

ストラクチュローム研究グループ

Struaturome Research Group

グループディレクター 研究担当 倉 光 成 紀
KURAMITSU, Seiki

調整担当 横 山 茂 之
YOKOYAMA, Shigeyuki

遺伝情報系蛋白質研究チーム
Genetic Proteins Research Team

チームリーダー 倉 光 成 紀
KURAMITSU, Seiki

物質・エネルギー代謝系蛋白質研究チーム
Metabolic Proteins Research Team

チームリーダー 三 木 邦 夫
MIKI, Kunio

機能未知蛋白質研究チーム
New Functional Proteins Research Team

チームリーダー 横 山 茂 之
YOKOYAMA, Shigeyuki

高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 は、遺伝子操作が確立している生物の中で最も高温で棲息する。そのゲノムサイズは約 2 Mbp と小さく、約 2,200 個の遺伝子からなるが、あらゆる生物に共通で基本的な生命現象がこれまでの進化の過程で濃縮されている。この *T. thermophilus* HB8 をモデル生物として、遺伝情報系、物質・エネルギー代謝系、その他機能未知の基本的な生命現象に関わるタンパク質群の系統的な立体構造解析と分子機能解析を進めている。本年度までにグループ全体で、*T. thermophilus* HB8 の全タンパク質約 2,200 種類のうち、(1) 約 2,000 種類の量産化プラスミドの作製、(2) 約 1,400 種類のタンパク質の量産化、(3) 900 種類のタンパク質の精製、(4) 550 種類のタンパク質の結晶化、(5) 230 種類のタンパク質の構造解析を行った。さらに、機能未知遺伝子などを中心に 580 個の遺伝子破壊株作製用プラスミドを作製し、いくつかの機能未知遺伝子破壊株についてトランスクリプトーム解析を行った。昨年度に引き続き「ストラクチュローム研究」に参画する外部研究者と連携した各論的分子機能解析を行うとともに、機能ゲノム科学的研究も進行中であり、これらの結果を基に最終的には細胞“丸ごと一匹”の生命現象を原子レベルで理解することを目指している。

チーム間の協体制として、タンパク質の大量発現・精製は 3 チームが共同で行い、その後のタンパク質の結晶化・立体構造解析も 3 チームが密接に連携を取りながら進めている。

1. ゲノム解析とタンパク質の網羅的発現・精製 (倉光, 海老原 *1, 黒石 *1, 金川 *1, 佐藤 *1, 甲角 *1, 真岡 *1, 上利 *1, 浮田 *1, 飯野 *1, 井上 *1, 伊東 *1, 中川 *1, 増井 *1, 黒川 *1, 安永 *1, 松本 *2, 大森 *2, 西田 *2, 石戸 *2, 新海 *2, 柳楽 *2, 吉良 *2, 矢内 *2, 今川 *2 (遺伝情報系蛋白質研究チーム); 三木 (物質・エネルギー代謝系蛋白質研究チーム); 横山, 濱田 (白水), 寺田, 柏原 *1 (機能未知蛋白質研究チーム))

T. thermophilus HB8 のゲノム解析が終了し、塩基配列を国立遺伝学研究所日本 DNA データバンク (DDBJ) に登録した。DDBJ のアクセッション番号は、1.8 Mbp のクロモソームが AP008226, 260 kbp のメガプラスミドが

AP008227, 9.3 kbp のミニプラスミドが AP008228 である。

このゲノム解析の結果をもとにして、各タンパク質をコードする遺伝子を PCR で増幅し、クローニング後塩基配列を確認した。大腸菌による発現では pET システム (Novagen 社) を使い、これまでに約 2,000 種類の量産化プラスミドを作製した。タンパク質発現のための大腸菌には BL21(DE3) 株などを用い、IPTG による誘導無しでの発現リークを利用することで、タンパク質の生産を行った。このような方法で発現は認められないタンパク質に対しては、(1) 大腸菌宿主を変える、(2) 培地組成を変える、(3) 種々のタグを付加するなど、様々な試みを行った。その結果、約 75% のタンパク質について、量産化に成功した。現在までに、約

900種類のタンパク質の精製が完了した。セレノメチオニン置換体が必要な場合は、メチオニン要求株 B834(DE3)を用いてセレノメチオニン、ラクトース、ビタミンを添加した合成培地で培養することにより、簡便にセレノメチオニン化タンパク質を得た。

大腸菌で目的タンパク質が発現しない場合には、無細胞タンパク質合成系を用い、タグを付加することによりさらに成功率を上げることができる。また、透析法を行うことにより mg 単位の目的タンパク質の合成が可能であり、NMR 構造解析用には ^{13}C 、 ^{15}N ラベルした目的タンパク質を、X 線構造解析用にはセレノメチオニン化タンパク質の合成が可能である。

2. 遺伝情報系タンパク質研究 (倉光, 増井^{*1}, 中川^{*1}, 海老原^{*1}, 金川^{*1}, 佐藤^{*1}, 甲角^{*1}, 真岡^{*1}, 上利^{*1}, 飯野^{*1}, 井上^{*1}, 稲垣^{*1}, 田村^{*1} (遺伝情報系蛋白質研究チーム); 横山, Vassilyev, 新海, 濱田 (白水), 寺田, 関根, Vassilyeva^{*2} (機能未知蛋白質研究チーム))

(1) 転写・翻訳系タンパク質に関する研究

CP1 domain はアミノアシル tRNA 合成酵素の pre-transfer editing と post-transfer editing と呼ばれる校正反応の活性ドメインで、遺伝子情報の正確な翻訳に寄与している。酵素の基質が pre-transfer editing と post-transfer editing では異なるため、基質認識メカニズムを構造学的手法で研究した。IleRS CP1 単体, pre-transfer editing 複合体および post-transfer editing 複合体, さらに ValRS CP1 単体および pre-transfer editing 複合体の X 線結晶構造を決定・比較した結果, イソロイシル tRNA 合成酵素 (IleRS) では, 基質が同じ結合部位に異なる様式で認識されていることが分かった。さらには, IleRS の pre-transfer editing はバリン tRNA 合成酵素やロイシル tRNA 合成酵素のものとは機構が異なっていた。

Era は DNA の複製, タンパク質合成, 細胞周期の制御に関係すると考えられている原核生物由来 RNA 結合 GTPase で, そのホモログは真核生物にも存在する。*T. thermophilus* HB8 由来の Era と GTP の非水解アナログである GDPNP との複合体の結晶構造を 1.88 Å の分解能で決定し, 大腸菌由来 Era との構造比較を行った。*T. thermophilus* 由来 Era の G-domain の構造は, ヌクレオチド結合モチーフやヘリックスの位置関係において大腸菌のものとは異なり, むしろ GTP 結合型 (活性型) の H-Ras (*ras* 遺伝子によってコードされている低分子量 GTP 結合タンパク質) と非常に似ていることが分かった。また, GDPNP との結合様式も H-Ras と完全に同じであった。

(2) DNA 修復系タンパク質に関する研究

生体内では, 損傷を受けた DNA を認識して修復する様々な DNA 修復系が存在する。そのひとつがミスマッチ修復系であり, 主に DNA 複製のエラーにより生じたミスマッチ塩基対を認識し修復している。大腸菌ではミスマッチ修復系の初期反応は, MutS, MutL, MutH の 3 つのタンパク質により行われる。MutS, MutL ホモログについてはほとんど全ての生物に存在するが, エンドヌクレアーゼである MutH については大腸菌およびその近縁種でしか見つからない。MutH を持たない生物の多くでは MutS2 と呼ばれる MutS パラログが存在する。本研究では, 高度好

熱菌 *T. thermophilus* MutS2 を組換えタンパク質として発現, 精製し, その分子機能解析を行った。*T. thermophilus* MutS2 はエンドヌクレアーゼ活性を持ち, その活性は MutL や MutS により活性化された。MutS は MutS2 の DNA への結合を促進し, MutL は MutS2 ヌクレアーゼ活性の k_{cat} の増大をもたらした。さらに, MutS は ADP 存在下においては, MutS2 のヌクレアーゼ活性を抑制した。これらの結果は MutS, MutL, MutS2 による新たな DNA 修復系または組換えなどの機構の存在を示唆する。

ウラシル DNA グリコシラーゼ (UDG) は, シトシンの脱アミノ反応で生じたウラシルや複製中に誤って取り込まれたウラシルをゲノム中から除去する, 塩基除去修復の最初のステップで働く酵素である。従来, UDG はアミノ酸配列と活性の特徴をもとに 4 つの family に分類されてきたが, 最近, 新たに family 5 UDG が見つかった。family 1~4 UDG では, 活性部位を形成するモチーフ内の極性アミノ酸残基が保存されており, ヒト UDG と DNA 複合体の構造解析などから, この極性アミノ酸残基が水を脱プロトン化し活性化することでグリコシド結合の切断が起こると考えられている。新規 family 5 UDG はこの残基が保存されていないにも関わらず, ウラシル除去活性を持つことが最近報告され, その立体構造が注目されている。そこで, 高度好熱菌 *T. thermophilus* HB8 由来 family 5 UDG (UDGB) の X 線結晶構造解析と生化学的な測定を行った。UDGB の単独構造とウラシルが除去された DNA との複合体構造の解析に成功した。ヒト UDG では, 酵素が DNA に結合することで主鎖が大きく動き DNA に力を加え, 塩基が DNA 鎖から外へ飛び出す反応 (フリップアウト) を促進すると考えられている。しかし, UDGB の主鎖には DNA 結合に伴う動きがほとんど無かった。また, family 5 UDG 特異的なループが, 活性部位と離れた位置で DNA と相互作用していた。さらに, フリップアウトした塩基部分に側鎖の挿入が見られた。また, 活性部位に存在する水分子が水素結合していたのは, 保存されたモチーフから離れた位置にある側鎖であった。ウラシル除去の活性は $\text{U:G} > \text{U:C}, \text{U:T} > \text{U:A}$ の順に高く, ウラシルに似た塩基である 5'-hydroxymethyluracil, 5'-fluorouracil に対する活性も確認された。活性測定温度を 37°C から 70°C に上げると, U:G, U:C, U:T に対する活性が大きく上昇した。また, 塩基を除去した後に生じる塩基のない DNA に対する親和性が, 高度好熱菌由来 family 4 UDG に比べおよそ 4 倍高かった。また, 他の UDG が結合できるような長さの DNA に結合できず, 安定な複合体の維持に, より長い DNA を必要とした。

MutM タンパク質は, 酸化傷害である 8-オキシグアニン (8-OG) を特異的に認識除去する酵素であり, グリコシラーゼ, 5' AP-lyase, 3' AP-lyase 活性の 3 つの反応を担っている。これまでに, *T. thermophilus* HB8 由来の MutM の立体構造と, グリコシラーゼ活性を持たない変異体と 8-OG を含む DNA の複合体の立体構造を決定した。それらの結果から, 活性や DNA の構造変化に関わる残基への示唆がいくつか得られた。DNA との結合時に DNA との距離が近く, かつよく保存されている残基を複数選び, 変異体を作製した。作製した変異体の全体の反応における活性を測定したところ, Lys52, His67, Arg100 の変異体において活性の低下が見られた。特に Lys52 をグルタミンやアルギニン

に置換した変異体の活性が大幅に減少していた。Lys52 は 8-OG の 3' 側のリン酸基近傍に位置しており、また配列保存性も高いことから何らかの重要な役割を果たしている可能性が高いと思われる。次に、DNA に与える構造変化を見るために蛍光 DNA を用いて実験を行った。AP サイトを含む蛍光 DNA を用いた結合実験から上記の Lys52 変異体は DNA への結合能は失っていなかった。しかし、グルタミン変異体では 8-OG を含む蛍光 DNA での蛍光強度増加がほぼ見られなかった。Lys52 をアルギニンに置換した変異体においては、野生型とほぼ変わらないくらい蛍光強度の変化が見られた。このことから Lys52 の持つ正電荷が、反応の開始に必要なとされる DNA の構造変化を引き起こすことに必須となる役割を果たしていると言われた。

3. 物質・エネルギー代謝系タンパク質研究 (三木, 宮武, 久野, 金成^{*1}, 吉瀬^{*1}, 喜田^{*1}, 福山^{*1}, 神谷 (物質・エネルギー代謝系蛋白質研究チーム); 広津^{*1}, 宮原^{*1}, 後藤^{*1}, 近江^{*1}, 角田^{*1}, 中井^{*1}, 河合^{*1}, 三瓶^{*1}, 馬場^{*1}, 竹中^{*1}, 関口^{*1} (遺伝情報系蛋白質研究チーム); 竹田, 田之倉 (三木生物超分子結晶学研究室))

