

細胞情報伝達研究室

Cellular Signaling Laboratory

主任研究員 横山 茂之
YOKOYAMA, Shigeyuki

生命現象のメカニズムをタンパク質、核酸などの立体構造に基づいて解明する「構造生物学」(Structural Biology)は近年急速に発展している。当研究室では、構造解析から生命現象解明にいたる力強いストラテジーの確立をめざして、構造生物学の研究を推進している。特に、「細胞間・細胞内の情報伝達」および「遺伝情報の維持と発現」のメカニズムを、関与するさまざまなタンパク質や核酸・およびそれらの超分子複合体の構造と機能に基づいて解明することをめざす。大型放射光施設 SPring-8 を活用した X 線結晶解析を推進するとともに、生化学・分子細胞生物学的研究も展開する。

1. 転写・翻訳に関わるタンパク質・核酸複合体の構造と機能(横山, 木川, 白水, 胡桃坂, Vassylyev, 関根^{*1}, 阿部^{*2}, 高橋^{*2}, 大國^{*2}, 藤原^{*2}, 林^{*2}, 木賀^{*2}, 三井^{*2}, 大槻^{*2}, 佐藤^{*2}, 加藤^{*2}, 相馬^{*2}, Horn^{*3}, 原田^{*3}, 平尾^{*3}, 佐藤^{*3}, 上西^{*4}, 藤^{*4}; 伊藤, 柴田(遺伝生化学研); 瀧尾(生体分子解析室))

アミノアシル tRNA 合成酵素は、アミノ酸を対応する tRNA に結合させる反応(アミノアシル化反応)を触媒する。この反応は遺伝暗号の翻訳(タンパク質合成)においてきわめて重要なステップであり、高い正確性が要求される。アミノアシル化反応は 2 段階反応であり、アミノ酸ははじめに ATP によって活性化され、アミノアシル AMP(aa-AMP)を生じたのちに tRNA の 3' 末端に移される。アミノアシル tRNA 合成酵素の一種であるバリン tRNA 合成酵素(ValRS)は、校正機構を持つ酵素として知られている。ValRS は、アミノアシル化反応において、バリンよりも側鎖の大きいイソロイシンは排除するが、形の類似したトレオニンを誤って認識し、活性化してしまう。しかし、ValRS は、その結果生成する Thr-AMP ないしは Thr-tRNA^{Val} を加水分解して排除することができる。この校正反応はアミノアシル化の触媒部位とは別の触媒部位で行われる。本年度は、高度好熱菌 ValRS・tRNA^{Val}・Val-AMP アナログ複合体の結晶構造を決定し、正確なアミノアシル化反応と校正反応のメカニズムを明らかにした。まず、イソロイシル tRNA 合成酵素(IleRS)との比較を行い、アミノアシル化の触媒部位において、ValRS がバリンよりもメチル基 1 つ分大きいイソロイシンを排除する機構を解明した。さらに、結晶構造では tRNA の 3' 末端が校正反応の触媒部位に結合しており、Thr-AMP ないしは Thr-tRNA^{Val} のトレオニン部分が、トレオニンの特徴である水酸基をもとに認識され、加水分解を受ける機構が示唆された。

グルタミル tRNA 合成酵素(GluRS)は 2 つのグループに大別される。近縁のグルタミル tRNA 合成酵素(GlnRS)を持たない大半の細菌や細胞内小器官は、間接的な方法(transamidation pathway)により Gln-tRNA^{Glu} を合成している。したがって、tRNA^{Glu} と tRNA^{Gln} を識別せず両者に Glu を付加することができる「区別しない」GluRS が必須である。一方、GlnRS を獲得している細菌は tRNA^{Glu}

と tRNA^{Gln} を識別して tRNA^{Glu} にのみ Glu を付加する「区別する」GluRS を持っている。高度好熱菌由来の「区別する」GluRS と tRNA^{Glu} の複合体の結晶構造解析により、この GluRS が tRNA^{Glu} と tRNA^{Gln} のアンチコドン(それぞれ³⁴YUC³⁶ と³⁴YUG³⁶)を識別するメカニズムを明らかにした。tRNA^{Glu} のアンチコドン 3 文字目(C36)の塩基特異的認識・識別は、GluRS のたった 1 つのアルギニン残基によって達成されている。このアルギニン残基をグルタミンで置換しただけで、変異体 GluRS は 2 種類のアンチコドンを識別する能力を失った。アミノ酸配列によれば、本来の「区別しない」GluRS はこのグルタミン残基を保存しており、このグルタミンが tRNA のアンチコドンに対する縮退した特異性をつかさどっていると考えられる。これらの事実は GlnRS の出現に伴う GluRS の tRNA 特異性の進化が非常に単純な方法で行われたのではないかということを示唆している。

リボソームは翻訳をつかさどる細胞内小器官であり、3 分子の RNA と 50 数種のタンパク質からなる巨大複合体である。数十年来、この複合体の構成成分の機能やそれらの相対的配置について、生化学的・遺伝学的解析が行われ、さまざまな知見が蓄積されている。近年、ついにリボソームサブユニットの 3 Å レベルの X 線結晶構造解析が成功したことにより、その機能、特に精緻な翻訳の制御機構について、原子レベルでの解析への可能性が拓かれ、リボソーム研究は新たな段階を迎えている。我々は、リボソームの各機能段階における多様な全体構造を解明するために、鋳型である mRNA と、機能分子である tRNA の役割を同一分子内に持つ tmRNA との複合体の結晶構造解析を計画している。本年度はまず、複合体の構成成分を同定するために、高度好熱菌リボソームタンパク質を二次元電気泳動と質量分析計によるマス・フィンガープリンティング法によって網羅的に解析し、それらの遺伝子を同定した。同時にリボソームと他の因子が安定な複合体を形成する条件を、必要な因子の探索も含めて、生化学的実験によって検討中である。また、tmRNA と相互作用することがすでに明らかにされている SmpB タンパク質と tmRNA の複合体の結晶化も行う予定である。

RNA ポリメラーゼは遺伝子の転写をになう巨大な複合体

酵素であり、中心となるコア酵素と転写の各段階で異なるさまざまな転写因子によって構成されている。最近、原核および真核生物由来の RNA ポリメラーゼコア酵素の結晶構造が相次いで報告され、転写のメカニズムの構造レベルでの解明の可能性が示された。しかしながら、これらの結晶構造は中分解能で解かれたものであり、大部分のアミノ酸側鎖や一部の主鎖の構造は依然明らかにされていない。また、RNA ポリメラーゼコア酵素は、転写因子と一体となって初めてその機能を発揮することができ、複合体によって構造が大きく異なると考えられている。たとえば、原核生物の RNA ポリメラーゼコア酵素 ($\alpha_2\beta\beta'$) は、 σ 因子と複合体を形成し、ホロ酵素 ($\alpha_2\beta\beta'\sigma$) となることによって初めて、遺伝子のプロモーター配列を認識・結合することができる。本年度は、RNA ポリメラーゼの機能的構造を原子分解能レベルで解明するために、高度好熱菌由来 RNA ポリメラーゼホロ酵素の X 線結晶構造解析に着手した。高度好熱菌から RNA ポリメラーゼを調製し、再現性よく結晶を得る方法を確立した。SPring8 (理研ビームライン) をもちい、2.7 Å までのデータセットを収集することに成功した。現在構造決定を行っている。

