

# 横山構造分子生物学研究室

## Structural and Molecular Biology 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もとづいて解明する「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ストラテジーの確立をめざして、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もと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。

一方、タンパク質結晶化の高効率化のために、全自動結晶化観察ロボット; TERA の一般ユーザーへの共用化の準備を行った。さらに、タンパク質立体構造の構築原理の解明の一環として、DSC 装置を活用しての研究と、構造/安定性パラメータの好熱菌タンパク質への適応と、パラメータ精度の向上と普遍的適応に関する研究を行った。(本年度より、研究室名を細胞情報伝達研究室から横山構造分子生物学研究室へ変更)

### 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, Perederina\*<sup>1</sup>, 岡崎\*<sup>2</sup>, 桑井\*<sup>2</sup>, 田中\*<sup>2</sup>, 仲村\*<sup>2</sup>, 塚崎\*<sup>3</sup>)

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 に転写する過程をつかさどる酵素である。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み、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  $\sigma$  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はじめて、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。転写反応は、低分子あるいはタンパク質因子(転写因子)によって調節されている。

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 線結晶構造を解析し、ppGpp による転写調節メカニズムの解明を試みた。その結果、RNAP の活性中心の近傍に結合した ppGpp は、転写開始点上流のシトシンと相補的に結合し、転写反応を阻害することが強く示唆された。一方、DksA タンパク質は ppGpp の活性を制御している転写調節因子である。そこで、大腸菌由来の DksA の結晶構造を解析し、DksA による転写制御メカニズムの解明を試みた。その結果、DksA のコイルドコイルドメインが RNAP の基質侵入孔に侵入し、本ドメインの先端に位置する Asp 残基が、ppGpp に結合している  $Mg^{2+}$  と結合して、ppGpp-RNAP 複合体を安定化させていることが強く示唆された。

古細菌は、真核生物様の RNAP と真正細菌様の転写因子を持つ興味深い生物であり、その転写調節メカニズムはほとんど明らかになっていない。我々は、古細菌 *Sulfolobus tokodaii* 株由来の転写因子様タンパク質 ST1889 および *Pyrococcus horikoshii* 由来の転写因子様タンパク質 PH1519 の結晶化、構造解析を行った。両タンパク質共に、ホモログが多く古細菌に分布していることから、古細菌特有の転写因子であると推定できる。構造解析の結果、ST1889 は細胞内タンパク質であるにも関わらず、ジスルフィド結合で結合した二量体であり、さらに、分子内にも1つのジスルフィド結合が存在する、大変珍しい構造をしていた。PH1519 は、アミノ酸に反応して転写を調節する因子として知られている Lrp (Leucine regulatory protein) ファミリーに属する転写因子と考えられている。このファミリーのタンパク質では現在 *Pyrococcus furiosus* 由来 LrpA タンパク質のみが他の研究グループによって X 線構造解析がなされている。PH1519 は、LrpA とアミノ酸レベルで約 30% の identity を示す。構造解析の結果、PH1519 は、二量体を形成しており、LrpA の構造に類似していた。LrpA は 2.9 Å の分解能で解析されているのに対し、PH1519 の分解能は 1.6 Å なので、エフェクター分子であるアミノ酸が結合するポケット

等, LrpA の構造解析からは明らかにされなかった詳細な構造を, 明らかにすることができると思われる。

## 2. 細胞骨格の動態を制御するタンパク質およびタンパク質・タンパク質複合体の構造と機能 (横山, 嶋田)

細胞は, 外界からの刺激や細胞周期に応じて様々に形を変え, 移動する。細胞の形態変化および移動には, アクチン線維や微小管などの細胞骨格の動態が重要な働きをしている。外界からの刺激は, 様々な細胞伝達経路を經由して細胞骨格の再構成を誘起する。この細胞伝達経路には多くのタンパク質が関与しており, それぞれ異なるメカニズムで下流に情報を伝達している。我々は, 細胞骨格の動態を制御するこれらのタンパク質およびタンパク質・タンパク質複合体の構造解析を行い, その情報伝達メカニズムの解明を目指している。さらに近年, 細胞骨格の動態は, 遺伝子の転写にも影響を与えることが報告されている。真核生物の転写開始には, クロマチン構造の再編成が重要であるが, クロマチン再編成因子には, アクチンを構成要素として含むタンパク質複合体ファミリーが存在する。このアクチンを含むクロマチン再編成因子複合体の構造解析を行い, そのクロマチン再編成メカニズムや, 複合体中でのアクチンの機能の解明を目指している。

本年度は, 細胞骨格を制御する因子 1 種類について, 類似の構造の解析されていないタンパク質結合ドメインの可溶性に成功し, 結晶化を試みている。また, アクチンを含むクロマチン再編成因子複合体の 1 つである高等真核生物の BAF 複合体の構造解析にも着手し, BAF 複合体中のサブユニットに含まれる DNA 結合ドメインである ARID ドメインの高分解能結晶を得て (2.2 Å), 構造解析を行っている。

## 3. 高圧 NMR を用いたタンパク質の熱励起構造の解析と深海微生物由来タンパク質の構造安定性に関する研究 (赤坂 \*4, 北原 \*5, 横山, 秦 \*3, 前野 \*3)

本研究は, 天然構造のみならず熱励起構造 (準安定構造や変性構造など) も含めた構造の全体像 (構造アンサンブル) を解明することにより, タンパク質の機能発現機構やミスフォールディング機構の解明を目的としている。

(1) 溶液中のタンパク質は大きく構造を変化させることによりその機能を生み出す。最安定フォールド構造を超えた大きな揺らぎの存在については, これまで高圧 NMR により多くのタンパク質でその構造を定性的には把握できていたが, 揺らいだ構造そのものを原子座標で表すことは, 高圧 NMR だけでなく, 他の方法によっても実現できなかった。我々はこれに挑戦し, 成功を収めた。すなわち, 以前の高圧 NMR の圧力シフトの測定から, 最安定フォールド構造を超えた大きな構造揺らぎ ( $N_1 \leftrightarrow N_2$ ) の存在が定性的に知られていたユビキチンを対象とし, これに対して, 常圧下 (30 気圧) と加圧下 (3,000 気圧) での NOESY 立体構造解析を適用し, 座標化することに初めて成功した。ユビキチンは, 30 気圧では  $N_1$  が主に存在し (85%), 3,000 気圧では  $N_2$  が主に存在する (77%)。得られた 2 つの構造は, 揺れ動くユビキチン分子の “NMR snapshot” というべきものである。

(2) 構造アンサンブル解析の対象タンパク質をアミノ酸

配列と構造の相同性が高いタンパク質群に限定することにより, これまでの天然構造と機能の相同性に基礎を置いた構造・機能相関の概念では解釈できなかった相同配列タンパク質間の機能メカニズムの違いについて, 構造アンサンブルという新しい概念により理解する。対象は, ユビキチンフォールドという共通のフォールド (構造単位) をもつ, ユビキチンとユビキチン様タンパク質およびドメイン (NEDD8, SUMO, Parkin-Ubl, Ras binding domain など) とする。これらは相互作用するタンパク質やその機能が明確に異なっている。本年度, 上記タンパク質を含む複数のユビキチン様タンパク質の高圧 NMR 測定を完了した。一部のタンパク質に共通の局所変性構造が存在することが明らかになった。来年度も継続して研究を行う。

(3) 深海 (2°C, 280 atm) に存在する深海微生物 (Mp: *Moritella profunda*) と常温・常圧下 (37°C, 1 atm) に存在する大腸菌 (Ec: *E. coli*) 由来の葉酸還元酵素 (DHFR, 葉酸結合型) について, 高圧 NMR 測定によりその構造安定性の比較を行った。Ec-DHFR の最安定温度が約 16°C であるのに対し, Mp-DHFR は約 5°C であった。このことから, 深海微生物のタンパク質はその低温環境に適した熱安定性を獲得していることが明らかになった。

## 4. 全自動結晶化観察ロボット; TERA の共用化準備 (横山, 岡崎 \*2, 桑井 \*2, 田中 \*2, 仲村 \*2, 新海, 佐々木 \*6, 安達 \*6, Ammar \*6, 川村 \*6, 前田 \*6, 森 \*6, 守屋 \*6, 吉村 \*6)

TERA を一般のユーザーが利用できるように, ハイスループット棟の外部からも使いやすい Web インタフェースの設計, 開発を行った。このインタフェースによりユーザー毎のサンプル, 結果の管理を行いやすくし, 従来メール等で行っていた結晶化の依頼なども Web 経由で行えるようにした。このシステムを導入することにより運用側の大幅な効率化, 人的エラーの発生抑制に効果が現れた。現在, 理研内 (一部外部テスト) 実運用を開始している。さらに, 上記インタフェースを導入することにより, 依頼, サンプルの受入手順を標準化し, 一定の手順に従い処理を行える状況を構築した。

TERA を用いて再現性良く効果的な結晶化二次スクリーニングを行うために, 新たに, 市販スクリーニングキット (Hampton 社製 Crystal Screen I, II) の二次スクリーニング用試薬を, 各条件に対し 24 パターン; 合計 2,304 種類作製した。

