

細胞情報伝達研究室

Cellular Signaling Laboratory

主任研究員 横山 茂之
YOKOYAMA, Shigeyuki

生命現象のメカニズムをタンパク質、核酸などの立体構造に基づいて解明する「構造生物学」(Structural Biology) は近年急速に発展している。当研究室では、構造解析から生命現象解明にいたる力強い戦略の確立をめざして、構造生物学の研究を推進している。とくに、「遺伝情報の発現と維持」および「細胞間・細胞内の情報伝達」のメカニズムを、関与するさまざまなタンパク質や核酸・およびそれらの超分子複合体の構造解析と機能解析に基づいて解明することをめざす。大型放射光施設 SPring-8 を活用した X 線結晶解析を推進するとともに、NMR や生化学・分子細胞生物学的手法を駆使した研究を展開する。

1. 転写・翻訳関連タンパク質・核酸複合体の構造と機能 (横山, Vassilyev, 新海, 関根, 嶋田, 七里^{*1}, Perederina^{*1}, Temiakov^{*2}, Anikin^{*2}, Patlan^{*2}, 塚崎^{*3})

RNA ポリメラーゼは、すべての遺伝子の発現において、DNA の塩基配列を RNA に転写する過程を司る酵素である。細菌や真核生物由来の RNA ポリメラーゼは、複数のサブユニットからなる巨大なタンパク質の複合体 (分子量 400~500 K) である。一方、バクテリオファージやミトコンドリア由来の RNA ポリメラーゼは、単一のサブユニットからなる比較的小さなタンパク質である (分子量およそ 100 K)。これらのグループの間には配列や立体構造の明確な類似性はないものの、RNA 合成のメカニズムの本質は共通であると考えられている。転写のサイクルは、大きく分けて開始、伸長、終結、の 3 つのステージからなっており、なかでも転写開始および開始から伸長への推移は最も複雑なプロセスを含んでおり、様々な因子で調節されている。我々は、複雑な転写のメカニズムを分子の立体構造の側面から理解するために、細菌由来およびバクテリオファージ由来の RNA ポリメラーゼ、転写調節因子の結晶構造解析および機能解析を行っている。

細菌由来の RNA ポリメラーゼ (RNAP) は、コア酵素とホロ酵素の 2 つの形態で細胞内に存在している。コア酵素は、 $\alpha_2\beta\beta'\omega$ の 5 つのサブユニットからなるタンパク質の複合体であり、それ自体 RNA 伸長活性をもっているが、プロモーター特異的に転写を開始することができない。コア酵素は転写開始因子である σ サブユニットを結合し、ホロ酵素 ($\alpha_2\beta\beta'\omega\sigma$) となることによって初めて、DNA 上のプロモーター配列を認識して結合し、転写を開始することができる。グアノシン四リン酸 (ppGpp) は、アミノ酸の枯渇下において、RNAP に対する負の調節因子として知られている。我々は、*Thermus thermophilus* HB8 (Tth) の RNAP ホロ酵素と ppGpp との複合体の X 線結晶構造 2.7 Å の分解能で解析し、ppGpp による転写調節メカニズムの解明を試みた。ppGpp は、2 つのニリン酸基が対称となるように RNAP の活性中心の近傍に結合していた。結合様式には二通りあり、互いに、RNAP の活性中心に対して非対称的であった。何れの場合も、ppGpp のグアノシンの配向

はフレキシブルであった。ppGpp は、転写開始点の上流にシトシンを持つ遺伝子の転写開始および伸長反応を阻害した。以上の結果、RNAP に結合した ppGpp は、転写開始点上流のシトシンと相補的に結合し、転写反応を阻害していることが強く示唆された。

転写開始反応は、転写因子と呼ばれる DNA 結合タンパク質によって調節されている。したがって、転写反応のメカニズムを理解するためには、各種転写因子の機能を明らかにする必要がある。我々は、高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 に見いだされた、大腸菌カタボライト活性化タンパク質 (ecoCAP) と 20~30% のホモロジーのあるタンパク質; TthCAP の機能解析を行った。TthCAP は、ecoCAP と同様に、二量体を形成していることが、ゲルろ過法および光散乱法により明らかとなった。TthCAP は、cAMP の存在下ではプロテアーゼ V8 に対する感受性が変化した。さらに、TthCAP は、22 bp から成る CAP 結合共通配列に、cAMP に依存して結合した。大腸菌ラクトースプロモーターの上流部分を鋳型として用いた結果、TthCAP は、cAMP に依存して、高度好熱菌由来 RNAP による転写活性を促進した。以上の結果、TthCAP は、ecoCAP と同様の転写因子であることが強く示唆された。

バクテリオファージ T7 由来の RNA ポリメラーゼ (T7 RNAP) は、細菌や真核生物由来の RNA ポリメラーゼと同様のプロセスを経て RNA 合成を行う。我々は、RNAP の基質 (リボヌクレオチド) 選択性のメカニズムを知るために、T7 RNAP に、DNA-RNA ハイブリッドおよび開始ヌクレオチドアナログ; α -メチレン ATP (AMPcPP) を結合させた伸長複合体の結晶を作製し、3 Å の分解能で立体構造を解析した。その結果、AMPcPP は、DNA:RNA ハイブリッド分子上の DNA 鎖の相補ヌクレオチドと塩基対を形成し、さらに、T7RNA ポリメラーゼ分子上の Y ヘリックスと呼ばれる部分に結合していた。興味深いことに、本複合体中の T7RNA ポリメラーゼ分子は、非活性型である“開いた”構造であった。さらに、Tyr639 残基はリボースとデオキシリボースの選別に関与していることが示唆された。すなわち、T7RNA ポリメラーゼは、活性型である“閉じた”構造へ変化する前に、Y ヘリックス; “プレセレクト

ションサイト”で正しいヌクレオチドを識別していると考えられる。一方、T7RNAポリメラーゼと立体構造上類似しているDNAポリメラーゼIの場合は、活性型である“閉じた”構造に変化した際に正しいヌクレオチド（この場合はデオキシリボヌクレオチド）が識別されるので、T7RNAポリメラーゼによるRNA合成のメカニズムと異なる。T7RNAポリメラーゼ上の“プレセクションサイト”に相当すると考えられる部分がマルチサブユニット型RNAポリメラーゼにも見つかったので、今回の発見は、生物種を超えた普遍的な転写反応の原子レベルでの理解につながると考えられる。

アミノアシル tRNA 合成酵素 (aaRS) は、tRNA の 3'-CCA 末端にアミノ酸を結合させる反応（アミノアシル化反応）を触媒する酵素群で、遺伝暗号の翻訳にとって不可欠である。aaRS は、適切な tRNA とアミノ酸のペアだけを高い精度で選別し、アミノアシル tRNA を合成する。aaRS の厳密な基質認識機構や反応機構の研究は、正確な遺伝暗号翻訳のメカニズムを理解するうえで不可欠であるばかりでなく、生物工学的な応用や抗生物質の創製にとっても重要である。昨年度に引き続き、我々は、グルタミル tRNA 合成酵素 (GluRS) についてさまざまな基質やリガンド存在下で結晶を作成し、それらの結晶構造を解析した。GluRS:Glu 複合体と GluRS:tRNA^{Glu}:Glu 複合体の構造を比較したところ、アミノ酸の酵素への結合様式は、tRNA の有無によって本質的に異なることが明らかになった。これは、tRNA の 3' 末端の残基 (A76) がアミノ酸結合ポケットの一部を形成しており、アミノ酸の認識に直接関与しているからである。したがって、tRNA が GluRS に結合することによって初めて特異的なアミノ酸認識・結合が達成され、正確なアミノアシル化が可能になることが理解される。また、GluRS の強力な阻害剤の一種である Glu-AMS を結合した複合体の構造解析にも成功し、立体構造に基づいて阻害剤の作用機序を明らかにした。

翻訳伸長因子 EF-P は、リボソームのペプチジル転移反応を活性化するタンパク質として知られているが、その機能や作用機序の詳細は知られていない。我々は、高度好熱菌由来 EF-P の結晶解析を行い、その立体構造を明らかにした。EF-P は β シートのみからなるタンパク質で、3 つのドメインで構成されている。EF-P はほぼ 90° の折れ曲がりを持つ L 字形の分子であり、かたちや大きさの点で tRNA と類似している。EF-P と tRNA との構造の類似性から、EF-P 分子が tRNA を模倣してリボソームに直接作用する因子である可能性が示唆された。

2. 高圧 NMR を用いたタンパク質の励起構造の解析と凝集・分解に関する研究 (赤坂^{*4}, 鎌足^{*5}, 北原^{*5}, 横山)

タンパク質の構造は、その基底構造（いわゆる天然構造）から準安定構造や変性構造などの多様な構造との熱力学的平衡状態にある。一般的に天然構造以外の構造（励起構造）はその存在割合が低く、通常生理的条件下では分光学的に検出することが困難である。圧力は、分子体積を軸に、もともと存在するタンパク質の多様構造間の平衡を部分モル体積の小さな方へシフトさせる。加圧下で NMR 測定（高圧 NMR 法）を行うことにより、天然状態から逸脱した励起構造の原子レベルでの研究が可能となった。本年度は、タ

