

ストラクチュローム研究グループ

Structurome 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

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

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

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。そのゲノムに存在する約 2,200 個の遺伝子はあらゆる生物に共通であり、基本的な生命現象が進化の過程で濃縮されている。本生物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、272 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 760 個の遺伝子破壊株作製用プラスミドを作製し、いくつかの遺伝子破壊株に対しトランスクリプトミクス解析を行った。本研究に参画する外部研究者と連携して、各論的分子機能解析と機能ゲノム科学的研究が進行中であり、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。チーム間の協力体制として、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きた。

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}、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}、山村^{*1} (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))

前年度までに、*T. thermophilus* HB8 のゲノム解析を終了し、その塩基配列は DDBJ に登録済みである (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)。

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) 開始コドンから数十塩基中の AT 含量をサイレント変異による上げる、(3) mRNA の 5'末端翻訳領域に注目して塩基配列から発現量を予測する方法の確立などを行った。(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ている。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は、無細胞タンパク質合成系を用い、透析法と組み合わせることにより mg 単位の目的タンパク質の合成を行った。無細胞タンパク質合成系により、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を、NMR 構造解析用には¹³C、¹⁵Nでラベルした目的タンパク質の合成を行った。

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}、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、新海、濱田(白水)、寺田、Vasilieva^{*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

Era (*E. coli* Ras-like protein) は、細菌において高度に保存されている GTPase で、30S リボソームの 16S rRNA に結合する。*T. thermophilus* 30S ribosome- *T. thermophilus* Era 複合体の構造を低温電子顕微鏡法で解析した結果、Era は、30S リボソームに結合し、50S リボソームとの結合を阻害していることが明らかとなった。Era の C 末端側に存在している KH モチーフは、16S rRNA の 3'末端側の保存配列と相互作用していた。さらに、Era は、30S リボソームに結合し、リボソームのアセンブリーに関与している幾つかの因子と相互作用していた。これらの結果から、Era は、30S リボソームのアセンブリーと成熟化に関与していることが強く示唆された。

TTHA1280 は、真生細菌及び古細菌に広く分布している S-アデノシル-L-メチオニン (AdoMet) 依存性 RNA メチルトランスフェラーゼ (MTases) に属すると考えられている。X 線構造解析の結果、本タンパク質は、N 末端 PUA ドメイン、 α/β -ドメイン、及び、C 末端ロスマンフォールド様 MTase ドメインの 3 つのドメインから成る 2 量体であることが明らかとなった。これらのドメインは、クランプ様の構造をとるように配置されており、それによって形成された深い溝に活性中心があると考えられる。活性中心はウリジンの結合及び MTase の活性に適した構造をしており、溝は一本鎖 RNA の結合に適した構造と電荷を有している。

(2) DNA 修復系タンパク質に関する研究

DNA は様々な内的・外的要因によって傷害を受ける。これらの DNA 傷害は突然変異の原因となり、ガンや細胞死を引き起こす。そのため細胞内には複数の DNA 修復系が存在し、DNA 修復酵素はヒトを含めた多くの生物種で保存されていることが多い。

MutS ホモログは、細菌からヒトまでほとんど全ての生物に広く保存されており、DNA ミスマッチ修復や組換え反応に関与する。近年、多くの生物種が新規の MutS パラログである MutS2 を有することが分かった。MutS2 は、MutS のミスマッチ認識ドメインを欠いているが、C 末端に機能未知の別のドメイン (Smr ドメイン) を有している。我々は、高度好熱菌由来の MutS2 が、DNA 結合能とエンドヌクレアーゼ活性を有するが、ミスマッチに対する親和性がないこと、さらに MutS2 は DNA 組換え反応の一般的な中間体であるホリディジャンクションに対する親和性があることを突き止めた。この結果から、MutS2 が DNA 組換え反応に関与することが示唆される。

Nudix タンパク質とは、“nucleoside diphosphate linked to x”の略称で、有害なヌクレオシド二リン酸誘導体や過剰に増加した代謝産物を分解すると言われている加水分解

酵素の総称である。高度好熱菌 *T. thermophilus* HB8 には、8 個の Nudix タンパク質 (Ndx1 ~ Ndx8) がコードされている。我々はこれまで Ndx1、Ndx2、Ndx3、Ndx4、Ndx6、Ndx8 の基質を同定し、Ndx1 と Ndx4 の立体構造を明らかにした。本年度は、新たに Ndx2 の結晶構造とセレノメチオニン Ndx3 結晶の回折データを取得し、Ndx4 の詳細な生化学的解析を行った。Ndx4 は、ADP-リボースを AMP とリボース 5' リン酸に加水分解する。Ndx4 の基質との複合体構造から、基質認識や反応触媒に関わる残基を予想し、その変異体を作製した。変異体の活性測定の結果、基質のアデニン部分は Ile19 と Glu29 によって認識されており、リボース部分はいくつかの弱い相互作用によって認識されていることが示された。nudix モチーフ内にある Glu82 と Glu86 は活性に必須であるが、 k_{cat} の pH 依存性からこれらの残基は直接触媒基として働いているのではなく、活性部位に存在する金属イオンを保持する役割が示唆された。

3. 物質・エネルギー代謝系タンパク質研究 (三木、宮武、久野、竹田^{*1}、金^{*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))

微生物による芳香族化合物の代謝は、微生物のエネルギー獲得機構として重要であるだけでなく、環境浄化への利用の観点からも興味深い。芳香族化合物の代謝では多くの場合、芳香族環に水酸基が導入された後に開環が起こり、分解されていく。それに対し、フェニル酢酸の微生物分解ではまず CoA チオエステルとなって活性化されてから水酸化された後、開環され、分解されていく。高度好熱菌 *T. thermophilus* HB8 のゲノムではフェニル酢酸分解に関与する酵素がクラスターを作ってコードされているが、フェニル酢酸分解に関与する酵素の 1 つである PaaG はそれとは離れた部位にコードされている。PaaG の結晶構造を分解能 1.85 Å において明らかにした。PaaG はアミノ酸配列の相同性からヒドラターゼ/イソメラーゼ・スーパーファミリーに属する。構造解析の結果、PaaG はモノマーがリング状に会合した 3 量体を形成し、モノマーは spiral fold と呼ばれる特徴的な構造を持つことが判った。本酵素の機能はまだよくわかっていないが、活性部位の構造から、触媒残基として働くのは Asp136 だけであることが示唆された。

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。この酵素は、フラビンと酸素を用いて一原子酸素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) の 2 つの成分から構成されている。HpaC において NADH によって還元されたフラビンは酵素から解離し、溶媒中に拡散して HpaB に受け渡される。このようなフラビン拡散型のオキシゲナーゼシステムは、芳香族化合物を基質とする他の酸素添加酵素にも見られ、two-component flavin-diffusible monooxygenase (TC-FDM) ファミリーを形成している。このファミリーの特徴であるフラビンの結合・解離機構を解明するため、*T.*

thermophilus HB8 由来 HpaC を用いて結晶構造解析を中心とした研究を行っている。HpaC および FAD と NADH との複合体については既に結晶構造を明らかにしている。本年度は HpaC の酸化還元活性機能解析を行った。その結果、電子供与体として NADH は活性を示すが、NADPH は活性を示さなかった。一方、FAD と FMN のどちらも電子受容体として活性を示した。これらのミカエリス定数は共に他のフラビン酵素に比べて高い値を示し、FAD と FMN は補酵素ではなく、基質として結合・解離することが分かった。

ABC トランスポーター溶質結合タンパク質は 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。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するため、*T. thermophilus* HB8 由来の ABC トランスポーターの溶質結合タンパク質について構造解析をおこなった。

TTHA0979 は、ABC トランスポーターシステムの持つペリプラズムの溶質結合タンパク質の 1 種である。1.7 Å 分解能で構造を決定し、マルトース結合タンパク質の構造と非常に類似していることを明らかにした。しかし、基質結合部位の局所的な特徴に類似性は見られなかった。現在、結合基質の検索を行っている。

TRAP 型二次輸送体は ABC トランスポーターの祖先型であると考えられている。その TRAP 型二次輸送体を補助するピルビン酸 / 乳酸結合タンパク質 (TTHA0766) の構造を決定した。典型的な II 型ペリプラズム溶質結合タンパク質の構造をとっていたが、C 末端付近には本タンパク質に特徴的な構造が見られた。また、基質結合部位には乳酸とカルシウムが結合していることが確認できた。

Stationary phase survival protein (SurE) は、金属要求性のホスファターゼで、大腸菌においては、ストレス環境下での生存に必要であることが知られている。SurE の構造機能相関を明らかにするため、*T. thermophilus* HB8 由来 SurE の結晶解析を行っている。これまでに決定した構造から、SurE は、β ヘアピンを介して 4 量体を形成することが分かっている。本年度は、新たな結晶系での 4 量体構造を得た。これまでに得た構造と比較したところ、SurE 4 量体は、β ヘアピン領域の運動性のために対称性の異なる複数の会合様式をとりうるということが分かった。四次構造変化が SurE の機能発現にどのような役割を果たすのかを調べるため、機能解析と並行して、基質との共結晶の作成を進めている。

4. 機能未知タンパク質研究 (横山、新海、濱田 (白水)、寺田、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、小西、福崎、井手 (遺伝情報系蛋白質研究チーム))

(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。今年度も、*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。

Lrp/AsnC ファミリータンパク質は、真生細菌及び古細菌に広く分布している転写因子で、アミノ酸の代謝に関与している遺伝子の発現を制御していると考えられている。本タンパク質は、N 末端の DNA 結合ドメインと C 末端のエフェクター結合 (RAM, regulation of amino-acid metabolism) ドメインとから構成され、4 つの 2 量体が環状に結合した 8 量体、或いは、8 つの 2 量体が螺旋状に結合した 16 量体を形成している。

TTHA0845 は、stand-alone RAM (regulation of amino-acid metabolism) ドメインタンパク質と呼ばれ、Lrp/AsnC ファミリータンパク質の C 末端ドメインに相当する機能未知タンパク質である。TTHA0845 の X 線結晶構造を 2.4 Å の分解能で解析した結果、5 つの 2 量体が環状に結合した新規な構造をしていた。

TTHA0281 は、Pfam データベースで UPF0150 に、COG データベースで COG1598 に属する機能未知タンパク質である。本タンパク質の X 線結晶構造を 1.9 Å 分解能で解析した結果、α-β-β-α フォールド構造が環状に結合した四量体であった。単量体の構造は、bacterial polypeptide release factor RF2 の domain 3、*Xenopus laevis* の RNA 結合タンパク質と類似していたので、本タンパク質も RNA の代謝に関与しているかも知れない。

TTHA1462 は、ホスホリボシルトランスフェラーゼ (PRase) 様ドメインを持った機能未知タンパク質である。本タンパク質の X 線結晶構造を 2.01 Å の分解能で解析した結果、本タンパク質は、5 つの β-ストランドが 4 つの α-ヘリックスで囲まれた構造をしているコアドメインと、C 末端のサブドメインとで構成されていることが明らかとなった。コアドメインは、type I PRase ファミリータンパク質の構造に類似しているが、基質が結合するサブドメインの構造は、本ファミリータンパク質の構造とは異なっていた。従って、C 末端サブドメインには未知の基質が結合すると考えられる。

TTHA0727 は、カルボキシムコノラクトン脱炭酸酵素ファミリーに属する機能未知タンパク質である。超遠心分析法により、本タンパク質は溶液中で 6 量体を形成していることが強く示唆された。X 線結晶構造を解析した結果、本タンパク質は 6 量体の環状構造をしており、単量体は、7 つの α-ヘリックスと 1 つの 3_{10} -ヘリックスとから構成されていることが明らかとなった。本タンパク質分子の片側表面には正荷電が分布していることから、本タンパク質は、負に荷電した分子と結合すると考えられる。

TTHA1554 は、真生細菌、古細菌に広く分布している機能未知タンパク質である。本タンパク質には、グルタミン合成酵素である TTHA1329 とシスタチオニン β-リアーゼである TTHA1620 が結合することが明らかとなった。さらに、これらの酵素に TTHA1554 を共存させると、酵素活性がそれぞれ約 2 倍に上昇した。これらの結果、TTHA1554 は、グルタミン合成酵素、及び、シスタチオニン β-リアーゼに結合する新規タンパク質であることが強く示唆された。

TTHA1013 の X 線結晶構造を解析した結果、本タンパク質は β-β-β-α フォールドからなり、β4 部分で二量体

を形成している、新規な構造をした機能未知タンパク質であることが明らかとなった。分子の表面は全体的に負電荷を帯びているが、一部に正電荷のクラスターがある。その部分で、負に荷電した分子と相互作用するのかもしれない。

TTHA0613 は、チオ硫酸のイオウ原子をシアン化物に転移し、亜硫酸とチオシアン酸とを生成する反応を触媒するロダネーゼ様タンパク質である。TTHA0613 タンパク質の X 線結晶構造を 2.0 Å の分解能で解析した結果、本タンパク質は、二量体を形成しており、単量体の構造は、5 つのストランドから成る平行β-シートが、3 つのα-ヘリックスに囲まれた構造をしていた。この構造は、典型的なロダネーゼドメインである。

イソプレノイドキノン は原核生物及び真核生物に広く分布し、呼吸鎖電子伝達系、酸化ストレス、及び、遺伝子発現調節において重要である。イソプレノイドキノン合成系において、ポリプレニルピロリン酸からイソプレノイド側鎖が合成される。新規のポリプレニルピロリン酸結合タンパク質である TTHY7070 と基質との複合体の X 線結晶構造を解析した結果、本タンパク質は、8 つのストランドから構成される逆平行β-バレル構造をしており、バレルの中央孔で、ポリイソプレノイド鎖が、疎水性相互作用によって結合していた。本タンパク質の全体構造はリポカリンフォルドに類似しているが、リポカリンファミリータンパク質とはアミノ酸配列のホモロジーは認められない。

高度好熱菌 *T. thermophilus* HB8 由来の機能未知タンパク質 TTHA0849 は、12 種類の生物種で保存されたタンパク質で、ポリケチドシクラーゼ様タンパク質と有意な配列類似性を示す。今回我々は TTHA0849 の機能理解のために立体構造を決定し、START 脂質運搬ドメインとの立体構造類似性に着目してリガンド結合部位を推測した。START 脂質運搬ドメインにある脂質結合キャビティは TTHA0849 のそれよりずっと大きいことから、TTHA0849 は START 脂質運搬ドメインと主鎖構造の類似性を有するものの、結合するリガンドはコレステロールのような大きな分子ではなく、小さな分子であると推測された。

(2) 機能ゲノム科学的研究

立体構造解析に成功した未納未知タンパク質は、約 60% の確率で機能推定することができ、その後の実験的な機能解析に役立った。このように、機能未知タンパク質の機能を推定するために、立体構造解析は非常に有効であることがわかったが、それ以外の機能未知タンパク質の機能推定には、ゲノムワイドな mRNA の解析 (トランスクリプトミクス)、タンパク質発現解析 (プロテオミクス)、代謝物解析 (メタボロミクス) などを利用しつつ、高度好熱菌の野生株や変異株について解析した。トランスクリプトミクス解析については、対数増殖期から定常期・死滅期までの各増殖段階での mRNA 量測定を比較した。また、細胞内に存在する代謝低分子群の動態を網羅的に解析できるメタボロミクス解析で、*T. thermophilus* HB8 菌体から代謝低分子群の抽出を行い、約 1,000 種類以上の低分子を解析して、代謝調節に関与する新規タンパク質を同定することに成功した。

We, first, expected to interpret the whole biological phenomena of human body by identifying the structure and function of all 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 is 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 the 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) (Kuramitsu *et al.* (1995) *Protein Eng.* 8, 964-964; Yokoyama *et al.* (2000) *Nature Struct. Biol.* 7, 943-945). 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 was 2,200. About 2,000 over-expression plasmids were prepared. About 1,450 proteins were overproduced, and about 930 proteins were purified. A total of 660 proteins have been crystallized and the structures of 272 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 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 the overproduction success rate of 75%. Selenomethionine-substituted proteins have been overproduced easily in *E. coli* B834(DE3) with lactose and vitamin. When protein production was unsuccessful by using pET systems, we use cell-free protein expression system. By establishing the dialysis method, 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)

Era (*E. coli* Ras-like protein) is a highly conserved and essential GTPase in bacteria. It binds to the 16S ribosomal RNA (rRNA) of the small (30S) ribosomal subunit, and its depletion leads to accumulation of an unprocessed precursor of the 16S rRNA. We have obtained a three-dimensional cryo-electron microscopic map of the *Thermus thermophilus* 30S- *T. thermophilus* Era complex. Era binds in the cleft between the head and platform of the 30S subunit and locks the subunit in a conformation that is not favorable for association with the large (50S) ribosomal subunit. The RNA binding KH

*¹連携研究員、*²テクニカルスタッフ

motif present within the C-terminal domain of Era interacts with the conserved nucleotides in the 3' region of the 16S rRNA. Furthermore, Era makes contact with several assembly elements of the 30S subunit. These observations suggest a direct involvement of Era in the assembly and maturation of the 30S subunit.

The hypothetical protein TTHA1280 belongs to a family of predicted S-adenosyl-L-methionine (AdoMet) dependent RNA methyltransferases (MTases) present in many bacterial and archaeal species. TTHA1280 formed a homodimer in the crystals and in solution. Each subunit folds into a three-domain structure composed of a small N-terminal PUA domain, a central α/β -domain and a C-terminal Rossmann-fold-like MTase domain. The three domains form an overall clamp-like shape, with the putative active site facing a deep cleft. The architecture of the active site is consistent with specific recognition of uridine and catalysis of methyl transfer to the 5-carbon position. The cleft is suitable in size and charge distribution for binding single-stranded RNA.

In living cells, a great amount of DNA damages are arisen from UV radiation, various chemical reagents, and errors during DNA replication and genetic recombination. These damages are very harmful, resulting in mutagenesis and even cell death. To remove these lesions, living cells possess various types of DNA repair systems and most of them are common to many organisms, including *Homo sapiens*.

MutS homologues are widely conserved in almost all organisms ranging from bacteria to human, and involved in DNA mismatch repair and recombinational events not only to maintain genetic integrity but also to generate genetic variability. Recent studies revealed that many species possess a novel MutS paralogue, MutS2. MutS2 lacks the mismatch-recognition domain of MutS, however, it contains the extra C-terminal stretch which has no sequence similarity with known proteins and is called small MutS-related (Smr) domain. We revealed that *T. thermophilus* MutS2 (ttMutS2) has DNA-binding and endonuclease activity, but has no specificity for mismatched duplexes. Interestingly, we clarified that the ttMutS2 preferably bound to Holliday junction which is a general intermediate in the homologous recombination. These results indicate that ttMutS2 is involved in the homologous recombination.

Nudix proteins catalyze the hydrolysis of nucleoside diphosphates linked to other moieties X, and contain the Nudix motif (GX₅EX₇REUXEEXGU, where X = L, I or V). Their postulated role is to control the cellular concentration of toxic nucleoside diphosphate derivatives and physiological metabolites. *T. thermophilus* HB8 genome contains eight genes coding for Nudix proteins (Ndx1-Ndx8). We have identified the substrates of Ndx1, Ndx2, Ndx3, Ndx4, Ndx6 and Ndx8, and determined the structures of Ndx1 and Ndx4. In this year, we obtained an initial structure of Ndx2 and collected diffraction data sets of selenomethionine Ndx3 crystals. Ndx4 hydrolyzes ADP-ribose to AMP and ribose 5'-phosphate. Guided by the crystal structure of Ndx4, we performed kinetic analysis of mutants of Ndx4 to elucidate the substrate recognition and the catalytic mechanism. Our results indicate interactions responsible for the substrate recognition. Notably, mutation of Glu-82 and Glu-86, conserved in the nudix motif and essential for catalysis, shows that the dependence of k_{cat} on pH is almost the same as that of the wild-type enzyme, suggesting that Glu-82 and Glu-86 are essential for catalysis but unlikely to act as a catalytic base.

3. Metabolism related proteins (Metabolic Proteins Research Team)

Degradation of phenylacetic acid is different from those of most aromatic compounds. Phenylacetic acid is firstly activated by being charged with coenzyme A, followed by hydroxylation and ring-opening. Crystal structure of a homolog of phenylacetic acid degradation protein PaaG was determined, revealing a trimeric overall structure with a monomer structure of a spiral fold, a typical fold observed for hydratase/isomerase superfamily.

4-hydroxyphenylacetate, is degraded by two-component flavin-diffusible monooxygenase, HpaB and HpaC. We have focused on the structure-based functional analysis of HpaC, and so far determined the structures of apo-HpaC and the HpaC-FAD-NAD complex. Activity measurements showed that HpaC utilizes NADH, but not NADPH as an electron donor, and both FAD and FMN as electron acceptors. Kinetic analyses showed that the K_m for FAD, FMN, and NADH are comparable with those for other reductases, of the TC-FDM family, which suggests that HpaC uses flavins as substrates not as prosthetic groups.

