

# 横山構造分子生物学研究室

## Structural and Molecular Biology 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。本研究室では、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。主として、「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している。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。さらに、タンパク 3000 プロジェクトの一環として、結晶化ロボットの運用や、構造解析のためのソフトウェアの開発も行っている。

さらに、タンパク質立体構造の構築原理の解明の一環として、DSC 装置を活用しての研究と、構造 / 安定性パラメータの好熱菌蛋白質への適応と、パラメータ精度の向上と普遍的適応に関する研究を行っている。

### 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、新海、Kumarevel<sup>\*1</sup>、関根<sup>\*2</sup>、田中<sup>\*3</sup>、高橋<sup>\*3</sup>、仲村<sup>\*3</sup>、坂本<sup>\*3</sup>、塚崎<sup>\*4</sup>)

RNAポリメラーゼ (RNAP) は、DNAの塩基配列をRNAに転写する過程をつかさどる酵素である。細菌や真核生物由来のRNAPは、複数のサブユニットからなる巨大なタンパク質の複合体 (分子量 400-500 kDa) である。細菌由来のRNAPは、 $\alpha_2\beta\beta'$  の5つのサブユニットからなるコア酵素と、コア酵素に転写開始因子 $\sigma$ が結合したホロ酵素の二つの形態で細胞内に存在している。RNAPは、ホロ酵素となることによって初めてDNA上のプロモーター配列を認識して結合し、転写を開始することができる。通常、1つの生物に複数種類の $\sigma$ 因子が存在し、 $\sigma$ 因子によって認識するプロモーターが異なる。さらに、転写は、転写因子と呼ばれるタンパク質により調節されている場合がある。我々は、転写のメカニズムを分子の立体構造の側面から理解するために、細菌由来のRNAP、及び、転写因子の結晶構造解析及び機能解析を行っている。

今年度は、高度好熱菌 *Thermus thermophilus*  $\sigma$  様因子-RNAP コア酵素複合体、及び、*T. thermophilus* 由来の転写因子の1つである、cAMP レセプタータンパク質の X 線結晶構造解析を試みた。何れのタンパク質も構造解析可能な結晶を得ることはできなかった。

さらに、以下に記す転写因子様機能未知タンパク質の X 線結晶構造解析を行った。

*T. thermophilus* TTHA0807 は、立体構造から判断して、転写因子プリンリプレッサーのホモログであると思われる。本タンパク質が DNA に結合するためには、何らかのリガンドが結合する可能性がある。

大腸菌 JW0801 のフォールドは、 $Mn^{2+}$  依存性転写抑制因子に類似しているので、 $Mn^{2+}$  /  $Fe^{2+}$  依存性の転写因子、或いは、ジフテリアトキシン制御因子のホモログであると思われる。

<sup>\*1</sup> 特任研究員、<sup>\*2</sup> 客員研究員、<sup>\*3</sup> 協力技術員、<sup>\*4</sup> 研修生

### 2. 細胞骨格の動態を制御するタンパク質の構造と機能 (横山、嶋田、丹羽<sup>\*1</sup>)

細胞運動、細胞分裂、エンドサイトーシス等の生命現象

には、アクチン等の細胞骨格タンパク質の動態が重要な役割を果たしている。これらの生命現象は、生体膜の変形等のダイナミックな現象を伴うことも多い。アクチン細胞骨格の制御には、Rho ファミリーの GTP 結合タンパク質が重要な役割を果たしており、その下流には、多数のタンパク質の関与する情報伝達経路が存在する。しかし、これらのタンパク質の機能発現メカニズムには不明な点が多い。

本年度は、Rho ファミリーの GTP 結合タンパク質である Cdc42 の下流のエフェクター分子である、FBP17 と CIP4 の EFC ドメインの構造解析を行った。EFC ドメインは、生体膜変形モジュールとして知られている。構造解析の結果、EFC ドメインは、湾曲した弓形の構造を取っており、結晶中でフィラメントを形成していた。このことから、EFC ドメインはカーブの内側で生体膜と結合し、生体膜に巻き付くようにフィラメント化することで、生体膜をチューブ化するというメカニズムが示唆された。

近年、細胞骨格の動態は遺伝子の転写にも関与することが示唆されており、真核生物には、アクチンを構成要素として含むクロマチン再編成因子複合体が存在する。このうちの1つである、高等真核生物のBAF複合体中のサブユニットに含まれるARIDドメインの構造解析を行い、2つの異なる結晶系について構造を得て、DNAとの結合様式に関して考察した。

<sup>\*1</sup> 協力研究員

### 3. 構造ゲノム科学

(横山、新海、内藤、Kumarevel<sup>\*1</sup>、Lobov<sup>\*2</sup>、Rehse<sup>\*2</sup>、岡崎<sup>\*3</sup>、桑井<sup>\*3</sup>、稲垣<sup>\*3</sup>、高橋<sup>\*3</sup>、坂本<sup>\*3</sup>、Benammar<sup>\*4</sup>)

微生物由来各種タンパク質の X 線結晶構造解析を行った。代表的な物を以下に記す。

ガラクトキナーゼ (GalK) は、グルコース代謝系に入る最初の反応を触媒する酵素で、ATP を消費してガラクトース 1-リン酸を生成する。*Pyrococcus horikoshii* GalK のアポ体、及び、*P. horikoshii* GalK-ガラクトース-ATP アナログ複合体の X 線結晶構造を解析した結果、両者ともに、不活性型である“開いた構造”をしていた。これは、本酵素が、室温では不活性であり、高温で活性を有するという活性測定結果と一致している。他の生物種由来の GalK と

の構造比較により、活性化のための構造変化には、GalKにおいてよく保存されている4つのグリシン残基(Gly7, 73, 142, 146)が重要であることが示唆された。

*Thermus thermophilus* TTHA1431 は、フラビン等のイソアロキサジン環を有する分子と結合するタンパク質で、結晶構造は12量体を形成している。TTHA1431と各種金属イオンとの共結晶化を行い、構造を解析した結果、3量体の中心に金属イオンが結合することが明らかとなった。さらに、 $\text{Na}^+$ 、 $\text{K}^+$ 、 $\text{Mn}^{2+}$ は結合し得るが、 $\text{Cs}^+$ は結合できないこと、これらの金属の中では $\text{K}^+$ と最も強く相互作用することが示唆された。

*P. horikoshii*由来の機能未知タンパク質、PH0223は、溶液中及び結晶中において6量体を形成していた。X線結晶構造を2.24Åの分解能で解析したが、本構造から機能を推定することは困難であった。

\*1 特任研究員、\*2 協力研究員、\*3 協力技術員、\*4 客員研究員

#### 4. 高圧 NMR 法による広い構造空間における蛋白質ダイナミクスの研究 (赤坂\*1、北原\*2、鎌足\*3、前野\*4、秦\*4、河野\*4、横山)

蛋白質の構造揺らぎ、すなわち準安定状態や変性状態への構造転移は、蛋白質の機能発現や異常構造転移にどのように関係するのか。高圧NMR法は、圧力下で安定に準安定構造を捕捉しNMR構造解析を可能にする革新的方法であり、これまでに多くの蛋白質について準安定構造を発見した。「蛋白質の機能デザイン」の観点から、ユビキチンフォールド (UBL) を持つホモログ蛋白質及びドメインを対象に配列、構造、安定性、ダイナミクスの総合的な研究をスタートさせた。これまでの我々の高圧NMR研究から、翻訳後修飾し蛋白質分解に関わるユビキチンには2つの天然状態があることが分かっている。NOEによる距離測定とJカップリングによる主鎖二面角情報をもとに、30気圧と3000気圧下で立体構造解析に成功した。さらに、同じくUBLで細胞周期に関わるNEDD8は、ユビキチンと同様にE1-E2-E3との相互作用システムを保存している。特筆すべきは、高圧NMR研究により、ユビキチンとNEDD1について共通に保存された中間体が存在することが明らかになった。また「蛋白質凝集」の観点では、SS結合を除いたニワトリリゾチームについて、アミロイドプロトフィブリル形成とモノマーへの圧力解離過程を圧力ジャンプNMRにより研究した。これまでの研究により、モノマー、オリゴマー、プロトフィブリルは可逆的な化学平衡状態にあることが証明され、その活性化体積などの熱力学量の算出を行なった。

