

No.1

高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 をモデル生物とした
「丸ごと一匹プロジェクト」の進捗状況

Progress in the Whole Cell Project of a Model Organism, *Thermus thermophilus* HB8

理研 放射光科学総合研究センター 放射光システム生物学研究グループ
SR System Biology Research Group
RIKEN SPring-8 Center, RIKEN Harima Institute

Home Page: <http://www.thermus.org>
e-mail: struct7@spring8.or.jp

「はじめに」で述べた第1段階の「ゲノムワイドなタンパク質の立体構造解析」に重点を置きつつ、第2段階の「ゲノムワイドな分子機能解析」ためのパイロット的研究を理研播磨研を中心に行ってきた。そして、第3段階の各論的分子機能解析を行っている全国の大学・研究所などとの連携研究を行っている。

<ゲノムワイドなタンパク質の立体構造解析（構造ゲノム科学）>

まず、プロジェクト開始とともに、ゲノム解析を行った。その結果、本高度好熱菌のゲノムサイズは 2.1 Mbp で、約 2,200 個の ORF が同定された。

これらタンパク質を大量生産するために、各タンパク質の ORF を発現プラスミド pET-11a (Novagen 社) に組み込み、現在までに約 2,050 個の発現プラスミド構築を完了した。タンパク質の量産化には大腸菌 BL21(DE3) 株などを用い、現在までに約 80% のタンパク質について量産化に成功し、約 930 個のタンパク質精製が完了している。精製タンパク質の結晶化には各種ロボットなどを用いているが、その結晶化成功率は約 70% であった。

	Proteins
(1) Plasmids for overexpression	2059
(2) Overproduction in <i>E. coli</i>	1450
(3) Purification	930
(4) Crystallization	632
(5) Data collection	401
(6) 3D structure	300
+ 105 (other groups) = 405	

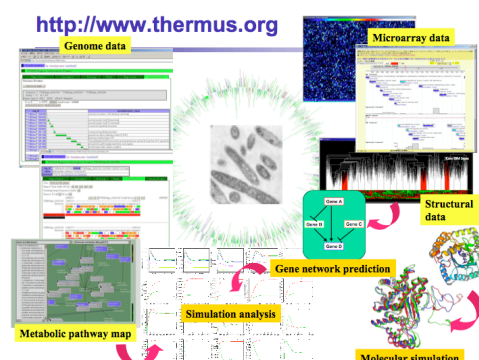
回折データ測定は、自動運転による効率的なデータ収集が可能な BL26B2 を利用することを標準としている。その際に、凍結保存した結晶を実験室ロボット回折計で予めチェックし、選別された結晶のみを BL26B2 で測定することで、更なる効率化を試みた。その結果、現時点までに約 300 種類のタンパク質の立体構造解析が完了している。プロジェクトとは独立に決定された構造解析数 105 個を加えると 405 個に達し、*T. thermophilus* HB8 の全 ORF の約 20% に相当する。

さまざまな工夫をしつつ立体構造解析を継続しているが、現在の立体構造解析の技術レベルでは 25~30% の成功率が限界に近いと考えられる。しかし、近い将来に、(1) 膜タンパク質や複合体タンパク質の調製技術、(2) タンパク質の結晶化技術、(3) マイクロビームラインによる微小結晶の X 線回折データ収集の技術（さらに将来は、FEL を利用した一分子の

立体構造解析技術)などの諸技術が向上すれば、立体構造解析の成功率が上昇すると期待される。本高度好熱菌のタンパク質は安定性が高く、結晶化の成功率も高いので、それら諸技術の開発時にも、本高度好熱菌のタンパク質の有効活用が期待される。

<ゲノムワイドな分子機能解析 (機能ゲノム科学) >

系統的機能解析については、耐熱性選択マーカー (カナマイシン耐性) を用いて系統的に遺伝子破壊株を作製し、それらの mRNA の発現 (トランスクリプトミクス)、タンパク質の発現 (プロテオミクス)、代謝生成物の増減 (メタボロミクス) などの解析にも着手している。これらの研究過程で得られた様々なデータは、順次、公開の予定である。



<各論的構造機能解析、および、機能未知タンパク質の機能発見>

タンパク質が安定なため、分子機能解析法が使いやすいという利点を活かして、高度好熱菌タンパク質の各論的な構造機能解析がグループ内外で行われており (「*Thermus thermophilus* HB8 関連の報告」に要約)、本シンポジウムでも、いくつかの成果が発表されている。

機能発見にも成功した機能未知タンパク質の中には、これまで想像もしなかった意外な分子機能をもつタンパク質の存在が明らかになった。

<機能未知タンパク質の機能発見から、システム生物学を目指して>

細胞全体の生命現象を理解するためにシステム生物学的研究を行うためには、全タンパク質の約 1/3 を占める機能未知タンパク質の機能を、まず知っておく必要がある。

これまでに、機能未知タンパク質のほぼ全てに相当する約 500 種類について立体構造解析を試みた。その結果、立体構造解析が可能であったタンパク質の約 60%は、その構造的特徴から分子機能の推定が可能であり、立体構造解析は機能推定にとって非常に強力であることがわかった。しかし、立体構造がわかっても、まだ機能不明のタンパク質が残されている。

そこで、これら機能未知タンパク質の機能発見を、第2段階のゲノムワイドな機能解析法を駆使して進めつつ、システム生物学へ向けた第3および第4段階のパイロット的研究を行う。

ポスター発表項目 (No. 1)

1. タンパク質調製
2. X線結晶回折データの収集および解析
3. 遺伝子破壊株作製、および、mRNA 解析
4. システム生物学へ向けて
5. *Thermus thermophilus* HB8 関連の報告
6. 機能未知タンパク質の機能発見および構造機能解析

Thermus thermophilus HB8 関連の報告-1

1. 転写

RNAポリメラーゼ

- Crystal structure of a bacterial RNA polymerase holoenzyme at 2.6 Å resolution. Vassilyev, D. G., Sekine, S., Laptenko, O., Lee, J., Vassilyeva, M. N., Borukhov, S., and Yokoyama, S. (2002) *Nature* **417**(6890), 712-719