*1 基礎科学特別研究員, *2 共同研究員, *3 訪問研究員, *4 研修生

2. 真核生物染色体の構造と安定維持機構 (横山, 胡桃坂, 河口 *1, 香川 *2, 田中 *3; 柴田 (遺伝生化学研))

染色体のセントロメア領域は、細胞分裂の際、染色体を均等に娘細胞へ分配するために重要な役割を果たしている。この領域は、他の染色体領域と比較して、特に高度に凝縮されていると考えられており、この特殊なセントロメア領域の高次構造を解明することが、セントロメアの機能の理解に重要である。そのために、まずセントロメア構成タンパク質の 1 つであるヒト CENP-B の DNA 結合ドメイン (CENP-B₁₋₁₂₉) と DNA との複合体の高次構造を、SPring-8 放射光施設を使用した X 線結晶構造解析により 2.5 Å の分解能で決定した。CENP-B は、ヒト染色体のセントロメアに存在する繰り返し DNA 配列に塩基配列特異的に結合する。X 線結晶構造解析の結果、CENP-B に結合した DNA は顕著に湾曲していることが分かった。一方、CENP-B₁₋₁₂₉ は、5 つの α -helix からなるドメイン 1 と、3 つの α -helix からなるドメイン 2 がタンデムに並ぶ高次構造を形成していた。そして、ドメイン 1 およびドメイン 2 それぞれの 3 つめの α -helix が、DNA の major groove に直接結合し、これらのドメイン間の領域に存在するストランドが DNA の minor groove に結合することが明らかになった。これらのタンパク質-DNA 間の相互作用が、特殊な DNA の湾曲構造を形成していることが明らかになった。

染色体 DNA は、種々の要因によって日常的に損傷を受けている。そのために生物には複数の DNA 修復機構が存在している。その内の 1 つに、DNA 組換え修復機構がある。近年、ハムスターの DNA 修復欠損細胞を相補するヒトの遺伝子として、XRCC2 および XRCC3 遺伝子が単離された。そしてこれらの遺伝子産物が、ヒトの組換え酵素として知られている HsRad51 と低い相同性を有することが明らかになった。さらに、HsRad51 遺伝子と相同性を有する

ヒトの遺伝子として、Rad51B, Rad51C, Rad51D がヒトより見いだされ、これら Rad51 ファミリーの組換え修復系への関与が示唆された。これら Rad51 ファミリーの DNA 修復における役割を明らかにする目的で、これらの遺伝子産物を組換えタンパク質として精製して生化学的な解析を行った。その結果、Xrcc3 は Rad51C と安定な複合体を形成し、相同な単鎖 DNA と二重鎖 DNA とを対合させる相同的対合反応を行うことが明らかになった。また、Xrcc2 は Rad51D と安定な複合体を形成し、Xrcc3・Rad51C と同様に相同的対合反応を行うことが分かった。これらの相互作用は、ヒト脳由来の cDNA を用いた Two-hybrid 解析によっても確認された。このことは、これら Xrcc3・Rad51C および Xrcc2・Rad51D 複合体が、ヒトの脳内での DNA 組換え修復において中心的な役割を果たすことを示唆している。さらに、Xrcc3・Rad51C および Xrcc2・Rad51D は、いずれもリング状の構造体を基本として単鎖 DNA と結合し、フィラメント状の複合体を形成することが、電子顕微鏡による解析によって明らかになった。

*1 基礎科学特別研究員, *2 ジュニア・リサーチ・アソシエイト, *3 研修生

3. 細胞情報伝達機構 (横山, 木川, 白水, 中村 *1, 斉藤 *1, 松村 *1, 宮崎 *2, 金 *2, 木本 *3, 遠藤 *4, 深津 *4, 進藤 *4, 桂 *4)

細胞は、細胞膜に存在するレセプターに増殖因子などの情報伝達物質が結合すると、増殖、分化、細胞死などさまざまな応答を行う。レセプターはこれら基質と結合すると細胞内応答の初期反応を誘起したのち、エンドサイトーシスにより細胞内へと取り込まれる。この過程において必須な役割を担うタンパク質群には、一次配列が高度に保存された epsin N-terminal homology (ENTH) ドメインと呼ばれる領域が共通に存在することがこれまでに知られていたが、その機能は解明されていなかった。当研究ではこの ENTH ドメインが、リン脂質の一種である PI(4,5)P₂ と結合することを初めて明らかにした。また基質の結合に伴う ENTH ドメインの NMR シグナルの変化を観測することにより、ENTH ドメインの立体構造上に存在する正電荷を持つアミノ酸に富んだ領域が、PI(4,5)P₂ の結合部位であることを明らかにした。さらにこれらのアミノ酸に変異を導入した ENTH ドメインが、PI(4,5)P₂ に対する結合能を消失し、さらに細胞内への情報伝達物質の取り込みを正常に媒介できないことを発見した。以上の結果は、エンドサイトーシスが正常に機能するためには ENTH ドメインと PI(4,5)P₂ の結合が必須であり、この相互作用によりレセプターの取り込みが制御されていることを示している。

Ras タンパク質は、細胞の増殖や分化に関わる重要なタンパク質で、Ser/Thr kinase である Raf タンパク質と結合し活性化する。Raf-1 タンパク質の RBD (Ras 結合ドメイン) に結合する RNA アプタマーを単離し、このアプタマーが Raf-1RBD と Ras の相互作用を阻害して *in vitro* での Ras による Raf-1 の活性化を阻害することをこれまでに明らかにした。本年度は、この RNA 分子を培養細胞内で発現・導入したことによる影響の解析に取り組んだ。HEK293 細胞において、Ras の V12S35 変異体 (Raf-1 に結合するが、他

の Ras の標的タンパク質に対する結合能が落ちている変異体)による Raf-1 活性化がアプタマーの発現により阻害されるという結果をすでに得ている。現在, EGF 刺激やがん化に関係する V12Ras 変異体による Raf-1 の活性化への阻害効果について調べているところである。また, さらに効果的なリガンド(アプタマー)を開発するために, アプタマー分子の二量体化などの改良も行っている。

*¹ 共同研究員, *² 訪問研究員, *³ ジュニア・リサーチ・アソシエイト, *⁴ 研修生

誌上発表 Publications

(原著論文) *印は査読制度がある論文誌

Shimada A., Nureki O., Dohmae N., Takio K., and Yokoyama S.: “Gene cloning, expression, crystallization and preliminary X-ray analysis of *Thermus thermophilus* arginyl-tRNA synthetase”, *Acta Cryst. D* **57**, 272–275 (2001). *

