

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

計算プロテオミクス研究チーム

チームリーダー 松尾 洋

MATSUO, Yo

タンパク質機能研究チーム

チームリーダー 廣田 洋

HIROTA, Hiroshi

タンパク質構造研究チーム

チームリーダー 横山 茂之

YOKOYAMA, Shigeyuki

標識技術高度化研究チーム

チームリーダー 武藤 裕

MUTO, Yutaka

応用化プロテオミクス研究チーム

チームリーダー 田仲 昭子

TANAKA, Akiko

タンパク質合成技術高度化研究チーム

チームリーダー 坂本 健作

SAKAMOTO, Kensaku

タンパク質多種発現・精製研究チーム

チームリーダー 木川 隆則

KIGAWA, Takanori

タンパク質大量発現・精製研究チーム

チームリーダー 白水 美香子

SHIROUZU, Mikako

NMR 解析技術高度化研究チーム

チームリーダー 山崎 俊夫

YAMAZAKI, Toshio

NMR 計測技術高度化研究チーム

チームリーダー 前田 秀明

MAEDA, Hideaki

当研究グループは、播磨研究所と共同で、構造プロテオミクス推進本部（RIKEN Structural Genomics/Proteomics Initiative (RSGI)）を組織し、国家プロジェクト「タンパク 3000 プロジェクト」を受託している。プロジェクトにおいては、生物学・医学的に重要なタンパク質基本構造（ドメイン）の立体構造と機能の解明をめざし、さまざまな独自技術開発を行う。無細胞タンパク質合成技術などを用いて各種タンパク質の発現スクリーニングを行い、これらに対する自動解析ソフトウェアのトータルシステムに支えられた NMR 解析、または自動結晶化観察ロボットなどの最新技術を用いた X 線結晶構造解析により、立体構造を決定している。また、立体構造情報に基づいたホモロジーモデリングや *in silico* スクリーニングを行って、分子機能の解析や薬剤設計を始めとする知的財産の獲得を進め、基礎科学のみならず産業にも貢献することもめざしている。さらに高難度のタンパク質（低溶解度、脂溶性、巨大分子量など）の解析を行うための新たな技術開発を行っている。

1. タンパク質の発現スクリーニング

(1) cDNA クローンのスクリーニング (木川, 青木 (雅), 矢吹, 井上 (真), 原田 (拓), 関, 松田 (貴), 松田 (夏), 元田, 宮田 (有), 小林 (敦), 齋藤 (深), 坂上 (曾和), 廣安, 藤倉, 碓, 野房 (渡辺), 軈, 大久保 *1, 佐藤 (深), 西村 (裕), 鈴木 (夏), 花田, 渡部, 坪井, 大塚, 平戸, 遠藤, 櫻井, 白水, 黒谷, 森田 (恭), 上野, 東城, 齊藤 (由), 新屋 (野村), 外山, 井澤, 白井, 中島 (奈), 本田, 大沢, 山村 (雅) *2, 横山 (茂))

ヒトおよびマウスなどの高等動物由来のタンパク質のうち, 機能の観点から重要と判断したタンパク質に関して, スクリーニングを行った。

バイオインフォマティクス計算によって推定したタンパク質の基本構造領域を参考に, 末端位置を変化させたコンストラクトを一領域当たり数~十数種類作成した。独自開発の少量スケール多種発現無細胞タンパク質合成法および, GFP 融合タンパク質法を利用して, それらの発現と可溶性を実験的に検討の後, ドメイン領域の確定をした。(第1段階スクリーニング)。第1段階スクリーニングで発現量・可溶性の高かった試料を選択し, 中量スケールの無細胞タンパク質合成法 (透析法) で ¹⁵N 標識を導入したタンパク質を発現させ, アフィニティ精製による試料を調製, NMR の HSQC スペクトルの測定やゲルろ過による分子量測定を行い, 構造解析試料としての適性を調べた (第2段階スクリーニング)。

本年度は, 第1段階スクリーニングで約 6,000 基本構造領域, 約 56,000 コンストラクトを検討し, 約 4,600 基本構造領域, 約 13,500 コンストラクトを選択した。第2段階スクリーニングでは, 約 2,000 基本構造領域, 約 6,000 コンストラクトに実施し, 525 基本構造領域, 546 コンストラクトを NMR 構造解析適性試料として選択, 440 基本構造領域, 465 コンストラクトを結晶構造解析適性試料として選択した。現在, これらの判定と実際の構造解析の成功率との相関を確認している。

(2) タンパク質合成完全自動化・最適化技術開発 (木川, 青木 (雅), 矢吹, 関, 松田 (貴), 松田 (夏), 元田, 宮田 (有), 小林 (敦), 花田, 渡部, 齋藤 (深), 大久保 *1, 横山 (順) *3, 横山 (茂))

要素技術の開発として, タンパク質合成の最適化および自動化技術の開発を進めるとともに, 自動合成装置の開発・構築を行った。

合成最適化技術に関しては, まず, 目的タンパク質の可溶性と精製度を高めるため, 新規 poly-His タグ, FLAG タグ, SBP タグの各発現タグに関して, 鋳型コンストラクトの効率的な作成法の検討, さらに各発現タグの発現量・可溶性に対する効果の検討を行った。その結果, 新規 poly-His タグのコンストラクトは, 平均的に発現量・可溶性とも高く, 精製度も高いことが分かった。FLAG タグおよび SBP タグに関しては, 合成量, 可溶性については若干劣るものの, 極めて高い精製度を実現できることが分かった。また, これに加えて希少な安定同位体標識アミノ酸類を安定的かつ大量に製造する方法を開発することができた。

自動化技術に関しては, タンパク質自動合成装置の開発・構築を進めた。プロトタイプ機で得られた知見をもとに, 専用機としての開発・構築を進め, 第一号機を導入した。本

自動合成装置は, 96 穴プレート 8 枚を同時に処理し, 全工程を 10 時間で完了することが可能であり, 一日一台あたり約 1,800 種類のタンパク質を発現することができる。専用機器として設計することにより, 市販機器を組み合わせたプロトタイプ機と比較して, 半分程度の設置面積となった。

(3) タンパク質発現スクリーニング技術の高度化 (田仲, 松本 (武), 梅原, 奥村, 津金沢, 深井, 岡本, 橋本, 横山 (茂))

要素技術の開発として多種のタンパク質を高効率に蛍光標識するために, 無細胞合成技術を用いた, 7-アザトリプトファン (7aW) の取り込みによる部位特異的標識方法や, 標識タンパク質の構造・機能に対する物理的影響の少ない (FLASH) 標識法による蛍光タンパク質を調製する方法を検討した。

2. タンパク質合成・精製

(1) 高等動植物および微生物由来タンパク質の大量発現・精製 (白水 (濱田), 堀 (竹本), 末次 (埴), 新井, 大沢, 寺田, 五味, 村山 (加藤), 三嶋, 寺澤, 井上 (み), 西本 (ま), シータ山口, 中山 (牛越), 龍口, 松本 (英), 栃尾 (宇田), 亀割, 濱名, 大林, 森田 (鋭), 吉川, 東島, 房富, 漆畑, 平藤 (山口), 桂, 長野, 吉澤, 藤本, 栃尾 (宇田), 苔米地, 木下, 衛藤, 伊東 (田島), 川添, 田仲, 松本, 梅原, James, 津金沢, 追田, 村松, 金, 青島, Hall *2, Wu *3, Hu *3, 横山 (茂))

立体構造の視点からタンパク質の構造・機能の研究を行うため, 無細胞タンパク質合成系および大腸菌発現系を用いて, 高等動植物由来タンパク質ならびに, 高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8, 超好熱古細菌 *Aeropyrum pernix*, *Sulforobus tokodaii*, *Pyrococcus horikoshii*, および大腸菌等の微生物の大量発現・精製を行った。構造解析に必要なラベル体の調製も, これらの発現系を用いて行った。

本年度は, NMR 用サンプルとして延べ 456 個, 機能解析用サンプルとして延べ 11 個, X 線結晶構造解析用サンプルとして延べ 855 個精製した。

無細胞タンパク質合成系を用いて大量合成反応を行ったサンプルについては, 1 モジュール当たり同時に 4 サンプルまで処理できる精製装置と 1 台当たり同時に 6 サンプルまで処理できる精製装置とを組み合わせて用い, タグ切断を必要としないサンプルについては 3 段階, タグ切断を必要とするサンプルについても 2 段階のカラム操作を多数連続で行えるようにし, 精製操作を高速・効率化した。

大腸菌発現系を用いた系についても, His-tag 付きで可溶性画分に比較的安定に発現させた微生物由来タンパク質の精製には上記の精製装置を用い, 操作を効率化した。

(2) 合成困難タンパク質等の調製技術の開発 (白水 (濱田), 寺田, 溝端, Chumpolkulwong, Tokmakov, 五島, 田辺 *1, 下野, 木川, 今高, 三上, 舛谷, 脇山, 松本 (知), 海津, 横山 (茂))

合成困難なタンパク質に対応する合成技術として, 大腸菌および小麦胚芽を利用した無細胞系のさらなる改良の他, ヒト細胞, アフリカツメガエル細胞, ショウジョウバエ細胞などから, 基本となる無細胞系を構築することに成功している。

大腸菌を利用した無細胞系では, マイナーコドン tRNA

遺伝子の高発現による発現量の改善や、Refoldingによる不溶性タンパク質の可溶化、貫通型膜タンパク質合成系の従前より広範囲な適用、そして、RNAi技術導入による遺伝子発現の制御を組み合わせたショウジョウバエ細胞を利用した無細胞系構築、ヒト細胞を利用した無細胞タンパク質合成系の構築とこれを利用した糖タンパク質の合成に成功した。

3. タンパク質合成技術・標識技術の高度化

(1) 機能性核酸の開発 (平尾 (一), 河合 (利), 平尾 (木本), 佐藤 (旭), 原田 (洋), 山本 (晶), 池田 *3, 三井 *3, 横山 (茂))

進化工学的手法を用いて、タンパク質および、タンパク質-RNA 相互作用の解析に役立つ機能性核酸の開発を進めた。これまでに開発した、転写で効率よく機能する人工塩基対 (s-y と v-y) に、種々の蛍光色素を結合した y 誘導体を合成し、RNA 中への部位特異的取り込みを確認した。また、RNA アプタマーの機能を保持した蛍光標識化が可能であることも分かった。これまで、RNA 中の任意の部位を蛍光標識化する簡便な方法は無かったので、人工塩基対による本法は、RNA の新たな蛍光標識法として期待される。さらに、これまでに開発された高度好熱菌由来の Gm メチラーゼによってメチル化される RNA アプタマーと、本来の基質である tRNA との構造比較のために、その二次構造を決定し、その構造類似性を確認した。これらの結果は、Gm メチラーゼと tRNA の相互作用の解明につながり、また、RNA とタンパク質の共進化を調べるための手法にも *in vitro* セレクション法が利用できることを示している。

(2) 非天然アミノ酸利用技術開発 (坂本 (健), 土屋 *4, 林 (明), 樋野, 小林 (隆), 伊良波, 白水 (濱田), 横山 (茂))

タンパク質の構造・機能解析の新たな手法の開拓を目指して非天然アミノ酸を利用した技術開発を行っている。タンパク質相互作用のネットワークのメカニズムの解明にきわめて有効な動物細胞内における光クロスリンク法の開発や、無細胞タンパク質合成法を用いた非天然アミノ酸・標識アミノ酸含有タンパク質の大量調製法の開発を行った。光クロスリンク法の開発では、光を当てたときに共有結合を形成する人工的なアミノ酸 (パラ-ベンゾイルフェニルアラニン) を動物細胞内においてタンパク質 Grb2 に組み込んだ。この Grb2 は細胞内で、標的である上皮成長因子受容体と相互作用することが確認され、さらに、細胞に特定の波長の光を照射することで、受容体との共有結合による架橋タンパク質を作ること成功した。架橋タンパク質は、安定に回収することができ、生きた細胞内のタンパク質間相互作用を捉えられる。また、この技術は、解析したいタンパク質の遺伝子を用意し、人工的アミノ酸とともに培地に加えるだけでタンパク質の指定の位置に取り込まれるという簡便な手段を提供する。

無細胞タンパク質合成法を用いた非天然アミノ酸含有タンパク質の大量調製法の開発では、アミノアシル tRNA 合成酵素およびポリペプチド鎖延長因子 Tu (EF-Tu) の利用によってアミノ酸の脱離を防ぎ、アミノアシル化の効率を 20%程度から 80%近くまで改善させることや、翻訳系投入時の量やタイミング考慮により、必要なアミノアシル化

tRNA の量を減少させることに成功した。標識アミノ酸含有タンパク質の大量調製法の開発では、チロシンに比べて、サブプレッサー tRNA への結合が難しいフェニルアラニンについても、標識フェニルアラニンの導入が可能であることを示した。

4. タンパク質の立体構造と機能

(1) X線回折法による結晶構造解析 (白水 (濱田), 別所, 岸下, 新野 (柊元), 半田, 末次 (瑠), Ihsanawati, Pioszak, 赤坂, 上西, 王, 溝端, 小木曾, 川添, 西村 (光) *1, 藤井 (佳), 高田 *1, 井高, 福永 *1, 倉谷 *1, 服部 *1, 田上 *1, 佐々木 *1, 岩崎 *1, 村山 (加藤), 加茂 (聡), 三嶋, 柴田 (理), 坂本 (美), 仙石 *1, 和泉, 石井 *1, 加茂 (内窪), 中山 (か), 西野 (綾), 青木 (真), 西本, 東島, 堀 (竹本), 保坂, 坂本 (恵子), 岸田 *1, 武藤, 党, 津田, 横山 (綾), 酒井 (宏), 胡桃坂 *2, 杵渕, 香川 *5, 藤川 (眞田), 香川 (奥村), 榎本, 笹沼 (俵元), 滝沢 *6, 皿井 *1, 長島 *1, 中村 (晃) *1, Padmanabhan, 中野, 中村, Malay, Scharlock, 青木 (優), 久保田, 田仲, 松本 (武), 梅原, 村松, 金, 柳沢, 開 *6, 泉 (厚) *6, 岸田 *6, 水谷 *6, 横山 (武) *6, 安田 (理) *6, 杉山 (佳) *6, 渡邊 *6, 岡島 *6, 猪俣 *6, 荒木 *6, 小原 *6, 杉山 (成) *3, 伊中 *3, 倉光 *7, 朴 *2, 濡木 *2, 村山 *2, 雲財 *3, 関根 *2, Tame *2, 小林 (祐) *7, Kongsaree *2, 横山 (茂))

X線による結晶構造解析ではバクテリアなどの原核生物、ヒト・マウスなどの真核生物由来タンパク質について多数の構造決定を行った。タンパク質結晶は通常メチオニンセレノメチオニンに置換したタンパク質より調製し、SPring-8を用いて反射データの測定を行った。構造解析は Multiple Anomalous Dispersion (MAD) 法により行い放射光の利用と併せ迅速な構造の決定を可能としている。さらに配列の解析より類似構造が存在すると予想されるものについては分子置換法を用いた。また実験室内回折計による解析の試みとして、Cr ターゲットを用いた長波長 X 線 (2.29 Å) による Single Anomalous Dispersion (SAD) 法も試みられており、高度好熱菌由来タンパク質 TT1341 について 2.22 Å の分解能で構造が決定された。

DNA 複製・組換え・修復、染色体構造形成、転写、翻訳、細胞情報伝達などに関わるタンパク質の構造決定と機能解析に取り組んでいる。具体的な数例を以下にあげる。

高度好熱菌、大腸菌などの細菌については、低分子量 G タンパク質 Era の GTP 結合型立体構造とリボソーム小サブユニット結合様式の解明、翻訳因子 EF-G-2 の GTP 結合型立体構造の解明、Leucyl/Phenylalanyl-tRNA protein transferase (L/F-transferase) (Leucyl-tRNA または Phenylalanyl-tRNA のアミノ酸をタンパク質 N 末端のアルギニンまたはリシンに転移する酵素で、タンパク質の分解に関与)、tRNA の修飾酵素 Gm18 methyltransferase (TrmH or SpoU) などの立体構造の解明を行った。

古細菌については、tRNA のスプライシング酵素である tRNA エンドヌクレアーゼ (第 1 反応) および RNA 2'-リン酸転移酵素 (最終反応)、アスパラギン tRNA 合成酵素 (AsnRS)、フェニルアラニル tRNA 合成酵素 (PheRS) のエディティング・サブユニット、プロリル tRNA 合成酵素 (ProRS) のトランス・エディティング酵素、細菌の転写終

結因子 NusA のホモログなどの立体構造の解明を行った。

ヒトなどの真核生物については、減数分裂期での相同対合反応の中心酵素であるヒト Dmc1 の立体構造 (8 量体リング) の解明, BET タンパク質ヒト Brd2 のプロモドメインの立体構造およびヒストン H4 テールのアセチル化状態 (ヒストンコード) の結合・認識機構の解明, さらに, Nrf2 転写因子の負の調節因子マウス Keap1 の Kelch/DGR ドメインおよび Nrf2 ペプチドとの複合体, 酵母のヒストン・シヤペロン SpCia1, 血管新生抑制活性を持つヒトトリプトファン tRNA 合成酵素 (TrpRS) などの立体構造を決定した。また, IRSp53 (低分子量 G タンパク質 Rac を介した葉状仮足におけるアクチン重合の制御に関与) の Rac 結合 (RCB) ドメインの立体構造と Rac, 酸性脂質, アクチンとの結合部位を解明した。

(2) NMR 法による構造解析 (木川, 井上 (真), 小柴, 小林 (直), 齊藤 (謙), 行木, 葛西, 李, Goroncy, 趙, 宮本, 栃尾, 安田 (野口), 米山, 富澤, 近山, Niraula, 鎌足, 佐藤 (真), 中西 (民), 大西, 笹川, 廣田, Momen, 大貫, 濱田 (季), 片山, 阿部 (孝), 大橋 (若), 樋口 *6, 伊藤 (陽) *6, 坪田 *6, 中村 (安) *1, 武藤, 永田, 何, 鈴木 (咲), 稲留, 桑迫, 染谷, 津田, 佐藤 (敦), 林 (文), 張, 末武, 秦, 長島, 井上 (匡), 好田 *1, 黒崎, 泉 (顕), 長嶋, 八田, 清宮, 遠藤, Guntert, Scott *2, 伊藤 (隆), 伊藤 (拓), Collins, Reay, 片平 *4, 山崎 (和) *3, 加藤 (晃) *3, 小早川 (林) *3, 河合 (剛) *3, 田代 *3, 神藤 *3, 金野 *3, 畠中 *2, Puglisi *3, 西村 (善) *7, 白川 *7, 横山 (茂))

高等生物のタンパク質について, 分子量が 2 万を超えない 432 種類の基本構造タンパク質を対象として NMR 解析を試みた。それらのタンパク質試料は, 均一 ¹⁵N 標識した His₆-tag タンパク質を 1 mg スケールで合成したものの中から, 極めて良好な HSQC スペクトルを示すものを選択したのち, ¹⁵N/¹³C 二重標識試料として大量調製したものである。300 種類の構造を決定した。NMR 装置としては, 次の装置群を用いた (周波数別内訳, 括弧内はクライオプローブ台数): 900 MHz 2 台, 800 MHz 14 台 (1), 700 MHz 6 台 (2), 600 MHz 17 台 (9), 500 MHz 1 台, 400 MHz 1 台。