ンパク質の励起構造の解析、凝集・分解について研究を進めた。

α -synuclein: パーキンソン病の病理学的な特徴とされているレビー小体 (LB, タンパク質封入体) の主構成成分である α -synuclein (A53 T) のアミロイド線維形成の初期過程を far-UVCD, NMR を用い調べた。このタンパク質は、低温 (5°C) ではほぼ完全な変性構造をとるが、温度上昇 (~40°C) に従い二次構造含量の増加、N 末ドメインと NAC ドメインにおける疎水クラスターの形成を示す結果を得た。さらに長時間のインキュベーション (37°C) により不可逆的なアミロイド線維の形成が確認された。これらの結果より、 α -synuclein のアミロイド形成は、まず N 末ドメインと NAC ドメインによる疎水クラスターの形成が起こり、長い時間スケールで分子間凝集が進みアミロイド線維が形成されるという経路で進行することが明らかになった。

Ubiquitin: 細胞内でポリユビキチンを形成したタンパク質分解の信号となるユビキチンは基底構造（天然構造）N₁, 準安定構造 N₂, 局所変性構造 I, 完全変性構造 U の少なくとも 4 つの構造間の平衡状態にあることを明らかにした。静水圧 3,000 気圧下で N₁ 構造, N₂ 構造を選択的に安定化し、¹H - ¹H NOE 情報に基づく座標解析, スピン緩和測定に基づく運動性の解析を行った (PDB: 1V80 (30 bar), 1V81 (3 kbar))。N₂ 構造の特徴は、活性部位を含むタンパク質の C 末端側で構造変化が起きている点で、それらは酵素との相互作用部位と一致している。また運動性の解析から、10~30 μ s の時間スケールで N₁-N₂ の 2 つのフォールド構造内を構造変化していることが明らかになった。これらの結果は、N₁-N₂ 構造転移が、活性部位周辺に構造変化を生み出し、関連酵素との相互作用を促進することを示唆している。

広い圧力・温度での NMR 測定により、その機能発現や異常構造への転移に直接関係していると考えられる励起構造の存在が明らかにされ、原子レベルでの構造解析が可能となった。またユビキチンにおいては静水圧 3,000 気圧下での原子座標の決定に成功し、その励起状態の立体構造が明らかになった。これは静水圧下で初めてのタンパク質の構造決定例となった。通常生理条件下では、それら励起構造は分布率が低いが、様々な分子間相互作用やアミノ酸変異により構造間の分布バランスが変わり、機能が効率的に発揮されたり、異常構造への転移が引き起こされたりすると考えられる。これまでに高圧 NMR 法により複数のタンパク質において同様な励起構造の存在が明らかにされており、この考えは全てのタンパク質の機能発現、異常構造への転移機構の解釈に適用できるものと考えられる。

^{*1} 協力研究員, ^{*2} 共同研究員, ^{*3} 研修生, ^{*4} 客員主管研究員, ^{*5} 基礎科学特別研究員

1. Structural and functional studies of biological macromolecules involved in transcription and translation

In all organisms, important cellular processes as cell growth and proliferation, response to the environmental stress, etc. are controlled to a large extent at transcriptional level. DNA-dependent RNA polymerase (RNAP) is a key enzyme in transcription and a final target for

many regulatory pathways that control gene expression. RNAPs can be divided into two classes: multi-subunit (bacteria, eukaryotes) and single-subunit (some phages, mitochondria) enzymes. We have been interested in structural studies of the enzymes from both classes, as they carry the transcription cycle in an identical manner, and thus, the obtained results would contribute to understanding of the general principles of transcription. Transcription cycle could be divided into three steps: initiation, elongation and termination. Among these, initiation and its transition to a stable elongation is the first and most complicated step, which is poorly understood in view of absence of the detailed structural information. Therefore, our structural studies of transcription have been primarily focused on this important stage of transcription cycle.

Guanosine-tetraphosphate (ppGpp) is a major regulator of stringent control, an adaptive response of bacteria to amino acid starvation. The 2.7 Å resolution structure of the *Thermus thermophilus* RNA polymerase (RNAP) holoenzyme in complex with ppGpp reveals that ppGpp binds to the same site near the active center in both independent RNAP molecules in the crystal, but in strikingly distinct orientations. Binding is symmetrical with respect to the two di-phosphates of ppGpp, and is relaxed with respect to the orientation of the nucleotide base. Different modes of ppGpp binding are coupled with asymmetry of the active site configurations. The results suggest that base pairing of ppGpp with cytosines in the non-template DNA strand might be an essential component of transcription control by ppGpp. We present experimental evidence highlighting the importance of base-specific contacts between ppGpp and specific cytosine residues during both transcription initiation and elongation.

DNA binding proteins called transcription factor regulate transcription. We have analyzed the function of a novel transcription factor-like protein from *Thermus thermophilus* HB8, which shows 20-30% homology to the catabolite gene activator protein from *E. coli* (ecoCAP). The novel protein; tthCAP was a dimer molecule as ecoCAP is. Protease sensitivity of tthCAP changed in the presence of cAMP, furthermore, tthCAP bound to consensus DNA sequence against ecoCAP in cAMP dependent manner. In the presence of cAMP, tthCAP enhanced the transcription reaction of Tth RNAP using upstream region of *E. coli* lactose operon including the CAP binding site and promoter as a template.

The mechanism by which nucleotide polymerases select the correct substrate is of fundamental importance to the fidelity of DNA replication and transcription. During the nucleotide addition cycle pol I DNA polymerases undergo the transition from a catalytically inactive "open" to an active "closed" conformation. All known determinants of substrate selection are associated with the "closed" state. To elucidate if this mechanism is conserved in homologous single-subunit RNAPs, we have determined the structure of T7 RNAP elongation complex with the incoming substrate analog. Surprisingly, the substrate specifically binds to RNAP in the "open" conformation, where it is base paired with the acceptor template base, while Tyr639 provides discrimination of ribose vs deoxyribose substrates. The structure therefore suggests a novel mechanism, in which the substrate selection occurs prior to the isomerization to the catalytically active conformation. Modeling of multisubunit RNAPs suggests that this mechanism might be universal for all RNAPs.

Aminocyl-tRNA synthetases (aaRSs) catalyze aminoacylation of their cognate tRNA molecules with cognate

amino acids with high specificity, and thereby primarily maintain the fidelity of genetic code translation. Each aaRS is indispensable for cell viability, and therefore this class of the enzymes is an attractive target for drug design. We determined crystal structures of glutamyl-tRNA synthetase (GluRS) from *Thermus thermophilus* in complex with various substrates and/or ligands. A comparison of the enzyme catalytic-site structures between GluRS:Glu and GluRS:tRNA^{Glu}:Glu complexes indicated that the manner of Glu binding by GluRS differs in a tRNA-dependent manner. This is because the 3' terminus of the tRNA (A76) is directly involved in the Glu binding to achieve strict amino-acid recognition and correct aminoacylation. We also determined the structure of the GluRS in complex with tRNA and a strong GluRS inhibitor, GluAMS, to elucidate the structural basis of its action.

Translation elongation factor P (EF-P) is a protein that stimulates the activity of peptidyltransferase on 70S ribosome. We determined a crystal structure of EF-P from *Thermus thermophilus* HB8 at 1.65 Å. The structure consists of three domains, and all of these domains are composed of several β strands. Unexpectedly, the overall structure is similar to the L-shaped structure of tRNA, implying that EF-P functions where tRNA function on the ribosome.

2. High pressure NMR study of conformational transitions of proteins

Unlike in crystals, protein in solution is a thermodynamic entity existing as a mixture of conformers from folded to unfolded within several kcal/mol. Understanding mechanisms of protein function and conformational changes require the knowledge not only of the lowest energy "native" conformer but also of the higher energy conformers. We have presented the variable pressure NMR technique, that is capable of detecting and analyzing structures of the higher energy conformers. Because the conformational order of a globular protein normally decreases in parallel with its partial molar volume, pressure can shift the population distribution to a less ordered conformer with increasing pressure. This year, we have investigated aggregation of α -synuclein, which is a cause of Parkinson's disease and the structure of the higher energy conformer of ubiquitin controlling proteolysis of damaged proteins.

Temperature dependent conformational changes of recombinant human α -synuclein(A53T) were studied using far-UV CD and ¹⁵N/¹H NMR spectroscopies. This study showed that the initial step of aggregation of α -synuclein is the formation of hydrophobic cluster by the N-terminal helical and the NAC regions of the polypeptide chain, which leads to intermolecular association and then amyloid formation of the protein.

Ubiquitin structures were determined at 30 bar and 3 kbar, based on the NOE distance and torsion angle constraints, giving "NMR snap shots" of a fluctuating protein structure in solution. The result reveals that the conformational changes take place mostly around interaction-sites with target enzymes, which would provide open surface for enzyme binding. Spin relaxation analysis indicated the frequency range of the conformational fluctuation to be 10 microsecond.

The presence of higher energy conformers has been revealed in several other proteins as well by the variable pressure NMR technique. The presence of the higher energy conformers is likely to be directly related to protein function or in certain cases to be responsible for aggregation.

