

生体分子解析室

Biomolecular Characterization Division

室長 岩木正哉

IWAKI, Masaya

生命現象の理解には生体を構成する成分に関する知識が不可欠であり、中でも生命活動の中心的役割を演ずるタンパク質や、それをコードする核酸の構造および機能の解明が重要である。機能調節に関するタンパク質等の微量成分に関する知見の要望も高い。当室は迅速かつ高感度での構造解析などが日常的に行い得る施設、生体分子の構造およびその解析に関する情報等を整備し、研究支援を行う。また、未知微量成分の解析のための新しい手法や装置の開発、導入を行い、解析の更なる高感度化と迅速化を図る。

ゲノムプロジェクトの進展に伴い発現の可能性のある未成熟タンパク質のアミノ酸配列情報が多量に蓄積し、生体高分子解析の目的や手法も大きく変化している。このため発展著しい質量分析による構造解析、三次元構造解析および複合体解析にも積極的に取り組んでいる。600 MHz NMRを管理し、核磁気共鳴法による立体構造解析の充実も図っている。

本年度は、プロテインシーケンサーの処理能力を増大するよう改造を加えた。また、四重極型と飛行時間型のハイブリッド質量分析計を導入し、さらに従来からある MALDI-TOFMS を自動測定が可能ないように改造を施した。また、フーリエ変換型質量分析装置のハードウェアおよびソフトウェア環境を整備し、共同利用機器としての運用を開始した。

なお、当室の室長は 9 月 30 日までは瀧尾擴士が、また 10 月 1 日付けで岩木正哉が兼務した。

1. 微量生体分子の構造解析 (堂前, 中山, 中村, 岩木)

プロテインシーケンサーはアミノ酸配列を得る際にその試料の定量情報が同時に得られるため、これをアルツハイマー病の病因物質である β アミロイド前駆体タンパク質 (APP) の ϵ 切断の解析に応用した。 ϵ 切断と呼ばれる APP の新規切断は β アミロイドタンパク ($A\beta$) を遊離する γ 切断の下流に生じ $A\beta$ の番号でバリオン 50 から始まる C 末端フラグメント (CTF γ) を主に生じる。この CTF γ を精製し、プロテインシーケンサーで 49 から始まる分子と 50 から始まる分子をそれぞれ定量し、抗体で定量した $A\beta$ 40, 42 の産生と比較した。また、一部 MALDI-TOFMS でも確認した。無細胞系を用いた野生型 APP や野生型プレセニン (PS) 1 と 2 を過剰発現させた細胞から調製した膜画分からは $A\beta$ 40 と CTF γ 50-99 が主に産生されるが、 $A\beta$ 42 の産生を増大させる変異 APP や変異 PS1 と 2 を過剰発現させた細胞の膜画分は特にロイシン 49 から始まる CTF γ 49-99 の産生を促進することを示した。さらにその上、低濃度で $A\beta$ 40 の産生を阻害することで $A\beta$ 42 の産生を増加する γ セクレターゼ阻害剤は CTF γ 50-99 の比を減少させ、特に CTF γ 49-99 の比を増大させる。この結果は $A\beta$ 42 と CTF γ 49-99 の産生の間に強い関連を示し、

また変異 APP と変異 PS1/2 で生じる γ 切断部位の変更のメカニズムに対する重要な洞察を与え、アルツハイマー病の分子的理解を進めた。

また、網羅的タンパク質立体構造解析に先立ち、高度高熱古細菌 *Pyrococcus* のタンパク質読み枠を決定する目的でタンパク質抽出物の二次元電気泳動試料をプロテインシーケンサーで網羅的にそのアミノ末端配列を解析している。本年度に約 50 個のタンパク質のアミノ末端配列を決定している。

2. 質量分析による生体分子の解析 (中村, 中山, 堂前, 岩木)