以下に, 解析例を挙げる。ヒト (マウス) については, 翻訳開始因子 eIF2 をリン酸化する GCN2 の N 端に存在する新規ドメイン, 肝がん由来増殖因子 (HDGF) 関連タンパク質 HRP の PWWP ドメイン, オルタナティブスプライシング制御因子 LUCA の RNA 結合ドメイン, mRNA の分解に関わる PARN の RNA 結合ドメイン, p53 の機能を強める Mdm4, ユビキチンリガーゼ UBCE7IP3 の zf-RanBP ファミリー, 無機物イオン輸送と代謝作用に関わる Rhodanese ドメインなどの構造を決定した。

植物としては, 主としてシロイヌナズナの高等植物特異的転写因子についての解析を行った。防御反応に関連すると考えられている WRKY 転写因子ファミリーの DNA 結合ドメイン, RAV1 の DNA 結合ドメイン B3, SBP ファミリーの SPL4, SPL7 の DNA 結合ドメインの構造を決定した。

5. NMR 関連技術の高度化

(1) NMR 構造解析自動化 (Guntert, Lopez Mendes,

Paakkonen, 林 (意), 松田, Scott *3, Pantoja Uceda, Schmucki, Jee)

CANDID アルゴリズムを用いる自動 NOESY 帰属と構造計算のためのソフトウェア CYANA の Ver. 2.0 を完成させ, また自動 NOESY 帰属への新アルゴリズム展開を行った。

(2) NMR 解析技術の高度化 (木川, 小林 (直), 小柴, 栃尾, 中谷 *2, 横山 (茂))

NMR スペクトルデータの解析の自動化を目指して, 統合的なデータ解析環境を提供するソフトウェアパッケージである Kujira の開発を進めている。帰属速度の迅速化を主眼とした, Quick assign (QA) 法を開発した。スペクトルの質が高い 120 残基程度のサンプルに対して適用した場合, 数分以内に帰属は完了し, その正答率は極めて高かった。さらに, よりスペクトルの質が低いサンプルに対しても, 自動帰属の適用を目的として, 帰属精度の高さを主眼とした Simulated annealing (SA) 法を開発した。QA 法と SA 法を組み合わせる (QA-SA 法) ことにより, スペクトルの質が高くない 150 残基程度のサンプルに対して適用した場合, 十分以内に完了し, その正答率は十分に高い。QA-SA 法を繰り返し適用することにより, 帰属の正答率が向上した。

(3) NMR 計測技術の高度化 (前田, 高橋 (雅), 福崎, 菊地, 佐藤 (信) *6, 堀内 *6, 由本 *1, 長谷川 *6, 須藤 *6, 赤嶺 *6, 岡村 (哲) *2, 井上 (浩) *3, 横山 (茂))

極低温 NMR プローブ開発: 920 MHz NMR の 4 ケルビンプローブ開発の第 1 段階として, 500 MHz での 4 ケルビンプローブの開発を進めた。4 ケルビンに冷却することで, 従来の 30 ケルビン冷却のプローブより感度が数倍向上すると期待できる。冷却試験を行い, 極低温プローブ先端での温度安定性が得られた。プロトン選択, 重水素ロックのプローブを試作し, 室温での評価試験を実施した。

NMR の強磁場化技術: 1 GHz NMR スペクトロメータの開発に向けた NMR 磁石の開発で, 独立行政法人物質・材料研究機構に協力した。独立行政法人物質・材料研究機構の大口径 21 T 超伝導マグネットを使用し, 1 GHz NMR 磁石の発生磁場 23.5 T を目標とする超伝導磁石の製作を行った。内層のコイルは Nb₃Sn 超伝導線材と Bi-2223 高温超伝導線材で製作し, 最内層のコイルは Nb₃Al 超伝導線材で製作した (バックアップコイルの発生する 18 T の磁場下で, 内層コイルが 4.5 T, 最内層コイルが 1 T を負担する)。

さらに NMR 磁石の永久電流モード運転に不可欠な超伝導接続の開発を行った。今回は 1 GHz NMR 磁石最内層コイルの有力候補である Nb₃Al 線材について Nb₃Al 線と NbTi 線との超伝導接続の開発を行った。Nb₃Al 線材の接続部を特定のはんだと共に熱処理することにより線材表面にはんだをコートし, そののはんだを介して NbTi 線材と超伝導接続する新たな接続方法を開発し, 接続部の電圧-電流測定において磁場中 (~0.4 T) でも超伝導状態が保たれていることを確認した。

(4) 固体 NMR と ¹⁷O の利用 (山崎 (俊), 畑中, 西山, 山田, 高須, 横山 (茂))

観測対象の異方性相互作用を選択的に復活させるための照射磁場シーケンスを一般的に得る理論を導いた。観測対象の相互作用を決め, その回転変換依存性から, 照射磁場によるスピンの回転 (縦軸回りと横軸回り) の周期性を決

める（何種類かの周期性が選択される）。次に周期性の条件内でスピン回転軌道を滑らかな関数で展開し、直接照射磁場の強度と位相の時間関数を得た後に色々な相互作用が共存するスピン系を用いて、シミュレーションを行う。観測対象でない相互作用は小さければ、理論に基づき消されるが、ある程度大きいと観測を乱す。乱され方が小さいことを基準に選択する。また、低次のフーリエ成分によって、大まかな性質が決まる場合があることも理論的に得られているので、検索効率を飛躍的に向上させることができる。照射磁場の強度の変化に強いシーケンスを設計した。これにより正確に化学シフト異方性の大きさを決定でき、実験的にも設定が易しく、より正確な測定が可能となった。さらにスペクトルの特徴から解析が容易で、複数の信号が近くにあっても分離可能である。化学シフト異方性を信頼度高く測定することで原子団の構造的または化学的環境をより詳細に観測することができるようになった。

酸素 NMR：酸素核は生体分子の構造機能解明に重要であるにもかかわらず、NMR にとって難しい観測対象であり続けた。それは、4 極子核であるために、溶液中でも先鋭化しない大きな 4 極子相互作用があるためである。固体 NMR では、中心信号に限り観測可能な線幅になる。そこでタンパク質の原料になるアミノ酸に対して、観測可能な酸素 17 核でエンリッチする方法を開発した。ペプチド伸張に用いる反応を基礎に、酸素置換 ($^{16}\text{O} \rightarrow ^{17}\text{O}$) を行う反応を設計し、全てのアミノ酸に適応可能であることを確かめた。このアミノ酸は Fmoc アミノ酸であり、固相合成によってペプチドを作ることが容易である。今までデータの無い acid-free のアミノ酸のデータ取得を行っている。磁場が高くなると線幅が減少し、感度が向上していることが分かった。

6. タンパク質構造の応用

(1) 特定リガンドと相互作用するタンパク質の探索および構造（廣田、大貫、濱田（季）、片山（土居）、山崎（瑞）、浅沼、大橋（若）、阿部（孝）、鈴木（芳）^{*5}、藤原^{*1}、高崎^{*1}、安部^{*6}、篠原^{*6}、高橋（雅）^{*6}、矢野^{*6}、星^{*7}、永井^{*2}、松村（清）^{*3}、福沢^{*3}、横山（茂）

強い生物活性を有する海洋天然有機化合物や海洋付着生物幼生の変態誘起に関わるフェロモン様物質などのタンパク質・核酸・糖鎖・低分子等の広範な種類の化合物をリガンドとして用い、標的（あるいは受容体）タンパク質の探索およびその構造解析を広汎に行った。

(2) 立体構造に基づくリガンドスクリーニング研究（廣田、佐藤（万）、小野寺、大貫、濱田（季）、片山（土居）、安室、山崎（瑞）、犀川、吉谷^{*5}、久保^{*6}、酒井（美）^{*1}、樋口^{*6}、田仲、清水、中山（圭）、松本（武）、横山（茂）

タンパク質立体構造に基づく薬剤設計等を目的とし、140 ノード（280 CPU）PC クラスタシステム上に構築したハイスループット *in silico* スクリーニングシステムを運用し、43 種のタンパク質について約 100 万種の低分子化合物のスクリーニング（相互作用化合物の絞込み）を実施した。また、和光研究所情報基盤センターにおいて 512 CPU での試験走行を行った。

この *in silico* で選ばれた結合候補化合物について、表面プラズモン共鳴（SPR）法による *in vitro* スクリーニング

を実施し、当該タンパク質と強い分子間相互作用を示す低分子化合物を見いだした。また、菌類由来の約 20 種類のタンパク質については、*in silico* で選ばれた約 100 化合物について抗菌・抗カビ活性試験等も行い、新たな抗菌活性化化合物を得た。

重症急性呼吸器症候群（SARS）治療薬の早期開発を目指し、国立大学法人東京医科歯科大学および国立感染症研究所との共同研究を行った。SARS ウイルス由来タンパク質に当該システムによるスクリーニングを適用した結果から、ウイルスの増殖を阻害する薬剤物質の候補化合物（RIKEN00046）の発見に成功した。また、より阻害活性の強い類縁化合物も見いだした。今回発見された化合物は、ネルフィナビルに比べて SARS ウイルスの増殖を抑える効果が高く、しかも細胞に与える毒性はネルフィナビルに比べてかなり低いことが分かった。

(3) ホモロジーモデリング（廣田、佐藤（万）、高谷^{*1}、荒井^{*1}、梅山^{*7}、岩館^{*2}、横山（茂）

北里大学薬学部で開発された FAMS を搭載したパソコン 50 台からなるクラスター「genefams」を構築し、RSGI より決定された立体構造を入力としてホモロジーモデリングによる全ゲノムを対象としたモデル構造の決定を試みている。

(4) タンパク質の機能解析（廣田、齋藤（一）、浅沼、青島、宮内（武内）、犀川、吉谷^{*5}、高木、Tokmakov、寺澤、志田^{*1}、坂本（恵）、上條（俊）^{*2}、川井（正）^{*3}、福沢^{*3}、朽津^{*2}、横山（茂）

MALDI 型の質量分析法において、ターゲットプレート（試料塗布台）上での試料/マトリックスの共結晶化条件の最適化等を検討し、夾雑物存在下でも効率的にタンパク質をイオン化させる方法を見いだした。キャピラリー電気泳動（CE）法において、標的タンパク質に結合するペプチド性リガンドの探索を通してスクリーニング系の構築を試み、良好な結果を得た。表面プラズモン共鳴（SPR）法において、タンパク質固定化方法の改良・リガンド化合物溶液のロボティクスによる調製・親和性測定結果の評価法などの検討の結果、結合する低分子化合物の高効率スクリーニング系確立と、標的タンパク質に対し 100 近くの低分子化合物のスクリーニングを数日で行うなどの期間短縮を可能とした。新たな解析手法としては、エバーネッセント光を利用する二面偏波式干渉法（DPI）を用いた膜タンパク質の分子間相互作用解析法の確立を行い、基礎的データを取得した。

7. 応用化プロテオミクス

(1) 疾病関連・創薬関連タンパク質選択・優先順位付け（田仲、森、藤井、鶴、河村、菅野（純）^{*7}、横山（茂）

(i) Medically Hot (MH) ターゲット

MH ターゲット選定では、現在までのところ、Medically Hot な創薬ターゲットまたは創薬ターゲットに関連するタンパク質（MH seed (MHS)）を、約 700 ターゲット収集した。次に MHS に相互作用する、または MHS のタンパク質が所属するパスウェイ上で直接 MHS に作用しているタンパク質（MH related (MHR)）を、MedTAKMI 等を利用、検索して、約 600 ターゲットを収集した。さらにこれらを疾患等のカテゴリとして、感染症、免疫・造血疾患、脳・神経疾患、糖尿病等栄養疾患、がん・白血病、循

環器疾患，肝臓・胆道・腎疾患，呼吸器・消化器疾患，内分泌疾患，その他，の主に10種に分類した。

(ii) 免疫・アレルギー科学総合研究センター (RCAI) 共同研究ターゲット

理研 RCAI との広汎な協力体制を構築し，重要免疫関連ターゲットタンパク質のリストアップを行った。現在2,697のターゲットがあがっており，ここから約100のターゲットを選択して構造・機能解析を重点的に進める予定である。

(iii) 属性データベースについて

共同研究対象クローンや，当研究グループ保有クローンの把握を目的とした属性データベースの作成を行った。まず，swiss-prot，pir-psd (validatedのみ)，RefSeq (reviewed, validatedのみ) の公共データベース由来の信頼度の高い，ヒトおよびマウス由来のアミノ酸配列のデータセットを作成した。この公共データベースデータセットに対して，上記で選択したターゲットや，保有のヒト，マウスクローン，各々のアミノ酸配列のデータセットの相同性比較を実行し，データベース作成を行った。

(2) 計算プロテオミクス (松尾，川尻，櫻井，葉袋^{*6}，佐藤 (一)^{*6}，佐藤 (朋)^{*1}，田中 (克)^{*6}，水原^{*6}，平松^{*6}，藤井^{*6}，松井^{*6}，堀江^{*6}，Gready^{*3}，横山 (茂))

タンパク質機能を制御する低分子薬剤をタンパク質立体構造データに基づき設計するための方法の開発，および関連する応用課題に取り組んだ。

分子ドッキング手法を用いた *in silico* プロテオーム規模親和性フィンガープリンティング：構造プロテオミクスの進展により，*in silico* でのプロテオーム規模親和性フィンガープリンティングをタンパク質立体構造データに基づき行うことが可能になりつつある。今回，そのような立体構造データに基づく *in silico* アプローチの可能性を評価するために，構造既知タンパク質に対する既存低分子薬剤の親和性を分子ドッキング手法により網羅的に評価した。

既知親和性データに基づく *in silico* プロテオーム規模親和性フィンガープリンティング：*In silico* プロテオーム規模親和性フィンガープリンティングを，既知高親和性データベースに基づき行った。本アプローチにより，実験的手法あるいは分子ドッキング等の計算手法でさらに詳細に親和性を吟味すべきタンパク質・低分子の対を広範囲に収集すること (親和性スクリーニング) が可能となる。

タンパク質表面領域間類似性を高速に検出する方法の開発：タンパク質の全体的な構造 (フォールド) が異なっても，幾何学的・物理化学的に類似した原子配置を持つ領域が表面に存在すれば，それらの領域は化合物に対して同様の親和性パターンを示すと考えられる。そこで，タンパク質の表面領域間の類似性を検出するための方法を開発した。本手法は，2つの与えられたタンパク質表面領域に対して，原子間の最適な対応付け (最適原子アラインメント) と領域間類似性スコアを与える。本手法に基づくプログラムを C++ 言語を用いて実装した。パラメタの最適化，および実装の最適化により，その数十倍程度の高速化は容易に達成されると見込まれる。現在，パラメタ最適化を含め方法の改良を継続している。また，グリッドコンピューティングプロジェクトを利用した構造既知全タンパク質に対する適用を開始した。

(3) 応用化 (田仲，松本 (武)，野田，磯田，小川，清水，

平池，中山 (圭)，小笠，藤井，森，百々，鶴，河村，上條 (加)，横山 (茂))

(i) パートナー共同研究

本年度は，タンパク 3000 プロジェクトの成果を産業界へ効率よく移転することを目指して，昨年度に制度設計を進めた「新規プロテオーム創薬共同研究制度 (パートナー制度)」の運用を開始した。パートナー制度参加企業に対して，創薬活動の面からみて有用と考えられるタンパク質のうち，発現が成功，構造解析が成功したタンパク質に関する情報を，VPN，SSL 技術を用いて，情報漏洩の危険を回避したネットワーク上で提示した。

(A) 発現成功タンパク質情報の提示

本年度，発現に成功したタンパク質のうち，2ヶ月ごとに96個，計480個を提示した。発現成功タンパク質の開示情報は，契約書に記載するタンパク質 ID，アミノ酸配列 (全長，ドメイン)，cDNA の生物種，タンパク質発現時の可溶性，提供可能タンパク質標品の種類，3mg 合成時の価格，供給量上限，配列相同性の高いタンパク質名 (全長，ドメイン) とした。我々が入手した cDNA 資源 (ヒト，マウス) を用いてタンパク質合成を行い，タンパク質発現の結果が良好であったものを提示した。その内訳は，マウス由来タンパク質が235個，ヒト由来タンパク質が245個であり，がん関連が39%，脳・神経疾患関連が18%，免疫疾患関連が15%，循環器疾患関連が5%，糖尿病関連が5%，その他18%であった。

(B) 構造解析成功タンパク質情報の提示

本年度，構造解析に成功したタンパク質の中から計37タンパク質を選出し，その情報をパートナー企業に提示した。構造解析成功タンパク質の開示情報は，発現成功タンパク質情報と同様の内容に加え，当該タンパク質の生物学的特徴や構造上の特徴に関する説明と得られた座標を元に作成したりボン図とした。提示タンパク質は，NMR 法および X 線結晶回折法により構造解析を実施したマウスおよびヒト cDNA クローン由来タンパク質のうち，パートナー企業に *in silico* スクリーニング等に使用可能な座標が2ヵ月程度で提供可能になると判断されたものを主対象にした。その内訳は，ヒト由来タンパク質が29個，マウス由来タンパク質が8個であり，がん関連が延べ26タンパク質で約7割を占め，その他は，免疫関連，感染症関連などであった。

(ii) cDNA 資源の整備

当研究グループ保有のヒト cDNA クローンのうち，かずさ DNA 研究所由来2,600件，TOYOBO 社由来1,500件および東京大学医科学研究所由来4,000件について，かずさ DNA 研究所の協力を得て，GeneMark または bl2seq により予測した CDS 領域から翻訳されるアミノ酸配列について，既知のアミノ酸配列 (RefSeq/UniProt) との相同性比較を行った。GenBank/EMBL/DDBJ に登録されている既知遺伝子と一致しないアミノ酸配列を選別し，約2,321件を新規配列として DDBJ 登録を行った。

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

We have organized, in collaboration with Harima Institute at SPring-8, the RIKEN Structural Genomics/Proteomics Initiative (RSGI) and have been carrying out the program for comprehensive studies of the National Project on Protein Structural and Functional Analyses (NPPSFA or Protein 3000) supported by the Ministry of Education, Culture, Sports, Science, and Technology (MEXT). Our main aim is to elucidate the structures and functions of proteins involved in biologically and medically important phenomena, and to develop methods for optimized operations. Many technological bases, including the cell-free protein synthesis method, integrated NMR analysis system, and advanced X-ray crystallography, facilitate high-throughput structural determinations. By coupling structure analysis with in silico screening, chemical compounds that bind to the proteins are found and optimized using the protein structures, and patent applications have been filed to contribute to industrial applications such as drug development. We also try to establish more advanced and standardized methods to analyze proteins of difficulties such as low solubility, lipid binding, and huge molecular weight.