Fukai S., Nureki O., Sekine S., Shimada A., Tao J., Vassilyev D. G., and Yokoyama S.: “Structural basis for double-sieve discrimination of L-valine from L-isoleucine and L-threonine by the complex of tRNA and Valyl-tRNA synthetase”, *Cell* **103**, 793–803 (2000). *

Kawaguchi S., Müller J., Linde D., Kuramitsu S., Shibata T., Inoue Y., Vassilyev D. G., and Yokoyama S.: “The crystal structure of the ttCsaA protein: An export-related chaperone from *Thermus thermophilus*”, *EMBO J.* **20**, 562–569 (2001). *

Renault L., Kerjan P., Pasqualato S., Ménétrey J., Robinson J.-C., Kawaguchi S., Vassilyev D. G., Yokoyama S., Miranda M., and Cherfils J.: “Structure of the EMAPII domain of human aminoacyl-tRNA synthetase complex reveals evolutionary dimer mimicry”, *EMBO J.* **20**, 570–578 (2001). *

Sano K., Maeda K., Taniguchi H., and Maeda Y.: “Amino acid replacements in an internal region of tropomyosin alter the properties of the entire molecule”, *Eur. J. Biochem.* **267**, 4870–4877 (2000). *

Kostyukova A., Maeda K., Yamauchi E., Krieger I., and Maeda Y.: “Domain structure of tropomodulin: Distinct properties of the N-terminal and C-terminal halves”, *Eur. J. Biochem.* **267**, 6470–6475 (2000). *

Mishima M., Hatanaka M., Yokoyama S., Ikegami T., Walchli M., Ito Y., and Shirakawa M.: “Intermolecular ³¹P-¹⁵N and ³¹P-¹H scalar couplings across hydrogen bonds formed between a protein and a nucleotide”, *J. Am. Chem. Soc.* **122**, 5883–5884 (2000). *

Sano K., Maeda K., Oda T., and Maeda Y.: “The effect of single residue substitutions of serine-283 on the strength of head-to-tail interaction and actin binding properties of rabbit skeletal muscle α -tropomyosin”, *J. Biochem.* **127**, 1095–1102 (2000). *

Sekine S., Shimada A., Nureki O., J. C., D. M., Vassilyev D. G., and Yokoyama S.: “Crucial role of the HIGH-loop lysine for the catalytic activity of arginyl-tRNA

synthetase”, *J. Biol. Chem.* **276**, 3723–3726 (2001). *

Kim I., Muto Y., Watanabe S., Kitamura A., Futamura Y., Yokoyama S., Hosono K., Kawai G., Takaku H., Dohmae N., Takio K., Sakamoto H., and Shimura Y.: “Interactions of a didomain fragment of the *Drosophila* sex-lethal protein with single-stranded uridine-rich origonucleotides derived from the *transformer* and *Sex-lethal* messenger RNA precursors: NMR with residue-selective [5-²H]uridine substitutions”, *J. Biomol. NMR* **17**, 153–165 (2000). *

Kato M., Yano K., Matsuo F., Saito H., Katagiri T., Kurumizaka H., Yoshimoto M., Kasumi F., Akiyama F., Sakamoto G., Nagawa H., Nakamura Y., and Miki Y.: “Identification of Rad51 alteration in patients with bilateral breast cancer”, *J. Hum. Genet.* **45**, 133–137 (2000). *

Terada T., Shirouzu M., Fukumori Y., Fujimori F., Ito Y., Kigawa T., Yokoyama S., and Uchida T.: “Solution structure of the human parvulin-like peptidyl prolyl *cis/trans* isomerase, hPar14”, *J. Mol. Biol.* **305**, 917–926 (2001). *

Koshiha S., Kigawa T., Kikuchi A., and Yokoyama S.: “Solution structure of the espin N-terminal homology (ENTH) domain of human espin”, *J. Struct. Funct. Genomic*, pp. 1–8 (2001). *

Sekine S., Nureki O., Shimada A., Vassilyev D. G., and Yokoyama S.: “Structural basis for anticodon recognition by discriminating glutamyl-tRNA synthetase”, *Nat. Struct. Biol.* **8**, 203–206 (2001). *

Inoue M., Muto Y., Sakamoto H., and Yokoyama S.: “NMR studies on functional structures of the AU-rich element-binding domains of Hu antigen C”, *Nucleic Acids Res.* **28**, 1743–1750 (2000). *

Kuroda Y., Tani K., Matsuo Y., and Yokoyama S.: “Automated search of natively folded protein fragments for high-throughput structure determination in structural genomics”, *Protein Sci.* **9**, 2313–2321 (2000). *

Itoh T., Koshiha S., Kigawa T., Kikuchi A., Yokoyama S., and Takenawa T.: “Role of the ENTH domain in phosphatidylinositol-4,5-bisphosphate binding and endocytosis”, *Science* **291**, 1047–1051 (2001). *

木川隆則: “無細胞系を用いたタンパク質の大量合成”, *生物物理* **40**, 391–394 (2000). *

(総説)

Yokoyama S., Hirota H., Kigawa T., Yabuki T., Shirouzu M., Terada T., Ito Y., Matsuo Y., Kuroda Y., Nishimura Y., Kyogoku Y., Miki K., Masui R., and Kuramitsu S.: “Structural genomics projects in Japan”, *Nat. Struct. Biol.* **7** Suppl., 943–945 (2000).

Yokoyama S., Matsuo Y., Hirota H., Kigawa T., Shirouzu M., Kuroda Y., Kurumizaka H., Kawaguchi S., Ito Y., Shibata T., Kainosho M., Nishimura Y., Inoue Y., and Kuramitsu S.: “Structural genomics projects in Japan”, *Prog. Biophys. Mol. Biol.* **73**, 363–376 (2000).

