

タンパク質構造・機能研究グループ

Protein Research Group

プロジェクトディレクター 横山 茂之

YOKOYAMA, Shigeyuki

当研究グループは、タンパク質の構造と機能の体系的な理解を進めている。タンパク質の立体構造を構成する基本構造（ドメイン）のファミリー数は約1~2万種類と推定されている。当研究グループは、体系的な立体構造および機能解析のためのタンパク質試料を cDNA クローンから調製する有力な方法として、無細胞タンパク質合成法の活用を進め、タンパク質を全長またはドメインごとに高効率に発現する理論的・実験的手法を開発した。NMR 構造解析法と X 線結晶構造解析法を用いてこれらの構造を解析し、ドメイン構造に関する知見を集積するとともに、分子機能解析（タンパク質間相互作用、リガンド結合性、複製・転写・翻訳の制御、細胞間・細胞内シグナル伝達など）の基本的解析を進める体制を確立した。また、構造解析法の改良や相互作用分子の検索法等の検討を進めている。

1. 基本構造予測研究

(1) タンパク質ユニバーサルのクラスティングと解析対象タンパク質の選択（濱田（白水）、田中、奥村、小笠、川尻^{*1}、森^{*1}、倉光^{*2}、横山；松尾、長内、谷（情報伝達モデル化研究チーム））

膨大な数の既知タンパク質の中から、網羅的な構造・機能解析の対象タンパク質（ターゲット）として優先すべきものを、網羅的発現パネルの情報（参照 タンパク質発現・解析高度化施設）とバイオインフォマティクスの手法により選択し、同時にこの情報をもとにして、利用できる遺伝子資源の収集・用意等を進めた。

2001 年 12 月末時点での、マウス・ヒト・線虫・シロイヌナズナ・高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来の 197,304 ターゲット候補配列を用いた。同一残基率 30%以上を基準に、single-linkage clustering 法を用いてクラスターに分類した。その際、アミノ酸配列の全長（「一次クラスティング」）および局所的ドメイン（「二次クラスティング」）類似性に従った 2 種のクラスター分類を行った。その結果、一次クラスティングにより 62,711 クラスターが生成され、このうち 1 配列しか含まないクラスター（シングルトン）が 29,767 あった。二次クラスティングの際には、まずドメインをホモロジーに基づく方法で予測した。予測されたドメインの数は全 585,938 個であり、これらから 141,664 クラスターが生成された。そのうち 64,150 がシングルトンであり、10 個以上の配列を含む信頼性の高いクラスターは 7,041 個であった。

次に、各クラスター内のターゲット候補タンパク質に対して、ホモロジー検索・二次構造予測・膜貫通領域予測・コイルドコイル領域予測・機能推定・ホモログの由来生物種の系統パターンの推定等の様々な情報解析を行った。その結果に基づき、後生動物に特異的に分布するもの、シグナル伝達系、DNA/RNA 結合（遺伝子の複製・転写・翻訳・修復等）、疾患関連、リボソーム・ミトコンドリアに局在するものの優先度を高めるように構造決定ターゲットの優先順位付けを行った。今後、発現パネルの結果を用いて、更に解析優先クローンを選択する。

(2) ドメイン領域の理論的予測技術（黒田、赤沼、田中（剛）、近山、山本、黒谷、本藤、宮崎^{*1}、Elmi^{*1}、横山）

タンパク質のドメインに相当する配列領域を理論的に予測する方法として、配列ホモロジーに基づく方法とニューラルネットワークによる方法を開発してきた。今回はドメインリンカー配列の統計処理を行い、統計処理による新たな情報を利用することにより、ドメイン分解の効率が上がると示唆された。一方、実際のプロテオーム（cDNA およびアミノ酸配列母集団）でタンパク質のドメイン領域を予測するには上記の方法のみでは効率が悪いので、我々は独自に開発したドメイン予測法と、タンパク質の特徴を予測する既知の方法を容易に統合するシステムを開発している。

上記の理論的なドメイン予測技術を用いて、7 個の高度好熱菌由来のタンパク質の推定ドメインを発現・精製し、HSQC を測定した。その結果、2 個の断片においては予測どおり構造ドメインであることが分かった。ほかにも部分的に構造を持つものが 3 個あった。

(3) ドメイン領域の実験的予測法（木川、沈、関、横山）

理論的なドメイン領域の予測とは別に、実験的にドメイン領域を同定する手法も必要である。本年度、我々は、限定分解法を検討した。PCR 増幅した DNA 断片を鋳型とする無細胞タンパク質合成、アフィニティー精製、プロテアーゼによる限定分解を、すべて 96 穴プレート上で行い、質量分析法を用いて断片の配列を解析する系を開発した。これにより、多数のタンパク質のドメイン領域を、迅速に同定することが可能となった。この系を利用して、マウス cDNA ライブラリーの産物タンパク質約 100 種類について、ドメイン領域を同定した。

(4) 立体構造の予測（中村^{*2}、曾田^{*3}）

タンパク質立体構造の予測能を上げるために、探索空間の最小化を目的として、疎水核の解析と予測法の開発を進めてきた。SCOP Fold の全ファミリー代表タンパク質約 1,300 種について、疎水核候補残基の一次構造上の分布、残基空間配置、原子充填密度、module 境界との相関などの構造特性を明らかにした。疎水核候補残基のトポロジーが分子鎖のその簡約表現になることを見だし、疎水核が折

り畳み過程でも重要であり、立体構造予測の有力な要素となり得ることを確かめた。更に疎水核候補残基の序列化を試みている。

タンパク質分子表面形状と物性のデータベース eF-site を利用した、分子機能類似性の検索と複合体形成における分子表面の相補性を調べ、構造プロテオミクスによって解析されるタンパク質立体構造から機能の推定を行う方法論の開発を行った。また、普段は特別な立体構造をとらず、相手の分子と複合体を形成するときのみ特異的な立体構造を持つ Natively Unfolded Proteins の解析のために、そのような性質を持つシグナル・ペプチド断片に対するシミュレーション計算を開始した。

(5) 実験室情報管理システムの開発 (田中、後藤 (暎)、新保、大塚、小川、横山; 松尾、長内 (情報伝達モデル化研究チーム))

タンパク質の網羅的構造・機能解析において得られる、多種多様大量のデータを効果的に組織化し、利用するためのデータベースシステム (実験室情報管理システム; LIMS) を、昨年度に引き続き開発した。

本システムは、ターゲットの構造・機能解析に至る過程の様々な段階 (プライマー作成・発現パネル・ベクター化・タンパク質大量合成・精製・NMR 測定あるいは結晶化・X線結晶解析・分子機能解析等) で生じるデータを格納する。実装には、RDBMS・WWW・サーバーサイドスクリプト技術を使用している。本年度は、昨年度完成したターゲット選択支援サブシステムをグループ内で運用すると同時に、構造決定進捗状況把握 (“target tracking”) のためのサブシステムを完成させ、グループ内での運用を開始した。

2. 基本構造機能研究

(1) 構造解析対象タンパク質の機能解析 (濱田 (白水)、太田、堀 (竹本)、新井、高木、Tokmakov、松本、坂本、寺澤、安島、藤 (泰) ^{*1}、倉光 ^{*2}、城所 ^{*3}、別所 ^{*4}、Chumpolkulwong ^{*4}、野村 (守) ^{*4}、進藤 ^{*4}、王 ^{*4}、川添 ^{*4}、五味 ^{*5}、横山)

当研究グループ内で構造解析が行われているタンパク質試料について、その機能推定のために、GATEWAY system を用いて、何種類もの培養細胞発現ベクターにつなぎかえ、増殖や形態に与える影響や局在についての解析をハイスループットに行うべく様々な系を検討した。また、精製したタンパク質の一部を利用して、アフィニティークラムを作製し、そこに組織抽出液 (または培養細胞の抽出液) を混ぜ、目的のタンパク質に結合する因子を分離し、ペプチドマスマフィンガープリンティング法により同定を行っている。

高度好熱菌 *Thermus thermophilus* の機能未知遺伝子の機能解明を目的として、我々が作製した耐熱性カナマイシン耐性遺伝子 (特許出願済) を利用し、遺伝子破壊株を作製する方法を確立した。今回、DNA 修復系関連遺伝子 *uvrA*、*uvrB*、*uvrC*、*uvrD*、*tref* などを遺伝子破壊の対象例としたところ、いずれの遺伝子破壊株についても致死とはならなかったが、*uvrD* 欠損株以外は、顕著な紫外線感受性を示した。

植物タンパク質の機能解析としては、生理学的観点より植物特有の環境ストレス (含; 耐病性等) に応答する転写因子活性を検討することに着手した。

さらに、酵素活性を精密熱測定法により特別なプローブを使わずに測定できる新しい手法を開発した。タンパク質分解酵素については、合成基質を用いて分光学的手法を比較することにより、分光学的なプローブを用いずに、従来法と同等以上の感度を持つことが示された。分光学的手法が適用不可能な酵素の逆反応についても解析可能であることが分かった。また、蛍光異方性を用いて、より汎用的で nM 程度の基質濃度で酵素反応を連続的に精密測定できる新しい手法を開発し、タンパク質分解酵素の基質特異性に関して新たな知見を得た。

(2) タンパク質相互作用分子解析手法の開発 (廣田、濱田、片山、齋藤 (一)、浅沼、阿部、福沢 ^{*3}、佐々木 ^{*1}、柞木 ^{*1}、横山)