## 5. タンパク質立体構造の構築原理の解明に関する研究 (油谷, 澤野 \*1)

タンパク質は, 特定の立体構造に依存して生体内で機能している。その立体構造は, 僅かなエネルギーバランスで保たれているため僅かな構造的変化が機能や安定性に著しく影響する。個々のタンパク質立体構造の構築原理を解明するためには, 個々のタンパク質の構造安定化に関する物理化学的実験データとその原因となる構造的基盤との相関を可能な限り詳細に検討する必要がある。また, その構築原理の普遍化のためには, 構造変化と安定性変化などの網羅的なデータの蓄積を必要とする。これらの研究の一環として, 本年度は, 次の 4 件のテーマに取り組んだ。2 件は,

立体構造の解析を中心とした課題で、後の2件は昨年度末購入されたDSC装置(VP-Capillary DSC Platform)を活用しての課題である。

(1) *Thermus thermophilus* HB8由来のPhosphoribosyl Anthranilate Isomeraseの二量体形成による安定化

高度好熱菌、*T. thermophilus*由来のホスホリボシル-アントラニル酸イソメラーゼ(PRAI)の結晶構造が2.0 Åの分解能で解析できた。本タンパク質の二量体構造はサブユニット界面で疎水性の突出部が互いに入り組んでいる特徴があったので、DSC、CD、および分析用超遠心機を用いて、種々のpHで、その物理化学的性質も調べた。構造データと物理化学的データを基に、この構造の安定化機構を、サブユニットの二量体形成との関連で明らかにした。更に、安定性/構造相関パラメータを用いて、超好熱菌のPRAIとの安定性の差を、構造の差異から説明できた。

(2) *Escherichia coli*由来のtryptophan synthaseの $\alpha_2\beta_2$ 複合体形成に伴う $\alpha$ -subunitの構造変化

大腸菌由来のトリプトファン合成酵素 $\alpha$ サブユニットのX線結晶構造を2.3 Å分解能で解いた。本タンパク質はone gene/one enzymeを証明した歴史的タンパク質で、最も早い時期から構造解析が試みられたが今日まで解析できなかったものである。我々は、この他に超好熱菌の $\alpha$ サブユニットの構造を既に(2001年)発表しているが、常温菌由来の $\alpha$ サブユニットの構造はこれまで明らかにされていなかった。ただ、サルモネラ菌のトリプトファン合成酵素 $\alpha_2\beta_2$ 複合体の構造は既に発表されている。この機能は $\alpha_2\beta_2$ 複合体形成に伴い2桁も高くなるがその原因が判明していなかった。本研究により増幅機能の構造的基盤を明らかにできた。

(3) 示差走査熱量計(DSC)によるタンパク質試料のフォールディング評価

本研究では、HTPFで構造解析を目的に進行中の各ステップ(精製、結晶化、回折実験、構造決定など)にある50種の好熱菌由来のタンパク質を選択し、上記のDSCを用いて、フォールディングを評価した。各タンパク質の使用量は0.2mgと0.1mgで行った。DSCの結果とそのタンパク質の進捗状況、結晶スコア、動的散乱などの相関を調べた。得られた結論は、研究のステップが進んでいないタンパク質のほとんどが完全にフォールドしていることが分かり、結晶条件の更なる検討により、構造解析が更に進展することを示した。また、このDSCを用いて、少量の試料タンパク質で、フォールディング状態を簡便に評価できることが分かった。

(4) 封入体タンパク質の実態とfold型として可溶化する手法の確立

封入体タンパク質をfold型で可溶化する手法はいろいろと提案されているが、経験的にケースバイケースで成功しているにすぎない。本研究では、封入体タンパク質の実態を理解しその溶解法を確立するために、*T. thermophilus*の封入体形成タンパク質をまず10種、選んだ。それらは、分子量、等電点、SH基の含量が種々異なるもの選ばれている。溶解させたタンパク質がfoldしているかどうかはDSCで調べた。その結果、(i) 同一封入体中に幾つかに区別できる状態で凝集している(それらはnative state, quasi-native state, reversibly denatured state, and irreversibly denatured state)、(ii) 封入体でnative stateにあるもの

は、低い変性剤濃度(例えば1MGuHCl+1MArg)で溶解するだけでintactなタンパク質を抽出できる、という2点に分かった。

\*1 協力研究員, \*2 協力技術員, \*3 研修生, \*4 客員主管研究員, \*5 基礎科学特別研究員, \*6 客員研究員

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

In all organisms, important cellular processes such as cell growth and proliferation, response to the environmental stress, etc. are controlled to a large extent at the 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. The 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 the 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. Previously, we determined the crystal structure of *Thermus thermophilus* RNA polymerase (RNAP) holoenzyme in complex with ppGpp, which revealed that ppGpp bound near the active center of the RNAP. 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. DksA protein is a transcription factor that has been shown to regulate the effect of ppGpp. We determined a crystal structure of *E. coli* DksA. The structure suggests that DksA coiled-coil protrudes into the RNAP secondary channel to coordinate a ppGpp bound  $Mg^{2+}$  ion with the Asp residues on the domain, thereby stabilizing the ppGpp-RNAP complex.

Archaeobacteria have eukaryotic RNAP and bacterial transcription factors. We determined the crystal structure of two archaeal transcription-factor like proteins, ST1889 from *Sulfolobus tokodaii* and PH1519 from *Pyrococcus horikoshii*. Each homologue is distributed widely in archaea and bacteria, but not eukarya. Interestingly, crystal structure of ST1889 revealed that this protein formed a dimer through a disulfide bond; furthermore, each monomer has one intra molecular disulfide bond. The crystal structure of PH1519 resembled to that of LrpA from *P. furiosus*, which belongs to Lrp/AsnC family that respond to amino acid. The PH1519 structure was determined at 1.6 Å resolution, which was higher than 2.9 Å structure of LrpA.

## 2. Structural and functional studies of proteins involved in the regulation of cytoskeletal dynamics

The cells migrate and change their shapes as in the case of cytokinesis upon stimulation by the extracellular stimuli. Cytoskeletal reorganization involves organized formation of the actin filaments and microtubules, playing important roles in the cell migration and cytokinesis. Signals from the extracellular stimuli are transmitted through various cellular signaling pathways to the downstream effectors by largely unknown mechanisms. Our first aim is to investigate the structures of proteins and protein-protein complexes involved in this process to reveal the underlying molecular mechanisms in this signaling cascade.

Recently accumulated evidence supports that cytoskeletal dynamics controls gene transcription. Eukaryotic transcription requires the remodeling of the chromatin structure. As a possible link between cytoskeletal dynamics and transcription, the fact attracted notice that there are chromatin-remodeling complexes containing actin as a subunit. Our second aim is to determine the structure of the complex and understand the mechanism of chromatin remodeling by the SWI/SNF family of chromatin remodeling complexes.

We isolated and solubilized the protein-interacting domain of a protein involved in the cytoskeletal reorganization whose structure is presumably not related to any other known structures. The crystallization of the domain is in progress. We obtained high-resolution crystals (2.2 Å) of the ARID domain of the actin-containing BAF chromatin remodeling complex. The structure determination of the domain is in progress.

### 3. High pressure NMR study of conformational fluctuation of proteins

Although our knowledge of basic folded structures of proteins has dramatically improved, the extent of our corresponding knowledge of higher-energy conformers remains extremely slim. The latter information is crucial for advancing our understanding of the mechanism of protein function, folding and conformational diseases. We present a general method for elucidating, at the atomic level, a large scale shape change of a protein in solution undergoing conformational fluctuation. The variable pressure NMR approach is capable of detecting and analyzing structures and thermodynamic stabilities of higher-energy conformers. Ubiquitin was chosen as the first target, for which structures were determined at 30 bar ( $N_1 = 85\%$ ) and 3 kbar ( $N_2 = 77\%$ ), giving “NMR snapshots” of a fluctuating protein structure in solution.

The variable-pressure NMR technique has been used to investigate the conformational fluctuations of ubiquitin-fold proteins and domains in a wide conformational space. Large amplitude fluctuations, estimated in the time range of micro to milli seconds, are found for the folded conformers. Furthermore, intermediately folded conformers are found, which undergo local unfolding in a conserved part of the molecules. It strongly suggests that the local unfolding is evolutionally designed for the ubiquitin-fold proteins to perform their almost common function.

It is known that the activity of the DHFR protein of some deep-sea bacteria is increased at high pressure. To investigate the enhanced activity, we have measured  $^1\text{H}$  one dimensional NMR and investigated the effect of pressure and temperature on the structural and thermodynamic stability of a protein dihydrofolate reductase (DHFR) from a deep-sea bacterium *Moritella profunda* (*Mp*) in its folate-bound form. The thermodynamic stabilities of DHFRs from deep-sea bacteria are well adapted to the living environment of the bacteria (2–5°C and 20–30 MPa), with the

maximum stability around 5°C (at 0.1 MPa) and a relatively small volume change upon unfolding. Next our interest is an investigation of structural changes of the functional site of the proteins under high pressure based on multi-dimensional NMR measurements.

### 4. Improvement of the full-automatic crystallization and observation robot system, TERA for general users

A new web interface has been developed for TERA to be used easily by general persons outside of the High throughput factory building. The procedure from request of crystallization to receipt of the protein has been smoothly performed through this system. We developed 2,304 reagents for secondary screening of protein crystallization preceded by the first screening by using Crystal Screen kits I and II (Hampton Research). Twenty-four kinds of reagents were designed from each reagent in the kits.

