

## 科学研究費助成事業（科学研究費補助金）研究成果報告書

平成 25 年 5 月 13 日現在

機関番号：10101

研究種目：基盤研究（A）

研究期間：2008～2011

課題番号：20247007

研究課題名（和文） RAT-U13 snoRNA 複合体構造解析によるリボソーム成熟機構の解明

研究課題名（英文） Study of ribosome maturation mechanism by the structural analysis of Rat-U13snoRNA complex

研究代表者

田中 勲 (TANAKA ISAO)

北海道大学・大学院先端生命科学研究院・特任教授

研究者番号：70093052

研究成果の概要（和文）：

大腸菌由来 tRNA アセチル基転移酵素 TmcA の真核生物ホモログである RAT が、18S rRNA の特定の部位にアセチル基を転移する活性を持つことを、M.musculus 由来 RAT (mRAT) および S.cerevisiae 由来 RAT (yRAT) を使って、直接的に、証明した。同時に、これらのタンパク質が ATPase 活性を持つことも確認した。結晶構造解析に向けて、非常に多くの条件をスクリーニングした結果、不安定な C 末端 123 残基を削った S.cerevisiae 由来 RAT ( $\Delta$ C123-yRAT) が、大型放射光施設 SPring-8 BL32XU で、9Å の回折を与えることを確認した。

研究成果の概要（英文）：

Using the proteins from M.musculus (mRAT) and from S.cerevisiae RAT (yRAT), it has been directly proved that a eucaryotic homolog of E. coli tRNA acetyltransferase TmcA (RAT) has the activity of transferring the acetyl group to the specific site of 18S rRNA. It has also been proved that these proteins have the ATPase activity. As a result of crystallization screening, we found that the crystals of RAT from S.cerevisiae of which C-terminal 123 residues are truncated ( $\Delta$ C123-yRAT) diffract X-rays to 9 Å resolution at BL32XU, SPring-8.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2008年度	10,700,000	3,210,000	13,910,000
2009年度	8,000,000	2,400,000	10,400,000
2010年度	8,000,000	2,400,000	10,400,000
2011年度	6,400,000	1,920,000	8,320,000
年度			
総計	33,100,000	9,930,000	43,030,000

研究分野：構造生物学，X線結晶構造解析

科研費の分科・細目：生物科学・構造生物化学

キーワード：X線結晶構造解析，RNA-タンパク質相互作用，snoRNA，リボソーム生合成，アセチル化

## 1. 研究開始当初の背景

リボソームの生合成過程は、約 200 種類ものタンパク質や RNA などのトランス因子が関与し、大量のエネルギーを消費する壮大な反応である。これらのトランス因子は RNase, RNA ヘリケース, RNA シャペロン, RNA 修飾など様々な機能を持っており、DNA から

転写された直後の 35S pre-rRNA に、切断や修飾を何段階にもわたり行うことでリボソームを成熟させる。近年、質量分析法の飛躍的な発展と生合成途中のリボソーム前駆体の精製法の確立によって、大規模なプロテオーム解析が行われ、非常に多くのトランス因子が同定された。この結果、リボソーム生合

成にどのような前駆体が存在し、どのような過程を経て成熟していくのが明らかになった<sup>(1)</sup>。しかし、数多くのトランス因子が、リボソーム成熟過程の各段階で、どのように働いているのか、その詳細については、殆ど研究が進んでいない。とりわけ、タンパク質と RNA が協調して働く酵素作用の分子機構や、特定の前駆体がプロセスを受ける制御機構の詳細は、新しい研究分野として今後の研究に委ねられている。

トランス因子の重要な構成因子として、snoRNA と呼ばれる RNA があり、この snoRNA をガイドとすることで rRNA の特定の位置に修飾が施されることが明らかになっている<sup>(2)</sup>。snoRNA は rRNA の 2'OH メチル化とシュドウリジン化に関与し、2'OH メチル化は C/DsnoRNA が、シュドウリジン化は H/ACAsnoRNA が、その機能を担っている。しかし、C/DsnoRNA の一つと同定された U13snoRNA (U13) は、イントロンにコードされている多くの snoRNA と異なり、独立に転写され、さらに rRNA と相補的な配列が一般的な snoRNA と異なる部位に存在している。