RNAプロセッシング

- Crystal structure of the 2'-5' RNA ligase from *Thermus thermophilus* HB8. Kato, M., Shirouzu, M., Terada, T., Yamaguchi, H., Murayama, K., Sakai, H., Kuramitsu, S., and Yokoyama, S. (2003) *J. Mol. Biol.* **329**(5), 903-911
- Structure of the RNA-processing inhibitor RraA from *Thermus thermophilus*. Rehse, P. H., Kuroishi, C., and Tahirov, T. H. (2004) *Acta Cryst.* **D60**(11), 1997-2002

転写調節

- Structural basis for transcription regulation by alarmone ppGpp. Artsimovitch, I., Patlan, V., Sekine, S., Vassilyeva, M. N., Hosaka, T., Ochi, K., Yokoyama, S., and Vassilyev, D. G. (2004) *Cell* **117**(3), 299-310
- Structural and sequence comparisons arising from the solution structure of the transcription elongation factor NusG from *Thermus thermophilus*. Reay, P., Yamasaki, K., Terada, T., Kuramitsu, S., Shirouzu, M., and Yokoyama, S. (2004) *Proteins* **56**(1), 40-51

2. 翻訳

tRNAの修飾—アミノアシル化

- The 2.0 Å crystal structure of *Thermus thermophilus* methionyl-tRNA synthetase reveals two RNA-binding modules. Sugiura, I., Nureki, O., Ugaji-Yoshikawa, Y., Kuwabara, S., Shimada, A., Tateno, M., Lorber, B., Giege, R., Moras, D., Yokoyama, S., and Konno, M. (2000) *Structure Fold Des.* **8**(2), 197-208
- Structural basis for the recognition of isoleucyl-adenylate and an antibiotic, mupirocin, by isoleucyl-tRNA synthetase. Nakama, T., Nureki, O., and Yokoyama, S. (2001) *J. Biol. Chem.* **276**(50), 47387-47393
- Structural and mutational studies of the recognition of the arginine tRNA-specific major identity element, A20, by arginyl-tRNA synthetase. Shimada, A., Nureki, O., Goto, M., Takahashi, S., and Yokoyama, S. (2001) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **98**(24), 13537-13542
- Mutational separation of two pathways for editing by a class I tRNA synthetase. Hendrickson, T. L., Nomanbhoy, T. K., de Crecy-agard, V., Fukai, S., Nureki, O., Yokoyama, S., and Schimmel, P. (2002) *Mol. Cell* **9**(2), 353-362
- Functional convergence of two lysyl-tRNA synthetases with unrelated topologies. Terada, T., Nureki, O., Ishitani, R., Ambrogelly, A., Ibba, M., Soll, D., and Yokoyama, S. (2002) *Nat. Struct. Biol.* **9**(4), 257-262
- Mechanism of molecular interactions for tRNAVal recognition by valyl-tRNA synthetase. Fukai, S., Nureki, O., Sekine, S., Shimada, A., Vassilyev, D. G., and Yokoyama, S. (2003) *RNA* **9**(1), 100-111
- ATP binding by glutamyl-tRNA synthetase is switched to the productive mode by tRNA binding. Sekine, S., Nureki, O., Dubois, D. Y., Bernier, S., Chenevert, R., Lapointe, J., Vassilyev, D. G., and Yokoyama, S. (2003) *EMBO J.* **22**(3), 676-688
- Crystal structures of the CP1 domain from *Thermus thermophilus* isoleucyl-tRNA synthetase and its complex with L-valine. Fukunaga, R., Fukai, S., Ishitani, R., Nureki, O., and Yokoyama, S. (2004) *J. Biol. Chem.* **279**(9), 8396-8402
- Structural basis for substrate recognition by the editing domain of isoleucyl-tRNA synthetase. Fukunaga, R., and Yokoyama, S. (2006) *J. Mol. Biol.* **359**(4), 901-912

tRNAの修飾—メチル化

- An enzyme with a deep trefoil knot for the active-site architecture. Nureki, O., Shirouzu, M., Hashimoto, K., Ishitani, R., Terada, T., Tamakoshi, M., Oshima, T., Chijimatsu, M., Takio, K., Vassilyev, D. G., Shibata, T., Inoue, Y., Kuramitsu, S., and Yokoyama, S. (2002) *Acta Cryst.* **D58**(7), 1129-1137
- Identification and characterization of tRNA (Gm18) methyltransferase from *Thermus thermophilus* HB8: domain structure and conserved amino acid sequence motifs. Hori, H., Suzuki, T., Sugawara, K., Inoue, Y., Shibata, T., Kuramitsu, S., Yokoyama, S., Oshima, T., and Watanabe, K. (2002) *Genes to Cells* **7**(3), 259-272
- Deep knot structure for construction of active site and cofactor binding site of tRNA modification enzyme. Nureki, O., Watanabe, K., Fukai, S., Ishii, R., Endo, Y., Hori, H., and Yokoyama, S. (2004) *Structure* **12**(4), 593-602

tRNAの修飾—その他

- Temperature-dependent biosynthesis of 2-thioribothymidine of *Thermus thermophilus* tRNA. Shigi, N., Suzuki, T., Terada, T., Shirouzu, M., Yokoyama, S., and Watanabe, K. (2006) *J. Biol. Chem.* **281**(4), 2104-2113
- Structures of a putative RNA 5-methyluridine methyltransferase, *Thermus thermophilus* TTHA1280, and its complex with S-adenosyl L-homocysteine A. A. Pioszak, Murayama, K., Nakagawa, N., Ebihara, A., Kuramitsu, S., Shirouzu, M., and Yokoyama, S. (2005) *Acta Cryst.* **F61**(10), 867-874

tmRNA (transfer messenger RNA)

- Solution structure of a tmRNA-binding protein, SmpB, from *Thermus thermophilus*. Someya, T., Nameki, N., Hosoi, H., Suzuki, S., Hatanaka, H., Fujii, M., Terada, T., Shirouzu, M., Inoue, Y., Shibata, T., Kuramitsu, S., Yokoyama, S., and Kawai, G. (2003) *FEBS Lett.* **535**(1-3), 94-100
- Interaction Analysis between tmRNA and SmpB from *Thermus thermophilus*. Nameki, N., Someya, T., Okano, S., Suemasa, R., Kimoto, M., Hanawa-Suetsugu, K., Terada, T., Shirouzu, M., Hirao, I., Takaku, H., Himeno, H., Muto, A., Kuramitsu, S., Yokoyama, S., and Kawai, G. (2005) *J. Biochem.* **138**(16), 729-739