Research Subjects and Members of Cellular Signaling Laboratory

1. Structural and functional studies of biological macromolecules involved in transcription and translation
2. Protein structures and dynamics using high pressure NMR spectroscopy

Head

Dr. Shigeyuki YOKOYAMA

Members

Dr. Dmitry VASSYLYEV
Dr. Akeo SHINKAI
Dr. Shun-ichi SEKINE
Dr. Atsushi SHIMADA
Dr. Yuji KAMATARI^{*1}
Dr. Ryo KITAHARA^{*1}
Dr. Kayo MAEDA^{*2}
Dr. Anna PEREDERINA^{*2}
Ms. Mika SHICHIRI^{*2}

^{*1} Special Postdoctoral Researcher

^{*2} Contract Researcher

in collaboration with

Dr. Tahir H. TAHIROV (Protein Crystal Structure Team2, Hightthroughput Factory)
Dr. Takehiko SHIBATA (Cellular & Molecular Biology Lab.)
Dr. Shukuko IKAWA (Cellular & Molecular Biology Lab.)

Visiting Members

Dr. Kazuyuki AKASAKA (Fac. Biol. Sci. Tech., Kinki Univ.)
Dr. Michael ANIKIN (State Univ. New York, USA)
Dr. Vsevolod PATLAN (Togliatti Polytechnic Inst., Russia)
Dr. Dmitry TEMIAKOV (State Univ. New York, USA)

Trainees

Mr. Tomoya TSUKAZAKI (Fac. 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

Kim J. H., Saito K., and Yokoyama S.: "Chimeric receptor analyses of the interactions of the ectodomains of ErbB-1 with epidermal growth factor and of those of ErbB-4 with neuregulin", *Eur. J. Biochem.* **269**, 2323–2329 (2002). *

Hori H., Suzuki T., Sugawara K., Inoue Y., Shibata T., Kuramitsu S., Yokoyama S., Oshima T., and Watanabe

K.: "Identification and characterization of tRNA(Gm18) methyltransferase from *Thermus thermophilus* HB8: domain structure and conserved amino acid sequence motifs", *Genes Cells* **7**, 259–272 (2002). *

Kitabatake M., Ali K., Demain A., Sakamoto K., Yokoyama S., and Soll D.: "Indolmycin resistance of *Streptomyces coelicolor* A3(2) by induced expression of one of its two tryptophanyl-tRNA synthetases", *J. Biol. Chem.* **277**, 23882–23887 (2002). *

Akanuma S., Kigawa T., and Yokoyama S.: "Combinatorial mutagenesis to restrict amino acid usage in an enzyme to a reduced set", *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **99**, 13549–13553 (2002). *

Temiaikov D., Tahirov T. H., Anikin M., MacAllister W. T., Vassilyev D. G., and Yokoyama S.: "Crystallization and preliminary crystallographic analysis of T7 RNA polymerase elongation complex", *Acta Cryst. D* **59**, 185–187 (2003). *

Kaminishi T., Sakai H., Hori-Takemoto C., Terada T., Nakagawa N., Maoka N., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "Crystallization and preliminary X-ray diffraction analysis of ribosomal protein L11 methyltransferase from *Thermus thermophilus* HB8", *Acta Cryst. D* **59**, 930–932 (2003). *

Wada T., Shirouzu M., Terada T., Ishizuka Y., Matsuda T., Kigawa T., Kuramitsu S., Park S., Tame J. R., and Yokoyama S.: "Structure of a conserved CoA-binding protein synthesized by a cell-free system", *Acta Cryst. D* **59**, 1213–1218 (2003). *

Vassilyeva M. N., Sakai H., Matsuura T., Sekine S., Nishiyama M., Terada T., Shirouzu M., Kuramitsu S., Vassilyev D. G., and Yokoyama S.: "Cloning, expression, purification, crystallization and initial crystallographic analysis of the lysine biosynthesis LysX protein from *Thermus thermophilus* HB8", *Acta Cryst. D* **59**, 1651–1652 (2003). *

Lokanath N. K., Shiromizu I., Nodake Y., Sugahara M., Yokoyama S., Kuramitsu S., Miyano M., and Kunishima N.: "Crystallization and preliminary X-ray crystallographic studies of NADP-dependent 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase from *Thermus thermophilus* HB8", *Acta Cryst. D* **59**, 2294–2296 (2003). *

Kobayashi A., Kokubo T., Ota Y., and Yokoyama S.: "Promoter-specific function of the TATA element in undifferentiated P19 cells", *Biochem. Biophys. Res. Commun.* **310**, 458–463 (2003). *

Mitsui T., Kimoto M., Sato A., Yokoyama S., and Hirao I.: "An unnatural hydrophobic base, 4-propynylpyrrole-2-carbaldehyde, as an efficient pairing partner of 9-methylimidazo[(4,5)-b]pyridine", *Bioorg. Med. Chem. Lett.* **13**, 4515–4518 (2003). *

Ishitani R., Nureki O., Nameki N., Okada N., Nishimura S., and Yokoyama S.: "Alternative tertiary structure of tRNA for recognition by a posttranscriptional modifica-

- tion enzyme", *Cell* **113**, 383–394 (2003). *
- Okabe M., Tomita K., Ishitani R., Ishii R., Takeuchi N., Arisaka F., Nureki O., and Yokoyama S.: "Divergent evolutions of trinucleotide polymerization revealed by an archaeal CCA-adding enzyme structure", *EMBO J.* **22**, 5918–5927 (2003). *
- Sakata E., Yamaguchi Y., Kurimoto E., Kikuchi J., Yokoyama S., Yamada S., Kawahara H., Yokosawa H., Hattori N., Mizuno Y., Tanaka K., and Kato K.: "Parkin binds the Rpn10 subunit of 26S proteasomes through its ubiquitin-like domain", *EMBO Rep.* **4**, 301–306 (2003).
- Ito N., Nureki O., Shirouzu M., Yokoyama S., and Hanaoka F.: "Crystal structure of the *Pyrococcus horikoshii* DNA primase-UTP complex: implications for the mechanism of primer synthesis", *Genes Cells* **8**, 913–923 (2003). *
- Mitsui T., Kitamura A., Kimoto M., To T., Sato A., Hirao I., and Yokoyama S.: "An unnatural hydrophobic base pair with shape complementarity between pyrrole-2-carbaldehyde and 9-methylimidazo[(4,5)-b]pyridine", *J. Am. Chem. Soc.* **125**, 5298–5307 (2003). *
- Wada T., Kuzuyama T., Sato S., Kuramitsu S., Yokoyama S., Unzai S., Tame J. R., and Park S.: "Crystal structure of 4-(cytidine 5'-diphospho)-2-C-methyl-D-erythritol kinase, an enzyme in the non-mevalonate pathway of isoprenoid synthesis", *J. Biol. Chem.* **278**, 30022–30027 (2003). *
- Ishitani R., Nureki O., and Yokoyama S.: "Crystal structure of the tRNA processing enzyme RNase PH from *Aquifex aeolicus*", *J. Biol. Chem.* **278**, 32397–32404 (2003). *
- Sato K., Tokmakov A. A., He C., Kurokawa M., Iwasaki T., Shirouzu M., Fissore R. A., Yokoyama S., and Fukami Y.: "Reconstitution of Src-dependent phospholipase C γ phosphorylation and transient calcium release by using membrane rafts and cell-free extracts from *Xenopus* eggs", *J. Biol. Chem.* **278**, 38413–38420 (2003). *
- Tawaramoto M. S., Park S., Tanaka Y., Nureki O., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: "Crystal structure of the human centromere protein B(CENP-B) dimerization domain at 1.65-Å resolution", *J. Biol. Chem.* **278**, 51454–51461 (2003). *
- Kato M., Shirouzu M., Terada T., Yamaguchi H., Murayama K., Sakai H., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: "Crystal structure of the 2'-5' RNA ligase from *Thermus thermophilus* HB8", *J. Mol. Biol.* **329**, 903–911 (2003). *
- Sakai H., Vassilyeva M. N., Matsuura T., Sekine S., Gotoh K., Nishiyama M., Terada T., Shirouzu M., Kuramitsu S., Vassilyev D. G., and Yokoyama S.: "Crystal structure of a lysine biosynthesis enzyme, LysX, from *Thermus thermophilus* HB8", *J. Mol. Biol.* **332**, 729–740 (2003). *
- Hoseki J., Okamoto A., Masui R., Shibata T., Inoue Y., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: "Crystal structure of a family 4 uracil-DNA glycosylase from *Thermus thermophilus* HB8", *J. Mol. Biol.* **333**, 515–526 (2003). *
- Tanaka T., Kuroda Y., and Yokoyama S.: "Characteristics and prediction of domain linker sequences in multi-domain proteins", *J. Struct. Funct. Genom.* **4**, 79–85 (2003). *
- Sasaki H., Fukuzawa S., Kikuchi J., Yokoyama S., Hirota H., and Tachibana K.: "Cholesterol doping induced enhanced stability of bicelles", *Langmuir* **19**, 9841–9844 (2003). *
- Polcarpo C., Ambrogelly A., Ruan B., Tubula-Hansen D., Ataide S. F., Ishitani R., Yokoyama S., Nureki O., Ibba M., and Soll D.: "Activation of the pyrrolysine suppressor tRNA requires formation of a ternary complex with class I and class II Lysyl-tRNA synthetases", *Mol. Cell* **12**, 287–294 (2003). *
- Kobayashi T., Nureki O., Ishitani R., Yaremchuk A., Tukalo M., Cusack S., Sakamoto K., and Yokoyama S.: "Structural basis for orthogonal tRNA specificities of tyrosyl-tRNA synthetases for genetic code expansion", *Nat. Struct. Biol.* **10**, 425–432 (2003). *
- Kurumizaka H., Enomoto R., Nakada M., Eda K., Yokoyama S., and Shibata T.: "Region and amino acid residues required for Rad51C binding in the human Xrcc3 protein", *Nucleic Acids Res.* **31**, 4041–4050 (2003). *
- Takai K. and Yokoyama S.: "Roles of 5-substituents of tRNA wobble uridines in the recognition of purine-ending codons", *Nucleic Acids Res.* **31**, 6383–6391 (2003). *
- Seto A., Shirouzu M., Terada T., Murayama K., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: "Crystal structure of a hypothetical protein, TT1725, from *Thermus thermophilus* HB8 at 1.7Å resolution", *Proteins: Struct., Funct., Genet.* **53**, 768–771 (2003). *
- Handa N., Terada T., Kamewari Y., Hamana H., Tame J. R., Park S. Y., Kinoshita K., Ota M., Nakamura H., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "Crystal structure of the conserved protein TT1542 from *Thermus thermophilus* HB8", *Protein Sci.* **12**, 1621–1632 (2003). *
- Takahashi H., Inagaki E., Fujimoto Y., Kuroishi C., Nodake Y., Nakamura Y., Arisaka F., Yutani K., Kuramitsu S., Yokoyama S., Yamamoto M., Miyano M., and Tahirov T. H.: "Structure and implications for the thermal stability of phosphopantetheine adenylyltransferase from *Thermus thermophilus*", *Acta Cryst. D* **60**, 97–104 (2004). *
- Sengoku T., Nureki O., Dohmae N., Nakamura A., and Yokoyama S.: "Crystallization and preliminary X-ray analysis of the helicase domains of Vasa complexed with RNA and an ATP analogue", *Acta Cryst. D* **60**, 320–322 (2004). *
- Temiaikov D., Patlan V., Anikin M., McAllister W. T., Yokoyama S., and Vassilyev D. G.: "Structural basis

