

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もとづいて解明する「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。とくに、「遺伝情報の発現と維持」および「細胞間・細胞内の情報伝達」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解析と機能解析にもと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、NMR や生化学・分子細胞生物学的手法を駆使した研究を展開する。

1. 転写・翻訳関連タンパク質・核酸複合体の構造と機能 (横山, Vassylyev, 関根, 七里^{*1}, Borukhov^{*2}, 李^{*3}, 木本^{*4})

RNA ポリメラーゼは遺伝子 DNA を鋳型とした RNA 合成(転写)を行う巨大な複合体酵素であり、その構造と機能は、細菌からヒトを含めた高等真核生物まで普遍的に保存されている。RNA ポリメラーゼは、中心となるコア酵素と転写因子が複合体を形成することによってはじめてその機能を発揮できる。原核生物の RNA ポリメラーゼコア酵素($\alpha_2\beta\beta'\omega$)は、 σ サブユニットと複合体を形成し、ホロ酵素($\alpha_2\beta\beta'\omega\sigma$)となることにより、遺伝子のプロモーター配列を認識・結合し、転写を開始することができる。本年度我々は高度好熱菌由来 RNA ポリメラーゼホロ酵素の X 線結晶構造解析に取り組み、高分解能の結晶構造を得ることに成功した。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。SPring-8 のシンクロトロン放射光(理研ビームライン)をもちいて、X 線回折データを収集した。最終的な 2.6 Å 分解能の結晶構造は σ サブユニットを含むすべてのサブユニットを含んでおり、全体として「カニのはさみ」構造をとっている。 σ サブユニットは、2 つの N 末端側ドメインと 1 つの C 末端側ドメイン、それらを結ぶリンカードメインからなっており、一部分を除いて RNA ポリメラーゼコア酵素の表面に結合していることが明らかになった。N 末端側ドメインと C 末端側ドメインの配置は、プロモーター DNA の二重鎖の、それぞれ -10 と -35 領域に結合するのに都合がよい。また、-12+2 の領域でプロモーター DNA の二重鎖は解離して、いわゆる“transcription bubble”を形成すると考えられているが、 σ サブユニットを結合した RNA ポリメラーゼの DNA 結合部位の溝は二本鎖 DNA を結合するには狭く、解離した一本鎖 DNA のみを結合できるようになっていることが明らかになった。さらに、 σ サブユニットのリンカードメインは、合成された RNA と鋳型 DNA のハイブリッドを不安定化させ、RNA を排出溝に向かわせる役割を果たしていると考えられる。RNA ポリメラーゼが 12 残基の RNA を合成すると、合成された RNA の 5' 末端は σ サブユニットの C 末端側ドメインに到達し、 σ サブユニットの解離がうながされると考えられる。

アミノアシル tRNA 合成酵素は、tRNA にアミノ酸を結合させる反応(tRNA のアミノアシル化)を触媒する。遺伝暗号の翻訳(タンパク質合成)の正確性は、アミノアシル tRNA 合成酵素が tRNA と対応するアミノ酸を正確に選択し、反応を行うことによって維持されている。一般に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 合成酵素は、アミノ酸の種類に対応して通常 20 種類存在するが、なかでも 4 つの酵素は tRNA と結合してはじめてアミノ酸を活性化することができるというユニークな性質をもっている。これらの酵素の触媒活性における高い tRNA 依存性の原因は、これまで明らかにされていなかった。我々は、4 種類の酵素のうち 1 つであるグルタミル tRNA 合成酵素(GluRS)について、さまざまな基質、ないしはリガンド存在下で結晶を作成し、高分解能の結晶構造を得た。GluRS-ATP-L-Glu 複合体の構造は、GluRS と ATP、グルタミン酸が tRNA 非存在下で不活性な複合体を形成してしまい、反応がそれ以上進まないようになっている仕組みを明確に示している。この構造と GluRS-tRNA^{Glu}-ATP 複合体の構造を比較したところ、tRNA 存在下では、GluRS の活性部位の構造変化にともなって、ATP の結合様式が変化することが明らかになった。GluRS-tRNA^{Glu}-glutamyl-AMP (Glu-AMP のアナログ)複合体の構造によれば、この tRNA 結合型の ATP 結合様式が“productive”な結合であり、したがって、tRNA 非結合型が“non-productive”な結合である。tRNA に依存した GluRS の構造変化によって、活性中心における ATP とアミノ酸の相対配置が大きく変化し、反応が可能になると考えられる。また、tRNA の 3' 末端(A76)が、活性部位の一部として ATP とアミノ酸の位置を安定化していることも明らかになった。このメカニズムは、他の 3 種類の酵素においても普遍的であると考えられる。

^{*1} 協力研究員、^{*2} エminentサイエンティスト、^{*3} 共同研究員、^{*4} ジュニア・リサーチ・アソシエイト

2. 染色体の構造と安定維持機構(胡桃坂, 横山; 井川,

柴田 (遺伝生化学研)