リボソームタンパク質

- Crystal structure of ribosomal protein L27 from *Thermus thermophilus* HB8. Wang, H., Takemoto, C. H., Murayama, K., Sakai, H., Tatsuguchi, A., Terada, T., Shirouzu, M., Kuramitsu, S., and Yokoyama, S. (2004) *Protein Sci.* **13**(10), 2806-2810
- Solution structure of ribosomal protein L16 from *Thermus thermophilus* HB8. Nishimura, M., Yoshida, T., Shirouzu, M., Terada, T., Kuramitsu, S., Yokoyama, S., Ohkubo, T., Kobayashi, Y. (2004) *J. Mol. Biol.* **344**(5), 1369-1383

伸長因子

- Crystal structure of elongation factor P from *Thermus thermophilus* HB8. Hanawa-Suetsugu, K., Sekine, S., Sakai, H., Hori-Takemoto, C., Terada, T., Unzai, S., Tame, J. R., Kuramitsu, S., Shirouzu, M., and Yokoyama, S. (2004) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **101**(26), 9595-9600

Thermus thermophilus HB8 関連の報告-2

3. DNA 修復

ヌクレオチド除去修復

- Crystal structure of *Thermus thermophilus* HB8 UvrB protein, a key enzyme of nucleotide excision repair. Nakagawa, N., Sugahara, M., Masui, R., Kato, R., Fukuyama, K., and Kuramitsu, S. (1999) *J. Biochem.* **126**(6), 986-990
- Interaction of UvrA and UvrB proteins with a fluorescent single-stranded DNA. Implication for slow conformational change upon interaction of UvrB with DNA. Yamagata, A., Masui, R., Kato, R., Nakagawa, N., Ozaki, H., Sawai, H., Kuramitsu, S., and Fukuyama, K. (2000) *J. Biol. Chem.* **275**(18), 13235-13242
- 高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 ヌクレオチド除去修復系の機能解析、齋藤郁美、中川紀子、増井良治、倉光成紀 → 要旨 No.33

塩基除去修復

- Crystallization and preliminary X-ray crystallographic studies of *Thermus thermophilus* HB8 MutM protein involved in repairs of oxidative DNA damage. Sugahara, M., Mikawa, T., Kato, R., Fukuyama, K., Kumasaka, T., Yamamoto, M., Inoue, Y., and Kuramitsu, S. (2000) *J. Biochem.* **127**(1), 9-11
- Crystal structure of a repair enzyme of oxidatively damaged DNA, MutM (Fpg), from an extreme thermophile, *Thermus thermophilus* HB8. Sugahara, M., Mikawa, T., Kumasaka, T., Yamamoto, M., Kato, R., Fukuyama, K., Inoue, Y., and Kuramitsu, S. (2000) *EMBO J.* **19**(15), 3857-3869
- 酸化傷害DNA 修復酵素MutM の反応機構の解析、富山理恵、中川紀子、増井良治、倉光成紀 → 要旨 No.31
- Crystal structure of a family 4 uracil-DNA glycosylase from *Thermus thermophilus* HB8. Hoseki, J., Okamoto, A., Masui, R., Shibata, T., Inoue, Y., Yokoyama, S., and Kuramitsu, S. (2003) *J. Mol. Biol.* **333**(3), 515-526
- 高度好熱菌由来 O6-methylguanine-DNA methyltransferase の機能解析、森田理日斗、中川紀子、倉光成紀、増井良治 → 要旨 No.30

光回復

- Crystal structure of thermostable DNA photolyase: pyrimidine-dimer recognition mechanism. Komori, H., Masui, R., Kuramitsu, S., Yokoyama, S., Shibata, T., Inoue, Y., and Miki, K. (2001) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **98**(24), 13560-13565
- Crystallization and preliminary X-ray studies of a thermostable DNA photolyase from *Thermus thermophilus* HB8. Komori, H., Tsujiuchi, H., Masui, R., Kuramitsu, S., Yokoyama, S., Shibata, T., Inoue, Y., and Miki, K. (2001) *Protein and Peptide Letters* **8**(6), 495-498

組換え修復

- Observation of RecA protein monomer by small angle X-ray scattering with synchrotron radiation. Kato, R., Kataoka, M., Mikawa, T., Masui, R., Nakagawa, N., Kamikubo, H., and Kuramitsu, S. (2000) *FEBS Lett.* **482**(1-2), 159-162
- 高度好熱菌RecX はSSB を介してRecA の酵素活性を阻害する、増田ときは、井上仁、神保公太郎、柴田武彦、美川務 → 要旨 No.34
- Functional analysis of *Thermus thermophilus* RecO、井上仁、本多賢吉、伊藤隆、柴田武彦、美川務 → 要旨 No.35

ミスマッチ修復、塩基除去修復

- *Thermus thermophilus* MutS2, a MutS paralogue, possesses an endonuclease activity promoted by MutL. Fukui, K., Masui, R., and Kuramitsu, S. (2004) *J. Biochem.* **135**(3), 375-384
- エンドヌクレアーゼ MutS2 は相同組換え中間体を認識する、福井健二、増井良治、倉光成紀 → 要旨 No.29
- The crystal structure of exonuclease RecJ bound to Mn²⁺ ion suggests how its characteristic motifs are involved in exonuclease activity. Yamagata, A., Kakuta, Y., Masui, R., and Fukuyama, K. (2002) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **99**(9), 5908-5912
- 高度好熱菌由来 RecJ-like タンパク質の機能解析、若松泰介、中川紀子、増井良治、倉光成紀 → 要旨 No.32

4. ヌクレオチド代謝

プリン

- Crystal structure of purine nucleoside phosphorylase from *Thermus thermophilus*. Tahirov, T. H., Inagaki, E., Ohshima, N., Kitao, T., Kuroishi, C., Ukita, Y., Takio, K., Kobayashi, M., Kuramitsu, S., Yokoyama, S., and Miyano, M. (2004) *J. Mol. Biol.* **337**(5), 1149-1160
- Crystal structure of a novel zinc-binding ATP sulfurylase from *Thermus thermophilus* HB8. Taguchi, Y., Sugishima, M., and Fukuyama, K. (2004) *Biochemistry* **43**(14), 4111-4118
- Crystal structure of a predicted phosphoribosyltransferase (TT1426) from *Thermus thermophilus* HB8 at 2.01 Å resolution. Kukimoto-Niino, M., Shibata, R., Murayama, K., Hamana, H., Nishimoto, M., Bessho, Y., Terada, T., Shirouzu, M., Kuramitsu, S., and Yokoyama, S. (2005) *Protein Sci.* **14**(3), 823-827
- *Thermus thermophilus* HB8 由来PurK タンパク質の結晶構造解析、角田悟、奥田健司、馬場清喜、金川真由美、中川紀子、河合剛太、三瓶巖一 → 要旨 No.51
- Crystal structure of a purine/pyrimidine phosphoribosyltransferase-related protein from *Thermus thermophilus* HB8. Rehse, P. H., and Tahirov, T. H. (2005) *Proteins* **61**(3), 658-665