生体分子複合体を形成する構成成分の迅速かつ高感度な精密解析を行うため、Fourier transform ion cyclotron resonance (FT ICR) 質量分析装置を用いた交互スキャン nano-LC/MS 測定によって得られる大量の精密質量スペクトルデータを効率的に処理するためのソフトウェア環境を構築した。即ち、FT ICR 質量分析装置を用いた解析のために我々が開発した交互スキャン nano-LC/FT ICR 質量分析システムにおいては、イオンの捕集/蓄積段階で断片化を行いながら通常の質量スペクトルと内部構造情報を含む断片スペクトルとを交互に測定するので、前駆イオンを選択して断片化する通常の LC/MS/MS 測定では見落とされてしまうマイナー成分の情報も得られる。本システムは独自開発の測定法であるため、装置メーカー供給のソフトウェアでは自動処理が不可能であったので、迅速なデータ処理のため、各 LC/MS 測定毎に得られる約 500 の高分解能質量スペクトルをバッチ処理し、ピークリストの生成、インハウスに構築したデータベース検索サーバーを用いたタンパク質同定、同定結果を用いた精密質量クロマトグラムの構成成分毎のグループ化、複合体成分構成比を反映したデータの視覚化を行うためのソフトウェア環境を構築、整備した。これにより迅速かつ効率的なデータベース検索、タンパク質同定結果の確認、さらに複合体成分間の量的関係を反映した測定データの視覚的表示が可能となった。また、高感度化の一環として FT ICR 質量分析装置の LC/MS インターフェースの改良を行い、xyz 軸調節機構を含むデュアルナノスプレー方式とすることにより、nano-LC 流速での安定したイオン化と標準試料等導入の効率化を可能とした。さらに、複合体構成タンパク質の修飾情報の迅速高感度解析法開発を目指す一環として FT ICR 質量分析システムを用いた未消化タンパク質の直接解析について検討し、ユビキチン分子の気相での選択的断片化条件を見いだした。

3. 微量タンパク質の検出/同定法 (中山, 三浦*, 堂前, 中村, 岩木)

本年度は、非天然アミノ酸取り込みの半定量的決定法を検討、確立した。タンパク質工学的に特異性を改変した TyrRS を用いた無細胞あるいは培養細胞タンパク質発現系により、精製タグ付き非天然アミノ酸（ヨードチロシンなど）取り込みタンパク質を発現した。発現タンパク質をアフィニティークロマトグラフィーと SDS ゲル電気泳動により精製した。タンパク質バンドをゲル内消化して生成したペプチド試料を高速液体クロマトグラフィー質量分析法により分析した。紫外吸光スペクトルとタンデム質量分析法によりデザインした位置に非天然アミノ酸であるヨードチロシンが部位特異的に取り込まれていることを決定した。この検出系確立により、非天然アミノ酸取り込み系の開発、評価サイクルが短縮され、効率的な開発が可能となった。

また、引き続き、タンパク質断片化法の検討を行った。本年度は、疎水性担体上でのタンパク質断片化法を検討した。

* 研究協力員

This division was established in 1991 to support biological sciences through structural characterization. Our activities include amino acid and protein chemical analyses, ultracentrifugal analysis, mass spectrometry and nuclear magnetic resonance spectroscopy. We are also engaged in developing new rapid micro-characterization methods for biological macro-molecules.

Structural analysis of biological molecules of minute quantity

We applied a protein sequencer for quantitative analyses in β -amyloid precursor protein (APP) processing. A novel cleavage of APP, referred to as ϵ -cleavage, occurs downstream of the γ -cleavage, and generates predominantly a C-terminal fragment (CTF γ) that begins at Valine-50, according to amyloid β -protein (A β) numbering. Whether this cleavage occurs independently of, or is coordinated with γ -cleavage is unknown. Using a cell-free system, we had purified CTF γ and quantified it with micro-sequencing. Although A β 40 and CTF γ 50-99 were the predominant species produced by membranes prepared from cells over-expressing wild-type (wt) APP or wt presenilins (PS) 1 and 2, the production of CTF γ 49-99, which begins at Leucine-49, was remarkably enhanced in membranes from cells over-expressing mutant (mt) APP, or wtPS1 and 2 that increased the production of A β 42. Furthermore, a γ -secretase inhibitor, which inhibits A β 40 and paradoxically enhances A β 42 production at low concentrations, caused the proportion of γ 50-99 to decrease and that of γ 49-99 to increase significantly. These results strongly suggest a link between the production of A β 42 and γ 49-99, and provide an important insight into the mechanisms of altered γ -cleavage caused by mtAPP and mtPS1/2.

