The Molecular Biology Society of Japan
MBSJ NEWS
日本分子生物学会
2009.6
No.93

会報

目　次

- 第 7 回(2009 年)日本分子生物学会三菱化学奨励賞 募集のお知らせ ― 1
- 第 32 回（2009 年）日本分子生物学会年会開催のお知らせ（その 2）― 3
  【プログラム（予定)】　3
  【参加者へのご案内】　4
  【参加登録について】　5
  【一般演題募集について】　6
  【フォーラム企画の公募について】　9
  【年会前日　会場サテライトイベント利用の公募について】　9
  【年会日程表（予定)】　10
  【一般演題　発表分類一覧】　11
  【シンポジウム・ワークショップ日程表】　12
  【シンポジウムテーマ一覧】　14
  【ワークショップテーマ一覧】　22
  【宿泊のご案内】　39
- 男女共同参画委員会活動報告 ― 43
- 第 2 回バイオ系専門職における男女共同参画実態大規模調査の分析結果（概要）― 44
- 学術賞、研究助成の本学会推薦について ― 46
- 研究助成一覧 ― 46
- 各種学術集会、シンポジウム、講習会等のお知らせ ― 49
  ○第 14 回日本病態プロテアーゼ学会学術集会
  ○千里ライフサイエンスセミナー
  「臨床に繋がる癌幹細胞研究」
  「ユビキチン研究の新展開：病態生理学的観点から」
  ○第 10 回若手 NMR 研究会
  ○第 29 回日本糖質学会年会
  ○神奈川科学技術アカデミー教育講座
  「機能性 RNA コース」
- 賛助会員芳名 ― 52
- 第 32 回年会　参加登録費振込票

MBSJ

特定非営利活動法人
日本分子生物学会
http://wwwsoc.nii.ac.jp/mbsj/

新会員管理システムへの移行に伴ない、2007年に、新しい会員番号（数字6桁）とパスワードが付与されております。パスワードを紛失、もしくは忘れられておられる場合には、学会ホームページにアクセスいただき、パスワード再発行のお手続きをお取りくださるようお願い申し上げます。

【ログインIDとパスワードの発行について】
http://wwwsoc.nii.ac.jp/mbsj/secretariat/member/
〈パスワードの再発行〉

■第32回（2009年）日本分子生物学会年会の公式サイトが開設されています。
URL: http://www.aeplan.co.jp/mbsj2009/

特定非営利活動法人
日本分子生物学会　事務局

〒102-0072　東京都千代田区飯田橋3-11-5
20山京ビル11階
TEL: 03-3556-9600　FAX: 03-3556-9611
E-mail: info@mbsj.jp

第７回（2009年）日本分子生物学会三菱化学奨励賞　募集のお知らせ

特定非営利活動法人　日本分子生物学会

2003年度より「日本分子生物学会三菱化学奨励賞」が設けられております。今年度も以下のように受賞候補者を募集します。分子生物学会の名にふさわしい方の推薦をお願いします。

1. 対　　象

分子生物学の進歩に寄与する独自にして独創的・革新的な研究を発表し、将来の発展を期待し得る研究者。締切日現在において原則として満40歳未満で、本学会員歴5年以上の研究者を対象とする。ただしキャリアによっては40歳以上も対象とする。また研究業績の主要な部分が国内で行われたものに限る。

2. 賞の内容

本賞：賞状　副賞：50万円

授賞件数は2件以内

3. 推　　薦

本学会員による他薦とする。（推薦書の書式は、学会ホームページに掲載されているので、ダウンロードして使って下さい。）

4. 推薦書送付先

日本分子生物学会　賞選考委員長　田畑哲之

〒102-0072　千代田区飯田橋3-11-5　20山京ビル11階

日本分子生物学会事務局気付

5. 締切期日

2009年8月31日㈪（必着）

6. 選　　考

本学会の賞選考委員会において選考し、理事長が決定する。

7. 賞の贈呈

第32回年会において贈呈式及び授賞記念の講演を行う。

第１回から昨年まで、以下の方々が、分子生物学会三菱化学奨励賞を受賞されています。

（受賞者名と研究題目　所属・職は当時）

第１回（2003年）

後藤由季子　（東京大学分子細胞生物学研究所　助教授）

細胞死と細胞分化を制御するシグナル伝達

（Regulation of cell death and differentiation by protein phosphorylation）

白髭克彦　（理化学研究所ゲノム科学総合研究センター　上級研究員）

真核生物染色体の複製開始制御機構の解析

（Study of initiation of DNA replication of eukaryotic chromosome）

第２回（2004年）

柿本辰男　（大阪大学大学院理学研究科　助教授）

サイトカイニンの合成、受容、情報伝達

（Biosynthesis, perception and signal transduction of cytokinins）

第３回（2005年）

高岡晃教　（東京大学大学院医学系研究科免疫学講座　講師）

生体防御系におけるインターフェロンシグナル

（Interferon signalling for host defense）
水島　昇　（(財) 東京都医学研究機構　東京都臨床医学総合研究所プロジェクトリーダー）
　　哺乳類オートファジーの分子機構と生理的意義の解析
　　（Studies on the molecular mechanism and physiological role of mammalian autophagy）
村松正道　（京都大学大学院医学研究科　COE 助教授）
　　免疫グロブリンクラス組換えを司る遺伝子 AID の発見とその機能解析
　　（Isolation and its functional analysis of AID that regulates immunoglobulin class switch recombination）

第４回（2006 年）
中島欽一　（奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科 教授）
　　細胞外因子と細胞内エピジェネティクス機構による神経系細胞の分化・可塑性制御
　　（Fate regulation of neural cells by extracelullar cues and intracellular epigenetic programs）
村田茂穂　（㈶東京都医学研究機構 東京都臨床医学総合研究所　主席研究員）
　　哺乳類プロテアソームの多様性と分子基盤の解析
　　（Studies on the diversity and molecular bases of mammalian proteasomes）

第５回（2007 年）
福田光則　（東北大学大学院生命科学研究科 教授）
　　低分子量 G タンパク質 Rab27A による膜輸送制御の分子基盤の解明
　　（Studies on the role of small GTPase Rab27A in membrane traffic）
吉田清嗣　（東京医科歯科大学難治疾患研究所 准教授）
　　DNA 傷害における細胞内シグナル伝達機構とアポトーシス誘導メカニズム
　　（Molecular mechanisms for regulation of DNA damage-induced apoptotic cell death）

第６回（2008 年）
鈴木　勉　（東京大学大学院工学系研究科　教授）
　　RNA 修飾の生合成と機能に関する研究
　　（Biogenesis and functions of RNA modifications）
富田耕造　（産業技術総合研究所　研究グループ長）
　　鋳型非依存的 RNA 合成酵素の進化・分子機構に関する研究
　　（Mechanism and evolution of template-independent RNA polymerases）

第 32 回日本分子生物学会年会　開催のお知らせ（その 2）

分子生物学会の原点　－すべては議論から－

会　　　　　期：2009 年 12 月 9 日㈬～ 12 日㈯（4 日間）
会　　　　　場：パシフィコ横浜
年　　会　　長：小原　雄治（情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所）
副　年　会　長：荒木　弘之（情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所）
演 題 登 録 期 間：2009 年 8 月 3 日㈪～ 8 月 28 日㈮予定
事前参加登録期間：2009 年 8 月 3 日㈪～ 10 月 30 日㈮予定
＊上記はあくまで予定であり、若干前後する可能性もあります。
年会事務局連絡先：第 32 回日本分子生物学会年会事務局
〒 532-0003 大阪市淀川区宮原 4-4-63 新大阪千代田ビル別館 9 階
Tel：06-6350-7247　Fax：06-6350-7248　E-mail：mbsj2009@aeplan.co.jp
URL：http://www.aeplan.co.jp/mbsj2009/

【プログラム（予定）】

○シンポジウム

組織委員会の企画のほか、会員より公募し、採択された 24 テーマのシンポジウムを開催します。これらのシンポジウムは要旨・講演とも英語とし、各シンポジウムに複数の若手 PI を中心とする海外演者を招聘する予定です。シンポジウムの詳細は 14 頁をご参照下さい。

○ワークショップ

会員より公募し、採択された 57 テーマのワークショップを開催します（22 頁参照）。なお、ワークショップ講演は、指定演者のみならず、一般演題からも積極的に採択します。詳細は、後記の「演題申込方法」をご確認下さい。