木川隆則, 横山茂之: “タンパク質の高次構造決定 (NMR

- 法”, Mol. Med. **37**, 228–234 (2000).
- Trakhanov S., 白水美香子: “Series: ゲノム解析プロトコール 14 タンパク質結晶解析と強力シンクロトロン放射光”, Mol. Med. **37**, 836–842 (2000).
- 横山茂之, 廣田洋, 中山朋子: “第 12 章 NMR によるタンパク質基本構造解析”, ゲノム創薬の新潮流, 古谷利夫 (編), シーエムシー, pp. 127–132 (2000).
- 横山茂之: “巻頭言 ゲノムからタンパク質へ”, ファイナンス **36**, No. 1, 表 2 (2000).
- 白水美香子, 木川隆則, 横山茂之: “構造ゲノム科学プロジェクト”, ポストシーケンズのゲノム科学 3 プロテオミクス: タンパク質の系統的・網羅的解析, 伊藤隆司, 谷口寿章 (編), 中山書店, 東京, pp. 197–205 (2000).
- 廣田洋, 横山茂之: “構造ゲノム科学と創薬”, 実験医学 **18**, 1722–1725 (2000).
- 木川隆則, 横山茂之: “無細胞蛋白質合成系と NMR による蛋白質基本構造の解析”, 実験医学 **18**, 2464–2469 (2000).
- 倉光成紀, 三木邦夫, 宮野雅司, 神谷信夫, 横山茂之: “構造ゲノム科学”, 日本結晶学会誌 **43**, 45–54 (2001).
- (その他)
- 横山茂之, 廣田洋, 木川隆則: “ゲノム研究の最前線”, InterLab, No. 21, pp. 31–40 (2000).
- 横山茂之: “ポストゲノムのタンパク質研究”, 科学技術ジャーナル **12**, 18–19 (2000).
- 頭 発 表 Oral Presentations
- (国際会議等)
- Kawaguchi S., Sekine S., Vassylyev D. G., and Yokoyama S.: “Crystal structure of *T. thermophilus* homolog of Trbp111: A novel tRNA binding protein”, 18th tRNA Workshop, Cambridge, UK, Apr. (2000).
- Madore E., Florentz C., Giege R., Sekine S., Yokoyama S., Lapointe J., and Lapointe J.: “Effect of modified nucleotides and magnesium on *Escherichia coli* tRNA^{Glu} structure and on its aminoacylation by glutamyl-tRNA synthetase”, 18th tRNA Workshop, Cambridge, UK, Apr. (2000).
- Fukai S., Sekine S., Nakama T., Shimada A., Vassylyev D. G., Nureki O., and Yokoyama S.: “Structural basis for tRNA recognition by *Thermus thermophilus* valyl- and glutamyl-tRNA synthetases”, 18th tRNA Workshop, Cambridge, UK, Apr. (2000).
- Sekine S., Nureki O., Shimada A., Vassylyev D. G., and Yokoyama S.: “Structural basis of tRNA-anticodon discrimination by glutamyl-tRNA synthetase”, 18th tRNA Workshop, Cambridge, UK, Apr. (2000).
- Kurumizaka H., Kagawa W., Ikawa S., Nakada M., Yokoyama S., and Shibata T.: “Complex formation and homologous pairing activity of the human DNA repair proteins, Xrcc3, Rad51C, and Rad51”, 65th Cold Spring Harbor Symp. on Quantitative Biology: Biological Responses to DNA Damage, New York, USA, May-June (2000).
- Yokoyama S.: “RIKEN structural genomics initiative”, 2nd Ann. EMSL Workshop on Structural Genomics, Richland, USA, July (2000).
- Gomi S., Maeda S., and Yokoyama S.: “Studies of *Bombyx mori* nucleopolyhedrovirus genes that alter host behavior”, 19th Ann. Meet. of American Soc. for Virology, Fort Collins, USA, July (2000).
- Yokoyama S.: “The Japanese post-genome project”, 19th Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems, Florence, Italy, Aug. (2000).
- Kigawa T., Yabuki T., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: “Application of the cell-free protein synthesis to the structure determination of basic protein folds using the NMR spectroscopy”, 19th Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems, Florence, Italy, Aug. (2000).
- Koshiba S., Kigawa T., Kikuchi J., and Yokoyama S.: “NMR study of the epsin N-terminal homology domain of a human epsin”, 19th Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems, Florence, Italy, Aug. (2000).
- Kikuchi J., Iwahara J., Kigawa T., Murakami Y., Okazaki T., and Yokoyama S.: “Solution structure and dynamics of N-terminal region of Abp1 with 21bp-DNA fragment”, 19th Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems, Florence, Italy, Aug. (2000).
- Hamada T., Hirota H., Furukawa H., Haga T., Muto Y., and Yokoyama S.: “TRNOE studies of methacoline bound to the muscarinic acetylcholine receptor”, 19th Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems, Florence, Italy, Aug. (2000).
- Yokoyama S.: “Structural genomics projects in Japan”, 14th Symp. of the Protein Soc., San Diego, USA, Aug. (2000).
- Yokoyama S.: “High-yield in vitro expression”, TB Structural Genomics Consortium/Pyrobaculum aerophilum Retreat, Santa Fe, Argentina, Sept. (2000).
- Furukawa H., Haga T., Muto Y., Yokoyama S., Hamada T., and Hirota H.: “Conformation of methacholine (S) bound to the M₂ muscarinic acetylcholine receptor”, 9th Int. Symp. on Subtypes of Muscarinic Receptors, Houston, USA, Oct.-Nov. (2000).
- Ito Y., Mikawa T., Nishinaka T., Aihara H., Kurumizaka H., Yokoyama S., and Shibata T.: “NMR studies on genetic recombination”, 4th ICRS Int. Symp., (Institute for Chemical Reaction Science, Tohoku University), Sendai, Nov. (2000).
- Tanaka Y., Nureki O., Kurumizaka H., Fukai S., Kawaguchi S., Ikuta M., Iwahara J., Okazaki T., and Yokoyama S.: “The crystal structure of the DNA-binding domain of the human centromere protein B in complex with CENP-B box DNA”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Kurumizaka H., Kagawa W., Nakada M., Ikawa S., Shibata T., and Yokoyama S.: “The human DNA-repair proteins, Xrcc3-Rad51C, promotes homologous pairing”,

- Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Kagawa W., Kurumizaka H., Shibata T., and Yokoyama S.: “The human Rad52 protein promotes homologous pairing”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Vassilyev D. G., Shirouzu M., Wada T., and Yokoyama S.: “2, 3 Å resolution crystal structure of L17 ribosomal protein from *Thermus thermophilus*”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Kigawa T., Yabuki T., Yamaguchi-Nunokawa E., Seki E., Matsuda T., Motoda Y., Matsuda N., Shen X., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: “Application of the cell-free protein synthesis to the structure determination of basic protein folds using the NMR spectroscopy”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Chikayama E., Kuroda Y., Tani K., Matsuo Y., Kawai J., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: “Automated protein domain prediction system for the selection of structure determination targets”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Kuroda Y., Tani K., Matsuo Y., and Yokoyama S.: “Automated search of natively folded protein fragments for high-throughput structure determination in structural genomics”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Miyazaki S., Kuroda Y., and Yokoyama S.: “Characterization and prediction of domain linker sequences by a neural network”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Handa N., Nureki O., Kurimoto K., Fukai S., Kim I., Sakamoto H., Shimura Y., Muto Y., and Yokoyama S.: “Crystal structure of the Sex-lethal protein in complex with the transformer mRNA precursor at 1.7 Å resolution”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Kukimoto M., Nureki O., Shirouzu M., Katada T., Hirabayashi Y., Sugiyama H., Furuyama S., Yokoyama S., and Hara-Yokoyama M.: “Crystallization and preliminary X-ray diffraction analysis of the extracellular domain of the cell surface antigen CD38 complexed with ganglioside”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Eda K., Kurumizaka H., Kagawa W., Koshiha S., Kigawa T., Matsuo Y., Nojima H., and Yokoyama S.: “Domain analysis of the human Mcm6 protein”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Kikuchi J., Iwahara J., Kigawa T., Murakami Y., Okazaki T., and Yokoyama S.: “Effect of long-range order restraints in the solution structure analysis of Abp1/DNA complex”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Yabuki T., Motoda Y., Matsuda N., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: “High-throughput and highly productive expression of proteins using cell-free protein synthesis for structural and functional analysis”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Okumura A., Kuroda Y., Kuramitsu S., Shibata T., Inoue Y., and Yokoyama S.: “Identification of folded protein domains candidate to high-throughput structure determination: A pilot experiment using the *Thermus thermophilus* genome”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Tanaka T., Kuroda Y., and Yokoyama S.: “Identification of protein domain linkers using secondary structure prediction and homologous sequence alignment”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Shibata T., Nishinaka T., Ito Y., Mikawa T., Aihara H., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: “Molecular structures for heteroduplex joint-formation in homologous genetic recombination”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Akanuma S., Kigawa T., and Yokoyama S.: “A novel strategy for creating a simplified enzyme with a reduced set of amino acids”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Tajima K., Shirouzu M., Inoue M., Yabuki T., Kigawa T., Shibata T., Inoue Y., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Production of *Thermus thermophilus* HB8 proteins by cell-free system”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Hori C., Nakayama H., Kaminishi T., Shirouzu M., Takio K., Hirota H., and Yokoyama S.: “Proteomic analysis of the ribosomal and its associated proteins of *Thermus thermophilus* HB8”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Koshiha S., Kigawa T., Kikuchi A., and Yokoyama S.: “Solution structure of the Epsin N-terminal homology (ENTH) domain of human Epsin”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Terada T., Shirouzu M., Fukumori Y., Fujimori F., Ito Y., Kigawa T., Yokoyama S., and Uchida T.: “Solution structure of the human parvulin-like peptidyl prolyl *cis/trans* isomerase, hPar14”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Inoue M., Kigawa T., Shirouzu M., Tachida Y., Inoue M., Kawaguchi S., Shibata T., Inoue Y., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Solution structure of the *Thermus thermophilus* hypothetical protein 258”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Terada T., Shirouzu M., Kawaguchi S., Masui R., Nureki O., Vassilyev D. G., Wada T., Inoue M., Ishii R., Katsura Y., Kukimoto M., Nakano N., Trakhanov S.,

- Inoue M., Tachida Y., Hashimoto K., Goto M., Tajima K., Kigawa T., Yabuki T., Asanuma M., Hirota H., Inoue Y., Shibata T., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: "Structural studies on new functional proteins and proteins involved in transcription and translation of *Thermus thermophilus* HB8", Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Shibata T., Nishinaka T., Mikawa T., Aihara H., Kurumizaka H., Yokoyama S., and Ito Y.: "Homologous genetic recombination as an intrinsic dynamic feature of DNA molecular: A suggestion from structural studies on RecA/Rad51-mediated heteroduplex joint-formation", Natl. Acad. of Science Colloq. on Links between Recombination and Replication: Vital Roles of Recombination, Irvine, USA, Nov. (2000).
- Vassylyev D. G. : "The crystal structure of a bifunctional protein with export-related chaperone and tRNA-binding activities", UK-Japan (DL/RIKEN/JASRI) Joint Symp., Harima, Nov. (2000).
- Sekine S.: "Structural basis for transfer RNA recognition by *Thermus thermophilus* Glu-tRNA synthetase", UK-Japan (DL/RIKEN/JASRI) Joint Symp., Harima, Nov. (2000).
- Yokoyama S.: "RIKEN structural genomics initiative", 11th Workshop on Genome Informatics (GIW 2000), (Human Genome Center, University of Tokyo), Tokyo, Dec. (2000).
- Yokoyama S.: "RIKEN structural genomics initiative", High Throughput Structural Biology, (ESRF, EMBL), Grenoble, France, Feb. (2001).
- Yamamoto M., Adachi S., Kumasaka T., Kawano Y., Park S.-Y., Kamiya N., Shiro Y., Inoue Y., Yokoyama S., Miyano M., and Ishikawa T.: "SPRING-8 RIKEN beamlines for structural biology and structural genomics", High Throughput Structural Biology, (ESRF, EMBL), Grenoble, France, Feb. (2001).
- Yokoyama S.: "Structural basis for the amino acid and transfer RNA recognition by class-(I) aminoacyl-tRNA synthetases", Int. COE Symp. on Post-Genome World of RNA, (Institute of Medical Science, University of Tokyo), Tokyo, Mar. (2001).
- (国内会議)
- 胡桃坂仁志, 相原秀樹, 香川亘, 柴田武彦, 横山茂之: "ヒト Rad51-N 末端ドメインの高次構造と Rad52 結合領域の解析", 第 37 回日本生物物理学会年会, 和光, 10 月 (1999).
- 香川亘, 胡桃坂仁志, 柴田武彦, 横山茂之: "ヒト Rad52 タンパク質の機能領域の解析", 第 37 回日本生物物理学会年会, 和光, 10 月 (1999).
- 胡桃坂仁志, 井川肅子, 香川亘, 柴田武彦, 横山茂之: "ヒトの DNA 修復に関わる Xrcc2, Xrcc3, Rad51C, HsRad51 の生化学的解析", 第 72 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (1999).
- 胡桃坂仁志, 井川肅子, 香川亘, 柴田武彦, 横山茂之: "DNA 修復に関わるヒト Xrcc3 の複合体形成と DNA 組換え活性", 第 22 回日本分子生物学会年会 ワークショップ「DNA 修復研究の最前線」, 福岡, 12 月 (1999).
- 横山茂之: "In vitro 蛋白合成系と構造解析", 医科研シンポジウム「プロテオーム研究の最前線」, (東京大学医科学研究所), 東京, 5 月 (2000).
- 伊藤隆, 相原秀樹, 美川務, 横山茂之, 柴田武彦, 美川務: "大腸菌 DinI の高次構造と RecA との相互作用", 平成 12 年度日本分光学会春期講演会, 東京, 5 月 (2000).
- 菊地淳, 岩原淳二, 木川隆則, 村上洋太, 岡崎恒子, 横山茂之: "DNA 結合タンパク質の Abp1 の運動性解析", 平成 12 年度日本分光学会春季講演会, 東京, 5 月 (2000).
- 小柴生造, 木川隆則, 菊池章, 横山茂之: "Epsin の ENTH ドメインの NMR による構造解析", 平成 12 年度日本分光学会春季講演会, 東京, 5 月 (2000).
- 伊藤拓宏, 武藤裕, 金仁実, Green M. R., 横山茂之: "hU2AF65 の RNA 結合ドメインの立体構造解析", 平成 12 年度日本分光学会春季講演会, 東京, 5 月 (2000).
- 木川隆則, 矢吹孝, 布川(山口)絵未, 関英子, 松田貴意, 元田容子, 松田夏子, 横山茂之: "NMR と無細胞合成系を用いたタンパク質基本構造の解析", 平成 12 年度日本分光学会春季講演会, 東京, 5 月 (2000).
- 井上真, 武藤裕, 坂本博, 横山茂之: "NMR 法による HuC RNA 結合ドメインと RNA の相互作用解析", 平成 12 年度日本分光学会春季講演会, 東京, 5 月 (2000).
- 横山茂之: "NMR と構造ゲノム科学", 平成 12 年度日本分光学会春季講演会, 東京, 5 月 (2000).
- 北村彩, 武藤裕, 渡辺暁, 金仁実, 伊藤拓宏, 西谷陽一, 坂本健作, 大槻高史, 河合剛太, 渡辺公綱, 細野和美, 高久洋, 加藤悦子, 山崎俊正, 井上丹, 横山茂之: "セルフスプライシングを行うリボザイムであるグループ I イントロンのグアノシン結合部位の構造解析", 平成 12 年度日本分光学会春季講演会, 東京, 5 月 (2000).
- 宮崎哲, 黒田裕, 横山茂之: "ニューラルネットワークによるタンパク質ドメインリンカー予測", 蛋白合同年会東京 2000: 第 51 回タンパク質構造討論会, 第 12 回日本蛋白工学会, 第 7 回タンパク質立体構造の構築原理ワークショップ, 東京, 6 月 (2000).
- 横山茂之: "21 世紀の生物学と結晶学: ゲノム構造生物学のインパクト", 21 世紀における結晶学シンポジウム, (日本結晶学会, 日本学術会議結晶学研究連絡委員会), 東京, 7 月 (2000).
- 平尾一郎, 原田洋子, 野島高彦, 大沢豊, 正木春彦, 横山茂之: "In vitro セレクションによるコリシン E3 に結合する RNA の解析", 第 2 回 RNA ミーティング, 函館, 7-8 月 (2000).
- 北村彩, 武藤裕, 金仁実, 伊藤拓宏, 渡部暁, 西谷陽一, 坂本健作, 大槻高史, 細野和美, 河合剛太, 渡辺公綱, 高久洋, 加藤悦子, 山崎俊正, 井上丹, 横山茂之: "グループ I イントロンのグアノシン結合部位を含む RNA 分子 (GBS/ ω G) の NMR 法による構造決定", 第 2 回 RNA ミーティング, 東京, 7-8 月 (2000).
- 北島真, Ali K., Arnold D., 横山茂之, Soll D.: "放射線トリプトファン tRNA 合成酵素のクローニングと解析: インドールマイシン耐性の分子機構", 日本 RNA 学会年会第 2 回 RNA ミーティング, 東京, 7-8 月 (2000).