- for substrate selection by T7 RNA polymerase”, *Cell* **116**, 381–391 (2004). *
- Kimoto M., Endo M., Mitsui T., Okuni T., Hirao I., and Yokoyama S.: “Site-specific incorporation of a photo-crosslinking component into RNA by T7 transcription mediated by unnatural base pairs”, *Chem. Biol.* **11**, 47–55 (2004). *
- Chumpolkulwong N., Hori-Takemoto C., Hosaka T., Inaoka T., Kigawa T., Shirouzu M., Ochi K., and Yokoyama S.: “Effects of *Escherichia coli* ribosomal protein S12 mutations on cell-free protein synthesis”, *Eur. J. Biochem.* **271**, 1127–1134 (2004). *
- Takemoto A., Kimura K., Yokoyama S., and Hanaoka F.: “Cell cycle-dependent phosphorylation, nuclear localization, and activation of human condensin”, *J. Biol. Chem.* **279**, 4551–4559 (2004). *
- Fukunaga R., Fukai S., Ishitani R., Nureki O., and Yokoyama S.: “Crystal structures of the CP1 domain from *Thermus thermophilus* isoleucyl-tRNA synthetase and its complex with L-valine”, *J. Biol. Chem.* **279**, 8396–8402 (2004). *
- Maeda T., Inoue M., Koshiha S., Yabuki T., Aoki M., Nunokawa E., Seki E., Matsuda T., Motoda Y., Kobayashi A., Hiroyasu F., Shirouzu M., Terada T., Hayami N., Ishizuka Y., Shinya-Nomura N., Tatsuguchi A., Yoshida M., Hirota H., Matsuo Y., Tani K., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Solution structure of the SEA domain from the murine homologue of ovarian cancer antigen CA125 (MUC16)”, *J. Biol. Chem.* **279**, 13174–13182 (2004). *
- Lopez-Mendez B., Pantoja-Uceda D., Tomizawa T., Koshiha S., Kigawa T., Shirouzu M., Terada T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A., Osanai T., Seki M., Shinozaki K., Yokoyama S., and Guentert P.: “Letter to the editor: NMR assignment of the hypothetical ENTH-VHS domain At3g16270 from *Arabidopsis thaliana*”, *J. Biomol. NMR* **29**, 205–206 (2004). *
- Pantoja-Uceda D., Lopez-Mendez B., Koshiha S., Kigawa T., Shirouzu M., Terada T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A., Osanai T., Seki M., Shinozaki K., Yokoyama S., and Guentert P.: “Letter to the editor: NMR assignment of the hypothetical rhodanese domain At4g01050 from *Arabidopsis thaliana*”, *J. Biomol. NMR* **29**, 207–208 (2004). *
- Shinbo I., Nakajima R., Yokoyama S., and Sumikura K.: “Patent protection for protein structure analysis”, *Nat. Biotechnol.* **22**, 109–112 (2004). *
- Kise Y., Lee S., Park S., Fukai S., Sengoku T., Ishii R., Yokoyama S., Kim S., and Nureki O.: “A short peptide insertion crucial for angiostatic activity of human tryptophanyl-tRNA synthetase”, *Nat. Struct. & Mol. Biol.* **11**, 149–156 (2004). *
- Fujikawa N., Kurumizaka H., Nureki O., Tanaka Y., Yamazoe M., Hiraga S., and Yokoyama S.: “Structural and biochemical analyses of hemimethylated DNA binding by the SeqA protein”, *Nucleic Acids Res.* **32**, 82–92 (2004). *
- Kasai T., Inoue M., Koshiha S., Yabuki T., Aoki M., Nunokawa E., Seki E., Matsuda T., Matsuda N., Tomo Y., Shirouzu M., Terada T., Obayashi N., Hamana H., Shinya-Nomura N., Tatsuguchi A., Yasuda S., Yoshida M., Hirota H., Matsuo Y., Tani K., Suzuki H., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Solution structure of a BolA-like protein from *Mus musculus*”, *Protein Sci.* **13**, 545–548 (2004). *
- (総説)
- Burgess A. W., Cho H., Eigenbrot C., Ferguson K. M., Garrett T. P., Leahy D. J., Lemmon M. A., Sliwkowski M. X., Ward C. W., and Yokoyama S.: “An open-and-shut case? Recent insights into the activation of EGF/ErbB receptors”, *Mol. Cell* **12**, 541–552 (2003).
- 坂本健作, 横山茂之: “人工遺伝暗号システムを利用した機能性タンパク質の作製”, *Drug Delivery Syst.* **18**, 502–510 (2003).
- 小林隆嗣, 横山茂之: “新種タンパク質を作る鍵となる酵素と X 線結晶構造解析”, *SPring-8 利用者情報* **8**, 354–358 (2003).
- 石谷隆一郎, 横山茂之: “tRNA 修飾酵素による構造変化した tRNA の認識機構”, *SPring-8 利用者情報* **8**, 413–415 (2003).
- 石谷隆一郎, 濡木理, 横山茂之: “転写後修飾酵素による認識のための tRNA の新たな構造”, *実験医学* **21**, 1657–1660 (2003).
- 平尾一郎, 横山茂之: “新規遺伝子の人工創製”, *蛋白質 核酸 酵素* **48**, 1496–1502 (2003).
- 林文晶, 横山茂之: “ハイスループット蛋白構造解析 1. ハイスループット NMR 構造解析”, *Med. Sci. Dig.* **30**, 124–126 (2004).
- (その他)
- Tahirov T. H., Inagaki E., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Miyano M.: “Crystal structure of purine nucleoside phosphorylase from *Thermus Thermophilus*”, *J. Biomol. Struct. Dyn.* **20**, 854 (2003).
- 横山茂之: “「タンパク 3000 プロジェクト」出足快調。企業との共同研究もスタート”, *Sci. Technol. J.*, No. 10, pp. 26–27 (2003).
- [単行本・Proc.]**
- (総説)
- 胡桃坂仁志, 横山茂之: “構造ゲノム科学”, *ゲノム創薬: 合理的創薬からテーラーメイド医療実現へ (化学フロンティア 12)*, 田沼靖一 (編), 化学同人, 京都, pp. 29–38 (2003).