\*1 客員主幹、\*2 学術振興会特別研究員、\*3 客員研究員、\*4 研修生

#### 5. 好熱菌由来蛋白質の安定性と構造相関パラメータの確立 (油谷、澤野\*1、田中\*2、新海、横山)

先端タンパク質結晶学研究グループにて既に構造解析が終了している*P. horikoshii*由来及び、*T. thermophilus*由来タンパク質について、示差走査熱量計 (DSC) を用いて、酸性、中性、アルカリ性での安定性の熱力学的パラメータを系統的に求め、構造との相関を確立する研究を進めている。その中で、今年度の特記すべき結果は、これまでに報告されている結果よりも30 高い150 近くまで安

定な蛋白質の発見とその安定化の原因を明らかにできたことである。その蛋白質はCutA1 蛋白質である。pH 7 での変性温度は*T. thermophilus*由来のものは113 であったが、*P. horikoshii*由来のものは149 であった。この2者の立体構造と大腸菌由来のものの構造を比較することによって、150 近くまで立体構造を維持できる主な要因は、分子表面に広く分布しているイオン結合ネットワークであることが判明した。これらの異常に高い安定性を有する蛋白質の発見とその安定化機構は蛋白質工学並びにバイオテクノロジーの分野での貢献が期待される。

\*1 協力研究員、\*2 協力技術員

#### 6. 封入体不溶化蛋白質の特性と可溶化法の検索 (油谷、澤野\*1、横山)

これまで、*T. thermophilus*の封入体形成蛋白質の中から分子量、等電点、SH基の含量が種々異なるものを10 種選んで、可溶化とリフォールディングを試みた。フォールディングの有無はDSC測定による過剰熱容量によって判断した。その結果、次のことが明らかになった。封入体の中にはintactかほぼintactな状態で取り込まれている場合がある。この場合は、1M Argの溶液がGuHClを加えた溶液(1M Arg + 1M GuHCl, または1M Arg + 2M GuHCl)で溶出し、溶出溶液でゲル濾過により会合体を除去し、得られた蛋白質は変性、リフォールディングの処理を行わずに、通常の手法で精製する。溶出溶液は可能な限りmildな条件で行う。封入体中にintactな成分が少ないか、全く含まれていない場合、抽出成分を5M GuHCl中でゲル濾過を行い、異常な会合体成分を取り除く。5M GuHCl中でモノマーのものに関して、透析が希釈によってリフォールディングさせる。リフォールディングの回収率の悪いものに関しては、一旦、1M Arg溶液で透析し、硫酸塩析で濃縮し、それを集めて、再度5M GuHCl変性させ、希釈または透析でリフォールディングさせる。SH基を含まない分子量の小さい蛋白質の場合でもリフォールディングに成功しない場合がある。

\*1 協力研究員

#### 7. 結晶化ロボットの運用 (横山、内藤、新海、岡崎\*1、桑井\*1、田中\*1、仲村\*1、佐々木\*2、安達\*2、川村\*2、前田\*2、森\*2、守屋\*2、吉村\*2)

オイルパッチ法で結晶化を行うロボット、TERA( TERA ) の、4 での運用を開始した。さらに、ハンギングドロップ法で結晶化を行うクリスタルファインダーの試運転を行った。

\*1 協力技術員、\*2 客員研究員

#### 8. 結晶構造解析に用いる新しいソフトウェアの開発 (横山、Hess\*1)

タンパク質結晶のX線回折データを処理し、構造のモデルを構築するための新しいソフトウェアの開発を行っている。初心者から上級者まで、使用者各人の能力や必要性に対応できるものを目指している。今年度は、ソフトウェアの設計図となる仕様書の作成を行い、統合開発環境の探索を開始した。

\*1 協力技術員

### 1. Structural and functional studies of biological macromolecules involved in transcription and translation

DNA-dependent RNA polymerase (RNAP) is a key enzyme in transcription. In some cases, transcription is regulated by protein called transcription factor. Bacterial RNAP exists as core, which is composed of  $\alpha_2\beta\beta'$  subunits, and holo (core +  $\sigma$  factor) enzymes. Only the holoenzyme can recognize and bind promoter. Several kinds of  $\sigma$  factors have been found in a cell, and the promoter sequence recognized by RNAP is depend on the  $\sigma$  factor. In order to shed light on mechanism of the transcription, we have tried to determine the crystal structure of *Thermus thermophilus* RNAP core- $\sigma$ E like factor, and a transcription factor, *T. thermophilus* cAMP receptor protein. We obtained several crystals, but have not yet determined their structures.

We have determined two transcription factor-like proteins, *T. thermophilus* TTHA0807 and *E. coli* JW0801, and discussed their possibility of transcription factors.

### 2. Structural and functional studies of proteins involved in the regulation of cytoskeletal dynamics

Cytoskeletal proteins, such as actin, play an important role in cell migration, cell division, and endocytosis. These processes are often accompanied by membrane deformation. Rho family GTPases and their downstream effectors play an important role in the regulation of actin cytoskeleton.

We solved the structures of the EFC domains of FBP17 and CIP4, which are downstream effectors of Cdc42, a Rho family member. The EFC domain is known as a membrane deformation module. The structure of the EFC domain revealed a gently-curved helical bundle dimer, which is joined end to end into a filament in the crystals. According to the structure, we proposed a mechanistic model, in which the EFC filament winds around the tubular membrane with the concave surfaces facing the tubular membrane to drive membrane tubulation.

Recently, it has been shown that cytoskeletal dynamics control gene expression. Interestingly, there are chromatin remodeling complexes, such as a BAF complex, that contain actin as a subunit. We solved the structures of the AT-rich interaction domain of the BAF complex in two different crystalline forms and obtained insights into the mechanism of DNA recognition.

### 3. Structural genomics

We determined the crystal structures of various kinds of bacterial proteins.

Galactokinase (GalK) is catalyzes the ATP-dependent phosphorylation of  $\alpha$ -D-galactose to  $\alpha$ -D-galactose-1-phosphate. We determined crystal structures of *Pyrococcus horikoshii* GalK and the GalK-galactose-ATP analog complex, and found that they revealed the inactive open structure. This result is consistent with that the enzyme is inactive at low temperature. Four glycine residues, G7, 73, 142, 146, were suggested to be involved in the conformational change for activation of the enzyme.

*Thermus thermophilus* TTHA1431 protein binds isalloxazine ring, and it forms dodecamer in the crystal. We determined the crystal structures of the protein complexed with various metal ions, and found that metal ion bound at the center of the trimer. These structures also suggest that the protein binds  $\text{Na}^+$ ,  $\text{K}^+$ , and  $\text{Mn}^{2+}$ , but not  $\text{Cs}^+$ , and the most tightly binds to  $\text{K}^+$  among these ions.

The crystal structure of PH0223 from *P. horikoshii* was solved to 2.24 Å. The function of this 190 aa long protein is unknown but it does form a hexameric structure in both the asymmetric unit and in solution. The residues conserved over bacterial species appear to be involved in stabilizing the interactions of both the dimers and the trimer of dimers. Although there is some structural relationship to lipases it is too tenuous to make any functional prediction.