- 田中祥徳, 濡木理, 胡桃坂仁志, 深井周也, 河口真一, 幾田まり, 岩原淳二, 岡崎恒子, 横山茂之: “ヒトセントロメア結合タンパク質 CENP-B と CENP-B box DNA との複合体の X 線結晶構造解析”, 文部省科研費特定領域研究 (A) 第 3 回ワークショップ「生物マシーナリー」, 札幌, 8 月 (2000).
- 古川浩康, 芳賀達也, 濱田季之, 廣田洋, 武藤裕, 横山茂之: “ムスカリン受容体に結合したメタコリンの構造”, 第 38 回日本生物物理学会年会, 仙台, 9 月 (2000).
- 小森博文, 辻内宏, 増井良治, 倉光成紀, 横山茂之, 柴田武彦, 井上頼直, 三木邦夫: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* 由来, 光回復酵素の結晶構造解析”, 第 38 回日本生物物理学会年会, 仙台, 9 月 (2000).
- 濡木理, 白水美香子, 嶋田睦, 中間崇, 深井周也, 石谷隆一郎, 橋本恭子, Vassilyev D. G., 横山茂之: “正確な蛋白質合成を保證する酵素ファミリーの構造生物学”, 第 38 回日本生物物理学会年会, 仙台, 9 月 (2000).
- 海宏, 佐野健一, 前田佳代, 前田雄一郎, 三木正雄: “D234 変異トロポミオシンを使った再構成細いフィラメントの蛍光エネルギー移動測定”, 第 38 回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9 月 (2000).
- 溝口智恵子, 海宏, 前田佳代, 前田雄一郎, 三木正雄: “TnI の C 末端と阻害領域との挙動の比較”, 第 38 回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9 月 (2000).
- Kostyukova A., Tiktopulo E., Krieger I., 前田佳代, 前田雄一郎: “Tropomodulin domain structure”, 第 38 回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9 月 (2000).
- 佐野健一, 前田佳代, 前田雄一郎: “アクチン-トロポミオシン複合体の 3 状態モデル”, 第 38 回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9 月 (2000).
- 武田壮一, 山下敦子, 前田佳代, Krieger I., 前田雄一郎: “トロポニンの結晶化と構造解析”, 第 38 回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9 月 (2000).
- 紺田佳孝, 溝口智恵子, 前田佳代, 前田雄一郎, 三木正雄: “変異トロポニン T を使った再構成細いフィラメントの蛍光エネルギー移動測定”, 第 38 回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9 月 (2000).
- 宮崎哲, 黒田裕, 横山茂之: “タンパク質ドメインリンカーの配列解析に基づくドメイン予測法の構築”, 日本生物物理第 38 回年会, 仙台, 9 月 (2000).
- 矢吹孝, 元田容子, 松田夏子, 山口絵未, 関英子, 松田貴意, 木川隆則, 林崎良英: “PCR と無細胞タンパク質合成系を用いた, 多検体, 高収量, 迅速な融合タンパク質の発現法”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 胡桃坂仁志, 香川亘, 田中真希, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト Rad51 相互作用因子, HsRad52 および Xrcc3 の機能解析”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 寺田透, 白水美香子, 藤森文啓, 伊藤隆, 木川隆則, 内田隆史, 横山茂之: “ペプチジルプロリルシス/トランスイソメラーゼ hPar14 の NMR による構造解析”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 松田貴意, 矢吹孝, 松田夏子, 木川隆則, 横山茂之: “透析法を用いた無細胞タンパク質合成系によるタンパク質試料の大量調製”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 小柴生造, 木川隆則, 菊池章, 横山茂之: “Epsin の ENTH ドメインの NMR による構造解析”, 第 39 回 NMR 討論会, 東京, 11 月 (2000).
- 濱田季之, 廣田洋, 古川浩康, 芳賀達也, 武藤裕, 横山茂之: “TRNOE 法によるムスカリン性アセチルコリン受容体に結合したメタコリンの構造解析研究”, 第 39 回 NMR 討論会, 東京, 11 月 (2000).
- 木川隆則, 矢吹孝, 布川(山口)絵未, 関英子, 松田貴意, 元田容子, 松田夏子, 沈新春, 横山茂之: “タンパク質基本構造の解明研究”, 第 39 回 NMR 討論会, 東京, 11 月 (2000).
- 菊地淳, 岩原淳二, 木川隆則, 村上洋太, 岡崎恒子, 横山茂之: “遠位相互作用を利用した Abp1/DNA 複合体の立体構造解析”, 第 39 回 NMR 討論会, 東京, 11 月 (2000).
- 相原秀樹, 伊藤隆, 美川務, 横山茂之, 柴田武彦: “大腸菌 DinI の高次構造と RecA との相互作用”, 第 39 回 NMR 討論会, 東京, 11 月 (2000).
- 横山茂之: “理化学研究所・構造ゲノム科学プロジェクト”, NMR2000, (東京 NMR 懇親会), 八王子, 12 月 (2000).
- 胡桃坂仁志, 井川肅子, 香川亘, 江田慶子, 中田真希, 榎本りま, 柴田武彦, 横山茂之: “DNA 組換え修復に働く Xrcc3・Rad51C 複合体の機能解析”, 第 14 回ワークショップ「遺伝的組換えとその制御」, 神戸, 12 月 (2000).
- 柴田武彦, 美川務, 西中太郎, 相原秀樹, 胡桃坂仁志, 横山茂之, 伊藤隆: “Molecular structure for heteroduplex joint-formation by RecA/Rad51 family proteins”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 矢吹孝, 元田容子, 松田夏子, 黒田裕, 松尾洋, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “PCR と無細胞タンパク質合成系を用いた, 多検体, 高収量, 迅速なタンパク質ドメインの発現法”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 北畠真, 関根俊一, 濡木理, 坂本健作, 横山茂之: “グルタミン tRNA 合成酵素のアミノ酸認識機構の分子メカニズム”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 胡桃坂仁志, 中田真希, 香川亘, 榎本りま, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト Rad52 family の脳における複合体形成と DNA 組換え活性”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 香川亘, 胡桃坂仁志, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト Rad52 タンパク質の N 末端ドメインの DNA 組換え活性”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 胡桃坂仁志, 中田真希, 香川亘, 榎本りま, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト Rad51 family の脳における複合体形成と DNA 組換え活性”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 伊藤晋敏, 濡木理, 白水美香子, 横山茂之, 花岡文雄: “古細菌 DNA プライマーゼの結晶化と X 線回折実験”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 関英子, 木川隆則, 松田夏子, 林崎良英, 横山茂之: “構造ゲノム科学のためのタンパク質ドメイン選択法”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 関根俊一, 濡木理, Vassilyev D. G., 横山茂之: “高度好熱菌グルタミル tRNA 合成酵素による tRNA 認識のメカニズム”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月