○ポスター

「分子生物学会の原点―すべては議論から―」というテーマのもと、年会がより広く、効果的な「議論する場」となるべく、様々な企画・準備を進めておりますが、その企画の一つとして、ポスター発表／討論における「ディスカッサー制度」を企画しております。これは、一日 1,000 演題のポスターが一つの会場にまとまるという利点を活かし、ポスター発表／討論時にディスカッサーを配置することで、ポスター毎の質疑・討論を重視し、充実させるための仕掛けです。ディスカッサーは決定次第順次年会ホームページにてお知らせします。

なお、採択された全ての一般演題は、ポスター発表を行っていただきますが、同時にワークショップへの採択希望を募ります。ワークショップに採択された演題については、口頭での発表も行っていただきます。演題申込みに関する詳細は、後記の『一般演題募集について』をご確認下さい。

○バイオテクノロジーセミナー

企業主催によるセミナーをランチョンセミナーの形式で行います。

○男女共同参画企画

ランチョンセミナー形式でシンポジウムを行い、本学会における男女共同参画支援事業について議論します。

○若手教育シンポジウム

第 30 回・第 31 回年会に引き続き、科学的不正問題への取り組みの現状と将来について、若手科学者の教育という

観点から、未来に向けた研究倫理観の醸成を目指す方策を参加者と共に議論する場を設けます。

○ポスドク問題に関する企画

ポスドク問題に対応して、企業や研究以外の人たちとの接点創成などの企画を開催します。

○フォーラム

社会と関連があり、興味深い企画を会員から公募します。

募集要項は後述の『フォーラム企画の公募について』をご参照下さい（公募締切：2009 年 7 月 31 日㈮）。

【参加者へのご案内】

○プログラム集

プログラム集（冊子）は、日本分子生物学会の会員に事前送付いたします。非会員の場合は、参加費に含まれるため、参加章（ネームカード）と共に事前送付いたします（当日登録の場合は、登録時にお渡しします）。また、残部がある場合には、年会会場にて一部 3,000 円にて販売いたします。

このほか、10 月末頃には、全演題のプログラムを年会ホームページ上で公開し、キーワードによるオンラインプログラム検索システムもご用意する予定です。ご利用下さい。

○講演要旨集のオンライン化

講演要旨集はオンライン化し、印刷物や CD-ROM を作成しません。

参加登録者はパスワード・ID を用いて年会ホームページから要旨等の閲覧・検索・ダウンロードができます。会場では PC・携帯電話にて検索・閲覧・その他サービスを利用できるようにします。

なお、講演要旨のオンライン化期日は、11 月 20 日㈮を予定しております。

○ミキサー

ポスター会場での議論を活性化するため、ポスター発表・討論時間にポスター会場にてミキサーを行います。参加者には、発泡酒・ソフトドリンクを割引販売いたします。ドリンクを片手に、自由で活発な議論が行われることを期待しております。

○保育室

お子様同伴の参加者のために、会場内に保育室を設置します（一部本人負担）。

ベビーシッター会社、保育室利用料金等の利用規定、最終締切日等の詳細は、決定次第順次年会ホームページにてお知らせいたします。

○親子休憩室

年会会場に親子休憩室を設ける予定です。予約は不要ですので、お子さまとご一緒の食事や休憩、あるいはオムツ換え等、自由にご利用下さい。ただし、お子さま単独でのご利用はご遠慮下さい。

設置場所等詳細は、決定次第順次年会ホームページにてお知らせいたします。

○年会期間中の宿泊予約

本年会のオフィシャルトラベルエージェントである日本旅行が参加者の皆様の宿泊予約を受け付けます。詳しくは 39 頁に掲載の「宿泊のご案内」をご覧下さい。

その他お申込み・お問い合わせは下記に直接ご連絡下さい。

㈱日本旅行　西日本イベント・コンベンション支店　医学･学術会議デスク（担当：今田・青野・中村）
〒 530−8341 大阪市北区芝田 2−4−24　JR 西日本本社ビル 1 階
Tel：06−6376−6450　Fax：06−6376−6465　E-mail：kansai_gakkai@nta.co.jp
（営業時間　平日：9：30 〜 17：30　休業日：土日祝日）

【参加登録について】

事前参加登録期間：**2009年8月3日㈪〜10月30日㈮　17：00（締切厳守）**
※演題投稿受付期間とは異なりますのでご注意下さい

○登録方法

年会ホームページの「参加登録」にアクセスし、参加章送付先住所、氏名、参加内容等についてご登録下さい。登録完了後､32から始まる参加登録IDが発行されます（登録方法につきましては､ホームページ上の指示に従って下さい）。

○参加費振込方法

オンライン事前登録により発行された参加登録IDを、本会報の巻末に綴じ込まれております払込取扱票の所定欄にご記入の上、お近くの郵便局よりお振込み下さい。郵便局に備え付けの振替用紙（青色）を使用される場合も、必ず予め参加登録IDを取得して下さい。

○参加登録費

より多くの学生に参加いただくべく、学生会員の参加登録費を例年より値下げしました。また、学部学生の参加費を無料としました。たくさんのご参加をお待ちしております。

	事前登録 8月3日㈪〜10月30日㈮	当日登録
正 会 員	7,000円	10,000円
学生会員	4,000円 ※例年より値下げしました！	6,000円 ※例年より値下げしました！
非 会 員	10,000円（プログラム集含む）	13,000円（プログラム集含む）
学部学生 （会員・非会員問わず）	学生証の提示により参加費無料 （事前参加登録をされる場合は、年会事務局へEメールにてお申し込み下さい）	

＜送金先＞

郵便振替口座　口座番号：００９５０－９－１７０７６４
加入者名：第32回日本分子生物学会年会

参加費振込期限：11月5日㈭

振込手数料は参加者各自にてご負担下さい。

- 発表者は必ず事前参加登録を行って下さい。
- 参加章（ネームカード）を持たない方は会場に入場できません。
- 事前登録締切は10月30日㈮です（参加費振込期限：11月5日㈭）。事前登録締切後は、年会当日に会場にて当日参加登録をお願いします。
- 事前登録は、オンライン事前登録をいただいた後、参加費の振込をもってはじめて登録が完了します。11月5日㈭までに参加費の振込がない場合は、事前登録は無効となり、別途、当日登録を行っていただくこととなります。予めご了承下さい。
- 事前参加登録費を期日内に振り込み、参加登録手続きを完了した事前参加登録者には、11月下旬に参加章（ネームカード）を郵送します。非会員には、プログラム集を同封します。また、全ての事前登録参加者に、講演要旨ダウンロードに必要なパスワードを発行します。
- 一度納入された参加費は、理由の如何に関わらず一切返金できません。
- 参加費等払込みの領収証は、参加章（ネームカード）と一緒に郵送いたします。原則として再発行できませんのでご了承下さい。念のため、郵便局が発行する振込控（受領証）は、参加章の到着まで保管して下さい。
- 海外より参加される方は、年会ホームページ上の指示に従って、参加登録を行って下さい。

【一般演題募集について】

一般演題投稿受付期間：**2009年8月3日㈪～8月28日㈮　17:00（締切厳守）**

一般演題およびシンポジウム･ワークショップ指定演者の講演要旨受付は、インターネット（UMIN演題投稿システム）で行います。

〇演題投稿における注意事項

1.　要旨のオンライン化
本年度の年会では、講演要旨集はオンライン化し、印刷物やCD-ROMを作成しません。
講演要旨はオンライン化し、11月20日（予定）より参加登録者がパスワード・IDを用いて年会ホームページから要旨等の閲覧・検索・ダウンロードできるようにいたします。予めご了承のうえ、投稿して下さい。

2.　一般演題投稿・発表資格
一般演題の投稿は、日本分子生物学会の会員であり、かつ本年度（2009年度）の会費を納入済みの方に限ります。未入会の方は、予め日本分子生物学会の入会手続きを済ませて下さい。また、本年度の会費を未納の方は、お早めにお支払い下さい。

3.　事前参加登録
演題投稿を行う前に、必ず事前参加登録を行って下さい。演題投稿時には、事前参加登録完了時に発行される参加登録IDの入力が必要となります。

4.　代表発表者として投稿できる演題数
代表発表者として投稿できる演題数は、一人につき1演題のみです。シンポジウム・ワークショップ指定演者は、一般演題には投稿できません。ただし、他の演題の共著者になることは差し支えありません。

5.　執筆言語
要旨は英語での執筆を推奨します（ポスター討論の言語は日本語でも結構です）。

6.　その他
原則として演題投稿受付期間の延長はいたしません。また、締切後の新規投稿、投稿内容の修正などは原則として受け付けられません。

〇演題投稿方法

1.　演題投稿方法
年会ホームページ上の「演題登録」にアクセスし、画面に表示される必要項目について入力して下さい。なお、投稿画面では参加登録IDの入力が必要となりますので、予めオンライン事前参加登録を行い、参加登録IDを取得して下さい。