口頭発表 Oral Presentations

(国際会議等)

Yokoyama S.: “EGF/EGFR 621 complex”, *EGFR Meet.*, (Ludwig Institute for Cancer Research), Lorne, Aus-

- tralia, Mar. (2003).
- Kigawa T. and Yokoyama S.: "Cell-free protein production for structural proteomics", NIGMS Protein Structure Initiative: Protein Production and Crystallization Workshop, Bethesda, USA, Apr. (2003).
- Kigawa T. and Yokoyama S.: "Cell-free protein synthesis for structural proteomics", Ehime University Int. Symp. Commemorating the Opening of Cell-Free Science and Technology Research Center, Matsuyama, May (2003).
- Kigawa T. and Yokoyama S.: "Cell free protein synthesis and structural/functional proteomics", Int. Congr. on Protein Expression & Protein Function, Berlin, Germany, May (2003).
- Tahirov T. H., Temiakov D., Anikin M., Patlan V., McAllister W. T., Vassilyev D. G., and Yokoyama S.: "Structure of a T7 RNA polymerase elongation complex at 2.9Å resolution", 2003 FASEB Summer Research Conf. on Mechanism and Regulation of Prokaryotic Transcription, Saxtons River, USA, June (2003).
- Kurumizaka H., Tanaka Y., Tawaramoto M. S., and Yokoyama S.: "Biochemical and structural analyses of the human centromere-specific nucleosome", Alan Wolfe EMBO Workshop: Chromatin and Epigenetics, Heidelberg, Germany, June (2003).
- Tahirov T. H., Inagaki E., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Miyano M.: "Crystal structure of purine nucleoside phosphorylase from *Thermus thermophilus*", Albany 2003: The 13th Conversation, Albany, USA, June (2003).
- Watanabe S. and Yokoyama S.: "Cell-free protein synthesis and structural/functional proteomics", 2nd BioXAS Study Weekend: Genomics and BioXAS, (LCBB (Orsay) and others), Orsay, France, June (2003).
- Kamatari Y., Kitahara R., Yamada H., Yokoyama S., and Akasaka K.: "High pressure NMR spectroscopy and its application for characterizing non-native conformers of proteins", 16th Int. Meet. of NMR Spectroscopy, (The Royal Society of Chemistry), Cambridge, UK, June-July (2003).
- Hori-Takemoto C., Hosaka T., Inaoka T., Terada T., Kigawa T., Shirouzu M., Ochi K., and Yokoyama S.: "Introduction of a ribosomal protein gene resulting in an efficient cell-free translation system of *Escherichia coli*", 11th European Congr. on Biotechnology (ECB11), Basel, Switzerland, Aug. (2003).
- Sato S., Kikuchi J., Maeda H., and Yokoyama S.: "Large scale solubilization and purification of membrane-bound supramacromolecular complexes from *Rb. sphaeroides* for high-resolution NMR studies", 11th Int. Symp. on Phototrophic Prokaryotes (ISPP2003 Tokyo), (The Japanese Association for Photosynthesis Research), Tokyo, Aug. (2003).
- Yokoyama S. and Kigawa T.: "Cell free protein synthesis and structural/functional proteomics", Int. Crystallography Meet. (Broome2003): Joint Conf. of the AsCa'03/Crystal-23, Biological Structure Workshop, and Sagamore 14, Broome, Australia, Aug. (2003).
- Vassilyev D. G., Tahirov T. H., Temiakov D., Anikin M., Patlan V., McAllister W. T., and Yokoyama S.: "Structure of T7 RNA polymerase elongation complex AT2.9 resolution", Int. Crystallography Meet. (Broome2003): Joint Conf. of the AsCa'03/Crystal-23, Biological Structure Workshop, and Sagamore 14, Broome, Australia, Aug. (2003).
- Pantoja-Uceda D., Lopez-Mendez B., Koshiha S., Kigawa T., Shirouzu M., Terada T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A., Osanai T., Seki M., Shinozaki K., Yokoyama S., and Guentert P.: "NMR structure calculation of the hypothetical rhodanase domain At4g01050 from *Arabidopsis thaliana* using CYANA", EMBO Practical Course 2003: Structure Determination of Biological Macromolecules by Solution NMR, Heidelberg, Germany, Sept. (2003).
- Yokoyama S.: "RIKEN Structural Genomics/Proteomics Initiative", EuroConf. on Structural Genomics: From Gene to Structure as Viewed by NMR, (European Science Foundation), Obernai, France, Sept. (2003).
- Hirota H. and Yokoyama S.: "NMR of proteins", 18th Int. Conf. on Magnet Technology (MT-18), (National Institute for Materials Science and Iwate Prefecture), Morioka, Oct. (2003).
- Kiyoshi T., Maeda H., Kikuchi J., Ito Y., Hirota H., Yokoyama S., Ito S., Miki T., Hamada M., Ozaki O., Hayashi S., Kurihara N., Suematsu H., Yoshikawa M., Matsumoto S., Sato A., and Wada H.: "Present status of 920 MHz high-resolution NMR spectrometers", 18th Int. Conf. on Magnet Technology (MT-18), (National Institute for Materials Science and Iwate Prefecture), Morioka, Oct. (2003).
- Tokmakov A. A., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "Cell-free expression of Src kinase in *Xenopus* oocyte and egg extracts", HUPO 2nd Ann. & 19th Int. Union of Biochemistry and Molecular Biology World Congr., Montreal, Canada, Oct. (2003).
- Tahirov T. H., Inagaki E., Ukita Y., Kobayashi M., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Miyano M.: "Crystal structure of purine nucleoside phosphorylase from *Thermus thermophilus*", Int. Symp. on New Horizons in Molecular Science and Systems: An Integrated Approach, (Cabinet Office, The Government of Japan), Nago, Oct. (2003).
- Suenaga A., Hatakeyama M., Ichikawa M., Yu X., Futatsugi N., Narumi T., Fukui K., Terada T., Taiji M., Shirouzu M., Yokoyama S., and Konagaya A.: "Molecular dynamics, free energy, and SPR analyses of the interactions between the SH2 domain of Grb2 and ErbB phosphotyrosyl peptides", Int. Symp. on New Horizons in Molecular Science and Systems: An Integrated Approach, (Cabinet Office, The Government of Japan),