- (2000).
- 松田貴意, 矢吹孝, 松田夏子, 木川隆則, 横山茂之: “透析法を用いた無細胞タンパク質合成系によるタンパク質試料の大量調製”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 赤沼哲史, 木川隆則, 横山茂之: “配列中に含まれるアミノ酸の種類を減らした酵素の作製法”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 布川(山口)絵未, 木川隆則, 児玉公一郎, 松田貴意, 松田夏子, 矢吹孝, 石谷隆一郎, 濡木理, 横山茂之: “無細胞タンパク質合成による Se-Met 導入タンパク質の調製と X 線結晶解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 元田容子, 矢吹孝, 松田夏子, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “無細胞タンパク質合成系を用いた cDNA の多検体同時発現”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 田島夏織, 白水美香子, 井上みお, 矢吹孝, 木川隆則, 柴田武彦, 井上頼直, 倉光成紀, 横山茂之: “無細胞系による高度好熱菌 *T.th* HB8 タンパク質の発現”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 胡桃坂仁志, 柴田武彦, 横山茂之: “DNA 組換え修復に働く Xrc3・Rad51C 複合体の機能解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会サテライトシンポジウム, 神戸, 12 月 (2000).
- 柴田武彦, 美川務, 西中太郎, 相原秀樹, 胡桃坂仁志, 横山茂之, 伊藤隆: “RecA/Rad51 蛋白による相同的組換え中間体, ヘテロ二本鎖形成における構造の生物学”, 第 23 回日本分子生物学会年会サテライトシンポジウム, 神戸, 12 月 (2000).
- 白水美香子, 胡桃坂仁志, 木川隆則, 河口真一, Vassilyev D. G., 井上頼直, 柴田武彦, 倉光成紀, 横山茂之: “機能解析と立体構造解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会サテライトシンポジウム, 神戸, 12 月 (2000).
- 木川隆則, 横山茂之: “NMR によるハイスループットなタンパク質構造決定”, 第 23 回日本分子生物学会年会シンポジウム, 神戸, 12 月 (2000).
- 横山茂之: “構造ゲノム科学とは”, 第 23 回日本分子生物学会年会シンポジウム, 神戸, 12 月 (2000).
- 横山茂之, 木川隆則: “無細胞タンパク質合成法の構造・機能ゲノム科学への応用”, 第 23 回日本分子生物学会年会テクニカルセミナー, 神戸, 12 月 (2000).
- 黒田裕, 横山茂之: “構造ゲノム科学を支援するためのドメイン構造解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会ワークショップ, 神戸, 12 月 (2000).
- 古川浩康, 濱田季之, 廣田洋, 武藤裕, 横山茂之, 芳賀達也: “ムスカリン性アセチルコリン受容体に結合した低分子リガンド類の構造解析研究”, 研究領域「脳を知る」のシンポジウム, (CREST), 東京, 1 月 (2001).
- 関根俊一, 濡木理, Vassilyev D. G., 横山茂之: “グルタミル tRNA 合成酵素による基質認識のメカニズム”, 第 14 回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, (科学技術振興事業団), 広島, 1 月 (2001).
- 柴田武彦, 美川務, 井川隼子, 胡桃坂仁志, 横山茂之, 伊藤隆: “染色体組換えにおける RecA/Rad51 属蛋白活性の調節機構”, 第 18 回染色体ワークショップ, 葉山, 1 月 (2001).
- Kostyukova A., Krieger I., 藤澤哲郎, Tiktopulo E., 前田佳代, 前田雄一郎: “Structure of tropomodulin, the unique capping protein for the P-end of actin filament”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).
- 香川亘, 胡桃坂仁志, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト Rad52 タンパク質の X 線結晶構造解析”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).
- 田中祥徳, 胡桃坂仁志, 濡木理, 深井周也, 河口真一, 幾田まり, 岩原淳二, 岡崎恒子, 横山茂之: “ヒトセントロメア結合タンパク質 CENP-B と CENP-B box DNA 複合体との X 線結晶構造解析”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).
- 白水美香子, 寺田透, 藤森文啓, 伊藤隆, 木川隆則, 内田隆史, 横山茂之: “ペプチジルプロリルシス/トランスイソメラーゼ hPar14 の NMR による構造解析”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).
- 菊地淳, 木川隆則, 横山茂之: “遠位 NMR 情報によるタンパク質の立体構造解析”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).
- 小林慎一郎, 野嶽勇一, 本島浩之, 石嶋潤, 増井良治, 中川紀子, 柴田武彦, 井上頼直, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 量産化タンパク質の効率的精製系の構築”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).
- 桂康洋, 白水美香子, 濡木理, 井上みお, 柴田武彦, 井上頼直, 倉光成紀, 横山茂之: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 アミノトランスフェラーゼの X 線結晶構造解析”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).
- 井上真, 木川隆則, 白水美香子, 立田由里子, 井上みお, 河口真一, 柴田武彦, 井上頼直, 倉光成紀, 横山茂之: “高度好熱菌機能未知タンパク質 258 の溶液構造”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).
- 横山茂之: “細胞情報システムの構造生物学”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).
- 小柴生造, 木川隆則, 菊池章, 横山茂之: “細胞情報伝達に関わる機能ドメインの NMR による構造解析”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).
- 柊元睦子, 濡木理, 杉谷博士, 古山俊介, 白水美香子, 堅田利明, 平林義雄, 横山茂之, 横山(原)三紀: “細胞表面抗原 CD38 とガングリオシドの複合体の X 線結晶構造解析”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).
- 柴田武彦, 西中太郎, 美川務, 相原秀樹, 胡桃坂仁志, 横山茂之, 伊藤隆: “相同的 DNA 組換え研究における構造の生物学”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).
- 相原秀樹, 伊藤隆, 美川務, 横山茂之, 柴田武彦: “大腸菌 DinI の高次構造と RecA との相互作用”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).
- 寺田貴帆, 濡木理, 深井周也, 嶋田睦, 栗本一基, 石谷隆一郎, 布川(山口)絵未, 木川隆則, 横山茂之: “超好熱古細菌由来クラス I リシル tRNA 合成酵素 (LysRS) の X 線結晶構造解析”, 理研シンポジウム「構造生物学