染色体 DNA は、1 回の細胞分裂に 1 回だけ複製される。この複製のタイミングは、細胞分裂のタイミングと厳密に同調しており、それによって娘細胞における染色体数が保存されている。バクテリアでは、複製開始点の GATC 配列の A (アデニン) のメチル化状態に依存して、複製の開始が制御されている。複製開始点 GATC 配列の両方のストランドでアデニンがメチル化されている場合は複製が開始されるが、複製終了直後の片方のストランドのみアデニンのメチル化がなされている状態 (ヘミメチル化状態) では、染色体の複製が開始されない。この GATC 配列のヘミメチル化状態に依存した DNA 複製の負の制御は、SeqA タンパク質によってなされることが分かった。SeqA タンパク質による、DNA 複製開始の阻害機構を明らかにする目的で、SeqA の DNA 結合ドメインとヘミメチル化 DNA との複合体の結晶構造解析を行い、3 Å の分解能でその高次構造を解明した。SeqA の DNA 結合ドメインは、helix-bundle を基本としたコンパクトな構造を形成しており、ヘミメチル認識ループの存在が明らかになった。ヘミメチル認識ループによって SeqA はヘミメチル化 DNA と強く結合して、ヘミメチル化部位を極度にねじ曲げていることが分かった。この結合により、SeqA は複製開始に必須である二重鎖 DNA の解裂を阻害していると考えられた。

真核生物の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、高度に凝縮された特殊なクロマチン構造を形成し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、我々はセントロメアクロマチンの試験管内再構成系の構築を目指し、セントロメア構成タンパク質 (CENP-A および CENP-B) の構造、機能解析を行っている。そして、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。また、CENP-B の C 末端側に存在する 2 量体形成ドメインの結晶化に成功し、その高次構造を現在 SPring-8 放射光施設によって解析中である。

染色体は、巨大なゲノム DNA を狭い核内に収容するのみならず、DNA をさまざまな損傷から保護する役割を担っている。それにもかかわらず、染色体 DNA は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 と相同性を有するヒトのタンパク質として、Rad51B、Rad51C、Rad51D がヒトより見いだされ、Xrcc2 および Xrcc3 を含む Rad51 パラログの存在が明らかとなり、これらの組換え修復系への関与が示唆された。これら Rad51 パラログの DNA 組換え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リコンビナント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。そして、HsRad51 の活性化因子として知られていた HsRad52 が、これら Xrcc3・Rad51C および Xrcc2・Rad51D と類似のリング、およびフィラメント構造を形成し、それ自身で DNA 組換え反応を触媒することを見いだした。HsRad52 の DNA 組換え反応触媒ドメインを同定し、そのドメインがリング構造を形成することを電子顕微鏡解析によって明らかにした。そして、HsRad52 の DNA 組換え反応触媒ドメインの立体構造を SPring-8 放射光施設を使用した X 線結晶構造解析により 2.85 Å の分解能で決定し、11 量体のリング構造を原子分解能で明らかにした。HsRad52 の立体構造の表面電荷から、その DNA 結合領域を推定し、変異体解析によって HsRad52 の DNA 結合部位を、アミノ酸レベルで同定することに成功した。

3. 高圧 NMR によるタンパク質の構造および揺らぎに関する研究 (赤坂 (一)^{*1}, 鎌足^{*2}, 赤坂 (太)^{*3}, 横山)

タンパク質が他の分子 (例えばタンパク質) と結合して機能するとき、その立体構造は一般にもとのものから変化している。相互作用の相手分子が大きければ大きいほど、この傾向は大きくなる。このことは、タンパク質の結晶構造解析で、複合体形成の前後で構造が大きく変わる例が見いだされていることから、明らかであろう。しかし、他の分子と結合して機能するタンパク質分子には、あらかじめ結合に適した構造をとりやすいデザインになっていて、結合していない状態でも、ある割合で結合型に近い構造をとっていると考えられる。このような構造は、非結合型の構造の間でダイナミックに揺らいているが、その割合が少ないために、通常の条件下では検出されることがない。これを検出可能にするには、そのような構造の存在割合を増やす必要があるが、赤坂らはタンパク質水溶液の加圧によって、これが可能であることをこれまでいくつかのタンパク質の例 (Lysozyme, DHFR, Ubiquitin, RalGDS) で明らかにした。本年度はそのような構造 (機能型構造 ~ 励起構造)

を高い分解能で解析するために、理研播磨構造生物特殊実験設備 AVANCE 800 に付設して使用できるオンラインセル型高圧 NMR システムを構築した。タンパク質機能の構造的基盤は、その基底構造よりは、むしろ励起構造にあると考えられる。今後、高圧 NMR によって、種々のタンパク質の基底構造だけでなく、さらに様々な励起構造についても、構造解析を行う。このことによって、タンパク質機能をその立体構造に基づいてより詳しく理解できると期待される。

*¹ 研究嘱託, *² 基礎科学特別研究員, *³ 研修生

Research Subjects and Members of Cellular Signaling Laboratory

1. Structural and Functional Studies on Protein-RNA Complexes
2. Eukaryotic Chromosome Structure and Rearrangement
3. Protein Structures and Dynamics using High Pressure NMR Spectroscopy

Head

Dr. Shigeyuki YOKOYAMA

Members

Dr. Dmitry VASSYLYEV
Dr. Hitoshi KURUMIZAKA
Dr. Shun-ichi SEKINE
Dr. Yuji KAMATARI *¹
Dr. Kayo MAEDA *²
Ms. Mika SHICHIRI *²

*¹ Special Postdoctoral Researcher

*² Contract Researcher

in collaboration with

Dr. Takehiko SHIBATA (Cellular & Molecular Biology Lab.)
Dr. Shukuko IKAWA (Cellular & Molecular Biology Lab.)

Visiting Members

Dr. Kazuyuki AKASAKA (Fac. Sci. Eng., Ritsumeikan Univ.)
Dr. Bagautdin BAGAUTDINOV (Inst. Solid State Phys., Russian Acad. Sci., Russia)
Dr. Sergei BORUKHOV (Dept. Microbiol. Imm., Health Sci. Cen. Brooklyn, State Univ. New York, USA)
Ms. Michiko KIMOTO (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Dr. Jookyung LEE (Dept. Microbiol. Imm., Health Sci. Cen. Brooklyn State Univ. New York, USA)

Trainees

Mr. Thai AKASAKA (Fac. Med., Kyoto Univ.)