Mass spectrometric analysis of biological molecules

We have constructed an analytical system based on alternating-scan nano-LC/Fourier transform ion cyclotron resonance mass spectrometry (FT ICR MS), which allows detection and characterization of minor components in the context of rapid, sensitive, and precision characterization of protein complexes. The newly established software platform enabled batch processing of hundreds

of high-resolution mass spectra obtained by a single nano-LC/FT ICR MS experiment, and the automatically detected monoisotopic peptide peaks can be grouped to generate non-redundant peptide mass lists for protein identification. The software also facilitated data reviewing with overlaid accurate mass chromatograms and the graphical representation was suggested to be useful for stoichiometric evaluation of each component in protein complexes.

Micro-characterization methods for biological macro molecules

The incorporation of unnatural chemical groups into proteins has increasing importance in protein science and cell biology. To expand the variety of amino acids incorporated into proteins, many efforts have been made to engineer the translation systems. We created a 3-iodo-L-tyrosine-specific variant of *E. coli* TyrRS to incorporate 3-iodo-L-tyrosine at amber positions in a wheat-germ cell-free translation. HPLC-MS/MS analysis of the produced protein revealed that more than 95% of the amino acids incorporated for an amber codon were iodotyrosine. Furthermore, to use this system in a mammalian cell, we created a cell line that stably maintains this variant TyrRS gene expressed from a tetracycline-regulated promoter, for the conditional incorporation of 3-iodo-L-tyrosine in the presence of this inducer. HPLC-MS/MS analysis also revealed more than 95% of the amino acids incorporated for an amber codon was iodotyrosine.

Research Subjects and Members of Biomolecular Characterization Division

1. Structural analysis of biological molecules of minute quantity
2. Mass spectrometric analysis of biological molecules
3. Micro-characterization methods for biological macro molecules

Head

Dr. Masaya IWAKI

Members

Dr. Takemichi NAKAMURA

Dr. Naoshi DOHMAE

Dr. Hiroshi NAKAYAMA

Dr. Yutaka ITO

Dr. Yasuhiro ISOGAI

Ms. Hiromi MIURA *

* Contract Researcher

in collaboration with

Dr. Fumio HANAOKA (Cellular Physiology Lab.)

Dr. Hiroki IWATA (Computer and Information Div.)

Dr. Makoto KAIBARA (Computer and Information Div.)

Dr. Masafumi ODAKA (Bioengineering Lab.)

Dr. Masafumi TSUJIMOTO (Cellular Biochemistry Lab.)

Dr. Shigeyuki YOKOYAMA (Cellular Signaling Lab.)
Dr. Yasuhiro HASHIMOTO (Glyco-Chain Functions Lab., FRS)
Dr. Shinobu KITAZUME-KAWAGUCHI (Glyco-Chain Functions Lab., FRS)
Dr. Masashi MIYANO (Highthroughput Factory)
Dr. Koji TAKIO (Highthroughput Factory)

Trainees

Dr. Naoto SHIMIZU (Yokogawa Anal.)

誌 上 発 表 Publications

[雑 誌]