2.　演題投稿システム
演題はUMIN投稿システムにて受け付けます。システムに関するご不明な点は投稿画面内のFAQページをご参照下さい。

3. 演題の区分

投稿画面は「一般演題」と「シンポジウム・ワークショップ指定演者」の２つに分かれています。指定演者以外の方は、「一般演題」よりお申込み下さい。

4. 発表分類

一般演題は、一般演題発表分類表（11頁に掲載）より、第１希望、第２希望を選択して下さい。

5. ワークショップへの採択希望

一般投稿演題より、ワークショップへの採択希望を募ります。
投稿時に採択希望の有無を確認します。採否の選考は、各ワークショップのオーガナイザーが行います。なお、ワークショップに採択となった演題は、ワークショップでの口頭発表とポスター発表の両方を行っていただきます。積極的にご応募下さい。

6. 連続発表希望（ポスター発表のみ）

ポスター発表においては、複数演題との連続発表希望を受け付けます。
連続発表を希望する全ての演題が投稿を終了した後に、年会ホームページにリンクされた指定の申請書類にて、一連の連続発表の代表者が演題の順序を申請して下さい。申請の際には、全ての演題の発表者氏名、演題の登録番号が必要となります。
なお、ワークショップに採択された場合、連続発表希望は考慮されませんのでご了承下さい。

7. 会員番号

投稿者（発表者）の会員番号を入力していただきます。
新会員管理システムへの移行に伴い、2007年、全会員へ数字６桁の会員番号が付与されております。同会員番号は、会報送付時の宛名右下【括弧】内にも記載されています。入会手続き中の場合には、投稿画面に「999999」と入力して下さい。会員番号が不明な場合は、日本分子生物学会事務局までお問い合わせ下さい（Tel: 03−3556−9600 E-mail: info@mbsj.jp）。

8. 本年度の会費の納入年月日

2009年度の日本分子生物学会会費を振り込んだ際の領収証（受領証）に記載されております受付日を入力していただきます。学会ホームページ上の会員管理システム「会費納入状況ページ」でも、会費入金日を確認することができます。納入年月日を確認できない場合は、下記の通り入力して下さい。

- 払い込んだが領収証（受領証）の控えを紛失した場合：
  納入日に「2009年１月３日」とご入力下さい。
- やむを得ず、未だ会費を振込んでいない場合：
  納入日に「2009年１月２日」とご入力下さい。会費は速やかにお振込み下さい。
- 入会手続き中の場合：
  納入日に「2009年１月１日」とご入力下さい。学会事務局より会費請求書が届きましたら、速やかにお振込み下さい。

9. 演題要旨の長さ

要旨本文は、スペースを含めて半角1,700文字（全角850文字）以内でご作成下さい。あらかじめ、適当なワープロプログラムで文字数（バイト数）を制限以内に調整した原稿を用意し、それを投稿画面にコピー・ペーストするようにして下さい。

10. 演題登録番号・パスワード

演題登録時に発行される「演題登録番号」および各自で設定・入力した「パスワード」を必ず控えておいて下さい。
一度投稿された登録情報･要旨の内容に修正を加える際には、この演題登録番号およびパスワードが必要となります。

11. 演題投稿受領通知

演題投稿後、入力したメールアドレス宛に登録番号を含む演題受領通知が送信されます。この通知は通常数分以内に到着しますが、もし演題受領通知メールがご自分の指定したメールアドレスに届かない場合は、メールアドレスに誤りがあったか、演題登録が完了していない可能性があります。メールアドレスを確認後、アドレスの入力に間違いがあった場合は再度ログインし、メールアドレスの変更を行って下さい。登録が完了していない場合は、再度登録をお願いします。

なお、フリーメールアドレスを登録した場合は、受領通知メールがうまく届かない場合があります。できるだけ固定メールアドレスを登録して下さい。

12. 投稿内容の修正

演題投稿受付期間中は、演題登録番号およびパスワードを入力することにより演題投稿画面にログインし、修正を行うことができます。修正回数に制限はありません。内容を更新するたびに、更新内容がメールで通知されますのでご確認下さい。投稿受付締切後の演題修正は原則として受け付けません。

13. 演題の取消

既に登録した演題を取消したい場合は、上記と同様の方法で演題投稿画面にログインし、「演題取消」を選択して演題を取消して下さい。折り返し、演題が取消されたことをお知らせするメールが送られます。投稿受付締切後の演題取消は原則として受け付けません。

14. 著者氏名のアルファベット表記

人名索引ページは、入力されたアルファベット表記をもとにソートをかけて作成されます。従って、同一人物であっても、入力されたアルファベット表記が異なる場合連続して掲載されません。複数の演題の著者となっておられる場合には、ご注意下さい。

15. 演題の採否の通知

10 月上旬頃にメールにてご連絡します（フリーメールアドレスを登録した場合は、受領通知メールがうまく届かない場合があります。できるだけ固定メールアドレスを登録して下さい）。なお、演題の採否、発表日についてはご一任願います。

【フォーラム企画の公募について（応募締切：2009年7月31日㈮）】

分子生物学分野のみならず、社会との関連が深い企画を「フォーラム」と位置づけ、1テーマ1時間半の時間枠（19：00～20：30）で、会員の皆様より企画を公募いたします。奮ってご応募下さい。

〈応募要領〉

下記事項をご記入のうえ、件名を「フォーラム企画応募」としてE-mailにて年会事務局宛にご応募下さい（E-mail：mbsj2009@aeplan.co.jp）。

1) テーマタイトル
2) オーガナイザーの氏名・所属（2名）
3) 概要（400字程度）
4) 予定演者の氏名・所属（応募時での演者による講演承諾は不要です）
5) 両オーガナイザーの氏名、連絡先
6) 予想される聴衆数

【年会前日 会場サテライトイベント利用の公募について（応募締切：2009年7月31日㈮）】

年会前日の12月8日㈫に、学会員に講演会場を貸し出します。サテライトシンポジウムや関連会合にご利用ください。ただし貸出会場数に限りがあり、原則として先着順といたしますので、お早めにご応募ください。

〈募集要項〉

- 12月8日㈫13：00～16：00の時間帯にご利用可能です。
- 会場は140席～280席のシアター形式です（内容により年会事務局にて会場規模を割り当てます）。
- マイク、プロジェクター、スクリーン等講演会場として必要となる標準的な備品は備えておりますが、看板などその他必要な備品がある場合には実費をご負担いただきます。
- 年会は会場を貸し出すのみであり、映像オペレーター等年会スタッフは配備されません。
- 企画者での運営をお願いいたします。
- 年会プログラム集（印刷版）に掲載します。
- 商業目的のイベントには貸出を行いません。

〈応募要領〉

下記事項をご記入のうえ、件名を「会場サテライト利用応募」としてE-mailにて年会事務局宛にご応募下さい（E-mail：mbsj2009@aeplan.co.jp）。

ただし貸出会場数に限りがありますので、上記締切日までに貸出枠が全て埋まっている場合には予めご容赦ください。

1) テーマタイトル
2) オーガナイザーの氏名、所属、連絡先、会員番号
3) 概要
4) 対象となる参加者（例：分子生物学会若手研究者 等）
5) 参加費徴収の有無
6) 予想される聴衆数

【年会日程表（予定）】

日付	時間帯	内容
12月9日（水）	9:00-11:30	シンポジウム
	11:45-13:00	男女共同ランチョンワークショップ
	12:00-13:00	バイテクセミナー
	13:15-15:45	ワークショップ
	19:00-20:30	フォーラム
	8:00頃-9:00（貼付）、16:00-19:00、19:00以降（撤去）	貼付／ポスター＆ディスカッション 16:00-19:00／撤去
	10:00-19:00	機器・試薬・書籍展示 バイオリソース展示、データベース紹介等
12月10日（木）	9:00-11:30	シンポジウム
	11:45-13:00	若手教育シンポジウム
	12:00-13:00	バイテクセミナー
	13:15-15:45	ワークショップ
	19:00-20:30	フォーラム
	8:00頃-9:00（貼付）、16:00-19:00、19:00以降（撤去）	貼付／ポスター＆ディスカッション 16:00-19:00／撤去
	10:00-19:00	機器・試薬・書籍展示 バイオリソース展示、データベース紹介等
12月11日（金）	9:00-11:30	シンポジウム
	11:45-13:00	総会 三菱化学奨励賞
	12:00-13:00	バイテクセミナー
	13:15-15:45	ワークショップ
	19:00-20:30	フォーラム
	8:00頃-9:00（貼付）、16:00-19:00、19:00以降（撤去）	貼付／ポスター＆ディスカッション 16:00-19:00／撤去
	10:00-19:00	機器・試薬・書籍展示 バイオリソース展示、データベース紹介等
12月12日（土）	9:00-11:30	ワークショップ
	12:00-13:00	バイテクセミナー
	16:30-18:00	市民公開講座
	8:00頃-9:00（貼付）、13:15-16:15、16:15以降（撤去）	貼付／ポスター＆ディスカッション 13:15-16:15／撤去
	10:00-16:15	機器・試薬・書籍展示 バイオリソース展示、データベース紹介等