### 4. Conformational Fluctuations studied by Variable-Pressure NMR

Pressure is a fundamental variable for defining conformational equilibria and reaction rates in proteins. We study conformational fluctuations of proteins using variable pressure NMR. We found evolutionally conserved intermediates between homolog proteins, ubiquitin and NEDD8. Our interests are also focused on the mechanism of amyloid fibril formation in proteins. The disulfide-deficient variant of hen lysozyme spontaneously forms protofibrils rich in  $\beta$ -structure under an appropriate solution condition. Pressure-jump NMR to 2 kbar was used to monitor the time-dependent dissociation process of the protofibril into monomeric species. The dissociated monomers reassociated into protofibril upon decreasing the pressure, showing the full reversibility of the pressure-dissociation of the protofibril.

### 5. Mechanism of stabilization of protein from thermophilic bacteria

In order to elucidate the stabilization mechanism of proteins related to the conformational changes, we have examined the relationships between thermal stabilities of proteins and their X-ray crystal structures using a series of proteins from *P. horikoshii* and *T. thermophilus*, which were solved at Advanced Protein Crystallography Research Group. We found that the CutA1 protein from *P. horikoshii* has an unusually high stability with the denaturation temperature of nearly 150 °C, which exceeds the highest record determined by a differential scanning calorimeter by about 30 °C. Its stabilization seemed to be caused by the network of ion pairs which are mainly located on the surface of the protein.

### 6. Characterization of inclusion body

We picked up 10 kinds of inclusion body proteins from *T. thermophilus*, which are different from each other in molecular weights, isoionic points, and content of SH groups, to examine the solubilization and the possibility of refolding from inclusion body. In these studies we found that some of them are involved in the intact or nearly intact states in inclusion body. Therefore, these proteins can be solubilized by 1 M Arg or/ and 1 M GuHCl solution that do not occur protein unfolding.

### 7. Application of the automatic crystallization robot

We have started to use a TERA (TERA III) at 4 °C. We made a trial run of CrystalFinder.

### 8. Development a new software for X-ray crystallography

We are developing a new software to build a protein crystal structure using the low diffraction data, which adapts to the users level of experience. In this year, we defined the specification sheet, and started to look for the Integrated Development Environment.

## Staff

### Head

Dr. Shigeyuki YOKOYAMA

### Members

Dr. Hisashi NAITOW

Dr. Akeo SHINKAI

Dr. Atsushi SHIMADA

Dr. Thirumananseri KUMAREVEL\*<sup>1</sup>

Mr. Igor LOBOV\*<sup>2</sup>

Dr. Hideaki NIWA

Dr. Peter REHSE\*<sup>2</sup>

Dr. Masahide SAWANO\*<sup>2</sup>

Dr. Katsuhide YUTANI\*<sup>2,5</sup>

Dr. Ryo KITAHARA\*<sup>3</sup>

Mr. Michael HESS\*<sup>4</sup>

Mr. Eiji INAGAKI\*<sup>4</sup>

Ms. Maki KUMEI\*<sup>4</sup>

Mr. Yuuki NAKAMURA\*<sup>4</sup>

Mr. Nobuo OKAZAKI\*<sup>4</sup>

Ms. Hitomi TAKAHASHI\*<sup>4</sup>

Mr. Tomoyuki TANAKA\*<sup>4</sup>

Ms. Keiko SAKAMOTO\*<sup>4</sup>

\*1 Special Contract Researcher、\*2 Contract Researcher、\*3 JSPS Research Fellow、\*4 Contract Technical Scientist、\*5 in Collaboration with

### Visiting Members

Dr. Kazuyuki AKASAKA (Fac. Biol. Sci. Tech., Kinki Univ.)

Dr. Takatomo SASAKI (Osaka Univ.)

Dr. Hiroaki ADACHI (Osaka Univ.)

Dr. Youssef BENAMMAR

Dr. Yuji KAMATARI (Gifu Univ.)

Mr. Kiyokazu KAWAMURA (TAKEDA RIKI KOGYO Co., Ltd.)

Mr. Hiroyuki MAEDA (Nacalai Tesque, Inc.)

Dr. Yusuke MORI (Osaka Univ.)

Mr. Takafumi MORIYA (Nacalai Tesque, Inc.)

Dr. Shun-ichi SEKINE (Univ. Tokyo)

Dr. Dmitry Vassilyev

Dr. Motohide YOSHIMURA (Kobe Univ.)

### Trainees

Mr. Kazumi HATA (Fac. Biol. Sci. Tech., Kinki Univ.)

Mr. Ryohei KOUNO (Kinki Univ.)

Mr. Akihiro MAENO (Fac. Biol. Sci. Tech., Kinki Univ.)

Mr. Tomoya TSUKAZAKI (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

Rehse P. and Tahirov T. : "Structure of a putative 2'-5' RNA ligase from {¥it Pyrococcus horikoshii}", Acta Cryst. D 61, 1207--1212 (2005). \*

Inagaki E., Takahashi H., Kuroishi C., and Tahirov T. : "Crystallization and avoiding the problem of hemihedral twinning in crystals of  $\Delta^1$ -pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase from {¥it Thermus thermophilus}", Acta Cryst.

F 61, 609--611 (2005). \*

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

Umehara T., Otta Y., Tsuganezawa K., Matsumoto T., Tanaka A., Horikoshi M., Padmanabhan B., and Yokoyama S. : "Purification, crystallization and preliminary X-ray diffraction analysis of the histone chaperone cia1 from fission yeast", Acta Cryst. F 61, 971--973 (2005). \*

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

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

Lee S. J., Ogasahara K., Ma J., Nishio K., Ishida M., Yamagata Y., Tsukihara T., and Yutani K. : "Conformational changes in the tryptophan synthase from a hyperthermophile upon  $\alpha_{2}\beta_{2}$  complex formation: crystal structure of the complex", Biochemistry 44, No. 34, pp.11417--11427 (2005). \*