ピリミジン

- Crystal structures of CTP synthetase reveal ATP, UTP, and glutamine binding sites. Goto, M., Omi, R., Nakagawa, N., Miyahara, I., and Hirotsu, K. (2004) *Structure* **12**(8), 1413-1423

5. 脂質代謝

- Structural basis of the substrate-specific two-step catalysis of long chain fatty acyl-CoA synthetase dimmer. Hisanaga, Y., Ago, H., Nakagawa, N., Hamada, K., Ida, K., Yamamoto, M., Hori, T., Arii, Y., Sugahara, M., Kuramitsu, S., Yokoyama, S., and Miyano, M. (2004) *J. Biol. Chem.* **279**(30), 31717-31726

6. ステロイド合成系

- Structure and catalytic mechanism of 2-C-methyl-D-erythritol 2,4-cyclodiphosphate (MECDP) synthase, an enzyme in the non-mevalonate pathway of isoprenoid synthesis. Kishida, H., Wada, T., Unzai, S., Kuzuyama, T., Takagi, M., Terada, T., Shirouzu, M., Yokoyama, S., Tame, J. R., and Park, S. Y. (2003) *Acta Cryst.* **D59**(1), 23-31
- Crystal structure of 4-(cytidine 5'-diphospho)-2-C-methyl-D-erythritol kinase, an enzyme in the non-mevalonate pathway of isoprenoid synthesis. Wada, T., Kuzuyama, T., Satoh, S., Kuramitsu, S., Yokoyama, S., Unzai, S., Tame, J. R., and Park, S. Y. (2003) *J. Biol. Chem.* **278**(32), 30022-30027

Thermus thermophilus HB8 関連の報告-3

7. アミノ酸代謝

芳香族アミノ酸

- Crystal structure of dehydroquinase from *Thermus thermophilus* HB8 showing functional importance of the dimeric state. Sugahara, M., Nodake, Y., Sugahara, M., and Kunishima, N. (2005) *Proteins* **58**(1), 249-252

トリプトファン

- Stabilization mechanism of the tryptophan synthase α -subunit from *Thermus thermophilus* HB8: X-ray crystallographic analysis and calorimetry. Asada, Y., Sawano, M., Ogasahara, K., Nakamura, J., Ota, M., Kuroishi, C., Sugahara, M., Yutani, K., and Kunishima, N. (2005) *J. Biochem.* **138**(4), 343-353

アスパラギン酸

- Structure of *Thermus thermophilus* HB8 aspartate aminotransferase and its complex with maleate. Nakai, T., Okada, K., Akutsu, S., Miyahara, I., Kawaguchi, S., Kato, R., Kuramitsu, S., and Hirotsu, K. (1999) *Biochemistry* **38**(8), 2413-2424
- Crystal structure of a putative aspartate aminotransferase belonging to subgroup IV. Katsura, Y., Shirouzu, M., Yamaguchi, H., Ishitani, R., Nureki, O., Kuramitsu, S., Hayashi, H., and Yokoyama, S. (2004) *Proteins* **55**(3), 487-492

リシン

- Crystal structure of a lysine biosynthesis enzyme, LysX, from *Thermus thermophilus* HB8. Sakai, H., Vassilyeva, M. N., Matsuura, T., Sekine, S., Gotoh, K., Nishiyama, M., Terada, T., Shirouzu, M., Kuramitsu, S., Vassilyev, D. G., and Yokoyama, S. (2003) *J. Mol. Biol.* **332**(3), 729-740
- Crystal structures of possible lysine decarboxylases from *Thermus thermophilus* HB8. Kukimoto-Niino, M., Murayama, K., Kato-Murayama, M., Idaka, M., Bessho, Y., Tatsuguchi, A., Ushikoshi-Nakayama, R., Terada, T., Kuramitsu, S., Shirouzu, M., and Yokoyama, S. (2004) *Protein Sci.* **13**(11), 3038-3042

トレオニン

- Crystal structures of threonine synthase from *Thermus thermophilus* HB8: conformational change, substrate recognition, and mechanism. Omi, R., Goto, M., Miyahara, I., Mizuguchi, H., Hayashi, H., Kagamiyama, H., and Hirotsu, K. (2003) *J. Biol. Chem.* **278**(46), 46035-46045

システインおよびメチオニン

- A novel metal-activated L-serine O-acetyltransferase from *Thermus thermophilus* HB8. Kobayashi, S., Masui, R., Yokoyama, S., Kuramitsu, S., and Takagi, H. (2004) *J. Biochem.* **136**(5), 629-634

ヒスチジン

- Structure of imidazole glycerol phosphate synthase from *Thermus thermophilus* HB8: open-closed conformational change and ammonia tunneling. Omi, R., Mizuguchi, H., Goto, M., Miyahara, I., Hayashi, H., Kagamiyama, H., and Hirotsu, K. (2002) *J. Biochem.* **132**(5), 759-765.