【一般演題 発表分類一覧】

大 項 目		小 項 目	
1	分子構造・生命情報	a	遺伝子・核酸
		b	ゲノム構造
		c	ゲノム情報・バイオインフォマティクス
		d	タンパク質構造
		e	プロテオミクス
		f	分子進化
		g	糖・脂質
		h	その他
2	分子・複合体の機能	a	複製 (DNA・RNA・染色体)
		b	組換え・修復・変異
		c	染色体外因子 （ウイルス・ファージ・プラスミド・トランスポゾン）
		d	転写
		e	翻訳
		f	エピジェネティック制御
		g	RNA の機能・RNA プロセッシング
		h	ジーンサイレンシング
		i	生理活性物質
		j	その他
3	細胞の構造と機能	a	核内構造および機能・ゲノム機能 （染色体・クロマチン・核小体）
		b	細胞質オルガネラの構造・機能・形成
		c	細胞接着・細胞運動・細胞外基質
		d	タンパク質のプロセッシング・輸送・局在化
		e	生体膜・細胞骨格
		f	細胞増殖・分裂・周期
		g	シグナル伝達
		h	アポトーシス
		i	その他
4	発生と再生および神経科学	a	初期発生
		b	器官・形態形成
		c	再生・幹細胞・細胞分化
		d	生殖細胞・受精
		e	神経発生
		f	脳・神経系
		g	その他
5	免疫および疾患生物学	a	免疫
		b	老化
		c	がん
		d	遺伝性疾患
		e	その他
6	分子生物学的方法論、技術	a	DNA ・ RNA 工学
		b	タンパク質工学
		c	細胞工学・発生工学
		d	ケミカルバイオロジー
		e	病因解析および診断
		f	その他
7	その他	a	その他

【シンポジウム・ワークショップ日程表】

建物	フロア	会場名	部屋	12月9日(水)(第1日目) 9:00 ～ 11:30	12月9日(水)(第1日目) 13:15 ～ 15:45	12月10日(木)(第2日目) 9:00 ～ 11:30	12月10日(木)(第2日目) 13:15 ～ 15:45
会議センター	1階	第1会場	メインホール	**1S1** Molecular and cellular biology of pluripotent stem cells 丹羽 仁史・中辻 憲夫	**1W1** メタボロミクスが解き明かす代謝生物学 曽我 朋義・江角 浩安	**2S1** Emerging power of epigenomics in life science 佐々木 裕之・Yong-Joon Kim	
	3階	第2会場	301	**1S2** New phase of proteomics to uncover cellular functions 石濱　泰・Jesper V Olsen	**1W2** p53 研究のニューパラダイム 田中 知明・南野　徹	**2S2** Novel carbohydrate functions and disease mechanisms elucidated by gene-manipulated animals 古川 鋼一・北爪 しのぶ	**2W2** ユビキチンによる多彩な細胞機能制御メカニズム 岩井 一宏・中山 和久
	3階	第3会場	302	**1S3** Recent progress in the nuclear receptor biology 加藤 茂明	**1W3** 進化研究への新しい融合的アプローチ 倉谷 滋・阿形 清和	**2S3** Autophagy and the proteasome: intracellular proteolysis saves life 吉森　保	**2W3** 遺伝情報場の構築とダイナミクスに迫る多角的アプローチ 木村　暁・小布施 力史
	3階	第4会場	303	**1S4** Towards experimental systems biology at the organism level 上田 泰己・小早川 高	**1W4** ゲノム不安定性疾患の分子病態 菅澤　薫・関　政幸	**2S4** Recent progress on concepts of nuclear architecture and the control of genome function 原田 昌彦・Susan Gasser	**2W4** 染色体テリトリー・核内ドメインの構造機能研究の新展開 田代　聡・柴原 慶一
	3階	第5会場	304	**1S5** New horizons of chromosome dynamics study 荒木 弘之	**1W5** 染色体倍加装置のダイナミクス 釣本 敏樹・升方 久夫	**2S5** Integrated regulation of biological cycles 正井 久雄・程　肇	**2W5** ウェット研究者が情報技術的に自立するために：統合データベースプロジェクトからの提案 中村 保一・川本 祥子
	3階	第6会場	ラウンジ		**1W6** 多様性を生む RNA プログラム 井上 邦夫・稲田 利文		**2W6** 環境ストレスとゲノム安定性 関口 睦夫・真木 壽治
	3階	第7会場	311 ＋ 312		**1W7** 核様体研究から見る微生物ゲノム情報の制御機構 山本 兼由・大島　拓		**2W7** 染色体分配と細胞周期進行 丑丸 敬史・山本　歩
	3階	第8会場	313 ＋ 314		**1W8** シグナロソームを介した動・植物共有基盤原理 加藤 順也・松井　南		**2W8** 細胞による機械的ストレス感知の分子機構 二川　健・武田 伸一
	4階	第9会場	411 ＋ 412		**1W9** ナノバイオロジーによる基礎生物学の新展開 嶋本 伸雄・竹安 邦夫		**2W9** 難治性神経筋疾患に対する新世代の治療戦略 大野 欽司・石浦 章一
	4階	第10会場	413		**1W10** 細胞質分裂マシナリーの構造・形成と進化 細谷 浩史・村田　隆		**2W10** 昆虫と関連生物の多様性と進化メカニズムをさぐる 林　茂生・相垣 敏郎
	4階	第11会場	414 ＋ 415		**1W11** 免疫発生を制御する細胞間クロストークの分子基盤 秋山 泰身・高浜 洋介		**2W11** サイトカイン制御因子による多様な生体調節 益見 厚子・田村 智彦
	4階	第12会場	416 ＋ 417		**1W12** 炎症と癌を繋ぐ転写因子 NF-kB 研究の最先端 井上 純一郎・山岡 昇司		**2W12** 動植物の受精とアロ認証機構 岩野　恵・澤田　均
	5階	第13会場	501	**1S13** Frontiers of medical researches based on comprehensive genome analysis 辻　省次・Daniela S. Gerhard	**1W13** モデル生物を用いた医・薬学研究 石田 直理雄・野地 澄晴	**2S13** The mechanism of stem-cell maintenance and differentiation during plant reproductive development 野々村 賢一・荒木　崇	**2W13** 幹細胞と糖 西原 祥子・等　誠司
	5階	第14会場	502	**1S14** The front lines of research into RNA silencing mechanisms 塩見 美喜子・中山 潤一	**1W14** 寄生・共生微生物によるパラサイト戦略 山本 雅裕・嘉糠 洋陸	**2S14** Molecular and genetic approaches toward understanding behavior 小出　剛・Abraham Palmer	**2W14** Notch シグナル：セルバイオロジーから見えた新たな制御機構 北川 元生・松野 健治
	5階	第15会場	503 (小ホール)	**1S15** Systems molecular neuroethology based on neural circuits 飯野 雄一・William R. Schafer	**1W15** 心臓大血管形成における器官形成メカニズムの普遍性と独自性 三浦 直行・栗原 裕基	**2S15** Evolution of new-generation molecular biology driven by ultra-large-scale DNA sequencing 藤山 秋佐夫・菅野 純夫	**2W15** 翻訳後修飾・分解による細胞制御の構造生物学の最前線 箱嶋 敏雄・深井 周也