誌 上 発 表 Publications

[雑誌]

(原著論文) *印は査読制度がある論文誌

- Hirao I., Otsuki T., Mitsui T., and Yokoyama S.: "Dual specificity of the pyrimidine analogue, 4-methylpyridin-2-one, in DNA replication", *J. Am. Chem. Soc.* **122**, 6118–6119 (2000). *
- Hirao I., Madin K., Endo Y., Yokoyama S., and Ellington A. D.: "RNA aptamers that bind to and inhibit the ribosome-inactivating protein, pepocin", *J. Biol. Chem.* **275**, 4943–4948 (2000). *
- Sugiura I., Nureki O., Ugaji Y., Kuwabara S., Shimada A., Tateno M., Lorber B., Giegé R., Moras D., Yokoyama S., and Konno M.: "The 2.0 Å crystal structure of *Thermus thermophilus* methionyl-tRNA synthetase reveals two RNA-binding modules", *Structure* **8**, 197–208 (2000). *
- Ishikawa M., Hirao I., and Yokoyama S.: "Synthesis of 3-(2-deoxy-β-D-ribofuranosyl)pyridin-2-one and 2-amino-6-(*N,N*-dimethylamino)-9-(2-deoxy-β-D-ribofuranosyl) purine derivatives for an unnatural base pair", *Tetrahedron Lett.* **41**, 3931–3934 (2000). *
- Shimizu H., Yamagata S., Masui R., Inoue Y., Shibata T., Yokoyama S., Kuramitsu S., and Iwama T.: "Cloning and overexpression of the *oah1* gene encoding *O*-acetyl-L-homoserine sulphydrylase of *Thermus thermophilus* HB8 and characterization of the gene product", *Biochim. Biophys. Acta* **1549**, 61–72 (2001). *
- Fujiwara T., Kimoto M., Sugiyama H., Hirao I., and Yokoyama S.: "Synthesis of 6-(2-thienyl)purine nucleoside derivatives that form unnatural base pairs with pyridin-2-one nucleosides", *Bioorg. Med. Chem. Lett.* **11**, 2221–2223 (2001). *
- Hirao I., Nojima T., Mitsui T., and Yokoyama S.: "Synthesis of DNA templates containing the fifth base, 2-amino-6-(dimethylamino)purine, for specific transcription involving unnatural base pairs", *Chem. Lett.* **2001**, 914–915 (2001). *
- Matsumoto S., Yoshiga T., Yokoyama N., Iwanaga M., Koshiha S., Kigawa T., Hirota H., Yokoyama S., Okano K., Mita K., Shimada T., and Tatsuki S.: "Characterization of acyl-CoA-binding protein (ACBP) in the pheromone gland of the silkworm, *Bombyx mori*", *Insect Biochem. Mol. Biol.* **31**, 603–609 (2001). *
- Ito N., Nureki O., Shirouzu M., Yokoyama S., and Hanaoka F.: "Crystallization and preliminary X-ray analysis of a DNA primase from hyperthermophilic archaeon *Pyrococcus horikoshii*", *J. Biochem.* **130**, 727–730 (2001). *
- Kagawa W., Kurumizaka H., Ikawa S., Yokoyama S., and Shibata T.: "Homologous pairing promoted by the human Rad52 protein", *J. Biol. Chem.* **276**, 35201–35208 (2001). *