Research Subjects

1. Protein function
2. Protein preparation screening
3. NMR technology
4. Computational proteomics
5. Stable isotopes
6. Large-scale protein preparation
7. Protein synthesis technology
8. Applied proteomics
9. NMR spectroscopy
10. Protein structure

Staff

Project Director

Dr. Shigeyuki YOKOYAMA

Deputy Project Director

Dr. Hiroshi HIROTA

Team Leader

Dr. Hiroshi HIROTA (Protein Function Team)
Dr. Takanori KIGAWA (Protein Preparation Screening Team)
Dr. Hideaki MAEDA (NMR Technology Team)
Dr. Yo MATSUO (Computational Proteomics Team)
Dr. Yutaka MUTO (Stable Isotopes Team)
Dr. Mikako SHIROUZU (Large-scale Protein Preparation Team)
Dr. Kensaku SAKAMOTO (Protein Synthesis Technology Team)
Dr. Akiko TANAKA (Applied Proteomics Team)
Dr. Toshio YAMAZAKI (NMR Spectroscopy Team)

Dr. Shigeyuki YOKOYAMA (Protein Structure Team)

Senior Scientist

Dr. Yoshitaka BESSHO
Dr. Peter GUNTERT
Dr. Fumiaki HAYASHI
Dr. Hiroaki IMATAKA
Dr. Tomonari MURAMATSU
Dr. Takehisa MATSUMOTO
Dr. Yoshimi OTA
Dr. Balasundaram PADMANABHAN
Dr. Kazuki SAITO
Dr. Takaho TERADA

Special Postdoctoral Researcher

Dr. Wataru KAGAWA
Dr. Ryo KITAHARA
Dr. Yoshihiro SUZUKI
Dr. Naoei YOSHITANI

Research Scientist

Dr. Masaaki AOKI
Dr. Ryoichi ARAI
Dr. Yukiko DOI-KATAYAMA
Dr. Yoshifumi FUJII
Dr. Toshiyuki HAMADA
Dr. Noriko HANDA
Dr. Minoru HATANAKA
Dr. Fahu HE
Dr. Makoto INOUE
Dr. Yutaka ITO
Dr. Yuji KAMATARI
Dr. Jun KIKUCHI
Dr. Yong-Tae KIM
Dr. Takashi KINEBUCHI
Dr. Seiichiro KISHISHITA
Dr. Naohiro KOBAYASHI
Dr. Seizo KOSHIBA
Dr. Mutsuko KUKIMOTO-NIINO
Dr. Blanca LOPEZ MENDEZ
Dr. A.Z.M. RUFUL MOMEN
Dr. Nobukazu NAMEKI
Dr. Satoshi OHNISHI
Dr. Hiroyuki ONUKI
Dr. Paul REAY
Dr. Kohei SAITO
Dr. Hiroaki SAKAI
Dr. Kazuhito SATOU
Dr. Tetsuo TAKAGI
Dr. Chie TAKEMOTO
Dr. Alexander Alexandrovich TOKMAKOV
Dr. Motoaki WAKIYAMA
Dr. Satoru WATANABE
Dr. Takashi YABUKI
Dr. Huiping ZHANG

Research Associate

Dr. Leslie J. R. BESTILNY
Dr. Namthip CHUMPOLKULWONG
Dr. Emily Siobhan COLLINS
Dr. Weirong DANG
Dr. Yoshihisa FUKAI
Dr. Tomokazu FUKUZAKI
Dr. Sumiko GOMI
Dr. Alexander GORONCY
Dr. Kyoko HANAWA-SUETSUGU
Dr. Takushi HARADA
Dr. Toshiaki HOSAKA
Dr. IHSANAWATI
Dr. Kyoko INOUE
Dr. Takuhiro ITO
Dr. Bestilny L. JAMES
Dr. JunGoo JEE
Dr. Tatsuya KAMINISHI
Dr. Rie KAWAI
Dr. Michiko KIMOTO
Dr. Aya KITAMURA
Dr. Hua LI
Dr. Yi-Jan LIN
Dr. Andres D. MALAY ALI
Dr. Tomoki MATSUDA
Dr. Satoshi MIKAMI
Dr. Kazuhide MIYAMOTO
Dr. Eiichi MIZOHATA
Dr. Toshio NAGASHIMA
Dr. Takashi NAGATA
Dr. Rika NAKAMURA
Dr. Yoshihiro NAKAMURA
Dr. Tamiji NAKANISHI
Dr. Kazumi NAKANO
Dr. Tara Nath NIRLA
Dr. Yusuke NISHIYAMA
Dr. Noboru OHSAWA
Dr. Hiromi OKUMURA
Dr. Kenji ONODERA
Dr. Kimmo PAAKKONEN
Dr. David PANTOJA UCEDA
Dr. Augen Austin PIOSZAK
Dr. Xu-rong QIN
Dr. Toru SENGOKU
Dr. Kazumi SHIMONO
Dr. Tatsuhiko SOMEYA
Dr. Tetsuya SUETAKE
Dr. Masato TAKAHASHI
Dr. Akitsugu TAKASU
Dr. Mitsutoshi TOYAMA
Dr. Takashi UMEHARA
Dr. Hongfei WANG
Dr. Kazuhiko YAMADA
Dr. Tatsuo YANAGISAWA
Dr. Chenhua ZHAO

Junior Research Associate

Mr. Takuma KASAI

Senior Technical Scientist

Dr. Sumiro ISODA
Dr. Kohki NODA
Ms. Mayumi YOSHIDA

Technical Scientist

Mr. Ryogo AKASAKA
Ms. Yukiko FUJIKURA
Ms. Yoko HARADA
Ms. Tomoko NAKAYAMA
Mr. Takayoshi MATSUDA
Ms. Naoko OGAWA
Mr. Tadashi OGAWA
Ms. Eiko SEKI
Mr. Naoya TOCHIO

Technical Staff

Mr. Takamasa ABE
Mr. Masato AOSHIMA
Ms. Miwako ASANUMA
Mr. Eisuke CHIKAYAMA
Mr. Hiroshi ENDO
Ms. Rima ENOMOTO
Ms. Atsuko FUJII
Ms. Norie FUJIKAWA
Ms. Mie GOTO
Mr. Hiroaki HAMANA
Ms. Reiko HATTA
Ms. Akiko HAYASHI
Ms. Machiko HIRAFUJI-YAMAGUCHI
Mr. Yasuhiko HIRAIKE
Ms. Fumiko HIROYASU
Ms. Miki IDAKA
Mr. Masaomi IKARI
Ms. Kanako INADOME (KUWASAKO)
Ms. Mio INOUE
Ms. Kaori ITO
Mr. Kenya IZUMI
Ms. Ako KAGAWA
Ms. Yuki KAMEWARI
Mr. Satoshi KAMO
Ms. Miyuki KATO-MURAYAMA
Mr. Toshiharu KAWAJIRI
Mr. Masahito KAWAZOE
Mr. Atsuo KOBAYASHI
Ms. Chisato KUROSAKI
Mr. Atsushi KUROTANI
Ms. Mamiko MASUTANI
Ms. Natsuko MATSUDA
Ms. Eiko MATSUMOTO
Ms. Chiemi MISHIMA
Mr. Yukako MIYATA

Ms. Masumi MORI
Ms. Yoko MOTODA
Ms. Kayoko NAGASHIMA
Mr. Keitaro NAKAYAMA
Ms. Ryoko NAKAYAMA-USHIKOSHI
Ms. Madoka NISHIMOTO
Ms. Chiaki OGASA
Mr. Hideo OGISO
Ms. Wakana OHASHI
Ms. Naomi OHBAYASHI
Ms. Kumi OTSUKA
Ms. Miyuki SAITO
Ms. Wakana SAIKAWA
Ms. Noriko SAKAGAMI
Ms. Ayako SAKAMOTO
Mr. Wataru SAKURAI
Mr. Akira SATO
Ms. Rie SHIBATA
Ms. Naoko SHINYA
Ms. Ayako TATSUGUCHI
Ms. Maki S-TAWARAMOTO
Ms. Kyoko SEIMIYA
Ms. Tomoko SHIMIZU
Ms. Sakura SUZUKI
Ms. Noriko TAKEUCHI
Ms. Yumiko TERAZAWA
Ms. Hiroko TOCHIO-UDA
Mr. Tadashi TOMIZAWA
Ms. Yasuko TOMO
Mr. Kengo TSUDA
Ms. Keiko TSUGANEZAWA
Ms. Megumi WATANABE
Ms. Emi YAMAGUCHI-SHITA
Ms. Mizue YAMAZAKI
Ms. Satoko YASUDA
Mr. Kenichi YASUMURO
Ms. Misao YONEYAMA

Assistant

Mr. Taku KAMADA
Ms. Michi KASHIDA
Ms. Takako NAKAJIMA
Ms. Yuki SAITO
Ms. Tomoe SHIOZAWA
Ms. Mitsue SUNADA
Ms. Midori TAMADA
Ms. Naoko TOKUWAME

Contract Staff

Mr. Taizou ABE
Mr. Takeshi ABE
Mr. Tetsuo ABE
Mr. Katsuo ASAKURA
Mr. Masamichi FUJINAMI
Ms. Hiromi FUNAKI

Ms. Rumi HAGINO
Mr. Seiichi HASHIZU
Mr. Shinichi HINO
Mr. Mitsuyoshi ISHIKAWA
Mr. Satoshi KAMINO
Mr. Hironori KAWAHARA
Mr. Norikazu KUMAGAI
Mr. Akimitsu MORITANI
Mr. Takayuki NAGASE
Mr. Kazuhito NAKANO
Mr. Nobuaki NEMOTO
Mr. Hirofumi NISHIKAWA
Mr. Hisayoshi OBI
Mr. Ryo OGAWA
Mr. Yuichi OKUBO
Mr. Jiro ONO
Mr. Hitoshi SAITO
Mr. Shinya SAITO
Mr. Jun SASAKI
Ms. Kazumi SHOGAMINE
Ms. Chie TOKONAMI
Mr. Norio Tabei
Mr. Atsushi TAKANO
Ms. Haruna TAKIGAWA
Mr. Junichi TOKUYA
Mr. Kazuhiko TSURUSE
Mr. Akihiko UDAGAWA
Mr. Katsunori YAMADA
Mr. Ryo YAMAGUCHI
Mr. Akihiko YAMAMOTO
Mr. Makoto YASUDA
Mr. Masato YOKOTE
Ms. Naomi ZENGE

Agent Employee

Ms. Eru ADACHI
Ms. Mari AOKI
Ms. Sanae DODO
Ms. Naoko ENDO
Ms. Yuka ETO
Ms. Takako FUJIMOTO
Ms. Miho FUKUDA
Ms. Emiko FUSATOMI
Mr. Kazuharu HANADA
Ms. Yoshie HASHIMOTO
Ms. Kyoko HIGASHIJIMA
Ms. Mari HIRATO
Ms. Keiko HONDA
Ms. Fumie IRAHA
Mr. Toshiki IWASAKI
Ms. Ikue IWASHIMA
Ms. Rieko IWASA
Ms. Miho IZAWA
Mr. Keita IZUMI
Ms. Yoko KAITSU

Ms. Kazue KAMIJO
Ms. Tomomi KAMO-UCHIKUBO
Mr. Kazushige KATSURA
Ms. Yumi KAWAMURA
Ms. Sayaka KAWASAKI
Ms. Akiko KIKUCHI
Ms. Yukiko KINOSHITA
Ms. Tami KOSUGE
Ms. Tomoko KUDO
Mr. Toshiyuki KURANISHI
Ms. Kazuko MAEKAWA
Ms. Mamiko MASUTANI
Ms. Tomoko MATSUMOTO
Mr. Taichi MISHIMA
Ms. Toshiko MITSUHASHI
Ms. Kyoko MORITA
Mr. Satoshi MORITA
Ms. Keiko NAGANO
Ms. Ayumi NAGATA
Ms. Naoko NAKAJIMA
Ms. Kaori NAKAYAMA
Mr. Yuji NISHIMURA
Ms. Aya NISHINO
Ms. Reika OKAMOTO
Ms. Kimiko OOTUKA
Ms. Yumi OTTA
Ms. Yumi SAITO
Ms. Keiko SAKAMOTO
Ms. Miyoko SAKAMOTO
Mr. Tsuyoshi SAKURAI
Ms. Aya SASAGAWA
Ms. Manami SATO
Ms. Miyuki SATO
Ms. Toshiko SATO
Ms. Akiko SATOU
Ms. Maria SCHARLOCK
Mr. Roland SCHMUCKI
Ms. Natsumi SUZUKI
Ms. Midori TAKAHARA
Mr. Hideaki TANAKA
Ms. Sayaka TOJO
Ms. Yuri TOMABECHI
Ms. Yuuri TSUBOI
Ms. Norika TSURU
Ms. Mieko UENO
Ms. Akiko URUSHIBATA
Ms. Keiko USUI
Mr. Masatoshi WAKAMORI
Ms. Kiyomi YAJIMA
Mr. Hiroaki YAMAGUCHI
Ms. Mioko YAMAGUCHI
Ms. Yoko YAMAGUCHI
Ms. Akiko YAMAMOTO
Mr. Yuki YAMAUCHI
Ms. Shoko YASHIRO

Ms. Seiko YOSHIKAWA
Ms. Kaori YOSHIKAWA

Part Timer

Ms. Sonoe ICHINOSE
Ms. Junko KANEKO
Ms. Kaeko KIDA
Ms. Hiroko KOGA
Ms. Kasumi KURIHARA
Ms. Hiromi SUZUKI
Ms. Keiko TAKAHASHI

Visiting Members

Dr. Seketsu FUKUZAWA (Univ. Tokyo)
Dr. Jill Elizabeth GREASY (Australian Natl. Univ., Australia)
Dr. Suming HU (Acad. Sinica Inst. Biol. Chem., Taiwan)
Dr. Shuji IKEDA (Univ. Tokyo)
Dr. Koji INAKA (Maruwa Food Ind., Inc.)
Mr. Koji INOUE (Kobe Steel, Ltd.)
Dr. Daisuke KANENO (Univ. Tokyo)
Dr. Masato KATAHIRA (Yokohama City Univ.)
Dr. Koichi KATO (Nagoya City Univ.)
Dr. Gota KAWAI (Chiba Inst. Technol.)
Dr. Masao KAWAI (Nagoya Inst. Technol.)
Dr. Shunichi KIDOKORO (Nagaoka Univ. Technol.)
Dr. Reiko KOBAYAKAWA (HAYASHI) (Univ. Tokyo)
Dr. Kiyotaka MATSUMURA (Cen. Res. Inst. Electr. Power Ind.)
Dr. Tsuneo MITSUI (Univ. Tokyo)
Dr. Joseph Daniel PUGLISI (Stanford Univ., USA)
Dr. Julia Anna SCOTT (Univ. Utah, USA)
Dr. Heisaburo SHINDO (Tokyo Univ. Pharm. Life Sci.)
Dr. Kunitsugu SODA (Nagaoka Univ. Technol.)
Dr. Shigeru SUGIYAMA (Maruwa Food Ind., Inc.)
Dr. Sakurako TASHIRO (Tokyo Univ. Pharm. Life Sci.)
Dr. Satoru UNZAI (Yokohama City Univ.)
Dr. Kazuhiko YAMASAKI (Natl. Inst. Adv. Ind. Sci. Technol.)
Dr. Jun YOKOYAMA (Taiyo Nippon Sanso Corp.)
Dr. Hui-chung Joanna WU (Acad. Sinica Inst. Biol. Chem., Taiwan)
Dr. Ichiro HIRAO (Univ. Tokyo)
Dr. Motonori HOSHI (Keio Univ.)
Dr. Fuyuhiko INAGAKI (Univ. Hokkaido)
Dr. Yuji KOBAYASHI (Osaka Univ.)
Dr. Seiki KURAMITSU (Osaka Univ.)
Dr. Yoshifumi NISHIMURA (Yokohama City Univ.)
Dr. Masahiro SHIRAKAWA (Kyoto Univ.)
Dr. Sumio SUGANO (Univ. Tokyo)
Dr. Hideaki UMEYAMA (Kitasato Univ.)
Dr. John Frederick HALL (De Montfort Univ., UK)
Dr. Hideki HATANAKA (Kyusyu Univ.)
Dr. Mitsuo IWADATE (Kitasato Univ.)
Dr. Shunsuke KAMIJO (Univ. Tokyo)

Dr. Palangpon KONGSAEREE (Mahidol Univ., Thailand)
Dr. Kazuyuki KUCHITSU (Tokyo Univ. Sci.)
Dr. Yutaka KURODA (Tokyo Univ. Agric. Technol.)
Dr. Hitoshi KURUMIZAKA (Waseda Univ.)
Dr. Kazutaka MURAYAMA (Tohoku Univ.)
Dr. Hiroshi NAGAI (Tokyo Univ. Fisheries)
Dr. Eiichi NAKATANI (Jpn. Sci. Technol. Agency)
Dr. Osamu NUREKI (Tokyo Inst. Technol.)
Dr. Tetsuji OKAMURA (Tokyo Inst. Technol.)
Dr. Sam-Yong PARK (Yokohama City Univ.)
Dr. Shunichi SEKINE (Univ. Tokyo)
Dr. Jeremy Robin Howard TAME (Yokohama City Univ.)
Dr. Masayuki YAMAMURA (Tokyo Inst. Technol.)

Trainees

Mr. Satoshi ABE (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Kenji AKAMINE (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Masakazu AOKI (Fac. Sci. Technol., Tokyo Univ. Sci.)
Mr. Ryoichi ARAI (Grad. Sch. Pharm. Sci., Kitasato Univ.)
Ms. Haruka ARAKI (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Ms. Rebecca COLE (Mol. Biophys. Group, CCLRC Daresbury Lab., UK)
Mr. Youhei FUJII (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Takeshi FUJIWARA (Grad. Sch. Ocean Sci., Tokyo Univ. Marine Sci. Technol.)
Mr. Ryuya FUKUNAGA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Tomohiro HASEGAWA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Motoyuki HATTORI (Fac. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Yuichiro HIGUCHI (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Nobumasa HINO (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Toshiaki HIRAKI (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Rei HIRAMATSU (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Ms. Ariko HORIE (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Takashi HORIUCHI (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Ms. Yumeno INOMATA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Ryohei ISHII (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Ms. Yoko ITO (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Wataru IWASAKI (Fac. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Atsushi IZUMI (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Moon-Il KANG (Grad. Sch. Compr. Hum. Sci., Univ. Tsukuba)
Mr. Hiroyuki KISHIDA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Takatsugu KOBAYASHI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Satoru KUBO (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Ms. Tomoko KUBOTA (Fac. Sci. Technol., Tokyo Univ. Sci.)
Mr. Mitsuo KURATANI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Kensuke MATSUI (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Ryoichi MINAI (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Masahiro MIZUHARA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Kenji MIZUTANI (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Naoki NAGASHIMA (Grad. Sch. Sci. Eng., Waseda Univ.)
Ms. Akiho NAKAMURA (Fac. Phys. Sci. Eng., Meisei Univ.)
Ms. Anri NAKAMURA (Sch. Sci. Eng., Tokyo Denki Univ.)
Mr. Masato OHARA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Tomoyuki OKAJIMA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Katsuhiko OKUBO (Interdiscip. Grad. Sch. Sci. Eng., Tokyo Inst. Technol.)
Ms. Mie SAKAI (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Naoyuki SARAI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Hiroshi SASAKI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Ms. Atsuko SATO (Fac. Sci., Jpn. Women's Univ.)
Mr. Kazuo SATO (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Tomohiro SATO (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Shinji SATOU (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Ms. Meiri SHIDA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Ms. Asami SHINOHARA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Ms. Kanako SUGIYAMA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Michitaka SUTO (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Mr. Shunsuke TAGAMI (Fac. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Kazuma TAKADA (United Grad. Sch. Agric. Sci., Iwate Univ.)
Mr. Masamichi TAKAHASHI (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
Ms. Azusa TAKASAKI (Grad. Sch. Marine Sci. Tech-

nol., Tokyo Univ. Marine Sci. Technol)
 Mr. Daisuke TAKAYA (Sch. Pharm. Sci., Kitasato Univ.)
 Mr. Yoshimasa TAKIZAWA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
 Mr. Hiroaki TANABE (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
 Mr. Yoshinori TANAKA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
 Mr. Yusuke TSUBOTA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
 Ms. Naoko TSUCHIYA (Inst. Ind. Sci., Univ. Tokyo)
 Mr. Masahiro WATANABE (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
 Mr. Kazuyuki YANO (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
 Mr. Masato YASUDA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
 Ms. Aya YOKOYAMA (Fac. Sci., Yokohama City Univ.)
 Mr. Takeshi YOKOYAMA (Grad. Sch. Integr. Sci., Yokohama City Univ.)
 Ms. Fumi YOSHIMOTO (Interdiscip. Grad. Sch. Sci. Eng., Tokyo Inst. Technol.)