(1) 4-ヒドロキシフェニル酢酸 3-モノオキシゲナーゼ・リダクターゼコンポーネント (HpaC)

4-ヒドロキシフェニル酢酸 3-モノオキシゲナーゼは 4-ヒドロキシフェニル酢酸の微生物代謝において初発酵素として働く。本酵素は、two-component flavin-diffusible monooxygenase (TC-FDM) ファミリーと呼ばれるスーパーファミリーのメンバーの 1 つであり、フラビンを用いて一酸素原子の添加反応を触媒するオキシゲナーゼコンポーネント HpaB と、フラビン:NADH 酸化還元酵素であるリダクターゼコンポーネント HpaC からなる 2 成分酵素である。HpaC は NADH を用いて FAD を還元するが、還元された FADH₂ は酵素から解離することができ、溶液中に拡散することにより他方の HpaB に受け渡される。この FAD の結合・解離機構を構造の観点から解明するために、FAD 酸化還元酵素である HpaC とその複合体に重点を置いて研究を行った。すでに構造解析されていた apo 体の HpaC に加えて、HpaC-FAD-NAD, HpaC-FAD 複合体を調製して構造解析し、比較を行った。その結果、HpaC-FAD 複合体の活性クレフト中には FAD に対応する明瞭な電子密度は確認できず、不明瞭な電子密度のみが存在した。一方、HpaC-FAD-NAD 複合体結晶においては、FAD および NAD に相当する明瞭な電子密度が活性クレフト中に見られ、NAD のニコチンアミド基と FAD のイソアロキサジン環は電子の受渡し可能な距離にあることが分かった。3 者複合体の構造は TC-FDM の酵素において初めて得られた情報であり、TC-FDM ファミリーにおける電子伝達機構を詳細に検討することが可能となる。さらに、HpaC の酸化還元活性の測定を行い、HpaC の酸化還元機構が構造・生化学の両面から詳細に解明する。

(2) ABC トランスポーター ATP アーゼサブユニット

ABC トランスポーターは ATP の加水分解エネルギーを利用して様々な物質を輸送する膜タンパク質複合体である。ATP 加水分解の条件の制御により各種の中間状態を選択的かつ安定に作り出し、輸送の際の構造変化を原子レベルで解明することにより、ABC トランスポーターによ

る物質輸送のメカニズムを明らかにできる。高度好熱菌 *T. thermophilus* HB8 由来の ABC トランスポーターの ATP サブユニットを ATP 非結合型, ATP (AMPPNP) 結合型, ADP 結合型について構造解析し、ATP の結合や加水分解に共役した構造変化を明らかにした。

(3) *N*-アシルアミノ酸ラセマーゼ

N-アシルアミノ酸ラセマーゼは D 体または L 体の *N*-アシルアミノ酸をそれぞれ L 体, D 体に変換する微生物酵素である。ピリドキサルリン酸をコファクターとするアミノ酸ラセマーゼと異なり、2 価の金属イオンを必要とする。ムコン酸ラクトン化酵素やムコン酸シクロイソメラーゼ、マンデル酸ラセマーゼ、*o*-スクシニル安息香酸合成酵素などと相同性があり、エノラーゼスーパーファミリーに属する。アミノ酸の工業合成における利用が期待される酵素であるが、細胞内での生理的な働きは明らかになっていない。*T. thermophilus* HB8 由来の本酵素の構造-機能相関を明らかにすることを目的として結晶構造解析を行った。20°C においてハンギングドロップ蒸気拡散法によって得られた結晶を用いて、白金誘導体結晶の多波長異常分散法によって構造解析を行った。2 ドメイン構造をしており、1 つのドメインは (β/α)₈ バレル構造を持っていることが分かった。

(4) CTP 合成酵素 (CTPs)

CTP 合成酵素は CTP 合成経路の最終段階を触媒する酵素である。この反応は、CTP 合成酵素のグルタミンアーゼドメインで作られたアンモニアが、合成ドメインで ATP のリン酸化を受けた UTP と反応し、CTP を生成するものである。高度好熱菌 *T. thermophilus* HB8 由来の CTP 合成酵素について、酵素単独、硫酸イオンとの複合体、グルタミンとの複合体の立体構造を決定した。CTP 合成酵素は十字型のホモテトラマーである。硫酸イオンとの結合様式を基に、ATP と UTP を CTP 合成酵素に組み込んだところ、触媒反応に好都合の幾何学的配置を持つモデル構造が得られた。グルタミンアーゼドメインに結合したグルタミンは触媒基と予想される Glu-His-Cys と水分子に隣接していた。これらの構造解析の結果、ATP と UTP の結合に伴ってコンホメーションが起こり、GTP 結合部位が形成されることが示唆された。

(5) ATP スルフリラーゼ

ATP スルフリラーゼ (ATPS) は ATP のアデニン基を無機硫酸に転移し、アデニル硫酸 (APS) とピロリン酸を生成する酵素であり、生物界に広く存在する。高度好熱菌 *T. thermophilus* HB8 由来 ATPS (TtATPS) の結晶構造を基質である APS との複合体として 2.5 Å 分解能で決定した。APS は ATPS で保存されているいくつかのモチーフ (QXRN, HXXH, GRD) から成る TtATPS の活性部位に存在していた。結晶の XAFS 測定の結果と異常分散差フーリエ図からドメイン III (291~347 残基) に亜鉛イオンが存在することが分かった。この亜鉛イオンは、Cys294, Cys297, Cys306, His310 により四面体配位されていた。亜鉛イオンは活性部位から遠く、*Archaeoglobus fulgidus*, *Pyrococcus abyssi*, *Sulfolobus solfataricus* などの好熱菌では亜鉛を配位している 4 つの残基が保存されていることから、この亜鉛イオンの配位は TtATPS の熱安定性に寄与していると考えられる。

(6) グリシン開裂系 P タンパク質

Pタンパク質は、ビタミンB₆誘導体であるピリドキサルリン酸(PLP)を補酵素に持つグリシン開裂系の第一段階の脱炭酸反応を触媒する酵素である。高度好熱菌 *T. thermophilus* HB8 由来 Pタンパク質を用いて Pタンパク質の結晶構造を初めて決定した。その結果、Pタンパク質が進化上関連のある PLP 酵素で一般的に見られる α_2 ダイマーではなく、 $\alpha\beta$ ダイマーが2つ合わさった $\alpha_2\beta_2$ テトラマー構造をとることが分かった。PLPの結合に伴って open-closed 型のコンホメーション変化が起こり、残基の移動距離は 13.5 Å であった。ホロ酵素に阻害剤である aminooxy acetate が結合した構造から、基質認識に重要な役割を果たしている残基が示唆された。lipoamide 結合チャネル周辺の分子表面には保存された正電荷をもつ残基があり、Hタンパク質との相互作用に関与することが示唆された。これらの結果から非ケト-シス型グリシン血症の分子メカニズムに関する知見が得られた。

(7) ペプチドデフォルミラーゼ

ペプチド脱ホルミル酵素(PDF)は、新たに合成されたポリペプチド鎖のN末端のホルミル基を切断する金属ペプチダーゼであり、真正細菌の生育に必須である。高度好熱菌 *T. thermophilus* HB8 由来の PDF を大腸菌組換えタンパク質として量産化・精製し、PEG4000 を沈殿剤としてハンギングドロップ蒸気拡散法により結晶化した。結晶は正方晶系で空間群 P4₁ または P4₃ に属し、格子定数は a = b = 62.58, c = 105.27 Å である。非対称単位中に2分子存在すると考えると、単位胞の体積と分子量の比(V_M)は 2.3 Å³Da⁻¹、溶媒含量は 46.7%となる。Native 結晶の X線回折データを SPring-8 BL41XU で測定し、1.81 Å 分解能の回折データを得た。

(8) ウロポルフィリノゲン III シンターゼ

ウロポルフィリノゲン III シンターゼ(U3S)は、ヘム、ビタミンB₁₂、クロロフィル、F₄₃₀といったポルフィリン化合物生合成の出発物質である、ポルフィリン合成経路の第4反応を触媒する酵素である。我々は、*T. thermophilus* HB8 由来 U3S の3ヶ所のアミノ酸残基をメチオニンに置換した変異型 U3S を作り、そのセレノメチオニン誘導体結晶の位相付けを一波長異常分散法により行い、1.3 Å の高分解能で立体構造を決定した。*T. thermophilus* U3S は、類似したトポロジーを持つ2つの α/β ドメインが逆平行 β シートによって連結された構造で、ヒトの U3S の構造を比較すると、Domain 1 に対する Domain 2 の位置が大きく異なっていた。また、異なる結晶化条件で得られた2種類の結晶構造から、反応中に触媒部位に大きなコンフォメーション変化が起こることが示唆された。こうした微生物由来 U3S とヒト由来 U3S の構造の違いは、特異的な阻害剤、すなわち新規抗生物質の設計・開発への応用が期待できる。

4. 機能未知タンパク質研究(横山, Vassilyev, 新海, 濱田(白水), 寺田, 関根, 新井, 柏原*¹, 仲野*²(機能未知蛋白質研究チーム); 倉光, 増井*¹, 海老原*¹, 金川*¹, 中川*¹, 岡本*¹, 津下*¹, 小長谷, 畠山, 木村*¹, 小西, 福崎, 井手(遺伝情報系蛋白質研究チーム); 竹本, 村山, 別所, 半田, 新野, 岸下, 王, 上西, 埴(末次), 溝端, Ihsanawati, Pioszak, Padmanabhan, 新井, 酒井, 川添, 中山(牛越), 龍口, 亀割, 濱名, 大林, 平藤(山口), 加藤

(村山), 井高, 柴田, 伊東, 桂, 加茂(内窪), 房富, 漆畑, 西野, 赤坂(GSCタンパク質構造・機能研究グループ))

(1) 機能未知タンパク質の構造機能解析

現在までに数百種類のゲノム配列が明らかになっている。新規に同定された遺伝子を注釈する方法は主にアミノ酸配列の類似性に基づくものだが、多数のゲノムが解析されている現在でも多くの遺伝子産物は機能未知と注釈されることが多い。タンパク質の立体構造は分子の機能と密接に関係し、かつアミノ酸配列よりも進化的に高度に保存されていることが知られていることから、立体構造解析から機能未知タンパク質の機能に関する新しい知見が得られる場合が多い。本年度も、*T. thermophilus* HB8 由来機能未知タンパク質について、網羅的に構造・機能解析を進めた。

TT0799 は大腸菌の σE とアミノ酸レベルでおよそ 25% の相同性しかないが、コア酵素との複合体は、TT0799 遺伝子、および、TT0799 遺伝子の上位に位置し TT0799 遺伝子に対して反対方向にコードされている TT2193 遺伝子を転写する活性を示した。一方でこの複合体は、 $\sigma 70$ が結合した RNAP (RNAP-s70) が認識する典型的なプロモーター配列を認識できなかった。こうしたことから、TT0799 は $\sigma 70$ とは異なるプロモーターを認識する σ 因子であることが明らかになった。

TT1013 は、大腸菌 CRP (cAMP レセプタータンパク質) とアミノ酸レベルでおよそ 26% の相同性を示すタンパク質で、大腸菌 CRP 同様二量体を形成していることが光散乱法およびゲルろ過法により明らかとなった。TT1013 は、cAMP の存在下で、プロテアーゼ V8 に対する感受性を低下させたことから、TT1013 は cAMP と相互作用することが強く示唆された。さらに、TT1013 は、cAMP と共存させた場合にのみ、CRP 結合コンセンサス DNA 配列に結合し、RNA ポリメラーゼによる *in vitro* 転写反応を促進した。以上の結果、TT1013 は CRP 様の転写因子であり、*T. thermophilus* HB8 は、TT1013 の作用によって、糖代謝が制御されていることが示唆された。