- Kigawa T., Yamaguchi-Nunokawa E., Kodama K., Matsuda T., Yabuki T., Matsuda N., Ishitani R., Nureki O., and Yokoyama S.: "Selenomethionine incorporation into a protein by cell-free synthesis", *J. Struct. Funct. Genom.* **2**, L87–L104 (2001). *
- Kurumizaka H., Ikawa S., Nakada M., Eda K., Kagawa W., Takata M., Takeda S., Yokoyama S., and Shibata T.: "Homologous-pairing activity of the human DNA-repair proteins Xrcc3-Rad51C", *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **98**, 5538–5543 (2001). *
- Shibata T., Nishinaka T., Mikawa T., Aihara H., Kurumizaka H., Yokoyama S., and Ito Y.: "Homologous genetic recombination as an intrinsic dynamic property of a DNA structure induced by RecA/Rad51-family proteins: A possible advantage of DNA over RNA as genomic material", *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **98**, 8425–8432 (2001). *
- Komori H., Masui R., Kuramitsu S., Yokoyama S., Shibata T., Inoue Y., and Miki K.: "Crystal structure of thermostable DNA photolyase: Pyrimidine-dimer recognition mechanism", *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **98**, 13560–13565 (2001). *
- Komori H., Tsujiuchi H., Masui R., Kuramitsu S., Yokoyama S., Shibata T., Inoue Y., and Miki K.: "Crystallization and preliminary X-ray studies of a thermostable DNA photolyase from *Thermus thermophilus*", *Protein Pept. Lett.* **8**, 495–498 (2001). *
- Kimoto M., Shirouzu M., Mizutani S., Koide H., Kaziro Y., Hirao I., and Yokoyama S.: "Anti-(Raf-1) RNA aptamers that inhibit Ras-induced Raf-1 activation", *Eur. J. Biochem.* **269**, 697–704 (2002). *
- Hai H., Sano K., Maeda K., Maeda Y., and Miki M.: "Ca²⁺- and S1-induced conformational changes of reconstituted skeletal muscle thin filaments observed by fluorescence energy transfer spectroscopy: Structural evidence for three states of thin filament", *J. Biochem.* **131**, 407–418 (2002). *
- Hirao I., Ohtsuki T., Fujiwara T., Mitsui T., Yokogawa T., Okuni T., Nakayama H., Takio K., Yabuki T., Kigawa T., Kodama K., Yokogawa T., Nishikawa K., and Yokoyama S.: "An unnatural base pair for incorporating amino acid analogs into proteins", *Nat. Biotechnol.* **20**, 177–182 (2002). *
- (総説)
- Stevens R. C., Yokoyama S., and Willson I. A.: "Global efforts in structural genomics", *Science* **10**, 89–92 (2001).
- 横山茂之: "構造ゲノム科学がめざすもの", *実験医学* **19**, 930–933 (2001).
- 木川隆則, 白水美香子, 胡桃坂仁志, 倉光成紀, 横山茂之: "構造ゲノム科学研究の流れと成果: RIKEN Structural Genomics Initiative (RSGI)", *実験医学* **19**, 945–949 (2001).
- 黒田裕, 近山英輔, 横山茂之: "構造解析のターゲット選択: 迅速な構造決定が可能な蛋白質ドメインの同定システム", *蛋白質 核酸 酵素* **46**, 2066–2072 (2001).
- 中山朋子, 横山茂之: "構造ゲノム科学", *蛋白質 核酸 酵素* **46**, 2608–2612 (2001).
- [単行本・Proc.]
- (総説)
- Trakhanov S.: 白水美香子 (訳): "タンパク質結晶解析と強力シンクロトロン放射光", *大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析*, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 189–195 (2001).
- 木川隆則, 横山茂之: "タンパク質の高次構造決定 (NMR法)", *大規模ゲノム解析技術とポストシーケンス時代の遺伝子機能解析*, 品川朗, 鈴木治和 (編), 中山書店, 東京, pp. 196–202 (2001).
- (その他)
- 横山茂之: "ポスト・ゲノム時代の構造生物学をめざす独自の発想と研究の視点", *研究力*, 東京図書, 東京, pp. 288–318 (2001).
- 頭 発 表 Oral Presentations
- (国際会議等)
- Yokoyama S.: "What are the biggest technical challenges?: Cell-free expression systems", 2nd Int. Structural Genomics Meet., Warrenton, USA, Apr. (2001).
- Yokoyama S.: "RIKEN structural genomics initiative", 7th Symp. on Recent Advances in Biophysics, (Taiwan Academy of Biophysics), Taipei, Taiwan, May (2001).
- Fukai S., Sekine S., Nureki O., Shimada A., Terada T., Shirouzu M., Vassilyev D., and Yokoyama S.: "Structural basis for the amino acid and tRNA recognition by class-I aminoacyl-tRNA synthetases", 66th Cold Spring Harbor Symp. on Quantitative Biology: The Ribosome, New York, USA, May–June (2001).
- Hamada T., Fukuzawa S., Asanuma M., Yamazaki M., Ban R., Yokoyama S., and Hirota H.: "Research on mode of action of marine natural products II: Molecular interaction analysis of bioactive compounds", 10th Int. Symp. on Marine Natural Products, Nago, June (2001).
- Kurumizaka H., Kagawa W., Ikawa S., Shibata T., and Yokoyama S.: "Activities of the human DNA repair proteins, Xrcc3 and Rad51C", FASEB Summer Research Conf. on Genetic Recombination and Chromosome Rearrangements, Snowmass, USA, July (2001).
- Kagawa W., Kurumizaka H., Ikawa S., Shibata T., and Yokoyama S.: "DNA recombination activities promoted by the conserved N-terminal domain of the human Rad52 protein", FASEB Summer Research Conf. on Genetic Recombination and Chromosome Rearrangements, Snowmass, USA, July (2001).
- Kigawa T., Yabuki T., Terada T., Shirouzu M., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: "Structure and function analyses of proteins using the cell-free synthesis", 15th Symp. of the Protein Soc., Philadelphia, USA, July–Aug. (2001).
- Sugahara M., Nodake Y., Ishijima J., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Miyano M.: "Standardization of protein crystallizing procedure: the first result", 4th Int.