最近の研究で pre-18SrRNA の 3'末端 (Helix45) と相補的な配列を持つ U13 は、メチル化ではなく、pre-18SrRNA のアセチル化に関与することが明らかになった。同定されたアセチル化部位はステムループを形成しており、どのように U13 が pre-18SrRNA に結合するかは明らかになっていない。U13 については、さらに、その機能を阻害すると pre-18SrRNA のプロセシングに異常が生じることも明らかになっている<sup>(3)</sup>。pre-18SrRNA のプロセシングは細胞質で行われることから、核内のみ存在する U13 はプロセシングに直接関与するのではなく、間接的に関与していることが予想される。このことから、pre-18SrRNA のアセチル化が、次に起こる pre-18SrRNA の正確なプロセシングを制御していると考えられる。

[参考文献]

- (1)Fromont-Racine M., Senger B., Saveanu C and Fasiolo F. *Gene* 313, 17-42 (2003)
- (2)Bachelier JP., Cavallé J., Hüttenhofer A. *Biochimie* 84, 775-790 (2002)
- (3)Cavallé J., Hadjiolov AA., Bachelier JP. *Eur. J. Biochem.* 242, 206-213 (1996)

## 2. 研究の目的

連携研究者の鈴木勉 (東大・院工) は、最近、真核生物において 18S rRNA の Helix45 のアセチル化に関与する必須遺伝子を新規同定した。この遺伝子は我々が最近構造解析したヘリカーゼ機能を持つ tRNA アセチル基転移酵素 TmcA のホモログをコードしている。我々はこれらの事実から、この TmcA ホモロ

グは備え持つヘリカーゼドメインにより Helix45 の 2 次構造を解きつつ、pre-18SrRNA に結合し、特定の部位にアセチル基を転移し、その pre-18SrRNA のアセチル化が、次に起こる pre-18SrRNA の正確なプロセシングを制御しているという仮説を立てた。本研究ではこの仮説を検証することを研究の目的とした。

## 3. 研究の方法

### (1)マウス由来 RAT の大量調製

マウス由来 RAT を大腸菌発現系で His-GST 融合タンパク質として、可溶性画分に大量発現させ、GSTtag および His-tag によるタンデムアフィニティークロマトグラフィーで高純度に精製しつつ、あらかじめ組み込んであるスロンビン切断サイトをスロンビンで切断することにより、His-GSTtag を除去する。精製には高速クロマトグラフィーシステムを用いる。

### (2)活性測定と結晶化に向けた RNA フラグメントの大量調製

機能解析と結晶構造解析に必要とされる RNA は大量かつ高純度に調製しなければならない。必要とされる RNA は、T7 RNA Polymerase を用いた *in vitro* transcription により大量調製する。その後、Urea-PAGE を行い 1 本鎖 RNA の状態でアクリルアミドゲルから切り出しを行い、ゲルからの抽出と同時に 1 本鎖 RNA から 3 次構造をとった RNA に巻き戻しを行う。この精製法により、*in vitro* transcription で加えられた様々な物質を確実に除くことができ、純度の高い RNA を得ることができる。また、必要ならば陰イオン交換クロマトグラフィーカラムにより更なる精製を行う。

### (3)RAT のアセチル化活性と ATPase 活性の測定

精製した RAT の 18S rRNA に対するアセチル基転移活性測定は、LC-MS を用いて行う。このための基質 RNA としては、18S rRNA の 3'末端から 50 塩基を使用する (調製法は、上記)。RAT と基質 RNA をバッファー中で混合し、37°C で 2 時間インキュベート、その後、フェノールクロム処理、エタノール沈殿を行い、さらに RNA を G 毎に切断するエンドヌクレアーゼである RNaseT1 処理を行う。このようにして得た RNaseT1 処理溶液を使って LC-MS 測定を行う。

ATPase 活性測定には、BIOMOL GREEN を用いて、種々の基質 ATP の濃度で、反応によって遊離するリン酸を検出する。コントロールには、既に ATPase 活性を有することが報告されている、大腸菌由来 TmcA を用いる。

#### (4) X線結晶構造解析のための結晶化

結晶化の初期スクリーニングは市販のキットを用いた約 600 条件で行う。その際、自動タンパク質結晶化システムを用いて少量のサンプル (100nl/condition) で大量の条件を短時間に自動的にスクリーニングする。何らかの初期結晶が得られた場合には、結晶化スケールをアップして、pH, 沈殿剤濃度と複合体の濃度の 3 次元で結晶化条件の最適条件を探索し、場合によってはサンプル調製法の再検討を行い、回折実験が可能な良質な単結晶を作成する。結晶化が難航する場合は、マウス由来 RAT に加えて、酵母など他の生物種からの RAT を調製して結晶化を検討する。