(原 著 論 文) * 印 は 査 読 制 度 が あ る 論 文

- 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.: "An enzyme with a deep trefoil knot for the active-site architecture", *Acta Cryst. D* **58**, 1129–1137 (2002). *
- Sugawara K., Dohmae N., Kasai K., Saido-Sakanaka H., Okamoto S., Takio K., and Ochi K.: "Isolation and identification of novel ADP-ribosylated proteins from *Streptomyces coelicolor* A3(2)", *Biosci. Biotechnol. Biochem.* **66**, 2292–2296 (2002). *
- Yoshikawa N., Dohmae N., Takio K., and Abe H.: "Purification, properties, and partial amino acid sequences of alanine racemase from the muscle of the black tiger prawn *Penaeus mondon*", *Comp. Biochem. Physiol. B* **133**, 445–453 (2002). *
- Uchida A., Sugawara K., Masutani C., Dohmae N., Araki M., Yokoi M., Ohkuma Y., and Hanaoka F.: "The carboxy-terminal domain of the XPC protein plays a crucial role in nucleotide excision repair through interactions with transcription factor IIIH", *DNA Repair* **1**, 449–461 (2002). *
- Hashimoto T., Wakabayashi T., Watanabe A., Kowa H., Hosoda R., Nakamura A., Kanazawa I., Arai T., Takio K., Mann D. M., and Iwatsubo T.: "CLAC: a novel Alzheimer amyloid plaque component derived from a transmembrane precursor, CLAC-P/collagen type XXV", *EMBO J.* **21**, 1524–1534 (2002). *
- Ueda K., Usui T., Nakayama H., Ueki M., Takio K., Ubukata M., and Osada H.: "4-Isoavenaciolide covalently binds and inhibits VHR, a dual-specificity phosphatase", *FEBS Lett.* **525**, 48–52 (2002). *
- Poltronieri P., Cappello S. M., Dohmae N., Conti A., Fortunato D., Pastorello E. A., Ortolani C., and Zacheo G.: "Identification and characterisation of the IgE-binding proteins 2S albumin and conglutin γ in almond (*Prunus dulcis*) seeds", *Int. Arch. Allergy Immunol.* **128**, 97–104 (2002). *
- Manya H., Inomata M., Fujimori T., Dohmae N., Sato Y., Takio K., Nabeshima Y., and Endo T.: "Klotho protein deficiency leads to overactivation of μ -calpain", *J. Biol. Chem.* **277**, 35503–35508 (2002). *
- Kubota K., Sakikawa C., Katsumata M., Nakamura T., and Wakabayashi K.: "PGDF BB purified from osteoclasts acts as osteoblastogenesis inhibitory factor (OBIF)", *J. Biomol. Techniques* **13**, 62–71 (2002). *
- Umezu-Goto M., Kishi Y., Taira A., Hama K., Dohmae N., Takio K., Yamori T., Mills G. B., Inoue K., Aoki J., and Arai H.: "Autotaxin has lysophospholipase D activity leading to tumor cell growth and motility by lysophosphatidic acid production", *J. Cell Biol.* **158**, 227–233 (2002). *
- Saito T., Dohmae N., Tsujimoto M., and Takio K.: "PCR cloning and heterologous expression of cDNA encoding a peptidyl-Lys metalloendopeptidase precursor of *Grifola frondosa*", *J. Gen. Appl. Microbiol.* **48**, 287–292 (2002). *
- Akashi S. and Takio K.: "Melittin-diacylphosphatidylcholine interaction examined by electrospray ionization Fourier transform ion cyclotron resonance mass spectrometry", *J. Mass Spectromet. Soc. Jpn.* **50**, 67–71 (2002). *
- Mitsui K., Nakayama H., Akagi T., Nekooki M., Ohtawa K., Takio K., Hashikawa T., and Nukina N.: "Purification of polyglutamine aggregates and identification of elongation factor-1 α and heat shock protein 84 as aggregate-interacting proteins", *J. Neurosci.* **22**, 9267–9277 (2002). *
- Sakamoto K., Hayashi A., Sakamoto A., Kiga D., Nakayama H., Soma A., Kobayashi T., Kitabatake M., Takio K., Saito K., Shirouzu M., Hirao I., and Yokoyama S.: "Site-specific incorporation of an unnatural amino acid into proteins in mammalian cells", *Nucleic Acids Res.* **30**, 4692–4699 (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 eukaryotic translation and its application in a wheat germ cell-free system", *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **99**, 9715–9720 (2002). *
- Park Y. S., Koh Y. H., Takahashi M., Miyamoto Y., Suzuki K., Dohmae N., Takio K., Honke K., and Taniguchi N.: "Identification of the binding site of methylglyoxal on glutathione peroxidase: Methylglyoxal inhibits glutathione peroxidase activity via binding to glutathione binding sites Arg 184 and 185", *Free Rad. Res.* **37**, 205–211 (2003). *
- Kawaguchi S., Tachida Y., Oka R., Kotani N., Ogawa K., Suzuki M., Dohmae N., Takio K., Saido T. C., and Hashimoto Y.: "Characterization of α 2,6-sialyltransferase cleavage by Alzheimer's β -secretase (BACE1)", *J. Biol. Chem.* **278**, 14865–14871 (2003). *

(その他)

Kawaguchi S., Tachida Y., Oka R., Kotani N., Ogawa K., Suzuki M., Dohmae N., Takio K., Saido T. C., and Hashimoto Y.: "Characterization of ST6Gal I cleavage by Alzheimer's BACE1", *Glycobiology* **12**, 689 (2002).