分岐鎖アミノ酸

- Ligand-induced conformational changes and a reaction intermediate in branched-chain 2-oxo acid dehydrogenase (E1) from *Thermus thermophilus* HB8, as revealed by X-ray crystallography. Nakai, T., Nakagawa, N., Maoka, N., Masui, R., Kuramitsu, S., and Kamiya, N. (2004) *J. Mol. Biol.* **337**(4), 1011-1033
- Crystal structure of novel NADP-dependent 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase from *Thermus thermophilus* HB8. Lokanath, N. K., Ohshima, N., Takio, K., Shiromizu, I., Kuroishi, C., Okazaki, N., Kuramitsu, S., Yokoyama, S., Miyano, M., and Kunishima, N. (2005) *J. Mol. Biol.* **352**(4), 905-917

グルタミン

- Crystal structures of glutamine:phenylpyruvate aminotransferase from *Thermus thermophilus* HB8: induced fit and substrate recognition. Goto, M., Omi, R., Miyahara, I., Hosono, A., Mizuguchi, H., Hayashi, H., Kagamiyama, H., and Hirotsu, K. (2004) *J. Biol. Chem.* **279**(16), 16518-16525

アルギニンとアミノ基代謝

- Crystal structure of argininosuccinate synthetase from *Thermus thermophilus* HB8. Structural basis for the catalytic action. Goto, M., Nakajima, Y., and Hirotsu, K. (2002) *J. Biol. Chem.* **277**(18), 15890-15896
- Structures of argininosuccinate synthetase in enzyme-ATP substrates and enzyme-AMP product forms: stereochemistry of the catalytic reaction. Goto, M., Omi, R., Miyahara, I., Sugahara, M., and Hirotsu, K. (2003) *J. Biol. Chem.* **278**(25), 22964-22971

グリシン開裂系

- Structure of *Thermus thermophilus* HB8 H-protein of the glycine-cleavage system, resolved by a six-dimensional molecular-replacement method. Nakai, T., Ishijima, J., Masui, R., Kuramitsu, S., and Kamiya, N. (2003) *Acta Cryst.* **D59**(9), 1610-1618
- Structure of P-protein of the glycine cleavage system: implications for nonketotic hyperglycinemia. Nakai, T., Nakagawa, N., Maoka, N., Masui, R., Kuramitsu, S., and Kamiya, N. (2005) *EMBO J.* **24**(8), 1523-1536

2成分制御系

- Stabilization due to dimer formation of phosphoribosyl anthranilate isomerase from *Thermus thermophilus* HB8: X-ray analysis and DSC experiments. Taka, J., Ogasahara, K., Jeyakanthan, J., Kunishima, N., Kuroishi, C., Sugahara, M., Yokoyama, S., and Yutani, K. (2005) *J. Biochem.* **137**(5), 569-578

8. 補酵素と補因子の合成

パントテン酸・CoA合成

- Structure and implications for the thermal stability of phosphopantetheine adenylyltransferase from *Thermus thermophilus*. Takahashi, H., Inagaki, E., Fujimoto, Y., Kuroishi, C., Nodake, Y., Nakamura, Y., Arisaka, F., Yutani, K., Kuramitsu, S., Yokoyama, S., Yamamoto, M., Miyano, M., and Tahirov, T. H. *Acta Cryst.* **D60**(1), 97-104
- ATP-induced structural change of dephosphocoenzyme A kinase from *Thermus thermophilus* HB8. Seto, A., Murayama, K., Toyama, M., Ebihara, A., Nakagawa, N., Kuramitsu, S., Shirouzu, M., and Yokoyama, S. (2005) *Proteins* **58**(1), 235-242

葉酸

- Novel reaction mechanism of GTP cyclohydrolase I. High-resolution X-ray crystallography of *Thermus thermophilus* HB8 enzyme complexed with a transition state analogue, the 8-oxoguanine derivative. Tanaka, Y., Nakagawa, N., Kuramitsu, S., Yokoyama, S., and Masui, R. (2005) *J. Biochem.* **138**(3), 263-275
- ジヒドロネオプテリン・アルドラーゼの結晶構造、久野玉雄、中村光裕、瀧尾擴士、佐藤伸哉、三木邦夫 → 要旨 No.61

チアミン

- 高度好熱菌HB8 由来Thiamine-Monophosphate Kinase (ThiL) の結晶構造解析、松下千紘、姜美奈、後藤勝、近江理恵、宮原郁子、神谷信夫 → 要旨 No.48

鉄硫黄クラスター

- Crystal structure of atypical cytoplasmic ABC-ATPase SufC from *Thermus thermophilus* HB8. Watanabe S, Kita A, and Miki K. (2005) *J. Mol. Biol.* **353**(5) 1043-1054

Thermus thermophilus HB8 関連の報告-4

9. 中間代謝

フェニル酢酸代謝

- 高度好熱菌由来HpcCの結晶構造、水谷尚志、国島直樹 → 要旨 No.45
- 高度好熱菌由来4-ヒドロキシフェニル酢酸3-モノオキシゲナーゼのオキシゲナーゼ・コンポーネント(HpaB)の構造解析、金成勲、久野玉雄、竹田一旗、岩崎かな、海老原章郎、三木邦夫 → 要旨 No.59
- フェニル酢酸の好氣的代謝に関わる Paa タンパク質の結晶学的研究、木田宗志、飯野均、中川紀子、久野玉雄、藤橋雅宏、喜田昭子、三木邦夫 → 要旨 No.60

10. エネルギー代謝

電子伝達、酸化的リン酸化

- *Thermus thermophilus* HB8由来ダブル α c型シトクロムの以前のデータを再評価し、膜でのタンパク質分解の一面を覗く、本波康由、中島広志、高宮信三郎 → 要旨 No.65

NADH キノンレダクターゼ

- Crystal structures of the quinone oxidoreductase from *Thermus thermophilus* HB8 and its complex with NADPH: implication for NADPH and substrate recognition. Shimomura, Y., Kakuta, Y., and Fukuyama, K. (2003) *J. Bacteriol.* **185**(14), 4211-4218

ペントース・リン酸

- Oxyanion hole-stabilized stereospecific isomerization in ribose-5-phosphate isomerase (Rpi). Hamada, K., Ago, H., Sugahara, M., Nodake, Y., Kuramitsu, S., and Miyano, M. (2003) *J. Biol. Chem.* **278**(49), 49183-49190
- Structure of *Thermus thermophilus* 2-Keto-3-deoxygluconate kinase: evidence for recognition of an open chain substrate. Ohshima, N., Inagaki, E., Yasuike, K., Takio, K., and Tahirov, T. H. (2004) *J. Mol. Biol.* **340**(3), 477-489
- Structure of aldolase from *Thermus thermophilus* HB8 showing the contribution of oligomeric state to thermostability. Lokanath, N. K., Shiromizu, I., Ohshima, N., Nodake, Y., Sugahara, M., Yokoyama, S., Kuramitsu, S., Miyano, M., and Kunishima, N. (2004) *Acta Cryst.* **D60**(10), 1816-1823