ABC-transporters are membrane-bound protein complexes which transport various compounds with ATP-hydrolysis energy. Crystal structures of solute-binding proteins from *T. thermophilus* have been determined. The TTHA0979 protein is a periplasmic solute binding protein of an ABC transporter. We determined the crystal structure of the protein at 1.7 Å resolution. Although the whole structure is very similar to a maltose binding protein, the local feature of the binding site is dissimilar. Research of the substrate of the protein is now in progress. We also determined the crystal structure of a pyruvate/lactate binding protein (TTHA0766) assisting a TRAP-type secondary transporter which is thought to be an ancient type of ABC-transporters. The protein has a typical fold for the type-II periplasmic solute binding protein. However, structural elements are observed in the C-terminal region representing a unique feature to this protein. Calcium ion as well as lactate molecule are identified in the substrate binding site.

Stationary-phase survival protein SurE is a metal ion-dependent phosphatase, and is required for viability under stressful conditions in *E. coli*. So far, we have determined the crystal structures of SurE from *T. thermophilus* HB8 in different crystal systems. SurE forms a tetramer mediated by β -hairpins. To know the biological implications of the changes in quaternary structure, enzymatic assays and cocrystallization with metal ion and substrate are in progress.

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 three-dimensional structure of a protein is more conserved than amino acid sequence during evolution, structure of a hypothetical protein can infer its function. About forty percent of 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.

The crystal structure of TTHA0845, a stand-alone RAM

(regulation of amino-acid metabolism) domain protein has been determined at 2.4 Å resolution. The structure revealed that five dimmers are arranged to form a ring.

The crystal structure of the hypothetical protein TTHA0281 has been determined at 1.9 Å resolution. The TTHA0281 protein forms a homotetramer, in which each monomer adopts an α - β - β - α fold. Based on the properties and functions of the structural homologs of the TTHA0281 monomer, the TTHA0281 protein is speculated to be involved in RNA metabolism, including RNA binding and cleavage.

TTHA1462 is a conserved hypothetical protein with a predicted phosphoribosyltransferase (PRTase) domain. The 2.01 Å crystal structure of TTHA1462 reveals that it comprises a core domain consisting of a central five-stranded β -sheet surrounded by four α -helices, and a subdomain in the C terminus. The core domain structure resembles those of the type I PRTase family proteins. The C-terminal subdomain corresponds to the "hood," which contains a substrate-binding site in the type I PRTases. The hood structure of TTHA1462 differs from those of the other type I PRTases, suggesting the possibility that TTHA1462 binds an unknown substrate.

TTHA0727 is a conserved hypothetical protein, which belongs to the carboxymuconolactone decarboxylase (CMD) family. The TTHA0727 monomer structure consists of seven α -helices and one short 3_{10} -helix. The crystal structure and the analytical ultracentrifugation revealed that TTHA0727 forms a hexameric ring structure in solution. The electrostatic potential distribution on the solvent-accessible surface of the TTHA0727 hexamer showed that positively charged regions exist on the side of the ring structure, suggesting that TTHA0727 interacts with some negatively charged molecules.

TTHA1554 was found as a hypothetical protein, the homologs of which are conserved in several bacteria and archaea, although their functions are unknown. TTHA1329, which is glutamine synthetase, and TTHA1620, which has cystathionine β -lyase enzymatic activity, were identified as TTHA1554 binding proteins. When TTHA1554 was added to the reaction mixtures, the glutamine synthetase and cystathionine β -lyase enzymatic activities both increased by approximately two-fold. These results indicate that TTHA1554 is a novel protein that binds to glutamine synthetase and cystathionine β -lyase.

The crystal structure of the hypothetical protein TTHA1013 has been determined at 2.2 Å resolution. The overall folding is arranged as a $\beta 1$ - $\beta 2$ - $\beta 3$ - $\alpha 1$ - $\beta 4$ fold, and it forms a dimer with the symmetry-related molecule. The dimer interface is composed of the $\beta 4$ -strands. This protein might interact with negatively charged molecule at the positively charged cluster of the molecular surface.

TTHA0613 is a homolog of rhodanases, which catalyze the transfer of the sulfane sulfur from thiosulfate to cyanide, forming thiocyanate and sulfite *in vitro*. The crystal structure of the TTHA0613 determined at 2.2 Å resolution revealed that the protein formed a homodimer, in which each monomer consists of a five stranded parallel β -sheet, surrounded by three α -helices. This structure shares high structural similarity to rhodanases homology domain.

The isoprenoid quinones exist widely among prokaryotes and eukaryotes. They play essential roles in respiratory electron transport and in controlling oxidative stress and gene regulation. In the isoprenoid quinone biosynthetic pathway, polyprenyl pyrophosphates are used as isoprenoid side-chain

precursors. Here we report the crystal structure of a novel polyprenyl pyrophosphate binding protein, TTHY7070 complexed with its ligand. The structure consists of an extended, eight-stranded, antiparallel β -barrel. In the hydrophobic pore of the barrel, the protein binds the polyisoprenoid chain by hydrophobic interactions. Its overall structure resembles the lipocalin fold, but there is no sequence homology between TTHY7070 and the lipocalin family of proteins.

The crystal structure of conserved hypothetical protein TTHA0849 has a compact α + β motif, forming a hydrophobic cavity in the molecule. Structural similarity search reveals that it resembles those steroidogenic acute regulatory proteins that contain the lipid-transfer (START) domain, despite the comparatively weak sequence identity to polyketide cyclases. However, the size of the ligand-binding cavity is distinctly smaller than other START domain-containing proteins, suggesting that it catalyses the transfer of smaller ligand molecules.

As part of the functional genomics studies, we have constructed the gene disruption plasmids (760 genes including functionally-uncharacterized gene) using the thermostable selective marker, and proceeded to analyze mRNA expression (transcriptomics), protein expression (proteomics) and metabolite dynamics (metabolomics) of the gene disruptants.

Research subjects

1. Protein production and purification
2. Structural studies of central-dogma related proteins
3. Structural studies of metabolism related proteins
4. Structural studies of new functional related proteins

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. Chizu KUROISHI
 Dr. Ken KUROKAWA (Grad. Sch. Info. Sci., NAIST)
 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. Makoto Nishiyama (Biotechnology Research Center, Univ. Tokyo)
 Dr. Akihiro OKAMOTO (Sch. High-Tech. Human 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 Performance Biocomputing Research Team, GSC)
 Dr. Mariko HATAKEYAMA (Cellular knowledge Modeling Team, GSC)
 Ms. Kaori IDE (Cellular knowledge Modeling Team, GSC)
 Dr. Akihiko KONAGAYA (Cellular knowledge Modeling Team, GSC)
 Dr. Fumikazu KONISHI (High Performance Biocomputing Research Team, GSC)
 Dr. Tsutomu MIKAWA (Biometal Science Lab.)
 Dr. Takehiko SHIBATA (Cellular & Molecular Biology Lab.)

Technical Staffs

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. Hiromichi 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. Frontier Biosciences, Osaka Univ.)
 Mr. Taisuke WAKAMATSU (Grad. Sch. Frontier Biosciences, 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. Research Reactor Inst.)

in collaboration with

Dr. Tamao HISANO (Biological Supramolecular Crystallography Lab.)
 Dr. Nobuo KAMIYA (Protein Crystallographic Methodology Team, Harima Inst.)
 Dr. Hideyuki MIYATAKE (Biological Supramolecular Crystallography Lab.)
 Dr. Yoshitsugu SHIRO (Biometal Science Lab.)

New Functional Proteins Research Team

Head

Dr. Shigeyuki YOKOYAMA

Members

Ms. Aiko KASHIHARA

Technical Staffs

Mr. Noboru NAKANO
 Ms. Marina VASILIEVA

in collaboration with

Dr. Ryoichi ARAI (Large-scale Protein Preparation Team, GSC)
Dr. Shun-ichi SEKINE (Structural and Molecular Biology Lab.)
Dr. Mikako SHIROUZU (Large-scale Protein Preparation Team, GSC)
Dr. Akeo SHINKAI (Structural and Molecular Biology Lab.)
Dr. Takaho TERADA (Large-scale Protein Preparation Team, GSC)

SRRNストラクチュローム研究グループ

誌 上 発 表 Publications

[雑誌]

(原著論文) * 印は査読制度がある論文誌

- Pioszak A. A., Murayama K., Nakagawa N., Ebihara A., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Structures of a putative RNA 5-methyluridine methyltransferase, *Thermus thermophilus* TTHA1280, and its complex with S-adenosyl-L-homocysteine", *Acta Cryst. F* 61, 867--874 (2005). *
- Umehara T., Otta Y., Tsuganezawa K., Matsumoto T., Tanaka A., Horikoshi M., Padmanabhan B., and Yokoyama S. : "Purification, crystallization and preliminary X-ray diffraction analysis of the histone chaperone cial from fission yeast", *Acta Cryst. F* 61, 971--973 (2005). *
- Wakiyama M., Matsumoto T., and Yokoyama S. : "*Drosophila* U6 promoter-driven short hairpin RNAs effectively induce RNA interference in Schneider 2 cells", *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 331, 1163--1170 (2005). *
- Terazawa Y., Tokmakov A. A., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Molecular cloning and expression analysis of PDK family genes in *Xenopus laevis* reveal oocyte-specific PDK isoform", *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 338, No. 4, pp.1798--1804 (2005). *
- Arai R., Nishimoto M., Toyama M., Terada T., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Conserved protein TTHA1554 from *Thermus thermophilus* HB8 binds to glutamine synthetase and cystathionine β -lyase", *Biochim. Biophys. Acta* 1750, 40--47 (2005). *
- Kimura S., Ide K., Kashiwara A., Makoto K., Hatakeyama M., Masui R., Nakagawa N., Yokoyama S., Kuramitsu S., and Konagaya A. : "Inference of S-system models of genetic networks using a cooperative coevolutionary algorithm", *Bioinformatics* 21, No. 7, pp.1154--1163 (2005). *
- Nakai T., Nakagawa N., Maoka N., Masui R., Kuramitsu S., and Kamiya N. : "Structure of P-protein of the glycine cleavage system: implications for nonketotic hyperglycinemia", *EMBO J.* 24, No. 8, pp.1523--1536 (2005). *
- Kurokawa S., Bessho Y., Higashizima K., Shirouzu M., Yokoyama S., Watanabe K., and Ohama T. : "Adaptation of intronic homing endonuclease for successful horizontal transmission", *FEBS J.* 272, No. 10, pp.2487--2496 (2005). *
- Hamada T., Asanuma M., Ueki T., Hayashi F., Kobayashi N., Yokoyama S., Michibata H., and Hirota H. : "Solution structure of vanabin2, a vanadium(IV)-binding protein from the vanadium-rich ascidian, *Ascidia sydneiensis samea*", *J. Am. Chem. Soc.* 127, No. 12, pp.4216--4222 (2005). *
- Kawai R., Kimoto M., Ikeda S., Mitsui T., Endo M., Yokoyama S., and Hirao I. : "Site-specific fluorescent labeling of RNA molecules by specific transcription using unnatural base pairs", *J. Am. Chem. Soc.* 127, No. 49, pp.17286--17295 (2005). *
- Mitsui T., Kimoto M., Harada Y., Yokoyama S., and Hirao I. : "An efficient unnatural base pair for a base-pair-expanded transcription system", *J. Am. Chem. Soc.* 127, 8652--8658 (2005). *
- Nameki N., Someya T., Okano S., Suemasa R., Hirao M., Suetsugu K., Terada T., Shirouzu M., Hirao I., Takaku H., Himeno H., Muto A., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Kawai G. : "Interaction analysis between tmRNA and SmpB from *Thermus thermophilus*", *J. Biochem.* 138, No. 6, pp.729--739 (2005). *
- Watanabe K., Nureki O., Fukai S., Ishii R., Okamoto H., Yokoyama S., Endo Y., and Hori H. : "Roles of conserved amino acid sequence motifs in the SpoU (TrmH) RNA methyltransferase family", *J. Biol. Chem.* 280, No. 11, pp.10368--10377 (2005). *
- Ishii R., Minagawa A., Takaku H., Takagi M., Nashimoto M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the tRNA 3' processing endoribonuclease tRNAse Z from *Thermotoga maritima*", *J. Biol. Chem.* 280, No. 14, pp.14138--14144 (2005). *
- Kuratani M., Ishii R., Bessho Y., Fukunaga R., Sengoku T., Shirouzu M., Sekine S., and Yokoyama S. : "Crystal structure of tRNA adenosine deaminase (TadA) from *Aquifex aeolicus*", *J. Biol. Chem.* 280, No. 16, pp.16002--16008 (2005). *
- Kinebuchi T., Kagawa W., Kurumizaka H., and Yokoyama S. : "Role of the N-terminal domain of the human DMC1 protein in octamer formation and DNA binding", *J. Biol. Chem.* 280, No. 31, pp.28382--28387 (2005). *
- Tanaka Y., Tachiwana H., Yoda K., Matsumoto H., Okazaki T., Kurumizaka H., and Yokoyama S. : "Human centromere protein B induces translational positioning of nucleosomes on α -satellite sequences", *J. Biol. Chem.* 280, No. 50, pp.41609--41618 (2005). *
- Fukunaga R. and Yokoyama S. : "Structural basis for non-cognate amino acid discrimination by the valyl-tRNA synthetase editing domain", *J. Biol. Chem.* 280, 29937--29945 (2005). *
- Ohashi W., Inouye S., Yamazaki T., Katayama Y., Yokoyama S., and Hirota H. : "Backbone ^1H , ^{13}C and ^{15}N resonance assignments for the Mg^{2+} -bound form of the Ca^{2+} -binding photoprotein aequorin", *J. Biomol. NMR* 31, No. 4, pp.375--376 (2005). *
- 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. : "Solution structure of the Src homology 2 domain from the human feline sarcoma oncogene Fes", *J. Biomol. NMR* 31, 357--361 (2005). *
- Li H., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Nunokawa E., Motoda Y., Kobayashi A., Terada T., Shirouzu M., Koshiba S., Lin Y., Guentert P., Suzuki H., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S. : "Solution structure of the mouse enhancer of rudimentary protein reveals a novel fold", *J. Biomol. NMR* 32, No. 4, pp.329--334 (2005). *
- Horiuchi T., Takahashi M., Kikuchi J., Yokoyama S., and Maeda H. : "Effect of dielectric properties of solvents on the quality factor for a beyond 900 MHz cryogenic probe model", *J. Magn. Reson.* 174, No. 1, pp.34--42 (2005). *
- Yamasaki K., Kigawa T., Inoue M., Yamasaki T., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Tomo Y., Terada T., Shirouzu M., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., and Yokoyama S. : "Solution structure of the major DNA-binding domain of *Arabidopsis thaliana* ethylene-insensitive3-like3", *J. Mol. Biol.* 348, 253--264 (2005). *
- Kato-Murayama M., Bessho Y., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the RNA 2'-phosphotransferase from *Aeropyrum pernix* K1", *J. Mol. Biol.* 348, 295--305 (2005). *
- Kamatari Y., Yokoyama S., Tachibana H., and Akasaka K. :

- "Pressure-jump NMR study of dissociation and association of amyloid protofibrils", *J. Mol. Biol.* 349, 916–921 (2005). *
- Kunishima N., Asada Y., Sugahara M., Ishijima J., Nodake Y., Sugahara M., Miyano M., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Sugahara M. : "A novel induced-fit reaction mechanism of asymmetric hot dog thioesterase paal", *J. Mol. Biol.* 352, 212–228 (2005). *
- Lokanath N. K., Ohshima N., Takio K., Shiromizu I., Kuroishi C., Okazaki N., Kuramitsu S., Yokoyama S., Miyano M., and Kunishima N. : "Crystal structure of novel NADP-dependent 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase from *Thermus thermophilus* HB8", *J. Mol. Biol.* 352, 905–917 (2005). *
- Mizohata E., Sakai H., Fusatomi E., Terada T., Murayama K., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of an Archaeal peroxiredoxin from the aerobic hyperthermophilic crenarchaeon *Aeropyrum pernix* K1", *J. Mol. Biol.* 354, No. 2, pp.317–329 (2005). *
- Kurimoto K., Muto Y., Obayashi N., Terada T., Shirouzu M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Kigawa T., Okumura H., Tanaka A., Shibata N., Kashikawa M., Agata K., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the N-terminal RecA-like domain of a DEAD-box RNA helicase, the *Dugesia japonica* vasa-like gene B protein", *J. Struct. Biol.* 150, 58–68 (2005). *
- Fukuzaki A., Nagashima T., Ide K., Konishi F., Hatakeyama M., Yokoyama S., Kuramitsu S., and Konagaya A. : "Genome-wide functional annotation environment for *Thermus thermophilus* in OBIGrid", *Lect. Notes Bioinf.* 3370, 82–91 (2005). *
- Sharma M. R., Barat C., Wilson D. N., Booth T. M., Kawazoe M., Hori C., Shirouzu M., Yokoyama S., Fucini P., and Agrawal R. K. : "Interaction of Era with the 30S ribosomal subunit: Implications for 30S subunit assembly", *Mol. Cell* 18, 319–329 (2005). *
- Temiaikov D., Zenkin N., Vassilyeva M. N., Perederina A., Tahirov T., Kashkina E., Savkina M., Zorov S., Nikiforov V., Igarashi N., Matsugaki N., Wakatsuki S., Severinov K., and Vassilyev D. G. : "Structural basis of transcription inhibition by antibiotic streptolydigin", *Mol. Cell* 19, No. 5, pp.655–666 (2005). *
- Fukunaga R. and Yokoyama S. : "Aminoacylation complex structures of leucyl-tRNA synthetase and tRNA^{Leu} reveal two modes of discriminator-base recognition", *Nat. Struct. Mol. Biol.* 12, 915–922 (2005). *
- Moriyama K., Kimoto M., Mitsui T., Yokoyama S., and Hirao I. : "Site-specific biotinylation of RNA molecules by transcription using unnatural base pairs", *Nucleic Acids Research Online Issues* (web) (<http://nar.oxfordjournals.org/>) 33, No. 15, pp.e129-1–e129-8 (2005). *
- Hirao I., Mitsui T., Kimoto M., Kawai R., Sato A., and Yokoyama S. : "Non-hydrogen-bonded base pairs for specific transcription", *Nucleic Acids Symp. Ser.* 49, No. 1, pp.33–34 (2005). *
- Mitsui T., Kimoto M., Yokoyama S., and Hirao I. : "Fluorescent properties of an unnatural nucleobase, 2-amino-6-(2-thienyl)purine, in DNA and RNA fragments", *Nucleic Acids Symp. Ser.* 49, No. 1, pp.285–286 (2005). *
- Kimoto M., Kawai R., Mitsui T., Harada Y., Sato A., Yokoyama S., and Hirao I. : "Site-specific incorporation of fluorescent probes into RNA by specific transcription using unnatural base pairs", *Nucleic Acids Symp. Ser.* 49, 287–288 (2005). *
- 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., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., and Yokoyama S. : "Solution structure of an *Arabidopsis* WRKY DNA binding domain", *Plant Cell* 17, No. 3, pp.944–956 (2005). *
- Ishihara G., Goto M., Saeki M., Ito K., Hori T., Kigawa T., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Expression of G protein coupled receptors in a cell-free translational system using detergents and thioredoxin-fusion vectors", *Protein Expr. Purif.* 41, 27–37 (2005). *
- Hattori M., Mizohata E., Manzoku M., Bessho Y., Murayama K., Terada T., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the hypothetical protein TTHA1013 from *Thermus thermophilus* HB8", *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics* 61, 1117–1120 (2005). *
- Handa N., Terada T., Doi-Katayama Y., Hirota H., Tame J. R., Park S., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of a novel polyisoprenoid-binding protein from *Thermus thermophilus* HB8", *Protein Sci.* 14, 1004–1010 (2005). *
- Arai R., Niino M., Tochio H., Morita S., Kamo T., Akasaka R., Eto Y., Hayashizaki Y., Kigawa T., Terada T., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of an enhancer of rudimentary homologue (ERH) at 2.1 Å resolution", *Protein Sci.* 14, 1888–1893 (2005). *
- 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", *Proteomics* 5, 1472–1480 (2005). *
- Inagaki E., Sakamoto K., Obayashi N., Terada T., Shirouzu M., Bessho Y., Kuroishi C., Kuramitsu S., Shinkai A., and Yokoyama S. : "Expression, purification, crystallization and preliminary X-ray diffraction analysis of Galactokinase from *Pyrococcus horikoshii*", *Acta Cryst. F* 62, 169–171 (2006). *
- Komiya K., Sakamoto K., Kameda A., Yamamoto M., Ohuchi A., Kiga D., Yokoyama S., and Hagiya M. : "DNA polymerase programmed with a hairpin DNA incorporates a multiple-instruction architecture into molecular computing", *Biosystems* 83, 18–25 (2006). *
- Kodama K., Fukuzawa S., Nakayama H., Kigawa T., Sakamoto K., Yabuki T., Matsuda N., Shirouzu M., Takio K., Tachibana K., and Yokoyama S. : "Regioselective carbon-carbon bond formation in proteins with palladium catalysis; New protein chemistry by organometallic chemistry", *ChemBioChem: A European Journal of Chemical Biology* 7, No. 1, pp.134–139 (2006). *
- Shigi N., Suzuki T., Terada T., Shirouzu M., Yokoyama S., and Watanabe K. : "Temperature-dependent biosynthesis of 2-thioribothymidine of *Thermus thermophilus* tRNA", *J. Biol. Chem.* 281, No. 4, pp.2104–2113 (2006). *
- Enomoto R., Kinebuchi T., Sato M., Yagi H., Kurumizaka H., and Yokoyama S. : "Stimulation of DNA strand exchange by the human TBPIP/Hop2-Mnd1 complex", *J. Biol. Chem.* 281, No. 9, pp.5575–5581 (2006). *
- Tokmakov A. A., Matsumoto E., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Coupled cytoplasmic transcription-and-translation - a method of choice for heterologous gene expression in *Xenopus* oocytes", *J. Biotechnol.* 122, No. 1, pp.5–15 (2006). *
- Kuratani M., Sakai H., Takahashi M., Yanagisawa T., Kobayashi T., Murayama K., Chen L., Liu Z., Wang B., Kuroishi C., Kuramitsu S., Terada T., Bessho Y., Shirouzu M., Sekine S., and Yokoyama S. : "Crystal structures of tyrosyl-tRNA synthetases from *Archaea*", *J. Mol. Biol.* 355, 395–408 (2006). *
- Arai R., Niino M., Kuroishi C., Bessho Y., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the probable haloacid dehalogenase PH0459 from *Pyrococcus horikoshii* OT3", *Protein Sci.* 15, No. 2, pp.373–377 (2006). *
- 樋野 展正, 坂本 健作, 横山 茂之 : "人工的なアミノ酸をタンパク質に導入することによる動物細胞内での光ク

ロスリンク法", 実験医学 23, No. 13, pp.2047--2051 (2005). *

横山 茂之: "理化学研究所におけるプロジェクトの現状と今後の展望", 蛋白質 核酸 酵素 50, No. 7, pp.836--845 (2005). *

(総説)

Suetsugu K., Sekine S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "Crystal structure of elongation factor P from *Thermus thermophilus* HB8", SPring-8 Res. Frontiers 2004, 20--21 (2005).