＜セッション番号について＞ 開催日 + シンポジウム（S）／ワークショップ（W）＋会場
（例） 3S16 ： 第 3 日目・シンポジウム・第 16 会場

建物	フロア	会場名	部屋	12月11日(金)(第3日目)		12月12日(土)(第4日目)
				9:00 〜 11:30	13:15 〜 15:45	9:00 〜 11:30
会議センター	1階	第1会場	メインホール	**3S1** New insights in omics research using next generation sequencers 林崎 良英・鈴木 治和		
	3階	第2会場	301	**3S2** Systems biology of cellular signaling 黒田 真也・Michael Stumpf	**3W2** ゲノムネットワーク解析が拓く新たな医療・バイオの世界 宮本 悦子・柳川 弘志	**4W2** 細胞の極性化と遊走を制御する分子機構 貝淵 弘三・菊池 章
		第3会場	302	**3S3** Molecular biology of asymmetrical cell division 小林 武彦	**3W3** 細胞周期とクロマチン制御 北川 雅敏・中山 敬一	**4W3** TOR 経路研究の最前線 前田 達哉・瓜谷 真裕
		第4会場	303	**3S4** Molecular dynamism of protein traffic and organelle biogenesis 藤木 幸夫・Ari Helenius	**3W4** 天然変性タンパク質による転写調節機構 西村 善文・菅瀬 謙治	**4W4** 血管多様性が生み出す生体機能と疾患 渡部 徹郎・山下 潤
		第5会場	304	**3S5** A new developments of evolutionary genomics 五條堀 孝・岡田 典弘	**3W5** 多様な生命現象を担う TGF-βのバイオロジー 宮澤 恵二・伊東 進	**4W5** 減数分裂の仕組み 渡邊 嘉典・篠原 彰
		第6会場	ラウンジ		**3W6** 生殖隔離のメカニズムとゲノム進化 倉田 のり・東山 哲也	**4W6** 地球温暖化防止への分子生物学の貢献ーバイオマスの完全糖化に向けたセルロソーム超タンパク質複合体の機能解明 植田 充美・田丸 浩
		第7会場	311＋312		**3W7** 原核生物で新たに見いだされた細胞複製の基本分子機構 小笠原 直毅・仁木 宏典	**4W7** インビボ分子生物学 〜光技術を駆使した新たな分子生物学〜 今村 健志・根本 知己
		第8会場	313＋314		**3W8** 相同組換え研究の新展開 菱田 卓・岩崎 博史	**4W8** 癌、生活習慣病の発現と時計遺伝子 池田 正明・榛葉 繁紀
	4階	第9会場	411＋412		**3W9** 慢性炎症：生活習慣病・癌に共通する基盤病態 小川 佳宏・尾池 雄一	**4W9** テトラスパニン研究の新展開 〜分子レベルからみたその機能と疾患との関わり〜 中西 徹・宮戸 健二
		第10会場	413		**3W10** 宿主・組織特異性を規定する宿主・寄生体インターフェイスの分子基盤 河津 信一郎・野崎 智義	**4W10** 発生タイミング：発育段階を調節する分子機構とその適応的意義 丹羽 隆介・小川 輝
		第11会場	414＋415		**3W11** 繊毛の形成機構と多彩な機能 横山 尚彦・廣野 雅文	**4W11** ファイトケミカルゲノミクスのための生物情報学 斉藤 和季・金谷 重彦
		第12会場	416＋417		**3W12** 小胞体・ゴルジ体における翻訳後修飾が可能にする新たな生体機能 岡島 徹也・佐藤 ちひろ	**4W12** 代謝適応と破綻にみる新たなミトコンドリア機能研究 中田 和人・石原 直忠
	5階	第13会場	501	**3S13** Centromeres and kinetochore-microtubule interactions 深川 竜郎・Iain M. Cheeseman	**3W13** 脊椎動物器官形成研究の新展開 川上 浩一・日比 正彦	**4W13** ゲノム異常抑制における翻訳後修飾系の機能 益谷 美都子・西谷 秀男
		第14会場	502	**3S14** Molecular basis for development and plasticity in the nervous system 榎本 和生・Kang Shen	**3W14** バイオイメージからの情報抽出：定量化とその先にあるもの 大浪 修一・森下 真一	**4W14** 遺伝子発現のセルバリアとしての核膜の構造・機能・ダイナミクス 原口 徳子・大隅 圭太
		第15会場	503 (小ホール)	**3S15** Biological clocks, the inputs and outputs 相賀 裕美子・岡村 均	**3W15** RNA とイントロン進化の最前線 金井 昭夫・渡邊 洋一	**4W15** クロマチン機能構造の階層性 堀越 正美・大山 隆

＜セッション番号について＞ 開催日＋シンポジウム（S）／ワークショップ（W）＋会場
（例） 3S16 ： 第 3 日目・シンポジウム・第 16 会場

【シンポジウムテーマ一覧】

掲載されている「予定スピーカー」は、5月末時点で確定している指定演者です。今後、指定演者の追加や変更となる場合があります。

※セッション番号について：開催日＋シンポジウム（S）＋会場
（例）3S6：第3日目・シンポジウム・第6会場

1S1　Molecular and cellular biology of pluripotent stem cells

オーガナイザー：丹羽 仁史（理化学研究所）・中辻 憲夫（京都大学）
予定スピーカー：山中 伸弥（京都大学）・Qi-Long Ying（USC）
Eran Meshorer（The Hebrew Univ. of Jerusalem）・饗庭 一博（幹細胞創薬研究所）
大串 雅俊（理化学研究所）・小出 寛（金沢大学）

Pluripotency is the cellular ability to give rise to all cell types. Several loss-of-function studies revealed the essential roles of the transcription factors such as Oct3/4 and Sox2, and their dominant function to establish pluripotency were disclosed by the generation of iPS cells. However, many other molecular mechanisms such as growth factor signaling, chromatin dynamics and regulation of cell survival are known to be involved in the maintenance of pluripotency. To achieve the complete management of pluripotent stem cells as a tool to generate the functional differentiated cell types as well as the genetically-engineered cells and animals, it is important to coordinate the knowledge about pluripotency obtained from the various molecular and cellular biological view points.

1S2　New phase of proteomics to uncover cellular functions
プロテオミクスによる細胞機能解析の新展開

オーガナイザー：石濱 泰（慶應義塾大学）・Jesper V Olsen（Univ. of Copenhagen）
予定スピーカー：Jesper V Olsen（Univ. of Copenhagen）・Matthias Selbath（MDC）
平林 淳（産業技術総合研究所）・西村 俊秀（東京医科歯科大学）・石濱 泰（慶應義塾大学）

Recent advances in mass spectrometry-based proteomics open new phases in cell biology as well as the clinical and pharmaceutical applications, and journals such as Science and Nature Methods, therefore, highlighted 'quantitative proteomics' as one of the most striking scientific fields in 2008. Especially, significant progress has been made in analyzing post-translational modifications (PTMs) such as phosphorylation and glycosylation in various types of cells. Together with stable isotope labeling techniques, the current analytical platforms allow quantitative proteomics to cover the entire proteome expressed in yeast, for instance. Based on these achievements, state-of-the-art proteomics has been applied to wide range of researches such as phosphorylation dynamics, profiling of cell surface glycosylation, protein expression dynamics induced by microRNAs and so on. Proteomics has also been recognized as a tool for drug discovery as well as biomarker discovery. In this symposium, two international young leaders in this field as well as three distinct Japanese scientists are invited to cover the wide range of topics and will introduce the frontlines as well as their recent achievement in this field.

1S3　Recent progress in the nuclear receptor biology
核内受容体研究の最前線

オーガナイザー：加藤 茂明（東京大学）
予定スピーカー：加藤 茂明（東京大学）・Christopher K. Glass（Univ. of California, San Diego）
Soo-Jong Um（Sejong Univ.）・大竹 史明（東京大学）ほか

Nuclear receptors are ligand-dependent transcriptional factors, and their transcriptional controls of target genes transmit signals of the fat-soluble ligands like steroid hormones into many aspects of biological events. The impact of nuclear receptor function has been also demonstrated in serious pathological states. Their transcriptional controls require chromatin reorganization and histone modifications. Recently, a number of epigenetic regulators supporting nuclear receptors have emerged, and histone modifying enzymes other than histone acetylases/deacetylases have been identified as transcriptional co-regulators. Such regulators appear to mediate the other intracellular signalings, generating negative

and positive cross-talks of nuclear receptor-mediated signalings with the other intracellular signaling pathways. From the biological impacts of nuclear receptor-mediated signal pathways, nuclear receptor proteins are drawing much attention as drug target molecules. In this symposium, the rapid progress of the related fields will be overviewed, and recent findings describing of nuclear receptor functions will be presented by top runner scientists in the world.

1S4　Towards experimental systems biology at the organism level
個体レベルのシステム生物学に向けて

オーガナイザー：上田 泰己（理化学研究所）・小早川 高（大阪バイオサイエンス研究所）

予定スピーカー：未定

Systems Biology is a natural extension of molecular and cellular biology, and can be defined as "biology after the identification of key gene(s)", beginning with the comprehensive identification and quantitative analysis of individual components, and leading to the ability to control systems toward the desired state and to design new ones. Systems Biology at the molecular-to-cellular level has been emerged and applied to some questions of molecular systems in cells. It is now high time to take a next step toward Systems Biology at the Organism level. In this symposium, we will discuss about the opportunities and challenges to this end.