解糖系、TCAサイクル、ピルビン酸代謝

- Structure of ATP-dependent phosphoenolpyruvate carboxykinase from *Thermus thermophilus* HB8 showing the structural basis of induced fit and thermostability. Sugahara, M., Ohshima, N., Ukita, Y., Sugahara, M., and Kunishima, N. (2005) *Acta Cryst.* **D61**(11), 1500-1507
- Crystal structure of glucose-6-phosphate isomerase from *Thermus thermophilus* HB8, which exists in monomer-dimer equilibrium in solution、山本等、三輪洋司、国島直樹 → 要旨 No.46

チオレドキシン

- Inhibition of *Thermus thermophilus* HB8 thioredoxin activity by platinum(II). Kato, M., Yamamoto, H., Okamura, T. A., Maoka, N., Masui, R., Kuramitsu, S., and Ueyama, N. (2005) *Dalton Trans.* (6), 1023-1026
- Compact reduced thioredoxin structure from the thermophilic bacteria *Thermus thermophilus*. Rehse, P. H., Kumei, M., and Tahirov, T. H. (2005) *Proteins* **61**(4), 1032-1037

11. 輸送タンパク

イソプレノイド

- Crystal structure of a novel polyisoprenoid-binding protein from *Thermus thermophilus* HB8. Handa, N., Terada, T., Doi-Katayama, Y., Hirota, H., Tame, J. R., Park, S. Y., Kuramitsu, S., Shirouzu, M., and Yokoyama, S. (2005) *Protein Sci.* **14**(4), 1004-1010

グルタミン酸・グルタミン

- Structure of the *Thermus thermophilus* putative periplasmic glutamate/glutamine-binding protein. Takahashi, H., Inagaki, E., Kuroishi, C., and Tahirov, T. H. (2004) *Acta Cryst.* **D60**(10), 1846-1854

12. タンパク質の生涯・安定性

トランスロケーション

- Fluorescence resonance energy transfer analysis of protein translocase. SecYE from *Thermus thermophilus* HB8 forms a constitutive oligomer in membranes. Mori, H., Tsukazaki, T., Masui, R., Kuramitsu, S., Yokoyama, S., Johnson, A. E., Kimura, Y., Akiyama, Y., and Ito, K. (2003) *J. Biol. Chem.* **278**(16), 14257-14264

シャペロン

- The crystal structure of the ttCsaA protein: an export-related chaperone from *Thermus thermophilus*. Kawaguchi, S., Muller, J., Linde, D., Kuramitsu, S., Shibata, T., Inoue, Y., Vassilyev, D. G., and Yokoyama, S. (2001) *EMBO J.* **20**(3), 562-569
- Crystal structure of the Co-chaperonin Cpn10 from *Thermus thermophilus* HB8. Numoto, N., Kita, A., and Miki, K. (2005) *Proteins* **58**(2), 498-500
- *Thermus thermophilus* HB8 由来コシャペロン GrpE の結晶構造解析、内匠浩平、中村顕、三木邦夫 → 要旨 No.62

プロテアーゼ

- *Thermus thermophilus* HB8由来 ミトコンドリアシグナルペプチド切断酵素のホモログ Zinc ProteaseのX線結晶構造解析、大塚淳、市原洋佑、永田宏次、田之倉優 → 要旨 No.56
- 4ヘリックスバンドルタンパク質TT2238の2つの α ヘリックス($\alpha 2$ と $\alpha 3$)間の長いループのプロテアーゼ活性による除去、永田宏次、大塚淳、飯野均、海老原章郎、田之倉優 → 要旨 No.57

成熟機構

- 高度好熱菌のSAM デカルボキシラーゼの構造・機能およびプロテアーゼの自己切断機構、古橋めぐみ、森屋利幸、三荷理一郎、宮本哲也、大島泰郎、雁部匡、熊坂崇 → 要旨 No.44

安定化

- 150°C近くに変性温度をもつ超安定なCutA1蛋白質の構造特性、田中智之、澤野雅英、竹平美千代、小笠原京子、坂口安史、Bagautdinov, Bagautdinov, 加藤悦子、新海暁男、横山茂之、油谷克英 → 要旨 No.27
- 異常に高い変性温度をもつた*P. horikoshii*, *T. thermophilus*, *O. sativa*由来CutA1タンパク質の変性と再生に関する研究、澤野雅英、竹平美千代、小笠原京子、加藤静恵、加藤悦子、横山茂之、油谷克英 → 要旨 No.28

13. 細胞壁合成

- 高度好熱菌 *Thermus Thermophilus* HB8 由来ペプチドグリカン合成酵素 Mur E の X 線結晶構造解析、松崎富士郎、馬場裕一、木村誠、角田佳充 → 要旨 No.55

Thermus thermophilus HB8 関連の報告-5

14. 細胞プロセス

増殖、胞子形成、分化

- Crystal structure of the GTP-binding protein Obg from *Thermus thermophilus* HB8. Kukimoto-Niino, M., Murayama, K., Inoue, M., Terada, T., Tame, J. R., Kuramitsu, S., Shirouzu, M., and Yokoyama, S. (2004) *J. Mol. Biol.* **337**(3), 761-770

細胞分裂

- Crystal structure of the small form of glucose-inhibited division protein A from *Thermus thermophilus* HB8. Iwasaki, W., Miyatake, H., and Miki, K. (2005) *Proteins* **61**(4), 1121-1126

シグナル伝達

- Crystal structures of the signal transducing protein GlnK from *Thermus thermophilus* HB8. Sakai, H., Wang, H., Takemoto-Hori, C., Kaminishi, T., Yamaguchi, H., Kamewari, Y., Terada, T., Kuramitsu, S., Shirouzu, M., and Yokoyama, S. (2005) *J. Struct. Biol.* **149**(1), 99-110

環境応答

- Crystallographic structure and biochemical analysis of the *Thermus thermophilus* osmotically inducible protein C. Rehse, P. H., Ohshima, N., Nodake, Y., and Tahirov, T. H. (2004) *J. Mol. Biol.* **338**(5), 959-968
- 高度好熱菌由来 Stationary phase survival protein SurE の4量体構造における対称性の崩れ、岩崎わかな、三木邦夫 → 要旨 No.63
- *Thermus thermophilus* HB8 CSP の構造機能解析 代謝制御メカニズムの解明 ～ストレス応答からのアプローチ～、宮崎敏子、増井良治、倉光成紀 → 要旨 No.64
- *Thermus thermophilus* HB8^Tによるシリカ沈殿形成機構の解明、藤野泰寛、横山拓史、緒方靖哉、大島敏久、土居克実 → 要旨 No.68