#### (5) RAT 単体および RNP 複合体の X 線結晶構造解析

良質な単結晶が得られた場合には、シンクロトロン放射光施設にてクライオ条件下で X 線回折実験を行う。その際の予備実験は、当研究室に既存の X 線回折装置を用いて行う。良質な高分解能回折データは播磨科学公園都市の SPring-8 や、つくば高エネルギー加速器研究機構の PF などの放射光施設を利用して収集する。構造因子の初期位相は、現在得られている大腸菌由来 TmcA の構造情報を利用した分子置換法をまず試み、良好な結果が得られない場合には Se-Met を RAT に導入し、Se-MAD もしくは Se-SAD 法により初期位相を求める。良好な初期位相が得られた後、本研究分担者らが開発した自動精密化プログラム LAFIRE を用いて構造精密化を行う。また、全ての計算は、本研究室に既存のワークステーションで行う。

#### (6) 立体構造を元にした変異体解析

RAT の RNA 認識に関わるアミノ酸に変異を導入し、RNA 認識機構の詳細を明らかにする。同様に、アセチル CoA および ATP の認識に関わるアミノ酸にも変異を導入し、それぞれの反応機構を明らかにする。

#### 4. 研究成果

真核生物由来 RAT の発現・精製系を確立するため、マウス由来 RAT (mRAT) に加え、*S.cerevisiae* など 7 種の生物種の遺伝子を利用した。mRAT は 115kDa を超えるタンパク質であり、可溶化、精製が困難であるため、GST との融合タンパク質として発現させる系を構築し、QuikChange キットを用いて、GST と mRAT の間に His-tag を挿入した。mRAT の発現を確認したところ、不溶性画分に発現が確認された。次いで酵母 *P.chia* を用いた mRAT の発現系を構築し、アフィニティークロマトグラフィーにより、GST の融合した mRAT を調製することができた。

一方、バイオフィンフォマティクスを用いて mRAT と相互作用する分子群を探索した結果、mRAT は 18S rRNA の生合成に関連する因子 UTP7, UTP22, KRR1, ENP1, ENP2, NOP4 と相互作用し、18 rRNAs の生合成に関与する可能性を示唆した。

酵母により発現された mRAT の安定性が著しく低く、その原因が C 末端領域にあることが判明したので、それぞれの RAT の C 末端 disorder 領域を欠失させた変異体の調製系を構築した。野生型よりも安定な分子として精製できることが分かり、また、それらの ATPase 活性も確認できた。アセチル基転移活性については、このサンプルを使って、質量分析装置で評価した。種々の溶媒条件にて活性を評価した結果、特定の塩濃度の条件下で Helix45 周辺の RNA フラグメントにアセチル基を転移する活性を発現することが明らかになった。

結晶化のためには、マウス由来 RAT (mRAT) *S.cerevisiae* 由来 RAT (yRAT) など、計 8 種の生物種の RAT をターゲットとし、さらに、それぞれの RAT の C 末端 disorder 領域を truncate した変異体も作成した。その結果、C 末端 123 残基を削った *S.cerevisiae* 由来 RAT ( $\Delta$ C123-yRAT) が最も高純度かつ収量よく調製できることが明らかになった。高純度に調製した  $\Delta$ C123-yRAT を用いて約 3000 条件の結晶化スクリーニングを行い、得られた結晶を用いて大型放射光施設 SPring-8 BL32XU において X 線回折実験を行った結果、最大分解能 9Å の回折を得ることに成功した。さらに、位相決定のための Se-Met 置換体  $\Delta$ C123-yRAT の調製及び、結晶化も行った。

#### 5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 9 件)

1. Nomura N, Honda T, Baba K, Naganuma T, Tanzawa T, Arisaka F, Noda M, Uchiyama S, Tanaka I, Yao M, Uchiumi T, Archaeal ribosomal stalk protein interacts with translation factors in a nucleotide-independent manner via its conserved C terminus, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 109, 3748-3753 (2012), 査読有, DOI: 10.1073/pnas.1112934109
2. Gai Z, Kitagawa Y, Tanaka Y, Shimizu N, Komoda K, Tanaka I, Yao M, The binding mechanism of eIF2 $\beta$  with its partner proteins, eIF5 and eIF2B $\epsilon$ , *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 423, 515-519 (2012), 査読有, DOI: 10.1016/j.bbrc.2012.05.155
3. Kawaguchi A, Ose T, Yao M, Tanaka I,