### 5. Investigation into the principles of protein architecture

The stability of proteins is marginal. Therefore, it is necessary to accumulate huge data for the correlation between conformational structures of a protein and its physicochemical properties such as stabilities, in order to elucidate the principles of protein architecture. As part of the research of this relation, we have reported two structural papers in this fiscal year. One of them is about stabilization due to dimer formation of phosphoribosyl anthranilate isomerase (PRAI) from *Thermus thermophilus* HB8. The crystal structure of PRAI was solved at 2.0 Å. In order to elucidate the stabilization mechanism of PRAI, the physicochemical properties were examined using DSC, CD, and analytical centrifugation at various pHs, related to the association-dissociation of the subunits. Based on experimental results of the protein and its structural information, the stabilization mechanism due to dimer formation could be elucidated. The other is about conformational changes in the  $\alpha$ -subunit coupled to binding of the  $\beta_2$ -subunit of tryptophan synthase from *Escherichia coli*. When the tryptophan synthase  $\alpha$ - and  $\beta_2$ -subunits combine to form the  $\alpha_2\beta_2$  complex, the enzymatic activity of each subunit is stimulated by one to two orders of magnitude. In order to elucidate the structural basis of this mutual activation, it is necessary to determine the structures of the  $\alpha$ - and  $\beta$ -subunits alone and together with the  $\alpha_2\beta_2$  complex. The structure of the tryptophan synthase  $\alpha$ -subunit alone from *E. coli* was determined by an X-ray crystallographic analysis at 2.3 Å, which is the first report on the subunits alone from the mesophiles. On the basis of this structure, we could explain the activation mechanism due to the complex formation.

### Staff

#### Head

Dr. Shigeyuki YOKOYAMA

#### Members

Dr. Dmitry VASSYLYEV

Dr. Akeo SHINKAI

Dr. Atsushi SHIMADA  
Dr. Katsuhide YUTANI  
Dr. Shun-ichi SEKINE  
Dr. Hisashi NAITOW  
Dr. Ryo KITAHARA \*<sup>1</sup>  
Dr. Kayo MAEDA \*<sup>2</sup>  
Dr. Anna PEREDERINA \*<sup>2</sup>  
Dr. Masahide SAWANO \*<sup>2</sup>  
Mr. Nobuo OKAZAKI \*<sup>3</sup>  
Ms. Maki KUMEI \*<sup>3</sup>  
Mr. Yuuki NAKAMURA \*<sup>3</sup>  
Mr. Tomoyuki TANAKA \*<sup>3</sup>

\*<sup>1</sup> Special Postdoctoral Researcher

\*<sup>2</sup> Contract Researcher

\*<sup>3</sup> Contract Technical Scientist

### Visiting Members

Dr. Hiroaki ADACHI (Osaka Univ.)  
Dr. Kazuyuki AKASAKA (Fac. Biol. Sci. Tech., Kinki Univ.)  
Dr. Youssef Ben AMMAR (Natl. Cardiovasc. Cen.)  
Mr. Kiyokazu KAWAMURA (TAKEDA RIKI KOGYO Co., Ltd.)  
Mr. Hiroyuki MAEDA (Nacalai Tesque, Inc.)  
Dr. Yusuke MORI (Osaka Univ.)  
Mr. Takafumi MORIYA (Nacalai Tesque, Inc.)  
Dr. Takatomo SASAKI (Osaka Univ.)  
Dr. Motohide YOSHIMURA (Kobe Univ.)

### Trainees

Mr. Kazumi HATA (Fac. Biol. Sci. Tech., Kinki Univ.)  
Mr. Akihiro MAENO (Fac. Biol. Sci. Tech., Kinki Univ.)  
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

- Vassilyeva M. N., Perederina A., Svetlov V., Yokoyama S., Artsimovitch I., and Vassilyev D. G.: "Cloning, expression, purification, crystallization and initial crystallographic analysis of transcription factor DksA from *Escherichia coli*", *Acta Cryst. D* **60**, 1611–1613 (2004). \*
- Ogiso H., Kagi N., Matsumoto E., Nishimoto M., Arai R., Shirouzu M., Mimura J., Fujii-Kuriyama Y., and Yokoyama S.: "Phosphorylation analysis of 90 kDa heat shock protein within the cytosolic arylhydrocarbon receptor complex", *Biochemistry* **43**, 15510–15519 (2004). \*
- Chikayama E., Kurotani A., Kuroda Y., and Yokoyama S.: "ProteoMix: an integrated and flexible system for interactively analyzing large numbers of protein sequences", *Bioinformatics* **20**, 2836–2838 (2004). \*
- Perederina A., Svetlov V., Vassilyeva M. N., Tahirov T., Yokoyama S., Artsimovitch I., and Vassilyev D. G.: "Regulation through the secondary channel: Structural framework for ppGpp-DksA synergism during transcription", *Cell* **118**, 297–309 (2004). \*
- Hirao I., Harada Y., Kimoto M., Mitsui T., Fujiwara T., and Yokoyama S.: "A two-unnatural-base-pair system toward the expansion of the genetic code", *J. Am. Chem. Soc.* **126**, 13298–13305 (2004). \*
- Arai R., Ito K., Wakiyama M., Matsumoto E., Sakamoto A., Eto Y., Otsuki M., Inoue M., Hayashizaki Y., Miyagishi M., Taira K., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "Establishment of stable hFis1 knockdown cells with an siRNA expression vector", *J. Biochem.* **136**, 421–425 (2004). \*
- Svetlov V., Vassilyev D. G., and Artsimovitch I.: "Discrimination against deoxyribonucleotide substrates by bacterial RNA polymerase", *J. Biol. Chem.* **279**, 38087–38090 (2004). \*
- Scott J. A., Pantoja-Uceda D., Koshiba S., Inoue M., Kigawa T., Terada T., Shirouzu M., Tanaka A., Sugano S., Yokoyama S., and Guentert P.: "NMR assignment of the SH2 domain from the human feline sarcoma oncogene FES", *J. Biomol. NMR* **30**, 463–464 (2004). \*
- Tahirov T., Inagaki E., Ohshima N., Kitao T., Kuroishi C., Ukita Y., Takio K., Kobayashi M., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Miyano M.: "Crystal structure of purine nucleoside phosphorylase from *Thermus thermophilus*", *J. Mol. Biol.* **337**, 1149–1160 (2004). \*
- Matsumoto F., Makino K., Maeda K., Maéda Y., and Fujiwara S.: "Conformational changes of troponin C within the thin filaments detected by neutron scattering", *J. Mol. Biol.* **342**, 1209–1221 (2004). \*
- Nishimura M., Yoshida T., Shirouzu M., Terada T., Kuramitsu S., Yokoyama S., Ohkubo T., and Kobayashi Y.: "Solution structure of ribosomal protein L16 from *Thermus thermophilus* HB8", *J. Mol. Biol.* **344**, 1369–1383 (2004). \*
- Kamatari Y., Kitahara R., Yamada H., Yokoyama S., and Akasaka K.: "High-pressure NMR spectroscopy for characterizing folding intermediates and denatured states of proteins", *Methods* **34**, 133–143 (2004). \*
- Jiang M., Ma N., Vassilyev D. G., and McAllister W.: "RNA displacement and resolution of the transcription bubble during transcription by T7 RNA polymerase", *Mol. Cell* **15**, 777–788 (2004). \*
- Tomita K., Fukai S., Ishitani R., Ueda T., Takeuchi N., Vassilyev D. G., and Nureki O.: "Structural basis for template-independent RNA polymerization", *Nature* **430**, 700–704 (2004). \*
- Yamasaki K., Kigawa T., Inoue M., Tateno M., Yamasaki T., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Tomo Y., Hayami N., Terada T., Shirouzu M., Osanai T., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., and Yokoyama S.: "Solution structure of the B3 DNA binding domain of the *Arabidopsis* cold-responsive transcription factor RAV1",