15. ダイナミクスと基質認識

- Free energy requirement for domain movement of an enzyme. Ishijima, J., Nakai, T., Kawaguchi, S., Hirotsu, K. and Kuramitsu, S. (2000) *J. Biol. Chem.* **275**(25), 18939-18945
- Temperature dependence of the enzyme-substrate recognition mechanism. Ura, H., Harata, K., Matsui, I., and Kuramitsu, S. (2001) *J. Biochem.* **129**(1), 173-178
- Substrate recognition mechanism of thermophilic dual-substrate enzyme. Ura, H., Nakai, T., Kawaguchi, S., Miyahara, I., Hirotsu, K., and Kuramitsu, S. (2001) *J. Biochem.* **130**(1), 89-98
- 高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来 TrmH の DNA-RNA キメラ分子への結合性、越智杏奈、堀弘幸 → 要旨 No.41
- *Thermus thermophilus*由来の α -アミノアジピン酸アミノ基転移酵素(LysN)の基質認識機構の解析と基質特異性の改変、宮川智治、宮崎高志、富田武郎、葛山智久、西山真 → 要旨 No.58

16. 構造ゲノム科学

- Structural genomics projects in Japan. 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. (2000) *Prog. Biophys. Molec. Biol.* **73**(5), 363-376
- Structural genomics projects in Japan. 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. (2000) *Nature Struct. Biol.* **7**, 943-945

方法論: タンパク質N末端配列決定

- Rapid and sensitive amino-acid sequencing of cloning *Thermus thermophilus* HB8 ferredoxin by proteomics. Kaneko, M., Masui, R., Ake, K., Kousumi, Y., Kuramitsu, S., Yamaguchi, M., Kuyama, H., Ando, E., Norioka, S., Nakazawa, T., Okamura, T. A., Yamamoto, H., and Ueyama, N. (2004) *J. Proteome Res.* **3**(5), 983-987
- ルテニウム錯体型N端標識試薬を用いた *Thermus thermophilus* HB8由来の複合タンパク質の解析法、伊藤彰厚、岡村高明、山本仁、上山憲一 → 要旨 No.25

方法論: タンパク質発現

- Improved heterologous gene expression in *Escherichia coli* by optimization of the AT-content of codons immediately downstream of the initiation codon. Nishikubo, T., Nakagawa, N., Kuramitsu, S., Masui, R. (2005) *J. Biotechnol.* **120**(4), 341-346
- データマイニング技術を用いた組換えタンパク質の発現量解析 吉良聡、磯合敦、山村雅幸 (2006) 人工知能学会論文誌, **21**(1), 481-491

方法論: 立体構造解析

- ハイスループット結晶-構造パイプラインの構築、菅原道泰、山本等、清水勝美、浅田征彦、国島直樹 → 要旨 No.23
- モデルチェックソフトウェアの開発、浅田征彦、高秀幸、国島直樹 → 要旨 No.24
- 時間分割X線結晶構造解析の標的: 高度好熱菌HB8由来ADP-Ribose Pyrophosphatase、甲斐健太郎、宮原郁子、中川紀子、倉光成紀、神谷信夫 → 要旨 No.47

17. 機能ゲノム科学へ向けて

遺伝子破壊株

- Disruption of *Thermus thermophilus* genes by homologous recombination using a thermostable kanamycin-resistant marker. Hashimoto, Y., Yano, T., Kuramitsu, S., and Kagamiyama, H. (2001) *FEBS Lett.* **506**(3), 231-234

機能変換

- Increased rigidity of domain structures enhances the stability of a mutant enzyme created by directed evolution. Hoseki, J., Okamoto, A., Takada, N., Suenaga, A., Futatsugi, N., Konagaya, A., Taiji, M., Yano, T., Kuramitsu, S., and Kagamiyama, H. (2003) *Biochemistry* **42**(49), 14469-14475
- *In vivo* directed evolutionによるハイグロマイシンリン酸化酵素の耐熱化と耐熱化酵素に関する酵素学的解析、高倉康彰、白木堅太郎、星野貴行、中村顕 → 要旨 No.26

トランスクリプトミクス解析

- Inference of S-system models of genetic networks using a cooperative coevolutionary algorithm. Kimura, S., Ide, K., Kashihara, A., Kano, M., Hatakeyama, M., Masui, R., Nakagawa, N., Yokoyama, S., Kuramitsu, S., and Konagaya, A. (2005) *Bioinformatics* **21**(7), 1154-1163
- *Thermus thermophilus* HB8における遺伝子間領域の発現解析、伊藤寛啓、中川紀子、倉光成紀、三瓶巖一、河合剛太 → 要旨 No.54

メタボロミクス解析

- 生理機能未知酵素 Ndx8 が関わる細胞増殖制御のメタボローム解析、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 → 要旨 No.21

生体分子のシミュレーション

- 生体分子間相互作用ならびに局在の時空間挙動に関する粒子シミュレーションアプローチ、我妻竜三、北川哲次、小林弘、小長谷明彦、山本知幸 → 要旨 No.22

Thermus thermophilus HB8 関連の報告-6

18. 機能未知タンパク質群

ヌクレオチド代謝関連

- Biochemical characterization of TT1383 from *Thermus thermophilus* identifies a novel dNTP triphosphohydrolase activity stimulated by dATP and dTTP. Kondo, N., Kuramitsu, S., and Masui, R. (2004) *J. Biochem.* **136**(2), 221-231
- dNTP triphosphohydrolase の機能解析. 近藤直幸、中川紀子、増井良治、倉光成紀 → 要旨 No.36
- 高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来 dNTP triphosphohydrolase のドメインおよびサブユニット解析. 妻鹿良亮、近藤直幸、中川紀子、増井良治、倉光成紀 → 要旨 No.37

Nudix タンパク質群

- The Nudix hydrolase Ndx1 from *Thermus thermophilus* HB8 is a diadenosine hexaphosphate hydrolase with a novel activity. Iwai, T., Kuramitsu, S., and Masui, R. (2004) *J. Biol. Chem.* **279**(21), 21732-21739
- Structural insights into the *Thermus thermophilus* ADP-ribose pyrophosphatase mechanism via crystal structures with the bound substrate and metal. Yoshida, S., Ooga, T., Nakagawa, N., Shibata, T., Inoue, Y., Yokoyama, S., Kuramitsu, S., and Masui, R. (2004) *J. Biol. Chem.* **279**(35), 37163-37174
- Molecular mechanism of the *Thermus thermophilus* ADP-ribose pyrophosphatase from mutational and kinetic studies. Ooga, T., Yoshida, S., Nakagawa, N., Kuramitsu, S., and Masui, R. (2005) *Biochemistry* **44**(26), 9320-9329