- Crystallization and preliminary X-ray structure analysis of human ribosomal protein L30e, *Acta Cryst.* F67, 1516-1518 (2011), 査読有, DOI: 10.1107/S1744309111045131
4. Nakamura A, Sheppard K, Yamane J, Yao M, Söll D, Tanaka I, Two distinct regions in *Staphylococcus aureus* GatCAB guarantee accurate tRNA recognition, *Nucl. Acid Res.* 38, 672-682 (2010), 査読有, DOI: 10.1093/nar/gkp955
  5. Naganuma T, Nomura N, Yao M, Mochizuki M, Uchiumi T, Tanaka I, Structural Basis for Translation Factor Recruitment to the Eukaryotic / Archaeal Ribosomes, *J. Biol. Chem.* 285, 4747-4756 (2010), 査読有, DOI: 10.1074/jbc.M109.068098
  6. Sokabe M, Ose T, Nakamura A, Tokunaga K, Nureki O, Yao M, Tanaka I, The structure of alanyl-tRNA synthetase with editing domain, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106, 11028-11033 (2009), 査読有, DOI: 10.1073/pnas.0904645106
  7. Chimnaronk S, Suzuki T, Manita T, Ikeuchi Y, Yao M, Suzuki T, Tanaka I, RNA helicase module in an acetyltransferase that modifies a specific tRNA anticodon, *The EMBO J.* 28, 1362-1373 (2009), 査読有, DOI: 10.1038/emboj.2009.69
  8. Tanaka Y, Yamagata S, Kitago Y, Yamada Y, Chimnaronk S, Yao M, Tanaka I, Deduced RNA binding mechanism of Thil based on structural and binding analyses of a minimal RNA ligand, *RNA* 15, 1498-1506 (2009), 査読有, DOI: 10.1261/rna.1614709
  9. Chimnaronk S, Forouhar F, Sakai J, Yao M, Tron C-M, Atta M, Fontecave M, Hunt J-F, Tanaka I, Snapshots of Dynamics in Synthesizing  $N^6$ -Isopentenyladenosine at the tRNA Anticodon, *Biochemistry* 48, 5057-5065 (2009), 査読有, DOI: 10.1021/bi900337d
- [学会発表] (計 32 件)
1. Gai Z, Kitagawa Y, Tanaka Y, Shimizu N, Komoda K, Yao M, Tanaka I: The recognition manner of eIF2 $\beta$  with its partner proteins eIF5 and eIF2Be, Sapporo Symposium on Advanced Protein Crystallography, 17 March (2012), Faculty of Advanced Life Science, Hokkaido University (Sapporo, Japan)
  2. Asano N, Nakamura A, Yao M, Tanaka I: Cloning, expression and purification of Eukaryotic ribosome biogenesis factor Rpf2-Rrs1 complex, Sapporo Symposium on Advanced Protein Crystallography, 17 March (2012), Faculty of Advanced Life Science, Hokkaido University (Sapporo, Japan)
  3. Kawauchi H, Tanaka Y, Ito S, Suzuki T, Suzuki T, Suzuki T, Yao M, Tanaka I: Structural and functional analysis of ribosomal RNA modification enzyme RrcA, Sapporo Symposium on Advanced Protein Crystallography, 17 March (2012), Faculty of Advanced Life Science, Hokkaido University (Sapporo, Japan)
  4. Kawaguchi A, Ose T, Yao M, Tanaka I: Mechanistic analysis of the 21st amino acid incorporation system in eukaryotes, Sapporo Symposium on Advanced Protein Crystallography, 17 March (2012), Faculty of Advanced Life Science, Hokkaido University (Sapporo, Japan)
  5. Kurihashi T, Tanaka Y, Ito S, Suzuki T, Suzuki T, Yao M, Tanaka I: Crystal structure analysis of tRNA acetylation enzyme from *Sulfolobus solfataricus*, Sapporo Symposium on Advanced Protein Crystallography, 17 March (2012), Faculty of Advanced Life Science, Hokkaido University (Sapporo, Japan)
  6. 栗橋泰子, 田中良和, 伊藤理, 鈴木建夫, 鈴木勉, 姚閔, 田中勲: 古細菌由来 tRNA アセチル基転移酵素の結晶構造解析, 2011 年度日本生物物理学会北海道支部例会, 2012 年 3 月 6 日, 旭川市民文化会館 (旭川市)
  7. 朝野希美, 中村彰良, 姚閔, 田中勲: 5S rRNA の 90S 前駆体への取り込み機構の解明 -Rpf2/Rrs1 二者複合体の構造解析に向けた研究-, 生物物理若手研究者忘年会セミナー, 2011 年 12 月 21 日, 北海道大学理学部 (札幌市)
  8. 河内宏樹, 伊藤理, 鈴木干城, 田中良和, 鈴木建夫, 鈴木勉, 姚閔, 田中勲: 真核生物 rRNA 修飾酵素 RrcA の構造機能解析, 生物物理若手研究者忘年会セミナー, 2011 年 12 月 21 日, 北海道大学理学部 (札幌市)
  9. Gai Z, Kitagawa Y, Yao M, Ose T, Tanaka Y, Tanaka I: The Recognition Mechanism of eIF2 $\beta$  for its partner proteins eIF5 and eIF2Be, 第 49 回日本生物物理学会年会, 2011 年 9 月 16-18 日, 兵庫県立大学姫路書写キャンパス (姫路市)
  10. Yao M, Zheng A, Tanaka I: Structure analysis of eukaryotic translation initiation factor complex 5B-1A, XXII Congress and General Assembly of the International Union of Crystallography (IUCr2011), 22-30 August (2011), Palacio Municipal de Congresos de Madrid (Madrid, Spain)
  11. Zheng A, Ose T, Tanaka Y, Tanaka I, Yao M: Structure Analysis of Eukaryotic Translation Initiation Factors 5B and 1A Complex, 第 11 回日本蛋白質科学会年会, 2011 年 6 月 7-9