誌 上 発 表 Publications

[雑誌]

(原著論文) *印は査読制度がある論文

- Mishima M., Takayama S., Sasaki K., Jee J., Kojima C., Isogai A., and Shirakawa M.: "Structure of the male determinant factor for *Brassica* self-incompatibility", *J. Biol. Chem.* **278**, 36389–36395 (2003). *
- Sunami T., Kondo J., Hirao I., Watanabe K., Miura K., and Takenaka A.: "Structure of d(GCGAAAGC) (hexagonal form): a base-intercalated duplex as a stable structure", *Acta Cryst. D* **60**, 90–96 (2004). *
- Sunami T., Kondo J., Hirao I., Watanabe K., Miura K., and Takenaka A.: "Structures of d(GCGAAGC) and d(GCGAAAGC) (tetragonal form): a switching of partners of the sheared G-A pairs to form a functional G-A × A-G crossing", *Acta Cryst. D* **60**, 422–431 (2004). *
- Vassilyeva M. N., Perederina A., Svetlov V., Yokoyama S., Artsimovitch I., and Vassilyev D. G.: "Cloning, expression, purification, crystallization and initial crystallographic analysis of transcription factor DksA from *Escherichia coli*", *Acta Cryst. D* **60**, 1611–1613 (2004). *
- Fukunaga R. and Yokoyama S.: "Crystallization and preliminary X-ray crystallographic study of the editing domain of *Thermus thermophilus* isoleucyl-tRNA synthetase complexed with the pre- and post-transfer editing-substrate analogues", *Acta Cryst. D* **60**, 1900–1902 (2004). *
- Fukunaga R. and Yokoyama S.: "Crystallization and preliminary X-ray crystallographic study of Leucyl-tRNA synthetase from the archaeon *Pyrococcus horikoshii*", *Acta Cryst. D* **60**, 1916–1918 (2004). *
- Hirao I., Harada Y., Nojima T., Osawa Y., Masaki H., and Yokoyama S.: "In vitro selection of RNA aptamers that bind to colicin E3 and structurally resemble the decoding site of 16S ribosomal RNA", *Biochemistry* **43**, 3214–3221 (2004). *
- Ogiso H., Kagi N., Matsumoto E., Nishimoto M., Arai R., Shirouzu M., Mimura J., Fujii-Kuriyama Y., and Yokoyama S.: "Phosphorylation analysis of 90 kDa heat shock protein within the cytosolic arylhydrocarbon receptor complex", *Biochemistry* **43**, 15510–15519 (2004). *
- Chikayama E., Kurotani A., Kuroda Y., and Yokoyama S.: "ProteoMix: an integrated and flexible system for interactively analyzing large numbers of protein sequences", *Bioinformatics* **20**, 2836–2838 (2004). *
- Endo M., Mitsui T., Okuni T., Kimoto M., Hirao I., and Yokoyama S.: "Unnatural base pairs mediate the site-specific incorporation of an unnatural hydrophobic component into RNA transcripts", *Bioorg. Med. Chem. Lett.* **14**, 2593–2596 (2004). *
- Hirao I., Fujiwara T., Kimoto M., and Yokoyama S.: "Unnatural base pairs between 2- and 6-substituted purines and 2-oxo(1H)pyridine for expansion of the genetic alphabet", *Bioorg. Med. Chem. Lett.* **14**, 4887–4890 (2004). *
- Kimoto M., Yokoyama S., and Hirao I.: "A quantitative, non-radioactive single-nucleotide insertion assay for analysis of DNA replication fidelity by using an automated DNA sequencer", *Biotechnol. Lett.* **26**, 999–1005 (2004). *
- Artsimovitch I., Patlan V., Sekine S., Vassilyeva M. N., Hosaka T., Ochi K., Yokoyama S., and Vassilyev D. G.: "Structural basis for transcription regulation by alarmone ppGpp", *Cell* **117**, 299–310 (2004). *
- Perederina A., Svetlov V., Vassilyeva M. N., Tahirov T., Yokoyama S., Artsimovitch I., and Vassilyev D. G.: "Regulation through the secondary channel: Structural framework for ppGpp-DksA synergism during transcription", *Cell* **118**, 297–309 (2004). *
- Takizawa Y., Kinebuchi T., Kagawa W., Yokoyama S., Shibata T., and Kurumizaka H.: "Mutational analyses of the human Rad51-Tyr315 residue, a site for phosphorylation in leukaemia cells", *Genes Cells* **9**, 781–790 (2004). *
- Hirao I., Harada Y., Kimoto M., Mitsui T., Fujiwara T., and Yokoyama S.: "A two-unnatural-base-pair system toward the expansion of the genetic code", *J. Am. Chem. Soc.* **126**, 13298–13305 (2004). *
- Sakamoto K., Ishimaru S., Kobayashi T., Walker J. R., and Yokoyama S.: "The *Escherichia coli* argU10(Ts) phenotype is caused by a reduction in the cellular level of the argU tRNA for the rare codons AGA and AGG", *J. Bacteriol.* **186**, 5899–5905 (2004). *
- Arai R., Ito K., Wakiyama M., Matsumoto E., Sakamoto A., Eto Y., Otsuki M., Inoue M., Hayashizaki Y.,

- Miyagishi M., Taira K., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Establishment of stable hFis1 knockdown cells with an siRNA expression vector”, *J. Biochem.* **136**, 421–425 (2004). *
- Kobayashi S., Masui R., Yokoyama S., Kuramitsu S., and Takagi H.: “A novel metal-activated L-serine O-acetyltransferase from *Thermus thermophilus* HB8”, *J. Biochem.* **136**, 629–634 (2004). *
- Okubo S., Hara F., Tsuchida Y., Shimotakahara S., Suzuki S., Hatanaka H., Yokoyama S., Tanaka H., Yasuda H., and Shindo H.: “NMR structure of the N-terminal domain of SUMO ligase PIAS1 and its interaction with tumor suppressor p53 and A/T-rich DNA oligomers”, *J. Biol. Chem.* **279**, 31455–31461 (2004). *
- Randau L., Schauer S., Ambrogelly A., Salazar J. C., Moser J., Sekine S., Yokoyama S., Soll D., and Jahn D.: “tRNA recognition by glutamyl-tRNA reductase”, *J. Biol. Chem.* **279**, 34931–34937 (2004). *
- Enomoto R., Kinebuchi T., Sato M., Yagi H., Shibata T., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: “Positive role of the mammalian TBPIP/HOP2 protein in DMC1-mediated homologous pairing”, *J. Biol. Chem.* **279**, 35263–35272 (2004). *
- Yoshihara S., Ohga T., Nakagawa N., Shibata T., Inoue Y., Yokoyama S., Kuramitsu S., and Masui R.: “Structural insights into the *Thermus thermophilus* ADP-ribose pyrophosphatase mechanism via crystal structures with the bound substrate and metal”, *J. Biol. Chem.* **279**, 37163–37174 (2004). *
- Scott J. A., Pantoja-Uceda D., Koshihara S., Inoue M., Kigawa T., Terada T., Shirouzu M., Tanaka A., Sugano S., Yokoyama S., and Guentert P.: “NMR assignment of the SH2 domain from the human feline sarcoma oncogene FES”, *J. Biomol. NMR* **30**, 463–464 (2004). *
- Yamasaki K., Kigawa T., Inoue M., Tateno M., Yamasaki T., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Nunokawa E., Ishizuka Y., Terada T., Shirouzu M., Osanai T., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., and Yokoyama S.: “A novel zinc-binding motif revealed by solution structures of DNA-binding domains of *Arabidopsis* SBP-family transcription factors”, *J. Mol. Biol.* **337**, 49–63 (2004). *
- Tahirov T., Inagaki E., Ohshima N., Kitao T., Kuroishi C., Ukita Y., Takio K., Kobayashi M., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Miyano M.: “Crystal structure of purine nucleoside phosphorylase from *Thermus thermophilus*”, *J. Mol. Biol.* **337**, 1149–1160 (2004). *
- Nishimura M., Yoshida T., Shirouzu M., Terada T., Kuramitsu S., Yokoyama S., Ohkubo T., and Kobayashi Y.: “Solution structure of ribosomal protein L16 from *Thermus thermophilus* HB8”, *J. Mol. Biol.* **344**, 1369–1383 (2004). *
- Tsukamoto S., Tomise K., Aburatani M., Onuki H., Hirota H., Ishihara E., and Ohta T.: “Isolation of cytochrome P450 inhibitors from strawberry fruit, *Fragaria ananassa*”, *J. Nat. Prod.* **67**, 1839–1841 (2004). *
- Kigawa T., Yabuki T., Matsuda N., Matsuda T., Nakajima R., Tanaka A., and Yokoyama S.: “Preparation of *Escherichia coli* cell extract for highly productive cell-free protein expression”, *J. Struct. Funct. Genom.* **5**, 63–68 (2004). *
- Watanabe S., Nagasaka S., Noda K., and Tashiro H.: “Protein crystallization using a high-repetitive low-power laser beam under tightly focused condition”, *Jpn. J. Appl. Phys. Pt.2* **43**, L941–L943 (2004). *
- Tanaka Y., Tawaramoto M. S., Kawaguchi S., Ohta T., Yoda K., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: “Expression and purification of recombinant human histones”, *Methods* **33**, 3–11 (2004). *
- Kamatari Y., Kitahara R., Yamada H., Yokoyama S., and Akasaka K.: “High-pressure NMR spectroscopy for characterizing folding intermediates and denatured states of proteins”, *Methods* **34**, 133–143 (2004). *
- Kinebuchi T., Kagawa W., Enomoto R., Tanaka K., Miyagawa K., Shibata T., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: “Structural basis for octameric ring formation and DNA interaction of the human homologous-pairing protein Dmcl1”, *Mol. Cell* **14**, 363–374 (2004). *
- Hosaka T., Tamehiro N., Chumpolkulwong N., Hori-Takemoto C., Shirouzu M., Yokoyama S., and Ochi K.: “The novel mutation K87E in ribosomal protein S12 enhances protein synthesis activity during the late growth phase in *Escherichia coli*”, *Mol. Gen. Genomics* **271**, 317–324 (2004). *
- Mizushima T., Hirao T., Yoshida Y., Lee S. J., Chiba T., Iwai K., Yamaguchi Y., Kato K., Tsukihara T., and Tanaka K.: “Structural basis of sugar-recognizing ubiquitin ligase”, *Nat. Struct. Mol. Biol.* **11**, 365–370 (2004). *
- Tomita K., Fukai S., Ishitani R., Ueda T., Takeuchi N., Vassilyev D. G., and Nureki O.: “Structural basis for template-independent RNA polymerization”, *Nature* **430**, 700–704 (2004). *
- Yokoyama H., Sarai N., Kagawa W., Enomoto R., Shibata T., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: “Preferential binding to branched DNA strands and strand-annealing activity of the human Rad51B, Rad51C, Rad51D and Xrcc2 protein complex”, *Nucleic Acids Res.* **32**, 2556–2565 (2004). *
- Hatakeyama M., Yumoto N., Yu X., Shirouzu M., Yokoyama S., and Konagaya A.: “Transformation potency of ErbB heterodimer signaling is determined by B-Raf kinase”, *Oncogene* **23**, 5023–5031 (2004). *
- Yamasaki K., Kigawa T., Inoue M., Tateno M., Yamasaki T., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Tomo Y., Hayami N., Terada T., Shirouzu M., Osanai T., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., and Yokoyama S.: “Solution structure of the B3 DNA binding domain of the

- Arabidopsis* cold-responsive transcription factor RAV1”, *Plant Cell* **16**, 3448–3459 (2004). *
- Kikuchi J., Shinozaki K., and Hirayama T.: “Stable isotope labeling of *Arabidopsis thaliana* for an NMR-Based metabolomics approach”, *Plant Cell Physiol.* **45**, 1099–1104 (2004). *
- Suetsugu (Hanawa) K., Sekine S., Sakai H., Hori-Takemoto C., Terada T., Unzai S., Tame J. R., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Crystal structure of elongation factor P from *Thermus thermophilus* HB8”, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **101**, 9595–9600 (2004). *
- Wada T., Shirouzu M., Terada T., Kamewari Y., Park S., Tame J. R., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Crystal structure of the conserved hypothetical protein TT1380 from *Thermus thermophilus* HB8”, *Proteins: Struct., Funct., Bioinf.* **55**, 778–780 (2004). *
- Reay P., Yamasaki K., Terada T., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Structural and sequence comparisons arising from the solution structure of the transcription elongation factor NusG from *Thermus thermophilus*”, *Proteins: Struct., Funct., Bioinf.* **56**, 40–51 (2004). *
- Arai R., Wriggers W., Nishikawa Y., Nagamune T., and Fujisawa T.: “Conformations of variably linked chimeric proteins evaluated by synchrotron X-ray small-angle scattering”, *Proteins: Struct., Funct., Bioinf.* **57**, 829–838 (2004). *
- Kishishita S., Tatsuguchi A., Nakayama R., Terada T., Kuramitsu S., Park S., Tame J. R., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Crystal structure of a conserved hypothetical protein TT1751 from *Thermus thermophilus* HB8”, *Proteins: Struct., Funct., Bioinf.* **57**, 883–887 (2004). *
- Katsura Y., Shirouzu M., Yamaguchi H., Ishitani R., Nureki O., Kuramitsu S., Hayashi H., and Yokoyama S.: “Crystal structure of a putative aspartate aminotransferase belonging to subgroup IV”, *Proteins: Struct., Funct., Genet.* **55**, 487–492 (2004). *
- Nameki N., Yoneyama M., Koshihara S., Tochio N., Inoue M., Seki E., Matsuda T., Tomo Y., Harada T., Saito K., Kobayashi N., Yabuki T., Aoki M., Nunokawa E., Matsuda N., Sakagami N., Terada T., Shirouzu M., Yoshida M., Hirota H., Osanai T., Tanaka A., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., Kinoshita K., Guentert P., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Solution structure of the RWD domain of the mouse GCN2 protein”, *Protein Sci.* **13**, 2089–2100 (2004). *
- Wang H., Hori-Takemoto C., Murayama K., Sakai H., Tatsuguchi A., Terada T., Shirouzu M., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Crystal structure of ribosomal protein L27 from *Thermus thermophilus* HB8”, *Protein Sci.* **13**, 2806–2810 (2004). *
- Niino-kukimoto M., Murayama K., Kato-Murayama M., Idaka M., Bessho Y., Tatsuguchi A., Nakayama R., Terada T., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Crystal structures of possible lysine decarboxylases from *Thermus thermophilus* HB8”, *Protein Sci.* **13**, 3038–3042 (2004). *
- Nureki O., Watanabe K., Fukai S., Ishii R., Endo Y., Hori H., and Yokoyama S.: “Deep knot structure for construction of active site and cofactor binding site of tRNA modification enzyme”, *Structure* **12**, 593–602 (2004). *
- Saito K., Kigawa T., Koshihara S., Sato K., Matsuo Y., Sakamoto A., Takagi T., Shirouzu M., Yabuki T., Nunokawa E., Seki E., Matsuda T., Aoki M., Miyata Y., Hirakawa N., Inoue M., Terada T., Nagase T., Kikuno R., Nakayama M., Ohara O., Tanaka A., and Yokoyama S.: “The CAP-Gly domain of CYLD associates with the proline-rich sequence in NEMO/IKK γ ”, *Structure* **12**, 1719–1728 (2004). *
- Kamata K., Onuki H., Hirota H., Yamamoto Y., Hayashi M., Komiyama K., Sato M., and Ishibashi M.: “Tubiferal A, a backbone-rearranged triterpenoid lactone isolated from the myxomycete *Tubifera dimorphotheca*, possessing reversal of drug resistance activity”, *Tetrahedron* **60**, 9835–9839 (2004). *
- Nikulin A., Stolboushkina E., Perederina A., Vassilieva I., Blaesi U., Moll I., Kachalova G., Yokoyama S., Vassilyev D. G., Garber M., and Nikonov S.: “Structure of *Pseudomonas aeruginosa* Hfq protein”, *Acta Cryst. D* **61**, 141–146 (2005). *
- Murayama K., Kato-Murayama M., Katsura K., Uchikubo T., Yamaguchi-Hirafuji M., Kawazoe M., Akasaka R., Suetsugu (Hanawa) K., Hori-Takemoto C., Terada T., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Structure of a putative *trans*-editing enzyme for prolyl-tRNA synthetase from *Aeropyrum pernix* K1 at 1.7 Å resolution”, *Acta Cryst. F* **61**, 26–29 (2005). *
- Fukunaga R., Ishitani R., Nureki O., and Yokoyama S.: “Crystallization of leucyl-tRNA synthetase complexed with tRNA^{Leu} from the archaeon *Pyrococcus horikoshii*”, *Acta Cryst. F* **61**, 30–32 (2005). *
- Padmanabhan B., Scharlock M., Tong K. I., Nakamura Y., Kang M., Kobayashi A., Matsumoto T., Tanaka A., Yamamoto M., and Yokoyama S.: “Purification, crystallization and preliminary X-ray diffraction analysis of the Kelch-like motif region of mouse Keap1”, *Acta Cryst. F* **61**, 153–155 (2005). *
- Nishimura S., Matsunaga S., Yoshida M., Hirota H., Yokoyama S., and Fusetani N.: “13-Deoxytedanolide, a marine sponge-derived antitumor macrolide, binds to the 60S large ribosomal subunit”, *Bioorg. Med. Chem.* **13**, 449–454 (2005). *
- Nishimura S., Matsunaga S., Yoshida S., Nakao Y., Hirota H., and Fusetani N.: “Structure-activity relationship study on 13-deoxytedanolide, a highly antitumor macrolide from the marine sponge *Mycale adhaerens*”, *Bioorg. Med. Chem.* **13**, 455–462 (2005). *
- Tsukamoto S., Hirota H., Imachi M., Fujimuro M., Onuki