- Nago, Oct. (2003).
- Yokoyama S.: “Deep knot structure for cofactor binding and active-site formation in tRNA modification enzyme”, 20th tRNA Workshop 2003, (Deutsche Forschungsgemeinschaft and others), Banz, Germany, Oct. (2003).
- Takai K. and Yokoyama S.: “Hypothesis: Regulation of N3 deprotonation by 5-amynomethyl substitution of tRNA wobble uridines”, 20th tRNA Workshop 2003, (Deutsche Forschungsgemeinschaft and others), Banz, Germany, Oct. (2003).
- Sekine S., Nureki O., Dubois D. Y., Barnier S., Chenevert R., Lapointe J., Vassylyev D. G., and Yokoyama S.: “Structural basis for the tRNA-dependent amino-acid activation by glutamyl-tRNA synthetase”, 20th tRNA Workshop 2003, (Deutsche Forschungsgemeinschaft and others), Banz, Germany, Oct. (2003).
- Hori-Takemoto C., Shirouzu M., Terada T., Murayama K., Bessho Y., Sekine S., Kigawa T., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Structural and functional studies of bacterial proteins in RIKEN Structural Genomics/ Proteomics Initiative”, *Escherichia coli* Conf. Towards New Biology in the 21st Century, Awaji, Oct. (2003).
- Bessho Y., Shibata R., Sakai H., Murayama K., Sekine S., Kawazoe M., Hori-Takemoto C., Shirouzu M., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Crystal structure of the tRNA domain of *Thermus thermophilus* tmRNA”, RNA 2003 Kyoto on the New Frontier of RNA Science, (The RNA Society of Japan), Kyoto, Nov. (2003).
- Okano S., Nameki N., Someya T., Fujii M., Terada T., Shirouzu M., Himeno H., Muto A., Inoue Y., Shibata T., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Kawai G.: “Interaction of tRNA-like domain of tmRNA and SmpB”, RNA 2003 Kyoto on the New Frontier of RNA Science, (The RNA Society of Japan), Kyoto, Nov. (2003).
- Imataka H., Masutani M., Mikami S., Sonenberg N., and Yokoyama S.: “Reconstitution of eukaryotic multi-protein translation factors eIF2, eIF2B and eIF3”, RNA 2003 Kyoto on the New Frontier of RNA Science, (The RNA Society of Japan), Kyoto, Nov. (2003).
- Yokoyama S.: “Structural biology of RNA modification enzymes and helicase”, RNA 2003 Kyoto on the New Frontier of RNA Science, (The RNA Society of Japan), Kyoto, Nov. (2003).
- Yokoyama S.: “RIKEN Structural Genomics/Proteomics Initiative”, Workshop France-Japan on Structural Genomics, Tokyo, Nov. (2003).
- Yokoyama S.: “NMR studies on the structures of human, mouse, and arabidopsis functional domains”, CREST Int. Symp. and Institute IPR Seminar on Frontiers of Biological NMR Spectroscopy: In Memory of Late Prof. Kyougoku, Toyonaka, Jan. (2004).
- Kitahara R., Yokoyama S., and Akasaka K.: “Exploring the entire conformational space of proteins by variable-pressure NMR: Ubiquitin”, Gordon Research Conf. on Protein Folding Dynamics, Ventura, USA, Jan. (2004).
- Kitahara R., Yokoyama S., and Akasaka K.: “Exploring the entire conformational space of proteins by variable-pressure NMR: ubiquitin”, Keihanna Conf. on Molecular Biophysics (KCMB2004): Physical Aspects of Protein Folding and Function, Kyoto, Jan. (2004).
- Sharma M. R., Barat C., Wilson D., Kawazoe M., Hori-Takemoto C., Booth T. M., Yokoyama S., Fucini P., and Agrawal R. K.: “ERA protein binds in a functionally important region of the 30S ribosomal subunit”, 48th Ann. Meet. of Biophysical Soc., Baltimore, USA, Feb. (2004).
- Yokoyama S.: “RIKEN Structural Genomics/Proteomics Initiative (RSGI)”, “Whither Structural Genomics?” A Bilateral UK-Japan Symp., Oxford, UK, Mar. (2004). (国内会議)
- 横山茂之: “NMR によるタンパク質構造解析”, 第2回ミューオン科学検討会「 μ SR でなにが見えるか: 中性子, NMR との相補性を軸に», (中間子科学連絡会), つくば, 2月 (2003).
- 伊藤晋敏, 濡木理, 鎌田勝彦, 白水美香子, 横山茂之, 花岡文雄: “DNA プライマーゼの構造生物学的研究”, 第1回阪大・理研ワークショップ「遺伝情報の保持と発現の分子機構」, 御殿場, 5月 (2003).
- 赤沼哲史, 木川隆則, 横山茂之: “コンビナトリアルミュータジェネシスによる酵素中のアミノ酸組成の単純化”, 第3回日本蛋白質科学会年会, 札幌, 6月 (2003).
- 斉藤講平, 木川隆則, 小柴生造, 松尾洋, 白水美香子, 矢吹孝, 布川絵未, 関英子, 松田貴意, 青木雅昭, 井上真, 寺田貴帆, 小原收, 中山学, 田仲昭子, 横山茂之: “Structural similarity of CAP-Gly domain to SH3 domain”, 第3回日本蛋白質科学会年会, 札幌, 6月 (2003).
- 黒田裕, 福島径, 小柴生造, 木川隆則, 菊地淳, 横山茂之: “Apoptosis にかかわる DFF45/ICAD の新規ドメイン DFF-C (DFF45 DFF-C Chaperone-like activity) の発見とその構造解析について報告する”, 第3回日本蛋白質科学会年会, 札幌, 6月 (2003).
- 鈴木咲良, 畠中秀樹, 木川隆則, 寺田貴帆, 白水美香子, 関原明, 篠崎一雄, 横山茂之: “シロイナズナ由来仮想ステロイド結合蛋白質の立体構造”, 第3回日本蛋白質科学会年会, 札幌, 6月 (2003).
- 染谷龍彦, 行木信一, 細井晴子, 鈴木咲良, 畠中秀樹, 藤井倫子, 寺田貴帆, 白水美香子, 井上頼直, 柴田武彦, 倉光成紀, 横山茂之, 河合剛太: “高度好熱菌 tmRNA 結合タンパク質, SmpB, の立体構造”, 第3回日本蛋白質科学会年会, 札幌, 6月 (2003).
- 菊地淳, 前田秀明, 根本暢明, 木吉司, 和田仁, 横山茂之: “磁場強度依存的 NMR 情報の抽出—異方的構造情報の場合—”, 第3回日本蛋白質科学会年会, 札幌, 6月 (2003).
- 矢吹孝, 木川隆則, 井上真, 松田貴意, 青木雅昭, 元田容子, 松田夏子, 齋藤深雪, 藤倉由紀子, 布川絵未, 平川典子, 小林敦夫, 松尾洋, 林崎良英, Research P. G., 篠崎一雄, 関原明, 田仲昭子, 横山茂之: “無細胞タンパク質合成系を核としたハイスループットタンパク質構造解析”, 第3回日本蛋白質科学会年会, 札幌, 6月 (2003).

- 横山茂之: “理化学研究所構造プロテオミクス研究”, 第3回日本蛋白質科学会年会, 札幌, 6月(2003).
- 横山茂之, 菊地淳, 前田秀明: “溶液 NMR 法によるタンパク質の立体構造・機能の解析—タンパク 3000 プロジェクトを中心として—”, 日本化学会講演会「1GHz 級 NMR の化学研究利用の展望」, 東京, 6月(2003).
- 寺田貴帆, 横山茂之: “Protein 3000 プロジェクトとその展望”, 第4回ニッポンテクノクラスター・テクニカルセミナー「タンパク質結晶化とデータ処理の新しいアプローチ」, 東京, 7月(2003).
- Rehse P., 前川圭美, 溝口みか, 菅原眞由美, 倉光成紀, 横山茂之, 宮野雅司, Tahirov T. H.: “Crystal structure of the menG gene product from *Thermus thermophilus* HB8”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 稲垣栄二, 前川圭美, 黒石千寿, 倉光成紀, 横山茂之, 宮野雅司, Tahirov T. H.: “Crystal analysis of β -Ketoacyl-ACP synthase from *Thermus thermophilus*”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 稲垣栄二, 徳永由美, 都築千鶴, 松本隆, 倉光成紀, 横山茂之, 宮野雅司, Tahirov T. H.: “Crystal analysis of chorismate mutase from *Thermus thermophilus*”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 別所義隆, 柴田理恵, 酒井宏明, 村山和隆, 関根俊一, 堀-竹本千重, 白水美香子, 倉光成紀, 横山茂之: “Crystal basis for the tmRNA-SmpB tagging and ribosomal rescue system”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 白水美香子, 井高美紀, 加藤(村山)美幸, 新野睦子, 瀬戸あづさ, 村山和隆, 寺田貴帆, 倉光成紀, 横山茂之: “Crystal structures of the conserved hypothetical proteins from *Thermus thermophilus* HB8”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 中間崇, 濡木理, 倉光成紀, 横山茂之: “Crystal structure of cysteinyl-tRNA synthetase from *Thermus thermophilus* HB8”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- Lokanath N. K., 白水郁也, 野嶽勇一, 菅原光明, 横山茂之, 倉光成紀, 宮野雅司, 国島直樹: “Crystal structure of NADP-dependent 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase from *Thermus thermophilus* HB8”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- Bagautdinov B., 松永笑子, 菅原眞由美, 花村徹, 倉光成紀, 横山茂之, 宮野雅司, Tahirov T. H.: “Crystal structure of pantothenate synthetase from *Thermus thermophilus* HB8”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- Bagautdinov B., 浮田陽子, 高橋直子, 岡崎伸生, 倉光成紀, 横山茂之, 宮野雅司, Tahirov T. H.: “Crystal structure of phosphomethylpyrimidine kinase (ThiD) from *Thermophilus* HB8”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 上西達也, 酒井宏明, 堀-竹本千重, 中川紀子, 真岡伸子, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “Crystal structure of ribosomal protein L11 methyltransferase PrmA”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 半田徳子, 寺田貴帆, 亀割友紀, 濱名宏章, Tame J. R., 朴三用, 木下賢吾, 太田元則, 中村春木, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “Crystal structure of the conserved protein TT1542 from *Thermus thermophilus* HB8”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- Bagautdinov B., 竹田あずさ, 都築千鶴, 田中智之, 倉光成紀, 横山茂之, 宮野雅司, Tahirov T. H.: “Crystal structure of the divalent cation tolerance protein(CutA) from *Thermus thermophilus* HB8”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 瀬戸あづさ, 村山和隆, 外山光俊, 海老原章郎, 中川紀子, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “Crystal structure of TT1252 from *Thermus thermophilus*”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 寺田貴帆, 白水美香子, 木川隆則, 井上みお, 五島美絵, 津金沢恵子, 牛越亮子, 龍口文子, 亀割友紀, 濱名宏章, 大林尚美, 宇田広子, 田中秀明, 木下由紀子, 井高美紀, 加藤(村山)美幸, 山口(平藤)真智子, 渡部暁, 野村直子, 中川紀子, 増井良治, 倉光成紀, 横山茂之: “Large-scale preparation system for structural analysis of new functional proteins and proteins involved in transcription and translation of *Thermus thermophilus* HB8”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- Rehse P., 石嶋小由里, 倉光成紀, 横山茂之, 宮野雅司, Tahirov T. H.: “Structure of osmotically inducible protein C from *Thermus thermophilus* HB8”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 高橋ひとみ, 稲垣栄二, 藤本弥生, 黒石千寿, 仲村勇樹, Arisaka F., 油谷克英, 倉光成紀, 横山茂之, 宮野雅司, Tahirov T. H.: “The crystal structure of adenylyltransferase from *Thermus thermophilus*”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 高橋ひとみ, 徳永由美, 黒石千寿, Babayeva N., 倉光成紀, 横山茂之, 宮野雅司, Tahirov T. H.: “The crystal structure of succinyl-CoA synthetase α -subunit from *Thermus thermophilus*”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 酒井宏明, Vassilyeva M. N., 松浦孝範, 関根俊一, 後藤和美, 西山真, 寺田貴帆, 白水美香子, 倉光成紀, Vassilyev D. G., 横山茂之: “Crystal structure of a lysine biosynthesis