1S5　New horizons of chromosome dynamics study

オーガナイザー：荒木 弘之（国立遺伝学研究所）

予定スピーカー：David Gilbert（Florida State Univ.）・Shahragim Tajbakhsh（Institut Pasteur）
正井 久雄（東京都臨床医学総合研究所）・白髭 克彦（東京工業大学）・高田 穣（京都大学）

In the cell cycle chromosomes replicates and are segregated into daughter cells. Chromosomes also recombine and are repaired when they are damaged. Till now, these processes have been studied extensively and some of them are revealed in a molecular level. However, still we have many things to be elucidated and new problems emerge. For example, while we believed that chromosomes are shuffled during cell division, it is revealed that asymmetric segregation takes place in at least germ cells. In this symposium, we will have five topics, which are recently focused; chromosome structure and replication timing during development, relationships between replication and the cell cycle checkpoints, cohesion of chromosomes, orchestration of repair and checkpoints, and asymmetric segregation of chromosomes. We will further discuss future direction of this field.

1S13　Frontiers of medical researches based on comprehensive genome analysis

オーガナイザー：辻 省次（東京大学）・Daniela S. Gerhard（National Cancer Inst.）

予定スピーカー：門脇 孝（東京大学）・辻 省次（東京大学）
David A. Wheeler（Baylor College of Medicine）・柴田 龍弘（国立がんセンター）
Daniela S. Gerhard（National Cancer Inst.）

The recent advances in technologies for genome analysis are quite remarkable including genome-wide association studies (GWAS) using DNA microarrays and re-sequencing of genome using next-generation DNA sequencers. It is expected that the discovery of genes associated with the pathogenesis of various diseases will be dramatically accelerated with such technological advances. In this symposium, focusing on cancer, common diseases (diabetes mellitus), and neurological disorders, we will have exciting presentations by leading researchers in the field of genome analyses. Through their talks and discussion, we will learn the immeasurably large impact of the novel genome analysis technologies for the research on disease mechanisms. Moreover, we should be able to find out the frontiers of medical research and get clues for future development in the field.

1S14　The front lines of research into RNA silencing mechanisms

オーガナイザー：塩見 美喜子（慶応義塾大学）・中山 潤一（理化学研究所）

予定スピーカー：Qinghua Liu（UTSW）・中山 潤一（理化学研究所）・望月 一史（IMBA）・Vincent Colot（CNRS）
三嶋 雄一郎（Yale Univ.）・塩見 美喜子（慶應義塾大学）

Gene silencing mechanisms that are mediated by small RNAs of 20-30 nucleotides are collectively called RNA silencing.

The representative mechanism is RNA interference or RNAi. RNA silencing is highly conserved in various species, including yeast, fish, flies, plants and even mammals. Such strong evolutional conservation implies that RNA silencing has an intrinsically important physiological function in living creatures. Indeed, it has been shown that RNA silencing is needed for vital biological processes such as development, apoptosis, neural patterning and innate immune system. Since the discovery of RNAi in 1998, various kinds of endogenous small RNAs have been identified, including microRNAs (miRNAs), endogenous small-interfering RNAs (endo-siRNAs) and PIWI-interacting RNAs (piRNAs). All these small RNAs function in RNA silencing by specifically associating with members of Argonaute family of proteins and guiding them to their target genes. However, schemes of gene expression regulation that different small RNA classes guide are diverse. They also show differences in the proteins required for their production pathways. In this symposium we highlight diverse RNA silencing pathways in both vertebrates and invertebrates. The main aim of the symposium is to reassess of the complexity and the ingenuity of RNA silencing mechanisms in a variety of organisms. From this we hope to realize new idea for advancing research in the RNA silencing or even other fields.

1S15　Systems molecular neuroethology based on neural circuits
神経回路を基盤とするシステム分子行動学

オーガナイザー：飯野 雄一（東京大学）・William R. Schafer（MRC Laboratory of Molecular Biology）
予定スピーカー：William R. Schafer（MRC Laboratory of Molecular Biology）
齊藤 実（東京都神経科学総合研究所）・吉原 良浩（理化学研究所）
上川内 あづさ（東京薬科大学）・久保 健雄（東京大学）ほか

Most animal behaviors are based on the functions of genes, but there is a large gap between genes and animal behaviors in our current understanding. However, recent advancement of molecular biology and other fields of science are starting to make it possible to fill in the gap. In this symposium, we will survey the current status of this rising field of science and discuss the possible strategies for future advancement in our understanding of animal behavior.

2S1　Emerging power of epigenomics in life science
エピゲノム研究が拓く新しい生命科学

オーガナイザー：佐々木 裕之（国立遺伝学研究所）・Yong-Joon Kim（Yonsei Univ.）
予定スピーカー：佐々木 裕之（国立遺伝学研究所）・Yong-Joon Kim（Yonsei Univ.）・Bing Ren（UCSD）
牛島 俊和（国立がんセンター研究所）・角谷 徹仁（国立遺伝学研究所）

With the recent advances in epigenomics analysis technologies using microarrays and next generation DNA sequencers, it has now become possible to gain detailed and genome-wide pictures of epigenetic modifications of various cell types under normal and disease conditions. The epigenomics data obtained in this way are now enabling us to identify previously unknown features of pluripotential stem cells and cancer cells and beginning to unravel epigenetic mechanisms of various biological pathways and phenomena. This symposium focuses on the frontline of epigenomics studies and seeks for the future direction of epigenomics.

2S2　Novel carbohydrate functions and disease mechanisms elucidated by gene-manipulated animals
遺伝子改変動物から学んだ新たな糖鎖機能と疾患メカニズム

オーガナイザー：古川 鋼一（名古屋大学）・北爪 しのぶ（理化学研究所）
予定スピーカー：Richard Cummings（Emory Univ. School of Medicine）・Kelly Ten Hagen（NIDCR, NIH）
古川 鋼一（名古屋大学）・北爪 しのぶ（理化学研究所）・北川 裕之（神戸薬科大学）ほか

Glycosylations in glycoproteins play roles in intracellular targeting, addition of new functions or switching of proteins. They are also involved in the regulation of signaling forming molecular complexes on the cell membrane. In particular, recent progress in the analyses of gene-modified animals of “glyco-genes” responsible for the synthesis and metabolism of carbohydrate chains has allowed us to investigate and clarify novels functions of sugar chains that have never been anticipated 20 years ago. Moreover, molecular mechanisms of involvement of particular carbohydrate structures in diseases such as cancers, infection/inflammation, neurodegeneration, and metabolic syndrome have been clarified based on the studies with cells and tissues derived from the gene-modified animals. These things might indicate that glycobiology

has entered into "new dimension". In this symposium, newest information on glycobiology will be presented, and future scope will be discussed by inviting investigators showing outstanding progress.

2S3　Autophagy and the proteasome: intracellular proteolysis saves life

オーガナイザー：吉森 保（大阪大学微生物病研究所）

予定スピーカー：村田 茂穂（東京大学）・Andreas Matouschek（Northwestern Univ.）・吉森 保（大阪大学）
水島 昇（東京医科歯科大学）・Li Yu（Tsinghua Univ.）

In the end of last century, biologist realized that degradation is critical for life as well as synthesis. Autophagy and the proteasome system are major intracellular protein degradation pathways and the recent advancement in the field has unraveled their unexpected pleiotropic roles. Autophagy degrades cytoplasmic materials by forming autophagosomes and its fusion with lysosomes. This bulk degradation process contributes to survival during starvation, cytoplasmic renewal, organelle turnover, elimination of intracellular aggregate-prone proteins and pathogens, innate and acquired immunity, programmed cell death, aging, etc. The ubiquitin-dependent proteolysis by the proteasome also serves a diverse array of cellular processes including cell-cycle regulation, DNA repair, apoptosis, signal transduction, and protein quality control by catalyzing selective degradation of short-lived regulatory proteins and damaged proteins. Recently, it has been reported that the both degradation pathways are profoundly related in pathophysiology of various human diseases including tumors and neurodegenerative diseases. Despite their importance, mechanisms in which their function is regulated remain elusive. The contributors to this symposium were chosen because they have shed a new light on molecular machinery and role of autophagy and the proteasome system.