多検体のタンパク質について、分子間相互作用する相手 (リガンド) であるタンパク質・核酸・低分子等の広範な種類の化合物をスクリーニングする手法の開発が必要である。第一の解析手法として、MALDI/TOF 型の質量分析計における新しいイオン化ターゲットの開発研究を行った。従来法よりもイオン化効率・選択性を向上させるために、イオン化用ターゲット上にアルキル鎖と PEG (ポリエチレングリコール) 等からなるリンカーを自己組織化膜として形成・固定化した。このリンカーの先にリガンド分子を共有結合させた。検体であるタンパク質混合物とインキュベート後に水による洗浄を行った。このターゲットを用い、MALDI/TOF 型の質量分析計で分子間相互作用しているタンパク質イオンが高選択的に検出できることを確認し、この手法の有用性・有効性を証明した。第二の解析手法として、ESI/Q-TOF 型の質量分析計における新規分子間相互作用解析法の開発を進めた。従来法のハイスループット利用上での問題点を克服し、有益な知見を得ている。また、NMR において Transferred NOE (TRNOE) 法を用いた分子間相互作用検出の有用性と限界を確認するために、ヒト Rad52 タンパク質と相互作用する一本鎖 DNA の TRNOE 測定を行い、引き伸ばされた DNA 構造が示唆された。その他、表面プラズモン共鳴等を用いた分子間相互作用解析の新手法開発を行っている。

(3) 特定リガンドと相互作用するタンパク質 (ドメイン) の探索 (廣田、濱田、伴、山崎 (瑞)、犀川、大橋、星 ^{*2}、松村 ^{*3}、西村 (慎) ^{*6}、原 ^{*1}、水谷 ^{*1}、横山 (武) ^{*1})

特定リガンドとしてタンパク質・核酸・糖鎖・低分子等の広範な種類の化合物を対象とし、標的タンパク質探索法の一般化を視野に入れて引き続き研究を行っている。強力な細胞毒性を有する海綿由来の onnamide A については、そのカルボン酸部位を修飾してアフィニーマトリックスを調製し、これと特異的に分子間相互作用するタンパク質をウシ脳抽出物から数種見だし、それらの精製を行っている。また、同様な海綿由来の化合物を RI 標識化合物に変換し、この化合物と分子間相互作用するタンパク質の単離を試みている。マボヤ幼生の変態誘起に関わるフェロモン様物質とその受容体特定を目指した実験を開始した。さらに、糖鎖構造と受容体との相互作用、および糖タンパク質の構造・機能解析の体系化に関する研究も開始している。

3. 基本構造解析研究

(1) NMR 構造解析法による基本構造解析 (木川、廣田、

武藤, 黒田, 畠中, 林, 好田, 井上 (真), 小柴, 小林 (直), 齊藤 (講), 李, Goroncy, 濱田, 片山, 井上 (匡), 安田 (野口), 柁尾, 福島, 鈴木, 阿部, 大橋, 八森, 八田, 榎木 (細井) ^{*3}, 山崎 (和) ^{*3}, 河合 ^{*3}, 加藤 (晃) ^{*3}, 横山)

ヒト, マウス, アラビドプシスの cDNA クローン由来のタンパク質ないしはタンパク質ドメインの, NMR 法を用いた構造解析に関しては, 安定同位体標識試料の調製が完了したものうち 24 試料について, NMR 測定, データ解析, 構造決定作業を順次進捗した。また, タンパク質発現・解析高度化施設より供給される測定用タンパク質をハイスループットに構造解析するための NMR 施設の調整を完了した。

すでに, いくつかの試料に関しては立体構造決定が完了しており, ヒト cDNA 由来の DnaJ ドメイン, マウス cDNA 由来の cullin-3 homologue に関しては, 公共データベース (PDB) への登録も完了した。DFF45 の C 末端領域 (DFF-C ドメイン) の発現系を構築し, その構造を NMR で解析した。また, 高等植物 *Arabidopsis thaliana* 由来の植物特異的に存在する転写因子の DNA 結合ドメインの立体構造解析プロジェクトを開始した。

高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8, 超好熱性古細菌 *Pyrococcus horikoshii* 由来タンパク質 6 種について NMR 測定に着手した。分子量約 20 kDa の好熱性細菌 *Thermus thermophilus* 由来転写伸長因子 NusG タンパク質を N-末端側ドメインと C-末端側ドメインに分けて, それぞれ NMR により構造を決めた。

種々の免疫系糖タンパク質に安定同位体標識を施し, 異種核多次元 NMR 測定を行うことにより糖鎖の高次構造とダイナミクスに関する情報を得ることができた。特に高磁場 NMR 装置を利用することにより, 低溶解度の試料を対象にした場合でも良好な S/N のスペクトルを短時間に測定することが可能となり, 構造解析が著しく進展した。

(2) X 線結晶構造解析法による基本構造解析 (濱田 (白水), 胡桃坂, 酒井, 和田, 岸下, 新野 (柊元), 田村 (半田), 山口 (寛), 高木, 村山, Addy, 小木曾, 瀬戸, 加藤 (美), 俵元, 梶田 (中田), 榎本, 香川 (奥村), 藤川 (真田), Vassilyeva, 仲野, 井高, 杵渕 ^{*5}, 北畠 ^{*5}, 堀 (哲) ^{*5}, 香川 ^{*6}, 田中 (祥) ^{*6}, 深井 ^{*1}, 中間 ^{*1}, 横山 (浩) ^{*1}, Tame ^{*7}, 朴 ^{*7}, 雲財 ^{*3}, 濡木 ^{*3}, 横山)

高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8, 超好熱性古細菌 *Pyrococcus horikoshii* 由来の DNA クローンを中心に, タンパク質の発現, 精製, 結晶化を行い, 生物学的な視点を重視しながら, X 線結晶構造解析を進めた。高度好熱菌の 2'-5' RNA ligase の結晶構造を 2.5 Å の分解能で決定したところ, この立体構造は, シロイヌナズナの cyclic phosphodiesterase のものとよく似ていた。この酵素は, tRNA スプライシング反応時に産生される ADP-ribose 1'', 2''-cyclic phosphate を加水分解するものである。この酵素と今回立体構造を決めた 2'-5' RNA ligase とは, 一次配列上は全体的には相同性がなく, HX(T/S)X というモチーフのみが保存されている。このモチーフは, 立体構造上, 両タンパク質間でよく似た空間的位置に存在していることから, 共通した反応機構を持つ可能性が示唆された。現在, 阻害剤との複合体の構造解析など, さらに詳細な解析を進めている。高度好熱菌 putative aspartate aminotransferase (tPAAT) の結晶

構造を決定した。アスパラギン酸のアミノ基転移酵素のうち IV 型に属する tPAAT の結晶構造を, MAD 法を用いて 2.2 Å 分解能で決定した。その立体構造は, IV 型に属するホスホセリンアミノ基転移酵素と最も似ていることが明らかとなった。しかし, 実際には, 一次配列から想定されていたように, この tPAAT はホスホセリンを基質とはせず, アスパラギン酸を基質とすることを生化学的な実験により確認した。高度好熱菌機能未知タンパク質 TT1466 について, 大腸菌無細胞タンパク質合成系で合成した SeMet 化タンパク質の結晶構造を MAD 法を用いて, 2.0 Å の分解能で決定した。決定された立体構造は, succinyl-CoA 合成酵素の CoA 結合ドメインの立体構造とよく似ていた。さらに, その構造をもとに, 大腸菌内で発現させた native タンパク質の結晶構造を分子置換法により 1.7 Å 分解能で決定したところ, 無細胞タンパク質合成系で合成したタンパク質と同じ構造であった。非メバロン酸経路の MECDP 合成酵素の反応メカニズムを解明するため, 高度好熱菌由来 MECDP 合成酵素の立体構造を, 1.6 Å の分解能で決定することに成功した。MECDP 合成酵素は, 3 量体を形成しており, 分子間で強い塩橋および水素結合を形成している。基質である CDP-ME2P (2-ホスホ-(シチジン 5'-ジホスホ)-2-C-メチル-D-エリトリトール) は分子の間に結合し, その周辺には 2 つの Mg(II) イオンが結合して, 活性の重要な役割を担っている。Mg(II) イオンと結合しているアミノ酸を置換 (Asp8→Phe, His10→Phe, His42→Phe) した人工異常 MECDP 合成酵素を作製し, 酵素活性を測定した結果, 活性は減少した。

超好熱古細菌由来のクラス I 型リジル tRNA 合成酵素の結晶構造を SeMet 置換体を用いた MAD 法により 2.6 Å 分解能で決定し, オーソドックスなクラス II 型のリジル tRNA 合成酵素と比較して, 全体の構造は全く異なるにもかかわらず, 基質認識機構がよく似ていることから, 機能的収斂が起こったことを示唆した。超好熱古細菌由来のアーケオシングアニトランスグリコシラーゼと基質塩基の複合体の結晶構造を MAD 法により, 2.3 Å 分解能で決定し, 基質認識機構を解明した。さらに, 超好熱古細菌由来の DNA プライマーゼの結晶構造を MAD 法により 1.8 Å 分解能で決定し, DNA 複製の初期過程であるプライマーの de novo 合成機構を示唆した。

また, DNA 複製の開始を負に調節する大腸菌 SeqA の DNA 結合ドメインを同定し, SeqA の DNA 結合ドメインとヘミメチル化 DNA との複合体の結晶構造解析を行い, 3.0 Å の分解能でその立体構造を決定した。

ヒトにおける相同 DNA 組換え反応の分子機構を明らかにするために, ヒト Rad52 タンパク質の DNA 組換え活性を有するドメインの立体構造を, X 線結晶構造解析によって 2.85 Å の分解能で決定した。そして, ヒト Rad52 タンパク質が 11 量体のリング状構造を形成して, その外周に DNA 結合部位を持つことを明らかにした。さらに, ヒト由来 EGF レセプターと EGF の複合体の結晶構造を MAD 法により 3.5 Å 分解能で決定し, リガンドによるレセプターの 2 量化・活性化機構を初めて示唆することに成功した。

(3) 立体構造解析法の改良 (前田, 菊地, 稲垣 ^{*2}, 横山; 伊藤, 畑中, 柴田 (遺伝生化学研))