- Conf. on Biological Physics, (The International Union of Pure and Applied Physics and others), Kyoto, July–Aug. (2001).
- Yokoyama S.: “Cell-free protein synthesis and its application for structural biology and unnatural genetic code”, Protein Synthesis Int. Conf. on in Honor of Alexander Spirin, Moscow, Russia, Aug.–Sept. (2001).
- Komori H., Masui R., Kuramitsu S., Yokoyama S., Shibata T., Inoue Y., and Miki K.: “Crystal structure of DNA photolyase from *Thermus thermophilus*: Pyrimidine-dimer recognition mechanism”, 4th Int. Conf. on Molecular Structural Biology, (Biochemistry Subgroup of the Austrian Chemical Society), Vienna, Austria, Sept. (2001).
- Yokoyama S.: “NMR spectrometers”, OECD Global Science Forum Workshop on Large Facilities for Studying the Structure and Dynamics of Matter, Copenhagen, Denmark, Sept. (2001).
- Nomura M., Hori C., Kawazoe M., Kaminishi T., Uchiyama T., Shibata T., Inoue Y., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “An overproduction in *E. coli* and the complex formation *in vitro* of ribosomal proteins L10 and L7/L12 of extreme thermophile, *Thermus thermophilus* HB8”, 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).
- Shirouzu M., Terazawa Y., Enomoto R., Kurumizaka H., Inoue Y., Shibata T., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Comprehensive analysis of the interactions among *Thermus thermophilus* HB8 proteins”, 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).
- Wang H., Yamaguchi H., Hori C., Kaminishi T., Terazawa Y., Enomoto R., Shirouzu M., Terada T., Kurumizaka H., Inoue Y., Shibata T., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Crystallization and X-ray diffraction determination of the structure of *Thermus thermophilus* nitrogen regulatory protein P-II”, 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).
- Yabuki T., Motoda Y., Matsuda N., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: “High-throughput and high-yield production of protein fragments using PCR and cell-free synthesis”, 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).
- Terada T., Shirouzu M., Kigawa T., Inoue M., Goto M., Ishizuka Y., Kubota K., Ushikoshi R., Tatsuguchi A., Kamewari Y., Hamana H., Hayami N., Kuramitsu S., Shibata T., Inoue Y., and Yokoyama S.: “Large-scale preparation system of ribosome-binding proteins for structural analysis of *Thermus thermophilus* HB8 ribosome-protein complexes”, 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).
- Hori C., Nakayama H., Kaminishi T., Shirouzu M., Shibata T., Inoue Y., Kuramitsu S., Hirota H., Takio K., and Yokoyama S.: “Proteomic analysis of the ribosomal and its associated proteins of *Thermus thermophilus* HB8”, 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).
- Kawazoe M., Hori C., Nomura M., Kaminishi T., Terada T., Shibata T., Inoue Y., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Screening of the ribosome-factor protein complex for X-Ray structure analysis”, 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).
- Kaminishi T., Hori C., Wang H., Kato M., Nureki O., Terada T., Shirouzu M., Sekine S., Vassylyev D., Shibata T., Inoue Y., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “X-ray crystallographic study of *Thermus thermophilus* HB8 70S ribosome and its complex with protein Y”, 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).
- Vassylyev D., Sekine S., Lee J., Borukhov S., and Yokoyama S.: “X-ray crystallography of *Thermus thermophilus* holo RNA polymerase”, 4th ORCS Int. Symp. Ribosome Engineering, Tsukuba, Oct. (2001).
- Yokoyama S.: “Structural genomics and proteomics”, 3rd Korea-Japan Science and Technology Forum, (Ministry of Science and Technology, Korea and others), Seoul, Korea, Oct.–Nov. (2001).
- Hirota H.: “The NMR facility of RIKEN Genomic Sciences Center (GSC) and its use in RIKEN Structural Genomics/Proteomics Initiative (RSGI)”, 5th European NMR Large Scale Facilities User Meet. 2001, Frankfurt, Germany, Nov. (2001).
- Yokoyama S.: “Structural genomics and proteomics”, Osaka COE Int. Symp., (Institute for Protein Research, Osaka University), Osaka, Nov. (2001).
- Yamashita A., Maeda K., and Maeda Y.: “Crystal structure of actin capping protein CapZ”, RIKEN Symp. on Int. Workshop on Actin Filament from Structure to Mechanism, Harima, Nov. (2001).
- Sano K., Maeda K., Oki M., and Maeda Y.: “Enhancement of protein expression in insect cells: using a leader sequence of lobster tropomyosin cDNA”, RIKEN Symp. on Int. Workshop on Actin Filament from Structure to Mechanism, Harima, Nov. (2001).
- Kimura C., Hai H., Maeda K., Maeda Y., and Miki M.: “The behavior of N-terminal and C-terminal region of TnI on the reconstituted thin filament observed by fluorescence measurements”, RIKEN Symp. on Int. Workshop on Actin Filament from Structure to Mechanism, Harima, Nov. (2001).
- Shitaka Y., Sano K., Hai H., Maeda K., Maeda Y., and Miki M.: “Thermal stability of tropomyosin”, RIKEN Symp. on Int. Workshop on Actin Filament from Structure to Mechanism, Harima, Nov. (2001).
- Hai H., Sano K., Maeda K., Maeda Y., and Miki M.: “Ca²⁺- and S1-induced conformational changes of reconstituted skeletal muscle thin filaments observed by fluorescence energy transfer spectroscopy: Structural evidence for three-states of thin filament”, RIKEN Symp. on Int. Workshop on Actin Filament from Structure to Mechanism, Harima, Nov. (2001).