坂本 健作, 横山 茂之: "生きた細胞で超タンパク質をつくる: 非天然アミノ酸をタンパク質に導入する方法", 化学 60, No. 4, pp.70--71 (2005).

口頭発表 Oral Presentations (国際会議等)

Yokoyama S.: "RIKEN Structural Genomics/Proteomics Initiative", 10th International Human Genome Meeting (HGM2005), Kyoto, Apr. (2005).

Takahashi M., Yoshimoto F., Horiuchi T., Inoue K., Miki T., Hamada M., Okamura T., Yokoyama S., and Maeda H.: "Development of a 4 kelvin cryogenic probe for 500 MHz solution NMR", 46th Experimental Nuclear Magnetic Resonance Conference (46th ENC), Providence, USA, Apr. (2005).

Yokoyama S.: "Structural proteomics of transcription, translation, and signal transduction", 2nd Bilateral Japan-UK Symposium on Structural Genomics and Proteomics, Yokohama, May (2005).

Tokmakov A. A., Terazawa Y., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "Proteomic identification and molecular cloning of oocyte-specific pyruvate dehydrogenase kinase from *Xenopus* oocytes", 30th FEBS Congress and 9th IUBMB Conference, Budapest, Hungary, July (2005).

Yokoyama S.: "Structural proteomics of transcription and translation proteins", 30th FEBS Congress and 9th IUBMB Conference, Budapest, Hungary, July (2005).

Nakai T., Nakagawa N., Maoka N., Masui R., Kuramitsu S., and Kamiya N.: "Crystal structure of P-protein of the Glycine cleavage system", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).

Lokanath N. K., Ohshima N., Takio K., Shirouzu I., Kuroishi C., Okazaki N., Kuramitsu S., Yokoyama S., Miyano M., and Kunishima N.: "Crystal structure of the NADP-dependent 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).

Kamatari Y., Yokoyama S., Tachibana H., and Akasaka K.: "Controlling dissociation and association of amyloid protofibrils using high pressure", 25th Anniversary International CBI Conference (CBI2005), Yokohama, Aug. (2005).

Nakamura Y., Umehara T., Shirouzu M., Morita S., Tochio H., Hamana H., Terada T., Tanaka A., Horikoshi M., Padmanabhan B., and Yokoyama S.: "Structural basis for acetylated histone H4 recognition by the N-terminal bromodomain of human Brd2", 2005 Cold Spring Harbor Laboratory Meeting on Mechanisms of Eukaryotic Transcription, Cold Spring Harbor, USA, Aug.--Sept. (2005).

Yoshimoto F., Takahashi M., Horiuchi T., Inoue K., Miki T., Hamada M., Okamura T., Yokoyama S., and Maeda H.: "4 Kelvin cryogenic probe for 500 MHz NMR", 2005 Cryogenic Engineering Conference and International Cryogenic Materials Conference (CEC-ICMC 2005), Keystone, USA, Aug.--Sept. (2005).

Kitahara R., Yokoyama S., Sakata E., Kasuya T., Yamaguchi Y., Kato K., Tanaka K., and Akasaka K.: "Detecting conformational fluctuations of ubiquitin and NEDD8 by the

variable pressure NMR", Joint 15th IUPAB and 5th EBSA International Biophysics Congress, Montpellier, France, Aug.--Sept. (2005).

Mitsui T., Kimoto M., Yokoyama S., and Hirao I.: "Fluorescent properties of unnatural nucleobase, 2-amino-6-(2-thienyl)purine, in DNA and RNA fragments", 4th International Symposium on Nucleic Acids Chemistry (SNAC2005), Fukuoka, Sept. (2005).

Hirao I., Mitsui T., Kimoto M., Kawai R., Sato A., and Yokoyama S.: "Non-hydrogen-bonded base pairs for specific transcription", 4th International Symposium on Nucleic Acids Chemistry (SNAC2005), Fukuoka, Sept. (2005).

Kimoto M., Kawai R., Mitsui T., Harada Y., Sato A., Yokoyama S., and Hirao I.: "Site-specific incorporation of fluorescent probes into RNA by specific transcription using unnatural base pairs", 4th International Symposium on Nucleic Acids Chemistry (SNAC2005), Fukuoka, Sept. (2005).

Mikami S., Kobayashi T., Yokoyama S., and Imataka H.: "A human cell-based *in vitro* translation system that efficiently produces glycoproteins", EMBO Conference on Protein Synthesis and Translational Control, Heidelberg, Germany, Sept. (2005).

Takemoto C., Wang H., Murayama K., Ushikoshi R., Sekine S., Terada T., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "Crystal structure of elongation factor G-2 from *T. thermophilus* HB8", EMBO Conference on Protein Synthesis and Translational Control, Heidelberg, Germany, Sept. (2005).

Kawazoe M., Hori C., Kaminishi T., Sekine S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "Crystal structure of GMPPNP-bound Era from *Thermus thermophilus* HB8", EMBO Conference on Protein Synthesis and Translational Control, Heidelberg, Germany, Sept. (2005).

Kaminishi T., Sakai H., Takemoto C., Nomura M., Terada T., Nakagawa N., Maoka N., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "Crystal structures of PrmA suggest a role for its most conserved region in methylating ribosomal protein L11", EMBO Conference on Protein Synthesis and Translational Control, Heidelberg, Germany, Sept. (2005).

Masutani M., Sonenberg N., Yokoyama S., and Imataka H.: "Reconstitution of human eukaryotic translation initiation factor (eIF) 3", EMBO Conference on Protein Synthesis and Translational Control, Heidelberg, Germany, Sept. (2005).

Kitahara R., Yokoyama S., Sakata E., Kasuya T., Yamaguchi Y., Kato K., Tanaka K., and Akasaka K.: "Studying conformational fluctuations of ubiquitin-like proteins by the variable pressure NMR: Ubiquitin and NEDD8", Trends in High Pressure Protein Sciences (THPPS 2005), Montpellier, France, Sept. (2005).

Zhang H., Hayashi F., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Matsuda T., Seki E., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A., Sugano S., and Yokoyama S.: "Human structure proteomics: Solution structure of the RGS domain of regulator of G-protein signaling 5 (RGS 5)", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium, Yokohama, Nov. (2005).

Kobayashi N., Koshiba S., Guentert P., Sugano S., 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", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium, Yokohama, Nov. (2005).

Li H., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Nunokawa E., Motoda Y., Kobayashi A., Terada T., Shirouzu M., Koshiba S., Lin Y., Gunter P., Suzuki H., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: "Mouse structure proteomics: Solution structure of the mouse enhancer of rudimentary protein reveals a novel fold", 44th

- Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium, Yokohama, Nov. (2005).
- Kamatari Y., Yokoyama S., Tachibana H., and Akasaka K. : "Pressure-jump NMR study of dissociation and association of amyloid protofibrils", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium, Yokohama, Nov. (2005).
- Nagashima T., Hayashi F., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Matsuda T., Seki E., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A., Hayashizaki Y., and Yokoyama S. : "Solution structure of nuclear move domain of nuclear distribution gene C homolog", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium, Yokohama, Nov. (2005).
- Qin X., Hayashi F., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A., and Yokoyama S. : "Solution structure of the LIM domain of human CLP-36 protein", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium, Yokohama, Nov. (2005).
- Tochio N., Koshiba S., Inoue M., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S. : "Solution structure of the mouse TRP14 protein homologous to the human TRP14 protein", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium, Yokohama, Nov. (2005).
- Inoue K., Nagashima T., Hayashi F., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Matsuda T., Seki E., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A., Ohara O., and Yokoyama S. : "Solution structure of the two CUT domain of SATB2", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium, Yokohama, Nov. (2005).
- Katayama Y., Hayashi F., Inoue M., Kigawa T., Yokoyama S., and Hirota H. : "Solution structure of two human Myb-like DNA-binding domain repeats", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium, Yokohama, Nov. (2005).
- Itou Y., Hamada T., Abe T., Hayashi F., Guentert P., Inoue M., Kigawa T., Terada T., Shirouzu M., Yoshida M., Tanaka A., Sugano S., Yokoyama S., and Hirota H. : "Structural and functional analyses of the antifreeze-like domain of human sialic acid synthase", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium, Yokohama, Nov. (2005).
- Hatta R., Hayashi F., Nagashima K., Kurosaki C., Qin X., Yoshida M., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Matsuda T., Seki E., Hirota H., Tanaka A., Ohara O., and Yokoyama S. : "Structural and functional analysis of immunoglobulin like domains", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium, Yokohama, Nov. (2005).
- Endo H., Hayashi F., Yoshida M., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Matsuda T., Seki E., Hirota H., Tanaka A., Hayashizaki Y., and Yokoyama S. : "Structural and functional analysis of MSP domains", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium, Yokohama, Nov. (2005).
- Yokoyama S. : "Structural proteomics of thermophiles and higher eukaryotes", 5th "TICPS" International Conference of Protein Science (2005), Beijing, China, Nov. (2005).
- Sato T., Matsuo Y., and Yokoyama S. : "Development of a method for predicting biological functions of compounds using support vector machine", 16th International Conference on Genome Informatics (GIW 2005), Yokohama, Dec. (2005).
- Fukunaga R. and Yokoyama S. : "Aminoacylation complex structure of the archaeal leucyl-tRNA synthetase-tRNA^{Leu} complex", 21st tRNA Workshop, Bangalore, India, Dec. (2005).
- Saito K., Kiso Y., Yokoyama S., and Hirota H. : "Screening of peptides binding to target proteins with capillary electrophoresis-mass spectrometry (CE-MS)", International Chemical Congress of Pacific Basin Societies (PACIFICHEM 2005), Honolulu, USA, Dec. (2005).
- Kodama K., Fukuzawa S., Nakayama H., Kigawa T., Sakamoto K., Yabuki T., Matsuda N., Shirouzu M., Takio K., Yokoyama S., and Tachibana K. : "Site-specific functionalization of proteins with palladium-catalyst", International Chemical Congress of Pacific Basin Societies (PACIFICHEM 2005), Honolulu, USA, Dec. (2005).
- Hirao I. and Yokoyama S. : "Site-specific incorporation of functional components into RNA by T7 transcription using unnatural base pairs", International Chemical Congress of Pacific Basin Societies (PACIFICHEM 2005), Honolulu, USA, Dec. (2005).
- Katayama Y., Hayashi F., Kubo S., Yoshitani N., Sato K., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Yoshida M., Shirouzu M., Terada T., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., Osanai T., Tanaka A., Yokoyama S., and Hirota H. : "Solution structure and functional analysis of a general transcription factor 2I domain in mouse TFII-I protein", International Chemical Congress of Pacific Basin Societies (PACIFICHEM 2005), Honolulu, USA, Dec. (2005).
- Yokoyama S. : "Cell free protein expression in structural proteomics", Keystone Symposia on Structural Genomics, Keystone, USA, Jan. (2006).
- Nakamura Y., Nakano K., Umehara T., Adachi E., Hayashizaki Y., Padmanabhan B., and Yokoyama S. : "Structural basis of oncoprotein gankyrin in complex with S6 ATPase", Keystone Symposia on Structural Genomics, Keystone, USA, Jan. (2006).
- Simorellis A. K., Kitahara R., Yokoyama S., Flynn P., Akasaka K., and Koide S. : "Variable pressure NMR study on multiple conformational states of outer surface protein A from *Borrelia burgdorferi*", Biophysical Society 50th Annual Meeting, Salt Lake City, USA, Feb. (2006).

(国内会議)

- 福岡 昭伸, 小西 史一, 長嶋 剛史, 井手 香, 畠山 眞里子, 倉光 成紀, 小長谷 明彦: "Thermus thermophilus HB8用 開発されたweb baseのアノテーションシステムの利用方法", 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).
- 石川 大仁, 小坂 宏道, 寛間 淳, 中川 紀子, 増井 良治, 倉光 成紀: "高度好熱菌由来ウラシルDNAグリコシラーゼ UDGA, UDGB の構造機能解析", 第52回日本生化学会近畿支部例会, 神戸, 5月 (2005).
- 浅沼 三和子, 濱田 季之, 植木 龍也, 横山 茂之, 道端 斉, 廣田 洋: "ESI-MSを用いたVanabin2のS-S結合様式の同定", 第53回質量分析総合討論会, (日本質量分析学会), さいたま, 5月 (2005).
- 福沢 世傑, 柴崎 巖, 原田 綾子, 廣田 洋, 横山 茂之, 伏谷 伸宏, 橋 和夫: "細胞毒性アルカロイド、リテラジンBの作用機序に関する研究", 第8回マリンバイオテクノロジー学会大会 (マリンバイオ熊本2005), 熊本, 5月 (2005).
- 横山 茂之: "「タンパク質の網羅的構造・機能解析」: 理研プロテオミクス研究推進本部 (RSGI) の活動", 東京大学ファーマコビジネス・イノベーション教室 (PBI) 特別セミナー, 東京, 5月 (2005).
- 横山 茂之: "タンパク質の網羅的構造・機能解析: 理研プロテオミクス研究推進本部 (RSGI) の活動", 東京大学医科学研究所学友会セミナー, 東京, 5月 (2005).
- 新井 亮一, 新野 睦子, 朽尾 広子, 森田 鋭, 加茂 友美, 赤坂 領吾, 衛藤 夕夏, 林崎 良英, 木川 隆則, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 横山 茂之: "Enhancer of rudimentary homologue (ERH) のX線結晶構造解析", 第5回日本蛋白

- 質科学学会年会，福岡，6月（2005）。
- 黒谷 篤之，外山 光俊，新屋 直子，上野 美恵子，藤倉 由紀子，矢吹 孝，白水 美香子，木川 隆則，横山 茂之："タンパク質構造解析における構造ドメイン予測の高効率化の検討"，第5回日本蛋白質科学学会年会，福岡，6月（2005）。
- 大西 哲，富澤 忠，小柴 生造，井上 真，木川 隆則，横山 茂之："構造ゲノム科学で見つかった第二のクラスの異型ホメオドメイン"，第5回日本蛋白質科学学会年会，福岡，6月（2005）。
- 村山 和隆，川添 将仁，白水 美香子，横山 茂之："大腸菌由来リボヌクレアーゼインヒビターBarstarの結晶構造解析"，第5回日本蛋白質科学学会年会，福岡，6月（2005）。
- 斉藤 講平，小柴 生造，栃尾 尚哉，井上 真，白水 美香子，小原 収，長瀬 隆弘，林崎 良英，田仲 昭子，木川 隆則，横山 茂之："哺乳類CAP-Glyドメインの網羅的立体構造決定の試み"，第5回日本蛋白質科学学会年会，福岡，6月（2005）。
- 横山 茂之：第36回今堀フォーラム，東京，6月（2005）。
- 澤野 雅英，黒石 千寿，横山 茂之，油谷 克英："DSCを用いた封入体蛋白質の実態の解明とfold型として可溶化する手法の確立"，第5回日本蛋白質科学学会年会，福岡，6--7月（2005）。
- 鎌足 雄司，横山 茂之，橘 秀樹，赤坂 一之："アミロイドβプロトフィラメントの解離・会合を圧力により制御する：高圧NMRを用いた研究"，第5回日本蛋白質科学学会年会，福岡，6--7月（2005）。
- 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（ヌクレオシドニリン酸誘導体加水分解酵素）Ndx2の機能及び構造解析"，第5回日本蛋白質科学学会年会，福岡，6--7月（2005）。
- 高阪 諒子，武田 理絵，森 幸恵，石井 亮平，横山 茂之，今野 美智子："高度好熱菌由来メチオニルtRNA合成酵素のメチオニンの親和性に対するTyr225の効果"，第5回日本蛋白質科学学会年会，（日本蛋白質科学会），福岡，6--7月（2005）。
- 横山 茂之："RIKEN Structural Genomics/Proteomics Initiative (RSGI)"，日本ヒトプロテオーム機構第3回大会，横浜，8月（2005）。
- 柳沢 達男，石井 亮平，福永 流也，小林 隆嗣，横山 茂之："21番目のアミノアシル-tRNA 合成酵素：ピロリジイル-tRNA 合成酵素と非天然型アミノ酸複合体の結晶構造解析"，日本RNA学会年会第7回RNAミーティング，弘前，8月（2005）。
- 上西 達也，酒井 宏明，堀 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："PrmAの結晶構造から示唆されるリボソームタンパク質L11のメチル化反応における協調的かつ合理的な進行性"，日本RNA学会年会第7回RNAミーティング，弘前，8月（2005）。
- 脇山 素明，海津 陽子，横山 茂之："RNAiを誘導できる無細胞タンパク質合成系"，日本RNA学会年会第7回RNAミーティング，弘前，8月（2005）。
- 後藤 桜子，伊藤 拓宏，石井 亮平，福永 流也，関根 俊一，白水 美香子，Se W.，横山 茂之："tRNA^mG37メチル基転移酵素の結晶化"，日本RNA学会年会第7回RNAミーティング，弘前，8月（2005）。
- 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7回RNAミーティング，弘前，8月（2005）。
- 舩谷 真美子，Sonenberg N.，横山 茂之，今高 寛晃："ヒト翻訳開始因子eIF3の再構成"，日本RNA学会年会第7回RNAミーティング，弘前，8月（2005）。
- 小林 隆嗣，柳沢 達男，樋野 展正，松元 明子，坂本 健作，横山 茂之："ピロリジイルtRNA合成酵素・tRNA^{Pyl} ペアを用いた動物細胞における遺伝暗号の拡張"，日本RNA学会年会第7回RNAミーティング，弘前，8月（2005）。
- 福永 流也，横山 茂之："ロイシル tRNA 合成酵素の構造、機能解析"，日本RNA学会年会第7回RNAミーティング，弘前，8月（2005）。
- 柴田 理恵，別所 義隆，新海 暁男，西本 まどか，房富 絵美子，寺田 貴帆，白水 美香子，横山 茂之："古細菌型転写終結因子NusAの構造・機能解析"，日本RNA学会年会第7回RNAミーティング，弘前，8月（2005）。
- 別所 義隆，柴田 理恵，村山 和隆，関根 俊一，東島 今日子，堀 千重，白水 美香子，倉光 成紀，横山 茂之："好熱菌tmRNA-tRNAドメインの結晶構造解析"，日本RNA学会年会第7回RNAミーティング，弘前，8月（2005）。
- 嶋 直樹，坂口 裕理子，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に耐熱性を付与する修飾塩基s²Tの生合成機構"，日本RNA学会年会第7回RNAミーティング，弘前，8月（2005）。
- 佐々木 浩，服部 素之，仙石 徹，宇都宮 幸子，黒石 千寿，福永 流也，柳沢 達男，白水 美香子，関根 俊一，横山 茂之："超好熱古細菌 *Pyrococcus horikoshii* 由来フェニルアラニルtRNA合成酵素βサブユニットのX線結晶構造解析"，日本RNA学会年会第7回RNAミーティング，弘前，8月（2005）。
- 坂本 健作，林 明子，樋野 展正，伊良波 史枝，小林 隆嗣，横山 茂之："動物細胞におけるサブレッサーtRNAの誘導的発現と非天然型アミノ酸のタンパク質への人為的な導入"，日本RNA学会年会第7回RNAミーティング，弘前，8月（2005）。
- 澤野 雅英，竹平 美千代，黒石 千寿，横山 茂之，油谷 克英："DSCを用いた封入体蛋白質のfolding状態の解析：intact folding蛋白質の存在とその精製"，理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。
- 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（ヌクレオシドニリン酸誘導体加水分解酵素）Ndx2の機能及び構造解析"，理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。
- 村山 和隆，寺田 貴帆，白水 美香子，横山 茂之："Crystal structure of TTHA1479 from *Thermus thermophilus* HB8"，理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。
- 中川 紀子，柏原 愛子，中井 恵美，吉良 聡，井手 香，長嶋 剛史，小西 史一，畠山 眞里子，小長谷 明彦，横山 茂之，倉光 成紀："Thermus thermophilus HB8 の遺伝子破壊株作製，および，トランスクリプトーム解析"，理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。
- 石川 大仁，寶閑 淳，中川 紀子，増井 良治，倉光 成紀："耐熱性 UDГ で保存されている [4Fe-4S] クラスターの機能解析"，理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。
- 山岸 大輔，西久保 喬，中川 紀子，増井 良治，倉光 成紀："高度好熱菌由来Ndx3の立体構造解析"，理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。
- 大賀 拓史，大橋 由明，中川 紀子，増井 良治，曽我 朋義，富田 勝，横山 茂之，倉光 成紀："高度好熱菌のメタボローム解析"，理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。