- H., Ohta T., and Yokosawa H.: “Himeic acid A: a new ubiquitin-activating enzyme inhibitor isolated from a marine-derived fungus, *Aspergillus* sp.”, *Bioorg. Med. Chem. Lett.* **15**, 191–194 (2005). *
- Tokmakov A. A., Iwasaki T., Itakura S., Sato K., Shirouzu M., Fukami Y., and Yokoyama S.: “Regulation of Src kinase activity during *Xenopus* oocyte maturation”, *Dev. Biol.* **278**, 289–300 (2005). *
- Tanaka Y., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: “CpG methylation of the CENP-B box reduces human CENP-B binding”, *FEBS J.* **272**, 282–289 (2005). *
- Kiyoshi T., Maeda H., Kikuchi J., Ito Y., Hirota H., Yokoyama S., Ito S., Miki T., Hamada M., Ozaki O., Hayashi S., Kurihara N., Suematsu H., Yoshikawa M., Matsumoto S., Sato A., and Wada H.: “Present status of 920 MHz high-resolution NMR spectrometers”, *IEEE Trans. Appl. Supercond.* **14**, 1608–1612 (2005). *
- Suenaga A., Takada N., Hatakeyama M., Ichikawa M., Yu X., Tomii K., Okimoto N., Futatsugi N., Narumi T., Shirouzu M., Yokoyama S., Konagaya A., and Taiji M.: “Novel mechanism of interaction of p85 subunit of phosphatidylinositol 3-kinase and ErbB3 receptor-derived phosphotyrosyl peptides”, *J. Biol. Chem.* **280**, 1321–1326 (2005). *
- Fukunaga R. and Yokoyama S.: “Crystal structure of leucyl-tRNA synthetase from the archaeon *Pyrococcus horikoshii* reveals a novel editing domain orientation”, *J. Mol. Biol.* **346**, 57–71 (2005). *
- Kobayashi T., Takimura T., Sekine R., Vincent K., Kamata K., Sakamoto K., Nishimura S., and Yokoyama S.: “Structural snapshots of the KMSKS loop rearrangement for amino acid activation by bacterial Tyrosyl-tRNA synthetase”, *J. Mol. Biol.* **346**, 105–117 (2005). *
- Kitahara R., Yokoyama S., and Akasaka K.: “NMR snapshots of a fluctuating protein structure: Ubiquitin at 30 bar-3 kbar”, *J. Mol. Biol.* **347**, 277–285 (2005). *
- Sakai H., Wang H., Hori-Takemoto C., Kaminishi T., Yamaguchi H., Kamewari Y., Terada T., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Crystal structures of the signal transducing protein GlnK from *Thermus thermophilus* HB8”, *J. Struct. Biol.* **149**, 99–110 (2005). *
- Hall J. F., Ellis M. J., Kigawa T., Yabuki T., Matsuda T., Seki E., Hasnain S. S., and Yokoyama S.: “Towards the high-throughput expression of metalloproteins from the *Mycobacterium tuberculosis* genome”, *J. Synchrotron Rad.* **12**, 4–7 (2005). *
- Hino N., Okazaki Y., Kobayashi T., Hayashi A., Sakamoto K., and Yokoyama S.: “Protein photo-cross-linking in mammalian cells by site-specific incorporation of a photoreactive amino acid”, *Nat. Methods* **2**, 201–206 (2005). *
- Kobayashi T., Sakamoto K., Takimura T., Sekine R., Vincent K., Kamata K., Nishimura S., and Yokoyama S.: “Structural basis of nonnatural amino acid recognition by an engineered aminoacyl-tRNA synthetase for genetic code expansion”, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **102**, 1366–1371 (2005). *
- Seto A., Murayama K., Toyama M., Ebihara A., Nakagawa N., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “ATP-induced structural change of dephosphocoenzyme A kinase from *Thermus thermophilus* HB8”, *Proteins: Struct., Funct., Bioinf.* **58**, 235–242 (2005). *
- Murayama K., Shirouzu M., Terada T., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Crystal structure of TT1662 from *Thermus thermophilus* HB8: A member of the α/β hydrolase fold enzymes”, *Proteins: Struct., Funct., Bioinf.* **58**, 982–984 (2005). *
- Pantoja-Uceda D., Lopez-Mendez B., Koshiha S., Inoue M., Kigawa T., Terada T., Shirouzu M., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., Yokoyama S., and Guentert P.: “Solution structure of the rhodanese homology domain At4g01050(175-295) from *Arabidopsis thaliana*”, *Protein Sci.* **14**, 224–230 (2005). *
- Nameki N., Tochio N., Koshiha S., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Fujikura Y., Saito M., Ikari M., Watanabe M., Terada T., Shirouzu M., Yoshida M., Hirota H., Tanaka A., Hayashizaki Y., Guentert P., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Solution structure of the PWWP domain of the hepatoma-derived growth factor family”, *Protein Sci.* **14**, 756–764 (2005). *
- Niino-kukimoto M., Shibata R., Murayama K., Hamana H., Nishimoto M., Bessho Y., Terada T., Shirouzu M., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Crystal structure of a predicted phosphoribosyltransferase (TT1426) from *Thermus thermophilus* HB8 at 2.01 Å resolution”, *Protein Sci.* **14**, 823–827 (2005). *
- Nakatani S., Kamata K., Asato M., Onuki H., Hirota H., Matsumoto J., and Ishibashi M.: “Melleumin A, a novel peptide lactone isolated from the cultured myxomycete *Physarum melleum*”, *Tetrahedron Lett.* **46**, 267–271 (2005). *
- (総説)
- 菊地淳: “磁場配向による生体分子のNMR構造解析法”, *パリテイ* **18**, No. 1, pp. 64–65 (2003).
- 酒井宏明, 横山茂之: “ハイスルーブットタンパク質 X 線結晶構造解析”, *Med. Sci. Dig.* **30**, 310–311 (2004).
- 伊藤拓宏, 関根俊一, 横山茂之: “RNA の構造生物学: 転写から翻訳まで”, *実験医学* **22**, 2378–2384 (2004).
- 杵淵隆, 胡桃坂仁志, 横山茂之: “DNA 組換えを行うタンパクシステム”, *生体の科学* **55**, 390–392 (2004).
- 今高寛晃: “翻訳と核内イベントとの深い関係”, *蛋白質核酸酵素* **49**, 1296–1301 (2004).
- 林文晶, 武藤裕, 廣田洋, 木川隆則, 横山茂之: “蛋白質立体構造解析のためのNMR”, *蛋白質核酸酵素* **49**, 1800–1808 (2004).
- 新井亮一, 白水美香子, 横山茂之, 廣田洋: “Tagged-MS法”, *蛋白質核酸酵素* **49**, 2763–2767 (2004).
- 横山茂之: “世界のタンパク質研究: 米国は第2段階へ, EUも新計画”, *Science & Technology Journal* **14**, No. 2, pp.

22-23 (2005).

横山茂之: “構造プロテオミクス研究の展開”, 実験医学 **23**, 247-253 (2005).

田仲昭子, 平井昭光, 原井大介, 中山圭太郎, 藤井敦子, 横山茂之: “網羅的タンパク質研究における知的財産管理”, 知財管理 **55**, No. 1, pp. 65-76 (2005).

(その他)

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

[単行本・Proc.]

(原著論文) *印は査読制度がある論文

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”, Proc. 1st Int. Workshop on Life Science Grid (LSGRID2004), Kanazawa, 2004-5~6, The Japanese Society for Artificial Intelligence, Kanazawa, pp. 89-98 (2004). *

Matsumura K.: “Involvement of larval settlement-inducing protein complex (SIPC) in gregarious settlement of barnacles”, Proc. Int. Symp. on Antifouling Paint and Marine Environment (InSAFe), Tokyo, 2004-1, National Maritime Research Institute, Tokyo, pp. 262-267 (2004).

*

(その他)

廣田洋: “NMR の分子構造情報”, 化学便覧基礎編, 日本化学会 (編), 丸善, 東京, pp. II-670-II-678 (2004).

口頭発表 Oral Presentations

(国際会議等)

Yokoyama S.: “RIKEN Structural Genomics/Proteomics Initiative”, Broome 2003, International Crystallography Meetings, AsCA'03/Crystal-23 Conference, Broome, Australia, Aug. (2003).

Hirao I. and Yokoyama S.: “Unnatural base pairs for a cell-free transcription-translation system”, 20th tRNA Workshop 2003, (Deutsche Forschungsgemeinschaft and others), Banz, Germany, Oct. (2003).

Matsumura K.: “Involvement of larval settlement-inducing protein complex (SIPC) in gregarious settlement of barnacles”, Int. Symp. on Antifouling Paint and Marine Environment (InSAFe), (National Maritime Research Institute), Tokyo, Jan. (2004).

Jee J. and Guentert P.: “A new algorithm for NMR structure calculation without chemical shift assignment”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Lopez-Mendez B., Jee J., Pantoja-Uceda D., and Guentert P.: “Automated NMR structure calculation with CYANA 2.0”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Kigawa T. and Yokoyama S.: “Cell-free protein production

in structural proteomics”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Sengoku T., Nureki O., Nakamura A., Kobayashi S., and Yokoyama S.: “Contracted inchworm structure of Vasa DEAD-box RNA helicase in the RNA- and ATP-bound form”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Fukunaga R., Fukai S., Ishitani R., Nureki O., and Yokoyama S.: “Crystal structure of the CP1 domain from *Thermus thermophilus* isolucyl-tRNA synthetase and its complex with l-valine”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Kagawa W., Kagawa A., Ikawa S., Shibata T., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: “Crystal structure of the homologous-pairing domain of the human Rad52 protein”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Tawaramoto M. S., Park S., Tanaka Y., Nureki O., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: “Crystal structure of the human centromere protein B (CENP-B) dimerization domain at 1.65 Å-resolution”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Kitahara R., Yokoyama S., and Akasaka K.: “Detecting conformational fluctuation of ubiquitin with variable-pressure NMR”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Arai R., Matsumoto E., Tsuganezawa K., Ito K., Sakamoto A., Terazawa Y., Nishimoto M., Eto Y., Saito Y., Yoshikawa S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Functional analysis of unknown-function proteins/domains: Identification of binding partners”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Enomoto R., Kurumizaka H., Sato M., and Yokoyama S.: “Functional domains of mouse TBPIP”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Tanaka T., Kuroda Y., and Yokoyama S.: “Length-dependent characteristics of domain linker loops in multi-domain proteins”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).

Yoshitani N., Sato K., Saito K., Yokoyama S., and Hirota H.: “Ligand screening for the comprehensive structural and functional analyses of proteins”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein

- Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Futatsugi N., Shirouzu M., Suenaga A., Okimoto N., Narumi T., Ebisuzaki T., Yokoyama S., Taiji M., and Konagaya A.: “Modeling protein-protein interaction: Ras-Raf and Ras-RaIGDS complexes”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Takada N., Suenaga A., Ichikawa M., Yu X., Hatakeyama M., Futatsugi N., Taiji M., Shirouzu M., Yokoyama S., and Konagaya A.: “Molecular dynamics and SPR analysis of interactions between the SH2 domain of p85 and phosphotyrosyl peptides”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Lee Y. H., Maeda M., Tamura K., Ikegami T., Hoshino M., Yamazaki T., Hase T., and Goto Y.: “NMR studies on the cofirmational ferredoxin-NADP⁺ reductase and insight into the role of N-terminal region”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Kurotani A., Chikayama E., Kuroda Y., and Yokoyama S.: “ProteMix: An integrated system for interactively analyzing and annotating proteomes”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Ohashi W., Yamazaki T., Arai R., Matsumoto E., Shirouzu M., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., Yokoyama S., and Hirota H.: “Research on functional analysis of mFis1, a mitochondrial fission protein, based on its 3D structure”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Doi-Katayama Y., Hayashi F., Kubo S., 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 of a general transcription factor 2I domain in mouse TFII-I protein short form”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Zhao C., Kigawa T., Saito K., Koshiha S., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Shirouzu M., Terada T., Yoshida M., Hirota H., Osanai T., Tanaka A., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: “Solution structure of a ubiquitin-like domain in mouse tubulin-specific Chaperone B”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- He F., Muto Y., Hayami N., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Hirota H., Yoshida M., Kobayashi N., Tanaka A., Osanai T., Matsuo Y., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: “Solution structure of HBS1-like domain hypothetical protein bab28515”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Nishimura M., Yoshida T., Shirouzu M., Terada T., Kuramitsu S., Yokoyama S., Ohkubo T., and Kobayashi Y.: “Solution structure of ribosomal L16 from *Thermus thermophilus*”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Li H., Koshiha S., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Shirouzu M., Terada T., Yoshida M., Hirota H., Osanai T., Tanaka A., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Solution structure of the C-terminal pleckstrin homology (PH) domain of Sbf1 from mouse”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Saito K., Koshiha S., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Motoda Y., Inamochi H., Terada T., Shirouzu M., Hirota H., Yoshida M., Nagase T., Kikuno R., Nakayama M., Ohara O., Tanaka A., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Solution structure of the N-terminal DCX domain of doublecortin-like kinase”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Nameki N., Yoneyama M., Koshiha S., Tochio N., Inoue M., Seki E., Matsuda T., Tomo Y., Saito K., Kobayashi N., Yabuki T., Aoki M., Nunokawa E., Matsuda N., Sakagami N., Terada T., Shirouzu M., Yoshida M., Hirota H., Osanai T., Tanaka A., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., Kinoshita K., Guentert P., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Solution structure of the RWD domain of the mouse GCN2 protein”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Tochio N., Koshiha S., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Shirouzu M., Terada T., Yoshida M., Hirota H., Osanai T., Tanaka A., Arakawa T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Solution structure of the SAND domain of mouse 5830484A20Rik protein”, 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Qin X., Nagashima T., Hayashi F., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A.,

- Osanai T., Matsuo Y., Ohara O., Nagase T., Kikuno R., Nakayama M., and Yokoyama S.: "Solution structure of the third PDZ domain of synapse-associated protein(SAP)102", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Kinebuchi T., Kagawa W., Enomoto R., Shibata T., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: "Structural basis for homologous pairing by the human Dmcl octameric ring", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Fujikawa N., Kurumizaka H., Nureki O., Terada T., Shirouzu M., Katayama T., and Yokoyama S.: "Structural basis of replication origin recognition by the DnaA protein", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Nagashima T., Hayashi F., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A., Osanai T., Matsuo Y., Ohara O., Nagase T., Kikuno R., Nakayama M., and Yokoyama S.: "Structural genomics on C2 domain of synaptotagmin IV and RIM2 related to neurotransmitter release at presynaptic membrane", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Paakkonen K., Kilpelainen I., Rakkolainen H., Raulo E., Rauvala H., and Guentert P.: "Structure of the TSR-1 domain of F-spondin", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Kamatari Y., Sawano H., Li H., Yamada H., Yokoyama S., and Akasaka K.: "Temperature dependent conformational changes of α -synuclein observed by CD and NMR spectroscopy", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Fukuzaki A., Konishi F., Nagashima T., Ide K., Hatakeyama M., Yokoyama S., Kuramitsu S., and Konagaya A.: "Whole cell project of *Thermus thermophilus* HB8 toward atomic-resolution biology: Development of collaborative annotation system for *Thermus thermophilus* HB8 on OBIGrid", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Ide K., Kawasaki T., Hatakeyama M., Tanaka K., Toyama M., Shirouzu M., Yokoyama S., Kuramitsu S., and Konagaya A.: "Whole cell project of *Thermus thermophilus* HB8 toward atomic-resolution biology: towards a metabolic simulation of tryptophan operon regulation in *Thermus thermophilus* HB8", 1st Pacific-Rim Int. Conf. on Protein Science (PRICPS 2004), (Protein Science Society of Japan and others), Yokohama, Apr. (2004).
- Horiuchi T., Takahashi M., Kikuchi J., Yokota H., Yokoyama S., and Maeda H.: "Effect of ionic conductivity and dielectric losses of solvents and buffers solutions for a 920 MHz cryogenic probe model", 45th Experimental Nuclear Magnetic Resonance Conf., Pacific Grove, USA, Apr. (2004).
- Kimura K., Takemoto A., Yokoyama S., and Hanaoka F.: "Cell cycle-dependent phosphorylation, nuclear localization, and activation of human condensin", 5th UK-Japan Cell Cycle Workshop: The Cell Cycle, Nara, Apr. (2004).
- Nishiyama Y., Yamazaki T., and Terao T.: "Decoupling and recoupling of nuclear spin interactions by an amplitude and phase modulated Rf-Field and its application to chemical shift anisotropy determination under sample spinning", 45th Experimental Nuclear Magnetic Resonance Conf., Pacific Grove, USA, Apr. (2004).
- Guentert P.: "NMR structure determination with CYANA", CCPN Temblor Workshop on Data Model Driven Approaches to Software Development, Cambridge, UK, May (2004).
- Kimura K., Takemoto A., Yokoyama S., and Hanaoka F.: "Cell cycle-dependent phosphorylation, chromosome association, and activation of human condensin", Cold Spring Harbor Laboratory Meet. on The Cell Cycle, Cold Spring Harbor, USA, May (2004).
- Yokoyama S.: "RIKEN Structural Genomics/Proteomics Initiative-crystallography effort", RIKEN-CCLRC Daresbury Symp.: Structural Biology, Oxford, UK, May (2004).
- Yamasaki K., Kigawa T., Inoue M., Tateno M., Yamasaki T., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Hayami N., Ishizuka Y., Terada T., Shirouzu M., Osanai T., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., and Yokoyama S.: "Structural genomics of plant-specific transcription factor DNA-binding domains", URGV-RIKEN Genome Sciences Center Meet, Evry, France, May (2004).
- Seki M., Ishida J., Nakajima M., Enju A., Sakurai T., Iida K., Satoh M., Akiyama K., Oono Y., Fujita M., Mizukado S., Kamei A., Narusaka M., Narusaka Y., Yamaguchi-Shinozaki K., Ichikawa T., Matsui M., Ecker J. R., Davis R. W., Theologis A., Carninci P., Kawai J., Yamasaki K., Sawasaki T., Hayashizaki Y., Yokoyama S., Toyoda T., Endo Y., and Shinozaki K.: "*Arabidopsis* encyclopedia using full-length cDNAs and its application for FUNCTIONAL GENOMICS", URGV-RIKEN Genome Sciences Center Meet, Evry, France, May (2004).
- Yokoyama S.: "Structural proteomics of thermophiles and higher eukaryotes", 10th Int. Conf. on the Crystallization of Biological Macromolecules (ICCBM10), Beijing, China, June (2004).
- Perederina A., Svetlov V., Vassilyeva M. N., Yokoyama