- Matsumoto F., Makino K., Maeda K., Patzelt H., Maeda Y., and Fujiwara S.: “*In situ* structural information of troponin C on the thin filament obtained by neutron scattering”, RIKEN Symp. on Int. Workshop on Actin Filament from Structure to Mechanism, Harima, Nov. (2001).
- Shibata T., Ling F., Kurumizaka H., Kagawa W., Yokoyama S., and Ikawa S.: “Functions of an ATP-independent homologous pairing protein”, 3rd Symp. on DNA Replication, Recombination and Repair, (The Genetics Society of Japan), Miki, Nov. (2001).
- Kurumizaka H., Kagawa W., Ikawa S., Kajita M., Enomoto R., Kinebuchi T., Shibata T., and Yokoyama S.: “Homologous-pairing and ring-structure formation activities of the human Rad52 and Rad51 paralog proteins”, 3rd Symp. on DNA Replication, Recombination and Repair, (The Genetics Society of Japan), Miki, Nov. (2001).
- Nureki O., Kiga D., and Yokoyama S.: “Crystal structure of “class-I” lysyl-tRNA synthetase: divergence from class I or class II?”, Asilomar Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases in Biology, Medicine, and Evolution (aaRS2001), Pacific Grove, USA, Jan. (2002).
- Kiga D., Sakamoto K., Sato S., Hirao I., and Yokoyama S.: “Shifted positioning of the tRNA nucleotide residues recognized by arginyl-tRNA synthetase from *E. coli*”, Asilomar Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases in Biology, Medicine, and Evolution (aaRS2001), Pacific Grove, USA, Jan. (2002).
- Sekine S., Nureki O., Vassilyev D., Bernier S., Chenevert R., Lapointe J., and Yokoyama S.: “Structural basis for the tRNA-dependent catalytic activation of glutamyl-tRNA synthetase”, Asilomar Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases in Biology, Medicine, and Evolution (aaRS2001), Pacific Grove, USA, Jan. (2002).
- Fukai S., Shimada A., Nakama T., Nureki O., Sekine S., Vassilyev D., Kiga D., Sakamoto K., Hirao I., and Yokoyama S.: “Structures and substrate recognition mechanisms of class I aminoacyl-tRNA synthetases”, Asilomar Conf. on Aminoacyl-tRNA Synthetases in Biology, Medicine, and Evolution (aaRS2001), Pacific Grove, USA, Jan. (2002).
- Yokoyama S.: “Structural genomics of *Thermus thermophilus* HB8 and higher Eukaryotes”, Keystone Symp. on Structural Genomics: From Gene Sequence to Function (J1), Breckenridge, USA, Jan. (2002).
- Yokoyama S.: “Structural genomics and cell-free expression”, 27th Ann. Conf. on Protein Structure and Function, Lorne, Australia, Feb. (2002).
- Yamashita A., Maeda K., and Maeda Y.: “Crystal structure of actin capping protein CapZ”, 46th Ann. Meet. of Biophysical Soc., San Francisco, USA, Feb. (2002).
- Takeda S., Yamashita A., Maeda K., and Maeda Y.: “Crystal structure of troponin ternary complex”, 46th Ann. Meet. of Biophysical Soc., San Francisco, USA, Feb. (2002).
- Kiga D., Sakamoto K., Kodama K., Kigawa T., Matsuda T., Yabuki T., Shirouzu M., Harada Y., Nakayama H., Takio K., Hasegawa Y., Endo Y., Hirao I., and Yokoyama S.: “An engineered *Escherichia coli* tyrosyl-tRNA synthetase for site-specific incorporation of an unnatural amino acid into proteins in an eukaryotic translation system and its application in cell-free translation”, Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Hirao I., Ohtsuki T., Fujihara T., Mitsui T., Yokogawa T., Okuni T., Nakayama H., Takio K., Yabuki T., Kigawa T., Kodama K., Yokogawa T., Nishikawa K., and Yokoyama S.: “An unnatural base pair for coupled transcription-translation in a cell-free system”, Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Mitsui T., Kimoto M., Kitamura A., To T., Satoh A., Hirao I., and Yokoyama S.: “An unnatural, hydrophobic base pair with the shape complementarity between pyrrole-2-carbaldehyde and 9-methylimidazo [(4,5-b)pyridine]”, Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Kimoto M., Shirouzu M., Mizutani S., Koide H., Kaziro Y., Hirao I., and Yokoyama S.: “Anti-(Raf-1) RNA aptamers that inhibit Ras-induced Raf-1 activation”, Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Seki E., Kigawa T., Matsuda N., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: “Protein domain screening system for structural genomics”, Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Hori C., Nakayama H., Kaminishi T., Kawazoe M., Shirouzu M., Kuramitsu S., Hirota H., Takio K., and Yokoyama S.: “Structural and functional studies for *Thermus thermophilus* HB8 ribosome”, Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Sekine S., Vassilyev D., and Yokoyama S.: “Structural basis for the tRNA-dependent catalytic activation of glutamyl-tRNA synthetase”, Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Wang H., Hori C., Sakai H., Yamaguchi H., Kaminishi T., Terada T., Shirouzu M., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “X-ray crystallographic studies of PII from *Thermus thermophilus* HB8”, Canada-UK-Japan Joint Symp. on Toward Post DNA-Sequencing Era, Yokohama, Feb. (2002).
- Yokoyama S.: “Protein production and isotope enrichment in cell-free systems”, NIGMS Protein Structure Initiative Protein Production Workshop 2002, Bethesda, USA, Mar. (2002).

(国内会議)

宮崎哲, 黒田裕, 横山茂之: “ニューラルネットワークによる β シート形成残基対の解析”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).

田中剛範, 黒田裕, 横山茂之: “DLiP: タンパク質ドメインリンカー予測システム”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).

菊地淳, 伊藤隆, 木川隆則, 横山茂之: “遠位の構造情報が開拓するタンパク質の NMR 解析”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).

鎌足雄司, 山田博昭, 赤坂一之, Dobson C. M., Smith L. J.: “The response of native and denatured Hen Lysozyme to high pressure studied by $^{15}\text{N}/^{1}\text{H}$ NMR spectroscopy”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).

小柴生造, 木川隆則, 伊藤俊樹, 竹縄忠臣, 菊池章, 横山茂之: “epsin の ENTH ドメインの NMR による構造機能解析”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).

赤坂一之: “広い構造空間を探索する蛋白質研究の新しいパラダイム”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).

黒田裕, 横山茂之: “構造解析のターゲット選択: 迅速な構造決定が可能な蛋白質ドメインの同定システム”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).

矢吹孝, 松田貴意, 元田容子, 松田夏子, 木川隆則, 横山茂之: “迅速, 高収量なタンパク質発現法: 無細胞タンパク質合成系”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会, 吹田, 6 月 (2001).