- Plant Cell **16**, 3448–3459 (2004). \*
- Suetsugu (Hanawa) K., Sekine S., Sakai H., Hori-Takemoto C., Terada T., Unzai S., Tame J. R., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Crystal structure of elongation factor P from *Thermus thermophilus* HB8”, Proc. Natl. Acad. Sci. USA **101**, 9595–9600 (2004). \*
- Reay P., Yamasaki K., Terada T., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Structural and sequence comparisons arising from the solution structure of the transcription elongation factor NusG from *Thermus thermophilus*”, Proteins: Struct., Funct., Bioinf. **56**, 40–51 (2004). \*
- Kishishita S., Tatsuguchi A., Nakayama R., Terada T., Kuramitsu S., Park S., Tame J. R., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Crystal structure of a conserved hypothetical protein TT1751 from *Thermus thermophilus* HB8”, Proteins: Struct., Funct., Bioinf. **57**, 883–887 (2004). \*
- Wang H., Hori-Takemoto C., Murayama K., Sakai H., Tatsuguchi A., Terada T., Shirouzu M., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Crystal structure of ribosomal protein L27 from *Thermus thermophilus* HB8”, Protein Sci. **13**, 2806–2810 (2004). \*
- Niino-kukimoto M., Murayama K., Kato-Murayama M., Idaka M., Bessho Y., Tatsuguchi A., Nakayama R., Terada T., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Crystal structures of possible lysine decarboxylases from *Thermus thermophilus* HB8”, Protein Sci. **13**, 3038–3042 (2004). \*
- Nureki O., Watanabe K., Fukai S., Ishii R., Endo Y., Hori H., and Yokoyama S.: “Deep knot structure for construction of active site and cofactor binding site of tRNA modification enzyme”, Structure **12**, 593–602 (2004). \*
- Nikulin A., Stolboushkina E., Perederina A., Vassilieva I., Blaesi U., Moll I., Kachalova G., Yokoyama S., Vassilyev D. G., Garber M., and Nikonov S.: “Structure of *Pseudomonas aeruginosa* Hfq protein”, Acta Cryst. D **61**, 141–146 (2005). \*
- Murayama K., Kato-Murayama M., Katsura K., Uchikubo T., Yamaguchi-Hirafuji M., Kawazoe M., Akasaka R., Suetsugu (Hanawa) K., Hori-Takemoto C., Terada T., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Structure of a putative *trans*-editing enzyme for prolyl-tRNA synthetase from *Aeropyrum pernix* K1 at 1.7 Å resolution”, Acta Cryst. F **61**, 26–29 (2005). \*
- Fukunaga R., Ishitani R., Nureki O., and Yokoyama S.: “Crystallization of leucyl-tRNA synthetase complexed with tRNA<sup>Leu</sup> from the archaeon *Pyrococcus horikoshii*”, Acta Cryst. F **61**, 30–32 (2005). \*
- Padmanabhan B., Scharlock M., Tong K. I., Nakamura Y., Kang M., Kobayashi A., Matsumoto T., Tanaka A., Yamamoto M., and Yokoyama S.: “Purification, crystallization and preliminary X-ray diffraction analysis of the Kelch-like motif region of mouse Keap1”, Acta Cryst. F **61**, 153–155 (2005). \*
- Nishimura S., Matsunaga S., Yoshida M., Hirota H., Yokoyama S., and Fusetani N.: “13-Deoxytedanolide, a marine sponge-derived antitumor macrolide, binds to the 60S large ribosomal subunit”, Bioorg. Med. Chem. **13**, 449–454 (2005). \*
- Tokmakov A. A., Iwasaki T., Itakura S., Sato K., Shirouzu M., Fukami Y., and Yokoyama S.: “Regulation of Src kinase activity during *Xenopus* oocyte maturation”, Dev. Biol. **278**, 289–300 (2005). \*
- Tanaka Y., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: “CpG methylation of the CENP-B box reduces human CENP-B binding”, FEBS J. **272**, 282–289 (2005). \*
- 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”, IEEE Trans. Appl. Supercond. **14**, 1608–1612 (2005). \*
- Fukunaga R. and Yokoyama S.: “Crystal structure of leucyl-tRNA synthetase from the archaeon *Pyrococcus horikoshii* reveals a novel editing domain orientation”, J. Mol. Biol. **346**, 57–71 (2005). \*
- Kobayashi T., Takimura T., Sekine R., Vincent K., Kamata K., Sakamoto K., Nishimura S., and Yokoyama S.: “Structural snapshots of the KMSKS loop rearrangement for amino acid activation by bacterial Tyrosyl-tRNA synthetase”, J. Mol. Biol. **346**, 105–117 (2005). \*
- Kitahara R., Yokoyama S., and Akasaka K.: “NMR snapshots of a fluctuating protein structure: Ubiquitin at 30 bar-3 kbar”, J. Mol. Biol. **347**, 277–285 (2005). \*
- Sakai H., Wang H., Hori-Takemoto C., Kaminishi T., Yamaguchi H., Kamewari Y., Terada T., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Crystal structures of the signal transducing protein GlnK from *Thermus thermophilus* HB8”, J. Struct. Biol. **149**, 99–110 (2005). \*
- Hall J. F., Ellis M. J., Kigawa T., Yabuki T., Matsuda T., Seki E., Hasnain S. S., and Yokoyama S.: “Towards the high-throughput expression of metalloproteins from the *Mycobacterium tuberculosis* genome”, J. Synchrotron Rad. **12**, 4–7 (2005). \*
- Hino N., Okazaki Y., Kobayashi T., Hayashi A., Sakamoto K., and Yokoyama S.: “Protein photo-cross-linking in mammalian cells by site-specific incorporation of a photoreactive amino acid”, Nat. Methods **2**, 201–206 (2005). \*
- Kobayashi T., Sakamoto K., Takimura T., Sekine R., Vincent K., Kamata K., Nishimura S., and Yokoyama S.: “Structural basis of nonnatural amino acid recognition by an engineered aminoacyl-tRNA synthetase for genetic code expansion”, Proc. Natl. Acad. Sci. USA **102**, 1366–1371 (2005). \*
- Seto A., Murayama K., Toyama M., Ebihara A., Nakagawa N., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “ATP-induced structural change of dephosphocoenzyme

- A kinase from *Thermus thermophilus* HB8”, *Proteins: Struct., Funct., Bioinf.* **58**, 235–242 (2005). \*
- Lokanath N. K., Kuroishi C., Okazaki N., and Kunishima N.: “Crystal structure of a component of glycine cleavage system: T-protein from *Pyrococcus horikoshii* OT3 at 1.5 Å resolution”, *Proteins: Struct., Funct., Bioinf.* **58**, 769–773 (2005). \*
- Murayama K., Shirouzu M., Terada T., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Crystal structure of TT1662 from *Thermus thermophilus* HB8: A member of the  $\alpha/\beta$  hydrolase fold enzymes”, *Proteins: Struct., Funct., Bioinf.* **58**, 982–984 (2005). \*
- Pantoja-Uceda D., Lopez-Mendez B., Koshiha S., Inoue M., Kigawa T., Terada T., Shirouzu M., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., Yokoyama S., and Guentert P.: “Solution structure of the rhodanese homology domain At4g01050(175–295) from *Arabidopsis thaliana*”, *Protein Sci.* **14**, 224–230 (2005). \*
- Nameki N., Tochio N., Koshiha S., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Fujikura Y., Saito M., Ikari M., Watanabe M., Terada T., Shirouzu M., Yoshida M., Hirota H., Tanaka A., Hayashizaki Y., Guentert P., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Solution structure of the PWWP domain of the hepatoma-derived growth factor family”, *Protein Sci.* **14**, 756–764 (2005). \*
- Niino-kukimoto M., Shibata R., Murayama K., Hamana H., Nishimoto M., Bessho Y., Terada T., Shirouzu M., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Crystal structure of a predicted phosphoribosyltransferase (TT1426) from *Thermus thermophilus* HB8 at 2.01 Å resolution”, *Protein Sci.* **14**, 823–827 (2005). \*
- (総説)
- 伊藤拓宏, 関根俊一, 横山茂之: “RNA の構造生物学: 転写から翻訳まで”, *実験医学* **22**, 2378–2384 (2004).
- 杵淵隆, 胡桃坂仁志, 横山茂之: “DNA 組換えを行うタンパクシステム”, *生体の科学* **55**, 390–392 (2004).
- 新井亮一, 白水美香子, 横山茂之, 廣田洋: “Tagged-MS 法”, *蛋白質 核酸 酵素* **49**, 2763–2767 (2004).
- 横山茂之: “世界のタンパク質研究: 米国は第 2 段階へ, EU も新計画”, *Science & Technology Journal* **14**, No. 2, pp. 22–23 (2005).
- 横山茂之: “構造プロテオミクス研究の展開”, *実験医学* **23**, 247–253 (2005).
- 田仲昭子, 平井昭光, 原井大介, 中山圭太郎, 藤井敦子, 横山茂之: “網羅的タンパク質研究における知的財産管理”, *知財管理* **55**, No. 1, pp. 65–76 (2005).
- DEAD-box RNA helicase in the RNA- and ATP-bound form”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Fukunaga R., Fukai S., Ishitani R., Nureki O., and Yokoyama S.: “Crystal structure of the CP1 domain from *Thermus thermophilus* isolucyl-tRNA synthetase and its complex with l-valine”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Kitahara R., Yokoyama S., and Akasaka K.: “Detecting conformational fluctuation of ubiquitin with variable-pressure NMR”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Nishimura M., Yoshida T., Shirouzu M., Terada T., Kuramitsu S., Yokoyama S., Ohkubo T., and Kobayashi Y.: “Solution structure of ribosomal L16 from *Thermus thermophilus*”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Kamatari Y., Sawano H., Li H., Yamada H., Yokoyama S., and Akasaka K.: “Temperature dependent conformational changes of  $\alpha$ -synuclein observed by CD and NMR spectroscopy”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Yokoyama S.: “RIKEN Structural Genomics/Proteomics Initiative-crystallography effort”, RIKEN-CCLRC Daresbury Symp.: Structural Biology, Oxford, UK, May (2004).
- Yamasaki K., Kigawa T., Inoue M., Tateno M., Yamasaki T., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Hayami N., Ishizuka Y., Terada T., Shirouzu M., Osanai T., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., and Yokoyama S.: “Structural genomics of plant-specific transcription factor DNA-binding domains”, URGV-RIKEN Genome Sciences Center Meet, Evry, France, May (2004).
- Yokoyama S.: “Structural proteomics of thermophiles and higher eukaryotes”, 10th Int. Conf. on the Crystallization of Biological Macromolecules (ICCBM10), Beijing, China, June (2004).
- Perederina A., Svetlov V., Vassylyeva M. N., Yokoyama S., Artsimovitch I., and Vassylyev D. G.: “Regulation through the secondary channel-structural framework for ppGpp-DksA synergism during transcription”, 2004 FASEB Summer Research Conf. on Nucleic Acids Enzymes, Saxtons River, USA, June (2004).
- Yokoyama S.: “Structural biology of RNA-protein systems”, Int. Conf. in Honor of Kimitsuna Watanabe, Tokyo, June (2004).
- Tomita K., Fukai S., Ishitani R., Takeuchi N., Vassylyev D. G., and Nureki O.: “Crystal structure of tRNA nucleotidyltransferase complexed with a primer tRNA and analog of incoming ATP”, 2004 Int. Conf. on Aminoacyl-