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

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

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

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

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

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

- Asada Y., Sawano M., Ogasahara K., Nakamura J., Ota M., Kuroishi C., Sugahara M., Yutani K., and Kunishima N. : "Stabilization mechanism of the tryptophan synthase  $\alpha$ -subunit from *Thermus thermophilus* HB8 X-ray crystallographic analysis and calorimetry", J. Biochem. 138, No. 4, pp.343--353 (2005). \*
- Nameki N., Someya T., Okano S., Suemasa R., Hirao M., Suetsugu K., Terada T., Shirouzu M., Hirao I., Takaku H., Himeno H., Muto A., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Kawai G. : "Interaction analysis between tmRNA and SmpB from *Thermus thermophilus*", J. Biochem. 138, No. 6, pp.729--739 (2005). \*
- Watanabe K., Nureki O., Fukai S., Ishii R., Okamoto H., Yokoyama S., Endo Y., and Hori H. : "Roles of conserved amino acid sequence motifs in the SpoU (TrmH) RNA methyltransferase family", J. Biol. Chem. 280, No. 11, pp.10368--10377 (2005). \*
- Ishii R., Minagawa A., Takaku H., Takagi M., Nashimoto M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the tRNA 3' processing endoribonuclease tRNase Z from *Thermotoga maritima*", J. Biol. Chem. 280, No. 14, pp.14138--14144 (2005). \*
- Kuratani M., Ishii R., Bessho Y., Fukunaga R., Sengoku T., Shirouzu M., Sekine S., and Yokoyama S. : "Crystal structure of tRNA adenosine deaminase (TadA) from *Aquifex aeolicus*", J. Biol. Chem. 280, No. 16, pp.16002--16008 (2005). \*
- Kinebuchi T., Kagawa W., Kurumizaka H., and Yokoyama S. : "Role of the N-terminal domain of the human DMC1 protein in octamer formation and DNA binding", J. Biol. Chem. 280, No. 31, pp.28382--28387 (2005). \*
- Tanaka Y., Tachiwana H., Yoda K., Matsumoto H., Okazaki T., Kurumizaka H., and Yokoyama S. : "Human centromere protein B induces translational positioning of nucleosomes on  $\alpha$ -satellite sequences", J. Biol. Chem. 280, No. 50, pp.41609--41618 (2005). \*
- Fukunaga R. and Yokoyama S. : "Structural basis for non-cognate amino acid discrimination by the valyl-tRNA synthetase editing domain", J. Biol. Chem. 280, pp.29937--29945 (2005). \*
- Ohashi W., Inouye S., Yamazaki T., Katayama Y., Yokoyama S., and Hirota H. : "Backbone  $^1\text{H}$ ,  $^{13}\text{C}$  and  $^{15}\text{N}$  resonance assignments for the  $\text{Mg}^{2+}$ -bound form of the  $\text{Ca}^{2+}$ -binding photoprotein aequorin", J. Biomol. NMR 31, No. 4, pp.375--376 (2005). \*
- Scott J. A., Pantoja-Uceda D., Koshiha S., Inoue M., Kigawa T., Terada T., Shirouzu M., Tanaka A., Sugano S., Yokoyama S., and Guentert P. : "Solution structure of the Src homology 2 domain from the human feline sarcoma oncogene Fes", J. Biomol. NMR 31, pp.357--361 (2005). \*
- Li H., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Nunokawa E., Motoda Y., Kobayashi A., Terada T., Shirouzu M., Koshiha S., Lin Y., Guentert P., Suzuki H., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S. : "Solution structure of the mouse enhancer of rudimentary protein reveals a novel fold", J. Biomol. NMR 32, No. 4, pp.329--334 (2005). \*
- Horiuchi T., Takahashi M., Kikuchi J., Yokoyama S., and Maeda H. : "Effect of dielectric properties of solvents on the quality factor for a beyond 900 MHz cryogenic probe model", J. Magn. Reson. 174, No. 1, pp.34--42 (2005). \*
- Yamasaki K., Kigawa T., Inoue M., Yamasaki T., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Tomo Y., Terada T., Shirouzu M., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., and Yokoyama S. : "Solution structure of the major DNA-binding domain of *Arabidopsis thaliana* ethylene-insensitive3-like3", J. Mol. Biol. 348, pp.253--264 (2005). \*
- Kato-Murayama M., Bessho Y., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the RNA 2'-phosphotransferase from *Aeropyrum pernix* K1", J. Mol. Biol. 348, pp.295--305 (2005). \*
- Kamatari Y., Yokoyama S., Tachibana H., and Akasaka K. : "Pressure-jump NMR study of dissociation and association of amyloid protofibrils", J. Mol. Biol. 349, pp.916--921 (2005). \*
- Kunishima N., Asada Y., Sugahara M., Ishijima J., Nodake Y., Sugahara M., Miyano M., Kuramitsu S., Yokoyama S., and Sugahara M. : "A novel induced-fit reaction mechanism of asymmetric hot dog thioesterase paal", J. Mol. Biol. 352, pp.212--228 (2005). \*
- Lokanath N. K., Ohshima N., Takio K., Shiromizu I., Kuroishi C., Okazaki N., Kuramitsu S., Yokoyama S., Miyano M., and Kunishima N. : "Crystal structure of novel NADP-dependent 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase from *Thermus thermophilus* HB8", J. Mol. Biol. 352, pp.905--917 (2005). \*
- Mizohata E., Sakai H., Fusatomi E., Terada T., Murayama K., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of an Archaeal peroxiredoxin from the aerobic hyperthermophilic crenarchaeon *Aeropyrum pernix* K1", J. Mol. Biol. 354, No. 2, pp.317--329 (2005). \*
- Kurimoto K., Muto Y., Obayashi N., Terada T., Shirouzu M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Kigawa T., Okumura H., Tanaka A., Shibata N., Kashioka M., Agata K., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the N-terminal RecA-like domain of a DEAD-box RNA helicase, the *Dugesia japonica* vasa-like gene B protein", J. Struct. Biol. 150, pp.58--68 (2005). \*
- Sharma M. R., Barat C., Wilson D. N., Booth T. M., Kawazoe M., Hori C., Shirouzu M., Yokoyama S., Fucini P., and Agrawal R. K. : "Interaction of Era with the 30S ribosomal subunit: Implications for 30S subunit assembly", Mol. Cell 18, pp.319--329 (2005). \*
- Temiaikov D., Zenkin N., Vassilyeva M. N., Perederina A., Tahirov T., Kashkina E., Savkina M., Zorov S., Nikiforov V., Igarashi N., Matsugaki N., Wakatsuki S., Severinov K., and Vassilyev D. G. : "Structural basis of transcription inhibition by antibiotic streptolydigin", Mol. Cell 19, No. 5, pp.655--666 (2005). \*
- Vassilyev D. G., Svetlov V., Vassilyeva M., Perederina A., Igarashi N., Matsugaki N., Wakatsuki S., and Artsimovitch I. : "Structural basis for transcription inhibition by tagetitoxin", Nat. Struct. Mol. Biol. 12, No. 12, pp.1086--1093 (2005). \*
- Fukunaga R. and Yokoyama S. : "Aminoacylation complex structures of leucyl-tRNA synthetase and tRNA $^{\text{Leu}}$  reveal two modes of discriminator-base recognition", Nat. Struct. Mol. Biol. 12, pp.915--922 (2005). \*
- Moriyama K., Kimoto M., Mitsui T., Yokoyama S., and Hirao I. :