タンパク質の NMR 解析は, NOE を中心とする短距離情

報に強く依存しており、ドメイン間の相対配置を決定する場合や、分子量が大きく重水素化したタンパク質を解析する場合を苦手とする。変性を誘起しない水溶性の液晶等でタンパク質を磁場配向させれば、分子配向に基づく遠位の構造情報を抽出できる。電荷の異なる脂質や界面活性剤を組み合わせることで種々の特性を持つ磁場配向液晶を開発し、多くのタンパク質の遠位構造情報を観測できるようになった。また、エーテル系リン脂質を用いたバイセルを作成し、pH 条件、温度条件、バッファ条件等について検討し、安定なバイセル形成条件を見いだした。今後、膜結合型タンパク質の NMR 解析に適用していく。

NMR を用いたタンパク質異種複合体の高次構造解析の際には、一方を安定同位体標識し、 $^{13}\text{C}/^{15}\text{N}$ 選択/除去フィルターを組み込んだ測定を行うことで、分子内/分子間の距離情報の選別を行うのが普通である。今回は $^{13}\text{C}/^{15}\text{N}$ 標識された 1 種類のタンパク質複合体試料を用い、「それぞれのタンパク質の単体での高次構造と結合インターフェイスの情報から効率よく分子内/分子間の距離情報の選別を行い、半自動的に高次構造解析を行うシステム」の構築を行った。テスト試料として用いた 110 残基と 84 残基の複合体試料の場合、ほとんど分子間 NOE の帰属がない状態からスタートして、主鎖 RMSD が $0.5 \text{ \AA}$ 程度まで構造を収束させることに成功した。

4. 標識技術高度化研究

(1) 高度化標識タンパク質調製技術 (甲斐荘 ^{*2}, 清水, 稲留 (桑迫))

標識技術高度化研究チームは無細胞タンパク質合成系を利用した安定同位体標識タンパク質の調製を目標に、均一に ^{13}C , ^{15}N -、あるいは均一に ^2H , ^{13}C , ^{15}N -標識したアミノ酸類を安価、かつ多量に合成する技術を開発してきた。これまでに 100 g 規模での ^{13}C -グルコースと ^{15}N -アンモニウム塩を原料として、微生物発酵法により 6 種類のアミノ酸発酵 (Ser, Thr, His, Trp, Ile, Leu) を実施した。これらの実験の結果、10–20 g 規模で精製した二重標識アミノ酸結晶が得られる予定である。 ^2H , ^{13}C , ^{15}N -標識アミノ酸類に関してはアミノ酸混合物からのカラム分離法の利用を含めて生産を検討した。

(2) RNA 結合タンパク質 (武藤, 後藤 (桜) ^{*1}, 河合 ^{*3}, 横山)

RNA 結合タンパク質は、構造解析が難しいタンパク質に属し、高度な標識技術の活用が必要である。そこで、標識技術高度化研究の題材として、RNA 結合タンパク質を取り上げる。我々は、RRM モチーフの中でも、いくつかの subgroup が存在することを明らかにしている。(ELAV-type や A1 type など) 特に、同じような RNA 配列に対して、異なった RRM モチーフを持つものが、結合する場合があり、この異なった subgroup の比較から、両者の生体内での制御過程の考察を進めた。

神経分化に関わると思われる RNA 結合タンパク質について、タンパク質ドメイン検索システムを用いて解析し、ドメイン構造の解明を始めている。また、同様に、スプライシングの中間状態と考えられる系を構築してその構造解析を開始した。

ヒト SRP RNA の helix6 に相当する RNA (HE6), 特

定のタンパク質に結合するアプタマー RNA および大腸菌 tmRNA に含まれるシュードノット RNA について、測定を行った。特に、HE6 については極めて分離の良いスペクトルが得られ、立体構造を決定することができた。また、HIV-1 ゲノム RNA の二段階二量体化開始部位の RNA についても測定を行い、解析を進めている。

^{*1} 研修生, ^{*2} 客員主管研究員, ^{*3} 共同研究員, ^{*4} 研究協力員, ^{*5} 基礎科学特別研究員, ^{*6} ジュニア・リサーチ・アソシエイト, ^{*7} 客員研究員

Research Subjects and Members of Protein Research Group

1. Protein Preparation
2. Protein Function
3. Protein Structure
4. Stable Isotopes

Head

Dr. Shigeyuki YOKOYAMA (Project Director)

Dr. Hiroshi HIROTA (Deputy Project Director)

Team Leaders

Dr. Shigeyuki YOKOYAMA (Protein Preparation Team, Protein Structure Team)

Dr. Hiroshi HIROTA (Protein Function Team)

Dr. Yutaka MUTO (Stable Isotopes Team)

Members

Dr. Yoshimi OTA

Dr. Akiko TANAKA

Dr. Eiji GOTO

Dr. Hideaki MAEDA

Ms. Mayumi YOSHIDA

Dr. Hideki HATANAKA

Dr. Fumiaki HAYASHI

Dr. Yutaka ITO

Dr. Yutaka KURODA

Dr. Hitoshi KURUMIZAKA

Dr. Hiroaki SAKAI

Dr. Masato SHIMIZU

Dr. Christine ADDY

Dr. Satoshi AKANUMA

Dr. Alexander GORONCY

Dr. Noriko HANDA-TAMURA

Dr. Toshiyuki HAMADA

Dr. Yoshinori HASEGAWA

Dr. Minoru HATANAKA

Dr. Kyoko INOUE

Dr. Makoto INOUE

Dr. Yukiko KATAYAMA

Dr. Jun KIKUCHI

Dr. Jong Myong KIM

Dr. Seiichiro KISHISHITA
Dr. Naohiro KOBAYASHI
Dr. Seizo KOSHIBA
Dr. Mutsuko KUKIMOTO-NIINO
Dr. Hua LI
Dr. Kazutaka MURAYAMA
Dr. Hiromi OKUMURA
Dr. Kohei SAITO
Dr. Itsuki SHIMBO
Dr. Tetsuo TAKAGI
Dr. Chie TAKEMOTO-HORI
Dr. Takanori TANAKA
Dr. Takashi WADA
Dr. Hiroto YAMAGUCHI
Mr. Takamasa ABE
Ms. Miwako ASANUMA
Ms. Reiko BAN
Mr. Eisuke CHIKAYAMA
Ms. Rima ENOMOTO
Mr. Kei FUKUSHIMA
Ms. Yukiko HACHIMORI
Ms. Miwako HOSHINO
Ms. Michi KASHIDA
Ms. Miyuki KATO
Ms. Kanako KUWASAKO-INADOME
Ms. Yuko MATSUBARA
Ms. Kaoru MATSUYAMA
Ms. Maki NAKADA-KAJITA
Ms. Rie NAKAJIMA
Ms. Takako NAKAJIMA
Mr. Noboru NAKANO
Ms. Tomoko NAKAYAMA
Ms. Satoko NOGUCHI-YASUDA
Ms. Chiaki OGASA
Ms. Naoko OGAWA
Mr. Hideo OGISO
Ms. Wakana OHASHI
Ms. Ranko OKAYASU
Ms. Ako OKUMURA-KAGAWA
Ms. Kumi OTSUKA
Ms. Wakana SAIKAWA
Ms. Yuki SAITO
Ms. Norie SANADA-FUJIKAWA
Ms. Azusa SETO
Ms. Yuri SHIOZAKI
Ms. Sakura SUZUKI
Ms. Maki TAWARAMOTO
Ms. Naoko TOKUWAME
Mr. Naoya TOCHIO
Ms. Marina VASSYLYEVA
Ms. Shihori YAMAMOTO
Ms. Mizue YAMAZAKI
Mr. Masato AJIMA
Ms. Reiko HATTA
Mr. Takayuki HONDOH

Ms. Miki IDAKA
Ms. Kanoko KIMURA
Mr. Atsushi KUROTANI
Mr. Yasuyoshi NAKANISHI
Mr. Chiharu SAGAE
Ms. Tomoe SHIOZAWA
Ms. Junko SUGIZAKI
Ms. Mariko TANAKA
Dr. Sumiko GOMI*
Dr. Tetsuya HORI*
Dr. Makoto KITABATAKE*
Dr. Takashi KINEBUCHI*

* Special Postdoctoral Researcher

in collaboration with

Dr. Yoshihide HAYASHIZAKI (Genome Exploration Research Group, GSC)
Dr. Kazuo SHINOZAKI (Plant Functional Genomics Research Group, GSC)
Dr. Masashi MIYANO (Highthroughput Factory)
Dr. Yo MATSUO (Bioinformatics Group, GSC)
Mr. Kazutoshi TANI (Bioinformatics Group, GSC)
Mr. Takashi OSANAI (Bioinformatics Group, GSC)
Dr. Takehiko SHIBATA (Cellular & Molecular Biology Lab.)