#### □ 頭 発 表 Oral Presentations

(国際会議等)

- Hirao I. and Yokoyama S.: “Unnatural base pairs for a cell-free transcription-translation system”, 20th tRNA Workshop 2003, (Deutsche Forschungsgemeinschaft and others), Banz, Germany, Oct. (2003).
- Sengoku T., Nureki O., Nakamura A., Kobayashi S., and Yokoyama S.: “Contracted inchworm structure of Vasa

- tRNA Synthetases: Ancient Molecules for Future Biology and Medicine (ARS2004), Seoul, Korea, July (2004).
- Fukunaga R., Sekine S., and Yokoyama S.: “Crystal structures of class-I aminoacyl-tRNA synthetases and editing domains complexed with substrates/analogues”, 2004 Int. Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases: Ancient Molecules for Future Biology and Medicine (ARS2004), Seoul, Korea, July (2004).
- Fukunaga R. and Yokoyama S.: “Structural basis for the non-cognate amino acid editing by isoleucyl-tRNA synthetase”, 2004 Int. Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases: Ancient Molecules for Future Biology and Medicine (ARS2004), Seoul, Korea, July (2004).
- Sekine S., Nureki O., Dubois D., Bemier S., Cheever R., Lapointe J., Vassilyev D. G., and Yokoyama S.: “Structural basis for the tRNA-dependent amino-acid activation by glutamyl-tRNA synthetase”, 2004 Int. Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases: Ancient Molecules for Future Biology and Medicine (ARS2004), Seoul, Korea, July (2004).
- Kobayashi T., Sakamoto K., Takimura T., Nishimura S., and Yokoyama S.: “Structural basis of 3-iodo-L-tyrosine recognition by an engineered tyrosyl-tRNA synthetase”, 2004 Int. Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases: Ancient Molecules for Future Biology and Medicine (ARS2004), Seoul, Korea, July (2004).
- Hirao I. and Yokoyama S.: “The development of an efficient unnatural base pair toward the expansion of the genetic code”, 2004 Int. Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases: Ancient Molecules for Future Biology and Medicine (ARS2004), Seoul, Korea, July (2004).
- Hisanaga Y., Ago H., Nakagawa N., Hamada K., Ida K., Yamamoto M., Hori T., Arai Y., Sugahara M., Mori H., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Miyano M.: “Structural basis of the substrate specific two-step catalysis of long chain fatty acyl-coa synthetase dimer”, 5th Int. Conf. on Lipid Binding Proteins, Zao, Sept. (2004).
- Imataka H., Masutani M., Mikami S., Sonenberg N., and Yokoyama S.: “Reconstitution of eukaryotic multi-protein translation factors eIF3 and eIF2B”, Cold Spring Harbor Laboratory Meet. on Translational Control (2004), Cold Spring Harbor, USA, Sept. (2004).
- Hall J. F., Ellis M. J., Kigawa T., Yabuki T., Matsuda T., Seki E., Hasnain S. S., and Yokoyama S.: “Cell free expression of metalloproteins”, The Consortium for Post-Genome Science 2nd Conf.: Genomes to Systems, Manchester, UK, Sept.–Sept. (2004).
- Tokmakov A. A., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Coupled transcription-and-translation in *Xenopus* oocyte expression system”, Biotechnology 2004, 12th Int. Biotechnology Symp. and Exh., (International Union of Pure and Applied Chemistry), Santiago, Chile, Oct. (2004).
- Matsumoto T. and Yokoyama S.: “Structural genomics at RIKEN”, HUPO 3rd Ann. World Congr. Beijing 2004, (Human Proteome Organisation), Beijing, China, Oct. (2004).
- Yokoyama S.: “National project on protein structural and functional analyses in Japan”, SPINE Cong. 2004, (Structural Proteomics In Europe), London, UK, Oct. (2004).
- Saito K., Yokoyama S., and Hirota H.: “Identification of calmodulin-binding peptides by partial-filling affinity capillary electrophoresis equipped with mass spectrometric detector”, 1st Asia-Pacific Int. Peptide Symp./41st Japanese Peptide Symp., Fukuoka, Oct.–Nov. (2004).
- Kuramitsu S., Ebihara A., Kanagawa M., Kuroishi C., Sato S., Agari Y., Iino H., Kashihara A., Kira S., Yanai H., Imagawa T., Nakagawa N., Masui R., Bessho Y., Hori-Takemoto C., Handa N., Kishishita S., Niino-kukimoto M., Kaminishi T., Wang H., Mizohata E., Shibata R., Kato-Murayama M., Kawazoe M., Arai R., Toyama M., Kunishima N., Tahirov T., Sekine S., Shinkai A., Vassilyev D. G., Murayama K., Terada T., Shirouzu M., Miki K., and Yokoyama S.: “A structural and functional whole-cell project for the model organism, *Thermus thermophilus* HB8”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Yoshitani N., Sato K., Saito K., Suzuki S., Hatanaka H., Seki M., Shinozaki K., Hirota H., and Yokoyama S.: “A structure-based strategy for discovery of small ligands binding to functionally unknown proteins: Combination of *in silico* screening and surface plasmon resonance measurements”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Nakamura Y., Umehara T., Shirouzu M., Morita S., Tochio H., Hamana H., Terada T., Tanaka A., Horikoshi M., Padmanabhan B., and Yokoyama S.: “Crystal structural analysis of N-terminal bromodomain (BD1) of BRD2/RING3 protein”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Lokanath N. K., Kuroishi C., Okazaki N., and Kunishima N.: “Crystal structure of a glycine cleavage system: T-protein from *Pyrococcus horikoshii* OT3 at 1.5 Å resolution”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Shirouzu M., Murayama K., Kishishita S., Kaminishi T., Terada T., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Crystal structures of S-adenosyl-methionine dependent methyltransferases”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).

- Kishishita S., Murayama K., Terada T., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Crystal structures of TT1512 and TT1679 from *Thermus thermophilus* HB8”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Yabuki T., Seki E., Fujikura Y., Inoue M., Aoki M., Tomo Y., Tanaka A., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Experiment information management system for high-throughput protein synthesis and screening”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Kobayashi N., Koshihara S., Guentert P., Kigawa T., and Yokoyama S.: “KUIJIRA, a package of integrated modules for systematic and interactive analysis of NMR data: Application to quick and accurate structure analysis in combination with CYANA calculations”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Zhao C., Saito K., Koshihara S., Suzuki S., Muto Y., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Tomo Y., Seki E., Terada T., Shirouzu M., Tanaka A., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: “NMR structure of a novel ubiquitin-like protein, mouse UBL3”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Li H., Saito K., Koshihara S., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Tomo Y., Seki E., Terada T., Shirouzu M., Tanaka A., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Solution structure of the tudor domain from murine Myst1 protein”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Hirota H., Higuchi Y., Abe T., Hamada T., Onuki H., Doi-Katayama Y., Zhao C., Kamatari Y., Izumi K., Momen A., Ohashi W., Hayashi F., Muto Y., Saito K., Koshihara S., Kigawa T., Yoshida M., Shirouzu M., Terada T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., and Yokoyama S.: “Structural and functional analysis of UBA domain proteins”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Yokoyama S.: “Structural proteomics projects in Asia and the Pacific”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Murayama K., Shirouzu M., Terada T., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Systematic structural analyses for bacterial proteins”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Yokoyama S.: “Current status of structural proteomics”, Frontiers of Proteomics: Aims and Perspectives, (Osaka University), Toyonaka, Nov. (2004).
- Yokoyama S.: “Crystal structure of elongation factor P from *Thermus thermophilus* HB8”, 2004 Int. Conf. on Polyamines: Functions and Clinical Application, Kisarazu, Nov.–Dec. (2004).
- Ohashi W., Inouye S., Yamazaki T., Doi-Katayama Y., Yokoyama S., and Hirota H.: “Characterization of magnesium-binding site in the calcium-binding photoprotein aequorin by NMR analysis”, 21st Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems (21st ICMRBS), Hyderabad, India, Jan. (2005).
- Kitahara R., Yokoyama S., and Akasaka K.: “NMR snapshots of a fluctuating protein structure: Ubiquitin at 30 bar-3kbar”, 21st Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems (21st ICMRBS), Hyderabad, India, Jan. (2005).
- Okubo S., Hara F., Tsuchida Y., Shimotakahara S., Suzuki S., Hatanaka H., Yokoyama S., Tanaka H., Yasuda H., and Shindo H.: “NMR structure of the N-terminal domain of SUMO ligase PIAS1 and its interactions with regulatory factors and DNA”, 21st Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems (21st ICMRBS), Hyderabad, India, Jan. (2005).
- Hamada T., Asanuma M., Ueki T., Hayashi F., Kobayashi N., Yokoyama S., Michibata H., and Hirota H.: “Solution structure of a vanadium-binding protein, vanabin2 from the vanadium-rich ascidian, *Ascidia sydneiensis samea*”, 21st Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems (21st ICMRBS), Hyderabad, India, Jan. (2005).
- Nishimura M., Yoshida T., Shirouzu M., Terada T., Kuramitsu S., Yokoyama S., Ohkubo T., and Kobayashi Y.: “Solution Structure of ribosomal protein L16 from *Thermus thermophilus* HB8”, 21st Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems (21st ICMRBS), Hyderabad, India, Jan. (2005).
- Kurumizaka H., Kinebuchi T., Kagawa W., Enomoto R., and Yokoyama S.: “Structural and functional analyses of the human homologous-pairing protein, Dmc1”, Keystone Symp. on Mechanisms of DNA Replication and Recombination (A1), Keystone, USA, Jan. (2005).
- Yokoyama S.: “Structural proteomics of RTK signaling”, RIKEN Symp.: Int. Consortium on Systems Biology of Receptor Tyrosine Kinase Regulatory Networks (RTK Consortium), Yokohama, Jan. (2005).
- (国内会議)
- 中村祥浩, 梅原崇史, 寺田貴帆, 白水美香子, 田仲昭子, 堀越正美, Padmanabhan B., 横山茂之: “ヒト由来 Brd2/RING3 のアセチル化されたヒストン H4 認識ドメインの結晶構造解析”, 日本結晶学会平成 15 年度年会, 熊本, 12 月 (2003).