- "Site-specific biotinylation of RNA molecules by transcription using unnatural base pairs", *Nucleic Acids Research Online Issues (web)* (<http://nar.oxfordjournals.org/>) 33, No. 15, pp.e129-1--e129-8 (2005). \*
- Hirao I., Mitsui T., Kimoto M., Kawai R., Sato A., and Yokoyama S. : "Non-hydrogen-bonded base pairs for specific transcription", *Nucleic Acids Symp. Ser.* 49, No. 1, pp.33--34 (2005). \*
- Mitsui T., Kimoto M., Yokoyama S., and Hirao I. : "Fluorescent properties of an unnatural nucleobase, 2-amino-6-(2-thienyl)purine, in DNA and RNA fragments", *Nucleic Acids Symp. Ser.* 49, No. 1, pp.285--286 (2005). \*
- Kimoto M., Kawai R., Mitsui T., Harada Y., Sato A., Yokoyama S., and Hirao I. : "Site-specific incorporation of fluorescent probes into RNA by specific transcription using unnatural base pairs", *Nucleic Acids Symp. Ser.* 49, 287--288 (2005). \*
- Yamasaki K., Kigawa T., Inoue M., Tateno M., Yamasaki T., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Tomo Y., Hayami N., Terada T., Shirouzu M., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., and Yokoyama S. : "Solution structure of an {¥it Arabidopsis} WRKY DNA binding domain", *Plant Cell* 17, No. 3, pp.944--956 (2005). \*
- Ishihara G., Goto M., Saeki M., Ito K., Hori T., Kigawa T., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Expression of G protein coupled receptors in a cell-free translational system using detergents and thioredoxin-fusion vectors", *Protein Expr. Purif.* 41, 27--37 (2005). \*
- Rehse P. and Tahirov T. : "Crystal structure of a purine/pyrimidine phosphoribosyltransferase-related protein From {¥it Thermus thermophilus} HB8", *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics* 61, 658--665 (2005). \*
- Rehse P., Kumei M., and Tahirov T. : "Compact reduced thioredoxin structure from the thermophilic bacteria {¥it Thermus thermophilus}", *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics* 61, 1032--1037 (2005). \*
- Hattori M., Mizohata E., Manzoku M., Bessho Y., Murayama K., Terada T., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the hypothetical protein TTHA1013 from {¥it Thermus thermophilus} HB8", *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics* 61, 1117--1120 (2005). \*
- Handa N., Terada T., Doi-Katayama Y., Hirota H., Tame J. R., Park S., Kuramitsu S., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of a novel polyisoprenoid-binding protein from {¥it Thermus thermophilus} HB8", *Protein Sci.* 14, 1004--1010 (2005). \*
- Arai R., Niino M., Tochio H., Morita S., Kamo T., Akasaka R., Eto Y., Hayashizaki Y., Kigawa T., Terada T., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of an enhancer of rudimentary homologue (ERH) at 2.1 ¥AA resolution", *Protein Sci.* 14, 1888--1893 (2005). \*
- Yoshitani N., Sato K., Saito K., Suzuki S., Hatanaka H., Seki M., Shinozaki K., Hirota H., and Yokoyama S. : "A structure-based strategy for discovery of small ligands binding to functionally unknown proteins: Combination of {¥it in silico} screening and surface plasmon resonance measurements", *Proteomics* 5, 1472--1480 (2005). \*
- Inagaki E., Sakamoto K., Obayashi N., Terada T., Shirouzu M., Bessho Y., Kuroishi C., Kuramitsu S., Shinkai A., and Yokoyama S. : "Expression, purification, crystallization and preliminary X-ray diffraction analysis of Galactokinase from {¥it Pyrococcus horikoshii}", *Acta Cryst. F* 62, 169--171 (2006). \*
- Komiya K., Sakamoto K., Kameda A., Yamamoto M., Ohuchi A., Kiga D., Yokoyama S., and Hagiya M. : "DNA polymerase programmed with a hairpin DNA incorporates a multiple-instruction architecture into molecular computing", *Biosystems* 83, 18--25 (2006). \*
- Kodama K., Fukuzawa S., Nakayama H., Kigawa T., Sakamoto K., Yabuki T., Matsuda N., Shirouzu M., Takio K., Tachibana K., and Yokoyama S. : "Regioselective carbon-carbon bond formation in proteins with palladium catalysis; New protein chemistry by organometallic chemistry", *ChemBioChem: A European Journal of Chemical Biology* 7, No. 1, pp.134--139 (2006). \*
- Shigi N., Suzuki T., Terada T., Shirouzu M., Yokoyama S., and Watanabe K. : "Temperature-dependent biosynthesis of 2-thioribothymidine of {¥it Thermus thermophilus} tRNA", *J. Biol. Chem.* 281, No. 4, pp.2104--2113 (2006). \*
- Enomoto R., Kinebuchi T., Sato M., Yagi H., Kurumizaka H., and Yokoyama S. : "Stimulation of DNA strand exchange by the human TBPIP/Hop2-Mnd1 complex", *J. Biol. Chem.* 281, No. 9, pp.5575--5581 (2006). \*
- Tokmakov A. A., Matsumoto E., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Coupled cytoplasmic transcription-and-translation - a method of choice for heterologous gene expression in {¥it Xenopus} oocytes", *J. Biotechnol.* 122, No. 1, pp.5--15 (2006). \*
- Kuratani M., Sakai H., Takahashi M., Yanagisawa T., Kobayashi T., Murayama K., Chen L., Liu Z., Wang B., Kuroishi C., Kuramitsu S., Terada T., Bessho Y., Shirouzu M., Sekine S., and Yokoyama S. : "Crystal structures of tyrosyl-tRNA synthetases from {¥it Archaea}", *J. Mol. Biol.* 355, 395--408 (2006). \*
- Arai R., Niino M., Kuroishi C., Bessho Y., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of the probable haloacid dehalogenase PH0459 from {¥it Pyrococcus horikoshii} OT3", *Protein Sci.* 15, No. 2, pp.373--377 (2006). \*
- 樋野 展正, 坂本 健作, 横山 茂之 : "人工的なアミノ酸をタンパク質に導入することによる動物細胞内での光クロスリンク法", *実験医学* 23, No. 13, pp.2047--2051 (2005). \*
- 横山 茂之 : "理化学研究所におけるプロジェクトの現状と今後の展望", *蛋白質 核酸 酵素* 50, No. 7, pp.836--845 (2005). \*
- ( 総説 )  
Suetsugu K., Sekine S., Shirouzu M., and Yokoyama S. : "Crystal structure of elongation factor P from {¥it Thermus thermophilus} HB8", *SPring-8 Res. Frontiers* 2004, 20--21 (2005).
- 坂本 健作, 横山 茂之 : "生きた細胞で超タンパク質をつくる : 非天然アミノ酸をタンパク質に導入する方法", *化学* 60, No. 4, pp.70--71 (2005).
- 水野 洋, Thirumananseri K., Penmetcha K. K. : "転写制御蛋白

質が引き起こすアンチターミネーションの分子基盤", 蛋白質 核酸 酵素 50, 1420--1428 (2005).

船橋 順, 油谷 克英 : "蛋白質立体構造から安定化のメカニズムを定量的に理解する方法", 日本結晶学会誌 47, 253--260 (2005).

[ 単行本 ]  
( その他 )

油谷 克英 : "タンパク質の立体構造", 生物学ハンドブック, コロナ社, 東京, pp.157--158 (2005).

油谷 克英 : "タンパク質の安定性", 生物学ハンドブック, コロナ社, 東京, pp.159--163 (2005).

油谷 克英 : "タンパク質の構造解析・構造予測技術", 生物学ハンドブック, コロナ社, 東京, pp.181--195 (2005).

#### 口 頭 発 表 Oral Presentations

(国際会議等)

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

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

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

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

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

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

Nishio K., Morimoto Y., Ishizuka M., Ogasahara K., Yutani K., and Tsukihara T. : "Helix-formation due to the binding of  $\alpha$ -with  $\beta_2$ -subunit of tryptophan synthase", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).

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

Nakamura Y., Umehara T., Shirouzu M., Morita S., Tochio H., Hamana H., Terada T., Tanaka A., Horikoshi M., Padmanabhan B., and Yokoyama S. : "Structural basis for

acetylated histone H4 recognition by the N-terminal bromodomain of human Brd2", 2005 Cold Spring Harbor Laboratory Meeting on Mechanisms of Eukaryotic Transcription, Cold Spring Harbor, USA, Aug.--Sept. (2005).

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

Kitahara R., Yokoyama S., Sakata E., Kasuya T., Yamaguchi Y., Kato K., Tanaka K., and Akasaka K. : "Detecting conformational fluctuations of ubiquitin and NEDD8 by the variable pressure NMR", Joint 15th IUPAB and 5th EBSA International Biophysics Congress, Montpellier, France, Aug.--Sept. (2005).