Visiting Members

Dr. Yoshitaka BESSYO (“Ribosome Engineering” Project, Organized Research Combination System (ORCS))
Dr. Namthip CHUMPOLKULWONG (“Ribosome Engineering” Project, Organized Research Combination System (ORCS))
Dr. Yaeta ENDO (Fac. Eng., Ehime Univ.)
Dr. Seketsu FUKUZAWA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Dr. Reiko HAYASHI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Dr. Seiji HAYASHI (Kobe Steel)
Dr. Hiroyuki HORI (Fac. Eng., Ehime Univ.)
Dr. Motonori HOSHI (Fac. Sci. Technol., Keio Univ.)
Dr. Haruko HOSOI-KAYAKI (Grad. Sch. Hum. Sci., Ochanomizu Univ.)
Dr. Fuyuhiko INAGAKI (Grad. Sch. Pharm. Sci., Hokkaido Univ.)
Mr. Wataru KAGAWA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Dr. Masatsune KAINOSHO (Fac. Eng., Tokyo Metrop. Univ.)
Dr. Masato KATAHIRA (Yokohama Natl. Univ.)
Dr. Koichi KATO (Grad. Sch. Pharm. Sci., Nagoya City Univ.)
Dr. Gota KAWAI (Chiba Inst. Technol.)
Mr. Masahito KAWAZOE (“Ribosome Engineering” Project, Organized Research Combination System (ORCS))
Dr. Akinori KIDERA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yoko-

hama City Univ.)
 Dr. Syunichi KIDOKORO (Nagaoka Univ. Technol.)
 Dr. Insil KIM (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
 Dr. Sunghoon KIM (Seoul Natl. Univ., Korea)
 Dr. Seiki KURAMITSU (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)
 Dr. Kiyotaka MATSUMURA (Himeji Metrological Co.)
 Dr. Haruki NAKAMURA (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)
 Mr. Shinichi NISHIMURA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
 Dr. Yoshifumi NISHIMURA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
 Dr. Mamoru NOMURA (“Ribosome Engineering” Project, Organized Research Combination System (ORCS))
 Dr. Osamu NUREKI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
 Dr. Osamu OHARA (Kazusa DNA Res. Inst.)
 Dr. Sam-Yong PARK (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
 Dr. Kazuki SAITO (Yokoyama CytoLogic Project, ER-ATO, JST)
 Dr. Tatsuya SAWAZAKI (Fac. Eng., Ehime Univ.)
 Dr. Heisaburo SHINDO (Sch. Pharm., Tokyo Univ. Pharm. Life Sci.)
 Dr. Kazuyasu SHINDO (“Ribosome Engineering” Project, Organized Research Combination System (ORCS))
 Dr. Kunitsugu SODA (Nagaoka Univ. Technol.)
 Dr. Mark SWINDELLS (InPharmatica, Ltd., UK)
 Dr. Jeremy R. H. TAME (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
 Dr. Kouzo TANAKA (Res. Inst. Radiat. Biol. Med., Hiroshima Univ.)
 Mr. Yoshinori TANAKA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
 Dr. Sakurako TASHIRO (Sch. Pharm., Tokyo Univ. Pharm. Life Sci.)
 Dr. Hiroyuki TOH (Biomol. Eng. Res. Inst.)
 Dr. Satoru UNZAI (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
 Dr. Hongfei WANG (“Ribosome Engineering” Project, Organized Research Combination System (ORCS))
 Dr. Kazuhiko YAMASAKI (Natl. Inst. Adv. Ind. Sci. Technol.)

Trainees

Ms. Maryam-Mirta ELMI (Inst. Biochem. Biophy., Univ. Tehran, Iran)
 Mr. Shuya FUKAI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
 Ms. Sakurako GOTO (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
 Ms. Kumiko HARA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
 Mr. Toshiharu KAWAZIRI (Tokyo Tech. Coll.)
 Mr. Satoshi MIYAZAKI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
 Mr. Kenji MIZUTANI (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)

Ms. Masumi MORI (Tokyo Tech. Coll.)
 Mr. Takashi NAKAMA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
 Mr. Hirotaka SASAKI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
 Ms. Taiko TOH (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
 Mr. Hiroshi YOKOYAMA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
 Mr. Takeshi YOKOYAMA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
 Mr. Ryutaro YUSUNOKI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)

誌 上 発 表 Publications

[雑誌]

(原著論文) *印は査読制度がある論文誌

- Hirao I., Otsuki T., Mitsui T., and Yokoyama S.: “Dual specificity of the pyrimidine analogue, 4-methylpyridin-2-one, in DNA replication”, *J. Am. Chem. Soc.* **122**, 6118–6119 (2000). *
- Hirao I., Madin K., Endo Y., Yokoyama S., and Ellington A. D.: “RNA aptamers that bind to and inhibit the ribosome-inactivating protein, pepocin”, *J. Biol. Chem.* **275**, 4943–4948 (2000). *
- Sugiura I., Nureki O., Ugaji Y., Kuwabara S., Shimada A., Tateno M., Lorber B., Giegé R., Moras D., Yokoyama S., and Konno M.: “The 2.0 Å crystal structure of *Thermus thermophilus* methionyl-tRNA synthetase reveals two RNA-binding modules”, *Structure* **8**, 197–208 (2000). *
- Ishikawa M., Hirao I., and Yokoyama S.: “Synthesis of 3-(2-deoxy-β-D-ribofuranosyl)pyridin-2-one and 2-amino-6-(N,N-dimethylamino)-9-(2-deoxy-β-D-ribofuranosyl) purine derivatives for an unnatural base pair”, *Tetrahedron Lett.* **41**, 3931–3934 (2000). *
- Shimizu H., Yamagata S., Masui R., Inoue Y., Shibata T., Yokoyama S., Kuramitsu S., and Iwama T.: “Cloning and overexpression of the *oah1* gene encoding O-acetyl-L-homoserine sulphydrylase of *Thermus thermophilus* HB8 and characterization of the gene product”, *Biochim. Biophys. Acta* **1549**, 61–72 (2001). *
- Fujiwara T., Kimoto M., Sugiyama H., Hirao I., and Yokoyama S.: “Synthesis of 6-(2-thienyl)purine nucleoside derivatives that form unnatural base pairs with pyridin-2-one nucleosides”, *Bioorg. Med. Chem. Lett.* **11**, 2221–2223 (2001). *
- Shibata Y., Carninci P., Sato K., Hayatsu N., Siraki T., Ishii Y., Arakawa T., Hara A., Osato N., Izawa M., Aizawa K., Ito M., Shibata K., Shinagawa A., Kawai J., Ota Y., Kikuchi S., Kishimoto N., Muramatsu M., and Hayashizaki Y.: “Removal of polyA tails from full-length cDNA libraries for high-efficiency sequencing”, *BioTechniques* **31**, 1042–1049 (2001). *
- Hirao I., Nojima T., Mitsui T., and Yokoyama S.: “Synthesis of DNA templates containing the fifth base, 2-amino-6-(dimethylamino)purine, for specific transcription involving unnatural base pairs”, *Chem. Lett.* **2001**,

- 914–915 (2001). *
- Matsumoto S., Yoshiga T., Yokoyama N., Iwanaga M., Koshihara S., Kigawa T., Hirota H., Yokoyama S., Okano K., Mita K., Shimada T., and Tatsuki S.: “Characterization of acyl-CoA-binding protein (ACBP) in the pheromone gland of the silkworm, *Bombyx mori*”, Insect Biochem. Mol. Biol. **31**, 603–609 (2001). *
- Ito N., Nureki O., Shirouzu M., Yokoyama S., and Hanaoka F.: “Crystallization and preliminary X-ray analysis of a DNA primase from hyperthermophilic archaeon *Pyrococcus horikoshii*”, J. Biochem. **130**, 727–730 (2001). *
- Kagawa W., Kurumizaka H., Ikawa S., Yokoyama S., and Shibata T.: “Homologous pairing promoted by the human Rad52 protein”, J. Biol. Chem. **276**, 35201–35208 (2001). *
- Hanaoka S., Nagadoi A., Yoshimura S., Aimoto S., Li B., Lange T. d., and Nishimura Y.: “NMR structure of the hRap1 Myb motif reveals a canonical three-helix bundle lacking the positive surface charge typical of Myb DNA-binding domains”, J. Mol. Biol. **312**, 167–175 (2001). *
- Kigawa T., Yamaguchi-Nunokawa E., Kodama K., Matsuda T., Yabuki T., Matsuda N., Ishitani R., Nureki O., Yokoyama S., and Yokoyama S.: “Selenomethionine incorporation into a protein by cell-free synthesis”, J. Struct. Funct. Genom. **2**, L87–L104 (2001). *
- Kurumizaka H., Ikawa S., Nakada M., Eda K., Kagawa W., Takata M., Takeda S., Yokoyama S., and Shibata T.: “Homologous-pairing activity of the human DNA-repair proteins Xrcc3-Rad51C”, Proc. Natl. Acad. Sci. USA **98**, 5538–5543 (2001). *
- Shibata T., Nishinaka T., Mikawa T., Aihara H., Kurumizaka H., Yokoyama S., and Ito Y.: “Homologous genetic recombination as an intrinsic dynamic property of a DNA structure induced by RecA/Rad51-family proteins: A possible advantage of DNA over RNA as genomic material”, Proc. Natl. Acad. Sci. USA **98**, 8425–8432 (2001). *
- Nishikawa T., Okamura H., Nagadoi A., Konig P., Rhodes D., and Nishimura Y.: “Solution structure of a telomeric DNA complex of human TRF1”, Structure **9**, 1237–1251 (2001). *
- Kimoto M., Shirouzu M., Mizutani S., Koide H., Kaziroy Y., Hirao I., and Yokoyama S.: “Anti-(Raf-1) RNA aptamers that inhibit Ras-induced Raf-1 activation”, Eur. J. Biochem. **269**, 697–704 (2002). *
- Miyazaki S., Kuroda Y., and Yokoyama S.: “Characterization and prediction of linker sequences of multi-domain proteins by a neural network”, J. Struct. Funct. Genom. **2**, 37–51 (2002). *
- Hirao I., Ohtsuki T., Fujiwara T., Mitsui T., Yokogawa T., Okuni T., Nakayama H., Takio K., Yabuki T., Kigawa T., Kodama K., Yokogawa T., Nishikawa K., and Yokoyama S.: “An unnatural base pair for incorporating amino acid analogs into proteins”, Nat. Biotechnol. **20**, 177–182 (2002). *
- Tsukamoto S., Macabalang A. D., Abe T., Hirota H., and Ohta T.: “Thelephorin A: a new radical scavenger from the mushroom *Thelephora vialis*”, Tetrahedron **58**, 1103–1105 (2002). *
- (総説)
- Stevens R. C., Yokoyama S., and Willson I. A.: “Global efforts in structural genomics”, Science **10**, 89–92 (2001).
- 濱田季之: “リボソーム—抗生物質複合体の原子レベルの構造と作用機序”, 化学と工業 **54**, 1073 (2001).
- 木川隆則: “無細胞合成系を用いたタンパク質の発現”, 構造生物 **7**, 52–58 (2001).
- 横山茂之: “構造ゲノム科学がめざすもの”, 実験医学 **19**, 930–933 (2001).
- 松尾洋, 黒田裕, 木下賢吾, 中村春木: “構造ゲノム科学のためのパイオインフォマティクス”, 実験医学 **19**, 934–940 (2001).
- 藤井充, 中山朋子: “構造ゲノム科学の国際的協調に向けた動向”, 実験医学 **19**, 941–944 (2001).
- 木川隆則, 白水美香子, 胡桃坂仁志, 倉光成紀, 横山茂之: “構造ゲノム科学研究の流れと成果: RIKEN Structural Genomics Initiative (RSGI)”, 実験医学 **19**, 945–949 (2001).
- 廣田洋, 伊藤隆司: “構造ゲノム科学関連分野: プロテオミクス”, 実験医学 **19**, 958–962 (2001).
- 遠藤誠, 横山茂之: “GTP 結合モチーフ”, 生体の科学 **52**, 402–403 (2001).
- 畠中秀樹: “巨大転写工場・2本鎖 RNA ウィルスの立体構造”, 蛋白質 核酸 酵素 **46**, 1577–1585 (2001).
- 畠中秀樹, 森山賢治: “アクチン線維を切断するコフィリンファミリーとゲルゾリンファミリー”, 蛋白質 核酸 酵素 **46**, 1943–1949 (2001).
- 黒田裕, 近山英輔, 横山茂之: “構造解析のターゲット選択: 迅速な構造決定が可能な蛋白質ドメインの同定システム”, 蛋白質 核酸 酵素 **46**, 2066–2072 (2001).
- 中山朋子, 横山茂之: “構造ゲノム科学”, 蛋白質 核酸 酵素 **46**, 2608–2612 (2001).
- (その他)
- 廣田洋: “NMR が拓くプロテオミクスの世界—廣田洋先生に聞く”, 化学 **56**, No. 9, pp. 12–17 (2001).
- [単行本・Proc.]
- (原著論文) *印は査読制度がある論文誌
- Tsukamoto S., Kato H., Hirota H., and Fusetani N.: “Lumichrome is a putative intrinsic substance inducing larval metamorphosis in the ascidian *halocynthia roretzi*”, The Biology of Ascidians, edited by Sawada H., Yokosawa H., and Lambert C. C., Springer-Verlag, Tokyo, pp. 335–340 (2001). *
- (総説)
- 木川隆則, 横山茂之: “タンパク質の高次構造決定 (NMR法)”, 大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 196–202 (2001).
- (その他)
- 横山茂之: “ポスト・ゲノム時代の構造生物学をめざす独自の発想と研究の視点”, 研究力, 東京図書, 東京, pp. 288–318