(VI)」, 和光, 1月(2001).

半田徳子, 濡木理, 栗本一基, 深井周也, 金仁実, 坂本博, 志村令郎, 武藤裕, 横山茂之: “分解能 1.7 Å で得たショウジョウバエ Sex-Lethal タンパク質・トランスフォーマー mRNA 前駆体複合体の結晶構造”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1月(2001).

木川隆則, 菊地淳: “理研におけるハイスループットな NMR 構造決定への取り組みについて”, 公開シンポジウム「新時代の NMR 蛋白質構造解析技術」, (理研 GSC タンパク質構造・機能研究グループ), 和光, 2月(2001).

倉光成紀, 増井良治, 黒川顕, 安永照雄, 横山茂之: “高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト”のためのゲノム解析”, 第3回ワークショップ「微生物ゲノム研究のフロンティア」, (統合ゲノム), 木更津, 2月(2001).

横山茂之: “構造ゲノム科学 (Structural Genomics) プロジェクトの現状”, 第3回ワークショップ「微生物ゲノム研究のフロンティア」, (統合ゲノム), 木更津, 2月(2001).

胡桃坂仁志, 白水美香子, 榎本りま, 木川隆則, Vassilyev D. G., 井上頼直, 柴田武彦, 倉光成紀, 横山茂之: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 の網羅的タンパク質間相互作用解析系の構築”, 第3回ワークショップ「微生物ゲノム研究のフロンティア」, (文部省科研費補助金特定領域研究 (C)「統合ゲノム」), 木更津, 2月(2001).

白水美香子, 田島夏織, 井上みお, 矢吹孝, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上頼直, 倉光成紀, 横山茂之: “無細胞系による高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 タンパク質の発現”, 第3回ワークショップ「微生物ゲノム研究のフロンティア」, (統合ゲノム), 木更津, 2月(2001).

横山茂之: “RNA 結合タンパク質の構造生物学”, 文部省科研費特定領域研究 (A) 第4回公開シンポジウム「RNA 動的機能の分子基盤」, 東京, 2月(2001).

濱田季之, 廣田洋, 古川浩康, 武藤裕, 芳賀達也, 横山茂之: “TRNOE 法によるムスカリン性アセチルコリン受容体に結合した低分子リガンドの構造解析研究”, 日本化学会第79春季年会, 神戸, 3月(2001).

濱田季之, 廣田洋, 金森審子, 神奈木玲児, 大坪伸将, 石田秀治, 木曾真, 横山茂之: “シアリルルイス X の新規環状誘導体の構造とセレクチン結合活性”, 日本化学会第79春季年会, 神戸, 3月(2001).

Research Subjects and Members of Cellular Signaling Laboratory

1. Structural and Functional Studies on Protein-RNA Complexes
2. Eukaryotic Chromosome Structure and Rearrangement
3. Cellular Signaling Mechanisms

Head

Dr. Shigeyuki YOKOYAMA

Members

Dr. Dmitry VASSYLYEV

Dr. Takanori KIGAWA

Dr. Mikako SHIROUZU

Dr. Hitoshi KURUMIZAKA

Dr. Shin-ichi KAWAGUCHI*

Dr. Shun-ichi SEKINE*

* Special Postdoctoral Researcher

in collaboration with

Dr. Takehiko SHIBATA (Cellular and Molecular Biology Lab.)

Dr. Yutaka ITO (Cellular and Molecular Biology Lab.)

Dr. Koji TAKIO (Biomolecular Characterization Div.)

Visiting Members

Ms. Tomoko ABE (ERATO, JST)

Dr. Tsuyoshi FUJIHARA (ERATO, JST)

Ms. Yoko HARADA (ERATO, JST)

Ms. Akiko HAYASHI (ERATO, JST)

Dr. Ichiro HIRAO (ERATO, JST)

Dr. Gundrun HORN (Inst. Biophys. Phys. Biochem., Germany)

Dr. Ryuichi KATO (Grad. Sch. Sci., Univ. Osaka)

Dr. Daisuke KIGA (ERATO, JST)

Dr. Jae-Hoon KIM (ERATO, JST)

Ms. Michiko KIMOTO (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)

Dr. Kiyotaka MATSUMURA (Marine Biol. Assoc., UK)

Dr. Tsuneo MITSUI (ERATO, JST)

Dr. Masaya MIYAZAKI (ERATO, JST)

Dr. Rika NAKAMURA (Grad. Sch. Med., Univ. Tokyo)

Ms. Taeko OKUNI (ERATO, JST)

Dr. Takashi OHTSUKI (Grad. Sch. Eng., Univ. Tokyo)

Dr. Kazuki SAITO (ERATO, JST)

Mr. Akira SATOH (ERATO, JST)

Dr. Akiko SOMA (ERATO, JST)

Ms. Yoko TAKAHASHI (ERATO, JST)

Trainees

Mr. Makoto ENDO (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)

Mr. Takuhiro FUKADU (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)

Mr. Wataru KAGAWA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)

Mr. Tatsuya KAMINISHI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)

Mr. Yasuhiro KATSURA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)

Mr. Satoshi MIYAZAKI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)

Mr. Hideyasu SHINDO (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)

Mr. Yoshinori TANAKA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)

Ms. Yasuko TO (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)