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

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

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

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

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

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

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

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

Kitahara R., Yokoyama S., Sakata E., Kasuya T., Yamaguchi Y., Kato K., Tanaka K., and Akasaka K. : "Studying conformational fluctuations of ubiquitin-like proteins by the variable pressure NMR: Ubiquitin and NEDD8", Trends in

- High Pressure Protein Sciences (THPPS 2005) , Montpellier , France , Sept. (2005).
- Zhang H., Hayashi F., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Matsuda T., Seki E., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A., Sugano S., and Yokoyama S. : "Human structure proteomics: Solution structure of the RGS domain of regulator of G-protein signaling 5 (RGS 5)", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Kobayashi N., Koshiba S., Guentert P., Sugano S., Kigawa T., and Yokoyama S. : "KUJIRA, a package of integrated modules for systematic and interactive analysis of NMR data: Application to quick and accurate structure analysis in combination with CYANA calculations", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Li H., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Nunokawa E., Motoda Y., Kobayashi A., Terada T., Shirouzu M., Koshiba S., Lin Y., Guntert P., Suzuki H., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S. : "Mouse structure proteomics: Solution structure of the mouse enhancer of rudimentary protein reveals a novel fold", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Kamatari Y., Yokoyama S., Tachibana H., and Akasaka K. : "Pressure-jump NMR study of dissociation and association of amyloid protofibrils", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Nagashima T., Hayashi F., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Matsuda T., Seki E., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A., Hayashizaki Y., and Yokoyama S. : "Solution structure of nuclear move domain of nuclear distribution gene C homolog", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Qin X., Hayashi F., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A., and Yokoyama S. : "Solution structure of the LIM domain of human CLP-36 protein", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Tochio N., Koshiba S., Inoue M., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S. : "Solution structure of the mouse TRP14 protein homologous to the human TRP14 protein", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Inoue K., Nagashima T., Hayashi F., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Matsuda T., Seki E., Hirota H., Yoshida M., Tanaka A., Ohara O., and Yokoyama S. : "Solution structure of the two CUT domain of SATB2", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Katayama Y., Hayashi F., Inoue M., Kigawa T., Yokoyama S., and Hirota H. : "Solution structure of two human Myb-like DNA-binding domain repeats", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Itou Y., Hamada T., Abe T., Hayashi F., Guentert P., Inoue M., Kigawa T., Terada T., Shirouzu M., Yoshida M., Tanaka A., Sugano S., Yokoyama S., and Hirota H. : "Structural and functional analyses of the antifreeze-like domain of human sialic acid synthase", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Hatta R., Hayashi F., Nagashima K., Kurosaki C., Qin X., Yoshida M., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Matsuda T., Seki E., Hirota H., Tanaka A., Ohara O., and Yokoyama S. : "Structural and functional analysis of immunoglobulin like domains", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Endo H., Hayashi F., Yoshida M., Shirouzu M., Terada T., Kigawa T., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Matsuda T., Seki E., Hirota H., Tanaka A., Hayashizaki Y., and Yokoyama S. : "Structural and functional analysis of MSP domains", 44th Annual Meeting of Japanese NMR Society and The 1st Asia-Pacific NMR Symposium , Yokohama , Nov. (2005).
- Yokoyama S. : "Structural proteomics of thermophiles and higher eukaryotes", 5th ``TICPS" International Conference of Protein Science (2005) , Beijing , China , Nov. (2005).
- Sato T., Matsuo Y., and Yokoyama S. : "Development of a method for predicting biological functions of compounds using support vector machine", 16th International Conference on Genome Informatics (GIW 2005) , Yokohama , Dec. (2005).
- Fukunaga R. and Yokoyama S. : "Aminoacylation complex structure of the archaeal leucyl-tRNA synthetase-tRNA<sup>Leu</sup> complex", 21st tRNA Workshop , Bangalore , India , Dec. (2005).
- Ogasahara K., Lee J. S., Ma J., Nishio K., Ishida M., Yamagata Y., Tsukihara T., and Yutani K. : "Conformational changes in the tryptophan synthase from a hyperthermophile due to  $\alpha_2\beta_2$  complex formation: Crystal structure of the complex", International Chemical Congress of Pacific Basin Societies (PACIFICHEM 2005) , Honolulu , USA , Dec. (2005).
- Iimura S., Ogasahara K., Noda Y., Segawa S., and Yutani K. : "Kinetic stabilization of pyrrolidone carboxyl peptidase from a hyperthermophile", International Chemical Congress of Pacific Basin Societies (PACIFICHEM 2005) , Honolulu , USA , Dec. (2005).
- Saito K., Kiso Y., Yokoyama S., and Hirota H. : "Screening of peptides binding to target proteins with capillary electrophoresis-mass spectrometry (CE-MS)", International Chemical Congress of Pacific Basin Societies (PACIFICHEM 2005) , Honolulu , USA , Dec. (2005).
- Kodama K., Fukuzawa S., Nakayama H., Kigawa T., Sakamoto K., Yabuki T., Matsuda N., Shirouzu M., Takio K., Yokoyama S., and Tachibana K. : "Site-specific functionalization of proteins with palladium-catalyst", International Chemical Congress of Pacific Basin Societies (PACIFICHEM 2005) , Honolulu , USA , Dec. (2005).
- Hirao I. and Yokoyama S. : "Site-specific incorporation of functional components into RNA by T7 transcription using unnatural base pairs", International Chemical Congress of Pacific Basin Societies (PACIFICHEM 2005) , Honolulu , USA , Dec. (2005).
- Katayama Y., Hayashi F., Kubo S., Yoshitani N., Sato K., Inoue M., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Yoshida M., Shirouzu M., Terada T., Arakawa T., Carninci P., Kawai J.,

Hayashizaki Y., Osanai T., Tanaka A., Yokoyama S., and Hirota H.: "Solution structure and functional analysis of a general transcription factor 2I domain in mouse TFII-I protein", International Chemical Congress of Pacific Basin Societies (PACIFICHEM 2005), Honolulu, USA, Dec. (2005).

Yokoyama S.: "Cell free protein expression in structural proteomics", Keystone Symposia on Structural Genomics, Keystone, USA, Jan. (2006).

Nakamura Y., Nakano K., Umehara T., Adachi E., Hayashizaki Y., Padmanabhan B., and Yokoyama S.: "Structural basis of oncoprotein gankyrin in complex with S6 ATPase", Keystone Symposia on Structural Genomics, Keystone, USA, Jan. (2006).

Simorellis A. K., Kitahara R., Yokoyama S., Flynn P., Akasaka K., and Koide S.: "Variable pressure NMR study on multiple conformational states of outer surface protein A from *Borrelia burgdorferi*", Biophysical Society 50th Annual Meeting, Salt Lake City, USA, Feb. (2006).

(国内会議)

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

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

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

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

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

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

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

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

斉藤 講平, 小柴 生造, 枋尾 尚哉, 井上 真, 白水 美香子, 小原 収, 長瀬 隆弘, 林崎 良英, 田仲 昭子, 木川 隆則,

横山 茂之: "哺乳類 CAP-Gly ドメインの網羅的立体構造決定の試み", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6月 (2005).

横山 茂之: 第36回今堀フォーラム, 東京, 6月 (2005).

深井 周也, 富田 耕造, 石谷 隆一郎, 上田 卓也, 竹内 野乃, Vassilyev D. G., 濡木 理: "CCA 付加酵素による鋳型非依存性 RNA 重合反応の構造基盤", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6-7月 (2005).

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

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

竹内 誠, 水口 峰之, 油谷 克英, 森 佳洋, 篠田 裕之, 河野 敬一: "リフォールディング初期中間体の立体構造", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6-7月 (2005).

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

西尾 和也, 小笠原 京子, 森本 幸生, 月原 富武, 油谷 克英: "大腸菌トリプトファン合成酵素  $\beta_2$  サブユニットの安定化に果たす補酵素 PLP の構造と物性からみた役割", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6-7月 (2005).

飯村 哲史, 小笠原 京子, 野田 康夫, 瀬川 新一, 油谷 克英: "超好熱菌由来の pyrrolidone carboxyl peptidase の速度論的安定化のメカニズム", 第5回日本蛋白質科学会年会, 福岡, 6-7月 (2005).