- S., Artsimovitch I., and Vassylyev D. G.: "Regulation through the secondary channel-structural framework for ppGpp-DksA synergism during transcription", 2004 FASEB Summer Research Conf. on Nucleic Acids Enzymes, Saxtons River, USA, June (2004).
- Guentert P. and Lopez-Mendez B.: "CYANA: a software suite for the determination of 3D biomolecular structure and auto-assignment of NMR data", CYANA @ NANUC 2004 Workshop, Edmonton, Canada, June (2004).
- Yokoyama S.: "Structural biology of RNA-protein systems", Int. Conf. in Honor of Kimitsuna Watanabe, Tokyo, June (2004).
- Hirota H.: "RIKEN structural genomics/proteomics initiative and functional analysis", The Second Int.Symp.on the Progress in Magnetic Resonance Methodologies: Biomolecular NMR Spectroscopy, (State Key Laboratory of Magnetic Resonance and Atomic and Molecular Physics and others), Wuhan, China, June-July (2004).
- Kikuchi J., Shinozaki K., and Hirayama T.: "Uniform stable isotope labeling of *Arabidopsis thaliana* opens heteronuclear multi-dimensional NMR-based metabolomics", 15th Int. Conf. on Arabidopsis Research, Berlin, Germany, July (2004).
- Fukunaga R., Sekine S., and Yokoyama S.: "Crystal structures of class-I aminoacyl-tRNA synthetases and editing domains complexed with substrates/analogues", 2004 Int. Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases: Ancient Molecules for Future Biology and Medicine (ARS2004), Seoul, Korea, July (2004).
- Fukunaga R. and Yokoyama S.: "Structural basis for the non-cognate amino acid editing by isoleucyl-tRNA synthetase", 2004 Int. Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases: Ancient Molecules for Future Biology and Medicine (ARS2004), Seoul, Korea, July (2004).
- Sekine S., Nureki O., Dubois D., Bemier S., Cheever R., Lapointe J., Vassylyev D. G., and Yokoyama S.: "Structural basis for the tRNA-dependent amino-acid activation by glutamyl-tRNA synthetase", 2004 Int. Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases: Ancient Molecules for Future Biology and Medicine (ARS2004), Seoul, Korea, July (2004).
- Kobayashi T., Sakamoto K., Takimura T., Nishimura S., and Yokoyama S.: "Structural basis of 3-iodo-L-tyrosine recognition by an engineered tyrosyl-tRNA synthetase", 2004 Int. Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases: Ancient Molecules for Future Biology and Medicine (ARS2004), Seoul, Korea, July (2004).
- Hirao I. and Yokoyama S.: "The development of an efficient unnatural base pair toward the expansion of the genetic code", 2004 Int. Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases: Ancient Molecules for Future Biology and Medicine (ARS2004), Seoul, Korea, July (2004).
- Masuda S., Hasegawa K., Kikuchi J., and Ono T.: "Light-induced structural changes of BLUF domain of AppA for a signaling state", 13th Int. Congr. of Photosynthesis, Montreal, Canada, Aug.-Sept. (2004).
- Hamada T., Asanuma M., Ueki T., Michibata H., and Hirota H.: "Solution structure of Vanabin2, a vanadium-binding protein in a vanadium-rich ascidian, *Ascidia sydneiensis samea*", 11th Int. Symp. on Marine Natural Products, (XI MaNaPro), Sorrento, Italy, Sept. (2004).
- Hisanaga Y., Ago H., Nakagawa N., Hamada K., Ida K., Yamamoto M., Hori T., Arii Y., Sugahara M., Mori H., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Miyano M.: "Structural basis of the substrate specific two-step catalysis of long chain fatty acyl-CoA synthetase dimer", 8th Int. Conf. on Biology and Synchrotron Radiation (BSR2004), (Himeji City, RIKEN, and others), Himeji, Sept. (2004).
- Imataka H., Masutani M., Mikami S., Sonenberg N., and Yokoyama S.: "Reconstitution of eukaryotic multi-protein translation factors eIF3 and eIF2B", Cold Spring Harbor Laboratory Meet. on Translational Control (2004), Cold Spring Harbor, USA, Sept. (2004).
- Guentert P.: "Automated NMR structure calculation with CYANA", EENC/AMPERE 2004 Conf., Lille, France, Sept. (2004).
- Kigawa T.: "RIKEN's NMR structural genomics effort and cell free expression system", The Consortium for Post-Genome Science 2nd Conf.: Genomes to Systems, Manchester, UK, Sept. (2004).
- Hall J. F., Ellis M. J., Kigawa T., Yabuki T., Matsuda T., Seki E., Hasnain S. S., and Yokoyama S.: "Cell free expression of metalloproteins", The Consortium for Post-Genome Science 2nd Conf.: Genomes to Systems, Manchester, UK, Sept.-Sept. (2004).
- Tokmakov A. A., Shirouzu M., and Yokoyama S.: "Coupled transcription-and-translation in *Xenopus* oocyte expression system", Biotechnology 2004, 12th Int. Biotechnology Symp. and Exh., (International Union of Pure and Applied Chemistry), Santiago, Chile, Oct. (2004).
- Matsumoto T. and Yokoyama S.: "Structural genomics at RIKEN", HUPO 3rd Ann. World Congr. Beijing 2004, (Human Proteome Organisation), Beijing, China, Oct. (2004).
- Guentert P.: "Automated NMR structure calculation with CYANA", NMRFAM Workshop on SAIL Labeling and Automation in NMR Structure Determination, (National Magnetic Resonance Facility at Madison), Wisconsin, USA, Oct. (2004).
- Yokoyama S.: "National project on protein structural and functional analyses in Japan", SPINE Cong. 2004, (Structural Proteomics In Europe), London, UK, Oct. (2004).
- Guentert P.: "Automated NMR structure calculation with CYANA", 15th ISMAR Conf. (ISMAR 2004), Ponte Vedra Beach, USA, Oct. (2004).
- Nishiyama Y., Yamazaki T., and Terao T.: "Decoupling and recoupling of nuclear spin interactions by modulated

- RF-fields in sample spinning solid state NMR: application to chemical shift anisotropy determination”, 15th ISMAR Conf. (ISMAR 2004), Ponte Vedra Beach, USA, Oct. (2004).
- Saito K., Yokoyama S., and Hirota H.: “Identification of calmodulin-binding peptides by partial-filling affinity capillary electrophoresis equipped with mass spectrometric detector”, 1st Asia-Pacific Int. Peptide Symp./41st Japanese Peptide Symp., Fukuoka, Oct.–Nov. (2004).
- Kuramitsu S., Ebihara A., Kanagawa M., Kuroishi C., Sato S., Agari Y., Iino H., Kashihara A., Kira S., Yanai H., Imagawa T., Nakagawa N., Masui R., Bessho Y., Hori-Takemoto C., Handa N., Kishishita S., Niino-kukimoto M., Kaminishi T., Wang H., Mizohata E., Shibata R., Kato-Murayama M., Kawazoe M., Arai R., Toyama M., Kunishima N., Tahirov T., Sekine S., Shinkai A., Vassilyev D. G., Murayama K., Terada T., Shirouzu M., Miki K., and Yokoyama S.: “A structural and functional whole-cell project for the model organism, *Thermus thermophilus* HB8”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Yoshitani N., Saito K., Saito K., Suzuki S., Hatanaka H., Seki M., Shinozaki K., Hirota H., and Yokoyama S.: “A structure-based strategy for discovery of small ligands binding to functionally unknown proteins: Combination of *in silico* screening and surface plasmon resonance measurements”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Guentert P., Lopez-Mendez B., and Jee J.: “Automated NMR structure calculation with CYANA”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Nakamura Y., Umehara T., Shirouzu M., Morita S., Tochio H., Hamana H., Terada T., Tanaka A., Horikoshi M., Padmanabhan B., and Yokoyama S.: “Crystal structural analysis of N-terminal bromodomain (BD1) of BRD2/RING3 protein”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Shirouzu M., Murayama K., Kishishita S., Kaminishi T., Terada T., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Crystal structures of S-adenosyl-methionine dependent methyltransferases”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Kishishita S., Murayama K., Terada T., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S.: “Crystal structures of TT1512 and TT1679 from *Thermus thermophilus* HB8”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Yabuki T., Seki E., Fujikura Y., Inoue M., Aoki M., Tomo Y., Tanaka A., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Experiment information management system for high-throughput protein synthesis and screening”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Kobayashi N., Koshiba S., Guentert P., Kigawa T., and Yokoyama S.: “KUJIRA, a package of integrated modules for systematic and interactive analysis of NMR data: Application to quick and accurate structure analysis in combination with CYANA calculations”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Zhao C., Saito K., Koshiba S., Suzuki S., Muto Y., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Tomo Y., Seki E., Terada T., Shirouzu M., Tanaka A., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: “NMR structure of a novel ubiquitin-like protein, mouse UBL3”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Li H., Saito K., Koshiba S., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Tomo Y., Seki E., Terada T., Shirouzu M., Tanaka A., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: “Solution structure of the tudor domain from murine Myst1 protein”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Hirota H., Higuchi Y., Abe T., Hamada T., Onuki H., Doi-Katayama Y., Zhao C., Kamatari Y., Izumi K., Momen A., Ohashi W., Hayashi F., Muto Y., Saito K., Koshiba S., Kigawa T., Yoshida M., Shirouzu M., Terada T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., and Yokoyama S.: “Structural and functional analysis of UBA domain proteins”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Yokoyama S.: “Structural proteomics projects in Asia and the Pacific”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Nakagawa N., Ebihara A., Kanagawa M., Kuroishi C., Sato S., Agari Y., Maoka N., Iino H., Kashihara A., Inoue Y., Terada T., Shirouzu M., Masui R., Miki K., Yokoyama S., and Kuramitsu S.: “Systematic preparation and structural determination of *Thermus thermophilus* HB8 proteins for structural genomics”, 3rd Int.

- Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Murayama K., Shirouzu M., Terada T., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Systematic structural analyses for bacterial proteins”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Yokoyama S.: “Current status of structural proteomics”, *Frontiers of Proteomics: Aims and Perspectives*, (Osaka University), Toyonaka, Nov. (2004).
- Yokoyama S.: “Crystal structure of elongation factor P from *Thermus thermophilus* HB8”, 2004 Int. Conf. on Polyamines: Functions and Clinical Application, Kisarazu, Nov.–Dec. (2004).
- Seki M., Ishida J., Nakajima M., Enju A., Sakurai T., Iida K., Satou M., Akiyama K., Oono Y., Fujita M., Mizukado S., Kamei A., Narusaka M., Narusaka Y., Yamaguchi-Shinozaki K., Ecker J. R., Kobayashi M., Kohara Y., Sawasaki T., Hayashizaki Y., Yokoyama S., Toyoda T., Endo Y., and Shinozaki K.: “Functional genomics using RIKEN Arabidopsis Full-length (RAFL) cDNAs”, Cold Spring Harbor Laboratory Meet. on Plant Genomes: From Sequence to Phenome, Cold Spring Harbor, USA, Dec. (2004).
- Guentert P.: “Automated NMR protein structure calculation in structural genomics/proteomics”, ISB 2004 Winter Sch., Lapland, Finland, Dec. (2004).
- Yamaguchi Y., Hirao T., Kamiya Y., Takahashi N., and Kato K.: “Application of stable-isotope-labeling of glycopeptides to NMR analyses of sugar recognition by the intracellular lectins that determine the fates of glycoproteins in cells”, 21st Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems (21st ICMRBS), Hyderabad, India, Jan. (2005).
- Guentert P.: “Automated NMR structure calculation with CYANA”, 21st Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems (21st ICMRBS), Hyderabad, India, Jan. (2005).
- Ohashi W., Inouye S., Yamazaki T., Doi-Katayama Y., Yokoyama S., and Hirota H.: “Characterization of magnesium-binding site in the calcium-binding photoprotein aequorin by NMR analysis”, 21st Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems (21st ICMRBS), Hyderabad, India, Jan. (2005).
- Suto M., Nishihara T., and Kikuchi J.: “Development of uniformly ^{13}C , ^{15}N -labeling methods in animal system for a hetero-nuclear NMR-based metabolomics”, 21st Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems (21st ICMRBS), Hyderabad, India, Jan. (2005).
- Kitahara R., Yokoyama S., and Akasaka K.: “NMR snapshots of a fluctuating protein structure: Ubiquitin at 30 bar-3kbar”, 21st Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems (21st ICMRBS), Hyderabad, India, Jan. (2005).
- Okubo S., Hara F., Tsuchida Y., Shimotakahara S., Suzuki S., Hatanaka H., Yokoyama S., Tanaka H., Yasuda H., and Shindo H.: “NMR structure of the N-terminal domain of SUMO ligase PIAS1 and its interactions with regulatory factors and DNA”, 21st Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems (21st ICMRBS), Hyderabad, India, Jan. (2005).
- Hamada T., Asanuma M., Ueki T., Hayashi F., Kobayashi N., Yokoyama S., Michibata H., and Hirota H.: “Solution structure of a vanadium-binding protein, vanabin2 from the vanadium-rich ascidian, *Ascidia sydneiensis samea*”, 21st Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems (21st ICMRBS), Hyderabad, India, Jan. (2005).
- Nishimura M., Yoshida T., Shirouzu M., Terada T., Kuramitsu S., Yokoyama S., Ohkubo T., and Kobayashi Y.: “Solution Structure of ribosomal protein L16 from *Thermus thermophilus* HB8”, 21st Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems (21st ICMRBS), Hyderabad, India, Jan. (2005).
- Kikuchi J., Nishihara T., Shinozaki K., and Hirayama T.: “The hetero-nuclear NMR-based metabol(n)omics of plant and animal systems”, 21st Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems (21st ICMRBS), Hyderabad, India, Jan. (2005).
- Akamine K., Hirayama T., and Kikuchi J.: “The hetero-nuclear NMR-based metabolomics reveals incorporation of ^{13}C , ^{15}N -compounds into higher plants”, 21st Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems (21st ICMRBS), Hyderabad, India, Jan. (2005).
- Kurumizaka H., Kinebuchi T., Kagawa W., Enomoto R., and Yokoyama S.: “Structural and functional analyses of the human homologous-pairing protein, Dmc1”, Keystone Symp. on Mechanisms of DNA Replication and Recombination (A1), Keystone, USA, Jan. (2005).
- Yokoyama S.: “Structural proteomics of RTK signaling”, RIKEN Symp.: Int. Consortium on Systems Biology of Receptor Tyrosine Kinase Regulatory Networks (RTK Consortium), Yokohama, Jan. (2005).
- (国内会議)
- 竹本 (堀) 千重, 中山洋, 赤坂領吾, 白水美香子, 倉光成紀, 廣田洋, 瀧尾擴士, 横山茂之: “Analysis of *Thermus thermophilus* HB8 ribosomal and related proteins”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第2回ストラクチュローム連携研究会, (理研), 播磨, 8月 (2003).
- 中村祥浩, 梅原崇史, 寺田貴帆, 白水美香子, 田仲昭子, 堀越正美, Padmanabhan B., 横山茂之: “ヒト由来 Brd2/RING3 のアセチル化されたヒストン H4 認識ドメインの結晶構造解析”, 日本結晶学会平成15年度年会, 熊本, 12月 (2003).
- 平尾一郎: “宇宙人の遺伝子とバイオテクノロジー”, 第805回電力館科学ゼミナール, 東京, 2月 (2004).
- Tokmakov A. A.: “*Xenopus* oocyte expression system: old dog, new tricks”, 神戸大学21世紀COEプログラム「革

- 白質のシグナル伝達機能」セミナー “Frog Egg & Mammary Egg, 2nd”, (神戸大学), 神戸, 3月(2004).
- 高橋雅人, 横田英幸, 大谷安見, 栗山透, 岡村哲至, 横山茂之, 前田秀明: “GM/J-T 冷凍機を用いた NMR プローブ冷却システムの検討”, 第 70 回 2004 年度春季低温工学・超電導学会, (低温工学会), 横浜, 5月(2004).
- 脇山素明, 横山茂之: “RNAi 技術のタンパク質研究への応用”, 日本組織培養学会第 77 回大会, 名古屋, 5月(2004).
- 横山茂之: “タンパク質の構造・機能の解明から生命システムの解明へ”, ゲノム科学総合研究センター 5 周年記念講演会「ゲノム科学の今後の展望」, (理研), 東京, 5月(2004).
- 田仲昭子, 横山茂之: “Structural proteomics to drug discovery”, 第 2 回ヒトプロテオーム学会, (日本ヒトプロテオーム機構), 東京, 5月(2004).
- 武内のり子, 青島理人, 廣田洋: “H-rasV12 遺伝子導入細胞抽出液からのリン酸化タンパク質の検出”, 第 52 回質量分析総合討論会, (日本質量分析学会), 名古屋, 6月(2004).
- 横山茂之: “核酸結合関連タンパク質の X 線構造生物学”, よこはま NMR 構造生物学研究会「第 23 回ワークショップ: X 線構造生物学の最前線」, 横浜, 6月(2004).
- 松尾洋: “プロテオーム規模での *in silico* 親和性フィンガープリンティング”, アクセルリス日本ユーザーフォーラム 2004, 東京, 6月(2004).
- 藤川乃り映, 胡桃坂仁志, 濡木理, 平賀壮太, 片山勉, 横山茂之: “大腸菌の複製開始を制御するタンパク質 DnaA および SeqA の DNA 認識機構”, 第 1 回 21 世紀大腸菌研究会, 沼津, 6月(2004).
- Guentert P.: “Structural analysis and calculation from NMR data”, 第 5 回 NMR 若手研究会, 箱根, 6月(2004).
- 亀田亘, 宮澤光博, 西山裕介, 山崎俊夫: “セミの抜け殻から抽出したキチンの水素結合構造に関する研究”, 平成 16 年度繊維学会年次大会, 東京, 6月(2004).
- 福崎昭伸, 長嶋剛史, 井手香, 小西史一, 畠山真里子, 横山茂之, 倉光成紀, 小長谷明彦: “*Thermus thermophilus* HB8 のゲノムワイドなアノテーション”, CBI 学会 2004 年大会, 東京, 7月(2004).
- 二木紀行, 白水美香子, 末永敦, 沖本憲明, 成見哲, 戎崎俊一, 横山茂之, 泰地真弘人, 小長谷明彦: “Ras タンパク質複合体によるタンパク質間相互作用モデル化研究”, CBI 学会 2004 年大会, (情報計算化学生物学会), 東京, 7月(2004).
- 佐藤一朗, Huang H., 黒須雅隆, 松尾洋: “既存薬剤に関するプロテオーム規模での *in silico* 親和性フィンガープリンティング”, CBI 学会 2004 年大会, 東京, 7月(2004).
- 松尾洋: “ネットワーク標的創薬と *in silico* プロテオーム規模フィンガープリンティング”, ゲノム創薬フォーラム第 12 回談話会, 東京, 7月(2004).
- 横山茂之: “タンパク質の構造・機能研究の将来と HPC”, 第 1 回 HPC 研究会プログラム, (理研), 播磨, 7月(2004).
- 新海暁男, 柏原愛子, 倉光成紀, 横山茂之: “*Thermus thermophilus* HB8 株由来 cAMP レセプタータンパク質様因子 TT1013 の性質”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8月(2004).
- 増井良治, 黒川頭, 中川紀子, 寺田貴帆, 白水美香子, 小山芳典, 徳永史生, 大島泰郎, 安永照雄, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 の比較ゲノム解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8月(2004).
- 溝端栄一, 酒井宏明, 寺田貴帆, 渡部暁, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “*Thermus thermophilus* HB8 由来ウロポルフィルノゲン III シンターゼの結晶構造”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8月(2004).
- 王宏飛, 堀-竹本千重, 村山和隆, 酒井宏明, 龍口文子, 寺田貴帆, 白水美香子, 倉光成紀, 横山茂之: “リボソームタンパク質 L27 の結晶構造解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8月(2004).
- 柴田理恵, 別所義隆, 関根俊一, 村山和隆, 酒井宏明, 川添将仁, 堀-竹本千重, 白水美香子, 倉光成紀, 横山茂之: “高度好熱菌 SmpB タンパク質の X 線結晶構造解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8月(2004).
- 川添将仁, 堀-竹本千重, 上西達也, 関根俊一, 白水美香子, 横山茂之: “高度好熱菌 Era の X 線結晶構造解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8月(2004).
- 新野睦子, 村山和隆, 村山美幸, 井高美紀, 寺田貴帆, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “高度好熱菌由来 2 つの possible lysine decarboxylase の X 線結晶構造解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8月(2004).
- 岸下誠一郎, 村山和隆, 白水美香子, 倉光成紀, 横山茂之: “*Thermus thermophilus* HB8 由来機能未知タンパク質 TT1512, および TT1679 の X 線結晶構造解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8月(2004).
- 酒井宏明, 王宏飛, 竹本(堀)千重, 上西達也, 山口寛人, 亀割友紀, 寺田貴帆, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “高度好熱菌 HB8 由来シグナル伝達蛋白質 GlnK の結晶構造”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8月(2004).
- 村山和隆, 岸下誠一郎, 上西達也, 白水美香子, 倉光成紀, 横山茂之: “リボソーム及び翻訳因子の修飾”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8月(2004).
- 横山茂之: “tRNA の修飾”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8月(2004).
- 寺田貴帆, 白水美香子, 堀-竹本千重, 村山和隆, 関根俊一, 別所義隆, 半田徳子, 新野睦子, 岸下誠一郎, 王宏飛, 上西達也, 末次(埜)京子, 溝端栄一, Ihsanawati, Pioszak A. A., Padmanabhan B., 新井亮一, 酒井宏明, 川添将仁, 中山亮子, 龍口文子, 亀割友紀, 濱名宏章, 大林尚美, 山口(平藤)真智子, 加藤(村山)美幸, 井高美紀, 柴田理恵, 伊東夏織, 桂一茂, 内窪友美, 房富給美子, 漆畑晶子, 西野綾, 赤坂領吾, 中川紀子, 増井良治, 倉光成紀, 横山茂之: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来の転写・翻訳系および機能未知タンパク質の立体構造解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8月(2004).
- 上西達也, 酒井宏明, 堀-竹本千重, 寺田貴帆, 中川紀子, 真岡伸子, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “リボソームタン