- 高橋雅人, 横田英幸, 大谷安見, 栗山透, 岡村哲至, 横山茂之, 前田秀明: “GM/J-T 冷凍機を用いた NMR プローブ冷却システムの検討”, 第 70 回 2004 年度春季低温工学・超電導学会, (低温工学会), 横浜, 5 月 (2004).
- 脇山素明, 横山茂之: “RNAi 技術のタンパク質研究への応用”, 日本組織培養学会第 77 回大会, 名古屋, 5 月 (2004).
- 田仲昭子, 横山茂之: “Structural proteomics to drug discovery”, 第 2 回ヒトプロテオーム学会, (日本ヒトプロテオーム機構), 東京, 5 月 (2004).
- 横山茂之: “核酸結合関連タンパク質の X 線構造生物学”, よこはま NMR 構造生物学研究会「第 23 回ワークショップ: X 線構造生物学の最前線」, 横浜, 6 月 (2004).
- 藤川乃り映, 胡桃坂仁志, 濡木理, 平賀壮太, 片山勉, 横山茂之: “大腸菌の複製開始を制御するタンパク質 DnaA および SeqA の DNA 認識機構”, 第 1 回 21 世紀大腸菌研究会, 沼津, 6 月 (2004).
- 横山茂之: “タンパク質の構造・機能研究の将来と HPC”, 第 1 回 HPC 研究会プログラム, (理研), 播磨, 7 月 (2004).
- 新海暁男, 柏原愛子, 倉光成紀, 横山茂之: “*Thermus thermophilus* HB8 株由来 cAMP レセプタータンパク質様因子 TT1013 の性質”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 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ンゲン III シンターゼの結晶構造”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 王宏飛, 堀-竹本千重, 村山和隆, 酒井宏明, 龍口文子, 寺田貴帆, 白水美香子, 倉光成紀, 横山茂之: “リボソームタンパク質 L27 の結晶構造解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 柴田理恵, 別所義隆, 関根俊一, 村山和隆, 酒井宏明, 川添将仁, 堀-竹本千重, 白水美香子, 倉光成紀, 横山茂之: “高度好熱菌 SmpB タンパク質の X 線結晶構造解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 川添将仁, 堀-竹本千重, 上西達也, 関根俊一, 白水美香子, 横山茂之: “高度好熱菌 Era の X 線結晶構造解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 新野睦子, 村山和隆, 村山美幸, 井高美紀, 寺田貴帆, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “高度好熱菌由来 2 つの possible lysine decarboxylase の X 線結晶構造解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 岸下誠一郎, 村山和隆, 白水美香子, 倉光成紀, 横山茂之: “*Thermus thermophilus* HB8 由来機能未知タンパク質 TT1512, および TT1679 の X 線結晶構造解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 酒井宏明, 王宏飛, 竹本(堀)千重, 上西達也, 山口寛人, 亀割友紀, 寺田貴帆, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “高度好熱菌 HB8 由来シグナル伝達蛋白質 GlnK の結晶構造”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 村山和隆, 岸下誠一郎, 上西達也, 白水美香子, 倉光成紀, 横山茂之: “リボソーム及び翻訳因子の修飾”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 横山茂之: “tRNA の修飾”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 寺田貴帆, 白水美香子, 堀-竹本千重, 村山和隆, 関根俊一, 別所義隆, 半田徳子, 新野睦子, 岸下誠一郎, 王宏飛, 上西達也, 末次(埜)京子, 溝端栄一, Ihsanawati . . . , Pioszak A. A., Padmanabhan B., 新井亮一, 酒井宏明, 川添将仁, 中山亮子, 龍口文子, 亀割友紀, 濱名宏章, 大林尚美, 山口(平藤)真智子, 加藤(村山)美幸, 井高美紀, 柴田理恵, 伊東夏織, 桂一茂, 内窪友美, 房富絵美子, 漆畑晶子, 西野綾, 赤坂領吾, 中川紀子, 増井良治, 倉光成紀, 横山茂之: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来の転写・翻訳系および機能未知タンパク質の立体構造解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 上西達也, 酒井宏明, 堀-竹本千重, 寺田貴帆, 中川紀子, 真岡伸子, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “リボソームタンパク質 L11 メチル基転移酵素 PrmA のメチル基転移活性の構造基盤”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 福永流也, 横山茂之: “イソロイシル tRNA 合成酵素, パリル tRNA 合成酵素による校正反応の構造的基盤”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 竹本(堀)千重, 末次(埜)京子, 川添将仁, 上西達也, 王宏飛, 寺田貴帆, 白水美香子, 関根俊一, 横山茂之: “リボソームと協働する高度好熱菌由来タンパク質の解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 横山茂之: “転写と翻訳”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 新海暁男, 柏原愛子, 大林尚美, 寺田貴帆, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “*Thermus thermophilus* HB8 における転写: CRP 様因子及び SigmaE 様因子の生化学的性質”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 別所義隆, 加藤(村山)美幸, 村山和隆, 寺田貴帆, 白水美香子, 倉光成紀, 横山茂之: “tRNA スプライシング関連酵素の立体構造解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 新海暁男, 大林尚美, 寺田貴帆, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “*Thermus thermophilus* HB8 株由来  $\sigma E$  様因子 TT0799 の発現, 精製, 及び活性”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 関根俊一, 横山茂之: “アミノアシル tRNA 合成酵素: 構造の多様性と進化”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 今高寛晃, 三上暁, 舩谷真美子, 横山茂之: “キャップ非依存性/ 5'-末端依存性翻訳開始のメカニズム”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, (日本 RNA 学会), 熊本, 8 月 (2004).