- enzyme LysX from *Thermus thermophilus* HB8”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 岸下誠一郎, 龍口文子, 牛越亮子, 寺田貴帆, 倉光成紀, 朴三用, Tame J. R., 木下賢吾, 中村春木, 白水美香子, 横山茂之: “Crystal structure of the conserved hypothetical protein TT1751 from *Thermus thermophilus* HB8 at 2.0 Å resolution”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- Wang H., 関根俊一, 堀-竹本千重, 村山和隆, 寺田貴帆, 白水美香子, 倉光成紀, 横山茂之: “Crystallization and preliminary X-ray diffraction analysis of ribosome-associated factor EF-G-2 from *Thermus thermophilus* HB8”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 新井亮一, 西本まどか, 斉藤由美, 外山光俊, 堀-竹本千重, 寺田貴帆, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “Proteomics analysis of *Thermus thermophilus* HB8 and identification of binding proteins using mass spectrometry”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 柴田理恵, 別所義隆, 川添将仁, 堀-竹本千重, 酒井宏明, 村山和隆, 関根俊一, 白水美香子, 倉光成紀, 横山茂之: “Purification and crystallization of SmpB a tmRNA-binding protein essential for ribosomal Trans-translation”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- Reay P., 山崎和彦, 寺田貴帆, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “Structural and sequence comparisons arising from the solution structure of the transcription elongation factor NusG from *Thermus thermophilus*”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 末次(塙)京子, 関根俊一, 酒井宏明, 堀-竹本千重, 寺田貴帆, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “The Crystal structure of *Thermus thermophilus* elongation factor P”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月(2003).
- 新海暁男: “大腸菌 DNA polymerase I の構造と機能: 活性中心 Motif A へのランダム変異の導入”, 日本進化学会第5回大会, 福岡, 8月(2003).
- 横山茂之: “網羅的解析プログラム”, タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文部科学省), 東京, 9月(2003).
- 中川紀子, 新海暁男: “網羅的解析プログラム: 研究成果の例 (1) RNA ポリメラーゼ (ウイルス型および細菌型)”, タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文部科学省), 東京, 9月(2003).
- 横山茂之, 斉藤講平: “網羅的解析プログラム: 研究成果の例 (2) 上皮成長因子受容体”, タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文部科学省), 東京, 9月(2003).
- 岩佐充貞, 佐野健一, 前田佳代, 前田雄一郎: “ヒト筋肉アクチン発現系の構築”, 第46回日本神経化学学会年会・第41回日本生物物理学会年会合同年会, 新潟, 9月(2003).
- 鎌足雄司, Smith L., Dobson C., 横山茂之, 赤坂一之: “Site-specific detection of conformational fluctuation by high pressure NMR”, 第46回日本神経化学学会年会・第41回日本生物物理学会年会合同年会, 新潟, 9月(2003).
- 木邑智恵子, 志鷹裕司, 前田佳代, 三木正雄: “カルシウム結合解離に伴う細いフィラメント上のトロポニン T の動きの速度”, 第46回日本神経化学学会年会・第41回日本生物物理学会年会合同年会, 新潟, 9月(2003).
- 田中剛範, 黒田裕, 横山茂之: “タンパク質分子内部における疎水性アミノ酸側鎖の分布パターンの解析”, 第46回日本神経化学学会年会・第41回日本生物物理学会年会合同年会, 新潟, 9月(2003).
- 松浦圭益, 木邑智恵子, 前田佳代, 三木正雄: “蛍光エネルギー移動法でみる TnC 分子内, 及び Tn 複合体内部での構造変化”, 第46回日本神経化学学会年会・第41回日本生物物理学会年会合同年会, 新潟, 9月(2003).
- 北原亮, 横山茂之, 赤坂一之: “高圧 NMR 法によるユビキチンフォールディング中間体の構造解析”, 第46回日本神経化学学会年会・第41回日本生物物理学会年会合同年会, 新潟, 9月(2003).
- 胡桃坂仁志, 香川亘, 杵渕隆, 井川しゅく子, 横山茂之, 柴田武彦: “Structure and activity of the human recombination proteins, Rad51, Dmc1, Rad52, and Rad51 paralogs”, 第76回日本生化学会大会, 横浜, 10月(2003).
- 横山茂之: “Structure-based design of non-natural genetic-code systems”, 第76回日本生化学会大会, 横浜, 10月(2003).
- 吉谷直栄, 佐藤万仁, 畠中秀樹, 齋藤一樹, 廣田洋, 横山茂之: “網羅的タンパク質構造・機能解析プログラムにおける低分子リガンドスクリーニング”, Biacore Symp. Japan 2003, (ピアコア株式会社), 東京, 11月(2003).
- 鈴木咲良, 青木雅昭, 畠中秀樹, 井上真, 木川隆則, 寺田貴帆, 白水美香子, 林崎良英, 理研ゲノムセンター遺伝子グループ Phase1, 横山茂之: “Mouse structural proteomics: Solution structure of the PCI domain of COP9 complex subunit 4”, 第42回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 吹田, 11月(2003).
- Lopez-Mendez B., Pantoja-Uceda D., 富澤忠, 小柴生造, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 廣田洋, 好田真由美, 田仲昭子, 長内隆, 関原明, 篠崎一雄, 横山茂之, Guentert P.: “NMR structure of the ENTH-VHS-like domain At3g16270 from *Arabidopsis thaliana*”, 第42回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 吹田, 11月(2003).
- 井上匡子, 好田真由美, 八田玲子, 林文晶, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 廣田洋, 田仲昭子, 長内隆, 松尾洋, 荒川貴博, Carninci P., 河合純, 林崎良英, 横山茂之: “Solution structure of the DEP domain of mouse pleckstrin”, 第42回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 吹田, 11月(2003).
- 小林直宏, 小柴生造, 井上真, 白水美香子, 寺田貴帆, 矢吹孝, 青木雅昭, 松田貴意, 関英子, 布川絵未, 松田夏子, 碓正臣, 廣田洋, 好田真由美, 長内隆, 田仲昭子, 荒川貴博, Carninci P., 河合純, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “インタラクティブな NMR 解析ツール Kujira, および NOE 自動帰属モジュール CYANA による結晶構造に迫る高精

