横浜市立大学 理学部 助教

〒236-0027

神奈川県横浜市金沢区瀬戸22-2

e-mail: rsuzuki@yokohama-cu.ac.jp

略歴: 2019年3月横浜市立大学大学院 生命ナノシステム科学研究科 博士後期課程 修了。2019年4月より現職。

最近の研究: 分子結晶の力学機能開拓

趣味: ドライブ, スキー, ディズニー, ポケモンGO

平野馨一 Keiichi HIRANO

高エネルギー加速器研究機構 物質構造科学研究所 准教授

〒305-0801 茨城県つくば市大穂1-1

e-mail: keiichi.hirano@kek.jp

小泉晴比古 Haruhiko KOIZUMI  
広島大学 統合生命科学研究科 准教授  
〒 739-8528 広島県東広島市鏡山 1-4-4  
e-mail: h-koizumi@hiroshima-u.ac.jp

小島謙一 Kenichi KOJIMA



横浜市立大学 生命ナノシステム科学研究科 名誉教授  
〒 236-0027  
神奈川県横浜市金沢区瀬戸 22-2  
e-mail: kkojima0618@gmail.com  
略歴：2008年3月まで横浜市立大学に在籍し、その後2020年4月まで横浜創

英大学に在籍。

最近の研究：結晶の格子欠陥と力学的性質

趣味：鉄道一般

橘勝 Masaru TACHIBANA



横浜市立大学 生命ナノシステム科学研究科 教授  
〒 236-0027  
神奈川県横浜市金沢区瀬戸 22-2  
TEL: 045-787-2307 FAX: 045-787-2307  
e-mail: tachiban@yokohama-cu.ac.jp

略歴：1991年3月早稲田大学大学院理工学研究科博士後期課程中退。1991年4月横浜市立大学助手，助教授を経て，2006年より現職。その間，1998年米国ケンタッキー大学，1999年米国ペンシルバニア州立大学物理学科博士研究員。博士（工学）

最近の研究：ナノカーボンからタンパク質まで様々な分子性結晶の作製と新規物性の探索。

趣味：酒とスポーツ