- 別所義隆, 加藤(村山) 美幸, 村山和隆, 寺田貴帆, 白水美香子, 横山茂之: “古細菌 RNA2' リン酸転移酵素の立体構造解析”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 黒川さゆり, 別所義隆, 東島今日子, 白水美香子, 横山茂之, 大浜武: “イントロンのホーミング酵素が切断可能な標的 DNA 配列の不合理性”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 脇山素明, 松本知子, 横山茂之: “Drosophila U6 プロモーターで発現させた shRNA による S2 細胞での RNAi”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 末次(埜) 京子, 関根俊一, 酒井宏明, 竹本(堀) 千重, 寺田貴帆, 雲財悟, Tame J. R., 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “Crystal structure of elongation factor P from *Thermus thermophilus* HB8”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 原田洋子, 堀弘幸, 遠藤弥重太, 横山茂之, 平尾一郎: “Gm-methylase によってメチル化される RNA アプタマーの二次構造解析”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 堀弘幸, 渡辺和則, 深井周也, 武田裕嗣, 岡本裕智, 石井亮平, 遠藤弥重太, 横山茂之, 濡木理: “RNA メチル化酵素を構造と反応機構にもとづいて分類する”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 石井亮平, 皆川麻子, 高久洋暁, 高木正道, 梨本正之, 横山茂之: “*Thermotoga maritima* 由来 tRNase Z の X 線結晶構造解析”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 何発虎, 武藤裕, 中山亮子, 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., 河合純, 林崎良英, 横山茂之: “スプライシング因子 SF4 蛋白質の SURP ドメインの立体構造解析”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 柳沢達男, 石井亮平, 福永流也, 濡木理, 横山茂之: “メタン生成古細菌 *Methanosarcina mazei* 由来アミノシル-tRNA 合成酵素様タンパク質 PylS の X 線結晶構造解析”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 福永流也, 横山茂之: “ロイシル tRNA 合成酵素・tRNA<sup>Leu</sup> 複合体の X 線結晶構造解析”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 嶋勇樹, 鈴木勉, 寺田貴帆, 白水美香子, 横山茂之, 渡辺公綱: “高度好熱菌 tRNA に特異に存在する修飾塩基 s<sup>2</sup>T の合成機構”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 横山茂之: “構造プロテオミクス研究”, 第 4 回薬学会創薬ビジョンシンポジウム, (日本薬学会), 東京, 9 月 (2004).
- 横山茂之: “構造プロテオミクス研究”, 羊土社創立 25 周年記念特別セミナー「バイオサイエンス研究と技術革新のブレークスルー&さらなる展望」, 東京, 9 月 (2004).
- 横山三紀, 木村智子, 加来寛明, 井上みお, 海津陽子, 脇山素明, 白水美香子, 横山茂之, 堅田利明, 平林義雄, 高津聖志, 柳下正樹: “CD38-糖脂質相互作用を介した B 細胞シグナルの活性化”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 坂本恵香, 新井亮一, 齊藤由美, 衛藤夕夏, 松本英子, 伊東夏織, 井上みお, 高木哲雄, 寺田貴帆, 白水美香子, 横山茂之: “Comprehensive analyses of unknown-function proteins/domains: identification of binding proteins using immunoprecipitation and mass spectrometry”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 松本英子, 新井亮一, 衛藤夕夏, 井上みお, 白水美香子, 横山茂之: “Comprehensive analyses of unknown-function proteins/domains: analysis of intracellular localization using YFP-fusion proteins”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 津金沢恵子, 新井亮一, 別所義隆, 衛藤夕夏, 寺田貴帆, 白水美香子, 横山茂之: “Comprehensive analyses of unknown-function proteins/domains: analysis of protein-DNA interaction”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 寺澤ゆみこ, 吉川征子, 新井亮一, 坂本恵香, 衛藤夕夏, 榎本りま, 伊東夏織, 松本英子, 井上みお, 齊藤由美, 寺田貴帆, 白水美香子, 横山茂之: “Comprehensive analyses of unknown-function proteins/domains: identification of binding proteins by yeast two-hybrid screening”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 西本まどか, 新井亮一, 外山光俊, 寺田貴帆, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “Conserved hypothetical protein TT1642 of *Thermus thermophilus* HB8 binds to glutamine synthetase and cystathionine beta-lyase”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 齊藤由美, 新井亮一, 小西史一, 福崎昭伸, 畠山真里子, 井手香, 小長谷明彦, 外山光俊, 竹本(堀) 千重, 増井良治, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “Proteome analysis of extremely thermophilic bacterium *Thermus thermophilus* HB8”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 伊東夏織, 新井亮一, 脇山素明, 松本英子, 坂本恵香, 衛藤夕夏, 大槻真紀子, 井上みお, 林崎良英, 宮岸真, 多比良和誠, 白水美香子, 横山茂之: “RNA interference analysis of mammalian Fis1, involved in mitochondrial fission”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 西村光広, 吉田卓也, 白水美香子, 寺田貴帆, 倉光成紀, 横山茂之, 大久保忠恭, 小林祐次: “Solution structure of ribosomal protein L16”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 柴田理恵, 別所義隆, 関根俊一, 村山和隆, 酒井宏明, 川添将仁, 竹本(堀) 千重, 白水美香子, 倉光成紀, 横山茂之: “X-ray structure analysis of the tRNA domain of tmRNA from *Thermus thermophilus*”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 横山茂之: “タンパク質の構造・機能研究と HPC”, 第 2 回理研 HPC 研究会, 横浜, 10 月 (2004).
- 北原亮, 横山茂之, 赤坂一之: “高圧 NMR 法による静水圧 3000 気圧下の蛋白質の立体構造解析”, 第 45 回高圧討論会シンポジウム「高圧極限環境と生物科学最前線」, (日本高圧力学会), 滋賀県草津, 10 月 (2004).
- 福崎智数, 前田秀明, 横山茂之, 木吉司: “高磁界 NMR マグ

- ネット用超伝導接続の開発”, 2004 年度秋季低温工学・超電導学会, 八戸, 11 月 (2004).
- 河合利恵, 木本路子, 三井雅雄, 横山茂之, 平尾一郎: “Base-pair expanded transcription による RNA の部位特異的蛍光標識”, 第 31 回核酸化学シンポジウム, 東京, 11 月 (2004).
- 胡桃坂仁志, 杵淵隆, 香川亘, 横山茂之: “DNA 複製・修復”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 木川隆則, Guentert P., 前田秀明, 小柴生造, 小林直宏, 横山茂之: “NMR 解析”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 別所義隆, 武藤裕, 横山茂之: “RNA のプロセッシングと修飾”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 国島直樹, 村山和隆, 横山茂之: “X 線結晶構造解析”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 横山茂之: “「網羅的解析プログラムの成果について」中間報告”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 白水美香子, 斉藤講平, 横山茂之: “シグナル伝達系”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 横山茂之: “解析ターゲット”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 廣田洋, 田仲昭子, 横山茂之: “機能解析と応用”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 井上真, 寺田貴帆, 横山茂之: “試料の調製”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 松本武久, 佐藤万仁, 横山茂之: “重症急性呼吸器症候群 (SARS)”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 新海暁男, Padmanabhan B., 横山茂之: “転写”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 関根俊一, 堀-竹本千重, 横山茂之: “翻訳”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 秦旭榮, 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, 関原明, 篠崎一雄, 横山茂之: “Solution structure of a beta-grasp fold like domain At3g63000 from *Arabidopsis thaliana*”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 高橋雅人, 堀内崇, 菊地淳, 横山茂之, 前田秀明: “500 MHz NMR 用 4 ケルビン極低温プローブの開発”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 堀内崇, 高橋雅人, 菊地淳, 横山茂之, 前田秀明: “930 MHz 極低温プローブモデルの Q 値に及ぼすサンプル誘電特性の効果”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 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, 松田貴意, 関英子, 廣田洋, 好田真由美, 田仲昭子, 林崎良英, 横山茂之: “Solution structure of a murine hypothetical protein from RIKEN cDNA 2310057J16”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 樋口雄一郎, 阿部孝政, 大貫裕之, 濱田季之, 片山由貴子, 趙晨華, 鎌足雄司, 林文晶, 斉藤講平, 富澤忠, 小柴生造, 木川隆則, 泉顕也, 好田真由美, 白水美香子, 寺田貴帆, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 関原明, 篠崎一雄, 横山茂之, 廣田洋: “UBA ドメイン類の構造解析と構造-機能相関研究”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 米山操, 行木信一, 栃尾尚哉, 小柴生造, 井上真, 好田真由美, 廣田洋, 白水美香子, 寺田貴帆, 青木雅昭, 鞆康子, 関英子, 藤倉由紀子, 矢吹孝, 田仲昭子, 関原明, 篠崎一雄, 木川隆則, 横山茂之: “シロイヌナズナ構造プロテオミクス: SWIB ドメインの立体構造解析”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 栃尾尚哉, 小柴生造, 井上真, 好田真由美, 廣田洋, 白水美香子, 寺田貴帆, 青木雅昭, 鞆康子, 関英子, 藤倉由紀子, 矢吹孝, 田仲昭子, 木川隆則, 小原收, 横山茂之: “ヒト構造プロテオミクス: MAST205 タンパク質の N 末端ドメインと相同性の高いヒト MAST3 タンパク質ドメインの構造解析”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 濱田季之, 浅沼三和子, 植木龍也, 林文晶, 小林直宏, 横山茂之, 道端齋, 廣田洋: “ホヤ由来バナディウム結合タンパク質 Vanabin2 の構造とバナジウムとの相互作用に関する研究”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 阿部孝政, 廣田洋, 安室憲一, 富澤忠, 小柴生造, 寺田貴帆, 白水美香子, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 松田貴意, 関英子, 木川隆則, 好田真由美, 田仲昭子, 松尾洋, 荒川貴博, Carninci P., 河合純, 林崎良英, Guentert P., 横山茂之: “マウス構造プロテオミクス: SNARE タンパク質 Vti1a N 末端ドメインの構造と機能”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 遠藤弘, 八田玲子, 林文晶, 好田真由美, 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, 林崎良英, 横山茂之: “マウス構造プロテオミクス: 構造解析ハイスループット化の実際—MSP ドメイン, DUF232 を例にして”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 赤坂一之, 北原亮, 横山茂之: “高圧 NMR 法による蛋白質の構造・ダイナミクス解析: ユビキチン 30-3000 気圧”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).