- 日, ホテル阪急エキスポパーク (吹田市)
12. Gai Z, Kitagawa Y, Ose T, Tanaka Y, Yao M, Tanaka I: The Recognition Mechanism of eIF2 $\beta$ -NTD for its partner proteins eIF5 and eIF2B $\epsilon$ -CTD, International Fusion-Bioscience Symposium for young researchers, 4 March (2011), Faculty of Science, Hokkaido University (Sapporo, Japan)
  13. Zheng A, Yao M, Ose T, Tanaka I: Structure Analysis of Eukaryotic Translation Initiation Factors 5B and 1A Complex, International Fusion-Bioscience Symposium for young researchers, 4 March (2011), Faculty of Science, Hokkaido University (Sapporo, Japan)
  14. 田中良和, 姚閔, 田中勲: 部分 RNA の結晶構造解析から推察された tRNA チオ化修飾酵素 ThiI の tRNA 認識機構, 第 34 回蛋白質と酵素の構造と機能に関する九州シンポジウム, 2010 年 9 月 9-11 日, 玄海ロイヤルホテル (宗像市)
  15. 内海利男, 長沼孝雄, 野村直子, 望月正弘, 馬場健太郎, 姚閔, 田中勲: リボソームの翻訳因子作用中心に位置する動的タンパク質複合体, 第10回日本蛋白質科学会年会ノーベル賞特別シンポジウム 蛋白質合成装置リボソームの最新像, 2010年6月16-18日, 札幌コンベンションセンター(札幌市)
  16. 中村彰良, 渥海春佳, 田中良和, 姚閔, 田中勲: 60S リボソーム成熟に関わる Rial-Sdo1 複合体の相互作用解析, 第10回日本蛋白質科学会年会, 2010年6月16-18日, 札幌コンベンションセンター(札幌市)
  17. 周倩, 中村彰良, 朝野希美, 姚閔, 田中勲: 古細菌型 GatCAB と真正細菌型 GatCAB の比較, 第 10 回日本蛋白質科学会年会, 2010 年 6 月 16-18 日, 札幌コンベンションセンター (札幌市)
  18. 三輪達明, 野村直子, 長沼孝雄, 内海利男, 姚閔, 田中勲: 古細菌リボソーム GTPase センターの機能・構造解析, 第 10 回日本蛋白質科学会年会, 2010 年 6 月 16-18 日, 札幌コンベンションセンター (札幌市)
  19. Kawaguchi A, Ose T, Nakamura A, Kita S, Yao M, Tanaka I: Structure analysis of ribosomal protein L30 to understand the interaction to SECIS, The 9th International Symposium on Selenium in Biology and Medicine (Selenium 2010), 31 May - 4 June (2010), Kyoto University (Kyoto, Japan)
  20. 野村直子, 長沼孝雄, 姚閔, 内海利男, 田中勲: リボソーム GTPase センターを構成するストークと翻訳因子の相互作用解析, 第32回日本分子生物学会年会, 2009年12月9-12日, パシフィコ横浜 (横浜市)
  21. Min Yao: Structural basis for translation factor recruitment to the eukaryotic/archaeal ribosomes, Taiwan-Japan Joint Seminar on Crystallography and IPR Seminar, Institute for Protein Research, 7-9 December (2009), Osaka University (Suita, Japan)
  22. Yao M, Naganuma T, Nomura N, Mochizuki M, Uchiumi T, Tanaka I: Structural basis for translation factor recruitment to the eukaryotic/archaeal ribosomes, The 1st Hokkaido University - Academia Sinica Joint Symposium and The 7th Symposium for Future Drug Discovery and Medical Care, 7-8 October (2009), Conference Hall, Hokkaido University (Sapporo, Japan)
  23. Yao M, Naganuma T, Nomura N, Mochizuki M, Uchiumi T, Tanaka I: The structure of the archaeal ribosomal stalk complex: insights into the function of translation factor recruitment in eukarya/archaea mode, Ribosome Synthesis Meeting, 26-30 August (2009), Kolpinghaus Regensburg (Regensburg, Germany)
  24. 田中良和, 山形しおり, 北郷悠, 山田洋子, チムナロン サリン, 姚閔, 田中勲: tRNA チオ化修飾酵素 ThiI の RNA 認識機構の解析, 第 11 回日本 RNA 学会年会, 2009 年 7 月 27-29 日, 朱鷺メッセ・新潟コンベンションセンター (新潟市)
  25. 野村直子, 長沼孝雄, 望月正弘, 姚閔, 内海利男, 田中勲: リボソーム GTPase センターにおけるストーク複合体の機能解析, 第 11 回日本 RNA 学会年会, 2009 年 7 月 27-29 日, 朱鷺メッセ・新潟コンベンションセンター (新潟市)
  26. 徳永啓太, 曾我部正彰, 尾瀬農之, 中村彰良, 濡木理, 姚閔, 田中勲: アラニル tRNA 合成酵素の結晶構造より提唱された基質認識機構, 北海道大学第2回若手研究者交流会, 2009年7月17日, 北海道大学学術交流会館 (札幌市)
  27. Tanaka I, Naganuma T, Nomura N, Mochizuki M, Yao M, Uchiumi T: The structure of archaeal ribosomal stalk complex: insights into the function of GTPase center, VIII European Symposium of The Protein Society, 14-18 June (2009), Kongresshaus Zurich (Zurich, Switzerland)
  28. 徳永啓太, 曾我部正彰, 尾瀬農之, 中村彰良, 濡木理, 姚閔, 田中勲: アラニル tRNA 合成酵素の結晶構造より提唱された tRNA 再結合モデル, 第9回日本蛋白質科学会年会, 2009年5月20-22日, 熊本全日空ホテルニュースカイ (熊本市)
  29. 田中勲, 長沼孝雄, 野村直子, 望月正弘, 姚閔, 内海利男: 翻訳駆動エネルギー生産部位「ストーク」の構造機能解析, 日本農芸化学会2009年度大会, 2009年3月27-29日, 福岡国際会議場 (福岡市)