[単行本・Proc.]

(総説)

中山洋, 瀧尾擴士: "8.2 タンパク質相互作用解析", *バイオインフォマティクスの実際*, 村上康文, 古谷利夫 (編), 講談社サイエンティフィック, 東京, pp. 187-195 (2002).

(その他)

Akashi S. and Takio K.: "Structural changes of melittin induced by phospholipids", Proc. 50th ASMS Conf. on Mass Spectrometry and Allied Topics, Orlando, USA, 2002-6, The American Society for Mass Spectrometry, Orlando, p. A020160 (2002).

口頭発表 Oral Presentations

(国際会議等)

Akashi S. and Takio K.: "Structural changes of melittin induced by phospholipids", 50th ASMS Conf. on Mass Spectrometry and Allied Topics, Orlando, USA, June (2002).

Tsujimura M., Odaka M., Nakayama H., Dohmae N., Takio K., Hoshino M., Koshino H., Asami T., and Endo I.: "Novel substrate analogue for Fe-type nitrile hydratase", 35th Int. Conf. on Coordination Chemistry (ICCC 35), (German Chemical Society), Heidelberg, Germany, July (2002).

Katayama Y., Hashimoto K., Nyunoya H., Nojiri M., Nakayama H., Takio K., Mino H., Ono T., Yohda M., Endo I., Maeda M., and Odaka M.: "Thiocyanate hydrolase is a cobalt-containing metalloenzyme with a post-translational modification of cysteine-sulfinic acid", 35th Int. Conf. on Coordination Chemistry (ICCC 35), (German Chemical Society), Heidelberg, Germany, July (2002).

Kawaguchi S., Tachida Y., Oka R., Kotani N., Ogawa K., Suzuki M., Dohmae N., Takio K., Saido T. C., and Hashimoto Y.: "Characterization of α 2,6-sialyltransferase cleavage by Alzheimer's β -secretase (BACE1): Occurrence of the following processing by exopeptidase-like activity", Japan-Korea Collaboration Program on Glycobiology, (JSPS and KSF), Wako, Aug. (2002).

Yokoyama K., Saitoh S., Ishida M., Dohmae N., Setaka M., Takio K., Taguchi R., Tokumura A., Yanagida M., and Inoue K.: "Very long-chain fatty-acid-containing phospholipids accumulate in fatty acid synthase temperature-sensitive mutant strains of the fission yeast *Schizosaccharomyces pombe fas2/lsd1*", 43rd Int. Conf. on the Bioscience of Lipids, Graz, Austria, Sept. (2002).

Katayama Y., Hashimoto K., Nyunoya H., Nojiri M., Nakayama H., Takio K., Mino H., Ono T., Yohda M., Endo I., and Odaka M.: "Thiocyanate hydro-

lase is a cobalt-containing metalloenzyme with a post-translational modification of cysteine-sulfinic acid", Int. Symp. of Bioarchitect Research on Assembly, Modulation and Optimization of Biological Functions in Time and Space, (Bioarchitect Research Group, RIKEN), Wako, Sept. (2002).

Kawaguchi S., Tachida Y., Oka R., Ogawa K., Kotani N., Suzuki M., Dohmae N., Takio K., Shirotani K., Saido T. C., and Hashimoto Y.: "Cleavage-secretion of α 2,6-sialyltransferase by Alzheimer's β -secretase", 3rd Int. Symp. on Glycosyltransferases (GlycoT 2002), Stockholm, Sweden, Sept. (2002).

Araya R., Suzuki Y., Nakayama H., Takio K., Takahashi R., and Nomura Y.: "Apoptosis inducing factor (AIF) binds to and inhibits XIAP", 32nd Ann. Meet. of Soc. for Neuroscience, Orlando, USA, Nov. (2002).