TT1887 と TT1465 は、共に Pfam database でデカルボキシラーゼの可能性があると注釈されており、TT1887 は TT1465 と 35% の相同性を示す。我々は TT1887 と TT1465 の結晶構造を多波長異常分散 (Multiwavelength Anomalous Dispersion: MAD) を用い、それぞれ 1.8 Å と 2.2 Å 分解能で決定した。TT1887 と TT1465 の一量体の構造は、6 つの α ヘリックスと 7 つの β シートからなる Rossmann-fold ドメインで構成されているが、TT1465 では、N 末端にさらに 2 つの α ヘリックスが含まれていた。TT1887 と TT1465 の四次構造は大きく異なっており、TT1887 はホモ四量体であるのに対し、TT1465 は結晶でも溶液中でもホモ六量体である。保存配列と、静電ポテンシャルによる溶媒接近表面の研究から、活性部位に関して推定した。

TT1485 はバクテリアと古細菌で高度に保存されたタンパク質の 1 つで、タンパク質ファミリー COG3253 を形成している。立体構造とアミノ酸配列相同性検索、生化学的実験を組み合わせた結果、本タンパク質が新規のヘム結合タンパク質であることを同定した。本研究によってタンパク質ファミリーに対する最初の代表構造を与えたばかりではなく、タンパク質ファミリー内におけるヘム結合タンパク質としての機能進化にも新たな洞察を与えることができ

た。また本研究の結果を基に、当該タンパク質ファミリーの一員である亜塩素酸ジスムターゼとの類似点と相違点に着目し、耐熱性の亜塩素酸分解酵素の設計を提案した。

TT1711 は約 15 種のバクテリアで保存されている。ゲノム配列による注釈では機能に関する情報は得られていない。今回の立体構造解析の結果、本タンパク質は一本鎖 RNA 結合タンパク質フォールドに極めて立体構造が類似し、かつ核酸との結合部位に高度に保存されたアミノ酸からなる正に帯電しうる領域が存在することが明らかとなり、TT1711 が核酸結合タンパク質としての特質を持っていることが判明した。

TT1382 は、Blast サーチおよび Pfam database 検索の結果からフラビン結合タンパク質と推測されていた。BL26B2 で得られた 2 Å 分解能のデータを用い、位相決定およびモデルの精密化を行った結果、最終的に $R_{work} = 21\%$ 、 $R_{free} = 24\%$ で最終構造を得た。構造解析の結果、N 末端ヘリックスがドメインスワップしたダイマー型の構造をとっていることが明らかになった。この構造を基に DALI server で類似の立体構造を調べたところ、*Archaeoglobus Fulgidus* 由来の鉄還元酵素 (1I0S, RMSD = 1.7), *Methanobacterium thermoautotrophicum* 由来の FMN 結合タンパク (1EJE, RMSD = 1.8), *Thermus thermophilus* HB8 由来の Monooxygenase (1USC, RMSD = 2.0), *Geobacillus thermoglucosidasius* 由来のフラビン還元酵素 (1RZ1, RMSD = 2.2) との類似性があり、TT1382 もこれらと同様にフラビンが結合することが示唆された。

TT1707 について、Se-Met 体を調製し BL26B2 で分解能 1.52 Å, R 値 9%, 完全性 99.6% の良好なデータを得ることができた。位相を MAD 法により決定したところ、空間群は $P2_1$ で非対称単位中に 1 つの分子を含むことが分かった。一次配列上から機能予測を行った結果、相同性の高いものは全て機能未知であり、機能予測はできなかったが、得られた立体構造からの機能予測を行った結果、エンドヌクレアーゼの核酸結合部位の配列と相同性が高いことが分かり、核酸と相互作用をすると推測された。

TT1657 について、Se-Met 体を調製し、BL26B2 で分解能 2.5 Å, R 値 7.8%, 完全性 99.4% のデータを得ることができた。位相を MAD 法により決定したところ、空間群は $P4_1$ で非対称単位中に 4 分子を含むことが分かった。4 分子は非対称単位中で 2 量体が 2 つという配置をしていた。これはゲル濾過の結果と一致し、この TT1657 が生体中で 2 量体を形成し機能することが示唆される。構造は 6 枚の β シートが 2 つ重なってその脇にヘリックスが存在する構造をしていた。また、一次配列上から機能予測を行った結果、フォスフォエステラーゼとフォスファターゼと相同性が高いことが分かった。得られた構造を類似性の高いタンパク質と比較すると、 β シートの位置に関して、フォスファターゼの方がより似ていることが分かった。

TT1383 は dGTP triphosphohydrolase (dGTPase) と有意な配列類似性を有する。本研究では、TT1383 を発現・精製し、様々なヌクレオチドに対する活性を調べた。その結果、TT1383 は 2 種類以上の dNTP が存在し、その中に dATP もしくは dTTP を含む条件下でのみ、様々な dNTP に対して triphosphohydrolase 型の加水分解を行うという新規な活性を持つことを見いだした。さらに、詳細な反応速度論的

な解析により、触媒部位に加えて、dATP もしくは dTTP が結合する活性調節部位が存在することが示唆された。

(2) 機能ゲノム科学的研究

DNA マクロアレイ技術の進歩によって細胞全体のレベルでの遺伝子発現パターンの解析が可能になってきた。しかし、この技術を活用するためには膨大な量のデータから必要な情報を抽出することが必要である。マイクロアレイデータからの情報抽出方法の一つとして、遺伝子ネットワークの同定に注目が集まっている。遺伝子ネットワークの同定とは、マイクロアレイの時系列データから遺伝子間の相互作用を推定する問題のことである。同定した遺伝子ネットワークモデルは仮説の生成や実験デザインに利用可能であり、機能未知遺伝子の機能を推定するためにも利用できると考えられる。

本研究では、遺伝子ネットワークを記述するモデルとして S-system と呼ばれる連立微分方程式を使用する。これにより遺伝子ネットワーク同定問題はマイクロアレイの時系列データから S-system モデルのパラメータを推定する問題となり、この問題は関数最適化問題として定式化することができる。しかし、S-system モデルのパラメータ数はネットワーク要素 (遺伝子) の数の二乗に比例するため、大規模なネットワークを同定するためには非常に高次元の関数最適化問題を解く必要があった。そのため従来法では遺伝子数が 5 以下程度の小さなネットワークしか同定することができなかった。

高次元性の問題を解決するために問題分割法が提案されている。これによりさらに大規模なネットワークの同定も可能になった。しかし、データに含まれるノイズの影響で、問題分割法を用いて同定したネットワークモデルをシミュレーションに利用することは困難であった。コンピュータシミュレーションは遺伝子ネットワークを解析し理解するために重要であり、この点が問題分割法の欠点となっていた。

本研究では、問題分割法の欠点を克服するための新たな手法として、協調的共進化手法を利用した方法を提案する。この手法は協調的進化手法を利用することで、分割した部分問題を弱く相互作用させながら解く。この弱い相互作用のために同定されたモデルはコンピュータシミュレーションに利用可能となる。我々は、提案した手法を用いて *T. thermophilus* HB8 のマイクロアレイデータを解析した。

*1 連携研究員, *2 テクニカルスタッフ

We, first, expected to interpret the whole biological phenomena of the human body by identifying the structure and function of all the biological molecules making up the body. However, *Homo sapiens* contains more than 30,000 proteins and many of them are intolerable with the conditions used presently in functional and structural analyses. It has now been estimated that the minimum gene set essential for a free living organism is about 1,500. Microorganisms living in extreme environments often have approximately this number of genes. Then, we intended to construct a model system that is not limited by the aforementioned difficulties associated with *Homo sapiens*, and selected an extreme thermophile, *Thermus thermophilus* HB8 on the basis of two criteria; (a) the organism has a

“gene manipulating system”, and (b) it is “the most thermophilic” organism among those that meet criterion (a). This whole-cell project consists of four parts; (1) structural genomics, (2) functional genomics, (3) detailed analyses for each molecule, and (4) system biology (simulation of whole biological phenomena).

Genome analysis of *T. thermophilus* HB8, plasmid preparation, protein production, and protein purification were performed through the intimate collaboration of three teams. Genomic analysis revealed that the number of open reading frames (ORFs) was 2,200. About 2,000 plasmids have been prepared for heterologous gene expression studies. From these, about 1,400 recombinant proteins were overproduced, 900 of which have been purified. A total of 550 proteins have been crystallized and the structures of 230 proteins were solved. We are also working at the functional genomics step, and supporting many researchers working at the third and fourth steps.

1. Protein production and purification

To accomplish structural and functional analyses, it is essential to overproduce various proteins easily and efficiently. The pET Expression System (Novagen) was used for overproduction of proteins in *Escherichia coli*. Expression trials either with/without IPTG induction or utilizing different types of *E. coli* host strain and culture medium achieved an overproduction success rate of 75%. Selenomethionine-substituted proteins have been overproduced easily in *E. coli* B834(DE3) with lactose and vitamins. When protein production was unsuccessful by using the pET Expression Systems, we used a cell-free protein expression system. By establishing the dialysis method, the production of proteins was further improved to the level of milligram quantities. The uniformly [¹³C, ¹⁵N]-labeled proteins were used for NMR structure determination, and selenomethionine substituted proteins for X-ray crystallography.

2. Central-dogma related proteins (Genetic Proteins Research Team)

Isoleucyl-tRNA synthetase (IleRS) links tRNA^{Ile} with not only its cognate isoleucine but also the nearly cognate valine. The CP1 domain of IleRS deacylates, or edits, the mischarged Val-tRNA^{Ile}. We determined the crystal structures of the *T. thermophilus* HB8 IleRS CP1 domain alone, and in its complex with valine at 1.8 and 2.0 Å resolutions, respectively. In the complex structure, the Asp328 residue, which was shown to be critical for the editing reaction against Val-tRNA^{Ile} by a previous mutational analysis, recognizes the valine NH₃⁺ group. The binding pocket is only large enough to accommodate valine. Attempts to model isoleucine at this location revealed that the additional methylene group of isoleucine would clash with His319. The H319A mutant of *E. coli* IleRS reportedly deacylates the cognate Ile-tRNA^{Ile} in addition to Val-tRNA^{Ile}, indicating that the valine-binding mode found in this study represents that in the Val-tRNA^{Ile} editing reaction. Analyses of the Val-tRNA^{Ile} editing activities of *T. thermophilus* IleRS mutants revealed the importance of Thr228, Thr229, Thr230, and Asp328, which are coordinated with water molecules in the present structure. The structural model for the Val-adenosine moiety of Val-tRNA^{Ile} bound in the IleRS editing site revealed some interesting differences in the substrate binding and recognizing mechanisms between IleRS and *T. thermophilus* leucyl-tRNA synthetase. For example, the carbonyl oxygens of the amino acids are located opposite to each other, relative

to the adenosine ribose ring, and are differently recognized.

The mismatch repair system (MMR) recognizes and corrects mismatched or unpaired bases caused mainly by DNA polymerase, and contributes to the fidelity of DNA replication in living cells. In *E. coli*, the MutHLS system is known to function in MMR, and homologues of MutS and MutL are widely conserved in almost all organisms. However, the MutH endonuclease has not been found in the majority of organisms. Such organisms, including *T. thermophilus* HB8, often possess the so-called MutS2 protein, which is highly homologous to MutS but contains an extra C-terminal stretch. To elucidate the function of MutS2, we overexpressed and purified *T. thermophilus* MutS2 (ttMutS2). ttMutS2 demonstrated the ability to bind double-stranded (ds) DNA, but, unlike ttMutS, showed no specificity for mismatched duplexes. ttMutS2 ATPase activity was also detected and was stimulated by dsDNA. Our results also showed that ttMutS2 incises dsDNA. ttMutS2 incises not only oligo dsDNA but also plasmid DNA, suggesting that ttMutS2 possesses an endonuclease activity. At low concentrations, the incision activity was not retained, but was promoted by *T. thermophilus* MutL.

3. Metabolism related proteins (Metabolic Proteins Research Team)

The aromatic compound, 4-hydroxyphenylacetate (4-HPA), is degraded by a two-component flavin-diffusible monooxygenase, HpaB and HpaC. Oxidized and reduced flavin molecules are supposed to shuttle between the two components by free diffusion in solvent. In this fiscal year, we focused on the studies of HpaC through the analysis of complexes with FAD alone and both FAD and NAD. In the catalytic cleft of the HpaC-FAD complex, the electron density corresponding to FAD is smeared. However, there are unambiguous electron densities corresponding to the bound FAD and NAD in the catalytic cleft of the HpaC-FAD-NAD complex. The structure of the ternary complex is the first observation for the TC-FDM enzymes, which allows us to understand the precise mechanism of electron transfer.