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

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

上西 達也, 酒井 宏明, 堀 千重, 寺田 貴帆, 中川 紀子, 真岡 伸子, 倉光 成紀, 白水 美香子, 横山 茂之: "PrmA の結晶構造から示唆されるリボソームタンパク質 L11 のメチル化反応における協調的かつ合理的な進行性", 日本 RNA 学会年会第7回 RNA ミーティング, 弘前, 8月 (2005).

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

後藤 桜子, 伊藤 拓宏, 石井 亮平, 福永 流也, 関根 俊一, 白水 美香子, Se W., 横山 茂之: "tRNA<sup>Met</sup> SG37メ

チル基転移酵素の結晶化", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

石井 亮平, 皆川 麻子, 高久 洋暁, 高木 正道, 梨本 正之, 横山 茂之: "{\it Thermotoga maritima}由来tRNase ZのX線結晶構造解析", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

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

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

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

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

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

嶋 直樹, 坂口 裕理子, 鈴木 勉, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 横山 茂之, 渡辺 公綱: "高度好熱菌tRNAに耐熱性を付与する修飾塩基 $s_{\{^2\}}$ の生合成機構", 日本RNA学会年会第7回RNAミーティング, 弘前, 8月 (2005).

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

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

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

中川 紀子, 柏原 愛子, 中井 恵美, 吉良 聡, 井手 香, 長嶋 剛史, 小西 史一, 畠山 真里子, 小長谷 明彦, 横山 茂之, 倉光 成紀: "{\it Thermus thermophilus} HB8 の遺伝子破壊株作製, および, トランスクリプトーム解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

大賀 拓史, 大橋 由明, 中川 紀子, 増井 良治, 曾我 朋義,

富田 勝, 横山 茂之, 倉光 成紀: "高度好熱菌のメタボローム解析", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

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

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

新海 暁男, 柏原 愛子, 吉良 聡, 倉光 成紀, 横山 茂之: "{\it Thermus thermophilus} HB8株由来cAMPレセプタータンパク質の生化学的性質", 理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第4回連携研究会, 播磨, 8月 (2005).

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

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

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

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

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

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

横山 茂之: "構造プロテオミクスの現状と将来への展望", 第4回ナノサイエンス・サマー道場「ナノバイオサイエ

- スの基礎と応用」，長野，8月 (2005).
- 横山 茂之: "立体構造に基づく生命システムの理解をめざして", ゲノムフォーラム2005「生命科学について語るう」: 若手研究者からみたゲノム研究，東京，9月 (2005).
- 横山 茂之: "タンパク質研究の将来と高性能コンピューティング", 計算科学技術シンポジウム「次世代スーパーコンピュータとシミュレーションの革新」，東京，9月 (2005).
- 森久保 典子, 坂本 健作, 福田 頼之, 大竹 和正, 新屋 直子, 浅沼 三和子, 廣田 洋, 横山 茂之, 星野 力: "非天然型及び天然型アミノ酸部位特異的導入実験に基づくスクアレン環化機構の考察: カチオン /  $\pi$ 相互作用とアミノ酸側鎖のバルクサイズの重要性", 第47回天然有機化合物討論会，徳島，10月 (2005).
- 王 宏飛, 堀 千重, 村山 和隆, 中山 亮子, 関根 俊一, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 横山 茂之: "Crystal Structure of  $\gamma$ -Thermus thermophilus elongation factor EF-G-2 in the GTP form", 第78回日本生化学会大会，神戸，10月 (2005).
- 赤坂 一之, 鎌足 雄司, 横山 茂之, 橘 秀樹: "Pressure-jump NMR study of dissociation and association of amyloid protofibrils", 第78回日本生化学会大会，神戸，10月 (2005).
- 横山 茂之: "Protein Structural Genomics/Proteomics Research", 第78回日本生化学会大会，神戸，10月 (2005).
- 大西 哲, 栃尾 尚哉, 佐藤 真奈美, 小柴 生造, 行木 信一, 井上 真, 木川 隆則, 横山 茂之: "Solution structure of the SH3 domain of the human SRC-like adaptor protein (SLAP) reveals a novel molecular recognition mechanism", 第43回日本生物物理学会年会，札幌，11月 (2005).
- 飯村 哲史, 梅寄 太郎, 八木 宏昌, 小笠原 京子, 阿久津 秀雄, 野田 康夫, 瀬川 新一, 油谷 克英: "NMRによる超好熱菌由来蛋白質の異常に遅いフォールディング機構の解明: NMRスペクトルの帰属とHD交換反応", 第43回日本生物物理学会年会，札幌，11月 (2005).
- 栃尾 尚哉, 笹川 彩, 小柴 生造, 井上 真, 木川 隆則, 横山 茂之: "Solution structures of six fibronectin type III domains of human", 第43回日本生物物理学会年会，札幌，11月 (2005).
- 竹内 誠, 水口 峰之, 河野 隆英, 大木 進野, 油谷 克英, 森佳洋, 篠田 裕之, 河野 敬一: "NMRによる超好熱菌由来のPyrrolidone carboxyl peptidaseのリフォールディング中間体に関する研究", 第43回日本生物物理学会年会，札幌，11月 (2005).
- 前野 寛大, 鎌足 雄司, 横山 茂之, 赤坂 一之: "高圧  $^1\text{H}$ -NMRと高圧蛍光測定法を用いて観測した鶏リゾチームの構造ゆらぎ", 第43回日本生物物理学会年会，札幌，11月 (2005).
- 由本 富巳, 岡村 哲至, 高橋 雅人, 保母 史郎, 井上 浩司, 三木 孝史, 濱田 衛, 横山 茂之, 前田 秀明: "500MHz NMRにおける4K極低温プローブの開発", 2005年度秋季低温工学・超電導学会，新潟，11月 (2005).
- 福崎 智数, 横山 茂之, 前田 秀明, 松本 真治, 二森 茂樹, 木吉 司: "高磁場NMRに用いるNb $_3$ Al超伝導線材の超伝導接続方法", 2005年度秋季低温工学・超電導学会，新潟，11月 (2005).
- Tokmakov A. A., 寺澤 ゆみこ, 白水 美香子, 横山 茂之: "Differential expression of multiple it  $Xenopus$  PDK family genes during oogenesis, maturation, fertilization, and early embryogenesis", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 李 華, 井上 真, 矢吹 孝, 青木 雅昭, 関 英子, 松田 貴意, 布川 絵未, 元田 容子, 小林 敦夫, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 小柴 生造, 林 意然, Guentert P., 鈴木 治和, 林崎良英, 木川 隆則, 横山 茂之: "Solution Structure of the Mouse Enhancer of Rudimentary Protein Reveals a Novel Fold", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 佐藤 敦子, 武藤 裕, 桑迫 香奈子, 白水 美香子, 寺田 貴帆, 木川 隆則, 井上 真, 永田 崇, 鈴木 咲良, 染谷 龍彦, 津田 健吾, 高橋 征三, 菅野 純夫, 横山 茂之: "Solution structure of the RNA recognition motif(RRM) of human SF3b49/SAP49", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 永田 崇, 武藤 裕, 白水 美香子, 寺田 貴帆, 井上 真, 木川 隆則, 林崎 良英, 横山 茂之: "Structural analysis of Mouse Poly(A)-specific Ribonuclease", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 柴田 理恵, 別所 義隆, 西本 まどか, 房富 絵美子, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 横山 茂之: "Aquifex tRNA (mm $m^5\text{S}^2\text{U}34$ ) 修飾酵素MnmC2のX線結晶構造解析", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 染谷 龍彦, 武藤 裕, 井上 真, 木川 隆則, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 菅野 純夫, 横山 茂之: "Arginine/serine-rich splicing factor 10のRRM領域の構造解析", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 嶋田 睦, 丹羽 英明, 寺田 貴帆, 白水 美香子, 田仲 昭子, 長瀬 隆弘, 小原 収, 横山 茂之: "BAF複合体サブユニットhBAF250bのAT-rich interaction domain (ARID) の結晶構造解析", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 志田 明里, 高木 哲雄, 白水 美香子, 横山 茂之: "BAGドメインのアポトーシス抑制能の構造生物学的手法による解明", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 葛西 卓磨, 木川 隆則, 森 浩禎, 林崎 良英, 横山 茂之: "BoLAタンパク質の立体構造と機能の解析", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 仙石 徹, 横山 茂之: "DEAD-box RNA helicaseの反応機構", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 胡桃坂 仁志, 藤川 乃り映, 香川 亘, 朴 三用, 尾崎 省吾, 片山 勉, 横山 茂之: "DnaAタンパク質の立体構造と複製開始のメカニズム", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月 (2005).
- 松本 知子, 海津 陽子, 脇山 素明, 横山 茂之: "Drosophila S2細胞におけるlet-7 microRNAによる翻訳抑制", 第28回