2S4　Recent progress on concepts of nuclear architecture and the control of genome function
細胞核アーキテクチャーに基づくゲノム機能制御：そのコンセプトの最新像

オーガナイザー：原田 昌彦（東北大学）・Susan Gasser（Friedrich Miescher Inst.）

予定スピーカー：Susan Gasser（Friedrich Miescher Inst.）
Christoph Cremer（Kirchhoff-Institut fuer Physik）・Peter Fraser（The Babraham Inst.）
平岡 泰（大阪大学）・城石 俊彦（国立遺伝学研究所）・原田 昌彦（東北大学）

Genome function is governed by both the organization of chromatin and the spatial arrangement of chromatin within the cell nucleus. In addition to local alterations in chromatin structure, the spatial organization of the nucleus is altered during cell differentiation and development. The nucleus is a dynamic organ that is functionally compartmentalized. Chromatin is spatially arranged in the compartments and forms various functional structures. Recent studies have indicated that the nuclear envelope, including the nuclear membrane, lamins, and nuclear pore complex, plays important roles in genome function. However, information about nuclear architecture, including the molecular composition and dynamics of structures inside the nucleus, is limited. To understand genome functions such as epigenetic gene regulation, it is now important to review our concepts of nuclear architecture in the light of recent observations. The organizers and speakers expect that concepts of nuclear architecture could be advanced through active discussion among the participants.

2S5　Integrated regulation of biological cycles
生物サイクルの統合的制御機構の理解をめざして

オーガナイザー：正井 久雄（東京都臨床医学総合研究所）・程 肇（金沢大学）

予定スピーカー：程 肇（金沢大学）・Benjamin P. Tu（Univ. of Texas Southwestern Medical Center）ほか

Life on earth has been under the influence of earth rotation and revolution ever since its birth. Thus, the biological cycles must be deeply rooted in the biological systems of all the lives on this planet. Cell cycle is one of the most intensively studied biological cycles. Its regulation is intimately related to the growth and differentiation of cells, and malfunctions of this system has been shown to be related to generation of numerous diseases including cancer. Circadian rhythm is also a well known biological cycle which is observed from single cell baterium to human. Metabolic cycle is observed in yeasts grown under nutrient-limited conditions, causing alteration between glycolytic and respiratory metabolism. Recent results strongly suggest the links between different biological cycles. Most notably, factors commonly involved in circadian regulation and cell cycle/ DNA damage response control have been identified, indicating the coupling of these two cyclic

events. More recently, the synchronous coupling between the metabolic and cell cycles and a critical role of a checkpoint kinase in this synchrony were reported. These results suggest the presence of a mechanism responsible for coordinated regulation of various biological cycles. In this symposium, we would like to discuss the mechanisms of integrated regulation of various biological cycles and how this might impact on fundamental understanding of biological oscillations in lives on earth and potentially on development of novel strategies for treatment of various diseases.

2S13　The mechanism of stem-cell maintenance and differentiation during plant reproductive development

オーガナイザー：野々村 賢一（国立遺伝学研究所）・荒木 崇（京都大学）
予定スピーカー：伊藤 寿郎（Temasek Life Sciences Lab.）・YU, Hao（Temasek Life Sciences Lab.）
長谷部 光泰（基礎生物学研究所）・平野 博之（東京大学）・野々村 賢一（国立遺伝学研究所）

During early stages of reproductive development, plant stem cells in the shoot apical meristem generate inflorescence and floral organs in which germ cells are differentiate and fertilization is finally achieved. These processes are controlled by complicated gene networks. This symposium will focus on the genetic mechanism controlling a series of early events in plant reproduction: maintenance and termination of reproductive meristem, and consequent germ-cell initiation.

2S14　Molecular and genetic approaches toward understanding behavior
行動の分子遺伝学的基盤を理解するための新戦略

オーガナイザー：小出 剛（国立遺伝学研究所）・Abraham Palmer（Univ. of Chicago）
予定スピーカー：Ralph Greenspan（The Neurosciences Inst.）・岡本 仁（理化学研究所）
小出 剛（国立遺伝学研究所）・Abraham Palmer（Univ. of Chicago）
宮川 剛（藤田保健衛生大学）・古市 貞一（理化学研究所）

In this session we will explore molecular and genetic approaches to understanding behavior. In recent years a variety of powerful approaches have been used to ask fundamental questions about how the nervous system controls behavior. In addition, the immense variability that is observed within a species is partially due to genetic variability; understanding which genes influence specific normal and pathological behaviors is a major goal of behavioral genetics. This session will feature 6 talks that demonstrate how organisms ranging from invertebrates to humans can be used to address these questions. Integration of animal models with studies of human diseases is one goal, however we also hope to obtain fundamental insights into the genetic architecture of behavior. We hope to stimulate an intense discussion of this topic by presenting recent findings as well as to provide a sense of the way forward.

2S15　Evolution of new-generation molecular biology driven by ultra-large-scale DNA Sequencing
超大量 DNA シーケンシングが拓く分子生物学の新展開

オーガナイザー：藤山 秋佐夫（国立情報学研究所 / 国立遺伝学研究所）・菅野 純夫（東京大学）
予定スピーカー：藤山 秋佐夫（国立情報学研究所 / 国立遺伝学研究所）・菅野 純夫（東京大学）
油谷 浩幸（東京大学）・黒川 顕（東京工業大学）
David Adams（The Wellcome Trust Sanger Inst.）

New-generation DNA sequencers have opened up new windows of life science to provide genomic view of life systems to researchers through their vast productivity of DNA sequences and the relevant information. Because of this ability, these machines are now used for individual genome sequencing and exhaustive mRNA analysis. In addition, they also provide genome-wide analysis of DNA modifications, which is coupled to epigenome or aging, nucleosome distributions, or many ncRNAs, On the other hand, the new technology is also demanding for computational power and informatics to the users, because they produce tens of millions of sequence reads (>several Giga ntds) per single run., and additional Tera-bite order graphic files during the operation. This symposium is intended to provide the audience about basics of new-generation sequencing, and recent advance of genome-based life sciences including informatics studies.

3S1　New insights in omics research using next generation sequencers
次世代シーケンサーを用いたオミックス研究の進展
オーガナイザー：林崎 良英（理化学研究所）・鈴木 治和（理化学研究所）
予定スピーカー：Piero Carninici（理化学研究所）・鈴木 治和（理化学研究所）
Thomas R Gingeras（Cold Spring Harbor Lab.）
Sean M Grimmond（The Univ. of Queensland）・Ghia Euskirchen（Yale Univ.）

Genome science has recently advanced greatly because the development of next generation sequencers has enabled us to generate a huge amount of data very quickly at reasonable cost. The purpose of this symposium is not to introduce the next generation sequencers, but more to focus on the promises of advanced research using these instruments, which is now a very hot research area. Omics Science Center will discuss transcriptome analysis; promoter research and transcription regulation research, achieved using deepCAGE technology as a part of FANTOM4, will be presented. Recent large scale sequencing analysis of small RNA will also be introduced, and recent advances in large scale genome sequencing analysis and ChIP-seq analysis will be presented. At the end of the presentations, we will have a perspective of the research and Q&A.

3S2　Systems biology of cellular signaling
シグナル伝達のシステムズバイオロジー
オーガナイザー：黒田 真也（東京大学）・Michael Stumpf（Imperial College London）
予定スピーカー：尾崎 裕一（東京大学）・若本 祐一（東京大学）・鵜飼 英樹（理化学研究所）
柴田 達夫（広島大学）・Karen Sachs（Stanford Univ.）
Michael Stumpf（Imperial College London）

Cellular signaling regulates various biological functions, and analyzing the dynamics of such cellular signaling is essential for understanding the biological processes. The same cellular signaling can regulate cellular process in a deterministic manner where behaviors of single cells are the same as those of an average of a mass population of cells, and in a stochastic manner where behaviors of single cells is the different from those of an average of a mass population of cells including an all-or-none process. Such regulatory difference will shed light on the hidden properties and mechanisms of the dynamics of cellular signaling. In this symposium, we will focus on both experimental and theoretical studies of the molecular and biophysical mechanisms underlying stochastic signaling processes in cellular systems.

3S3　Molecular biology of asymmetrical cell division
不等分裂の分子生物学
オーガナイザー：小林 武彦（国立遺伝学研究所）
予定スピーカー：小林 武彦（国立遺伝学研究所）・Judith Frydman（Stanford Univ.）
Elmar Schiebel（Univ. of Heidelburg）・鳥居 啓子（Univ. of Washington）
松崎 文雄（理化学研究所）

Asymmetrical cell division is commonly observed during development in multi cellular organisms. Thanks to this cell division, the organisms can get many different cell types and establish complicated structures. Recent studies show that asymmetrical cell division is also seen even in unicellular organisms, such asyeast and E. coli. In these organisms, the division is related to extension of lifespan. Moreover, in addition to proteins, RNA and organelles, it is found that DNA (certain plasmids and chromosomes) are localized asymmetrically to one half of the cell. In this symposium, we will introduce and discuss about the molecular mechanism of asymmetrical cell divisions observed in various organisms.