Kawaguchi S., Tachida Y., Oka R., Kotani N., Ogawa K., Suzuki M., Dohmae N., Takio K., Saido T. C., and Hashimoto Y.: "Characterization of ST6Gal I cleavage by Alzheimer's BACE1", 7th Ann. Conf. of the Soc. for Glycobiology, Boston, USA, Nov. (2002).

Kawaguchi S., Tachida Y., Oka R., Kotani N., Ogawa K., Suzuki M., Dohmae N., Takio K., Saido T. C., and Hashimoto Y.: "Characterization of α 2,6-sialyltransferase cleavage by Alzheimer's β -secretase (BACE1) and following processing by aminopeptidase", Gordon Research Conf. on Glycobiology, Ventura, USA, Mar. (2003).

Odaka M., Tsujimura M., Nakayama H., Dohmae N., Koshino H., Asami T., Hoshino M., Takio K., Maeda M., and Endo I.: "Reaction mechanism of nitrile hydratase: analysis by isobutyronitrile", 1st Asian Meet. Bioinorganic Chemistry (ASBIC), (Okazaki National Research Institutes), Okazaki, Mar. (2003).

(国内会議)

竹本(堀)千重, 中山洋, 上西達也, 川添将仁, 野村守, 白水美香子, 倉光成紀, 廣田洋, 瀧尾擴士, 横山茂之: "Structural and functional studies of *Thermus thermophilus* HB8 ribosome and its associated proteins", 2002年度日本放線菌学会大会, つくば, 5月(2002).

中村健道, 中山洋, 瀧尾擴士: "交互スキャン nano-LC/FT ICR 量分析法: 特性及び蛋白質構造解析への適用性", 第50回質量分析総合討論会, 京都, 5月(2002).

片山葉子, 橋本花那子, 丹生谷博, 野尻正樹, 中山洋, 瀧尾擴士, 三野広幸, 小野高明, 養王田生文, 遠藤勲, 尾高雅文: "ニトリルヒドラーゼファミリーの New face: チオシアネート加水分解酵素", 第2回日本蛋白質科学会年会, 名古屋, 6月(2002).

辻村昌也, 尾高雅文, 中山洋, 堂前直, 瀧尾擴士, 星野幹雄, 越野広雪, 浅見忠男, 遠藤勲: "金属酵素ニトリルヒドラーゼの阻害物質とその反応機構", 第2回日本蛋白質科学会年会, 名古屋, 6月(2002).

瀧尾擴士: "タンパク質構造解析と質量分析", 第12回「ペプチドの構造と活性」談話会, 吹田, 7月(2002).