岸下 誠一郎, 村山 和隆, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 倉光 成紀, 横山 茂之: "Crystal structures of the conserved hypothetical proteins, TTHA0068 and TTHA0132, from *Thermus thermophilus* HB8", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

村山 和隆, 中川 紀子, 村山 美幸, 海老原 章郎, 倉光 成紀, 白水 美香子, 横山 茂之: "*Thermus thermophilus* HB8 および *Aeropyrum pernix* K1由来アミノアシルtRNA編集酵素の高分解能構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

新海 暁男, 柏原 愛子, 吉良 聡, 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の生化学的性質", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

仲野 徳, 桑井 麻希, 稲垣 栄二, 田中 智之, 新海 ふじ江, 倉光 成紀, 瀧尾 擴士, 新海 暁男, 横山 茂之: "*Thermus thermophilus* HB8由来TT0972タンパク質の構造", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

岡崎 伸生, 仲野 徳, 桑井 麻希, 佐藤 伸哉, 満足 美穂, 倉光 成紀, 白水 美香子, 新海 暁男, 横山 茂之: "*Thermus thermophilus* HB8由来機能未知タンパク質 TT1045, および TT1515のX線結晶構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

宇都宮 幸子, 横山 茂之, 倉光 成紀: "タンパク質精製の実例 (2)", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

保坂 俊彰, 村山 和隆, 村山 美幸, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 倉光 成紀, 横山 茂之: "高度好熱菌由来 TTHA1846-coenzyme A-Znの結晶構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

新井 亮一, 西野 綾, 新野 睦子, 房富 絵美子, 長野 佳子, 加茂 友美, 河口 真一, 赤坂 領吾, 吉川 征子, 西本 まどか, 外山 光俊, 村山 和隆, 寺田 貴帆, 倉光 成紀, 白水 美香子, 横山 茂之: "高度好熱菌由来機能未知タンパク質 TTHA0516(TT1772)と TTHA1568(TT1639L)のX線結晶構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

伊東 夏織, 新井 亮一, 房富 絵美子, 加茂 友美, 河口 真一, 赤坂 領吾, 寺田 貴帆, 倉光 成紀, 白水 美香子, 横山 茂之: "高度好熱菌由来機能未知タンパク質 TTHA0727(TT1628)のX線結晶構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

横山 茂之: "転写翻訳系", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

横山 茂之: "構造プロテオミクスの現状と将来への展望", 第4回ナノサイエンス・サマー道場「ナノバイオサイエンスの基礎と応用」, 長野, 8月 (2005).

横山 茂之: "立体構造に基づく生命システムの理解をめざして", ゲノムフォーラム2005「生命科学について語ろう」: 若手研究者からみたゲノム研究, 東京, 9月 (2005).

横山 茂之: "タンパク質研究の将来と高性能コンピューティング", 計算科学技術シンポジウム「次世代スーパーコンピュータとシミュレーションの革新」, 東京, 9月

(2005).

森久保 典子, 坂本 健作, 福田 頼之, 大竹 和正, 新屋 直子, 浅沼 三和子, 廣田 洋, 横山 茂之, 星野 力: "非天然型及び天然型アミノ酸部位特異的導入実験に基づくスクアレン環化機構の考察: カチオン/ π 相互作用とアミノ酸側鎖のバルクサイズ的重要性", 第47回天然有機化合物討論会, 徳島, 10月 (2005).

王 宏飛, 堀 千重, 村山 和隆, 中山 亮子, 関根 俊一, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 横山 茂之: "Crystal Structure of *Thermus thermophilus* elongation factor EF-G-2 in the GTP form", 第78回日本生化学会大会, 神戸, 10月 (2005).

近藤 寛, Hossain T., 安達 渉, 中井 忠志, 神谷 信夫, 増井 良治, 倉光 成紀, 鈴木 薫, 関口 武志, 竹中 章郎: "*Thermus thermophilus*由来の2種類のE3(リポアミドデヒドロゲナーゼ)の結晶構造", 第78回日本生化学会大会, 神戸, 10月 (2005).

赤坂 一之, 鎌足 雄司, 横山 茂之, 橋 秀樹: "Pressure-jump NMR study of dissociation and association of amyloid protofibrils", 第78回日本生化学会大会, 神戸, 10月 (2005).

横山 茂之: "Protein Structural Genomics/Proteomics Research", 第78回日本生化学会大会, 神戸, 10月 (2005).

若松 泰介, 大賀 拓史, 中川 紀子, 増井 良治, 倉光 成紀: "Biochemical characterization and structural analysis of Ndx2 protein, a member of Nudix family from *Thermus thermophilus* HB8", 第78回日本生化学会大会, 神戸, 10月 (2005).

石川 大仁, 竇関 淳, 中川 紀子, 増井 良治, 倉光 成紀: "Functional analysis of the [4Fe-4S] cluster conserved among thermostable UDGs", 第78回日本生化学会大会, 神戸, 10月 (2005).

末武 徹也, 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: "タイトジャンクション結合タンパク質TJP2のN末端PDZドメインの溶液構造解析", 第43回日本生物物理学会年会, 札幌, 11月 (2005).

大西 哲, 栃尾 尚哉, 佐藤 真奈美, 小柴 生造, 行木 信一, 井上 真, 木川 隆則, 横山 茂之: "Solution structure of the SH3 domain of the human SRC-like adaptor protein (SLAP) reveals a novel molecular recognition mechanism", 第43回日本生物物理学会年会, 札幌, 11月 (2005).

栃尾 尚哉, 笹川 彩, 小柴 生造, 井上 真, 木川 隆則, 横山 茂之: "Solution structures of six fibronectin type III domains of human", 第43回日本生物物理学会年会, 札幌, 11月 (2005).

前野 覚大, 鎌足 雄司, 横山 茂之, 赤坂 一之: "高圧 ^1H -NMRと高圧蛍光測定法を用いて観測した鶏リゾチームの構造ゆらぎ", 第43回日本生物物理学会年会, 札幌, 11月 (2005).

由本 富巳, 岡村 哲至, 高橋 雅人, 保母 史郎, 井上 浩司, 三木 孝史, 濱田 衛, 横山 茂之, 前田 秀明: "500MHz NMRにおける4K極低温プローブの開発", 2005年度秋季低温工学・超電導学会, 新潟, 11月 (2005).

福岡 智数, 横山 茂之, 前田 秀明, 松本 真治, 二森 茂樹, 木吉 司: "高磁場NMRに用いるNb₃Al超伝導線材の超伝導接続方法", 2005年度秋季低温工学・超電導学会, 新潟, 11月 (2005).

Tokmakov A. A., 寺澤 ゆみこ, 白水 美香子, 横山 茂之: "Differential expression of multiple *Xenopus* PDK family genes during oogenesis, maturation, fertilization, and early embryogenesis", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

李 華, 井上 真, 矢吹 孝, 青木 雅昭, 関 英子, 松田 貴意,

- 布川 絵未, 元田 容子, 小林 敦夫, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 小柴 生造, 林 意然, Guentert P., 鈴木 治和, 林崎良英, 木川 隆則, 横山 茂之: "Solution Structure of the Mouse Enhancer of Rudimentary Protein Reveals a Novel Fold", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 佐藤 敦子, 武藤 裕, 桑迫 香奈子, 白水 美香子, 寺田 貴帆, 木川 隆則, 井上 真, 永田 崇, 鈴木 咲良, 染谷 龍彦, 津田 健吾, 高橋 征三, 菅野 純夫, 横山 茂之: "Solution structure of the RNA recognition motif(RRM) of human SF3b49/SAP49", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 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28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 柴田 理恵, 別所 義隆, 西本 まどか, 房富 絵美子, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 横山 茂之: "Aquifex tRNA (mnm^ss²U34) 修飾酵素MnmC2のX線結晶構造解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 染谷 龍彦, 武藤 裕, 井上 真, 木川 隆則, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 菅野 純夫, 横山 茂之: "Arginine/serine-rich splicing factor 10のRRM領域の構造解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 嶋田 睦, 丹羽 英明, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 田仲 昭子, 長瀬 隆弘, 小原 収, 横山 茂之: "BAF複合体サブユニットhBAF250bのAT-rich interaction domain (ARID) の結晶構造解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 志田 明里, 高木 哲雄, 白水 美香子, 横山 茂之: "BAGドメインのアポトーシス抑制能の構造生物学的手法による解明", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 葛西 卓磨, 木川 隆則, 森 浩禎, 林崎 良英, 横山 茂之: "BoIAタンパク質の立体構造と機能の解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 仙石 徹, 横山 茂之: "DEAD-box RNA helicaseの反応機構", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 胡桃坂 仁志, 藤川 乃り映, 香川 亘, 朴 三用, 尾崎 省吾, 片山 勉, 横山 茂之: "DnaAタンパク質の立体構造と複製開始のメカニズム", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 松本 知子, 海津 陽子, 脇山 素明, 横山 茂之: "Drosophila S2細胞におけるlet-7 microRNAによる翻訳抑制", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 海津 陽子, 脇山 素明, 横山 茂之: "HEK293細胞由来の無細胞タンパク質合成系の開発", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 倉谷 光央, 石井 亮平, 別所 義隆, 福永 流也, 仙石 徹, 白水 美香子, 関根 俊一, 横山 茂之: "tRNA アデノシンデアミナーゼ (TadA) のX線結晶構造解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 川添 将仁, 堀 千重, 上西 達也, 末次 京子, 白水 美香子, 横山 茂之: "Aeropyrum pernix K1のBrixドメインタンパク質の構造解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 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", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 斉藤 講平, 井上 真, 小柴 生造, 長瀬 隆弘, 小原 収, 木川 隆則, 横山 茂之: "ヒトIQGAP1のC末端ドメインについてのNMR解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 香川 亘, 柴田 武彦, 胡桃坂 仁志, 横山 茂之: "ヒトRad52タンパク質のhomologous pairingのメカニズム", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 皿井 直敬, 香川 亘, 田中 耕三, 宮川 清, 胡桃坂 仁志, 横山 茂之: "ヒトRad54Bタンパク質の機能解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 榎本 りま, 杵渕 隆, 佐藤 真, 八木 秀司, 胡桃坂 仁志, 横山 茂之: "ヒトTbPIP/Hop2-Mnd1複合体によるDNA鎖交換反応の活性化", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 鈴木 咲良, 武藤 裕, 栃尾 尚哉, 井上 真, 木川 隆則, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 菅野 純夫, 横山 茂之: "ヒトミトコンドリアリボソームL17の溶液構造", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 津田 健吾, 武藤 裕, 白水 美香子, 寺田 貴帆, 井上 真, 木川 隆則, 菅野 純夫, 横山 茂之: "ヒト由来CUG-BP1におけるRBD3のNMR法による立体構造解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 笹沼 麻貴, 胡桃坂 仁志, 横山 茂之: "ヒト由来ヒストンH2AXを用いたヌクレオソームの再構成", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 三上 暁, 小林 富成, 横山 茂之, 今高 寛晃: "ヒト由来細胞を用いた無細胞タンパク質合成による糖タンパク質合成の効率化", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 杵渕 隆, 長島 真樹, 香川 亘, 榎本 りま, 滝沢 由政, 横山 茂之, 高田 穰, 胡桃坂 仁志: 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 中村 祥浩, 中野 和民, Padmanabhan B., 横山 茂之: "マウスガンキリンとS6ATPase (26Sプロテアソーム・サブユニット) 複合体のX線結晶構造解析: pRbとの相互作用の生物学的重要性", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 伊良波 史枝, 坂本 健作, 横山 茂之: "遺伝暗号拡張のための大腸菌内在性チロシルtRNA合成酵素の置換", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 西本 まどか, 別所 義隆, 村山 美幸, 中山 亮子, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 横山 茂之: "古細菌におけるtRNAスプライシングの基質認識機構", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 董 雪松, 別所 義隆, 柴田 理恵, 白水 美香子, 倉光 成紀, 横山 茂之: "高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8由来のPseudouridine synthase I (TruA) のX線結晶構造解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 山岸 大輔, 西久保 喬, 中川 紀子, 増井 良治, 倉光 成紀: "高度好熱菌由来 Ndx3 の立体構造解析による加水分解機構の解明", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 若松 泰介, 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 (ヌクレオシドニリン酸誘導体加水分解酵素) Ndx2 の機能及び構造解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 舩谷 真美子, 森野 重信, 久武 幸司, Sonenberg N., 横山 茂之, 今高 寛晃: "真核細胞翻訳開始因子eIF3の再構成", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 坂本 健作, 松元 明子, 横山 茂之: "動物細胞におけるサブレッサー-tRNAの誘導発現系", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).
- 樋野 展正, 小林 隆嗣, 松元 明子, 坂本 健作, 横山 茂之: "動物細胞内での非天然型アミノ酸のタンパク質への部位特異的導入と細胞内タンパク質間相互作用解析への

応用", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

平松 久和, 大野 敏, 横川 隆志, 伊良波 史枝, 坂本 健作, 横山 茂之, 細谷 孝充, 平松 俊行, 鈴木 正昭, 田中 信忠, 中村 和郎, 芳本 忠, 西川 一八: "部位特異的プロモチロシン導入7- α HSDHの大腸菌生細胞内での発現と立体構造解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

小林 富成, 三上 暁, 横山 茂之, 今高 寛晃: "無細胞タンパク質合成系を用いたウイルスの生合成", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

坂本 健作, Chumpolkulwong N., 松元 明子, 伊良波 史枝, 新屋 直子, 松田 夏子, 木賀 大介, 漆畑 晶子, 白水 美香子, 木川 隆則, 横山 茂之: "無細胞翻訳系におけるレア・コドンの翻訳効率の解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

Ihsanawati., 村山 和隆, 白水 美香子, 倉光 成紀, 横山 茂之: "Crystal Structure of a Hypothetical Protein TT1823", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 12月 (2005).

岡崎 伸生, 菅原 光明, 仲村 勇樹, 田中 智之, 桑井 麻希, 宮野 雅司, 横山 茂之: 第6回計測自動制御学会システムインテグレーション部門講演会(SI2005), 熊本県西合志町, 12月 (2005).

Malay A. A., 梅原 崇史, 田中 昭子, 堀越 正美, Padmanabhan B., 横山 茂之: "The structure of Asf1 protein from *S. pombe* in complex with a histone H3 C-terminal peptide", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

村山 和隆, 村山 美幸, 中川 紀子, 海老原 章郎, 倉光 成紀, 白水 美香子, 横山 茂之: "Trans-editing enzyme ProXにおけるアミノ酸認識機構の解明", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

岡崎 伸生, 仲野 徳, 桑井 麻希, 佐藤 伸哉, 満足 美穂, 倉光 成紀, 白水 美香子, 新海 暁男, 横山 茂之: "*Thermus thermophilus* HB8由来機能未知タンパク質 TT1045, および TT1515のX線結晶構造解析", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

保坂 俊彰, 村山 和隆, 村山 美幸, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 倉光 成紀, 横山 茂之: "高度好熱菌 (*Thermus thermophilus*) 由来TTHA1846-coenzyme A-Znの結晶構造解析", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

近藤 寛, ホセイン トファザル, 安達 渉, 中井 志忠, 神谷 信夫, 増井 良治, 倉光 成紀, 鈴木 薫, 関口 武司, 竹中 章郎: "Two different E3s(lipoamide dehydrogenases) of 2-oxoacid dehydrogenase complexes of *Thermus thermophilus* ehydrogenase complexes of *Thermus thermophilus*", 文部省科学研究費補助金特定領域研究「生体超分子の構造形成と機能制御の原子機構」第2回公開シンポジウム「生体超分子-構造・機能解明への果敢なる挑戦-」, 金沢, 12月 (2005).

北原 亮, 畠 和澄, 横山 茂之, 赤坂 一之, Cheng J.: "Energy Landscape of SH3 Domain Revealed by Variable Pressure NMR", 第3回「水と生体分子」公開ワークショップ, (文科省科研費特定領域研究), 岡崎, 1月 (2006).

鎌足 雄司, 赤坂 一之, 横山 茂之, 橋 秀樹: "Pressure-jump NMR study of dissociation and association of amyloid protofibrils", 第3回「水と生体分子」公開ワークショップ, (文科省科研費特定領域研究), 岡崎, 1月 (2006).

横山 茂之: "タンパク3000プロジェクト網羅的解析プログラムの成果", 文部科学省タンパク3000プロジェクト第3回産学連携フォーラム, 東京, 2月 (2006).

倉光 成紀, 松本 武久, 別所 義隆: "解析タンパク質の例

(1) 感染症関連(ウイルス・細菌)", 文部科学省タンパク3000プロジェクト 第3回産学連携フォーラム, 東京, 2月 (2006).