ABC-transporters are membrane-bound protein complexes that transport various compounds with ATP-hydrolysis energy. Crystal structures of the ATPase subunits from *T. thermophilus* in nucleotide-free, ATP analog (AMPPNP)-bound and ADP-bound states have been determined, which revealed the structural change upon the ATP binding and hydrolysis.

N-acylamino acid racemase catalyzes the racemization reaction of D- and L- enantiomers of *N*-acylamino acids, and is a member of the enolase superfamily. This enzyme is anticipated to be useful for production of amino acids in an industrial processes, but its physiological function is not clear. We crystallized the enzyme from *T. thermophilus* HB8, and solved its structure by the multiwavelength anomalous dispersion (MAD) method. The structure contained a (β/α)₈ barrel fold domain.

The crystal structure of the P-protein of the glycine cleavage system from *T. thermophilus* HB8 has been determined. This is the first reported crystal structure of a P-protein, and it reveals that P-proteins do not involve the α_2 -type active dimer universally observed in the evolutionarily related pyridoxal 5'-phosphate (PLP)-dependent enzymes. Instead, novel alphabeta-type dimers associate to form an $\alpha_2\beta_2$ tetramer, where the α - and β -subunits are structurally similar and appear to have arisen by gene duplication and subsequent divergence with a loss of one

active site. The binding of PLP to the apoenzyme induces large open-closed conformational changes, with residues moving up to 13.5 Å. The structure of the complex formed by the holoenzyme bound to an inhibitor, aminooxy acetate, suggests residues that may be responsible for substrate recognition. The molecular surface around the lipoamide-binding channel shows conservation of positively charged residues, which are possibly involved in complex formation with the H-protein. These results provide insights into the molecular basis of nonketotic hyperglycemia.

4. New functional related proteins (New Functional Proteins Research Team)

An interesting feature of the genomic sequence information from many organisms is that from one third to the half of the predicted open reading frames encode hypothetical proteins of unknown function. Because the three-dimensional structure of a protein is more conserved than amino acid sequence during evolution, structural data of a hypothetical protein can infer its function. About forty percent of the predicted proteins from *T. thermophilus* HB8 are classified as hypothetical proteins. To infer the function of these hypothetical proteins, we determined the crystal structures of hypothetical proteins from this bacterium.

TT1887 and TT1465 from *T. thermophilus* HB8 are conserved hypothetical proteins, and are annotated as possible lysine decarboxylases in the Pfam database. Here we report the crystal structures of TT1887 and TT1465 at 1.8 Å and 2.2 Å resolutions, respectively, as determined by the MAD method. TT1887 is a homotetramer, while TT1465 is a homohexamer in the crystal and in solution. The structures of the TT1887 and TT1465 monomers contain single domains with a Rossmann fold, comprising six α helices and seven β strands, and are quite similar to each other. The major structural differences exist in the N terminus of TT1465, where there are two additional α helices. A comparison of the structures revealed the elements that are responsible for the different oligomerization modes. The distributions of the electrostatic potential on the solvent-accessible surfaces suggested putative active sites.

The crystal structure of TT1485 reveals that this protein is a pentamer and each monomer exhibits an antiparallel beta-barrel. We searched for the structural homolog in the PDB with the DALI program. The top five hits of this search show good structural similarity (topological similarity) despite weak sequence similarity. The crystal structure and the remote sequence homologs suggest a cofactor binding that is useful for predicting the molecular function of this protein.

The HD domain motif is found in a superfamily of proteins in bacteria, archaea and eukaryotes. A few of these proteins are known to have metal-dependant phosphohydrolase activity, but the function of the other members remain to be determined. Here we have characterized an HD domain-containing protein, TT1383, from *T. thermophilus* HB8. This protein has sequence similarity to *E. coli* dGTP triphosphohydrolase, however, no dGTP hydrolytic activity was detected. The hydrolytic activity of the protein was determined in the presence of more than two kinds of deoxyribonucleoside triphosphates (dNTPs), which were hydrolyzed to their respective deoxyribonucleosides and triphosphates, and was found to be strictly specific for dNTPs in the following order of relative activity: dCTP > dGTP > dTTP > dATP. Interestingly, this dNTP

triphosphohydrolase (dNTPase) activity requires the presence of dATP or dTTP in the dNTP mixture. dADP, dTDP, dAMP, and dTMP, which themselves were not hydrolyzed, were nonetheless able to stimulate the hydrolysis of dCTP. These results suggest the existence of binding sites specific for dATP and dTTP as positive modulators, distinct from the dNTPase catalytic site. This is, to our knowledge, the first report of a non-specific dNTPase that is activated by dNTP itself.

To resolve the high-dimensionality of the genetic network inference problem in the S-system model, a problem decomposition strategy has been proposed. While this strategy certainly shows promise, it cannot provide a model readily applicable to the computational simulation of the genetic network when the given time-series data contain measurement noise. This is a significant limitation of the problem decomposition, given that our analysis and understanding of the genetic network depend on the computational simulation. We propose a new method for inferring S-system models of large-scale genetic networks. The proposed method is based on the problem decomposition strategy and a cooperative coevolutionary algorithm. As the subproblems divided by the problem decomposition strategy are solved simultaneously using the cooperative coevolutionary algorithm, the proposed method can be used to infer any S-system model ready for computational simulation. To verify the effectiveness of the proposed method, we apply it to two artificial genetic network inference problems. Finally, the proposed method is used to analyze the actual DNA microarray data.

Staff

Group Director

Dr. Seiki KURAMITSU

Dr. Shigeyuki YOKOYAMA

Genetic Proteins Research Team

Head

Dr. Seiki KURAMITSU

Members

Mr. Yoshihiro AGARI

Dr. Seiki BABA (Fac. Technol., Chiba Inst. Technol.)

Dr. Akio EBIHARA

Dr. Masaru GOTO (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)

Dr. Ken HIROTSU (Grad. Sch. Sci., Osaka City Univ.)

Mr. Hitoshi IINO

Dr. Kenji INAGAKI (Fac. Agric., Okayama Univ.)

Ms. Yumiko INOUE

Ms. Noriko ITO

Dr. Yoshimitsu KAKUTA (Grad. Sch. Bioresour. Bioenviron. Sci., Kyushu Univ.)

Dr. Mayumi KANAGAWA

Dr. Ryuichi KATO (IMSS, KEK)

Dr. Gota KAWAI (Fac. Technol., Chiba Inst. Technol.)

Dr. Masahide KAWAMOTO (JASRI)

Dr. Makoto KIMURA (Grad. Sch. Bioresour. Bioenviron. Sci., Kyushu Univ.)
Dr. Shu-hei KIMURA (Fac. Eng., Tottori Univ.)
Dr. Hiroki KONDO (Fac. Comput. Sci. Syst. Eng., Kyushu Inst. Technol.)
Dr. Yukihide KOUSUMI
Dr. Chizu KUROISHI
Dr. Ken KUROKAWA (Grad. Sch. Info. Sci., Nara Inst. Sci. Technol.)
Ms. Nobuko MAOKA
Dr. Ryoji MASUI (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)
Dr. Shintaro MISAKI (Shionogi & Co., Ltd.)
Dr. Ikuko MIYAHARA (Grad. Sch. Sci., Osaka City Univ.)
Dr. Noriko NAKAGAWA (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)
Dr. Tadashi NAKAI (JSPS)
Dr. Akihiro OKAMOTO (Sch. High-Technol. Hum. Welfare, Tokai Univ.)
Dr. Rie OMI (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)
Dr. Gen-ichi SANPEI (Fac. Electro-Commun., Univ. Electro-Commun.)
Mr. Shinya SATO
Dr. Takeshi SEKIGUCHI (Grad. Sch. Sci. Eng., Iwaki Meisei Univ.)
Dr. Yasuo SUDA (Grad. Sch. Sci. Eng., Kagoshima Univ.)
Dr. Kaoru SUZUKI (Grad. Sch. Sci. Eng., Iwaki Meisei Univ.)
Dr. Akio TAKENAKA (Grad. Sch. Biosci. Biotechnol., Tokyo Inst. Technol.)
Dr. Takashi TAMURA (Fac. Agric., Okayama Univ.)
Dr. Hideaki TSUGE (Inst. Health Sci., Tokushima Bunri Univ.)
Ms. Yoko UKITA
Dr. Hitoshi YAMAMOTO (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)
Dr. Masayuki YAMAMURA (Grad. Sch. Sci. Eng., Tokyo Inst. Technol.)
Dr. Teruo YASUNAGA (Genome Inf. Res. Cen., Osaka Univ.)
Dr. Shinichi YOKOBORI (Pharma. Technol., Tokyo Univ. Pharma. Life Sci.)

in collaboration with

Dr. Akinobu FUKUZAKI (High Perform. Biocomput. Res. Team, GSC)
Dr. Mariko HATAKEYAMA (Cell. Knowl. Model. Team, GSC)
Ms. Kaori IDE (Cell. Knowl. Model. Team, GSC)
Dr. Akihiko KONAGAYA (Cell. Knowl. Model. Team, GSC)
Dr. Fumikazu KONISHI (High Perform. Biocomput. Res. Team, GSC)
Dr. Tsutomu MIKAWA (Biometal Sci. Lab.)
Dr. Takehiko SHIBATA (Cell. Mol. Biol. Lab.)

Technical Staff

Mr. Takahito IMAGAWA
Ms. Emi ISHIDO
Mr. Satoshi KIRA
Ms. Kayoko MATSUMOTO
Mr. Takeshi NAGIRA
Ms. Masami NISHIDA
Ms. Miwa OMORI
Ms. Fujie SHINKAI
Mr. Hisaaki YANAI

Trainees

Ms. Naoko AKIYAMA (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)
Ms. Sakiko FUJITA (Fac. Sci. Osaka Univ.)
Mr. Kenji FUKUI (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)
Mr. Takeshi ISHII (Grad. Sch. Electro-Commun., Univ. Electro-Commun.)
Mr. Hirohito ISHIKAWA (Fac. Sci. Osaka Univ.)
Mr. Kentaro KAI (Fac. Sci., Osaka City Univ.)
Mr. Hiroya KAWAI (Grad. Sch. Indust. Chem., Chiba Inst. Technol.)
Mr. Naoyuki KONDO (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)
Mr. Hiromishi KOSAKA (Fac. Sci. Osaka Univ.)
Mr. Taichiro MORIKAWA (Fac. Sci., Osaka City Univ.)
Mr. Osamu NAKAJIMA (Grad. Sch. Sci., Osaka City Univ.)
Mr. Takashi NISHIKUBO (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)
Mr. Takushi OOGA (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)
Ms. Ikumi SAITO (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)
Mr. Tetsuro SEIYAMA (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)
Mr. Shunsaku TAKEISHI (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)
Ms. Yoko TANAKA (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)
Mr. Keiji TOKUOKA (Grad. Sch. Sci., Osaka City Univ.)
Mr. Daisuke YAMAGISHI (Grad. Sch. Front. Biosci., Osaka Univ.)
Mr. Tadayuki YAO (Grad. Sch. Sci., Osaka City Univ.)

Metabolic Protein Research Group

Head

Dr. Kunio MIKI

Members

Dr. Keiichi FUKUYAMA (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)
Dr. Tomoyasu KICHISE
Dr. Seong-Hoon KIM
Dr. Akiko KITA (Kyoto Univ. Res. React. Inst.)

in collaboration with

Dr. Tamao HISANO (Biol. Supramol. Crystallogr. Lab.)
Dr. Nobuo KAMIYA (Protein Crystallogr. Methodol. Team)
Dr. Hideyuki MIYATAKE (Biol. Supramol. Crystallogr.)

Lab.)

Dr. Yoshitsugu SHIRO (Biometal Sci. Lab.)