- 木川隆則, 武藤裕, 林文晶, 山崎和彦, 廣田洋, 山崎俊夫, Guentert P., 前田秀明, 好田真由美, 白水美香子, 田仲昭子, 林崎良英, 篠崎一雄, 小原收, 菅野純夫, 横山茂之: “高等動植物の構造プロテオミクス”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 富澤忠, 小柴生造, 井上真, 齊藤講平, 泉頭也, 根本暢明, 朝倉克夫, 高杉憲司, 木吉司, 好田真由美, 廣田洋, 白水美香子, 寺田貴帆, 青木雅昭, 鞆康子, 関英子, 藤倉由紀子, 矢吹孝, 田仲昭子, 林崎良英, 関原明, 篠崎一雄, 木川隆則, 横山茂之: “高等動植物構造プロテオミクス: zf-AN1 ドメインの網羅的構造解析”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 土田有紀, 大久保征治, 原太志, 田代桜子, 鈴木咲良, 島中秀樹, 横山茂之, 田中弘文, 安田秀世, 神藤平三郎: “SUMO(E3) リガーゼ PIAS1 の SAP-like domain は転写調節因子ならびに DNA の認識に関与する”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 三上暁, 舛谷真美子, 今高寛晃, 横山茂之: “ヒト由来細胞を用いた無細胞系タンパク質合成による糖タンパク質の大量合成システムの開発”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 小宮健, 坂本健作, 横山茂之, 萩谷昌巳, Rose J.: “DNA1 分子でプログラムを実装する分子機械の動作解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 川添将仁, 堀-竹本千重, 上西達也, 関根俊一, 白水美香子, 横山茂之: “高度好熱菌 Era の構造と機能の解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- Tokmakov A. A., 寺澤ゆみこ, 白水美香子, 横山茂之: “Estimation of the relative abundance of mRNAs for PDK isozymes in *Xenopus* oocytes and somatic tissues by a novel BLAST score-based method”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 何発虎, 武藤裕, 濱名宏章, 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, 小原收, 長瀬隆弘, 菊野玲子, 中山学, 林崎良英, 横山茂之: “NMR structure of a novel domain WWE”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 寺澤ゆみこ, Tokmakov A. A., 白水美香子, 横山茂之: “Presence of multiple transcripts of pyruvate dehydrogenase kinase gene in the maternal RNA pool of *Xenopus* oocytes”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 板倉宏治, 本橋理恵, 坂本健作, 押澤正, 鈴木孝昌, 山口芳樹, 加藤晃一, 横山茂之: “アンバー・サブプレッション法によるタンパク質の部位特異的標識”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 趙晨華, 齊藤講平, 小柴生造, 鈴木咲良, 武藤裕, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 鞆康子, 関英子, 寺田貴帆, 白水美香子, 田仲昭子, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “Solution NMR structure of a novel ubiquitin-like protein, mouse UBL3”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 鈴木咲良, 武藤裕, 島中秀樹, Tame J. R., 井上真, 木川隆則, 石塚芳子, 寺田貴帆, 白水美香子, 林崎良英, 横山茂之: “Solution structure of the PCI domain”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 宮本和英, 武藤裕, 柄尾尚哉, 小柴生造, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 鞆康子, 関英子, 寺田貴帆, 白水美香子, 田仲昭子, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “Solution structure of the RING-H2 finger domain of mouse Deltex protein 2”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 稲留香奈子, 武藤裕, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 横山茂之: “Solution structure of the RNA recognition motif (RRM) of a putative tumor suppressor LUCA-15/RNA binding motif protein 5 (RBM 5)”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 李華, 齊藤講平, 小柴生造, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 鞆康子, 関英子, 寺田貴帆, 白水美香子, 田仲昭子, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “Solution structure of the tudor domain from murine Myst1 protein”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 永田崇, 武藤裕, 白水美香子, 寺田貴帆, 井上真, 木川隆則, 林崎良英, 横山茂之: “Structural analysis of mouse poly(A)-specific ribonuclease”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 齊藤講平, 小柴生造, 井上真, 青木雅昭, 鞆康子, 矢吹孝, 松田貴意, 関英子, 寺田貴帆, 小原收, 田仲昭子, 白水美香子, 木川隆則, 横山茂之: “Structural comparison of three CAP-Gly domains in CYLD protein”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 脇山素明, 海津陽子, 横山茂之: “*Drosophila* S2 細胞ライセートを用いた転写・翻訳共役無細胞タンパク質合成”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 葛西卓磨, 木川隆則, 林崎良英, 横山茂之: “BoLA タンパク質の立体構造とそれに基づく機能部位の予測”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 林明子, 樋野展正, 新井亮一, 白水美香子, 坂本健作, 横山茂之: “EGF 受容体の 834 位のアミノ酸置換による Stat3 のリン酸化レベルの亢進とヨードチロシンの部位特異的導入によるリン酸化メカニズムの解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 井上匡子, 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, 好田真由美, 田仲昭子, 林崎良英, 小原收, 横山茂之: “NMR により構造決定した SH3 domain 構造の比較”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 染谷龍彦, 武藤裕, 永田崇, 鈴木咲良, 井上真, 木川隆則, 寺田貴帆, 白水美香子, 小原收, 横山茂之: “RNA-binding motif protein 12 の RBM 領域の構造解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 渡辺和則, 深井周也, 石井亮平, 濡木理, 横山茂之, 堀弘幸, 遠藤弥重太: “tRNA (Gm18) methyltransferase の保存アミノ酸配列の機能”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 福永流也, 横山茂之: “アミノアシル tRNA 合成酵素による校正反応”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 黒川さゆり, 別所義隆, 東島今日子, 白水美香子, 横山茂之, 大濱武: “イントロン領域内 ORF にコードされた endonuclease 活性とイントロン RNA を折り畳む分子シャペロ

- ン活性を併用するタンパク質が示す不合理な認識 DNA 配列の冗長性”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 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 Dmc1 のダブルリング構造”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 胡桃坂仁志, 杵淵隆, 香川亘, 榎本りま, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト相同組替えタンパク質の構造・機能解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 鎌足雄司, 齊藤講平, 泉顕也, 金野大助, 中村安里, 阿部孝政, 清宮恭子, 葛西卓磨, 桝尾尚哉, 近山英輔, 小柴生造, 林文晶, 廣田洋, 好田真由美, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 靱康子, 関英子, 寺田貴帆, 白水美香子, 田仲昭子, 小原收, 菅野純夫, 関原明, 篠崎一雄, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “ホメオタンパク質に含まれる共通ドメインホメオボックスの分類と代表構造の決定”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 榎本りま, 杵淵隆, 佐藤真, 八木秀司, 柴田武彦, 胡桃坂仁志, 横山茂之: “マウス TBPIP/Hop2 の機能解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 伊良波史枝, 坂本健作, 小林隆嗣, 高橋正裕, 横山茂之: “ヨードチロシンを特異的に認識するアミノアシル tRNA 合成酵素の作成”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 舩谷真美子, 三上暁, 森野重信, 久武幸司, Sonenberg N., 今高寛晃, 横山茂之: “真核細胞翻訳開始因子 eIFs の再構成”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 樋野展正, 岡崎有羽子, 林明子, 小林隆嗣, 坂本健作, 横山茂之: “動物細胞内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による *in vivo* 光クロスリンク法の開発”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 田辺弘明, 石原豪史, 五島美絵, 佐伯美帆, 堅田明子, 東原和成, 白水美香子, 横山茂之: “無細胞タンパク質合成系を用いた嗅覚受容体の合成および精製”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 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 42 回日本生物物理学会年会, 京都, 12 月 (2004).
- 滝沢由政, 杵淵隆, 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”, 組換えワークショップ, 淡路島, 12 月 (2004).
- 榎本りま, 杵淵隆, 佐藤真, 八木秀司, 柴田武彦, 胡桃坂仁志, 横山茂之: “マウス及びヒト TBPIP/Hop2 の機能解析”, 組換えワークショップ, 淡路島, 12 月 (2004).
- 横山茂之: “タンパク質の機能解明と構造プロテオミクス: 転写, 翻訳, シグナル伝達を中心に”, 第 149 回生命科学フォーラム, 東京, 12 月 (2004).
- 堀弘幸, 渡辺和則, 深井周也, 武田裕嗣, 岡本裕智, 池内与志穂, 高野義孝, 高柳直幸, 石井亮平, 原田洋子, 平尾一郎, 横山茂之, 鈴木勉, 濡木理, 遠藤弥重太: “RNA メチル化酵素の構造と機能の変遷”, 第 27 回日本分子生物学会年会ワークショップ「核酸塩基の修飾と生命進化における功罪」, 神戸, 12 月 (2004).
- 鎌足雄司, 齊藤講平, 泉顕也, 金野大助, 中村安里, 阿部孝政, 清宮恭子, 葛西卓磨, 桝尾尚哉, 近山英輔, 小柴生造, 林文晶, 廣田洋, 好田真由美, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 靱康子, 関英子, 寺田貴帆, 白水美香子, 田仲昭子, 小原收, 菅野純夫, 関原明, 篠崎一雄, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “ホメオタンパク質に含まれる共通ドメインホメオボックスの分類と代表構造の決定”, 第 42 回日本生物物理学会年会, 京都, 12 月 (2004).
- 杵淵隆, 胡桃坂仁志, 横山茂之: “ヒト DNA 組換え酵素 Dmc1 の立体構造”, 大阪大学蛋白質研究所セミナー「DNA 修復の分子ならびに構造生物学」, 吹田, 1 月 (2005).
- 胡桃坂仁志, 俵元 笹沼麻貴, 横山茂之: “ヒトセントロメア特異的クロマチン構造の形成機構の解析”, 第 22 回染色体ワークショップ, (文科省科学研究費補助金特定領域研究「ゲノムホメオスタシスの分子機構」, 「細胞核ダイナミクス」), 仙台, 1 月 (2005).
- 齋藤一樹, 小木曾英夫, 吉谷直栄, 佐藤万仁, 白水美香子, 廣田洋, 横山茂之: “EGF レセプターの構造と創薬”, 難治性疾患の克服をめざした創薬科学研究発表会, 京都, 2 月 (2005).
- 森久保典子, 福田頼之, 野村直子, 坂本健作, 横山茂之, 星野力: “スクアレン環化酵素: 非天然型アミノ酸導入技術を用いたカチオン- $\pi$  相互作用の証明”, 日本農芸化学会 2005 年度大会, 札幌, 3 月 (2005).
- 樋口雄一郎, 阿部孝政, 濱田季之, 齊藤講平, 小柴生造, 木川隆則, 泉顕也, 好田真由美, 白水美香子, 寺田貴帆, 井上真, 関原明, 篠崎一雄, 横山茂之, 廣田洋: “シロイヌナズナ由来 Ubiquitin Specific Protease 14 (*AtUBP14*) の UBA ドメインの構造-機能解析”, 日本化学会第 85 春季年会, 横浜, 3 月 (2005).
- 北原亮, 横山茂之, 赤坂一之: “Hydration changes associated with protein fluctuation: The case of ubiquitin”, 文科省科学研究費補助金特定領域研究「水と生体分子が織り成す生命現象の化学」第 2 回公開ワークショップ, 東京, 3 月 (2005).