(2001).

口 頭 発 表 Oral Presentations

(国際会議等)

Yokoyama S.: “What are the biggest technical challenges?: Cell-free expression systems”, 2nd Int. Structural Genomics Meet., Warrenton, USA, Apr. (2001).

Okumura H., Tanaka A., Kodama Y., Ishidate F., Sugawara K., and Hanaoka F.: “Observed lower mobility of the GFP-XPC fusion protein in living cell nucleus”, 5th Int. Carl Zeiss Workshop on Fluorescence Correlation Spectroscopy and Related Methods, Jena, Germany, Apr. (2001).

Theologis A., Banh J., Bowser L., Carninci P., Chen H., Cheuk R., Chung M. K., Goldsmith A. D., Hayashizaki Y., Ishida J., Jones T., Kamiya A., Karlin-Neumann G., Kawai J., Kim C., Lam B., Lee J. M., Lim J., Liu S. X., Miranda M., Narusaka M., Nguyen M., Palm C. J., Pham P. K., Quach H. L., Sakano H., Sakurai T., Sato M., Seki M., Shinn P., Southwick A. M., Toriumi M., Yamada K., Yu G., Shinozaki K., Davis R. W., and Ecker J. R.: “Mapping the transcriptional units of the Arabidopsis genome and construction of the ORFOME”, 2001 Cold Spring Harbor Meet. on Genome Sequencing & Biology, Cold Spring Harbor, USA, May (2001).

Yokoyama S.: “RIKEN structural genomics initiative”, 7th Symp. on Recent Advances in Biophysics, (Taiwan Academy of Biophysics), Taipei, Taiwan, May (2001).

Yokoyama S.: “RIKEN structural genomics initiative”, Int. Conf. on Fundamental Sciences: Biological and Chemical Sciences, (National University of Singapore and others), Singapore, Singapore, May (2001).

Fukai S., Sekine S., Nureki O., Shimada A., Terada T., Shirouzu M., Vassilyev D., and Yokoyama S.: “Structural basis for the amino acid and tRNA recognition by class-I aminoacyl-tRNA synthetases”, 66th Cold Spring Harbor Symp. on Quantitative Biology: The Ribosome, New York, USA, May–June (2001).

Hirota H., Fukuzawa S., Hamada T., Ban R., Kunishima T., and Kawabata C.: “Research on mode of action of marine natural products I: Chemical modification of bioactive compounds from marine sponges”, 10th Int. Symp. on Marine Natural Products, Nago, June (2001).

Hamada T., Fukuzawa S., Asanuma M., Yamazaki M., Ban R., Yokoyama S., and Hirota H.: “Research on mode of action of marine natural products II: Molecular interaction analysis of bioactive compounds”, 10th Int. Symp. on Marine Natural Products, Nago, June (2001).

Kurumizaka H., Kagawa W., Ikawa S., Shibata T., and Yokoyama S.: “Activities of the human DNA repair proteins, Xrcc3 and Rad51C”, FASEB Summer Research Conf. on Genetic Recombination and Chromosome Rearrangements, Snowmass, USA, July (2001).

Kagawa W., Kurumizaka H., Ikawa S., Shibata T., and

Yokoyama S.: “DNA recombination activities promoted by the conserved N-terminal domain of the human Rad52 protein”, FASEB Summer Research Conf. on Genetic Recombination and Chromosome Rearrangements, Snowmass, USA, July (2001).

Kigawa T., Yabuki T., Terada T., Shirouzu M., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: “Structure and function analyses of proteins using the cell-free synthesis”, 15th Symp. of the Protein Soc., Philadelphia, USA, July–Aug. (2001).

Yokoyama S.: “Cell-free protein synthesis and its application for structural biology and unnatural genetic code”, Protein Synthesis Int. Conf. on in Honor of Alexander Spirin, Moscow, Russia, Aug.–Sept. (2001).

Yokoyama S.: “NMR spectrometers”, OECD Global Science Forum Workshop on Large Facilities for Studying the Structure and Dynamics of Matter, Copenhagen, Denmark, Sept. (2001).

Nomura M., Hori C., Kawazoe M., Kaminishi T., Uchiumi T., Shibata T., Inoue Y., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “An overproduction in *E.coli* and the complex formation *in vitro* of ribosomal proteins L10 and L7/L12 of extreme thermophile, *Thermus thermophilus* HB8”, 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).

Shirouzu M., Terazawa Y., Enomoto R., Kurumizaka H., Inoue Y., Shibata T., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Comprehensive analysis of the interactions among *Thermus thermophilus* HB8 proteins”, 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).

Wang H., Yamaguchi H., Hori C., Kaminishi T., Terazawa Y., Enomoto R., Shirouzu M., Terada T., Kurumizaka H., Inoue Y., Shibata T., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Crystallization and X-ray diffraction determination of the structure of *Thermus thermophilus* nitrogen regulatory protein P-II”, 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).

Kigawa T., Matsuda T., Nunokawa E., Yabuki T., Matsuda N., and Yokoyama S.: “Development and application of the protein production system using the cell-free synthesis”, 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).

Yabuki T., Motoda Y., Matsuda N., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: “High-throughput and high-yield production of protein fragments using PCR and cell-free synthesis”, 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).

Terada T., Shirouzu M., Kigawa T., Inoue M., Goto M., Ishizuka Y., Kubota K., Ushikoshi R., Tatsuguchi A., Kamewari Y., Hamana H., Hayami N., Kuramitsu S., Shibata T., Inoue Y., and Yokoyama S.: “Large-scale preparation system of ribosome-binding proteins for structural analysis of *Thermus thermophilus* HB8 ribosome-protein complexes”, 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).