New Functional Proteins Research Team

Head

Dr. Shigeyuki YOKOYAMA

Members

Ms. Aiko KASHIHARA

Dr. Dmitry VASSYLYEV

Technical Staff

Mr. Noboru NAKANO

Ms. Marina VASSYLYEVA

in collaboration with

Mr. Ryogo AKASAKA (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Dr. Ryoichi ARAI (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Dr. Yoshitaka BESSHO (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Ms. Emiko FUSATOMI (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Mr. Hiroaki HAMANA (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Dr. Kyoko HANAWA-SUETSUGU (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Dr. Noriko HANDA (Protein Struct. Team, GSC)

Dr. Chie TAKEMOTO (Protein Struct. Team, GSC)

Ms. Miki IDAKA (Protein Struct. Team, GSC)

Dr. IHSANAWATI (Protein Struct. Team, GSC)

Ms. Kaori ITO (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Ms. Yuki KAMEWARI (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Dr. Tatsuya KAMINISHI (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Ms. Miyuki KATO-MURAYAMA (Protein Struct. Team, GSC)

Mr. Kazushige KATSURA (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Mr. Masahito KAWAZOE (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Dr. Seiichiro KISHISHITA (Protein Struct. Team, GSC)

Dr. Eiichi MIZOHATA (Protein Struct. Team, GSC)

Dr. Kazutaka MURAYAMA (Protein Struct. Team, GSC)

Dr. Mutsuko KUKIMOTO-NIINO (Protein Struct. Team, GSC)

Ms. Aya NISHINO (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Ms. Naomi OHBAYASHI (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Dr. Balasundaram PADMANABHAN (Protein Struct.

Team, GSC)

Dr. Augen A. PIOSZAK (Protein Struct. Team, GSC)

Dr. Hiroaki SAKAI (Protein Struct. Team, GSC)

Dr. Shun-ichi SEKINE (Struct. Mol. Biol. Lab.)

Ms. Rie SHIBATA (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Dr. Akeo SHINKAI (Struct. Mol. Biol. Lab.)

Dr. Mikako SHIROUZU (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Ms. Ayako TATSUGUCHI (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Dr. Takaho TERADA (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Ms. Tomomi KAMO-UCHIKUBO (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Ms. Akiko URUSHIBATA (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Ms. Ryoko NAKAYAMA-USHIKOSHI (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Dr. Hongfei WANG (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

Ms. Machiko HIRAFUJI-YAMAGUCHI (Large-scale Protein Prep. Team, GSC)

遺伝情報系蛋白質研究チーム

誌上発表 Publications

[雑誌]

(原著論文) *印は査読制度がある論文

Iwasaki W., Miyatake H., Ebihara A., and Miki K.: "Crystallization and preliminary X-ray crystallographic studies of the small form of glucose-inhibited division protein A from *Thermus thermophilus* HB8", *Acta Cryst. D* **60**, 515–517 (2004). *

Omi R., Goto M., Nakagawa N., Miyahara I., and Hirotsu K.: "Expression, purification and preliminary X-ray characterization of histidinol phosphate phosphatase", *Acta Cryst. D* **60**, 574–576 (2004). *

Nagata K., Tsutsui S., Lee W. C., Ito K., Kamo M., Inoue Y., and Tanokura M.: "Crystallization and preliminary X-ray analysis of carboxypeptidase 1 from *Thermus thermophilus*", *Acta Cryst. D* **60**, 1445–1446 (2004). *

Takeda K., Miyatake H., Park S., Kawamoto M., Kamiya N., and Miki K.: "Multi-wavelength anomalous diffraction method for I and Xe atoms using ultra-high-energy X-rays from SPring-8", *J. Appl. Cryst.* **37**, 925–933 (2004). *

Fukui K., Masui R., and Kuramitsu S.: "*Thermus thermophilus* MutS2, a MutS paralogue, possesses an endonuclease activity promoted by MutL", *J. Biochem.* **135**, 375–384 (2004). *

Kondou N., Kuramitsu S., and Masui R.: "Biochemical characterization of TT1383 from *Thermus thermophilus* identifies a novel dNTP triphosphohydrolase activity

- stimulated by dATP and dTTP”, *J. Biochem.* **136**, 221–231 (2004). *
- Kobayashi S., Masui R., Yokoyama S., Kuramitsu S., and Takagi H.: “A novel metal-activated L-serine O-acetyltransferase from *Thermus thermophilus* HB8”, *J. Biochem.* **136**, 629–634 (2004). *
- Goto M., Omi R., Miyahara I., Hosono A., Mizuguchi H., Hayashi H., Kagamiyama H., and Hirotsu K.: “Crystal structures of glutamine: Phenylpyruvate aminotransferase from *Thermus thermophilus* HB8”, *J. Biol. Chem.* **279**, 16518–16525 (2004). *
- Iwai T., Kuramitsu S., and Masui R.: “The Nudix hydrolase Ndx1 from *Thermus thermophilus* HB8 is a diadenosine hexaphosphate hydrolase with a novel activity”, *J. Biol. Chem.* **279**, 21732–21739 (2004). *
- Hisanaga Y., Ago H., Nakagawa N., Hamada K., Ida K., Yamamoto M., Hori T., Arii Y., Sugahara M., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Miyano M.: “Structural basis of the substrate-specific two-step catalysis of long chain fatty acyl-coa synthetase dimer”, *J. Biol. Chem.* **279**, 31717–31726 (2004). *
- Yoshida S., Ohga T., Nakagawa N., Shibata T., Inoue Y., Yokoyama S., Kuramitsu S., and Masui R.: “Structural insights into the *Thermus thermophilus* ADP-ribose pyrophosphatase mechanism via crystal structures with the bound substrate and metal”, *J. Biol. Chem.* **279**, 37163–37174 (2004). *
- Nakai T., Nakagawa N., Maoka N., Masui R., Kuramitsu S., and Kamiya N.: “Ligand-induced conformational changes and a reaction intermediate in branched-chain 2-oxo acid dehydrogenase (E1) from *Thermus thermophilus* HB8, as revealed by X-ray crystallography”, *J. Mol. Biol.* **337**, 1011–1033 (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). *
- 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). *
- Yokoyama H., Sarai N., Kagawa W., Enomoto R., Shibata T., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: “Preferential binding to branched DNA strands and strand-annealing activity of the human Rad51B, Rad51C, Rad51D and Xrcc2 protein complex”, *Nucleic Acids Res.* **32**, 2556–2565 (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). *
- Goto M., Omi R., Nakagawa N., Miyahara I., and Hirotsu K.: “Crystal structures of CTP synthetase reveal ATP, UTP, and glutamine binding sites”, *Structure* **12**, 1413–1423 (2004). *
- 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). *

□ 頭 発 表 Oral Presentations

(国際会議等)

- Ohga T., Yoshida S., Iwai T., Masui R., and Kuramitsu S.: “Analysis of catalytic mechanism of Ndx4, a nudix protein from *Thermus thermophilus* HB8”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Tsutsui S., Lee W. C., Ito K., Inoue Y., Nagata K., and Tanokura M.: “Crystal structure of carboxypeptidase I from *Thermus thermophilus*”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Ebihara A., Okamoto A., Kousumi Y., Yamamoto H., Masui R., Ueyama N., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: “Functional inference of a hypothetical protein: a co-factor binding predicted from the structural analysis”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Kondou N., Masui R., and Kuramitsu S.: “Identification of *Thermus thermophilus* TT1383 revealed a novel dNTP triphosphohydrolase activity stimulated by dATP and dTTP”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Saito I., Nakagawa N., Masui R., and Kuramitsu S.: “Nucleotide excision repair system of *Thermus thermophilus* HB8”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Tanaka Y., Nakagawa N., Masui R., and Kuramitsu S.: “Reaction mechanism of GTP cyclohydrolase I”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Akiyama N., Nakagawa N., Masui R., and Kuramitsu S.: “Roles of active site residues in *Thermus thermophilus* MutM”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Kinebuchi T., Kagawa W., Enomoto R., Shibata T., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: “Structural basis for homologous pairing by the human Dmc1 octameric ring”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and