横山茂之: “タンパク質の構造と機能: 新しいスペースオッセイ”, 遺伝研・理研ゲノム科学合同公開シンポジウム「生命システムの理解を目指して」, 東京, 6 月 (2001).

横山茂之: “タンパク質構造とゲノム科学”, 液体・固体 NMR の基礎及び応用講習会, 東京, 6 月 (2001).

横山茂之: “ポストゲノムシーケンス時代の構造生物学”, 第 15 回 21 世紀の薬学を語る京都シンポジウム「構造薬学, ナノ・テクノロジーの世界」, 京都, 6 月 (2001).

木川隆則, 白水美香子, 廣田洋, 横山茂之: “理化学研究所・ゲノム科学総合研究センター (GSC) における構造ゲノム科学研究への取り組み”, 第 1 回日本蛋白質科学会年会構造生物学ワークショップ, 吹田, 6 月 (2001).

横山茂之: “ゲノム創薬と DDS におけるタンパク質構造・機能研究”, 第 17 回日本 DDS 学会, 大阪, 7 月 (2001).

北畠真, Kamilah A., Arnold D., 横山茂之, Dieter S.: “放線菌の持つ 2 つのトリプトファン tRNA 合成酵素: インドールマイシン耐性の分子機構”, 日本 tRNA 学会年会第 3 回 RNA ミーティング, 神戸, 8 月 (2001).

上西達也, 堀千重, 加藤美幸, 濡木理, 寺田貴帆, 白水美香子, 柴田武彦, 井上頼直, 倉光成紀, 横山茂之: “高度好熱菌 protein Y の機能解析および構造解析”, 日本 tRNA 学会年会第 3 回 RNA ミーティング, 神戸, 8 月 (2001).

横山茂之: “蛋白質の三次元構造解析”, 第 60 回日本癌学会総会, 横浜, 9 月 (2001).

横山茂之: “人工的な遺伝・細胞情報処理システムをめざして”, 横山情報分子プロジェクトシンポジウム「人工的な遺伝・細胞情報処理システムをめざして」, 東京, 9 月 (2001).

宮崎哲, 黒田裕, 横山茂之: “タンパク質ドメインリンカー

配列の特徴解析”, 第 39 回日本生物物理学会年会, 吹田, 10 月 (2001).

松本富美子, 前田佳代, Patzelt H., 大木進野, 前田雄一郎, 藤原悟: “中性子溶液散乱による細いフィラメント上でのトロポニン C 形態の解明”, 第 39 回日本生物物理学会年会, 吹田, 10 月 (2001).

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 39 回日本生物物理学会年会, 吹田, 10 月 (2001).

山下敦子, 前田佳代, 前田雄一郎: “アクチンキャッピングタンパク質 CapZ の結晶構造解析”, 第 39 回日本生物物理学会年会, 吹田, 10 月 (2001).

志鷹祐司, 佐野健一, 海宏, 前田佳代, 前田雄一郎, 三木正雄: “トロポミオシンの熱安定性”, 第 39 回日本生物物理学会年会, 吹田, 10 月 (2001).

木邑智恵子, 海宏, 前田佳代, 前田雄一郎, 三木正雄: “蛍光偏光解消法による TnI の N 端/C 端側と thin filament 構成タンパク質との相互作用の比較”, 第 39 回日本生物物理学会年会, 吹田, 10 月 (2001).

村上緑, 金森英司, 河口真一, 倉光成紀, 横山茂之, 神山勉: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来クエン酸シンターゼリガンド複合体の X 線結晶構造解析”, 第 39 回日本生物物理学会年会, 吹田, 10 月 (2001).

沈新春, 木川隆則, 矢吹孝, 元田容子, 松田夏子, 浅沼三和子, 廣田洋, 林崎良英, 横山茂之: “限定分解による蛋白質のドメイン領域同定のための多検体調製系の開発”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).

松田貴意, 矢吹孝, 松田夏子, 木川隆則, 横山茂之: “透析法を用いた無細胞タンパク質合成系によるタンパク質試料の大量調製”, 第 74 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2001).

金川真由美, 寺尾佳代子, 増井良治, 柴田武彦, 井上頼直, 野獄勇一, 石嶋潤, 横山茂之, 倉光成紀, 高久洋, 濡木理, 河合剛太, 三瓶徹一: “高度好熱菌プリン・ピリミジン合成系タンパク質の結晶化”, 日本結晶学会平成 13 年度年会, 名古屋, 10 月 (2001).

横山茂之: “Protein structures and genetic diseases”, 日本人類遺伝学会第 46 回大会, さいたま, 10 月 (2001).

横山茂之: “ポストゲノムシーケンスの構造生物学”, 病態代謝研究会 32 回研究会, 東京, 10 月 (2001).

胡桃坂仁志: “ヒトセントロメア CENP-B によって誘起される DNA 構造”, 国立遺伝学研究所研究会「非 B 型 DNA の生物学: ゲノム核内構造のヒエラルキ - と遺伝子発現制御」, 三島, 11 月 (2001).

濱田季之, 廣田洋, 横山茂之, 大坪伸将, 石田秀治, 木曾真, 金森審子, 神奈木玲児: “セレクチン糖鎖リガンド, シアリルルイス X の新規誘導体の構造と活性”, 第 40 回 NMR 討論会, 京都, 11 月 (2001).

野村守, 堀千重, 川添将仁, 上西達也, 内海利男, 柴田武彦, 井上頼直, 倉光成紀, 横山茂之: “高度好熱菌リボソームタンパク質 L10 および L7/L12 複合体の過剰発現系による L8 複合体 *in vitro* 再構成の試み”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).