SRRN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誌

- Sugahara M., Ohshima N., Ukita Y., Sugahara M., and Kunishima N.: "Structure of ATP-dependent phosphoenolpyruvate carboxykinase from *Thermus thermophilus* HB8 showing the structural basis of induced fit and thermostability", *Acta Cryst. D* 61, 1500--1507 (2005). *
- Nakabayashi M., Shibata N., Komori H., Ueda Y., Iino H., Ebihara A., Kuramitsu S., and Higuchi Y.: "Structure of a conserved hypothetical protein, TTHA0849 from *Thermus thermophilus* HB8, at 2.4 Å resolution: a putative member of the STAR-related lipid-transfer (START) domain superfamily", *Acta Cryst. F* 61, No. 12, pp.1027--1031 (2005). *
- Inagaki E., Takahashi H., Kuroishi C., and Tahirov T.: "Crystallization and avoiding the problem of hemihedral twinning in crystals of Δ^1 -pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase from *Thermus thermophilus*", *Acta Cryst. F* 61, 609--611 (2005). *
- Pioszak A. A., Murayama K., Nakagawa N., Ebihara A., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "Structures of a putative RNA 5-methyluridine methyltransferase, *Thermus thermophilus* TTHA1280, and its complex with S-adenosyl-L-homocysteine", *Acta Cryst. F* 61, 867--874 (2005). *
- Lokanath N. K., Yamamoto H., Matsunaga E., Sugahara M., and Kunishima N.: "Purification, crystallization and initial X-ray crystallographic analysis of the putative GTPase PH0525 from *Pyrococcus horikoshii* OT3", *Acta Cryst. F* 61, 892--894 (2005). *
- Jeyaraman J., Taka J., Kikuchi A., Kuroishi C., Yutani K., and Shiro Y.: "Purification, crystallization and preliminary X-ray crystallographic study of the L-fucose-1-phosphate aldolase (FucA) from *Thermus thermophilus* HB8", *Acta Cryst. F* 61, 1075--1077 (2005). *
- Jeyaraman J., Inagaki E., Kuroishi C., and Tahirov T.: "Structure of PIN-domain protein PH0500 from *Pyrococcus horikoshii*", *Acta Cryst. F* 61, 463--468 (2005). *
- Ohga T., Yoshida S., Nakagawa N., Kuramitsu S., and Masui R.: "Molecular Mechanism of the *Thermus thermophilus* ADP-Ribose Pyrophosphatase from Mutational and Kinetic Studies", *Biochemistry* 44, No. 26, pp.9320--9329 (2005). *
- Arai R., Nishimoto M., Toyama M., Terada T., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "Conserved protein TTHA1554 from *Thermus thermophilus* HB8 binds to glutamine synthetase and cystathionine β -lyase", *Biochim. Biophys. Acta* 1750, 40--47 (2005). *
- Kimura S., Ide K., Kashiwara A., Makoto K., Hatakeyama M., Masui R., Nakagawa N., Yokoyama S., Kuramitsu S., and Konagaya A.: "Inference of S-system models of genetic networks using a cooperative coevolutionary algorithm", *Bioinformatics* 21, No. 7, pp.1154--1163 (2005). *
- Kato M., Yamamoto H., Okamura T., Maoka N., Masui R., Kuramitsu S., and Ueyama N.: "Inhibition of *Thermus thermophilus* HB8 thioredoxin activity by platinum(II)", *Dalton Trans.* 6, 1023--1026 (2005). *
- Nakai T., Nakagawa N., Maoka N., Masui R., Kuramitsu S., and Kamiya N.: "Structure of P-protein of the glycine cleavage system: implications for nonketotic hyperglycinemia", *EMBO J.* 24, No. 8, pp.1523--1536 (2005). *
- Taka J., Ogasahara K., Jeyaraman J., Kunishima N., Kuroishi C.,

- Sugahara M., Yokoyama S., and Yutani K. : "Stabilization due to dimer formation of phosphoribosyl anthranilate isomerase from *Thermus thermophilus* HB8: X-ray analysis and DSC experiments", J. Biochem. 137, No. 5, pp.569--578 (2005). *
- Tanaka Y., Nakagawa N., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Masui R. : "Novel reaction mechanism of GTP cyclohydrolase I. High-resolution X-ray crystallography of *Thermus thermophilus* HB8 enzyme complexed with a transition state analogue, the 8-oxoguanine derivative", J. Biochem. 138, No. 3, pp.263--275 (2005). *
- Asada Y., Sawano M., Ogasahara K., Nakamura J., Ota M., Kuroishi C., Sugahara M., Yutani K., and Kunishima N. : "Stabilization mechanism of the tryptophan synthase α -subunit from *Thermus thermophilus* HB8 X-ray crystallographic analysis and calorimetry", J. Biochem. 138, No. 4, pp.343--353 (2005). *
- Nishikubo T., Nakagawa N., Kuramitsu S., and Masui R. : "Improved heterologous gene expression in *Escherichia coli* by optimization of the AT-content of codons immediately downstream of the initiation codon", J. Biotechnol. 120, No. 4, pp.341--346 (2005). *
- Lokanath N. K., Ohshima N., Takio K., Shiromizu I., Kuroishi C., Okazaki N., Kuramitsu S., Yokoyama S., Miyano M., and Kunishima N. : "Crystal structure of novel NADP-dependent 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase from *Thermus thermophilus* HB8", J. Mol. Biol. 352, 905--917 (2005). *
- Bagautdinov B., Kuroishi C., Sugahara M., and Kunishima N. : "Crystal structures of biotin protein ligase from *Pyrococcus horikoshii* OT3 and its complexes: structural basis of biotin activation", J. Mol. Biol. 353, 322--333 (2005). *
- Ebihara A., Okamoto A., Kousumi Y., Yamamoto H., Masui R., Ueyama N., Yokoyama S., and Kuramitsu S. : "Structure-based functional identification of a novel heme-binding protein from *Thermus thermophilus* HB8", J. Struct. Funct. Genom. 6, No. 1, pp.21--32 (2005). *
- Hattori M., Mizohata E., Manzoku M., Bessho Y., Murayama K., Terada T., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the hypothetical protein TTHA1013 from *Thermus thermophilus* HB8", Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics 61, 1117--1120 (2005). *
- Handa N., Terada T., Doi-Katayama Y., Hirota H., Tame J. R., Park S., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of a novel polyisoprenoid-binding protein from *Thermus thermophilus* HB8", Protein Sci. 14, 1004--1010 (2005). *
- Inagaki E., Sakamoto K., Obayashi N., Terada T., Shirouzu M., Bessho Y., Kuroishi C., Kuramitsu S., Shinkai A., and Yokoyama S. : "Expression, purification, crystallization and preliminary X-ray diffraction analysis of Galactokinase from *Pyrococcus horikoshii*", Acta Cryst. F 62, 169--171 (2006). *
- Kuratani M., Sakai H., Takahashi M., Yanagisawa T., Kobayashi T., Murayama K., Chen L., Liu Z., Wang B., Kuroishi C., Kuramitsu S., Terada T., Bessho Y., Shirouzu M., Sekine S., and Yokoyama S. : "Crystal structures of tyrosyl-tRNA synthetases from *Archaea*", J. Mol. Biol. 355, 395--408 (2006). *
- Arai R., Niino M., Kuroishi C., Bessho Y., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the probable haloacid dehalogenase PH0459 from *Pyrococcus horikoshii* OT3", Protein Sci. 15, No. 2, pp.373--377 (2006). *
- 吉良 聡, 磯合 敦, 山村 雅幸 : "データマイニング技術を用いた組換えタンパク質の発現量解析", 人工知能学会論文誌 21, No. 1, pp.9--19 (2006). *

(総説)

- 倉光 成紀 : "タンパク3000プロジェクト", 遺伝子医学 Mook , No. 2, pp.378--385 (2005).

[単行本]

(原著論文) * 印は査読制度がある論文誌

- Kira S., Yamamura M., and Kuramitsu S. : "Predicting the Expression Levels of Recombinant Protein by using Reinforcement Learning", Proceeding of the 8th IASTED International Conference on Intelligent Systems and Control(ISC2005) , Cambridge , USA , 2005-- 10 ~ 11 , IASTED, MA, pp.471--476 (2005). *

口 頭 発 表 Oral Presentations

(国際会議等)

- Jeyaraman J., Taka J., Kitaguchi Y., Kuroishi C., Takada K., Yokoyama S., Shiro Y., and Yutani K. : "Crystal Structure of Putative Dipeptidase from the hyperthermophilic archaeon *pyrococcus horikoshii* OT3", 3rd International Conference on Structural Genomics (ICSG 2004) , Washington , USA , Nov. (2004).
- Masui R., Nakagawa N., Ebihara A., Kanagawa M., Kuroishi C., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S. : "A Structural and Functional Whole-Cell Project for the Model Organism, *Thermus thermophilus* HB8", Frontiers of Proteomics: Aims and Perspectives , (Osaka University), Toyonaka , Nov. (2004).
- Kanagawa M., Ebihara A., Nakagawa N., Kawai G., Yokoyama S., and Kuramitsu S. : "Crystal Structure of a Conserved Hypothetical Protein TT1657 from *Thermus thermophilus* HB8", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005) , Florence , Italy , Aug. (2005).
- Nagata K., Tsutsui S., Lee W., Ito K., Kamo M., Inoue Y., and Tanokura M. : "Crystal Structure of Carboxypeptidase 1 from *Thermus thermophilus*", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005) , Florence , Italy , Aug. (2005).
- Nakai T., Nakagawa N., Maoka N., Masui R., Kuramitsu S., and Kamiya N. : "Crystal structure of P-protein of the Glycine cleavage system", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005) , Florence , Italy , Aug. (2005).
- Bagautdinov B., Kuroishi C., Sugahara M., and Kunishima N. : "Crystal structure of the biotin protein ligase from *Pyrococcus horikoshii* OT3: insights into the mechanism of biotin activation", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005) , Florence , Italy , Aug. (2005).
- Lokanath N. K., Ohshima N., Takio K., Shiromizu I., Kuroishi C., Okazaki N., Kuramitsu S., Yokoyama S., Miyano M., and Kunishima N. : "Crystal structure of the NADP-dependent 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005) , Florence , Italy , Aug. (2005).
- Miyahara I., Matsumura M., Goto M., Omi R., Hirotsu K., Mizuguchi H., Hayashi H., and Kagamiyama H. : "Dual Substrate Recognition of Acetylornithine Aminotransferase", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005) , Florence , Italy , Aug. (2005).
- Ohga T., Yoshida S., Nakagawa N., Kuramitsu S., and Masui R. : "Molecular Mechanism of ADP-ribose Pyrophosphatase from *Thermus thermophilus* HB8", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005) , Florence , Italy , Aug. (2005).
- Ebihara A., Nakagawa N., Kanagawa M., Sato S., Agari Y., Maoka N., Iino H., Kashiwara A., Kuroishi C., Masui R., Shirouzu M., Terada T., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S. : "Progress in the Whole Cell Project of a Model Organism, *Thermus thermophilus* HB8", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005) , Florence , Italy , Aug. (2005).
- Omi R., Goto M., Miyahara I., and Hirotsu K. : "Structural Basis for the Induced Fit, Substrate Recognition, and Mechanism of Threonine Synthase", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005) , Florence , Italy , Aug. (2005).

Kuramitsu S., Ebihara A., Kanagawa M., Nakagawa N., Masui R., Murayama K., Terada T., Shirouzu M., Miki K., and Yokoyama S.: "Whole-Cell Project of *Thermus thermophilus* HB8 toward Atomic-Resolution Biology", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).

Kaminishi T., Sakai H., Takemoto C., Nomura M., Terada T., Nakagawa N., Maoka N., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "Crystal structures of PrmA suggest a role for its most conserved region in methylating ribosomal protein L11", EMBO Conference on Protein Synthesis and Translational Control, Heidelberg, Germany, Sept. (2005).

Kuramitsu S., Ebihara A., Nakagawa N., Fukui K., Kondou N., Masui R., Miki K., and Yokoyama S.: "Structural and functional whole-cell project for an extremely thermophilic model organism, *Thermus thermophilus* HB8", Thermophiles 2005, (Griffith University), Gold Coast, Australia, Sept. (2005).

Kuramitsu S., Ebihara A., Kanagawa M., Kuroishi C., Nakagawa N., Masui R., Terada T., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "A Structural and Functional Whole-Cell Project for the Model Organism, *Thermus thermophilus* HB8", 1st Annual UK-Southeast USA Symposium on Structural Genomics and Proteomics of Membrane and Metalloproteins, (The University of Georgia), Athens, USA, Oct. (2005).

Kira S., Yamamura M., and Kuramitsu S.: "Predicting the Expression Levels of Recombinant Protein by using Reinforcement Learning", 8th IASTED International Conference on Intelligent Systems and Control (ISC 2005), Cambridge, USA, Oct.--Nov. (2005).

Kuramitsu S., Ebihara A., Nakagawa N., Masui R., and Yokoyama S.: "Structural genomics of a model organism, *Thermus thermophilus* HB8, revealed new hypothetical proteins bound with coenzyme or biofactor", International Interdisciplinary Conference on Vitamins, Coenzymes, and Biofactors 2005, (The Vitamin Society of Japan and The Carbonyl Study Group of Japan), Awaji, Nov. (2005).

(国内会議)

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 *Thermus thermophilus* HB8の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7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 (2005).

石川 大仁, 小坂 安道, 寛閑 淳, 中川 紀子, 増井 良治, 倉光 成紀: "高度好熱菌由来ウラシルDNAグリコシラーゼ UDGA, UDGB の構造機能解析", 第52回日本生化学会近畿支部例会, 神戸, 5月 (2005).

澤野 雅英, 黒石 千寿, 横山 茂之, 油谷 克英: "DSCを用いた封入体蛋白質の実態の解明とfold型として可溶化する手法の確立", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6--7月 (2005).

福井 健二, 増井 良治, 倉光 成紀: "MutSファミリー蛋白質 MutS2のエンドヌクレアーゼ活性", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6--7月 (2005).

海老原 章郎, 中川 紀子, 金川 真由美, 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: "高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8をモデル生物とした「丸ごと一匹プロジェクト」の進捗状況", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6--7月 (2005).

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 (ヌクレオシドニリン酸誘導体加水分解酵素) Ndx2の機能及び構造解析", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6--7月 (2005).

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リナーゼ活性に働く残基の解析", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6--7月 (2005).

近藤 直幸, 中川 紀子, 増井 良治, 倉光 成紀: "新規dNTP triphosphohydrolaseの活性における金属イオン選択性", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6--7月 (2005).

上西 達也, 酒井 宏明, 堀 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: "PrmAの結晶構造から示唆されるリボソームタンパク質L11のメチル化反応における協調的かつ合理的な進行性", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

佐々木 浩, 服部 素之, 仙石 徹, 宇都宮 幸子, 黒石 千寿, 福永 流也, 柳沢 達男, 白水 美香子, 関根 俊一, 横山 茂之: "超好熱古細菌 *Pyrococcus horikoshii* 由来フェニルアラニルtRNA合成酵素βサブユニットのX線結晶構造解析", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

澤野 雅英, 竹平 美千代, 黒石 千寿, 横山 茂之, 油谷 克英: "DSCを用いた封入体蛋白質のfolding状態の解析: intact folding蛋白質の存在とその精製", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

伊藤 彰厚, 岡村 高明, 山本 仁, 上山 憲一: "ルテニウム錯体によるN端選択標識法を用いたアミノ酸配列解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

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リナーゼ活性に働く残基の解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

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 (ヌクレオシドニリン酸誘導体加水分解酵素) Ndx2の機能及び構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

今川 貴仁, 杉本 康志, 宇都宮 敬子, 津下 英明: "高度好熱菌由来TT1382の結晶構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

三瓶 徹一, 石井 健, 矢内 久陽, 馬場 清喜, 真岡 伸子, 中川 紀子, 金川 真由美, 河合 剛太: "Thermus thermophilus HB8 由来PurDタンパク質の結晶構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

富田 武郎, 伏信 進矢, 葛山 智久, 西山 真: "NAD(H)依存リンゴ酸脱水素酵素のNADPHとの複合体の結晶構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

中林 誠, 柴田 直樹, 飯野 均, 海老原 章郎, 樋口 芳樹: "STARTドメインスーパーファミリーに属する新規タンパク質: TT1201の結晶構造", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

中林 誠, 柴田 直樹, 金川 真由美, 中川 紀子, 樋口 芳樹: "アセトイン脱水素酵素類似タンパク質; TT1271の結晶構造", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

永田 宏次, 大塚 淳, 市原 洋祐, 飯野 均, 海老原 章郎, 田之倉 優: "独特の4ヘリックスバンドルトポロジーを有する推定金属依存性加水分解酵素 *Bacillus subtilis* YfiTと類似した構造を有するTT2238の結晶構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連

- 携研究会，播磨，8月(2005).
- 村山 和隆，寺田 貴帆，白水 美香子，横山 茂之: "Crystal structure of TTHA1479 from *Thermus thermophilus* HB8", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 久野 玉雄，金 成勲，竹田 一旗，上利 佳弘，三木 邦夫: "高度好熱菌由来 *N*-アシルアミノ酸ラセマーゼの結晶構造", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 今川 貴仁，宇都宮 敬子，杉本 康志，海老原 章郎，津下 英明: "高度好熱菌由来 *O*-acetyl-L-homoserine sulfhydrylase の結晶構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 後藤 勝，近江 理恵，宮原 郁子，広津 建: "高度好熱菌HB8 分岐鎖アミノ基転移酵素と向神経薬ガバペンチンとの複合体の構造", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 後藤 勝，近江 理恵，宮原 郁子，広津 建: "高度好熱菌由来 キヌレニンアミノ基転移酵素の結晶構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 中川 紀子，柏原 愛子，中井 恵美，吉良 聡，井手 香，長嶋 剛史，小西 史一，畠山 眞里子，小長谷 明彦，横山 茂之，倉光 成紀: "*Thermus thermophilus* HB8 の遺伝子破壊株作製，および，トランスクリプトーム解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 伊藤 寛啓，柏原 愛子，吉良 聡，中川 紀子，倉光 成紀，三瓶 徹一，河合 剛太: "DNAマイクロアレイによる遺伝子間領域の発現解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 福井 健二，増井 良治，倉光 成紀: "MutS バラログ，MutS2 の分子機能解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 石川 大仁，寶閑 淳，中川 紀子，増井 良治，倉光 成紀: "耐熱性 UDG で保存されている [4Fe-4S] クラスターの機能解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 西山 真: "*T. thermophilus* のリジン生合成：構造，機能，調節，進化", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 斎木 朝子，富田 武郎，葛山 智久，西山 真: "リンゴ酸脱水素酵素の高活性化・安定化機構", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 田中 容子，中川 紀子，倉光 成紀: "GTP cyclohydrolase I の新規反応機構", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 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", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 山岸 大輔，西久保 喬，中川 紀子，増井 良治，倉光 成紀: "高度好熱菌由来 Ndx3 の立体構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 近江 理恵，後藤 勝，宮原 郁子，水口 博之，林 秀行，広津 建: "高度好熱菌HB8 トレオニン合成酵素の構造と7段階反応の機構", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 藤原 聡子，藤本 ゆかり，隅田 泰生，深瀬 浩一: "高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8由来細胞膜糖脂質の合成", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 大賀 拓史，中川 紀子，増井 良治，倉光 成紀: "高度好熱菌由来ADP-ribose加水分解酵素の反応触媒機構", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 近藤 直幸，西久保 喬，中川 紀子，増井 良治，倉光 成紀: "新規 dNTP triphosphohydrolase の金属イオン依存的活性の多様性と好熱菌内金属イオン濃度との比較", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 大賀 拓史，大橋 由明，中川 紀子，増井 良治，曾我 朋義，富田 勝，横山 茂之，倉光 成紀: "高度好熱菌のメタボローム解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 松崎 富士郎，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Mur E のX線結晶構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 近藤 寛，Hossain T.，安達 渉，中井 忠志，神谷 信夫，増井 良治，倉光 成紀，鈴木 薫，関口 武司，竹中 章郎: "*Thermus thermophilus* HB8がもつ2種類のE3 (リボアミド脱水素酵素) のX線構造", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 岸下 誠一郎，村山 和隆，寺田 貴帆，白水 美香子，倉光 成紀，横山 茂之: "Crystal structures of the conserved hypothetical proteins, TTHA0068 and TTHA0132, from *Thermus thermophilus* HB8", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 朝田 久仁子，宮崎 淳一，葛山 智久，西山 真: "Directed evolution of homoisocitrate dehydrogenase from an extreme thermophile, *Thermus thermophilus*", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 海老原 章郎，横山 茂之，倉光 成紀: "X線結晶回折データの収集および解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 村山 和隆，中川 紀子，村山 美幸，海老原 章郎，倉光 成紀，白水 美香子，横山 茂之: "*Thermus thermophilus* HB8 および *Aeropyrum pernix* K1由来アミノアシルtRNA編集酵素の高分解能構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 黒石 千寿，横山 茂之，倉光 成紀: "*Thermus thermophilus* HB8のタンパク質調製", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 上利 佳弘，横山 茂之，倉光 成紀: "*Thermus thermophilus* HB8の実験情報のデータベースシステム", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 新海 暁男，柏原 愛子，吉良 聡，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の生化学的性質", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月(2005).
- 仲野 徳，桑井 麻希，稲垣 栄二，田中 智之，新海 ふじ江，倉光 成紀，瀧尾 擴士，新海 暁男，横山 茂之: "*Thermus thermophilus* HB8由来TT0972タンパク質の構造", 理研シ

ンボジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。

岡崎 伸生，仲野 徳，桑井 麻希，佐藤 伸哉，満足 美穂，倉光 成紀，白水 美香子，新海 暁男，横山 茂之："Thermus thermophilus HB8由来機能未知タンパク質TT1045，およびTT1515のX線結晶構造解析"，理研シンボジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。

満足 美穂，横山 茂之，倉光 成紀："タンパク質精製の実例(1)"，理研シンボジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。

宇都宮 幸子，横山 茂之，倉光 成紀："タンパク質精製の実例(2)"，理研シンボジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。

吉良 聡，横山 茂之，倉光 成紀："タンパク質発現における5'翻訳領域の配列最適化"，理研シンボジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。

北村 吉章，横山 茂之，倉光 成紀："構造機能解析：TTHA0048 conserved hypothetical protein, TTHA1587 D-Ala:D-Ala ligase"，理研シンボジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。

海老原 章郎，横山 茂之，倉光 成紀："構造機能解析：TTHA0122 Mn-catalase, TTHA1714 probable heme peroxidase, TTHA0704 conserved hypothetical protein (SNZ family), TTHA0593 conserved hypothetical protein, TTHA1747 thioredoxin, TTHA0338 conserved hypothetical protein"，理研シンボジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。

飯野 均，横山 茂之，倉光 成紀："構造機能解析：TTHA0895 conserved hypothetical protein, TTHA1053 conserved hypothetical protein, TTHA0978 conserved hypothetical protein"，理研シンボジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。

佐藤 伸哉，横山 茂之，倉光 成紀："構造機能解析：TTHA1091 conserved hypothetical protein"，理研シンボジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。

上利 佳弘，横山 茂之，倉光 成紀："構造機能解析：TTHA1359 transcriptional regulator FNR/CRP family"，理研シンボジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。

矢内 久陽，横山 茂之，倉光 成紀："構造機能解析：TTHA1516 PurS"，理研シンボジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。

金川 真由美，横山 茂之，倉光 成紀："構造機能解析：TTHA1913 conserved hypothetical protein, TTHA0625 conserved hypothetical protein"，理研シンボジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，8月（2005）。