- others), Yokohama, Apr. (2004).
- Masui R., Kurokawa K., Nakagawa N., Terada T., Shirouzu M., Koyama Y., Tokunaga F., Oshima T., Shibata T., Inoue Y., Yasunaga T., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: "Whole cell project of *Thermus thermophilus* HB8 toward atomic-resolution biology: prediction of the coding sequences", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Nakagawa N., Ebihara A., Kousumi Y., Sato S., Agari Y., Maoka N., Agari K., Iino H., Kashihara A., Inoue Y., Terada T., Shirouzu M., Masui R., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: "Whole cell project of *Thermus thermophilus* HB8 toward atomic-resolution biology: protein crystallization and structural determination", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Ebihara A., Nakagawa N., Kousumi Y., Sato S., Agari Y., Maoka N., Agari K., Iino H., Kashihara A., Inoue Y., Masui R., Shirouzu M., Terada T., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: "Whole cell project of *Thermus thermophilus* HB8 toward atomic-resolution biology: protein expression and purification", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Fukui K., Masui R., and Kuramitsu S.: "*Thermus thermophilus* MutS2, a MutS homologue, possesses an endonuclease activity effected by MutL and MutS", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (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).
- 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", 8th Int. Conf. on Biology and Synchrotron Radiation (BSR2004), (Himeji City, RIKEN, and others), Himeji, Sept. (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).
- Nakagawa N., Ebihara A., Kanagawa M., Kuroishi C., Sato S., Agari Y., Maoka N., Iino H., Kashihara A., Inoue Y., Terada T., Shirouzu M., Masui R., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: "Systematic preparation and structural determination of *Thermus thermophilus* HB8 proteins for structural genomics", 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- (国内会議)
- 石嶋潤, 本島浩之, 野嶽勇一, 柴田武彦, 井上頼直, 横山茂之, 倉光成紀: "ハイスループット立体構造解析のためのタンパク質調製", 第14回放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 東広島, 1月(2001).
- 増井良治: "*Thermus thermophilus* HB8 のゲノム解析, および構造プロテオミックスの進捗状況", 文部省科研費補助金・特定領域研究「統合ゲノム」第6回ワークショップ「微生物ゲノム研究のフロンティア」, 木更津, 3月(2004).
- 大賀拓史, 葭葉幸子, 岩井孝吉, 中川紀子, 増井良治, 倉光成紀: "高度好熱菌由来 ATP-ribose phyrophosphatase Ndx4 の反応機構解析", 第51回日本生化学会近畿支部例会, 和歌山, 5月(2004).
- 若松泰介, 大賀拓史, 中川紀子, 増井良治, 倉光成紀: "高度好熱菌由来 Nudix タンパク質 Ndx2 の機能解析", 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).
- 増井良治, 黒川顕, 中川紀子, 寺田貴帆, 白水美香子, 小山芳典, 徳永史生, 大島泰郎, 安永照雄, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: "高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 の比較ゲノム解析", 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).
- 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 由来ウロポルフィルノゲン 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).
- 石井健, 馬場清喜, 金川真由美, 矢内久陽, 河合宏哉, 海老原章郎, 中川紀子, 河合剛太, 三瓶徹一: "高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来 GMP synthetase 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).
- 近江理恵, 後藤勝, 宮原郁子, 広津建: "高度好熱菌ヒスチジノールリン酸ホスファターゼの結晶構造", 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).
- 中井忠志, 中川紀子, 真岡伸子, 増井良治, 倉光成紀, 神谷信夫: "高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来グリシン開裂系 P タンパクの結晶構造", 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).
- 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).
- 三瓶巖一, 馬場清喜, 石井健, 河合宏哉, 矢内久陽, 金川真由美, 河合剛太: “プリンヌクレオチド生合成系タンパク質の結晶構造解析”, 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).
- 宮原郁子, 松村光義, 後藤勝, 近江理恵, 広津建: “アセチルオルニチンアミノ基転移酵素の基質二重認識”, 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).
- 加藤正弘, 山本仁, 岡村高明, 増井良治, 倉光成紀, 上山憲一: “白金錯体による *Thermus thermophilus* HB8 Thioredoxin 酵素活性阻害”, 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).
- 大賀拓史, 葭葉幸子, 中川紀子, 増井良治, 倉光成紀: “高度好熱菌由来 ADP-ribose pyrophosphatase の変異体解析”, 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).
- 福井健二, 増井良治, 倉光成紀: “MutS 及び MutL によって活性化される MutS2 のヌクレアーゼ活性”, 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).
- 齋藤郁美, 中川紀子, 増井良治, 倉光成紀: “高度好熱菌ヌクレオチド除去修復系の構造機能解析”, 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).
- 田中容子, 中川紀子, 増井良治, 倉光成紀: “GTP cyclohydrolase I の反応機構”, 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).
- 甲角幸秀, 金子摩紀, 中川紀子, 岡村高明, 増井良治, 山本仁, 上山憲一, 倉光成紀: “*Thermus thermophilus* 由来 cytochrome P450 に対する redox partner 蛋白質の探索”, 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).
- 武石俊作, 中川紀子, 増井良治, 倉光成紀: “高度好熱菌 NDP kinase の構造機能解析”, 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).
- 山岸大輔, 増井良治, 倉光成紀: “高度好熱菌由来 Ndx7 の機能解析”, 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).
- 末田慎二, Islam N., Jin Y., 近藤寛樹: “ビオチン依存酵素の立体構造・作用機構の解明”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 長谷川智一, 廣瀬雷太, 山野昭人, 濱田賢作, 倉光成紀: “X線構造解析スクリーニング”, 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).
- 小林祥平, 松崎富士郎, 広岡怜子, 木村誠, 角田佳充: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来ペプチドグリカン合成酵素群の結晶構造解析”, 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).
- 矢尾忠之, 近江理恵, 後藤勝, 宮原郁子, 広津建: “トレオニン脱水素酵素複合体の X 線構造解析”, 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).
- 岡村高明, 増井健, 金子摩紀, 佐野未沙, 伊藤彰厚, 山本仁, 上山憲一: “ビス(ターピリジン)ルテニウム(II)錯体を用いた蛋白質 N 端アミノ酸配列決定”, 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).
- 増井健, 岡村高明, 山本仁, 上山憲一: “ビス(ターピリジン)ルテニウム(II)錯体による N 端アミノ酸配列決定法の確立”, 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).
- 西久保喬, 増井良治, 倉光成紀: “高度好熱菌由来 Ndx3 蛋白質の機能解析”, 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).
- 近藤直幸, 中川紀子, 増井良治, 倉光成紀: “*Thermus thermophilus* TT1383 は dATP と dTTP によって誘導される dNTP triphosphohydrolase 活性を持つ”, 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).
- 柏原愛子, 石戸恵美, 吉良聡, 中川紀子, 井手香, 加納真, 長嶋剛史, 福崎昭伸, 小西史一, 畠山真里子, 田代康介, 久原哲, 小長谷明彦, 横山茂之, 倉光成紀: “DNA マイクロアレイ解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 佐々木千津子, 杉浦郁子, 杉尾成俊, 田村隆, 稲垣賢二: “*Thermus thermophilus* HB8 由来 TT1253 蛋白質の 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).
- 筒井志穂, 李愚哲, 伊東孝祐, 加茂昌之, 井上由美子, 永田宏次, 田之倉優: “*Thermus thermophilus* 由来のカルボキシペプチターゼ 1 の生化学的及び結晶学的解析”, 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).
- 久野玉雄, 佐藤伸哉, 三木邦夫: “ジヒドロネオプテリニアルドラーゼの結晶構造”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 飯野均, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 真岡伸子, 上利(住口)和子, 柏原愛子, 井上由美子, 吉良聡, 松本香代子, 大森美和, 石戸恵美, 西田雅美, 新海ふじ江, 堀田佳子, 木山知美, 満足美穂, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “タンパク質結晶化”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 真岡伸子, 甲角幸秀, 黒石千寿, 上利(住口)和子, 柳楽武志, 松本香代子, 木山知美, 柏原愛子, 石戸恵美, 揖場朱香, 松本隆, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 飯野均, 井上由美子, 吉良聡, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 矢内久陽, 今川貴仁, 堀田佳子, 有馬登志, 満足美穂, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “タンパク質発現”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 金川真由美, 中川紀子, 海老原章郎, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 矢内久陽, 今川貴仁, 北村吉章, 中山仁志, 真岡伸子, 上利(住口)和子, 井上由美子, 松本香代子, 大森美和, 石戸恵美, 西田雅美, 新海ふじ江, 柳楽武志, 堀田佳子, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 満足美穂, 笈教代, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “構造機能解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 上利佳弘, 吉良聡, 中川紀子, 海老原章郎, 真岡伸子, 井上由美子, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 飯野均, 柏原愛子, 金川真由美, 上利(住口)和子, 柳楽武志, 松本香代子, 大森美和, 石戸恵美, 西田雅美, 新海ふじ江, 満足美穂, 笈教代, 矢内久陽, 今川貴仁, 北村吉章, 堀田佳子, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 中山仁志, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 に関する実験情報を管理・共有するためのデータベースシステム”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 中島理, 後藤勝, 近江理恵, 宮原郁子, 広津建: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来 L-アスパラギン酸- α -デカルボキシラーゼの超高分解能による結晶構造解析”, 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).
- 新海ふじ江, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 大森美和, 西田雅美, 満足美穂, 堀田佳子, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート 1”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 大森美和, 西田雅美, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 新海ふじ江, 満足美穂, 堀田佳子, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート 2”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 井上由美子, 満足美穂, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 堀田佳子, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート 3”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 松永笑子, 藤本弥生, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松本隆, 高尾史野, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 満足美穂, 堀田佳子, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート 4”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 伊東紀子, 浮田陽子, 黒石千寿, 頼永優, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 満足美穂, 堀田佳子, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート 5”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 大賀拓史, 葭葉幸子, 中川紀子, 倉光成紀, 増井良治: “nudix 蛋白質 ADP-ribose 加水分解酵素の反応機構解析”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 海老原章郎, 中川紀子, 金川真由美, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 真岡伸子, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 井上由美子, 増井良治, 白水美香子, 寺田貴帆, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “原子レベルでの生物学を目指した高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクトの進捗状況”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 斉藤由美, 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).
- 近藤直幸, 増井良治, 中川紀子, 倉光成紀: “Binding of multiple dNTPs induces the dNTP triphosphohydrolase activity of an oligomeric protein TT1383 from *Thermus thermophilus*”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 若松泰介, 大賀拓史, 中川紀子, 増井良治, 倉光成紀: “Biochemical characterization of *Thermus thermophilus* HB8 Ndx2 protein, a member of Nudix family”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 水口博之, 宮原郁子, 近江理恵, 松村光義, 広津建, 林秀行: “Characterization of the putative subgroup IV aminotransferase from *Thermus thermophilus* HB8”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 福井健二, 増井良治, 倉光成紀: “MutS2 possesses an endonuclease activity stimulated by mismatch repair proteins MutS and MutL”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 近江理恵, 後藤勝, 宮原郁子, 広津建: “Structural study of metalloprotein histidinol-phosphate phosphatase”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 後藤勝, 近江理恵, 宮原郁子, 広津建: “X-ray structures of allosteric CTP synthetase reveal ATP, UTP, and glutamine binding sites and a Glu-His-Cys-His-Glu pentad as a potential catalyst”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 西久保喬, 増井良治, 倉光成紀: “*Thermus thermophilus* HB8 Ndx3 protein is a diadenosine 5',5''-P₁,P₄-tetrphosphate(Ap4A) hydrolase that is a member of Nudix family”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 中井忠志, 中川紀子, 真岡伸子, 増井良治, 倉光成紀, 神谷信夫: “高度好熱菌由来グリシン開裂系 P タンパクの X 線解析”, 日本結晶学会平成 16 年度年会, 吹田, 11 月 (2004).
- 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 増井良治, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクトの進捗状況”, 第 5 回極限環境微生物学会年会, 東京, 11 月 (2004).
- 秋山直子, 中川紀子, 増井良治, 倉光成紀: “酸化傷害 DNA 修復酵素における反応触媒残基の解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 藤田咲子, 中川紀子, 増井良治, 倉光成紀: “酸化傷害 DNA 修復酵素の基質認識及び AP リアーゼ活性に働く残基の解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 若松泰介, 大賀拓史, 中川紀子, 増井良治, 倉光成紀: “Biochemical characterization of *Thermus thermophilus* HB8 Ndx2 protein, a member of Nudix family”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 山岸大輔, 近藤直幸, 中川紀子, 増井良治, 倉光成紀: “*Thermus thermophilus* HB8 由来 Nudix family protein (Ndx7) の機能解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 福井健二, 増井良治, 倉光成紀: “MutS2 nuclease activity is modulated by association with MutS, a mismatch-recognition protein”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 海老原章郎, 中川紀子, 金川真由美, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 真岡伸子, 飯野均, 柏原愛子, 黒石千寿, 増井良治, 白水美香子, 寺田貴帆, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “Progress in the whole cell project of *Thermus thermophilus* HB8 toward atomic-resolution biology”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 岩井孝吉, 中川紀子, 倉光成紀, 増井良治: “高度好熱菌 Ndx1 タンパク質の立体構造および反応機構解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 西久保喬, 中川紀子, 増井良治, 倉光成紀: “*Thermus thermophilus* HB8 Ndx3 protein is a diadenosine 5',5''-P₁,P₄-tetrphosphate(Ap4A) hydrolase that is a member of Nudix family”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 矢内久陽: “5-Formyltetrahydrofolate cycloligase-related protein, TT1367, from *Thermus thermophilus* HB8”, 理研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1 月 (2005).
- 飯野均, 倉光成紀: “Crystal structure of conserved hypothetical proteins, TT1817 and TT1547, from *Thermus thermophilus* HB8”, 理研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1 月 (2005).
- 北村吉章: “Crystal structure of the conserved hypothetical nucleotidyltransferase protein, TT1902, from *Thermus thermophilus* HB8”, 理研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1 月 (2005).
- 上利佳弘: “Crystal structure of the conserved hypothetical protein TT1570 and probable transcriptional regulator TT1019 from *Thermus thermophilus* HB8”, 理研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1 月 (2005).
- 佐藤伸哉: “Crystal structure of the conserved hypothetical protein, TT1634, from *Thermus thermophilus* HB8”, 理研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1 月 (2005).
- 金川真由美, 倉光成紀: “Crystal structure of the conserved hypothetical proteins, TT1707 and TT1657, from *Thermus thermophilus* HB8”, 理研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1 月 (2005).
- 柏原愛子, 倉光成紀: “DNA microarray analysis of *Thermus thermophilus* HB8”, 理研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1 月 (2005).
- 海老原章郎, 倉光成紀: “Functional investigation of hypothetical proteins from structural genomics approach”, 理研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1 月 (2005).
- 吉良聡, 倉光成紀: “Gene optimization of the 5' transla-

tional region for *Thermus thermophilus* HB8 in vitro expression”, 理研シンポジウム「構造生物学(X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1月(2005).

今川貴仁: “Probable flavoprotein TT1382 from *Thermus thermophilus* HB8”, 理研シンポジウム「構造生物学(X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1月(2005).

金川真由美, 中川紀子, 海老原章郎, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 真岡伸子, 飯野均, 柏原愛子, 黒石千寿, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “Progress report on the whole-cell project of *Thermus thermophilus* HB8”, 理研シンポジウム「構造生物学(X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1月(2005).

中井忠志, 中川紀子, 真岡伸子, 増井良治, 倉光成紀, 神谷信夫: “高度好熱菌由来グリシン開裂系Pタンパクの結晶構造”, 理研シンポジウム「構造生物学(X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1月(2005).

物質・エネルギー代謝系蛋白質研究チーム

誌上発表 Publications

(原著論文) *印は査読制度がある論文

Iwasaki W., Miyatake H., Ebihara A., and Miki K.: “Crystallization and preliminary X-ray crystallographic studies of the small form of glucose-inhibited division protein A from *Thermus thermophilus* HB8”, *Acta Cryst. D* **60**, 515–517 (2004). *

Numoto N., Kita A., and Miki K.: “Structure of the C subunit of V-type ATPase from *Thermus thermophilus* at 1.85 Å resolution”, *Acta Cryst. D* **60**, 810–815 (2004). *

Taguchi Y., Sugishima M., and Fukuyama K.: “Crystal structure of a novel zinc-binding ATP sulfurylase from *Thermus thermophilus* HB8”, *Biochemistry* **43**, 4111–4118 (2004). *

Takeda K., Miyatake H., Park S., Kawamoto M., Kamiya N., and Miki K.: “Multi-wavelength anomalous diffraction method for I and Xe atoms using ultra-high-energy X-rays from SPring-8”, *J. Appl. Cryst.* **37**, 925–933 (2004). *

Numoto N., Kita A., and Miki K.: “Crystal structure of the co-chaperonin Cpn10 from *Thermus thermophilus* HB8”, *Proteins: Struct., Funct., Bioinf.* **58**, 498–500 (2004). *

(その他)

大島泰郎, 横山茂之, 田之倉優, 三木邦夫: “特集 進む「タンパク 3000 プロジェクト」座談会”, *Sci. Technol. J.* **14**, 10–17 (2005).