30. 徳永啓太, 曾我部正彰, 尾瀬農之, 中村彰良, 濡木理, 姚閔, 田中勲: *Pyrococcus horikoshii*由来アラニルtRNA合成酵素の結晶構造, 第26回PFシンポジウム, 2009年3月24-25日, つくば国際会議場(つくば市)
31. 内海利男, 長沼孝雄, 野村直子, 三好智博, 姚閔, 田中勲: リボソームGTPaseセンターを構成するストークタンパク質複合体, BMB2008 (第31回日本分子生物学会年会・第81回日本生化学会大会 合同大会), 2008年12月9-12日, 神戸ポートアイランド(神戸市)
32. Tanaka I, Naganuma T, Yao M, Uchiumi T, The structure of archaeal ribosomal stalk complex, XXI Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2008), 23-31 August (2008), Osaka International Convention Center (Osaka, Japan)

[その他]

ホームページ等

<http://altair.sci.hokudai.ac.jp/g6/>

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

田中 勲 (TANAKA ISAO)  
北海道大学・大学院先端生命科学研究院・  
特任教授  
研究者番号: 70093052

### (2) 研究分担者

姚 閔 (YAO MIN)  
北海道大学・大学院先端生命科学研究院・  
教授  
研究者番号: 40311518

### (3) 連携研究者

鈴木 勉 (SUZUKI TSUTOMU)  
東京大学・大学院工学系研究科・教授  
研究者番号: 20292782