石谷隆一郎, 濡木理, 深井周也, 雉本禎哉, 行木信一, 渡邊正勝, 近藤久雄, 関根光雄, 岡田典弘, 西村邁, 横山茂之:

- “Crystal structure of archaeosine tRNA-guanine transglycosylase”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 田中祥徳, 胡桃坂仁志, 濡木理, 岡崎恒子, 横山茂之: “ヒトセントロメア結合タンパク質 CENP-B と CENP-B box DNA との複合体の X 線結晶構造解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 藤川乃り映, 胡桃坂仁志, 濡木理, 山添光芳, 平賀壮太, 横山茂之: “複製を負に調節する大腸菌 SeqA 蛋白質のドメイン解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 松田貴意, 松田夏子, 木川隆則, 横山茂之: “透析法を用いた高収量な無細胞タンパク質合成系”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 行木信一, 染谷龍彦, 木本路子, 寺田貴帆, 白水美香子, 埴(末次)凉子, 平尾一郎, 高久洋, 姫野依太, 武藤昱, 井上頼直, 柴田武彦, 倉光成紀, 横山茂之, 河合剛太: “Interaction of tmRNA with a tmRNA-specific binding protein, SmpB, from *Thermus thermophilus*”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 胡桃坂仁志, 香川亘, 杵淵隆, 榎本りま, 中田真希, 井川 瀟子, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト相同 DNA 組換え酵素, HsRad52 及び Rad51 paralog タンパク質群の構造, 機能解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 関根俊一, 濡木理, Vassilyev D., 横山茂之: “tRNA に依存したグルタミル tRNA 合成酵素の活性化のメカニズム”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 北畠真, Kamilah A., Arnold D., 坂本健作, 横山茂之, Dieter S.: “放線菌の持つ 2 つのトリプトファン tRNA 合成酵素の indolmycin 耐性の分子機構”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 伊藤隆, Rajesh S., 倉島かおり, 吉益雅俊, 相原秀樹, 美川務, 河野俊之, 横山茂之, 柴田武彦: “NMR を用いた蛋白質間相互作用の解析 (YUH1-Ub および RecA-DinI の系)”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 小森博文, 増井良治, 倉光成紀, 横山茂之, 柴田武彦, 井上頼直, 三木邦夫: “*Thermus thermophilus* 由来 DNA 光回復酵素の結晶構造: Pyrimidine-dimer 認識機構”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 濡木理, 寺田貴帆, 横山茂之: “アミノアシル tRNA 合成酵素による基質識別の構造生物学”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 杵淵隆, 胡桃坂仁志, 井川しゅく子, 横山茂之, 柴田武彦: “ヒト Rad51 paralog の複合体形成と機能解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 香川亘, 胡桃坂仁志, 井川しゅく子, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト Rad52 タンパク質の相同的対合活性”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 倉光成紀, 三木邦夫, 横山茂之: “モデル生物としての高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 の構造・機能ゲノム科学”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 栗本一基, 深井周也, 濡木理, 武藤裕, 横山茂之: “一本鎖 RNA に結合する, エノイル CoA ヒドラーゼのホモログ, ヒト AUH の機能・構造解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 大谷直人, 中川紀子, 竇関淳, 海老原章郎, 佐藤伸哉, 小林慎一郎, 上利佳弘, 増井良治, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “構造ゲノム科学的研究のための高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 蛋白質の網羅的発現と精製”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 増井良治, 黒川顕, 松尾洋, 中川紀子, 寺田貴帆, 白水美香子, 柴田武彦, 井上頼直, 安永照雄, 三木邦夫, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 蛋白質の比較解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 西岡輔, 中川紀子, 増井良治, 井上頼直, 柴田武彦, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌 RecF, RecR タンパク質の機能解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 塚崎智也, 玉腰雅忠, 倉光成紀, 横山茂之, 伊藤維昭, 森博幸: “高度好熱菌 *T. thermophilus* HB8 SecYEG 膜透過装置”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 伊藤晋敏, 濡木理, 白水美香子, 横山茂之, 花岡文雄: “真核型 DNA プライマーゼ-基質複合体の X 線結晶構造解析”, 第 24 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2001).
- 横山茂之: “Structural genomics of genetic information transfer systems”, 文科省科研費補助金基盤研究 (C) 公開シンポジウム「蛋白質フォールディング研究の現状と将来」, 東京, 12 月 (2001).
- 山下敦子, 前田佳代, 前田雄一郎: “アクチンキャッピングタンパク質 CapZ の結晶構造”, 2002 年生体運動研究合同班会議, 千葉, 1 月 (2002).
- 小森博文, 増井良治, 倉光成紀, 横山茂之, 柴田武彦, 井上頼直, 三木邦夫: “*Thermus thermophilus* 由来 DNA 光回復酵素の X 線結晶構造解析”, 日本放射光学会第 15 回年会・放射光科学合同シンポジウム, 柏, 1 月 (2002).
- 横山茂之: “人工的な遺伝・細胞情報処理システムをめざして”, 科学技術振興事業団第 6 回基礎研究報告会シンポジウム「タンパク研究のフロンティア: 分子の構造と機能」, 東京, 2 月 (2002).
- 横山茂之: “核酸結合タンパク質とシグナル伝達タンパク質の構造生物学”, 第 20 回高峰カンファレンス, (三共生命科学振興財団), 東京, 2 月 (2002).
- 武田壮一, 山下敦子, 前田佳代, 前田雄一郎: “トロポニンの結晶構造とカルシウム調節のメカニズム”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VII)」, 播磨, 3 月 (2002).