辻村昌也, 尾高雅文, 中山洋, 堂前直, 瀧尾擴士, 星野幹雄,

- 越野広雪, 浅見忠男, 遠藤勲: “金属酵素ニトリルヒドラーゼの阻害物質とその反応機構”, 第 29 回生体分子科学討論会, (生物無機化学研究会), 岡崎, 7 月 (2002).
- 立田由里子, 川口しのぶ, 岡律子, 鈴木實, 堂前直, 瀧尾擴士, 西道隆臣, 橋本康弘: “BACE1 によるシアル酸転移酵素 STGal I の切断”, 第 23 回日本糖質学会年会, 横浜, 8 月 (2002).
- 尾高雅文, 李一禾石, 大河内丈彰, 辻村昌也, 綾部圭一, 中山洋, 瀧尾擴士, 星野幹雄, 長棟輝行, 遠藤勲: “ニトリルヒドラーゼの反応機構 (1): イソプチロニトリルを用いた解析”, 日本化学会第 82 秋季年会, 豊中, 9 月 (2002).
- 辻村昌也, 尾高雅文, 中山洋, 堂前直, 瀧尾擴士, 星野幹雄, 越野広雪, 浅見忠男, 遠藤勲: “ニトリルヒドラーゼの反応機構 (2): イソプチロニトリル誘導体を用いた解析”, 日本化学会第 82 秋季年会, 豊中, 9 月 (2002).
- 瀧尾擴士: “タンパク質の構造解析: 過去・現在・未来”, 理研シンポジウム「物質のキャラクタリゼーションシリーズ 21 世紀のプロテインテクノロジー」, 和光, 9 月 (2002).
- 木賀大介, 坂本健作, 児玉公一郎, 木川隆則, 松田貴意, 矢吹孝, 白水美香子, 原田洋子, 中山洋, 瀧尾擴士, 長谷川嘉則, 遠藤弥重太, 平尾一郎, 横山茂之: “変異型大腸菌チロシル tRNA 合成酵素を利用した, 真核生物の無細胞翻訳系における 3-ヨードチロシンのタンパク質への部位特異的取り込み”, 第 75 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2002).
- 立田由里子, 川口しのぶ, 岡律子, 鈴木實, 堂前直, 瀧尾擴士, 西道隆臣, 橋本康弘: “BACE1 によるシアル酸転移酵素 ST6Gal I の切断”, 第 75 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2002).
- 尾高雅文, 李一禾石, 大河内丈彰, 辻村昌也, 綾部圭一, 中山洋, 星野幹雄, 長棟輝行, 遠藤勲: “ニトリルヒドラーゼの反応機構 (1): イソプチロニトリルを用いた解析”, 第 75 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2002).
- 辻村昌也, 尾高雅文, 中山洋, 堂前直, 瀧尾擴士, 星野幹雄, 越野広雪, 浅見忠男, 遠藤勲: “ニトリルヒドラーゼの反応機構 (2): イソプチロニトリル誘導体を用いた解析”, 第 75 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2002).
- 梅津牧子, 青木淳賢, 岸安弘, 田中将之, 新井洋由, 堂前直, 瀧尾擴士: “血中 LPA 産生酵素リゾホスホリパーゼ D の精製・クローニング”, 第 75 回日本生化学会大会, 京都, 10 月 (2002).
- 中村健道: “トラップされたイオンの反応とフラグメンテーションの制御: 生体分子解析の観点から”, 日本質量分析学会創立 50 周年記念若手講演会, 東京, 11 月 (2002).
- 竹本(堀)千重, Chumpolkulwong N., 稲岡隆史, 中山洋, 瀧尾擴士, 木川隆則, 白水美香子, 越智幸三, 横山茂之: “タンパク質の網羅的解析と無細胞タンパク質生産システムの改変”, 文科省科学振興調整費開放的融合研究「リボゾーム工学の構築と潜在能力開発」開放融合研究公開成果発表会公開講演会: リボゾーム工学の構築に向けて, 東京, 11 月 (2002).
- 竹本(堀)千重, 中山洋, 赤坂領吾, 白水美香子, 柴田武彦, 倉光成紀, 廣田洋, 瀧尾擴士, 横山茂之: “高度好熱菌リボゾーム及びリボゾーム結合タンパク質の解析”, 第 25 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 (2002).
- 赤坂領吾, 中山洋, 竹本(堀)千重, 野村守, 白水美香子, 瀧尾擴士, 横山茂之: “LC/MS データ比較解析ソフトウェアの開発”, 文科省科学振興調整費開放的融合研究「リボゾーム工学の構築と潜在能力開発」開放融合研究公開成果発表会評価委員会: リボゾーム工学の構築に向けて, つくば, 2 月 (2003).
- 竹本(堀)千重, 中山洋, 赤坂領吾, 白水美香子, 柴田武彦, 倉光成紀, 廣田洋, 瀧尾擴士, 横山茂之: “高度好熱菌リボゾーム及びリボゾーム関連タンパク質の解析”, 文科省科学振興調整費開放的融合研究「リボゾーム工学の構築と潜在能力開発」開放融合研究公開成果発表会評価委員会: リボゾーム工学の構築に向けて, つくば, 2 月 (2003).
- 児玉公一郎, 坂本健作, 福沢世傑, 矢吹孝, 松田夏子, 木川隆則, 白水美香子, 中山洋, 瀧尾擴士, 橘和夫, 横山茂之: “機能性分子をタンパク質へ部位特異的に導入する手法(化学的共役法)”, 日本化学会第 83 春季年会, 東京, 3 月 (2003).