口頭発表 Oral Presentations

(国際会議等)

Hisano T., Miyatake H., and Miki K.: “Crystal structure of dihydroneopterin aldolase from *Thermus thermophilus* HB8”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and

others), Yokohama, Apr. (2004).

Masui R., Kurokawa K., Nakagawa N., Terada T., Shirouzu M., Koyama Y., Tokunaga F., Oshima T., Shibata T., Inoue Y., Yasunaga T., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: “Whole cell project of *Thermus thermophilus* HB8 toward atomic-resolution biology: prediction of the coding sequences”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Nakagawa N., Ebihara A., Kousumi Y., Sato S., Agari Y., Maoka N., Agari K., Iino H., Kashihara A., Inoue Y., Terada T., Shirouzu M., Masui R., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: “Whole cell project of *Thermus thermophilus* HB8 toward atomic-resolution biology: protein crystallization and structural determination”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Ebihara A., Nakagawa N., Kousumi Y., Sato S., Agari Y., Maoka N., Agari K., Iino H., Kashihara A., Inoue Y., Masui R., Shirouzu M., Terada T., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: “Whole cell project of *Thermus thermophilus* HB8 toward atomic-resolution biology: protein expression and purification”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Miyatake H., Kim S., Motegi I., Matsuzaki H., Kitahara H., Higuchi A., and Miki K.: “Development of full-automated macromolecular crystallization: Observation robot system”, 10th Int. Conf. on the Crystallization of Biological Macromolecules (ICCBM10), (International Organization for Biological Crystallization and others), Beijing, China, June (2004).

Kim S., Miyatake H., Ueno T., Nagao T., and Miki K.: “Electric charge-separation of the protein for X-ray crystallography using the free-flow isoelectric focusing”, 10th Int. Conf. on the Crystallization of Biological Macromolecules (ICCBM10), (International Organization for Biological Crystallization and others), Beijing, China, June (2004).

Iwasaki W., Miyatake H., and Miki K.: “Crystal structure of the small form of glucose-inhibited division protein A from *Thermus thermophilus* HB8”, 6th Conf. of the Asian Crystallographic Association (AsCA'04), Hong Kong, China, June (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).
- Nakagawa N., Ebihara A., Kanagawa M., Kuroishi C., Sato S., Agari Y., Maoka N., Iino H., Kashihara A., Inoue Y., Terada T., Shirouzu M., Masui R., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: "Systematic preparation and structural determination of *Thermus thermophilus* HB8 proteins for structural genomics", 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
(国内会議)
- 増井良治, 黒川顕, 中川紀子, 寺田貴帆, 白水美香子, 小山芳典, 徳永史生, 大島泰郎, 安永照雄, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: "高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 の比較ゲノム解析", 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).
- 岩崎わかな, 宮武秀行, 三木邦夫: "*Thermus thermophilus* HB8 由来 Glucose-inhibited division protein A の small form 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, 播磨, 7-8月(2004).
- 飯野均, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 揖場朱香, 北村吉章, 寛教代, 中山仁志, 真岡伸子, 上利(住口)和子, 柏原愛子, 井上由美子, 吉良聡, 松本香代子, 大森美和, 石戸恵美, 西田雅美, 新海ふじ江, 堀田佳子, 木山知美, 満足美穂, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: "タンパク質結晶化", 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 真岡伸子, 甲角幸秀, 黒石千寿, 上利(住口)和子, 柳楽武志, 松本香代子, 木山知美, 柏原愛子, 石戸恵美, 揖場朱香, 松本隆, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 飯野均, 井上由美子, 吉良聡, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 矢内久陽, 今川貴仁, 堀田佳子, 有馬登志, 満足美穂, 北村吉章, 寛教代, 中山仁志, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: "タンパク質発現", 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 金成勲, 宮武秀行, 上野朋行, 長尾卓也, 三木邦夫: "フリーフロー等電点電気泳動法における3次構造解析向けの新規の両性電解質バッファの開発", 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 金川真由美, 中川紀子, 海老原章郎, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 矢内久陽, 今川貴仁, 北村吉章, 中山仁志, 真岡伸子, 上利(住口)和子, 井上由美子, 松本香代子, 大森美和, 石戸恵美, 西田雅美, 新海ふじ江, 柳楽武志, 堀田佳子, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 満足美穂, 寛教代, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: "構造機能解析", 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 竹田一旗, 三木邦夫: "高度好熱菌 *T. thermophilus* HB8 由来 ABC トランスポーターのヌクレオチド結合タンパク質 (TT2939) 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, 播磨, 7-8月(2004).
- 上利佳弘, 吉良聡, 中川紀子, 海老原章郎, 真岡伸子, 井上由美子, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 飯野均, 柏原愛子, 金川真由美, 上利(住口)和子, 柳楽武志, 松本香代子, 大森美和, 石戸恵美, 西田雅美, 新海ふじ江, 満足美穂, 寛教代, 矢内久陽, 今川貴仁, 北村吉章, 堀田佳子, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 中山仁志, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: "高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 に関する実験情報を管理・共有するためのデータベースシステム", 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 吉瀬智康, 竹田一旗, 久野玉雄, 三木邦夫: "高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来 short-chain dehydrogenase/reductase (SDR) の結晶学的研究", 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 山口瞳, 和田啓, 山形敦史, 高橋康弘, 福山恵一: "高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来 endonuclease V の結晶化", 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 沼本修孝, 喜田昭子, 三木邦夫: "高度好熱菌由来 V-type ATPase C サブユニットの結晶構造", 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 宮武秀行, 金成勲, 茂木逸郎, 松崎浩文, 北原秀吉, 樋口朗, 三木邦夫: "生体高分子全自動結晶化・観察ロボットシステム HTS-80 の開発", 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 新海ふじ江, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 大森美和, 西田雅美, 満足美穂, 堀田佳子, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 寛教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: "精製レポート 1", 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 大森美和, 西田雅美, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 新海ふじ江, 満足美穂, 堀田佳子, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 寛教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: "精製レポート 2", 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).

井上由美子, 満足美穂, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 堀田佳子, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート 3”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).

松永笑子, 藤本弥生, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松本隆, 高尾史野, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 満足美穂, 堀田佳子, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート 4”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).

伊東紀子, 浮田陽子, 黒石千寿, 頼永優, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 満足美穂, 堀田佳子, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート 5”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).

海老原章郎, 中川紀子, 金川真由美, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 真岡伸子, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 井上由美子, 増井良治, 白水美香子, 寺田貴帆, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “原子レベルでの生物学を目指した高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクトの進捗状況”, 第77回日本生化学会大会, 横浜, 10月(2004).

金成勲, 竹田一旗, 久野玉雄, 三木邦夫: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* 由来 *N*-acylamino acid racemase の結晶学的研究”, 日本結晶学会平成16年度年会, 吹田, 11月(2004).

沼本修孝, 喜田昭子, 三木邦夫: “高度好熱菌由来 V-type ATPase C サブユニットの結晶構造”, 日本結晶学会平成16年度年会, 吹田, 11月(2004).

中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 増井良治, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクトの進捗状況”, 第5回極限環境微生物学会年会, 東京, 11月(2004).

海老原章郎, 中川紀子, 金川真由美, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 真岡伸子, 飯野均, 柏原愛子, 黒石千寿, 増井良治, 白水美香子, 寺田貴帆, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “Progress in the whole cell project of *Thermus thermophilus* HB8 toward atomic-resolution biology”, 第27回日本分子生物学会年会, 神戸, 12月(2004).

中川敦史, 三木邦夫: “構造ゲノム科学・構造プロテオミクスにおける先端の技術開発”, 第42回日本生物物理学会

年会, 京都, 12月(2004).

木田宗志, 喜田昭子, 三木邦夫: “高度好熱菌由来 4-oxalocrotonate tautomerase の結晶構造”, 第42回日本生物物理学会年会, 京都, 12月(2004).

秋山信彦, 喜田昭子, 三木邦夫: “高度好熱菌由来 amino acid transporter の ATP 結合ドメインの結晶構造”, 第42回日本生物物理学会年会, 京都, 12月(2004).

金川真由美, 中川紀子, 海老原章郎, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 真岡伸子, 飯野均, 柏原愛子, 黒石千寿, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “Progress report on the whole-cell project of *Thermus thermophilus* HB8”, 理研シンポジウム「構造生物学(X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1月(2005).

機能未知蛋白質研究チーム

誌上発表 Publications

(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). *

Fukunaga R. and Yokoyama S.: “Crystallization and preliminary X-ray crystallographic study of the editing domain of *Thermus thermophilus* isoleucyl-tRNA synthetase complexed with the pre- and post-transfer editing-substrate analogues”, *Acta Cryst. D* **60**, 1900-1902 (2004). *

Fukunaga R. and Yokoyama S.: “Crystallization and preliminary X-ray crystallographic study of Leucyl-tRNA synthetase from the archaeon *Pyrococcus horikoshii*”, *Acta Cryst. D* **60**, 1916-1918 (2004). *

Hirao I., Harada Y., Nojima T., Osawa Y., Masaki H., and Yokoyama S.: “*In vitro* selection of RNA aptamers that bind to colicin E3 and structurally resemble the decoding site of 16S ribosomal RNA”, *Biochemistry* **43**, 3214-3221 (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). *

Endo M., Mitsui T., Okuni T., Kimoto M., Hirao I., and Yokoyama S.: “Unnatural base pairs mediate the site-specific incorporation of an unnatural hydrophobic component into RNA transcripts”, *Bioorg. Med. Chem. Lett.* **14**, 2593-2596 (2004). *

Hirao I., Fujiwara T., Kimoto M., and Yokoyama S.: “Unnatural base pairs between 2- and 6-substituted

- purines and 2-oxo(1H)pyridine for expansion of the genetic alphabet”, *Bioorg. Med. Chem. Lett.* **14**, 4887–4890 (2004). *
- Kimoto M., Yokoyama S., and Hirao I.: “A quantitative, non-radioactive single-nucleotide insertion assay for analysis of DNA replication fidelity by using an automated DNA sequencer”, *Biotechnol. Lett.* **26**, 999–1005 (2004). *
- Artsimovitch I., Patlan V., Sekine S., Vassilyeva M. N., Hosaka T., Ochi K., Yokoyama S., and Vassilyev D. G.: “Structural basis for transcription regulation by alarmone ppGpp”, *Cell* **117**, 299–310 (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). *
- Takizawa Y., Kinebuchi T., Kagawa W., Yokoyama S., Shibata T., and Kurumizaka H.: “Mutational analyses of the human Rad51-Tyr315 residue, a site for phosphorylation in leukaemia cells”, *Genes Cells* **9**, 781–790 (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). *
- Sakamoto K., Ishimaru S., Kobayashi T., Walker J. R., and Yokoyama S.: “The *Escherichia coli* *argU10*(Ts) phenotype is caused by a reduction in the cellular level of the *argU* tRNA for the rare codons AGA and AGG”, *J. Bacteriol.* **186**, 5899–5905 (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). *
- 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 interaction with tumor suppressor p53 and A/T-rich DNA oligomers”, *J. Biol. Chem.* **279**, 31455–31461 (2004). *
- Randau L., Schauer S., Ambrogelly A., Salazar J. C., Moser J., Sekine S., Yokoyama S., Soll D., and Jahn D.: “tRNA recognition by glutamyl-tRNA reductase”, *J. Biol. Chem.* **279**, 34931–34937 (2004). *
- Enomoto R., Kinebuchi T., Sato M., Yagi H., Shibata T., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: “Positive role of the mammalian TBPIP/HOP2 protein in DMC1-mediated homologous pairing”, *J. Biol. Chem.* **279**, 35263–35272 (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). *
- Yamasaki K., Kigawa T., Inoue M., Tatemo M., Yamasaki T., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Nunokawa E., Ishizuka Y., Terada T., Shirouzu M., Osanai T., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., and Yokoyama S.: “A novel zinc-binding motif revealed by solution structures of DNA-binding domains of *Arabidopsis* SBP-family transcription factors”, *J. Mol. Biol.* **337**, 49–63 (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). *
- Kigawa T., Yabuki T., Matsuda N., Matsuda T., Nakajima R., Tanaka A., and Yokoyama S.: “Preparation of *Escherichia coli* cell extract for highly productive cell-free protein expression”, *J. Struct. Funct. Genom.* **5**, 63–68 (2004). *
- Tanaka Y., Tawaramoto M. S., Kawaguchi S., Ohta T., Yoda K., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: “Expression and purification of recombinant human histones”, *Methods* **33**, 3–11 (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). *
- Kinebuchi T., Kagawa W., Enomoto R., Tanaka K., Miyagawa K., Shibata T., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: “Structural basis for octameric ring formation and DNA interaction of the human homologous-pairing protein Dmc1”, *Mol. Cell* **14**, 363–374 (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). *
- Hosaka T., Tamehiro N., Chumpolkulwong N., Hori-Takemoto C., Shirouzu M., Yokoyama S., and Ochi K.: “The novel mutation K87E in ribosomal protein S12 enhances protein synthesis activity during the late growth phase in *Escherichia coli*”, *Mol. Gen. Genomics* **271**, 317–324 (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). *
- Yokoyama H., Sarai N., Kagawa W., Enomoto R., Shibata T., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: “Preferential binding to branched DNA strands and strand-annealing