- Hori C., Nakayama H., Kaminishi T., Shirouzu M., Shibata T., Inoue Y., Kuramitsu S., Hirota H., Takio K., and Yokoyama S.: "Proteomic analysis of the ribosomal and its associated proteins of *Thermus thermophilus* HB8", 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).
- Kawazoe M., Hori C., Nomura M., Kaminishi T., Terada T., Shibata T., Inoue Y., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: "Screening of the ribosome-factor protein complex for X-Ray structure analysis", 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).
- Kaminishi T., Hori C., Wang H., Kato M., Nureki O., Terada T., Shirouzu M., Sekine S., Vassilyev D., Shibata T., Inoue Y., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: "X-ray crystallographic study of *Thermus thermophilus* HB8 70S ribosome and its complex with protein Y", 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).
- Vassilyev D., Sekine S., Lee J., Borukhov S., and Yokoyama S.: "X-ray crystallography of *Thermus thermophilus* holo RNA polymerase", 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).
- Yokoyama S.: "Structural genomics and proteomics", 3rd Korea-Japan Science and Technology Forum, (Ministry of Science and Technology, Korea and others), Seoul, Korea, Oct.-Nov. (2001).
- Hirota H.: "The NMR facility of RIKEN Genomic Sciences Center (GSC) and its use in RIKEN Structural Genomics/Proteomics Initiative (RSGI)", 5th European NMR Large Scale Facilities User Meet. 2001, Frankfurt, Germany, Nov. (2001).
- Yokoyama S.: "Structural genomics and proteomics", Osaka COE Int. Symp., (Institute for Protein Research, Osaka University), Osaka, Nov. (2001).
- Shibata T., Ling F., Kurumizaka H., Kagawa W., Yokoyama S., and Ikawa S.: "Functions of an ATP-independent homologous pairing protein", 3rd Symp. on DNA Replication, Recombination and Repair, (The Genetics Society of Japan), Miki, Nov. (2001).
- Kurumizaka H., Kagawa W., Ikawa S., Kajita M., Enomoto R., Kinebuchi T., Shibata T., and Yokoyama S.: "Homologous-pairing and ring-structure formation activities of the human Rad52 and Rad51 paralog proteins", 3rd Symp. on DNA Replication, Recombination and Repair, (The Genetics Society Japan), Miki, Nov. (2001).
- Okumura H., Murakami N., Tanaka A., Sugawara K., and Hanaoka F.: "Localization and mobility of GFP-XPC fusion protein in living cell nucleus", 3rd Symp. on DNA Replication, Recombination and Repair, (The Genetics Society of Japan), Miki, Nov. (2001).
- Kitabatake M., Ali K., Demain A., Yokoyama S., and Söll D.: "Cloning and characterization of indolmycin resistant tryptophanyl-tRNA synthetase from *Streptomyces coelicolor*", Asilomar Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases in Biology, Medicine, and Evolution (aaRS2001), Pacific Grove, USA, Jan. (2002).
- Nureki O., Kiga D., and Yokoyama S.: "Crystal structure of "class-I" lysyl-tRNA synthetase: divergence from class I or class II?", Asilomar Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases in Biology, Medicine, and Evolution (aaRS2001), Pacific Grove, USA, Jan. (2002).
- Sekine S., Nureki O., Vassilyev D., Bernier S., Chenevert R., Lapointe J., and Yokoyama S.: "Structural basis for the tRNA-dependent catalytic activation of glutamyl-tRNA synthetase", Asilomar Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases in Biology, Medicine, and Evolution (aaRS2001), Pacific Grove, USA, Jan. (2002).
- Fukai S., Shimada A., Nakama T., Nureki O., Sekine S., Vassilyev D., Kiga D., Sakamoto K., Hirao I., and Yokoyama S.: "Structures and substrate recognition mechanisms of class I aminoacyl-tRNA synthetases", Asilomar Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases in Biology, Medicine, and Evolution (aaRS2001), Pacific Grove, USA, Jan. (2002).
- Terwiliger T. C., Heinemann U., and Yokoyama S.: "Report from the international structural genomics organization (ISGO)", Keystone Symp. on Structural Genomics: From Gene Sequence to Function (J1), Breckenridge, USA, Jan. (2002).
- Yokoyama S.: "Structural genomics of *Thermus thermophilus* HB8 and higher Eukaryotes", Keystone Symp. on Structural Genomics: From Gene Sequence to Function (J1), Breckenridge, USA, Jan. (2002).
- Yokoyama S.: "Structural genomics and cell-free expression", 27th Ann. Conf. on Protein Structure and Function, Lorne, Australia, Feb. (2002).
- Saito K., Saeki M., Kim J., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "Adaptation of the Grb2-SH2 domain for specific binding to a phosphorylated unnatural amino acid: Rational protein engineering in combination with the biacore biosensor", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Kiga D., Sakamoto K., Kodama K., Kigawa T., Matsuda T., Yabuki T., Shirouzu M., Harada Y., Nakayama H., Takio K., Hasegawa Y., Endo Y., Hirao I., and Yokoyama S.: "An engineered *Escherichia coli* tyrosyl-tRNA synthetase for site-specific incorporation of an unnatural amino acid into proteins in an eukaryotic translation system and its application in cell-free translation", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Hirao I., Ohtsuki T., Fujihara T., Mitsui T., Yokogawa T., Okuni T., Nakayama H., Takio K., Yabuki T., Kigawa T., Kodama K., Yokogawa T., Nishikawa K., and Yokoyama S.: "An unnatural base pair for coupled transcription-translation in a cell-free system", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Mitsui T., Kimoto M., Kitamura A., To T., Satoh

- A., Hirao I., and Yokoyama S.: "An unnatural, hydrophobic base pair with the shape complementarity between pyrrole-2-carbaldehyde and 9-methylimidazo[(4,5-b)pyridine]", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Kimoto M., Shirouzu M., Mizutani S., Koide H., Kaziro Y., Hirao I., and Yokoyama S.: "Anti-(Raf-1) RNA aptamers that inhibit Ras-induced Raf-1 activation", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Shen X., Kigawa T., Yabuki T., Motoda Y., Matsuda N., Asanuma M., Hirota H., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: "Combinatory use of cell-free protein expression, limited proteolysis, and mass spectrometry for the high-throughput domain boundary identification", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Masui R., Kurokawa K., Matsuo Y., Nakagawa N., Terada T., Shirouzu M., Yasunaga T., Shibata T., Inoue Y., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: "Comparative analysis of *Thermus thermophilus* HB8 proteins", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Kinebuchi T., Kurumizaka H., Enomoto R., Shibata T., and Yokoyama S.: "Complex formation and biochemical activities of the recombinational DNA repair proteins, Rad51 paralogs", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Arai R., Takagi T., Matsumoto E., Sakamoto A., Terazawa Y., Yokoyama F., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "Comprehensive functional analysis for unknown function proteins", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Hamada T., Hirota H., Furukawa H., Muto Y., Yokoyama S., and Haga T.: "Conformational analysis of ligands bound to the muscarinic acetylcholine receptor by TR-NOE", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Kato M., Shirouzu M., Terada T., Yamaguchi H., Murayama K., Sakai H., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: "Crystal structure of TT0787 of *Thermus thermophilus* HB8", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Asanuma M., Fukuzawa S., Katayama Y., Yokoyama S., and Hirota H.: "Development of protein function screening system using mass spectrometry", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Miyazaki S., Kuroda Y., and Yokoyama S.: "Dissection of multi-domain proteins into their structural domains using a neural network", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Tajima K., Shirouzu M., Ishihara G., Hori T., Saeki M., Goto M., Miyano M., Kigawa T., Haga T., and Yokoyama S.: "Effects of detergents on the membrane protein synthesis by cell-free system", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Yabuki T., Motoda Y., Matsuda N., Saito M., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: "High-throughput and high-yield production of protein using PCR and cell-free protein synthesis", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Matsuda T., Kigawa T., Matsuda N., and Yokoyama S.: "High-yield cell-free protein synthesis system with dialysis", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Hondoh T., Kuroda Y., Chikayama E., Kuramitsu S., Shibata T., Inoue Y., and Yokoyama S.: "Identification of folded protein domain candidates for high-throughput structure determination", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Tanaka T., Kuroda Y., and Yokoyama S.: "Identification of protein domain linkers using secondary structure prediction and homologous sequence alignment", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Kitabatake M., Ali K., Demain A., Sakamoto K., Yokoyama S., and Soll D.: "Indolmycin resistance of *Streptomyces coelicolor* by induced expression of one of its two tryptophanyl-tRNA synthetases", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Terada T., Shirouzu M., Kigawa T., Nureki O., Inoue M., Goto M., Ishizuka Y., Kubota K., Ushikoshi R., Tatsuguchi A., Kamewari Y., Hamana H., Hayami N., Masui R., Shibata T., Inoue Y., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: "Large-scale preparation system for structural analysis of proteins derived from *Thermus thermophilus* HB8", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Hirota H. and Yokoyama S.: "NMR facilities at RIKEN Genomic Sciences Center", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Wada T., Shirouzu M., Terada T., Ishizuka Y., Tajima K., Matsuda T., Kigawa T., Kuramitsu S., Park S., Tame J. R., and Yokoyama S.: "Original structure determination of an unknown function protein synthesized by a cell-free system", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).

- Seki E., Kigawa T., Matsuda N., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: "Protein domain screening system for structural genomics", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Yokoyama S.: "RIKEN structural genomics/proteomics initiative", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Harada Y., Nojima T., Osawa Y., Masaki H., Hirao I., and Yokoyama S.: "RNA aptamers that bind to colicin E3 structurally resembling the decoding site of *Escherichia coli* 16S ribosomal RNA", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Ikeya T., Ito Y., Hatanaka M., and Yokoyama S.: "Simple and robust approach for semi-automated structure determination of protein hetero-complexes", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Kikuchi J., Iwahara J., Kigawa T., Murakami Y., Okazaki T., and Yokoyama S.: "Solution structure determination of the two DNA-binding domains in the *Shizosaccharomyces pombe* Abp1 protein by a combination of dipolar coupling and diffusion anisotropy restraints", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Fukushima K., Kikuchi J., Koshiha S., Kigawa T., Kuroda Y., and Yokoyama S.: "Solution structure of the DFF-C domain of DFF45. A structural basis for the regulation of apoptotic fragmentation of chromosomal DNA", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Inoue M., Kigawa T., Shirouzu M., Shibata T., Inoue Y., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: "Solution structure of the hypothetical protein 258 from *Thermus thermophilus*", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Hatanaka M., Ikeya T., Ito Y., Nanakamura S., Itakura T., Ohno M., Yokoyama S., Shimizu K., and Masaki H.: "Solution structure of the RNase active domain of colicin E6 in the complex with its inhibitor protein", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Hori C., Nakayama H., Kaminishi T., Kawazoe M., Shirouzu M., Kuramitsu S., Hirota H., Takio K., and Yokoyama S.: "Structural and functional studies for *Thermus thermophilus* HB8 ribosome", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Sekine S., Vassilyev D., and Yokoyama S.: "Structural basis for the tRNA-dependent catalytic activation of glutamyl-tRNA synthetase", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Koshiha S., Kigawa T., Itoh T., Takenawa T., Kikuchi A., and Yokoyama S.: "Structure and function of the epsin N-terminal homology (ENTH) domain of epsin", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Gomi S., Maeda S., and Yokoyama S.: "Study of the molecular characteristics of baculovirus (*Bombyx mori* nucleopolyhedrovirus: BmNPV) genes", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Katsura Y., Shirouzu M., Yamaguchi H., Hayashi H., Ishitani R., Nureki O., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: "The crystal structure of aspartate aminotransferase which belongs to subgroup IV from *Thermus thermophilus* HB8", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Tanaka Y., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: "The crystal structure of the Human CENP-B protein complexed with CENP-B box DNA", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Fujikawa N., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: "The crystal structure of the *E. coli* SeqA protein complexed with hemimethylated DNA", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Endo M., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "The fission yeast adaptor protein Scd2 mediates the complex formation containing Scd1, Cdc42Sp, and Shk1 involved in the Cdc42 signaling cascade", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Ban R., Saikawa W., Nishimura S., Yamazaki M., Ohashi W., Fukuzawa S., Hamada T., and Hirota H.: "Toward the discovery of the target proteins of bioactive compounds: Chemical modification and molecular interaction analysis", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Abe T., Hamada T., Kagawa W., Kurumizaka H., Shibata T., Hirota H., and Yokoyama S.: "Transferred NOE studies of single-stranded DNA bound to the DNA repair protein HsRad52", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Kagawa W., Kurumizaka H., Shibata T., and Yokoyama S.: "Undecameric ring structure of the homologous-pairing domain from the human Rad52 recombinase", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Wang H., Hori C., Sakai H., Yamaguchi H., Kaminishi T., Terada T., Shirouzu M., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: "X-ray crystallographic studies of PII from *Thermus thermophilus* HB8", Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb.