- バク質 L11 メチル基転移酵素 PrmA のメチル基転移活性の構造基盤”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 福永流也, 横山茂之: “イソロイシル tRNA 合成酵素, バリル tRNA 合成酵素による校正反応の構造的基盤”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 竹本(堀)千重, 末次(搞)京子, 川添将仁, 上西達也, 王宏飛, 寺田貴帆, 白水美香子, 関根俊一, 横山茂之: “リボソームと協働する高度好熱菌由来タンパク質の解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 横山茂之: “転写と翻訳”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 新海暁男, 柏原愛子, 大林尚美, 寺田貴帆, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “*Thermus thermophilus* HB8 における転写: CRP 様因子及び SigmaE 様因子の生化学的性質”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 別所義隆, 加藤(村山)美幸, 村山和隆, 寺田貴帆, 白水美香子, 倉光成紀, 横山茂之: “tRNA スプライシング関連酵素の立体構造解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 柏原愛子, 石戸恵美, 吉良聡, 中川紀子, 井手香, 加納真, 長嶋剛史, 福崎昭伸, 小西史一, 畠山真里子, 田代康介, 久原哲, 小長谷明彦, 横山茂之, 倉光成紀: “DNA マイクロアレイ解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 新海暁男, 大林尚美, 寺田貴帆, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “*Thermus thermophilus* HB8 株由来 σ E 様因子 TT0799 の発現, 精製, 及び活性”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 関根俊一, 横山茂之: “アミノアシル tRNA 合成酵素: 構造の多様性と進化”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 飯野均, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 揖場朱香, 北村吉章, 笥教代, 中山仁志, 真岡伸子, 上利(住口)和子, 柏原愛子, 井上由美子, 吉良聡, 松本香代子, 大森美和, 石戸恵美, 西田雅美, 新海ふじ江, 堀田佳子, 木山知美, 満足美穂, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “タンパク質結晶化”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 真岡伸子, 甲角幸秀, 黒石千寿, 上利(住口)和子, 柳楽武志, 松本香代子, 木山知美, 柏原愛子, 石戸恵美, 揖場朱香, 松本隆, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 飯野均, 井上由美子, 吉良聡, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 矢内久陽, 今川貴仁, 堀田佳子, 有馬登志, 満足美穂, 北村吉章, 笥教代, 中山仁志, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “タンパク質発現”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 7-8 月 (2004).
- 金川真由美, 中川紀子, 海老原章郎, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 矢内久陽, 今川貴仁, 北村吉章, 中山仁志, 真岡伸子, 上利(住口)和子, 井上由美子, 松本香代子, 大森美和, 石戸恵美, 西田雅美, 新海ふじ江, 柳楽武志, 堀田佳子, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 満足美穂, 笥教代, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “構造機能解析”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 上利佳弘, 吉良聡, 中川紀子, 海老原章郎, 真岡伸子, 井上由美子, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 飯野均, 柏原愛子, 金川真由美, 上利(住口)和子, 柳楽武志, 松本香代子, 大森美和, 石戸恵美, 西田雅美, 新海ふじ江, 満足美穂, 笥教代, 矢内久陽, 今川貴仁, 北村吉章, 堀田佳子, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 中山仁志, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 に関する実験情報を管理・共有するためのデータベースシステム”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 新海ふじ江, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 大森美和, 西田雅美, 満足美穂, 堀田佳子, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笥教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート 1”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 大森美和, 西田雅美, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 新海ふじ江, 満足美穂, 堀田佳子, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笥教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート 2”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 井上由美子, 満足美穂, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 堀田佳子, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笥教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート 3”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 松永笑子, 藤本弥生, 黒石千寿, 頼永優, 浮田陽子, 伊東紀子, 松本隆, 高尾史野, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 満足美穂, 堀田佳子, 中川

- 紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート 4”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- 伊東紀子, 浮田陽子, 黒石千寿, 頼永優, 松永笑子, 藤本弥生, 松本隆, 高尾史野, 真岡伸子, 佐藤伸哉, 井上由美子, 大森美和, 西田雅美, 新海ふじ江, 満足美穂, 堀田佳子, 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 甲角幸秀, 上利佳弘, 上利(住口)和子, 飯野均, 柏原愛子, 吉良聡, 松本香代子, 石戸恵美, 柳楽武志, 矢内久陽, 今川貴仁, 有馬登志, 木山知美, 揖場朱香, 北村吉章, 笈教代, 中山仁志, 福田佐江, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “精製レポート 5”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, 播磨, 7-8 月 (2004).
- Guentert P.: “Recent advancement of structure calculation”, RRR Workshop 2004, 大阪, 8 月 (2004).
- 今高寛晃, 三上暁, 舩谷真美子, 横山茂之: “キャップ非依存性/5'-末端依存性翻訳開始のメカニズム”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, (日本 RNA 学会), 熊本, 8 月 (2004).
- 別所義隆, 加藤(村山)美幸, 村山和隆, 寺田貴帆, 白水美香子, 横山茂之: “古細菌 RNA2' リン酸転移酵素の立体構造解析”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 黒川さゆり, 別所義隆, 東島今日子, 白水美香子, 横山茂之, 大浜武: “イントロンのホーミング酵素が切断可能な標的 DNA 配列の不合理性”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 脇山素明, 松本知子, 横山茂之: “Drosophila U6 プロモーターで発現させた shRNA による S2 細胞での RNAi”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 末次(埜)京子, 関根俊一, 酒井宏明, 竹本(堀)千重, 寺田貴帆, 雲財悟, Tame J. R., 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “Crystal structure of elongation factor P from *Thermus thermophilus* HB8”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 原田洋子, 堀弘幸, 遠藤弥重太, 横山茂之, 平尾一郎: “Gm-methylase によってメチル化される RNA アプタマーの二次構造解析”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 堀弘幸, 渡辺和則, 深井周也, 武田裕嗣, 岡本裕智, 石井亮平, 遠藤弥重太, 横山茂之, 濡木理: “RNA メチル化酵素を構造と反応機構にもとづいて分類する”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 石井亮平, 皆川麻子, 高久洋暁, 高木正道, 梨本正之, 横山茂之: “*Thermotoga maritima* 由来 tRNase Z の X 線結晶構造解析”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 何発虎, 武藤裕, 中山亮子, 小柴生造, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 廣田洋, 好田真由美, 小林直宏, 田仲昭子, 長内隆, 松尾洋, 荒川貴博, Carninci P., 河合純, 林崎良英, 横山茂之: “スプライシング因子 SF4 蛋白質の SURP ドメインの立体構造解析”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 柳沢達男, 石井亮平, 福永流也, 濡木理, 横山茂之: “メタン生成古細菌 *Methanosarcina mazei* 由来アミノシル-tRNA 合成酵素様タンパク質 PylS の X 線結晶構造解析”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 福永流也, 横山茂之: “ロイシル tRNA 合成酵素・tRNA^{Leu} 複合体の X 線結晶構造解析”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 嶋勇樹, 鈴木勉, 寺田貴帆, 白水美香子, 横山茂之, 渡辺公綱: “高度好熱菌 tRNA に特異に存在する修飾塩基 s²T の合成機構”, 日本 RNA 学会年会第 6 回 RNA ミーティング, 熊本, 8 月 (2004).
- 関原明, 石田順子, 中嶋舞子, 槐亜希子, 藤田美紀, 水門佐保, 亀井綾子, 大野陽子, 櫻井哲也, 佐藤将一, 秋山顕治, 飯田慶, 篠崎(山口)和子, 豊田哲郎, 小長谷明彦, 鳴坂真理, Ecker J. R., Davis R. W., Theologis A., Carninci P., 河合純, 林崎良英, 横山茂之, 篠崎一雄: “シロイヌナズナ完全長 cDNA エンサイクロペディアの作製と植物ゲノムの発現・機能解析への利用”, 日本植物学会第 68 回大会, 藤沢, 9 月 (2004).
- 横山茂之: “構造プロテオミクス研究”, 第 4 回薬学会創薬ビジョンシンポジウム, (日本薬学会), 東京, 9 月 (2004).
- 平尾武士, 山口芳樹, 吉田雪子, 鈴木匡, 田中啓二, 加藤晃一: “NMR によるユビキチンリガーゼ SCFFbs1 の基質認識機構の解明”, 糖鎖科学名古屋拠点「若手の力」フォーラム, 名古屋, 9 月 (2004).
- 横山茂之: “構造プロテオミクス研究”, 羊土社創立 25 周年記念特別セミナー「バイオサイエンス研究と技術革新のブレークスルー&さらなる展望」, 東京, 9 月 (2004).
- 塚本佐知子, 多根和宏, 山下克美, 太田富久, 大貫裕之, 廣田洋, 井町美佐子, 横沢英良: “ユビキチン翻訳後修飾系を標的とする海洋生物由来の天然有機化合物の探索”, 第 46 回天然有機化合物討論会, (日本化学会他), 広島, 10 月 (2004).
- 鎌田和明, 中谷さと美, 佐藤昌昭, 大貫裕之, 廣田洋, 石橋正己: “変形菌からの天然物探索: 培養 *Physarum melleum* のペプチドドラクトンと野外 *Tubifera dimorphotheca* のトリテルペンアルデヒド”, 第 46 回天然有機化合物討論会, (日本化学会他), 広島, 10 月 (2004).
- 横山三紀, 木村智子, 加来寛明, 井上みお, 海津陽子, 脇山素明, 白水美香子, 横山茂之, 堅田利明, 平林義雄, 高津聖志, 柳下正樹: “CD38-糖脂質相互作用を介した B 細胞シグナルの活性化”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 坂本恵香, 新井亮一, 斉藤由美, 衛藤夕夏, 松本英子, 伊東夏織, 井上みお, 高木哲雄, 寺田貴帆, 白水美香子, 横山茂之: “Comprehensive analyses of unknown-function proteins/domains: identification of binding proteins using immunoprecipitation and mass spectrometry”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 松本英子, 新井亮一, 衛藤夕夏, 井上みお, 白水美香子, 横山

- 茂之: “Comprehensive analyses of unknown-function proteins/domains: analysis of intracellular localization using YFP-fusion proteins”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 津金沢恵子, 新井亮一, 別所義隆, 衛藤夕夏, 寺田貴帆, 白水美香子, 横山茂之: “Comprehensive analyses of unknown-function proteins/domains: analysis of protein-DNA interaction”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 寺澤ゆみこ, 吉川征子, 新井亮一, 坂本恵香, 衛藤夕夏, 榎本りま, 伊東夏織, 松本英子, 井上みお, 斉藤由美, 寺田貴帆, 白水美香子, 横山茂之: “Comprehensive analyses of unknown-function proteins/domains: identification of binding proteins by yeast two-hybrid screening”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 西本まどか, 新井亮一, 外山光俊, 寺田貴帆, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “Conserved hypothetical protein TT1642 of *Thermus thermophilus* HB8 binds to glutamine synthetase and cystathionine beta-lyase”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 海老原章郎, 中川紀子, 金川真由美, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 真岡伸子, 上利 (住口) 和子, 飯野均, 柏原愛子, 井上由美子, 増井良治, 白水美香子, 寺田貴帆, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “原子レベルでの生物学を目指した高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクトの進捗状況”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 斉藤由美, 新井亮一, 小西史一, 福崎昭伸, 畠山真里子, 井手香, 小長谷明彦, 外山光俊, 竹本 (堀) 千重, 増井良治, 倉光成紀, 白水美香子, 横山茂之: “Proteome analysis of extremely thermophilic bacterium *Thermus thermophilus* HB8”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 伊東夏織, 新井亮一, 脇山素明, 松本英子, 坂本恵香, 衛藤夕夏, 大槻真紀子, 井上みお, 林崎良英, 宮岸真, 多比良和誠, 白水美香子, 横山茂之: “RNA interference analysis of mammalian Fis1, involved in mitochondrial fission”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 西村光広, 吉田卓也, 白水美香子, 寺田貴帆, 倉光成紀, 横山茂之, 大久保忠恭, 小林祐次: “Solution structure of ribosomal protein L16”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- 柴田理恵, 別所義隆, 関根俊一, 村山和隆, 酒井宏明, 川添将仁, 竹本 (堀) 千重, 白水美香子, 倉光成紀, 横山茂之: “X-ray structure analysis of the tRNA domain of tmRNA from *Thermus thermophilus*”, 第 77 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2004).
- Guentert P.: “Calculation of Protein Structures Using NMR Data”, 第 2 回理研 HPC 研究会, 横浜, 10 月 (2004).
- 横山茂之: “タンパク質の構造・機能研究と HPC”, 第 2 回理研 HPC 研究会, 横浜, 10 月 (2004).
- 北原亮, 横山茂之, 赤坂一之: “高圧 NMR 法による静水圧 3000 気圧下の蛋白質の立体構造解析”, 第 45 回高圧討論会シンポジウム「高圧極限環境と生物科学最前線」(日本高圧学会), 滋賀県草津, 10 月 (2004).
- 福崎智数, 前田秀明, 横山茂之, 木吉司: “高磁界 NMR マグネット用超伝導接続の開発”, 2004 年度秋季低温工学・超電導学会, 八戸, 11 月 (2004).
- 河合利恵, 木本路子, 三井雅雄, 横山茂之, 平尾一郎: “Base-pair expanded transcription による RNA の部位特異的蛍光標識”, 第 31 回核酸化学シンポジウム, 東京, 11 月 (2004).
- 胡桃坂仁志, 杵渕隆, 香川亘, 横山茂之: “DNA 複製・修復”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 木川隆則, Guentert P., 前田秀明, 小柴生造, 小林直宏, 横山茂之: “NMR 解析”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 別所義隆, 武藤裕, 横山茂之: “RNA のプロセッシングと修飾”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 国島直樹, 村山和隆, 横山茂之: “X 線結晶構造解析”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 横山茂之: “「網羅的解析プログラムの成果について」中間報告”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 白水美香子, 斉藤講平, 横山茂之: “シグナル伝達系”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 横山茂之: “解析ターゲット”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 廣田洋, 田仲昭子, 横山茂之: “機能解析と応用”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 井上真, 寺田貴帆, 横山茂之: “試料の調製”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 松本武久, 佐藤万仁, 横山茂之: “重症急性呼吸器症候群 (SARS)”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 新海暁男, Padmanabhan B., 横山茂之: “転写”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- 関根俊一, 堀-竹本千重, 横山茂之: “翻訳”, 第 3 回タンパク 3000 プロジェクト公開シンポジウム, (文科省タンパク 3000 プロジェクト推進委員会), 豊中, 11 月 (2004).
- Lopez-Mendez B., Guentert P.: “Automated protein structure determination from NMR spectra”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 西山裕介, 山崎俊夫, 亀田恒徳, 宮澤光博, 寺尾武彦: “固体 NMR における位相強度変調 rf 磁場によるスピン相互作用の選択的 recoupling 法”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 松田知己, Guentert P.: “Full force field implementation