近藤 寛，Hossain T.，安達 渉，中井 忠志，神谷 信夫，増井 良治，倉光 成紀，鈴木 薫，関口 武志，竹中 章郎："Thermus thermophilus由来の2種類のE3（リボアミドデヒドロゲナーゼ）の結晶構造"，第78回日本生化学会大会，神戸，10月（2005）。

海老原 章郎，中川 紀子，金川 真由美，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："高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8をモデル生物とした「丸ごと一匹プロジェクト」の進捗状況"，第78回日本生化学会大会，神戸，10月（2005）。

近藤 直幸，倉光 成紀，増井 良治："Biochemical Characterization of TT1383 from *Thermus thermophilus*

Identifies a Novel dNTP Triphosphohydrolase Activity Stimulated by dATP and dTTP"，第78回日本生化学会大会，神戸，10月（2005）。

若松 泰介，大賀 拓史，中川 紀子，増井 良治，倉光 成紀："Biochemical characterization and structural analysis of Ndx2 protein, a member of Nudix family from *Thermus thermophilus* HB8"，第78回日本生化学会大会，神戸，10月（2005）。

石川 大仁，竇関 淳，中川 紀子，増井 良治，倉光 成紀："Functional analysis of the [4Fe-4S] cluster conserved among thermostable UDGs"，第78回日本生化学会大会，神戸，10月（2005）。

近藤 直幸，中川 紀子，増井 良治，倉光 成紀："Recognition Mechanism of Multiple dNTPs on A Novel dNTP Triphosphohydrolase"，第78回日本生化学会大会，神戸，10月（2005）。

福井 健二，増井 良治，倉光 成紀："Thermus thermophilus MutS2, a MutS Parologue, Possesses an Endonuclease Activity Promoted by MutL"，第78回日本生化学会大会，神戸，10月（2005）。

福井 健二，増井 良治，倉光 成紀："Thermus thermophilus MutS2, a MutS homologue, possesses an endonuclease activity effected by MutL and MutS"，第78回日本生化学会大会，神戸，10月（2005）。

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6回極限環境微生物学会年会，東京，11月（2005）。

伊藤 寛啓，柏原 愛子，吉良 聡，中川 紀子，倉光 成紀，三瓶 徹一，河合 剛太："DNA マイクロアレイによる高度好熱菌ゲノムの遺伝子間領域の発現解析"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）。

福井 健二，増井 良治，倉光 成紀："MutS パラログ, MutS2 の分子機能解析"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）。

近藤 直幸，西久保 喬，中川 紀子，増井 良治，倉光 成紀："Thermus thermophilus HB8 細胞中の金属イオンに対するdNTP triphosphohydrolase の依存性"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）。

三瓶 徹一，石井 健，矢内 久陽，馬場 清喜，真岡 伸子，中川 紀子，金川 真由美，河合 剛太："Thermus thermophilus HB8 由来GAR synthetaseの結晶構造"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）。

落海 雅仁，福井 健二，増井 良治，倉光 成紀："高度好熱菌 MutL C末端ドメインの機能解析"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）。

妻鹿 良亮，近藤 直幸，中川 紀子，増井 良治，倉光 成紀："高度好熱菌 dNTP triphosphohydrolase のドメイン解析"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）。

齋藤 郁美，中川 紀子，増井 良治，倉光 成紀："高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 スクレオチド除去修復系の構造機能解析"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）。

大島 裕二，秋林 淳，長岡 克浩，玉腰 雅忠，山岸 明彦，倉光 成紀，三瓶 徹一："高度好熱菌 *Thermus thermophilus* トリプトファン生合成系オペロンの発現解析"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）。

市原 洋佑，大塚 淳，井上 由美子，永田 宏次，田之倉 優："高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8由来probable zinc proteaseの構造解析"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）。

山岸 大輔，西久保 喬，中川 紀子，増井 良治，倉光 成紀："高度好熱菌由来 Ndx3 の立体構造解析による加水分解機構の解明"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12

月 (2005).

若松 泰介, 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 (ヌクレオシドニリン酸誘導体加水分解酵素) Ndx2 の機能及び構造解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

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28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

Ihsanawati., 村山 和隆, 白水 美香子, 倉光 成紀, 横山 茂之: "Crystal Structure of a Hypothetical Protein TT1823", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 12月 (2005).

Jeyaraman J., 高 潤一郎, 菊地 晶裕, 黒石 千寿, 油谷 克英, 城 宜嗣: "Crystal Structure of L-fucose-1-phosphate aldolase from *Thermus thermophilus* HB8", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

清水 勝美, 藤本 弥生, 菅原 光明, 国島 直樹: "Pyrococcus horikoshii OT3 由来の推定ペプチジル-tRNA 加水分解酵素の結晶構造", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

浅田 征彦, 澤野 雅英, 小笠原 京子, 中村 順司, 太田 元規, 黒石 千寿, 菅原 光明, 油谷 克英, 国島 直樹: "X線構造解析と示差走査熱量測定(DSC)を用いた高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来トリプトファン合成酵素αサブユニットの安定化機構の検討", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

村山 和隆, 村山 美幸, 中川 紀子, 海老原 章郎, 倉光 成紀, 白水 美香子, 横山 茂之: "Trans-editing enzyme ProX におけるアミノ酸認識機構の解明", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

中林 誠, 柴田 直樹, 小森 博文, 上田 康史, 飯野 均, 海老原 章郎, 倉光 成紀, 樋口 芳樹: "高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来機能未知タンパク質 TTHA0849 の結晶構造", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

近藤 寛, ホセイン トファザル, 安達 渉, 中井 志志, 神谷 信夫, 増井 良治, 倉光 成紀, 鈴木 薫, 関口 武司, 竹中 章郎: "Two different E3s(lipoamide dehydrogenases) of 2-oxoacid dehydrogenase complexes of *Thermus thermophilus* ehydrogenase complexes of *Thermus thermophilus*", 文部省科学研究費補助金特定領域研究「生体超分子の構造形成と機能制御の原子機構」第2回公開シンポジウム「生体超分子-構造・機能解明への果敢なる挑戦-」, 金沢, 12月 (2005).

倉光 成紀, 松本 武久, 別所 義隆: "解析タンパク質の例 (1) 感染症関連(ウイルス・細菌)", 文部科学省タンパク3000プロジェクト 第3回産学連携フォーラム, 東京, 2月 (2006).

SRRN物質・エネルギー代謝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誌

Matsumoto K., Nagao R., Murata T., Arai Y., Kichise T., Nakashita H., Taguchi S., Shimada H., and Doi Y. : "Enhancement of poly(3-hydroxybutyrate-co-3-hydroxyvalerate) production in the transgenic *Arabidopsis thaliana* by the in vitro evolved highly active mutants of polyhydroxyalkanoate (PHA) synthase from *Aeromonas caviae*", Biomacromolecules 6, No. 4, pp.2126--2130 (2005).

*

口 頭 発 表 Oral Presentations

(国際会議等)

Ebihara A., Nakagawa N., Kanagawa M., Sato S., Agari Y., Maoka N., Iino H., Kashiara A., Kuroishi C., Masui R., Shirouzu M., Terada T., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S. : "Progress in the Whole Cell Project of a Model Organism, *Thermus thermophilus* HB8", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).

Kuramitsu S., Ebihara A., Kanagawa M., Nakagawa N., Masui R., Murayama K., Terada T., Shirouzu M., Miki K., and Yokoyama S. : "Whole-Cell Project of *Thermus thermophilus* HB8 toward Atomic-Resolution Biology", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).

Kuramitsu S., Ebihara A., Nakagawa N., Fukui K., Kondou N., Masui R., Miki K., and Yokoyama S. : "Structural and functional whole-cell project for an extremely thermophilic model organism, *Thermus thermophilus* HB8", Thermophiles 2005, (Griffith University), Gold Coast, Australia, Sept. (2005).

(国内会議)

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 *Thermus thermophilus* HB8 の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7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 (2005).

海老原 章郎, 中川 紀子, 金川 真由美, 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: "高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 をモデル生物とした「丸ごと一匹プロジェクト」の進捗状況", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6--7月 (2005).

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", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

渡部 聡, 喜田 昭子, 三木 邦夫: "鉄イオウクラスター生合成関連ABC ATPase SufC の結晶構造", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

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", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

沼本 修孝, 喜田 昭子, 三木 邦夫: "*Thermus thermophilus* HB8 由来 シャペロニン10 (Cpn10, co-chaperonin) の結晶構造", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

曾佐 顕, 中村 顕, 小森 博文, 喜田 昭子, 三木 邦夫: "高度好熱菌由来 NAD(H) 依存性酸化還元センサーリプレッサー p25 の結晶構造", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

久野 玉雄, 金 成勲, 竹田 一旗, 上利 佳弘, 三木 邦夫: "高度好熱菌由来 N-アシルアミノ酸ラセマーゼの結晶構造", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

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 probable enoyl-CoA hydratase の結晶学的研究", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8

月 (2005).

竹田 一旗, 三木 邦夫: "高度好熱菌由来のペリプラズム基質結合タンパク質の結晶構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

金 成勲, 宮武 秀行, 久野 玉雄, 岩崎 わかな, 三木 邦夫: "高度好熱菌由来フラビン拡散型NADH: フラビン酸化還元酵素におけるフラビンの結合・解離機構", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

岩崎 わかな, 三木 邦夫: "高度好熱菌由来Stationary phase survival protein SurEの結晶構造", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

海老原 章郎, 中川 紀子, 金川 真由美, 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: "高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8をモデル生物とした「丸ごと一匹プロジェクト」の進捗状況", 第78回日本生化学会大会, 神戸, 10月 (2005).

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6回極限環境微生物学会年会, 東京, 11月 (2005).

平田 邦夫, 城 宜嗣, 月原 富武, 中川 敦史, 福山 恵一, 和田 啓, 山本 雅貴, 田中 宏志, 高田 昌樹: "マキシマムエントロピー法によるタンパク質結晶構造解析 できること、できないこと", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

SRRN機能未知蛋白質研究チーム

誌 上 発 表 Publications

[雑誌]

(原著論文) * 印は査読制度がある論文誌

Pioszak A. A., Murayama K., Nakagawa N., Ebihara A., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Structures of a putative RNA 5-methyluridine methyltransferase, *Thermus thermophilus* TTHA1280, and its complex with S-adenosyl-L-homocysteine", *Acta Cryst. F* 61, 867–874 (2005). *

Umehara T., Otta Y., Tsuganezawa K., Matsumoto T., Tanaka A., Horikoshi M., Padmanabhan B., and Yokoyama S. : "Purification, crystallization and preliminary X-ray diffraction analysis of the histone chaperone cial1 from fission yeast", *Acta Cryst. F* 61, 971–973 (2005). *

Wakiyama M., Matsumoto T., and Yokoyama S. : "*Drosophila* U6 promoter-driven short hairpin RNAs effectively induce RNA interference in Schneider 2 cells", *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 331, 1163–1170 (2005). *

Terazawa Y., Tokmakov A. A., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Molecular cloning and expression analysis of PDK family genes in *Xenopus laevis* reveal oocyte-specific PDK isoform", *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 338, No. 4, pp.1798–1804 (2005). *

Arai R., Nishimoto M., Toyama M., Terada T., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Conserved protein TTHA1554 from *Thermus thermophilus* HB8 binds to glutamine synthetase and cystathionine β -lyase", *Biochim. Biophys. Acta* 1750, 40–47 (2005). *

Kimura S., Ide K., Kashiwara A., Makoto K., Hatakeyama M., Masui R., Nakagawa N., Yokoyama S., Kuramitsu S., and Konagaya A. : "Inference of S-system models of genetic networks using a cooperative coevolutionary algorithm", *Bioinformatics* 21, No. 7, pp.1154–1163 (2005). *

Artsimovitch I., Vassilyeva M. N., Svetlov D., Svetlov V., Perederina A., Igarashi N., Matsugaki N., Wakatsuki S., Tahirov T., and Vassilyev D. G. : "Allosteric modulation of the RNA polymerase catalytic reaction is an essential component of transcription control by rifamycins", *Cell* 122, No. 3, pp.351–363 (2005). *

Kurokawa S., Bessho Y., Higashizima K., Shirouzu M., Yokoyama S., Watanabe K., and Ohama T. : "Adaptation of intronic homing endonuclease for successful horizontal transmission", *FEBS J.* 272, No. 10, pp.2487–2496 (2005). *

Hamada T., Asanuma M., Ueki T., Hayashi F., Kobayashi N., Yokoyama S., Michibata H., and Hirota H. : "Solution structure of vanabin2, a vanadium(IV)-binding protein from the vanadium-rich ascidian, *Ascidia sydneiensis samea*", *J. Am. Chem. Soc.* 127, No. 12, pp.4216–4222 (2005). *

Kawai R., Kimoto M., Ikeda S., Mitsui T., Endo M., Yokoyama S., and Hirao I. : "Site-specific fluorescent labeling of RNA molecules by specific transcription using unnatural base pairs", *J. Am. Chem. Soc.* 127, No. 49, pp.17286–17295 (2005). *

Mitsui T., Kimoto M., Harada Y., Yokoyama S., and Hirao I. : "An efficient unnatural base pair for a base-pair-expanded transcription system", *J. Am. Chem. Soc.* 127, 8652–8658 (2005). *

Tanaka Y., Nakagawa N., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Masui R. : "Novel reaction mechanism of GTP cyclohydrolase I. High-resolution X-ray crystallography of *Thermus thermophilus* HB8 enzyme complexed with a transition state analogue, the 8-oxoguanine derivative", *J. Biochem.* 138, No. 3, pp.263–275 (2005). *

Nameki N., Someya T., Okano S., Suemasa R., Hirao M., Suetsugu K., Terada T., Shirouzu M., Hirao I., Takaku H., Himeno H., Muto A., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Kawai G. : "Interaction analysis between tmRNA and SmpB from *Thermus thermophilus*", *J. Biochem.* 138, No. 6, pp.729–739 (2005). *

Watanabe K., Nureki O., Fukai S., Ishii R., Okamoto H., Yokoyama S., Endo Y., and Hori H. : "Roles of conserved amino acid sequence motifs in the SpoU (TrmH) RNA methyltransferase family", *J. Biol. Chem.* 280, No. 11, pp.10368–10377 (2005). *

Ishii R., Minagawa A., Takaku H., Takagi M., Nashimoto M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the tRNA 3' processing endoribonuclease tRNase Z from *Thermotoga maritima*", *J. Biol. Chem.* 280, No. 14, pp.14138–14144 (2005). *

Kuratani M., Ishii R., Bessho Y., Fukunaga R., Sengoku T., Shirouzu M., Sekine S., and Yokoyama S. : "Crystal structure of tRNA adenosine deaminase (TadA) from *Aquifex aeolicus*", *J. Biol. Chem.* 280, No. 16, pp.16002–16008 (2005). *

Kinebuchi T., Kagawa W., Kurumizaka H., and Yokoyama S. : "Role of the N-terminal domain of the human DMC1 protein in octamer formation and DNA binding", *J. Biol. Chem.* 280, No. 31, pp.28382–28387 (2005). *

Tanaka Y., Tachiwana H., Yoda K., Matsumoto H., Okazaki T., Kurumizaka H., and Yokoyama S. : "Human centromere protein B induces translational positioning of nucleosomes on α -satellite sequences", *J. Biol. Chem.* 280, No. 50, pp.41609–41618 (2005). *

Fukunaga R. and Yokoyama S. : "Structural basis for non-cognate amino acid discrimination by the valyl-tRNA synthetase editing domain", *J. Biol. Chem.* 280, 29937–29945 (2005). *

Ohashi W., Inouye S., Yamazaki T., Katayama Y., Yokoyama S., and Hirota H. : "Backbone ^1H , ^{13}C and ^{15}N resonance assignments for the Mg^{2+} -bound form of the Ca^{2+} -binding photoprotein aequorin", *J. Biomol. NMR* 31, No. 4, pp.375–376 (2005). *

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. : "Solution structure of the Src homology 2 domain from the human feline sarcoma oncogene Fes", J. Biomol. NMR 31, 357--361 (2005). *
- Li H., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Nunokawa E., Motoda Y., Kobayashi A., Terada T., Shirouzu M., Koshiba S., Lin Y., Guentert P., Suzuki H., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S. : "Solution structure of the mouse enhancer of rudimentary protein reveals a novel fold", J. Biomol. NMR 32, No. 4, pp.329--334 (2005). *
- Horiuchi T., Takahashi M., Kikuchi J., Yokoyama S., and Maeda H. : "Effect of dielectric properties of solvents on the quality factor for a beyond 900 MHz cryogenic probe model", J. Magn. Reson. 174, No. 1, pp.34--42 (2005). *
- Yamasaki K., Kigawa T., Inoue M., Yamasaki T., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Tomo Y., Terada T., Shirouzu M., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., and Yokoyama S. : "Solution structure of the major DNA-binding domain of *Arabidopsis thaliana* ehtylene-insensitive3-like3", J. Mol. Biol. 348, 253--264 (2005). *
- Kato-Murayama M., Bessho Y., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the RNA 2'-phosphotransferase from *Aeropyrum pernix* K1", J. Mol. Biol. 348, 295--305 (2005). *
- Kamatari Y., Yokoyama S., Tachibana H., and Akasaka K. : "Pressure-jump NMR study of dissociation and association of amyloid protofibrils", J. Mol. Biol. 349, 916--921 (2005). *
- Kunishima N., Asada Y., Sugahara M., Ishijima J., Nodake Y., Sugahara M., Miyano M., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Sugahara M. : "A novel induced-fit reaction mechanism of asymmetric hot dog thioesterase paal", J. Mol. Biol. 352, 212--228 (2005). *
- Lokanath N. K., Ohshima N., Takio K., Shiromizu I., Kuroishi C., Okazaki N., Kuramitsu S., Yokoyama S., Miyano M., and Kunishima N. : "Crystal structure of novel NADP-dependent 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase from *Thermus thermophilus* HB8", J. Mol. Biol. 352, 905--917 (2005). *
- Mizohata E., Sakai H., Fusatomi E., Terada T., Murayama K., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of an Archaeal peroxiredoxin from the aerobic hyperthermophilic crenarchaeon *Aeropyrum pernix* K1", J. Mol. Biol. 354, No. 2, pp.317--329 (2005). *
- Kurimoto K., Muto Y., Obayashi N., Terada T., Shirouzu M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Kigawa T., Okumura H., Tanaka A., Shibata N., Kashikawa M., Agata K., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the N-terminal RecA-like domain of a DEAD-box RNA helicase, the *Dugesia japonica* vasa-like gene B protein", J. Struct. Biol. 150, 58--68 (2005). *
- Sharma M. R., Barat C., Wilson D. N., Booth T. M., Kawazoe M., Hori C., Shirouzu M., Yokoyama S., Fucini P., and Agrawal R. K. : "Interaction of Era with the 30S ribosomal subunit: Implications for 30S subunit assembly", Mol. Cell 18, 319--329 (2005). *
- Fukunaga R. and Yokoyama S. : "Aminoacylation complex structures of leucyl-tRNA synthetase and tRNA^{Leu} reveal two modes of discriminator-base recognition", Nat. Struct. Mol. Biol. 12, 915--922 (2005). *
- Moriyama K., Kimoto M., Mitsui T., Yokoyama S., and Hirao I. : "Site-specific biotinylation of RNA molecules by transcription using unnatural base pairs", Nucleic Acids Research Online Issues (web) (<http://nar.oxfordjournals.org/>) 33, No. 15, pp.e129-1--e129-8 (2005). *
- Hirao I., Mitsui T., Kimoto M., Kawai R., Sato A., and Yokoyama S. : "Non-hydrogen-bonded base pairs for specific transcription", Nucleic Acids Symp. Ser. 49, No. 1, pp.33--34 (2005). *
- Mitsui T., Kimoto M., Yokoyama S., and Hirao I. : "Fluorescent properties of an unnatural nucleobase, 2-amino-6-(2-thienyl)purine, in DNA and RNA fragments", Nucleic Acids Symp. Ser. 49, No. 1, pp.285--286 (2005). *
- Kimoto M., Kawai R., Mitsui T., Harada Y., Sato A., Yokoyama S., and Hirao I. : "Site-specific incorporation of fluorescent probes into RNA by specific transcription using unnatural base pairs", Nucleic Acids Symp. Ser. 49, 287--288 (2005). *
- Yamasaki K., Kigawa T., Inoue M., Tatenno M., Yamasaki T., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Tomo Y., Hayami N., Terada T., Shirouzu M., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., and Yokoyama S. : "Solution structure of an *Arabidopsis* WRKY DNA binding domain", Plant Cell 17, No. 3, pp.944--956 (2005). *
- Ishihara G., Goto M., Saeki M., Ito K., Hori T., Kigawa T., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Expression of G protein coupled receptors in a cell-free translational system using detergents and thioredoxin-fusion vectors", Protein Expr. Purif. 41, 27--37 (2005). *
- Hattori M., Mizohata E., Manzoku M., Bessho Y., Murayama K., Terada T., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the hypothetical protein TTHA1013 from *Thermus thermophilus* HB8", Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics 61, 1117--1120 (2005). *
- Handa N., Terada T., Doi-Katayama Y., Hirota H., Tame J. R., Park S., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of a novel polyisoprenoid-binding protein from *Thermus thermophilus* HB8", Protein Sci. 14, 1004--1010 (2005). *
- Arai R., Niino M., Tochio H., Morita S., Kamo T., Akasaka R., Eto Y., Hayashizaki Y., Kigawa T., Terada T., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of an enhancer of rudimentary homologue (ERH) at 2.1 Å resolution", Protein Sci. 14, 1888--1893 (2005). *
- 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", Proteomics 5, 1472--1480 (2005). *
- Inagaki E., Sakamoto K., Obayashi N., Terada T., Shirouzu M., Bessho Y., Kuroishi C., Kuramitsu S., Shinkai A., and Yokoyama S. : "Expression, purification, crystallization and preliminary X-ray diffraction analysis of Galactokinase from *Pyrococcus horikoshii*", Acta Cryst. F 62, 169--171 (2006). *
- Komiya K., Sakamoto K., Kameda A., Yamamoto M., Ohuchi A., Kiga D., Yokoyama S., and Hagiya M. : "DNA polymerase programmed with a hairpin DNA incorporates a multiple-instruction architecture into molecular computing", Biosystems 83, 18--25 (2006). *
- Kodama K., Fukuzawa S., Nakayama H., Kigawa T., Sakamoto K., Yabuki T., Matsuda N., Shirouzu M., Takio K., Tachibana K., and Yokoyama S. : "Regioselective carbon-carbon bond formation in proteins with palladium catalysis; New protein chemistry by organometallic chemistry", ChemBioChem: A European Journal of Chemical Biology 7, No. 1, pp.134--139 (2006). *
- Shigi N., Suzuki T., Terada T., Shirouzu M., Yokoyama S., and Watanabe K. : "Temperature-dependent biosynthesis of 2-thioribothymidine of *Thermus thermophilus* tRNA", J. Biol. Chem. 281, No. 4, pp.2104--2113 (2006). *
- Enomoto R., Kinebuchi T., Sato M., Yagi H., Kurumizaka H., and Yokoyama S. : "Stimulation of DNA strand exchange by the human TBPIP/Hop2-Mnd1 complex", J. Biol. Chem. 281, No. 9, pp.5575--5581 (2006). *
- Tokmakov A. A., Matsumoto E., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Coupled cytoplasmic transcription-and-translation - a method of choice for heterologous gene expression in *Xenopus* oocytes", J. Biotechnol. 122, No. 1, pp.5--15 (2006). *
- Kuratani M., Sakai H., Takahashi M., Yanagisawa T., Kobayashi T., Murayama K., Chen L., Liu Z., Wang B., Kuroishi C., Kuramitsu S., Terada T., Bessho Y., Shirouzu M., Sekine S.,