- 日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 海津 陽子，脇山 素明，横山 茂之: "HEK293細胞由来の無細胞タンパク質合成系の開発", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 倉谷 光央，石井 亮平，別所 義隆，福永 流也，仙石 徹，白水 美香子，関根 俊一，横山 茂之: "tRNA アデノシンデアミナーゼ (TadA) のX線結晶構造解析", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 川添 将仁，堀 千重，上西 達也，末次 京子，白水 美香子，横山 茂之: "{\it Aeropyrum pernix} K1のBrixドメインタンパク質の構造解析", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 石井 亮平，皆川 麻子，高久 洋暁，高木 正道，梨本 正之，横山 茂之: "{\it Thermotoga maritima}由来tRNase ZのX線結晶構造解析", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 黒谷 篤之，外山 光俊，新屋 直子，上野 美恵子，藤倉 由紀子，矢吹 孝，白水 美香子，木川 隆則，横山 茂之: "タンパク質構造解析における構造ドメイン予測の高効率化の検討", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 斉藤 講平，井上 真，小柴 生造，長瀬 隆弘，小原 収，木川 隆則，横山 茂之: "ヒトIQGAP1のC末端ドメインについてのNMR解析", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 香川 亜子，香川 亘，柴田 武彦，胡桃坂 仁志，横山 茂之: "ヒトRad52タンパク質のhomologous pairingのメカニズム", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 皿井 直敬，香川 亘，田中 耕三，宮川 清，胡桃坂 仁志，横山 茂之: "ヒトRad54Bタンパク質の機能解析", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 榎本 りま，杵渕 隆，佐藤 真，八木 秀司，胡桃坂 仁志，横山 茂之: "ヒトTBPIP/Hop2-Mnd1複合体によるDNA鎖交換反応の活性化", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 鈴木 咲良，武藤 裕，栃尾 尚哉，井上 真，木川 隆則，寺田 貴帆，白水 美香子，菅野 純夫，横山 茂之: "ヒトミトコンドリアリボソームL17の溶液構造", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 津田 健吾，武藤 裕，白水 美香子，寺田 貴帆，井上 真，木川 隆則，菅野 純夫，横山 茂之: "ヒト由来CUG-BP1におけるRBD3のNMR法による立体構造解析", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 笹沼 麻貴，胡桃坂 仁志，横山 茂之: "ヒト由来ヒストンH2AXを用いたヌクレオソームの再構成", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 三上 暁，小林 富成，横山 茂之，今高 寛晃: "ヒト由来細胞を用いた無細胞タンパク質合成による糖タンパク質合成の効率化", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 杵渕 隆，長島 真樹，香川 亘，榎本 りま，滝沢 由政，横山 茂之，高田 穰，胡桃坂 仁志: 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 中村 祥浩，中野 和民，Padmanabhan B., 横山 茂之: "マウスガンキリンとS6ATPase(26Sプロテアソーム・サブユニット)複合体のX線結晶構造解析: pRbとの相互作用の生物学的重要性", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 伊良波 史枝，坂本 健作，横山 茂之: "遺伝暗号拡張のための大腸菌内在性チロシルtRNA合成酵素の置換", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 西本 まどか，別所 義隆，村山 美幸，中山 亮子，寺田 貴帆，白水 美香子，横山 茂之: "古細菌におけるtRNAスプライシングの基質認識機構", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 董 雪松，別所 義隆，柴田 理恵，白水 美香子，倉光 成紀，横山 茂之: "高度好熱菌 {\it Thermus thermophilus} HB8由来のPseudouridine synthase I (TruA) のX線結晶構造解析", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 舩谷 真美子，森野 重信，久武 幸司，Sonenberg N., 横山 茂之，今高 寛晃: "真核細胞翻訳開始因子eIF3の再構成", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 坂本 健作，松元 明子，横山 茂之: "動物細胞におけるサブレッサーtRNAの誘導発現系", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 樋野 展正，小林 隆嗣，松元 明子，坂本 健作，横山 茂之: "動物細胞内での非天然型アミノ酸のタンパク質への部位特異的導入と細胞内タンパク質間相互作用解析への応用", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 平松 久和，大野 敏，横川 隆志，伊良波 史枝，坂本 健作，横山 茂之，細谷 孝充，平松 俊行，鈴木 正昭，田中 信忠，中村 和郎，芳本 忠，西川 一八: "部位特異的プロモチロシン導入7- $\alpha$ -HSDHの大腸菌生細胞内での発現と立体構造解析", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 小林 富成，三上 暁，横山 茂之，今高 寛晃: "無細胞タンパク質合成系を用いたウイルスの生合成", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 坂本 健作，Chumpolkulwong N., 松元 明子，伊良波 史枝，新屋 直子，松田 夏子，木賀 大介，漆畑 晶子，白水 美香子，木川 隆則，横山 茂之: "無細胞翻訳系におけるレア・コドンの翻訳効率の解析", 第28回日本分子生物学会年会，福岡，12月（2005）.
- 岡崎 伸生，菅原 光明，仲村 勇樹，田中 智之，桑井 麻希，宮野 雅司，横山 茂之: 第6回計測自動制御学会システムインテグレーション部門講演会(SI2005)，熊本県西合志町，12月（2005）.
- 浅田 征彦，澤野 雅英，小笠原 京子，中村 順司，太田 元規，黒石 千寿，菅原 光明，油谷 克英，国島 直樹: "X線構造解析と示差走査熱量測定(DSC)を用いた高度好熱菌 {\it Thermus thermophilus} HB8 由来トリプトファン合成酵素 $\alpha$ サブユニットの安定化機構の検討", 日本結晶学会2005年度年会および総会，姫路，12月（2005）.

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

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

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

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

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

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

山本 雅貴, 新海 暁男, 国島 直樹: "X線関連技術", 文部科  
学省タンパク3000プロジェクト 第3回産学連携フォーラ  
ム, 東京, 2月 (2006).

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

沈 建仁, 内藤 久志, 古瀬 宗則, 西條 慎也, 大熊 章郎, 川  
上 恵典, 逸見 隆博, 神谷 信夫: "光化学系II複合体の構  
造解析の現状と展望", 第47回日本植物生理学会年会,  
つくば, 3月 (2006).

大熊 章郎, 川上 恵典, 古瀬 宗則, 西條 慎也, 内藤 久志,  
逸見 隆博, 神谷 信夫, 沈 建仁: "好熱性シアノバクテリ  
ア {vit *Thermosynechococcus vulcanus*} 由来PSII結晶のX線  
結晶学的品質の改良", 第47回日本植物生理学会年会,  
つくば, 3月 (2006).