RNA関連

- Crystal structure of hypothetical protein TTHB192 from *Thermus thermophilus* HB8 reveals a new protein family with an RNA recognition motif-like domain. Ebihara, A., Yao, M., Masui, R., Tanaka, I., Yokoyama, S., and Kuramitsu, S. (2006) *Protein Sci.* **15**(6), 1494-1499
- *Thermus thermophilus* HB8 由来TTHA0252 の構造機能解析. 石川大仁、中川紀子、増井良治、倉光成紀 → 要旨 No.38

ヘム結合タンパク質関連

- Structure-based functional identification of a novel heme-binding protein from *Thermus thermophilus* HB8. Ebihara, A., Okamoto, A., Kousumi, Y., Yamamoto, H., Masui, R., Ueyama, N., Yokoyama, S., and Kuramitsu, S. (2005) *J. Struct. Funct. Genomics.* **6**(1), 21-32

アミノ酸代謝関連

- Conserved protein TTHA1554 from *Thermus thermophilus* HB8 binds to glutamine synthetase and cystathionine β -lyase. Arai, R., Nishimoto, M., Toyama, M., Terada, T., Kuramitsu, S., Shirouzu, M., and Yokoyama, S. (2005) *Biochim. Biophys. Acta* **1750**(1), 40-47

細胞内輸送関連

- Structure of a conserved hypothetical protein, TTHA0849 from *Thermus thermophilus* HB8, at 2.4 Å resolution: a putative member of the StAR-related lipid-transfer (START) domain superfamily. Nakabayashi, M., Shibata, N., Komori, H., Ueda, Y., Iino, H., Ebihara, A., Kuramitsu, S., and Higuchi, Y. (2005) *Acta Cryst.* **F61**(12), 1027-1031

ロダネース関連

- Crystal structure of the single-domain rhodanese homologue TTHA0613 from *Thermus thermophilus* HB8. Hattori, M., Mizohata, E., Tatsuguchi, A., Shibata, R., Kishishita, S., Murayama, K., Terada, T., Kuramitsu, S., Shirouzu, M., and Yokoyama, S. (2006) *Proteins* **64**(1), 284-287

メルトランスフェラーゼ関連

- The crystal structure of hypothetical methyltransferase from *Thermus thermophilus* HB8. Sasaki, C., Sugiura, I., Ebihara, A., Tamura, T., Sugio, S., and Inagaki, K. (2006) *Proteins* **64**(2), 552-558
- 高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来TT1324 のX線結晶解析. 安部暁美、吉田裕美、神鳥成弘、上利佳弘、金川真由美、倉光成紀 → 要旨 No.49

新規フォールド

- Crystal structure of the hypothetical protein TTHA1013 from *Thermus thermophilus* HB8. Hattori, M., Mizohata, E., Manzoku, M., Bessho, Y., Murayama, K., Terada, T., Kuramitsu, S., Shirouzu, M., and Yokoyama, S. (2005) *Proteins* **61**(4), 1117-1120
- 高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来TT1592 のX線結晶解析. 山田真、吉田裕美、神鳥成弘、中川紀子、上利佳弘、金川真由美、倉光成紀 → 要旨 No.50

Conserved protein

- Crystal structure of the conserved protein TT1542 from *Thermus thermophilus* HB8. Handa, N., Terada, T., Kamewari, Y., Hamana, H., Tame, J. R., Park, S. Y., Kinoshita, K., Ota, M., Nakamura, H., Kuramitsu, S., Shirouzu, M., and Yokoyama, S. (2003) *Protein Sci.* **12**(8), 1621-1632
- Structure of a conserved CoA-binding protein synthesized by a cell-free system. Wada, T., Shirouzu, M., Terada, T., Ishizuka, Y., Matsuda, T., Kigawa, T., Kuramitsu, S., Park, S. Y., Tame, J. R., and Yokoyama, S. (2003) *Acta Cryst.* **D59**(7), 1213-1218
- Crystal structure of a hypothetical protein, TT1725, from *Thermus thermophilus* HB8 at 1.7 Å resolution. Seto, A., Shirouzu, M., Terada, T., Murayama, K., Kuramitsu, S., and Yokoyama, S. (2003) *Proteins* **53**(3), 768-771
- Crystal structure of the conserved hypothetical protein TT1380 from *Thermus thermophilus* HB8. Wada, T., Shirouzu, M., Terada, T., Kamewari, Y., Park, S. Y., Tame, J. R., Kuramitsu, S., and Yokoyama, S. (2004) *Proteins* **55**(3), 778-780
- Crystal structure of a conserved hypothetical protein TT1751 from *Thermus thermophilus* HB8. Kishishita, S., Tatsuguchi, A., Ushikoshi-Nakayama, R., Terada, T., Kuramitsu, S., Park, S. Y., Tame, J. R., Shirouzu, M., and Yokoyama, S. (2004) *Proteins* **57**(4), 883-887
- Crystal structure of TT1662 from *Thermus thermophilus* HB8: a member of the α/β hydrolase fold enzymes. Murayama, K., Shirouzu, M., Terada, T., Kuramitsu, S., and Yokoyama, S. (2005) *Proteins* **58**(4), 982-984
- Crystal structure of the conserved protein TTHA0727 from *Thermus thermophilus* HB8 at 1.9 Å resolution: A CMD family member distinct from carboxymuconolactone decarboxylase (CMD) and AhpD. Ito, K., Arai, R., Fusatomi, E., Kamo-Uchikubo, T., Kawaguchi, S., Akasaka, R., Terada, T., Kuramitsu, S., Shirouzu, M., and Yokoyama, S. (2006) *Protein Sci.* **15**(5), 1187-1192
- CBSドメインを有するタンパク質TTHA0829 - 結晶構造とトランスクリプトーム解析に基づいた機能の推定-. 中林誠、柴田直樹、中井(石戸)恵美、金川真由美、中川紀子、倉光成紀、樋口芳樹 → 要旨 No.66
- 高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8由来タンパク質TTHB029のX線結晶構造解析. 今川貴仁、飯野均、金川真由美、海老原章郎、倉光成紀、津下英明 → 要旨 No.67