- (2002).
- Yokoyama S.: “Protein production and isotope enrichment in cell-free systems”, NIGMS Protein Structure Initiative Protein Production Workshop 2002, Bethesda, USA, Mar. (2002).
- (国内会議)
- 鳴坂義弘, 鳴坂真理, 関原明, 林崎良英, Carninci P., 篠崎一雄, 朴杓允: “アスピベンゾラル-S-メチルまたはサリチル酸処理におけるシロイヌナズナ cDNA マイクロアレイを用いた遺伝子発現解析”, 平成 13 年度日本植物病理学会大会, 仙台, 4 月 (2001).
- 前田秀明: “ゲノム科学の最前線で使われる超伝導 NMR”, 超伝導科学技術研究会第 27 回シンポジウム, 東京, 5 月 (2001).
- 廣田洋: “構造ゲノム科学における分子間相互作用解析”, 文科省科研費補助金特定領域研究 (A) 第 2 回公開シンポジウム「未解明生物現象を司る鍵化学物質」, 東京, 5 月 (2001).
- 宮崎哲, 黒田裕, 横山茂之: “ニューラルネットワークによる β シート形成残基対の解析”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).
- 沈新春, 木川隆則, 矢吹孝, 元田容子, 松田夏子, 浅沼三和子, 廣田洋, 林崎良英, 横山茂之: “限定分解による蛋白質のドメイン領域同定のための多検体調製系の開発”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).
- 田中剛範, 黒田裕, 横山茂之: “DLiP: タンパク質ドメインリンカー予測システム”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).
- 菊地淳, 伊藤隆, 木川隆則, 横山茂之: “遠位の構造情報が開拓するタンパク質の NMR 解析”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).
- 小柴生造, 木川隆則, 伊藤俊樹, 竹縄忠臣, 菊池章, 横山茂之: “epsin の ENTH ドメインの NMR による構造機能解析”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).
- 黒田裕, 横山茂之: “構造解析のターゲット選択: 迅速な構造決定が可能な蛋白質ドメインの同定システム”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).
- 矢吹孝, 松田貴意, 元田容子, 松田夏子, 木川隆則, 横山茂之: “迅速, 高収量なタンパク質発現法: 無細胞タンパク質合成系”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).
- 横山茂之: “タンパク質の構造と機能: 新しいスペースオデッセイ”, 遺伝研・理研ゲノム科学合同公開シンポジウム「生命システムの理解を目指して」, 東京, 6 月 (2001).
- 横山茂之: “タンパク質構造とゲノム科学”, 液体・固体 NMR の基礎及び応用講習会, 東京, 6 月 (2001).
- 横山茂之: “タンパク質の構造と機能”, 大学院医学学術セミナー「理研ゲノム科学総合研究所とゲノム医学」, (横浜市立大学大学院医学研究科), 横浜, 6 月 (2001).
- 横山茂之: “ポストゲノムシーケンス時代の構造生物学”, 第 15 回 21 世紀の薬学を語る京都シンポジウム「構造薬学, ナノ・テクノロジーの世界」, 京都, 6 月 (2001).
- 木川隆則, 白水美香子, 廣田洋, 横山茂之: “理化学研究所・ゲノム科学総合研究センター (GSC) における構造ゲノム科学研究への取り組み”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会構造生物学ワークショップ, 吹田, 6 月 (2001).
- 菊地淳: “化学シフト情報を利用したタンパク質とその複合体の構造解析”, 2nd Protein NMR Methodology Symposium, (理研 GSC タンパク質構造・機能研究グループ), 横浜, 7 月 (2001).
- 横山茂之: “ゲノム創薬と DDS におけるタンパク質構造・機能研究”, 第 17 回日本 DDS 学会, 大阪, 7 月 (2001).
- 北畠真, Kamilah A., Arnold D., 横山茂之, Dieter S.: “放線菌の持つ 2 つのトリプトファン tRNA 合成酵素: インドールマイシン耐性の分子機構”, 日本 tRNA 学会年会第 3 回 RNA ミーティング, 神戸, 8 月 (2001).
- 上西達也, 堀千重, 加藤美幸, 濡木理, 寺田貴帆, 白水美香子, 柴田武彦, 井上頼直, 倉光成紀, 横山茂之: “高度好熱菌 protein Y の機能解析および構造解析”, 日本 tRNA 学会年会第 3 回 RNA ミーティング, 神戸, 8 月 (2001).
- 横山茂之: “蛋白質の三次元構造解析”, 第 60 回日本癌学会総会, 横浜, 9 月 (2001).
- 横山茂之: “人工的な遺伝・細胞情報処理システムをめざして”, 横山情報分子プロジェクトシンポジウム「人工的な遺伝・細胞情報処理システムをめざして」, 東京, 9 月 (2001).
- 近山英輔, 宮崎哲, 黒田裕, 横山茂之: “タンパク質アミノ酸残基対相関の構造依存性と parallel-antiparallel 2 状態格子モデルによる Monte Carlo シミュレーション”, 第 39 回日本生物物理学会年会, 吹田, 10 月 (2001).
- 宮崎哲, 黒田裕, 横山茂之: “タンパク質ドメインリンカー配列の特徴解析”, 第 39 回日本生物物理学会年会, 吹田, 10 月 (2001).
- 谷一寿, 石川充仁, 澤崎達也, 遠藤弥重太, 関原明, 篠崎一雄, 松尾洋, 横山茂之: “シロイヌナズナ構造ジェノミクスにおけるターゲット選択支援システム”, 第 39 回日本生物物理学会年会, 吹田, 10 月 (2001).
- 村上緑, 金森英司, 河口真一, 倉光成紀, 横山茂之, 神山勉: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来クエン酸シンターゼリガンド複合体の X 線結晶構造解析”, 第 39 回日本生物物理学会年会, 吹田, 10 月 (2001).
- 沈新春, 木川隆則, 矢吹孝, 元田容子, 松田夏子, 浅沼三和子, 廣田洋, 林崎良英, 横山茂之: “限定分解による蛋白質のドメイン領域同定のための多検体調製系の開発”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).
- 松田貴意, 矢吹孝, 松田夏子, 木川隆則, 横山茂之: “透析法を用いた無細胞タンパク質合成系によるタンパク質試料の大量調製”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).
- 金川真由美, 寺尾佳代子, 増井良治, 柴田武彦, 井上頼直, 野獄勇一, 石嶋潤, 横山茂之, 倉光成紀, 高久洋, 濡木理, 河合剛太, 三瓶徹一: “高度好熱菌プリン・ピリミジン合成系タンパク質の結晶化”, 日本結晶学会平成 13 年度年会, 名古屋, 10 月 (2001).
- 横山茂之: “Protein structures and genetic diseases”, 日本人類遺伝学会第 46 回大会, さいたま, 10 月 (2001).
- 横山茂之: “ポストゲノムシーケンスの構造生物学”, 病態代謝研究会 32 回研究会, 東京, 10 月 (2001).
- 胡桃坂仁志: “ヒトセントロメア CENP-B によって誘起される DNA 構造”, 国立遺伝学研究所研究会「非 B 型 DNA の生物学: ゲノム核内構造のヒエラルキーと遺伝子発現制御」, 三島, 11 月 (2001).