- and Yokoyama S. : "Crystal structures of tyrosyl-tRNA synthetases from *Archaea*", J. Mol. Biol. 355, 395–408 (2006). *
- Arai R., Niino M., Kuroishi C., Bessho Y., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the probable haloacid dehalogenase PH0459 from *Pyrococcus horikoshii* OT3", Protein Sci. 15, No. 2, pp.373–377 (2006). *
- 樋野 展正, 坂本 健作, 横山 茂之 : "人工的なアミノ酸をタンパク質に導入することによる動物細胞内での光クロスリンク法", 実験医学 23, No. 13, pp.2047–2051 (2005). *
- 横山 茂之 : "理化学研究所におけるプロジェクトの現状と今後の展望", 蛋白質 核酸 酵素 50, No. 7, pp.836–845 (2005). *
- (総説)
- Suetsugu K., Sekine S., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of elongation factor P from *Thermus thermophilus* HB8", SPring-8 Res. Frontiers 2004, 20–21 (2005).
- 坂本 健作, 横山 茂之 : "生きた細胞で超タンパク質をつくる : 非天然アミノ酸をタンパク質に導入する方法", 化学 60, No. 4, pp.70–71 (2005).

口 頭 発 表 Oral Presentations

(国際会議等)

- Yokoyama S. : "RIKEN Structural Genomics/Proteomics Initiative", 10th International Human Genome Meeting (HGM2005), Kyoto, Apr. (2005).
- Takahashi M., Yoshimoto F., Horiuchi T., Inoue K., Miki T., Hamada M., Okamura T., Yokoyama S., and Maeda H. : "Development of a 4 kelvin cryogenic probe for 500 MHz solution NMR", 46th Experimental Nuclear Magnetic Resonance Conference (46th ENC), Providence, USA, Apr. (2005).
- Yokoyama S. : "Structural proteomics of transcription, translation, and signal transduction", 2nd Bilateral Japan-UK Symposium on Structural Genomics and Proteomics, Yokohama, May (2005).
- Tokmakov A. A., Terazawa Y., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Proteomic identification and molecular cloning of oocyte-specific pyruvate dehydrogenase kinase from *Xenopus* oocytes", 30th FEBS Congress and 9th IUBMB Conference, Budapest, Hungary, July (2005).
- Yokoyama S. : "Structural proteomics of transcription and translation proteins", 30th FEBS Congress and 9th IUBMB Conference, Budapest, Hungary, July (2005).
- Kanagawa M., Ebihara A., Nakagawa N., Kawai G., Yokoyama S., and Kuramitsu S. : "Crystal Structure of a Conserved Hypothetical Protein TT1657 from *Thermus thermophilus* HB8", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).
- Lokanath N. K., Ohshima N., Takio K., Shiromizu I., Kuroishi C., Okazaki N., Kuramitsu S., Yokoyama S., Miyano M., and Kunishima N. : "Crystal structure of the NADP-dependent 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).
- Ebihara A., Nakagawa N., Kanagawa M., Sato S., Agari Y., Maoka N., Iino H., Kashiwara A., Kuroishi C., Masui R., Shirouzu M., Terada T., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S. : "Progress in the Whole Cell Project of a Model Organism, *Thermus thermophilus* HB8", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).
- Kuramitsu S., Ebihara A., Kanagawa M., Nakagawa N., Masui R., Murayama K., Terada T., Shirouzu M., Miki K., and Yokoyama S. : "Whole-Cell Project of *Thermus thermophilus* HB8 toward Atomic-Resolution Biology", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).
- Kamata Y., Yokoyama S., Tachibana H., and Akasaka K. : "Controlling dissociation and association of amyloid protofibrils using high pressure", 25th Anniversary International CBI Conference (CBI2005), Yokohama, Aug. (2005).
- Nakamura Y., Umehara T., Shirouzu M., Morita S., Tochio H., Hamana H., Terada T., Tanaka A., Horikoshi M., Padmanabhan B., and Yokoyama S. : "Structural basis for acetylated histone H4 recognition by the N-terminal bromodomain of human Brd2", 2005 Cold Spring Harbor Laboratory Meeting on Mechanisms of Eukaryotic Transcription, Cold Spring Harbor, USA, Aug.–Sept. (2005).
- Yoshimoto F., Takahashi M., Horiuchi T., Inoue K., Miki T., Hamada M., Okamura T., Yokoyama S., and Maeda H. : "4 Kelvin cryogenic probe for 500 MHz NMR", 2005 Cryogenic Engineering Conference and International Cryogenic Materials Conference (CEC-ICMC 2005), Keystone, USA, Aug.–Sept. (2005).
- Kitahara R., Yokoyama S., Sakata E., Kasuya T., Yamaguchi Y., Kato K., Tanaka K., and Akasaka K. : "Detecting conformational fluctuations of ubiquitin and NEDD8 by the variable pressure NMR", Joint 15th IUPAB and 5th EBSA International Biophysics Congress, Montpellier, France, Aug.–Sept. (2005).
- Mitsui T., Kimoto M., Yokoyama S., and Hirao I. : "Fluorescent properties of unnatural nucleobase, 2-amino-6-(2-thienyl)purine, in DNA and RNA fragments", 4th International Symposium on Nucleic Acids Chemistry (SNAC2005), Fukuoka, Sept. (2005).
- Hirao I., Mitsui T., Kimoto M., Kawai R., Sato A., and Yokoyama S. : "Non-hydrogen-bonded base pairs for specific transcription", 4th International Symposium on Nucleic Acids Chemistry (SNAC2005), Fukuoka, Sept. (2005).
- Kimoto M., Kawai R., Mitsui T., Harada Y., Sato A., Yokoyama S., and Hirao I. : "Site-specific incorporation of fluorescent probes into RNA by specific transcription using unnatural base pairs", 4th International Symposium on Nucleic Acids Chemistry (SNAC2005), Fukuoka, Sept. (2005).
- Mikami S., Kobayashi T., Yokoyama S., and Imataka H. : "A human cell-based *in vitro* translation system that efficiently produces glycoproteins", EMBO Conference on Protein Synthesis and Translational Control, Heidelberg, Germany, Sept. (2005).
- Takemoto C., Wang H., Murayama K., Ushikoshi R., Sekine S., Terada T., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of elongation factor G-2 from *T. thermophilus* HB8", EMBO Conference on Protein Synthesis and Translational Control, Heidelberg, Germany, Sept. (2005).
- Kawazoe M., Hori C., Kaminishi T., Sekine S., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of GMPNP-bound Era from *Thermus thermophilus* HB8", EMBO Conference on Protein Synthesis and Translational Control, Heidelberg, Germany, Sept. (2005).
- Kaminishi T., Sakai H., Takemoto C., Nomura M., Terada T., Nakagawa N., Maoka N., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structures of PrmA suggest a role for its most conserved region in methylating ribosomal protein L11", EMBO Conference on Protein Synthesis and Translational Control, Heidelberg, Germany, Sept. (2005).
- Masutani M., Sonenberg N., Yokoyama S., and Imataka H. : "Reconstitution of human eukaryotic translation initiation factor (eIF) 3", EMBO Conference on Protein Synthesis and Translational Control, Heidelberg, Germany, Sept. (2005).
- Kuramitsu S., Ebihara A., Nakagawa N., Fukui K., Kondou N., Masui R., Miki K., and Yokoyama S. : "Structural and functional whole-cell project for an extremely thermophilic model organism, *Thermus thermophilus* HB8", Thermophiles 2005, (Griffith University), Gold Coast, Australia, Sept. (2005).

- Kitahara R., Yokoyama S., Sakata E., Kasuya T., Yamaguchi Y., Kato K., Tanaka K., and Akasaka K. : "Studying conformational fluctuations of ubiquitin-like proteins by the variable pressure NMR: Ubiquitin and NEDD8", Trends in High Pressure Protein Sciences (THPPS 2005) , Montpellier , France , Sept. (2005).
- Kuramitsu S., Ebihara A., Kanagawa M., Kuroishi C., Nakagawa N., Masui R., Terada T., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "A Structural and Functional Whole-Cell Project for the Model Organism, *Thermus thermophilus* HB8", 1st Annual UK-Southeast USA Symposium on Structural Genomics and Proteomics of Membrane and Metalloproteins , (The University of Georgia), Athens , USA , Oct. (2005).
- Zhang H., Hayashi F., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Matsuda T., Seki E., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A., Sugano S., and Yokoyama S. : "Human structure proteomics: Solution structure of the RGS domain of regulator of G-protein signaling 5 (RGS 5)", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Kobayashi N., Koshiba S., Guentert P., Sugano S., 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", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Li H., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Nunokawa E., Motoda Y., Kobayashi A., Terada T., Shirouzu M., Koshiba S., Lin Y., Guntert P., Suzuki H., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S. : "Mouse structure proteomics: Solution structure of the mouse enhancer of rudimentary protein reveals a novel fold", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Kamatari Y., Yokoyama S., Tachibana H., and Akasaka K. : "Pressure-jump NMR study of dissociation and association of amyloid protofibrils", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Nagashima T., Hayashi F., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Matsuda T., Seki E., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A., Hayashizaki Y., and Yokoyama S. : "Solution structure of nuclear move domain of nuclear distribution gene C homolog", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Qin X., Hayashi F., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A., and Yokoyama S. : "Solution structure of the LIM domain of human CLP-36 protein", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Tochio N., Koshiba S., Inoue M., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S. : "Solution structure of the mouse TRP14 protein homologous to the human TRP14 protein", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Inoue K., Nagashima T., Hayashi F., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Matsuda T., Seki E., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A., Ohara O., and Yokoyama S. : "Solution structure of the two CUT domain of SATB2", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Katayama Y., Hayashi F., Inoue M., Kigawa T., Yokoyama S., and Hirota H. : "Solution structure of two human Myb-like DNA-binding domain repeats", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Itou Y., Hamada T., Abe T., Hayashi F., Guentert P., Inoue M., Kigawa T., Terada T., Shirouzu M., Yoshida M., Tanaka A., Sugano S., Yokoyama S., and Hirota H. : "Structural and functional analyses of the antifreeze-like domain of human sialic acid synthase", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Hatta R., Hayashi F., Nagashima K., Kurosaki C., Qin X., Yoshida M., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Matsuda T., Seki E., Hirota H., Tanaka A., Ohara O., and Yokoyama S. : "Structural and functional analysis of immunoglobulin like domains", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Endo H., Hayashi F., Yoshida M., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Matsuda T., Seki E., Hirota H., Tanaka A., Hayashizaki Y., and Yokoyama S. : "Structural and functional analysis of MSP domains", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Yokoyama S. : "Structural proteomics of thermophiles and higher eukaryotes", 5th ``TICPS" International Conference of Protein Science (2005) , Beijing , China , Nov. (2005).
- Kuramitsu S., Ebihara A., Nakagawa N., Masui R., and Yokoyama S. : "Structural genomics of a model organism, *Thermus thermophilus* HB8, revealed new hypothetical proteins bound with coenzyme or biofactor", International Interdisciplinary Conference on Vitamins, Coenzymes, and Biofactors 2005 , (The Vitamin Society of Japan and The Carbonyl Study Group of Japan), Awaji , Nov. (2005).
- Sato T., Matsuo Y., and Yokoyama S. : "Development of a method for predicting biological functions of compounds using support vector machine", 16th International Conference on Genome Informatics (GIW 2005) , Yokohama , Dec. (2005).
- Fukunaga R. and Yokoyama S. : "Aminoacylation complex structure of the archaeal leucyl-tRNA synthetase-tRNA^{Leu} complex", 21st tRNA Workshop , Bangalore , India , Dec. (2005).
- Saito K., Kiso Y., Yokoyama S., and Hirota H. : "Screening of peptides binding to target proteins with capillary electrophoresis-mass spectrometry (CE-MS)", International Chemical Congress of Pacific Basin Societies (PACIFICHEM 2005) , Honolulu , USA , Dec. (2005).
- Kodama K., Fukuzawa S., Nakayama H., Kigawa T., Sakamoto K., Yabuki T., Matsuda N., Shirouzu M., Takio K., Yokoyama S., and Tachibana K. : "Site-specific functionalization of proteins with palladium-catalyst", International Chemical Congress of Pacific Basin Societies (PACIFICHEM 2005) , Honolulu , USA , Dec. (2005).
- Hirao I. and Yokoyama S. : "Site-specific incorporation of functional components into RNA by T7 transcription using unnatural base pairs", International Chemical Congress of Pacific Basin Societies (PACIFICHEM 2005) , Honolulu , USA , Dec. (2005).
- Katayama Y., Hayashi F., Kubo S., Yoshitani N., Sato K., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Yoshida M., Shirouzu M., Terada T., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., Osanai T., Tanaka A., Yokoyama S., and Hirota H. : "Solution structure and functional analysis of a general transcription factor 2I domain in mouse TFII-I protein", International Chemical Congress of Pacific Basin Societies (PACIFICHEM 2005) , Honolulu , USA , Dec. (2005).
- Yokoyama S. : "Cell free protein expression in structural proteomics", Keystone Symposia on Structural Genomics , Keystone , USA , Jan. (2006).
- Nakamura Y., Nakano K., Umehara T., Adachi E., Hayashizaki Y., Padmanabhan B., and Yokoyama S. : "Structural basis of oncoprotein gankyrin in complex with S6 ATPase", Keystone Symposia on Structural Genomics , Keystone , USA , Jan. (2006).
- Simorellis A. K., Kitahara R., Yokoyama S., Flynn P., Akasaka K., and Koide S. : "Variable pressure NMR study on multiple

conformational states of outer surface protein A from *Borrelia burgdorferi*", Biophysical Society 50th Annual Meeting, Salt Lake City, USA, Feb. (2006).

(国内会議)

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 *Thermus thermophilus* HB8 の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7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 (2005).

浅沼 三和子, 濱田 季之, 植木 龍也, 横山 茂之, 道端 斉, 廣田 洋: "ESI-MSを用いた Vanabin2 の S-S 結合様式の同定", 第53回質量分析総合討論会, (日本質量分析学会), さいたま, 5月 (2005).

福沢 世傑, 柴崎 巖, 原田 綾子, 廣田 洋, 横山 茂之, 伏谷 伸宏, 橋 和夫: "細胞毒性アルカロイド、リテラジンB の作用機序に関する研究", 第8回マリンバイオテクノロジー学会大会(マリンバイオ熊本2005), 熊本, 5月 (2005).

横山 茂之: "「タンパク質の網羅的構造・機能解析」: 理研プロテオミクス研究推進本部 (RSGI) の活動", 東京大学ファーマコビジネス・イノベーション教室 (PBI) 特別セミナー, 東京, 5月 (2005).

横山 茂之: "タンパク質の網羅的構造・機能解析: 理研プロテオミクス研究推進本部 (RSGI) の活動", 東京大学医科学研究所学友会セミナー, 東京, 5月 (2005).

新井 亮一, 新野 睦子, 枅尾 広子, 森田 鋭, 加茂 友美, 赤坂 領吾, 衛藤 夕夏, 林崎 良英, 木川 隆則, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 横山 茂之: "Enhancer of rudimentary homologue (ERH) の X 線結晶構造解析", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6月 (2005).

黒谷 篤之, 外山 光俊, 新屋 直子, 上野 美恵子, 藤倉 由紀子, 矢吹 孝, 白水 美香子, 木川 隆則, 横山 茂之: "タンパク質構造解析における構造ドメイン予測の高効率化の検討", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6月 (2005).

大西 哲, 富澤 忠, 小柴 生造, 井上 真, 木川 隆則, 横山 茂之: "構造ゲノム科学で見つかった第二のクラスの異型ホメオドメイン", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6月 (2005).

村山 和隆, 川添 将仁, 白水 美香子, 横山 茂之: "大腸菌由来リボヌクレアーゼインヒビター Barstar の結晶構造解析", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6月 (2005).

斉藤 講平, 小柴 生造, 枅尾 尚哉, 井上 真, 白水 美香子, 小原 収, 長瀬 隆弘, 林崎 良英, 田仲 昭子, 木川 隆則, 横山 茂之: "哺乳類 CAP-Gly ドメインの網羅的立体構造決定の試み", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6月 (2005).

横山 茂之: 第36回今堀フォーラム, 東京, 6月 (2005).

澤野 雅英, 黒石 千寿, 横山 茂之, 油谷 克英: "DSCを用いた封入体蛋白質の実態の解明とfold型として可溶化する手法の確立", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6-7月 (2005).

鎌足 雄司, 横山 茂之, 橘 秀樹, 赤坂 一之: "アミロイドβ プロトフィラメントの解離・会合を圧力により制御する: 高圧NMRを用いた研究", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6-7月 (2005).

海老原 章郎, 中川 紀子, 金川 真由美, 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: "高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 をモデル生物とした「丸ごと一匹プロジェクト」の進捗状況", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6-7月 (2005).

高阪 諒子, 武田 理絵, 森 幸恵, 石井 亮平, 横山 茂之, 今

野 美智子: "高度好熱菌由来メチオニルtRNA合成酵素のメチオニンの親和性に対するTyr225の効果", 第5回日本蛋白質科学会年会, (日本蛋白質科学会), 福岡, 6-7月 (2005).

横山 茂之: "RIKEN Structural Genomics/Proteomics Initiative (RSGI)", 日本ヒトプロテオーム機構第3回大会, 横浜, 8月 (2005).