- for torsion angle dynamics simulation with the CYANA program”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- Paakkonen K., Annala A., Guentert P.: “Implementation of orientation-independent residual dipolar coupling restraints in CYANA”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 秦旭榮, 林文晶, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 廣田洋, 田仲昭子, 関原明, 篠崎一雄, 横山茂之: “Solution structure of a beta-grasp fold like domain At3g63000 from *Arabidopsis thaliana*”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 高橋雅人, 堀内崇, 菊地淳, 横山茂之, 前田秀明: “500 MHz NMR 用 4 ケルビン極低温プローブの開発”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 堀内崇, 高橋雅人, 菊地淳, 横山茂之, 前田秀明: “930 MHz 極低温プローブモデルの Q 値に及ぼすサンプル誘電特性の効果”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 長島敏雄, 林文晶, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 松田貴意, 関英子, 廣田洋, 好田真由美, 田仲昭子, 林崎良英, 横山茂之: “Solution structure of a murine hypothetical protein from RIKEN cDNA 2310057J16”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 樋口雄一郎, 阿部孝政, 大貫裕之, 濱田季之, 片山由貴子, 趙晨華, 鎌足雄司, 林文晶, 齊藤講平, 富澤忠, 小柴生造, 木川隆則, 泉頭也, 好田真由美, 白水美香子, 寺田貴帆, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 関原明, 篠崎一雄, 横山茂之, 廣田洋: “UBA ドメイン類の構造解析と構造-機能相関研究”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 米山操, 行木信一, 柄尾尚哉, 小柴生造, 井上真, 好田真由美, 廣田洋, 白水美香子, 寺田貴帆, 青木雅昭, 鞆康子, 関英子, 藤倉由紀子, 矢吹孝, 田仲昭子, 関原明, 篠崎一雄, 木川隆則, 横山茂之: “シロイヌナズナ構造プロテオミクス: SWIB ドメインの立体構造解析”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 畑中稔, 本多賢吉, 村上(石部)聡子, 美川務, 伊藤隆, 柴田武彦, 山崎俊夫: “タンパク質微結晶を用いた固体 NMR によるタンパク質:DNA 相互作用の研究”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 柄尾尚哉, 小柴生造, 井上真, 好田真由美, 廣田洋, 白水美香子, 寺田貴帆, 青木雅昭, 鞆康子, 関英子, 藤倉由紀子, 矢吹孝, 田仲昭子, 木川隆則, 小原收, 横山茂之: “ヒト構造プロテオミクス: MAST205 タンパク質の N 末端ドメインと相同性の高いヒト MAST3 タンパク質ドメインの構造解析”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 濱田季之, 浅沼三和子, 植木龍也, 林文晶, 小林直宏, 横山茂之, 道端齋, 廣田洋: “ホヤ由来バナディウム結合タンパク質 Vanabin2 の構造とバナジウムとの相互作用に関する研究”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 阿部孝政, 廣田洋, 安室憲一, 富澤忠, 小柴生造, 寺田貴帆, 白水美香子, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 松田貴意, 関英子, 木川隆則, 好田真由美, 田仲昭子, 松尾洋, 荒川貴博, Carninci P., 河合純, 林崎良英, Guentert P., 横山茂之: “マウス構造プロテオミクス: SNARE タンパク質 Vti1a N 末端ドメインの構造と機能”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 遠藤弘, 八田玲子, 林文晶, 好田真由美, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 廣田洋, 田仲昭子, 林崎良英, 横山茂之: “マウス構造プロテオミクス: 構造解析ハイスループット化の実例—MSP ドメイン, DUF232 を例にして”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 赤坂一之, 北原亮, 横山茂之: “高圧 NMR 法による蛋白質の構造・ダイナミクス解析: ユビキチン 30-3000 気圧”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 木川隆則, 武藤裕, 林文晶, 山崎和彦, 廣田洋, 山崎俊夫, Guentert P., 前田秀明, 好田真由美, 白水美香子, 田仲昭子, 林崎良英, 篠崎一雄, 小原收, 菅野純夫, 横山茂之: “高等動物の構造プロテオミクス”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 富澤忠, 小柴生造, 井上真, 齊藤講平, 泉頭也, 根本暢明, 朝倉克夫, 高杉憲司, 木吉司, 好田真由美, 廣田洋, 白水美香子, 寺田貴帆, 青木雅昭, 鞆康子, 関英子, 藤倉由紀子, 矢吹孝, 田仲昭子, 林崎良英, 関原明, 篠崎一雄, 木川隆則, 横山茂之: “高等動物構造プロテオミクス: zf-AN1 ドメインの網羅的構造解析”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 中川紀子, 海老原章郎, 金川真由美, 増井良治, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクトの進捗状況”, 第 5 回極限環境微生物学会年会, 東京, 11 月 (2004).
- 土田有紀, 大久保征治, 原太志, 田代桜子, 鈴木咲良, 畠中秀樹, 横山茂之, 田中弘文, 安田秀世, 神藤平三郎: “SUMO(E3) リガーゼ PIAS1 の SAP-like domain は転写調節因子ならびに DNA の認識に関与する”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 三上暁, 舩谷真美子, 今高寛晃, 横山茂之: “ヒト由来細胞を用いた無細胞系タンパク質合成による糖タンパク質の大量合成システムの開発”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 小宮健, 坂本健作, 横山茂之, 萩谷昌巳, Rose J.: “DNA1 分子でプログラムを実装する分子機械の動作解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 川添将仁, 堀-竹本千重, 上西達也, 関根俊一, 白水美香子, 横山茂之: “高度好熱菌 Era の構造と機能の解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- Tokmakov A. A., 寺澤ゆみこ, 白水美香子, 横山茂之: “Estimation of the relative abundance of mRNAs for PDK isozymes in *Xenopus* oocytes and somatic tissues by a novel BLAST score-based method”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 何発虎, 武藤裕, 濱名宏章, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 廣田洋,

- 好田真由美, 小林直宏, 田仲昭子, 長内隆, 松尾洋, 小原收, 長瀬隆弘, 菊野玲子, 中山学, 林崎良英, 横山茂之: “NMR structure of a novel domain WWE”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 寺澤ゆみこ, Tokmakov A. A., 白水美香子, 横山茂之: “Presence of multiple transcripts of pyruvate dehydrogenase kinase gene in the maternal RNA pool of *Xenopus* oocytes”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 海老原章郎, 中川紀子, 金川真由美, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 真岡伸子, 飯野均, 柏原愛子, 黒石千寿, 増井良治, 白水美香子, 寺田貴帆, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “Progress in the whole cell project of *Thermus thermophilus* HB8 toward atomic-resolution biology”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 坂倉宏治, 本橋理恵, 坂本健作, 押澤正, 鈴木孝昌, 山口芳樹, 加藤晃一, 横山茂之: “アンバー・サプレッション法によるタンパク質の部位特異的標識”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 趙晨華, 齊藤講平, 小柴生造, 鈴木咲良, 武藤裕, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 鞆康子, 関英子, 寺田貴帆, 白水美香子, 田仲昭子, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “Solution NMR structure of a novel ubiquitin-like protein, mouse UBL3”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 鈴木咲良, 武藤裕, 畠中秀樹, Tame J. R., 井上真, 木川隆則, 石塚芳子, 寺田貴帆, 白水美香子, 林崎良英, 横山茂之: “Solution structure of the PCI domain”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 宮本和英, 武藤裕, 柘尾尚哉, 小柴生造, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 鞆康子, 関英子, 寺田貴帆, 白水美香子, 田仲昭子, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “Solution structure of the RING-H2 finger domain of mouse Deltex protein 2”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 稲留香奈子, 武藤裕, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 横山茂之: “Solution structure of the RNA recognition motif(RRM) of a putative tumor suppressor LUCAS-15/RNA binding motif protein 5 (RBM 5)”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 李華, 齊藤講平, 小柴生造, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 鞆康子, 関英子, 寺田貴帆, 白水美香子, 田仲昭子, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “Solution structure of the tudor domain from murine *Myst1* protein”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 永田崇, 武藤裕, 白水美香子, 寺田貴帆, 井上真, 木川隆則, 林崎良英, 横山茂之: “Structural analysis of mouse poly(A)-specific ribonuclease”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 齊藤講平, 小柴生造, 井上真, 青木雅昭, 鞆康子, 矢吹孝, 松田貴意, 関英子, 寺田貴帆, 小原收, 田仲昭子, 白水美香子, 木川隆則, 横山茂之: “Structural comparison of three CAP-Gly domains in CYLD protein”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 脇山素明, 海津陽子, 横山茂之: “*Drosophila* S2 細胞ライセートを用いた転写・翻訳共役無細胞タンパク質合成”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 葛西卓磨, 木川隆則, 林崎良英, 横山茂之: “BoLA タンパク質の立体構造とそれに基づく機能部位の予測”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 林明子, 樋野展正, 新井亮一, 白水美香子, 坂本健作, 横山茂之: “EGF 受容体の 834 位のアミノ酸置換による Stat3 のリン酸化レベルの亢進とヨードチロシンの部位特異的導入によるリン酸化メカニズムの解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 井上匡子, 林文晶, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 廣田洋, 好田真由美, 田仲昭子, 林崎良英, 小原收, 横山茂之: “NMR により構造決定した SH3 domain 構造の比較”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 染谷龍彦, 武藤裕, 永田崇, 鈴木咲良, 井上真, 木川隆則, 寺田貴帆, 白水美香子, 小原收, 横山茂之: “RNA-binding motif protein 12 の RBM 領域の構造解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 高田直樹, 末永敦, 畠山真里子, 市川美緒, 兪暁梅, 沖本憲明, 二木紀行, 成見哲, 白水美香子, 横山茂之, 泰地真弘人, 小長谷明彦: “p85SH2 ドメインと ErbB3 由来チロシンリン酸化ペプチドのタンパク質間相互作用の解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 渡辺和則, 深井周也, 石井亮平, 濡木理, 横山茂之, 堀弘幸, 遠藤弥重太: “tRNA (Gm18) methyltransferase の保存アミノ酸配列の機能”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 福永流也, 横山茂之: “アミノアシル tRNA 合成酵素による校正反応”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 黒川さゆり, 別所義隆, 東島今日子, 白水美香子, 横山茂之, 大濱武: “イントロン領域内 ORF にコードされた endonuclease 活性とイントロン RNA を折り畳む分子シャペロン活性を併用するタンパク質が示す不合理な認識 DNA 配列の冗長性”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 柘淵隆, 香川亘, 榎本りま, 柴田武彦, 胡桃坂仁志, 横山茂之: “ヒト Dmc1 のダブルリング構造”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 竹本愛, 木村圭志, 横山茂之, 花岡文雄: “ヒトコンデンシンのリン酸化による活性制御の解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 胡桃坂仁志, 柘淵隆, 香川亘, 榎本りま, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト相同組替えタンパク質の構造・機能解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 鎌足雄司, 齊藤講平, 泉頭也, 金野大助, 中村安里, 阿部孝政, 清宮恭子, 葛西卓磨, 柘尾尚哉, 近山英輔, 小柴生造, 林文晶, 廣田洋, 好田真由美, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 鞆康子, 関英子, 寺田貴帆, 白水美香子, 田仲昭子, 小原收, 菅野純夫, 関原明, 篠崎一雄, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “ホメオタンパク質に含まれる共通ドメインホメオボックスの分類と代表構造の決定”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 榎本りま, 柘淵隆, 佐藤真, 八木秀司, 柴田武彦, 胡桃坂仁志, 横山茂之: “マウス TBPIP/Hop2 の機能解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).

- 伊良波史枝, 坂本健作, 小林隆嗣, 高橋正裕, 横山茂之: “ヨードチロシンを特異的に認識するアミノアシル tRNA 合成酵素の作成”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 菊地淳, 篠崎一雄, 平山隆志: “均一安定同位体標識化高等植物の多次元 NMR メタボロミクス”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 舩谷真美子, 三上暁, 森野重信, 久武幸司, Sonenberg N., 今高寛晃, 横山茂之: “真核細胞翻訳開始因子 eIFs の再構成”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 樋野展正, 岡崎有羽子, 林明子, 小林隆嗣, 坂本健作, 横山茂之: “動物細胞内における非天然型アミノ酸のタンパク質への部位特異的導入による in vivo 光クロスリンク法の開発”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 田辺弘明, 石原豪史, 五島美絵, 佐伯美帆, 堅田明子, 東原和成, 白水美香子, 横山茂之: “無細胞タンパク質合成系を用いた嗅覚受容体の合成および精製”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 葉袋良一, 松尾洋: “原子局所環境の物理化学的特徴を利用したタンパク質表面領域間類似性検出法の開発”, 第 42 回日本生物物理学会年会, 京都, 12 月 (2004).
- 二本紀行, 白水美香子, 末永敦, 沖本憲明, 成見哲, 戎崎俊一, 横山茂之, 泰地真弘人, 小長谷明彦: “分子動力学計算によるプロテオーム構造分析: タンパク質間相互作用モデル化研究”, 第 42 回日本生物物理学会年会, 京都, 12 月 (2004).
- 滝沢由政, 杵渕隆, 香川巨, 横山茂之, 柴田武彦, 胡桃坂仁志: “ヒト Rad51 Tyr-315 残基の機能解析”, 組換えワークショップ, 淡路島, 12 月 (2004).
- 榎本りま, 杵渕隆, 佐藤真, 八木秀司, 柴田武彦, 胡桃坂仁志, 横山茂之: “マウス及びヒト TBPIP/Hop2 の機能解析”, 組換えワークショップ, 淡路島, 12 月 (2004).
- 横山茂之: “タンパク質の機能解明と構造プロテオミクス: 転写, 翻訳, シグナル伝達を中心に”, 第 149 回生命科学フォーラム, 東京, 12 月 (2004).
- 平尾武士, 山口芳樹, 吉田雪子, 鈴木匡, 田中啓二, 加藤晃一: “糖鎖認識ユビキチンリガーゼ SCF^{Fbs1} の基質認識機構の NMR 解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会ワークショップ「グライコワールドの新展開」, 神戸, 12 月 (2004).
- 堀弘幸, 渡辺和則, 深井周也, 武田裕嗣, 岡本裕智, 池内与志穂, 高野義孝, 高柳直幸, 石井亮平, 原田洋子, 平尾一郎, 横山茂之, 鈴木勉, 濡木理, 遠藤弥重太: “RNA メチル化酵素の構造と機能の変遷”, 第 27 回日本分子生物学会年会ワークショップ「核酸塩基の修飾と生命進化における功罪」, 神戸, 12 月 (2004).
- 鎌足雄司, 齊藤講平, 泉頭也, 金野大助, 中村安里, 阿部孝政, 清宮恭子, 葛西卓磨, 枡尾尚哉, 近山英輔, 小柴生造, 林文晶, 廣田洋, 好田真由美, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 鞆康子, 関英子, 寺田貴帆, 白水美香子, 田仲昭子, 小原収, 菅野純夫, 関原明, 篠崎一雄, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “ホメオタンパク質に含まれる共通ドメインホメオボックスの分類と代表構造の決定”, 第 42 回日本生物物理学会年会, 京都, 12 月 (2004).
- 山崎和彦: “植物特異的転写因子 DNA 結合ドメインの構造プロテオミクス”, GSC セミナー, 横浜, 1 月 (2005).
- 神藤平三郎: “SUMO 化リカーゼ PIAS1 の SAP ドメインの NMR 構造と相互作用”, 大阪大学蛋白質研究所セミナー「DNA 修復の分子ならびに構造生物学」, 吹田市, 1 月 (2005).
- 杵渕隆, 胡桃坂仁志, 横山茂之: “ヒト DNA 組換え酵素 Dmc1 の立体構造”, 大阪大学蛋白質研究所セミナー「DNA 修復の分子ならびに構造生物学」, 吹田, 1 月 (2005).
- 胡桃坂仁志, 俵元-笹沼麻貴, 横山茂之: “ヒトセントロメア特異的クロマチン構造の形成機構の解析”, 第 22 回染色体ワークショップ, (文科省科学研究費補助金特定領域研究「ゲノムホメオスタシスの分子機構」, 「細胞核ダイナミクス」), 仙台, 1 月 (2005).
- 竹本愛, 木村圭志, 横山茂之, 花岡文雄: “細胞周期特異的なリン酸化によるコンデンシンの活性制御の解析”, 第 22 回染色体ワークショップ, (文科省科学研究費補助金特定領域研究「ゲノムホメオスタシスの分子機構」, 「細胞核ダイナミクス」), 仙台, 1 月 (2005).
- 金川真由美, 中川紀子, 海老原章郎, 甲角幸秀, 佐藤伸哉, 上利佳弘, 真岡伸子, 飯野均, 柏原愛子, 黒石千寿, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “Progress report on the whole-cell project of *Thermus thermophilus* HB8”, 理研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1 月 (2005).
- 松尾洋: “In silico プロテオーム規模親和性フィンガープリンティング”, 理研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1 月 (2005).
- 木川隆則: “無細胞系によるタンパク質調製技術の立体構造解析への利用”, 理研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1 月 (2005).
- 齋藤一樹, 小木曾英夫, 吉谷直栄, 佐藤万仁, 白水美香子, 廣田洋, 横山茂之: “EGF レセプターの構造と創薬”, 難治性疾患の克服をめざした創薬科学研究発表会, 京都, 2 月 (2005).
- 加藤晃一, 山口芳樹, 高橋禮子: “NMR と糖鎖ライブラリーを利用した構造グライコミクスへのアプローチ”, 日本薬学会第 125 年会, 東京, 3 月 (2005).
- 水原正弘, 松尾洋: “II 型糖尿病治療のための標的タンパク質探索と薬剤設計”, 日本薬学会第 125 年会, 東京, 3 月 (2005).
- 森久保典子, 福田頼之, 野村直子, 坂本健作, 横山茂之, 星野力: “スクアレン環化酵素: 非天然型アミノ酸導入技術を用いたカチオン- π 相互作用の証明”, 日本農芸化学会 2005 年度大会, 札幌, 3 月 (2005).
- 酒井美江, 大貫裕之, 佐藤万仁, 廣田洋: “*Agrobacterium tumefaciens* のオートインデューサー結合タンパク質 TraR を標的とした Quorum Sensing 阻害化合物の探索”, 日本化学会第 85 春季年会, 横浜, 3 月 (2005).
- 樋口雄一郎, 阿部孝政, 濱田季之, 齊藤講平, 小柴生造, 木川隆則, 泉頭也, 好田真由美, 白水美香子, 寺田貴帆, 井上真, 関原明, 篠崎一雄, 横山茂之, 廣田洋: “シロイヌナズナ由来 Ubiquitin Specific Protease 14 (*AtUBP14*) の UBA ドメインの構造-機能解析”, 日本化学会第 85 春季年会, 横浜, 3 月 (2005).
- 久保悟, 片山由貴子, 佐藤万仁, 吉谷直栄, 廣田洋: “低分子化合物を利用した GTF2I ドメインの機能研究”, 日本化

- 学会第 85 春季年会, 横浜, 3 月 (2005).
- 佐藤万仁: “ゲノム創薬研究と RSCC システム”, 理研シンポジウム「RSCC からベタコンピューティングへ」, 和光, 3 月 (2005).
- 木川隆則: “理研構造プロテオミクス研究”, 札幌タンパク質科学シンポジウム: ペプチド・タンパク質研究のフロンティア, (農業・生物系特定産業技術研究機構 新技術・新分野創出のための基礎研究推進事業「微生物を用いたペプチド大量生産法の開発」), 札幌, 3 月 (2005).
- 青木雅昭: “タンパク 3000 におけるロボットの活用”, 創薬研究ロボット懇話会 10 周年記念会, 東京, 3 月 (2005).
- 北原亮, 横山茂之, 赤坂一之: “Hydration changes associated with protein fluctuation: The case of ubiquitin”, 文科省科学研究費補助金特定領域研究「水と生体分子が織り成す生命現象の化学」第 2 回公開ワークショップ, 東京, 3 月 (2005).
- 山崎和彦: “植物特異的転写因子 DNA 結合ドメインの構造プロテオミクス”, 理研植物分子生物学セミナー, 筑波, 3 月 (2005).