- 菊地淳, 伊藤隆, 木川隆則, 横山茂之: “主鎖シグナルからのタンパク質グローバルフォールドの決定”, 第 40 回 NMR 討論会, つくば, 11 月 (2001).
- 濱田季之, 廣田洋, 横山茂之, 大坪伸将, 石田秀治, 木曾真, 金森審子, 神奈木玲児: “セレクチン糖鎖リガンド, シアリルルイス X の新規誘導体の構造と活性”, 第 40 回 NMR 討論会, 京都, 11 月 (2001).
- 福島径, 黒田裕, 菊地淳, 小柴生造, 横山茂之: “ICAD の C 末端ドメインの NMR による構造解析”, 第 40 回 NMR 討論会, 京都, 11 月 (2001).
- 池谷鉄平, 伊藤隆, 畑中稔, 板倉健人, 大野光宏, 横山茂之, 清水謙多郎, 正木春彦: “コリシン E6 の RNase 活性ドメインと ImmE6 複合体の立体構造”, 第 40 回 NMR 討論会, 京都, 11 月 (2001).
- 横山茂之, 廣田洋, 木川隆則, 白水美香子: “構造ゲノム科学プロジェクトにおける NMR”, 第 40 回 NMR 討論会, 京都, 11 月 (2001).
- 横山茂之: “ゲノムとタンパク質”, 播磨科学公園都市・放射光産業利用セミナー第 4 回シンポジウム: 放射光が拓くナノサイエンスの世界への誘い, (兵庫県他), 東京, 11 月 (2001).
- 野村守, 堀千重, 川添将仁, 上西達也, 内海利男, 柴田武彦, 井上頼直, 倉光成紀, 横山茂之: “高度好熱菌リボソームタンパク質 L10 および L7/L12 複合体の過剰発現系による L8 複合体 *in vitro* 再構成の試み”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 石谷隆一郎, 濡木理, 深井周也, 雉本禎哉, 行木信一, 渡邊正勝, 近藤久雄, 関根光雄, 岡田典弘, 西村邁, 横山茂之: “Crystal structure of archaeosine tRNA-guanine transglycosylase”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 田中祥徳, 胡桃坂仁志, 濡木理, 岡崎恒子, 横山茂之: “ヒトセントロメア結合タンパク質 CENP-B と CENP-B box DNA との複合体の X 線結晶構造解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 藤川乃り映, 胡桃坂仁志, 濡木理, 山添光芳, 平賀壮太, 横山茂之: “複製を負に調節する大腸菌 SeqA 蛋白質のドメイン解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 笠嶋克巳, 井上真, 坂下英司, 齋藤都暁, 横山茂之, 坂本博: “Functional analysis of ELAV-like Hu RNA-binding proteins”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 矢吹孝, 元田容子, 齋藤みゆき, 松田夏子, 布川絵未, 木川隆則, 林崎良英, 横山茂之: “PCR と無細胞合成を用いた, 迅速, 高収量なタンパク質発現法”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 松田貴意, 松田夏子, 木川隆則, 横山茂之: “透析法を用いた高収量な無細胞タンパク質合成系”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 行木信一, 染谷龍彦, 木本路子, 寺田貴帆, 白水美香子, 塙(末次)京子, 平尾一郎, 高久洋, 姫野俵太, 武藤昱, 井上頼直, 柴田武彦, 倉光成紀, 横山茂之, 河合剛太: “Interaction of tmRNA with a tmRNA-specific binding protein, SmpB, from *Thermus thermophilus*”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 胡桃坂仁志, 香川亘, 杵渕隆, 榎本りま, 中田真希, 井川瀟子, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト相同 DNA 組換え酵素, HsRad52 及び Rad51 paralog タンパク質群の構造, 機能解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 関根俊一, 濡木理, Vassilyev D., 横山茂之: “tRNA に依存したグルタミル tRNA 合成酵素の活性化のメカニズム”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 北畠真, Kamilah A., Arnold D., 坂本健作, 横山茂之, Dieter S.: “放線菌の持つ 2 つのトリプトファン tRNA 合成酵素の indolmycin 耐性の分子機構”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 伊藤隆, Rajesh S., 倉島かおり, 吉益雅俊, 相原秀樹, 美川務, 河野俊之, 横山茂之, 柴田武彦: “NMR を用いた蛋白質間相互作用の解析 (YUH1-Ub および RecA-DinI の系)”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 小森博文, 増井良治, 倉光成紀, 横山茂之, 柴田武彦, 井上頼直, 三木邦夫: “*Thermus thermophilus* 由来 DNA 光回復酵素の結晶構造: Pyrimidine-dimer 認識機構”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 濡木理, 寺田貴帆, 横山茂之: “アミノアシル tRNA 合成酵素による基質識別の構造生物学”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 大里直樹, 伊藤昌可, 今野英明, Carninci P., 早津徳人, 白木利幸, 廣實朋子, 品川朗, 荒川貴博, 石井善幸, 原亜矢子, 福田史朗, 佐々木大輔, 吉野正康, 安西亜矢子, 柴田一浩, 相澤克則, 近藤伸二, 足立淳, 斎藤輪太郎, 太田由己, 河合純, 林崎良英: “イネ完全長 cDNA の全長配列決定候補クローンの選択”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 河合純, Carninci P., 早津徳人, 白木利幸, 廣實朋子, 品川朗, 太田由己, 伊藤昌可, 荒川貴博, 石井善幸, 安西亜矢子, 柴田一浩, 相澤克則, 佐々木大輔, 吉野正康, 原亜矢子, 福田史朗, 香川育子, 大里直樹, 今野英明, 足立淳, 近藤伸二, 斎藤輪太郎, 岸本直己, 佐藤浩二, 菊池尚志, 林崎良英: “イネ完全長 cDNA プロジェクト: クローン収集とシーケンス決定”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 杵渕隆, 胡桃坂仁志, 井川しゅく子, 横山茂之, 柴田武彦: “ヒト Rad51 paralog の複合体形成と機能解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 香川亘, 胡桃坂仁志, 井川しゅく子, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト Rad52 タンパク質の相対的対合活性”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 倉光成紀, 三木邦夫, 横山茂之: “モデル生物としての高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 の構造・機能ゲノム科学”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 栗本一基, 深井周也, 濡木理, 武藤裕, 横山茂之: “一本鎖 RNA に結合する, エノイル CoA ヒドラターゼのホモログ, ヒト AUH の機能・構造解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 大谷直人, 中川紀子, 寛閑淳, 海老原章郎, 佐藤伸哉, 小林慎一郎, 上利佳弘, 増井良治, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “構造ゲノム科学的研究のための高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 蛋白質の網羅的発現と精製”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).

- 増井良治, 黒川顕, 松尾洋, 中川紀子, 寺田貴帆, 白水美香子, 柴田武彦, 井上頼直, 安永照雄, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 蛋白質の比較解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 西岡輔, 中川紀子, 増井良治, 井上頼直, 柴田武彦, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌 RecF, RecR タンパク質の機能解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 塚崎智也, 玉腰雅忠, 倉光成紀, 横山茂之, 伊藤維昭, 森博幸: “高度好熱菌 *T. thermophilus* HB8 SecYEG 膜透過装置”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 松尾淳司, 増井良治, 中川紀子, 井上頼直, 柴田武彦, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌アルキル化傷害 DNA 修復酵素の機能解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 野村守, 堀千重, 川添将仁, 上西達也, 内海利男, 柴田武彦, 井上頼直, 倉光成紀, 横山茂之: “高度好熱菌リボソームタンパク質 L10 および L7/L12 複合体の過剰発現系による L8 複合体 in vitro 再構成の試み”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 小宮健, 坂本健作, 横山茂之, 有田正規, 萩谷昌己: “状態遷移機械として機能する DNA 分子”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 伊藤晋敏, 濡木理, 白水美香子, 横山茂之, 花岡文雄: “真核型 DNA プライマーゼ-基質複合体の X 線結晶構造解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 田島夏織, 白水美香子, 石原豪史, 木川隆則, 芳賀達也, 横山茂之: “無細胞タンパク質発現系を用いた膜タンパク質の合成”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 横山茂之: “Structural genomics of genetic information transfer systems”, 文科省科研費補助金基盤研究 (C) 公開シンポジウム「蛋白質フォールディング研究の現状と将来」, 東京, 12 月 (2001).
- 廣田洋: “生理活性物質を基にしたドラッグデザイン”, 日本薬学会関東支部第 26 回学術講演会「ゲノム科学と創薬」, 横浜, 1 月 (2002).
- 田仲昭子: “創薬に向けた構造ゲノム科学プロジェクト”, 日本薬学会関東支部第 26 回学術講演会「ゲノム科学と創薬」, 横浜, 1 月 (2002).
- 福島径, 黒田裕, 菊地淳, 小柴生造, 横山茂之: “構造未知タンパク質のドメイン構造の NMR による構造解析: DFF45 の C 末端ドメインの同定と構造”, 文科省科研費特定領域研究 (C)「ゲノム情報科学の新展開」第 2 回「タンパク質高次構造に基づくゲノム情報科学」公開ワークショップ, 東京, 1 月 (2002).
- 横山茂之: “人工的な遺伝・細胞情報処理システムをめざして”, 科学技術振興事業団第 6 回基礎研究報告会シンポジウム「タンパク研究のフロンティア: 分子の構造と機能」, 東京, 2 月 (2002).
- 横山茂之: “核酸結合タンパク質とシグナル伝達タンパク質の構造生物学”, 第 20 回高峰カンファレンス, (三共生命科学振興財団), 東京, 2 月 (2002).
- 増井良治, 黒川顕, 松尾洋, 中川紀子, 寺田貴帆, 白水美香子, 柴田武彦, 井上頼直, 安永照雄, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 蛋白質の比較解析”, 文科省科研費補助金・特定領域研究「統合ゲノム」第 4 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, 2 月 (2002).
- 横山茂之: “ポストゲノムシーケンスの構造生物学”, 文科省総合がん総括班がん特定領域 (C) 合同公開シンポジウム, 東京, 2 月 (2002).
- 阿部孝政, 濱田季之, 香川亘, 胡桃坂仁志, 柴田武彦, 横山茂之, 廣田洋: “TRNOE 法による DNA 組換え酵素 HsRad52 と結合した一本鎖 DNA の構造解析研究”, 日本化学会第 81 春季年会, 東京, 3 月 (2002).
- 原田綾子, 福沢世傑, 廣田洋, 横山茂之, 伏谷伸宏, 橋和夫: “細胞毒性ステロイドアルカロイドリテラジン B の標的分子の探索”, 日本化学会第 81 春季年会, 東京, 3 月 (2002).
- 畠中秀樹: “結晶解析と比較して思うこと”, よこはま NMR 構造生物学会第 17 回ワークショップ, 横浜, 3 月 (2002).
- 廣田洋: “海洋天然物と受容体との相互作用”, 日本化学会第 81 春季年会イブニングセッション「海洋天然物化学: 化合物ライブラリーとしての評価」, 東京, 3 月 (2002).
- 長内隆, 谷一寿, 石川充仁, 田部井紀雄, 松尾洋, 横山茂之: “ゲノム創薬推進に向けた構造プロテオミクス研究支援総合情報システムの開発”, 日本薬学会第 122 年会, 千葉, 3 月 (2002).