柳沢 達男, 石井 亮平, 福永 流也, 小林 隆嗣, 横山 茂之: "21番目のアミノアシル-tRNA 合成酵素: ピロリジル-tRNA 合成酵素と非天然型アミノ酸複合体の結晶構造解析", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

上西 達也, 酒井 宏明, 堀 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: "PrmA の結晶構造から示唆されるリボソームタンパク質L11のメチル化反応における協調的かつ合理的な進行性", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

脇山 素明, 海津 陽子, 横山 茂之: "RNAiを誘導できる無細胞タンパク質合成系", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

後藤 桜子, 伊藤 拓宏, 石井 亮平, 福永 流也, 関根 俊一, 白水 美香子, Se W., 横山 茂之: "tRNA^{Met}G37メチル基転移酵素の結晶化", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

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7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

舩谷 真美子, Sonenberg N., 横山 茂之, 今高 寛晃: "ヒト翻訳開始因子eIF3の再構成", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

小林 隆嗣, 柳沢 達男, 樋野 展正, 松元 明子, 坂本 健作, 横山 茂之: "ピロリジルtRNA合成酵素・tRNA^{Pyl} ペアを用いた動物細胞における遺伝暗号の拡張", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

福永 流也, 横山 茂之: "ロイシル tRNA 合成酵素の構造・機能解析", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

柴田 理恵, 別所 義隆, 新海 暁男, 西本 まどか, 房富 絵美子, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 横山 茂之: "古細菌型転写終結因子 NusA の構造・機能解析", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

別所 義隆, 柴田 理恵, 村山 和隆, 関根 俊一, 東島 今日子, 堀 千重, 白水 美香子, 倉光 成紀, 横山 茂之: "好熱菌 tmRNA-tRNA ドメインの結晶構造解析", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

嶋 直樹, 坂口 裕理子, 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 に耐熱性を付与する修飾塩基 s²T の生合成機構", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

佐々木 浩, 服部 素之, 仙石 徹, 宇都宮 幸子, 黒石 千寿, 福永 流也, 柳沢 達男, 白水 美香子, 関根 俊一, 横山 茂之: "超好熱古細菌 *Pyrococcus horikoshii* 由来フェニルアラニルtRNA合成酵素βサブユニットのX線結晶構造解析", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

坂本 健作, 林 明子, 樋野 展正, 伊良波 史枝, 小林 隆嗣, 横山 茂之: "動物細胞におけるサブプレッサー tRNA の誘導的発現と非天然型アミノ酸のタンパク質への人為的な導入", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

澤野 雅英, 竹平 美千代, 黒石 千寿, 横山 茂之, 油谷 克

- 英: "DSCを用いた封入体蛋白質のfolding状態の解析: intact folding蛋白質の存在とその精製", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 村山 和隆, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 横山 茂之: "Crystal structure of TTHA1479 from *Thermus thermophilus* HB8", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 中川 紀子, 柏原 愛子, 中井 恵美, 吉良 聡, 井手 香, 長嶋 剛史, 小西 史一, 畠山 眞里子, 小長谷 明彦, 横山 茂之, 倉光 成紀: "*Thermus thermophilus* HB8 の遺伝子破壊株作製, および, トランスクリプトーム解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 伊藤 寛啓, 柏原 愛子, 吉良 聡, 中川 紀子, 倉光 成紀, 三瓶 巖一, 河合 剛太: "DNAマイクロアレイによる遺伝子間領域の発現解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 大賀 拓史, 大橋 由明, 中川 紀子, 増井 良治, 曾我 朋義, 富田 勝, 横山 茂之, 倉光 成紀: "高度好熱菌のメタボローム解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 岸下 誠一郎, 村山 和隆, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 倉光 成紀, 横山 茂之: "Crystal structures of the conserved hypothetical proteins, TTHA0068 and TTHA0132, from *Thermus thermophilus* HB8", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 海老原 章郎, 横山 茂之, 倉光 成紀: "X線結晶回折データの収集および解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 村山 和隆, 中川 紀子, 村山 美幸, 海老原 章郎, 倉光 成紀, 白水 美香子, 横山 茂之: "*Thermus thermophilus* HB8 および *Aeropyrum pernix* K1由来アミノアシルtRNA編集酵素の高分解能構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 黒石 千寿, 横山 茂之, 倉光 成紀: "*Thermus thermophilus* HB8のタンパク質調製", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 上利 佳弘, 横山 茂之, 倉光 成紀: "*Thermus thermophilus* HB8の実験情報のデータベースシステム", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 新海 暁男, 柏原 愛子, 吉良 聡, 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の生化学的性質", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 仲野 徳, 桑井 麻希, 稲垣 栄二, 田中 智之, 新海 ふじ江, 倉光 成紀, 瀧尾 擴士, 新海 暁男, 横山 茂之: "*Thermus thermophilus* HB8由来TT0972タンパク質の構造", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 岡崎 伸生, 仲野 徳, 桑井 麻希, 佐藤 伸哉, 満足 美穂, 倉光 成紀, 白水 美香子, 新海 暁男, 横山 茂之: "*Thermus thermophilus* HB8由来機能未知タンパク質TT1045, および TT1515のX線結晶構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 満足 美穂, 横山 茂之, 倉光 成紀: "タンパク質精製の実例 (1)", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 宇都宮 幸子, 横山 茂之, 倉光 成紀: "タンパク質精製の実例 (2)", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 吉良 聡, 横山 茂之, 倉光 成紀: "タンパク質発現における5'翻訳領域の配列最適化", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 寺田 貴帆, 白水 美香子, 堀 千重, 村山 和隆, 関根 俊一, 別所 義隆, 新井 亮一, 半田 徳子, 新野 睦子, 岸下 誠一郎, 外山 光俊, 保坂 俊彰, 王 宏飛, 上西 達也, 末次 京子, 溝端 栄一, Ihsanawati, 謝 勇, 董 雪松, 石井 健, 桂 一茂, 赤坂 領吾, 青木 真理: "構造解析を旨とした高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8由来転写・翻訳系および機能未知タンパク質の大量調製システム", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 北村 吉章, 横山 茂之, 倉光 成紀: "構造機能解析: TTHA0048 conserved hypothetical protein, TTHA1587 D-Ala:D-Ala ligase", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 海老原 章郎, 横山 茂之, 倉光 成紀: "構造機能解析: TTHA0122 Mn-catalase, TTHA1714 probable heme peroxidase, TTHA0704 conserved hypothetical protein (SNZ family), TTHA0593 conserved hypothetical protein, TTHA1747 thioredoxin, TTHA0338 conserved hypothetical protein", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 飯野 均, 横山 茂之, 倉光 成紀: "構造機能解析: TTHA0895 conserved hypothetical protein, TTHA1053 conserved hypothetical protein, TTHA0978 conserved hypothetical protein", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 佐藤 伸哉, 横山 茂之, 倉光 成紀: "構造機能解析: TTHA1091 conserved hypothetical protein", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 上利 佳弘, 横山 茂之, 倉光 成紀: "構造機能解析: TTHA1359 transcriptional regulator FNR/CRP family", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 矢内 久陽, 横山 茂之, 倉光 成紀: "構造機能解析: TTHA1516 PurS", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 金川 真由美, 横山 茂之, 倉光 成紀: "構造機能解析: TTHA1913 conserved hypothetical protein, TTHA0625 conserved hypothetical protein", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 保坂 俊彰, 村山 和隆, 村山 美幸, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 倉光 成紀, 横山 茂之: "高度好熱菌由来 TTHA1846-coenzymeA-Znの結晶構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).
- 新井 亮一, 西野 綾, 新野 睦子, 房富 絵美子, 長野 佳子, 加茂 友美, 河川 真一, 赤坂 領吾, 吉川 征子, 西本 まどか, 外山 光俊, 村山 和隆, 寺田 貴帆, 倉光 成紀, 白水 美香子, 横山 茂之: "高度好熱菌由来機能未知タンパク質TTHA0516(TT1772)とTTHA1568(TT1639L)のX線結晶構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

伊東 夏織, 新井 亮一, 房富 絵美子, 加茂 友美, 河口 真一, 赤坂 領吾, 寺田 貴帆, 倉光 成紀, 白水 美香子, 横山 茂之: "高度好熱菌由来機能未知タンパク質 TTHA0727(TT1628)のX線結晶構造解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

横山 茂之: "転写翻訳系", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

横山 茂之: "構造プロテオミクスの現状と将来への展望", 第4回ナノサイエンス・サマー道場「ナノバイオサイエンスの基礎と応用」, 長野, 8月 (2005).

横山 茂之: "立体構造に基づく生命システムの理解をめざして", ゲノムフォーラム2005「生命科学について語ろう」: 若手研究者からみたゲノム研究, 東京, 9月 (2005).

横山 茂之: "タンパク質研究の将来と高性能コンピューティング", 計算科学技術シンポジウム「次世代スーパーコンピュータとシミュレーションの革新」, 東京, 9月 (2005).

森久保 典子, 坂本 健作, 福田 頼之, 大竹 和正, 新屋 直子, 浅沼 三和子, 廣田 洋, 横山 茂之, 星野 力: "非天然型及び天然型アミノ酸部位特異的導入実験に基づくスクアレン環化機構の考察: カチオン/ π 相互作用とアミノ酸側鎖のバルクサイズ的重要性", 第47回天然有機化合物討論会, 徳島, 10月 (2005).

王 宏飛, 堀 千重, 村山 和隆, 中山 亮子, 関根 俊一, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 横山 茂之: "Crystal Structure of *Thermus thermophilus* elongation factor EF-G-2 in the GTP form", 第78回日本生化学会大会, 神戸, 10月 (2005).

赤坂 一之, 鎌足 雄司, 横山 茂之, 橋 秀樹: "Pressure-jump NMR study of dissociation and association of amyloid protofibrils", 第78回日本生化学会大会, 神戸, 10月 (2005).

海老原 章郎, 中川 紀子, 金川 真由美, 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: "高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8をモデル生物とした「丸ごと一匹プロジェクト」の進捗状況", 第78回日本生化学会大会, 神戸, 10月 (2005).

横山 茂之: "Protein Structural Genomics/Proteomics Research", 第78回日本生化学会大会, 神戸, 10月 (2005).

末武 徹也, 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: "タイトジャンクション結合タンパク質TJP2のN末端PDZドメインの溶液構造解析", 第43回日本生物物理学会年会, 札幌, 11月 (2005).

大西 哲, 栃尾 尚哉, 佐藤 真奈美, 小柴 生造, 行木 信一, 井上 真, 木川 隆則, 横山 茂之: "Solution structure of the SH3 domain of the human SRC-like adpater protein (SLAP) reveals a novel molecular recognition mechanism", 第43回日本生物物理学会年会, 札幌, 11月 (2005).

栃尾 尚哉, 笹川 彩, 小柴 生造, 井上 真, 木川 隆則, 横山 茂之: "Solution structures of six fibronectin type III domains of human", 第43回日本生物物理学会年会, 札幌, 11月 (2005).

前野 寛大, 鎌足 雄司, 横山 茂之, 赤坂 一之: "高圧 ^1H -NMRと高圧蛍光測定法を用いて観測した鶏リゾチームの構造ゆらぎ", 第43回日本生物物理学会年会, 札幌, 11月 (2005).

由本 富巳, 岡村 哲至, 高橋 雅人, 保母 史郎, 井上 浩司, 三木 孝史, 濱田 衛, 横山 茂之, 前田 秀明: "500MHz NMRにおける4K極低温プローブの開発", 2005年度秋季低温工学・超電導学会, 新潟, 11月 (2005).

福崎 智数, 横山 茂之, 前田 秀明, 松本 真治, 二森 茂樹, 木吉 司: "高磁場NMRに用いるNb₃Al超伝導線材の超伝導接続方法", 2005年度秋季低温工学・超電導学会, 新潟, 11月 (2005).

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6回極限環境微生物学会年会, 東京, 11月 (2005).

Tokmakov A. A., 寺澤 ゆみこ, 白水 美香子, 横山 茂之: "Differential expression of multiple *Xenopus* PDK family genes during oogenesis, maturation, fertilization, and early embryogenesis", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

李 華, 井上 真, 矢吹 孝, 青木 雅昭, 関 英子, 松田 貴意, 布川 絵未, 元田 容子, 小林 敦夫, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 小柴 生造, 林 意然, Guentert P., 鈴木 治和, 林崎 良英, 木川 隆則, 横山 茂之: "Solution Structure of the Mouse Enhancer of Rudimentary Protein Reveals a Novel Fold", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

佐藤 敦子, 武藤 裕, 桑迫 香奈子, 白水 美香子, 寺田 貴帆, 木川 隆則, 井上 真, 永田 崇, 鈴木 咲良, 染谷 龍彦, 津田 健吾, 高橋 征三, 菅野 純夫, 横山 茂之: "Solution structure of the RNA recognition motif(RRM) of human SF3b49/SAP49", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

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28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

柴田 理恵, 別所 義隆, 西本 まどか, 房富 絵美子, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 横山 茂之: "Aquifex tRNA (mnm⁵s²U34) 修飾酵素MnmC2のX線結晶構造解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

染谷 龍彦, 武藤 裕, 井上 真, 木川 隆則, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 菅野 純夫, 横山 茂之: "Arginine/serine-rich splicing factor 10のRRM領域の構造解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

嶋田 睦, 丹羽 英明, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 田仲 昭子, 長瀬 隆弘, 小原 收, 横山 茂之: "BAF複合体サブユニットhBAF250bのAT-rich interaction domain (ARID) の結晶構造解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

志田 明里, 高木 哲雄, 白水 美香子, 横山 茂之: "BAGドメインのアポトーシス抑制能の構造生物学的手法による解明", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

葛西 卓磨, 木川 隆則, 森 浩禎, 林崎 良英, 横山 茂之: "BoIAタンパク質の立体構造と機能の解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

仙石 徹, 横山 茂之: "DEAD-box RNA helicaseの反応機構", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

伊藤 寛啓, 柏原 愛子, 吉良 聡, 中川 紀子, 倉光 成紀, 三瓶 徹一, 河合 剛太: "DNA マイクロアレイによる高度好熱菌ゲノムの遺伝子間領域の発現解析", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

胡桃坂 仁志, 藤川 乃り映, 香川 亘, 朴 三用, 尾崎 省吾, 片山 勉, 横山 茂之: "DnaAタンパク質の立体構造と複製開始のメカニズム", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

松本 知子, 海津 陽子, 脇山 素明, 横山 茂之: "*Drosophila* S2細胞におけるlet-7 microRNAによる翻訳抑制", 第28回日本分子生物学会年会, 福岡, 12月 (2005).

海津 陽子, 脇山 素明, 横山 茂之: "HEK293細胞由来の無細胞タンパク質合成系の開発", 第28回日本分子生物学会

- 年会，福岡，12月 (2005).
- 倉谷 光央，石井 亮平，別所 義隆，福永 流也，仙石 徹，白水 美香子，関根 俊一，横山 茂之: "tRNA アデノシンデアミナーゼ (TadA) のX線結晶構造解析"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 川添 将仁，堀 千重，上西 達也，末次 京子，白水 美香子，横山 茂之: "*Aeropyrum pernix* K1のBrixドメインタンパク質の構造解析"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 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"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 黒谷 篤之，外山 光俊，新屋 直子，上野 美恵子，藤倉 由紀子，矢吹 孝，白水 美香子，木川 隆則，横山 茂之: "タンパク質構造解析における構造ドメイン予測の高効率化の検討"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 斉藤 講平，井上 真，小柴 生造，長瀬 隆弘，小原 収，木川 隆則，横山 茂之: "ヒトIQGAP1のC末端ドメインについてのNMR解析"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 香川 亜子，香川 亘，柴田 武彦，胡桃坂 仁志，横山 茂之: "ヒトRad52タンパク質のhomologous pairingのメカニズム"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 皿井 直敬，香川 亘，田中 耕三，宮川 清，胡桃坂 仁志，横山 茂之: "ヒトRad54Bタンパク質の機能解析"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 榎本 りま，杵淵 隆，佐藤 真，八木 秀司，胡桃坂 仁志，横山 茂之: "ヒトTBPIP/Hop2-Mnd1複合体によるDNA鎖交換反応の活性化"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 鈴木 咲良，武藤 裕，栃尾 尚哉，井上 真，木川 隆則，寺田 貴帆，白水 美香子，菅野 純夫，横山 茂之: "ヒトミトコンドリアリボソームL17の溶液構造"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 津田 健吾，武藤 裕，白水 美香子，寺田 貴帆，井上 真，木川 隆則，菅野 純夫，横山 茂之: "ヒト由来CUG-BP1におけるRBD3のNMR法による立体構造解析"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 笹沼 麻貴，胡桃坂 仁志，横山 茂之: "ヒト由来ヒストンH2AXを用いたヌクレオソームの再構成"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 三上 暁，小林 富成，横山 茂之，今高 寛晃: "ヒト由来細胞を用いた無細胞タンパク質合成による糖タンパク質合成の効率化"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 杵淵 隆，長島 真樹，香川 亘，榎本 りま，滝沢 由政，横山 茂之，高田 穰，胡桃坂 仁志: "第28回日本分子生物学会年会"，福岡，12月 (2005).
- 中村 祥浩，中野 和民，Padmanabhan B.，横山 茂之: "マウスガンキリンとS6ATPase(26Sプロテアソーム・サブユニット)複合体のX線結晶構造解析: pRbとの相互作用の生物学的重要性"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 伊良波 史枝，坂本 健作，横山 茂之: "遺伝暗号拡張のための大腸菌内在性チロシルtRNA合成酵素の置換"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 西本 まどか，別所 義隆，村山 美幸，中山 亮子，寺田 貴帆，白水 美香子，横山 茂之: "古細菌におけるtRNAスプライシングの基質認識機構"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 董 雪松，別所 義隆，柴田 理恵，白水 美香子，倉光 成紀，横山 茂之: "高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8由来のPseudouridine synthase I (TruA) のX線結晶構造解析"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 舩谷 真美子，森野 重信，久武 幸司，Sonenberg N.，横山 茂之，今高 寛晃: "真核細胞翻訳開始因子eIF3の再構成"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 坂本 健作，松元 明子，横山 茂之: "動物細胞におけるサブレッサーtRNAの誘導発現系"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 樋野 展正，小林 隆嗣，松元 明子，坂本 健作，横山 茂之: "動物細胞内での非天然型アミノ酸のタンパク質への部位特異的導入と細胞内タンパク質間相互作用解析への応用"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 平松 久和，大野 敏，横川 隆志，伊良波 史枝，坂本 健作，横山 茂之，細谷 孝充，平松 俊行，鈴木 正昭，田中 信忠，中村 和郎，芳本 忠，西川 一八: "部位特異的プロモチロシン導入7- α HSDHの大腸菌生細胞内での発現と立体構造解析"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 小林 富成，三上 暁，横山 茂之，今高 寛晃: "無細胞タンパク質合成系を用いたウイルスの生合成"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 坂本 健作，Chumpolkulwong N.，松元 明子，伊良波 史枝，新屋 直子，松田 夏子，木賀 大介，漆畑 晶子，白水 美香子，木川 隆則，横山 茂之: "無細胞翻訳系におけるレア・コドンの翻訳効率の解析"，第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- Ihsanawati.，村山 和隆，白水 美香子，倉光 成紀，横山 茂之: "Crystal Structure of a Hypothetical Protein TT1823"，理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会，播磨，12月 (2005).
- 岡崎 伸生，菅原 光明，仲村 勇樹，田中 智之，桑井 麻希，宮野 雅司，横山 茂之: 第6回計測自動制御学会システムインテグレーション部門講演会(SI2005)，熊本県西合志町，12月 (2005).
- Malay A. A.，梅原 崇史，田仲 昭子，堀越 正美，Padmanabhan B.，横山 茂之: "The structure of Asf1 protein from *S. pombe* in complex with a histone H3 C-terminal peptide"，日本結晶学会2005年度年会および総会，姫路，12月 (2005).
- 村山 和隆，村山 美幸，中川 紀子，海老原 章郎，倉光 成紀，白水 美香子，横山 茂之: "Trans-editing enzyme ProXにおけるアミノ酸認識機構の解明"，日本結晶学会2005年度年会および総会，姫路，12月 (2005).
- 岡崎 伸生，仲野 徳，桑井 麻希，佐藤 伸哉，満足 美穂，倉光 成紀，白水 美香子，新海 暁男，横山 茂之: "*Thermus thermophilus* HB8由来機能未知タンパク質TT1045、およびTT1515のX線結晶構造解析"，日本結晶学会2005年度年会および総会，姫路，12月 (2005).
- 保坂 俊彰，村山 和隆，村山 美幸，寺田 貴帆，白水 美香子，倉光 成紀，横山 茂之: "高度好熱菌 (*Thermus thermophilus*)由来TTHA1846-coenzyme A-Znの結晶構造解析"，日本結晶学会2005年度年会および総会，姫路，12月 (2005).
- 北原 亮，畠 和澄，横山 茂之，赤坂 一之，Cheng J.: "Energy Landscape of SH3 Domain Revealed by Variable Pressure NMR"，第3回「水と生体分子」公開ワークショップ，(文科省科研費特定領域研究)，岡崎，1月 (2006).
- 鎌足 雄司，赤坂 一之，横山 茂之，橋 秀樹: "Pressure-jump NMR study of dissociation and association of amyloid protofibrils"，第3回「水と生体分子」公開ワークショップ，(文科省科研費特定領域研究)，岡崎，1月 (2006).
- 山本 雅貴，新海 暁男，国島 直樹: "X線関連技術"，文部科

学省タンパク3000プロジェクト 第3回産学連携フォーラム，東京，2月 (2006).

横山 茂之: "タンパク3000プロジェクト網羅的解析プログラムの成果", 文部科学省タンパク3000プロジェクト 第3回産学連携フォーラム，東京，2月 (2006).

青木 雅昭, 今高 寛晃, 白水 美香子: "タンパク質試料調製技術", 文部科学省タンパク3000プロジェクト 第3回産学連携フォーラム，東京，2月 (2006).