- 度なマウスラミンC末ドメインの溶液構造決定”, 第42回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 吹田, 11月(2003).
- 長島敏雄, 林文晶, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 廣田洋, 好田真由美, 田仲昭子, 長内隆, 松尾洋, 小原収, 長瀬隆弘, 菊野玲子, 中山学, 横山茂之: “ヒト構造プロテオミクス: C2ドメインの構造解析”, 第42回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 吹田, 11月(2003).
- 遠藤弘, 八田玲子, 林文晶, 好田真由美, 清宮恭子, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 廣田洋, 田仲昭子, 長内隆, 松尾洋, 荒川貴博, Carninci P., 河合純, 林崎良英, 横山茂之: “マウス構造プロテオミクス: BAG domainの構造解析”, 第42回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 吹田, 11月(2003).
- 宮本和英, 井上真, 小柴生造, 白水美香子, 寺田貴帆, 宇田広子, 矢吹孝, 青木雅昭, 松田貴意, 関英子, 布川絵未, 藤倉由紀子, 柴田真希, 宮本瑞夕, 廣田洋, 好田真由美, 長内隆, 田仲昭子, 荒川貴博, Carninci P., 河合純, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “マウス構造プロテオミクス: Growth Arrest Specific 2 タンパク質のC末端ドメインの溶液構造”, 第42回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 吹田, 11月(2003).
- 柄尾尚哉, 小柴生造, 小林直宏, 白水美香子, 寺田貴帆, 矢吹孝, 青木雅昭, 松田貴意, 関英子, 布川絵未, 柄康子, 元田容子, 小林敦夫, 廣田洋, 好田真由美, 長内隆, 田仲昭子, 荒川貴博, Carninci P., 河合純, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “マウス構造プロテオミクス: MARK3 C末端KA1ドメインの溶液構造”, 第42回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 吹田, 11月(2003).
- 富澤忠, 小柴生造, 井上真, 白水美香子, 寺田貴帆, 矢吹孝, 青木雅昭, 松田貴意, 関英子, 布川絵未, 平川典子, 佐藤深雪, 安田聡子, 廣田洋, 好田真由美, 長内隆, 田仲昭子, 荒川貴博, Carninci P., 河合純, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “マウス構造プロテオミクス: TransgelinのCalponin Homologyドメインの溶液構造”, 第42回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 吹田, 11月(2003).
- 李華, 富澤忠, 小柴生造, 井上真, 白水美香子, 寺田貴帆, 矢吹孝, 青木雅昭, 松田貴意, 関英子, 布川絵未, 齋藤深雪, 渡辺恵, 平戸麻里, 廣田洋, 好田真由美, 長内隆, 田仲昭子, 荒川貴博, Carninci P., 河合純, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “マウス構造プロテオミクス: hypothetical protein 2610208M17Rik N末端ドメインの溶液構造”, 第42回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 吹田, 11月(2003).
- 趙晨華, 小柴生造, 井上真, 白水美香子, 寺田貴帆, 濱名宏章, 矢吹孝, 青木雅昭, 松田貴意, 関英子, 布川絵未, 坂上紀子, 廣安文子, 柄康子, 廣田洋, 好田真由美, 長内隆, 田仲昭子, 荒川貴博, Carninci P., 河合純, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “マウス構造プロテオミクス: 広範に保存された新規のubiquitin-fold タンパク質の溶液構造”, 第42回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 吹田, 11月(2003).
- 菊地淳, 前田秀明, 横山茂之: “高安定化磁場配向膜の開発とその応用: 生体膜・タンパク質の高分解能 NMR 解析”, 第42回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 吹田, 11月(2003).
- 木川隆則, 武藤裕, 林文晶, 畠中秀樹, 山崎和彦, 山崎俊夫, Guentert P., 前田秀明, 好田真由美, 廣田洋, 白水美香子, 田仲昭子, 荒川貴博, Carninci P., 河合純, 林崎良英, 関原明, 篠崎一雄, 中山学, 小原収, 横山茂之: “高等動植物の構造プロテオミクス”, 第42回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 吹田, 11月(2003).
- 北原亮, 横山茂之, 赤坂一之: “静水圧3000気圧下の蛋白質の構造とダイナミクス: ユビチキンのもう一つのワールド構造の解明”, 第42回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 吹田, 11月(2003).
- 廣田洋, 前田秀明, 山崎俊夫, 武藤裕, 木川隆則, 白水美香子, 田仲昭子, Guentert P., 畠中秀樹, 林文晶, 好田真由美, 横山茂之: “理研 GSC における NMR 施設・装置・測定法・解析法の高度化”, 第42回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 吹田, 11月(2003).
- 菊地淳, 横山茂之, 前田秀明: “水溶性液晶によるタンパク質・核酸・糖鎖・生体膜の磁場配向とその NMR 解析”, 第7回「新磁気科学シンポジウム」, つくば, 11月(2003).
- 溝端栄一, 酒井宏明, 寺田貴帆, 渡部暁, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “*Thermus thermophilus* HB8 由来ウロポルフィリノゲン III シンターゼの結晶構造”, 日本結晶学会平成15年度年会, 熊本, 12月(2003).
- 仙石徹, 濡木理, 中村輝, 小林悟, 横山茂之: “DEAD-box RNA helicase である Vasa が RNA と ATP アナログを結合した「収縮型」構造”, 第26回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2003).
- 滝沢由政, 杵渕隆, 香川亘, 横山茂之, 柴田武彦, 胡桃坂仁志: “ヒト Rad51 Tyr-315 残基の機能解析”, 第26回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2003).
- Tokmakov A. A., 白水美香子, 横山茂之: “Optimization of cell-free protein synthesis in *Xenopus* Oocyte and egg extracts”, 第26回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2003).
- 小林隆嗣, 斎藤千夏, 高橋征三, 滝村哲雄, 西村暹, 坂本健作, 横山茂之: “3-ヨード-Lチロシンに特異的な大腸菌チロシル tRNA 合成酵素変異体の X 線結晶構造解析による非天然型アミノ酸の認識機構の解明”, 第26回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2003).
- 斎藤講平, 木川隆則, 小柴生造, 松尾洋, 白水美香子, 高木哲雄, 矢吹孝, 布川絵未, 関英子, 松田貴意, 青木雅昭, 井上真, 寺田貴帆, 小原収, 中山学, 田仲昭子, 横山茂之: “CYLD タンパク質の CAP-Gly ドメインは MEMO/IKK のプロリンリッチ配列に結合する”, 第26回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2003).
- 栗本一基, 武藤裕, 大林尚美, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 奥村浩美, 田仲昭子, 櫻川真樹, 柴田典人, 阿形清和, 横山茂之: “Crystal structure of the N-terminal RecA-like domain of a DEAD-box RNA helicase, the *Dugesia japonica* vasa-like gene B (DjVLGB) protein”, 第26回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2003).
- 何彦虎, 武藤裕, 牛越亮子, 小柴生造, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 廣田洋, 好田真由美, 小林直宏, 田仲昭子, 長内隆, 松尾洋, 荒川貴博, Carninci P., 林崎良英, 横山茂之: “Solution structure of SURP1 domain in Splicing Factor 4”, 第26

- 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 永田崇, 武藤裕, 速水信弘, 宇田広子, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 廣田洋, 好田真由美, 小林直宏, 田仲昭子, 長内隆, 松尾洋, 荒川貴博, Carninci P., 河合純, 林崎良英, 横山茂之: “Structural analysis of Mouse Poly(A)-specific Ribonuclease”, 第 26 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 林令子, 染谷龍彦, 横山茂之, 河合剛太, 坂野仁: “V(D)J 組換え酵素 RAG1 の NMR による構造解析”, 第 26 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 渡辺和則, 濡木理, 横山茂之, 遠藤弥重太: “*Thermus thermophilus* 由来 tRNA(Gm18) methyltransferase の S-Adenosyl-L-Methionine 結合部位の同定”, 第 26 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 新井亮一, 西本まどか, 斉藤由美, 外山光俊, 寺澤ゆみこ, 伊東夏織, 寺田貴帆, 堀-竹本千重, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “タンパク質構造・機能解析: 高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 タンパク質の機能解析及びプロテオミクス解析”, 第 26 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 俵元一笹沼麻貴, 朴三用, 田中祥徳, 胡桃坂仁志, 横山茂之: “ヒト CENP-B dimerization domain の X 線構造解析”, 第 26 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 杵淵隆, 香川亘, 榎本りま, 柴田武彦, 胡桃坂仁志, 横山茂之: “ヒト Dmcl の立体構造解析”, 第 26 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 皿井直敬, 横山浩, 柴田武彦, 胡桃坂仁志, 横山茂之: “ヒト Xrcc2Rad51BRad51CRad51D タンパク質複合体の機能解析”, 第 26 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 竹本愛, 木村圭志, 横山茂之, 花岡文雄: “ヒトコンデンシンの M 期特異的なリン酸化と活性化の解析”, 第 26 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 胡桃坂仁志, 杵淵隆, 香川亘, 横山浩, 滝沢由政, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト相同組換え因子群の機能および構造解析”, 第 26 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 鈴木咲良, 畠中秀樹, Tame J. R., 林文晶, 井上真, 矢吹孝, 谷一寿, 寺田貴帆, 白水美香子, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 木川隆則, 廣田洋, 好田真由美, 長内隆, 松尾洋, 田仲昭子, 荒川貴博, Carninci P., 河合純, 林崎良英, 横山茂之: “マウス COP9 複合体サブユニット 4 の PCI ドメインの立体構造”, 第 26 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 榎本りま, 胡桃坂仁志, 佐藤真, 横山茂之: “マウス TBPIP の機能ドメインの解析”, 第 26 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 奥村浩美, 加藤則子, 岡本直明, 松本武久, 田仲昭子, 横山茂之: “蛍光相関分光法を用いた分子間相互作用解析手法の開発”, 第 26 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 今高寛晃, 舩谷真美子, 森野重信, 久武幸司, Sonenberg N., 横山茂之: “真核細胞翻訳転写因子 eIF3 の再構成”, 第 26 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 大竹和正, 森久保典子, 小林隆嗣, 坂本健作, 星野力, 横山茂之: “人工遺伝暗号システムの酵素触媒機構解析への応用”, 第 26 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 藤川乃り映, 胡桃坂仁志, 濡木理, 寺田貴帆, 白水美香子, 片山勉, 横山茂之: “大腸菌 DnaA domain4 と DnaA box を含む DNA の複合体の立体構造解析”, 第 26 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 林明子, 坂本健作, 樋野展正, 岡崎有羽子, 小林隆嗣, 新井亮一, 白水美香子, 横山茂之: “培養細胞における非天然型アミノ酸のタンパク質への部位特異的導入”, 第 26 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2003).
- 横田英幸, 岡村哲至, 大谷安見, 栗山透, 高橋雅人, 菊地淳, 堀内崇, 横山茂之, 前田秀明: “920MHz NMR プローブの高感度化に向けた 4.5K 冷却システム”, 第 69 回 2003 年秋季低温工学・超電導学会, 松江, 12 月 (2003).
- 竹本愛, 木村圭志, 横山茂之, 花岡文雄: “ヒトコンデンシンの機能を制御する M 期特異的なリン酸化の解析”, 第 21 回染色体ワークショップ, 熱海, 1 月 (2004).
- 胡桃坂仁志, 杵淵隆, 香川亘, 柴田武彦, 横山茂之: “減数分裂期の染色体組換えに働くヒト Dmcl タンパク質の分子構造”, 第 21 回染色体ワークショップ, 熱海, 1 月 (2004).
- 横山茂之: “構造プロテオミクスプロジェクトとタンパク質情報学”, 文科省科研費補助金特定領域研究「ゲノム情報科学の新展開」公開ワークショップ GenProC2004「タンパク質の立体構造がわかると何が進むか?」, 東京, 2 月 (2004).
- 横山茂之: “疾患関連タンパク質の構造と創薬プロテオミクス”, 日本薬学会第 124 年会, 大阪, 3 月 (2004).
- 土田有紀, 大久保征治, 原太志, 田代櫻子, 鈴木咲良, 畠中秀樹, 横山茂之, 田中弘文, 安田秀世, 神藤平三郎: “SUMO リガーゼ PIAS1 の p53 結合ドメインの立体構造解析”, 日本薬学会第 124 年会, 大阪, 3 月 (2004).