- activity of the human Rad51B, Rad51C, Rad51D and Xrcc2 protein complex”, *Nucleic Acids Res.* **32**, 2556–2565 (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). *
- Wada T., Shirouzu M., Terada T., Kamewari Y., Park S., Tame J. R., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Crystal structure of the conserved hypothetical protein TT1380 from *Thermus thermophilus* HB8”, *Proteins: Struct., Funct., Bioinf.* **55**, 778–780 (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). *
- Katsura Y., Shirouzu M., Yamaguchi H., Ishitani R., Nureki O., Kuramitsu S., Hayashi H., and Yokoyama S.: “Crystal structure of a putative aspartate aminotransferase belonging to subgroup IV”, *Proteins: Struct., Funct., Genet.* **55**, 487–492 (2004). *
- Nameki N., Yoneyama M., Koshiha S., Tochio N., Inoue M., Seki E., Matsuda T., Tomo Y., Harada T., Saito K., Kobayashi N., Yabuki T., Aoki M., Nunokawa E., Matsuda N., Sakagami N., Terada T., Shirouzu M., Yoshida M., Hirota H., Osanai T., Tanaka A., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., Kinoshita K., Guentert P., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Solution structure of the RWD domain of the mouse GCN2 protein”, *Protein Sci.* **13**, 2089–2100 (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). *
- Saito K., Kigawa T., Koshiha S., Sato K., Matsuo Y., Sakamoto A., Takagi T., Shirouzu M., Yabuki T., Nunokawa E., Seki E., Matsuda T., Aoki M., Miyata Y., Hirakawa N., Inoue M., Terada T., Nagase T., Kikuno R., Nakayama M., Ohara O., Tanaka A., and Yokoyama S.: “The CAP-Gly domain of CYLD associates with the proline-rich sequence in NEMO/IKK γ ”, *Structure* **12**, 1719–1728 (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^{Leu} 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). *
- Murayama K., Shirouzu M., Terada T., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Crystal structure of TT1662 from *Thermus thermophilus* HB8: A member of the α/β 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)
- 酒井宏明, 横山茂之: “ハイスルーブットタンパク質 X 線結晶構造解析”, *Med. Sci. Dig.* **30**, 310–311 (2004).
- 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).
- 杵渕隆, 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).
- 林文晶, 武藤裕, 廣田洋, 木川隆則, 横山茂之: “蛋白質立体構造解析のための NMR”, *蛋白質 核酸 酵素* **49**, 1800–1808 (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).
- (その他)
- 大島泰郎, 横山茂之, 田之倉優, 三木邦夫: “特集 進む「タンパク 3000 プロジェクト」座談会”, *Sci. Technol. J.* **14**, 10–17 (2005).

口頭発表 Oral Presentations

(国際会議等)

- Yokoyama S.: “RIKEN Structural Genomics/Proteomics Initiative”, Broome 2003, International Crystallography Meetings, AsCA'03/Crystal-23 Conference, Broome, Australia, Aug. (2003).
- 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).
- Kigawa T. and Yokoyama S.: “Cell-free protein production in structural proteomics”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Sengoku T., Nureki O., Nakamura A., Kobayashi S., and Yokoyama S.: “Contracted inchworm structure of Vasa 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).
- Arai R., Matsumoto E., Tsuganezawa K., Ito K., Sakamoto A., Terazawa Y., Nishimoto M., Eto Y., Saito Y., Yoshikawa S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Functional analysis of unknown-function proteins/domains: Identification of binding partners”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Ebihara A., Okamoto A., Kousumi Y., Yamamoto H., Masui R., Ueyama N., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: “Functional inference of a hypothetical protein: a co-factor binding predicted from the structural analysis”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Ohashi W., Yamazaki T., Arai R., Matsumoto E., Shirouzu M., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., Yokoyama S., and Hirota H.: “Research on functional analysis of mFis1, a mitochondrial fission protein, based on its 3D structure”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Zhao C., Kigawa T., Saito K., Koshiha S., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Shirouzu M., Terada T., Yoshida M., Hirota H., Osanai T., Tanaka A., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: “Solution structure of a ubiquitin-like domain in mouse tubulin-specific Chaperone B”, 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).
- Li H., Koshiha S., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Shirouzu M., Terada T., Yoshida M., Hirota H., Osanai T., Tanaka A., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Solution structure of the C-terminal pleckstrin homology (PH) domain of Sbf1 from mouse”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Tochio N., Koshiha S., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Shirouzu M., Terada T., Yoshida M., Hirota H., Osanai T., Tanaka A., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Solution structure of the SAND domain of mouse 5830484A20Rik protein”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Fujikawa N., Kurumizaka H., Nureki O., Terada T., Shirouzu M., Katayama T., and Yokoyama S.: “Structural basis of replication origin recognition by the DnaA protein”, 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 α -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).
- Masui R., Kurokawa K., Nakagawa N., Terada T., Shirouzu M., Koyama Y., Tokunaga F., Oshima T., Shibata T., Inoue Y., Yasunaga T., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: “Whole cell project of *Thermus thermophilus* HB8 toward atomic-resolution biology: prediction of the coding sequences”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Nakagawa N., Ebihara A., Kousumi Y., Sato S., Agari Y., Maoka N., Agari K., Iino H., Kashihara A., Inoue Y., Terada T., Shirouzu M., Masui R., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: “Whole cell project of *Thermus thermophilus* HB8 toward atomic-resolution biology: protein crystallization and structural determination”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Ebihara A., Nakagawa N., Kousumi Y., Sato S., Agari Y., Maoka N., Agari K., Iino H., Kashihara A., Inoue Y., Masui R., Shirouzu M., Terada T., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: “Whole cell project of *Thermus thermophilus* HB8 toward atomic-resolution biology: protein expression and purification”, 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., Vassilyeva M. N., Yokoyama S., Artsimovitch I., and Vassilyev 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).
- 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).
- 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).
- 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.: “KUJIRA, 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).
- Nakagawa N., Ebihara A., Kanagawa M., Kuroishi C., Sato S., Agari Y., Maoka N., Iino H., Kashihara A., Inoue Y., Terada T., Shirouzu M., Masui R., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: “Systematic preparation and structural determination of *Thermus thermophilus* HB8 proteins for structural genomics”, 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”, Key-

- stone Symp. on Mechanisms of DNA Replication and Recombination (A1), Keystone, USA, Jan. (2005).
(国内会議)
- 石嶋潤, 本島浩之, 野嶽勇一, 柴田武彦, 井上頼直, 横山茂之, 倉光成紀: “ハイスループット立体構造解析のためのタンパク質調製”, 第14回放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 東広島, 1月(2001).
- 竹本(堀)千重, 中山洋, 赤坂領吾, 白水美香子, 倉光成紀, 廣田洋, 瀧尾擴士, 横山茂之: “Analysis of *Thermus thermophilus* HB8 ribosomal and related proteins”, 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).
- 横山茂之: “タンパク質の構造・機能の解明から生命システムの解明へ”, ゲノム科学総合研究センター5周年記念講演会「ゲノム科学の今後の展望」, (理研), 東京, 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).
- 増井良治, 黒川顕, 中川紀子, 寺田貴帆, 白水美香子, 小山芳典, 徳永史生, 大島泰郎, 安永照雄, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 の比較ゲノム解析”, 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).
- 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ノゲン 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, バリル 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).
- 柏原愛子, 石戸恵美, 吉良聡, 中川紀子, 井手香, 加納真, 長嶋剛史, 福崎昭伸, 小西史一, 畠山真里子, 田代康介, 久原哲, 小長谷明彦, 横山茂之, 倉光成紀: “DNA マイクロアレイ解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 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 σ 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).
- 飯野均, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 揖場朱香, 北村吉章, 笥教代, 中山仁志, 真岡伸子, 上利(住口)和子, 柏原愛子, 井上由美子, 吉良聡, 松本香代子, 大森美和, 石戸恵美, 西田雅美, 新海ふじ江, 堀田佳子, 木山知美, 満足美穂, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “タンパク質結晶化”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 真岡伸子, 甲角幸秀, 黒石千寿, 上利(住口)和子, 柳楽武志, 松本香代子, 木山知美, 柏原愛子, 石戸恵美, 揖場朱香, 松本隆, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 飯野均, 井上由美子, 吉良聡, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 矢内久陽, 今川貴仁, 堀田佳子, 有馬登志, 満足美穂, 北村吉章, 笥教代, 中山仁志, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “タンパク質発現”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 金川真由美, 中川紀子, 海老原章郎, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 矢内久陽, 今川貴仁, 北村吉章, 中山仁志, 真岡伸子, 上利(住口)和子, 井上由美子, 松本香代子, 大森美和, 石戸恵美, 西田雅美, 新海ふじ江, 柳楽武志, 堀田佳子, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 満足美穂, 笥教代, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “構造機能解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 上利佳弘, 吉良聡, 中川紀子, 海老原章郎, 真岡伸子, 井上由美子, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 飯野均, 柏原愛子, 金川真由美, 上利(住口)和子, 柳楽武志, 松本香代子, 大森美和, 石戸恵美, 西田雅美, 新海ふじ江, 満足美穂, 笥教代, 矢内久陽, 今川貴仁, 北村吉章, 堀田佳子, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 中山仁志, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 に関する実験情報を管理・共有するためのデータベースシステム”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 新海ふじ江, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 大森美和, 西田雅美, 満足美穂, 堀田佳子, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笥教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート1”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 大森美和, 西田雅美, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 新海ふじ江, 満足美穂, 堀田佳子, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笥教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート2”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 井上由美子, 満足美穂, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 堀田佳子, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笥教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート3”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 松永笑子, 藤本弥生, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松本隆, 高尾史野, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 満足美穂, 堀田佳子, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笥教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート4”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 伊東紀子, 浮田陽子, 黒石千寿, 頼永優, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 満足美穂, 堀田佳子, 中川

- 紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート5”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第3回連携研究会, 播磨, 7-8月(2004).
- 今高寛晃, 三上暁, 舛谷真美子, 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* 由来アミノアシル-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^{Leu} 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 s²T の生合成機構”, 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).
- 海老原章郎, 中川紀子, 金川真由美, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 真岡伸子, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 井上由美子, 増井良治, 白水美香子, 寺田貴帆, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “原子レベルでの生物学を目指した高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクトの進捗状況”, 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).
- 福岡智数, 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, 齊藤講平, 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, 齊藤講平, 富澤忠, 小柴生造, 木川隆則, 泉頭也, 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, 畠中秀樹, 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, 舩谷真美子, 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).
- 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).
- 海老原章郎, 中川紀子, 金川真由美, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 真岡伸子, 飯野均, 柏原愛子, 黒石千寿, 増井良治, 白水美香子, 寺田貴帆, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “Progress in the whole cell project of *Thermus thermophilus* HB8 toward atomic-resolution biology”, 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, 畠中秀樹, 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 LUCAS-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: “BoA 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, 柄尾尚哉, 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, 鞆康子, 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).
- 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, 柄尾尚哉, 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, 鞆康子, 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).
- 柏原愛子, 倉光成紀: “DNA microarray analysis of *Thermus thermophilus* HB8”, 理研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1 月 (2005).
- 金川真由美, 中川紀子, 海老原章郎, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 真岡伸子, 飯野均, 柏原愛子, 黒石千寿, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “Progress report on the whole-cell project of *Thermus thermophilus* HB8”, 理研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 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- π 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 associ-

ated 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).