3S4　Molecular dynamism of protein traffic and organelle biogenesis
タンパク質細胞内輸送とオルガネラ形成制御の分子基盤
オーガナイザー：藤木 幸夫（九州大学）・Ari Helenius（ETH Zurich）
予定スピーカー：藤木 幸夫（九州大学）・遠藤 斗志也（名古屋大学）・米田 悦啓（大阪大学）
Ari Helenius（ETH Zurich）ほか

Subcellular compartments called organelles have unique protein compositions, yet protein synthesis only occurs mostly

in the cytosol and a little in mitochondria and chloroplasts. How are these proteins transported where they need to be located? The first steps are targeting to an organelle and efficient translocation across its limiting membrane. How are the diverse sequences of proteins recognized for translocation by the transport systems/machineries? Are they translocated as linear polypeptide chains or after folding? What are the proteins and the lipid environment that catalyze the protein transport? How is the protein translocation coordinated with its synthesis and folding? How are the partially translocated transmembrane proteins released into the lipid bilayer? Furthermore, during the cell cycle, each organelle must double in size, divide, and be delivered to its proper location in the daughter cells. How are such events accomplished and regulated? We address here molecular mechanisms underlying such fascinating as well as fundamental issues.

3S5　A new developments of evolutionary genomics
ゲノム進化学の新たな展開

オーガナイザー：五條堀 孝（国立遺伝学研究所）・岡田 典弘（東京工業大学）
予定スピーカー：五條堀 孝（国立遺伝学研究所）・岡田 典弘（東京工業大学）・明石 裕（国立遺伝学研究所）
Giorgio Bernardi（Statione Zoologica at Naples）・池尾 一穂（国立遺伝学研究所）

Thanks to the advancements of nucleotide sequencing technologies, it has become possible to produce not only a tremendous number of genome sequences for various organisms but also a wide spectrum of molecular information such as transcripts, DPI (DNA-Protein Interaction), PPI (Protein-to-Protein Interaction), epigenomic data, and metagenomic data. This provides us with a unique and great opportunity of studying evolutionary mechanisms of unknown and important phenomena from the viewpoint of comparative genomics. Here, we would discuss a number of topics that can be studied most effectively by comparative genomics.

3S13　Centromeres and kinetochore-microtubule interactions

オーガナイザー：深川 竜郎（国立遺伝学研究所）・Iain M. Cheeseman（Whitehead Inst /MIT）
予定スピーカー：Michael Lampson（Univ. of Pennsylvania）
Sue Biggins（Fred Hutchinson Cancer Research Center）
Iain M. Cheeseman（Whitehead Institute/MIT）・石井 浩二郎（大阪大学）・渡邊 嘉典（東京大学）
深川 竜郎（国立遺伝学研究所）

Faithful chromosome segregation during mitosis and meiosis is essential for the accurate transmission of genetic material. To facilitate this, each replicated sister chromatid assembles a kinetochore on centromeric DNA which forms a dynamic interface with microtubules from the mitotic spindle. In recent years, multiple conserved kinetochore proteins have been identified and characterized in diverse eukaryotic organisms using a combination of approaches. However, it is still not fully understood how the kinetochore interacts with chromosomal DNA, builds this extensive macromolecular structure, interacts with microtubules from the spindle apparatus, and is precisely regulated during cell division. In this symposium, speakers will discuss recent progress on centromere biology including the molecular regulation of kinetochore assembly and kinetochore-spindle interactions during mitosis or meiosis. We look forward to an active and stimulating discussion in this session to impact the future direction of this field.

3S14　Molecular basis for development and plasticity in the nervous system
神経回路形成と可塑性を司る多様な分子メカニズム

オーガナイザー：榎本 和生（国立遺伝学研究所）・Kang Shen（Stanford Univ.）
予定スピーカー：Kang Shen（Stanford Univ.）・後藤 由季子（東京大学）
Akihiko Kato（Eli Lilly and Company）・来栖 光彦（国立遺伝学研究所）
榎本 和生（国立遺伝学研究所）・井ノ口 馨（三菱化学生命科学研究所）

The last decades in neuroscience have seen major progress in the cellular and molecular understanding of the nervous system. Major advances have occurred in our understanding of the molecular and genetic determination of building neuronal pathways including neural differentiation, migration, process formation, and axon guidance. In comparison, less is understood about the molecular mechanisms that regulate the later events such as how neurons choose their synapse partners among contacting cells, how neurons remodel their connectivity in response to the environment and

to neuronal activity, and how neurons maintain their unique wiring through the life. Recent advances in the genetic and imaging techniques have been making it possible to visualize and manipulate the whole processes in neural development and plasticity, thus providing big opportunities to tackle the unsolved issues. This symposium will look at various aspects of neural development and plasticity, with the aim of further understating how individual neurons can be integrated into a functional neural circuits.

3S15 Biological clocks, the inputs and outputs

オーガナイザー：相賀 裕美子（国立遺伝学研究所）・岡村 均（京都大学）
予定スピーカー：Alexander Aulehla（European Molecular Biology Lab.）・相賀 裕美子（国立遺伝学研究所）
深田 吉孝（東京大学）・Hai-Ying Mary Cheng（Univ. of Ottawa）・土居 雅夫（京都大学）
勢井 宏義（徳島大学）

The biological clock regulates periodic (cyclic) phenomena in living organisms, in which the most important one is the circadian rhythm, a roughly 24 hour-cycle shown in nearly all organisms and that affects many biological and physiological responses. However, the variations of the timing and duration of biological activity in living organisms occur for many essential biological processes. For example, segmentation clock involved in the somite formation is functional only during embryogenesis and the duration is variable depending on animal species. In this symposium, we focus on two distinct clock systems, circadian clock and segmentation clock to further extend their understandings by exchanging the conceptual framework. We discuss the basic negative feed-back mechanisms involved in the oscillatory gene regulations in both systems and mechanisms to translate the clock information into the physiological output events. We expect that interdisciplinary discussions will provide a good opportunity to elicit and stimulate new collaborative works and engagement of young investigators in this field.

【ワークショップテーマ一覧】

掲載されている「予定スピーカー」は、5月末時点で確定している指定演者です。今後、指定演者の追加や変更となる場合があります。
このほか、ワークショップでは、一般演題からの採択を行います。詳しくは前述の【一般演題の募集について】をご参照ください。会員の皆様の積極的なワークショップ採択ご応募をお待ちしております。

※セッション番号について：開催日＋ワークショップ（W）＋会場
（例）4W1：第4日目・ワークショップ・第1会場

1W1　メタボロミクスが解き明かす代謝生物学

Metabolomics: A new approach to elucidating biology

オーガナイザー：曽我 朋義（慶應義塾大学）・江角 浩安（国立がんセンター東病院）
予定スピーカー：曽我 朋義（慶應義塾大学）・江角 浩安（国立がんセンター東病院）・三浦 正幸（東京大学）
及川 彰（理化学研究所）

代謝物は遺伝子と酵素の発現に基づいて生産される一方、代謝物の変動が遺伝子や酵素の発現を制御する。また、生体に不可欠であるエネルギーやDNA、タンパク質、脂質などの生体高分子の前駆体は代謝によって生産される。この複雑に相互作用している分子ネットワークの動的な振る舞いを解明しないかぎり、生命現象を包括的に理解することはできない。メタボロミクスは、細胞や生体内に存在する代謝物質の変化をバイアスのかからない手法で網羅的に探索し、生命現象を包括的に理解しようとする新たな方法論である。最近の分析技術、データ処理技術の発展に伴い、代謝産物の網羅的な測定が可能になり様々な分野で興味深い研究成果が生まれてきた。本シンポジウムでは、メタボローム解析を用いてヒトや哺乳動物の生命維持や疾患に関与する代謝調節機構の解明に取り組まれている研究者に最先端の成果を紹介して頂く。

1W2　p53研究のニューパラダイム

New paradigm for tumor suppressor p53

オーガナイザー：田中 知明（千葉大学）・南野 徹（千葉大学）
予定スピーカー：大木 理恵子（国立がんセンター研究所）・荒川 博文（国立がんセンター研究所）
田中 知明（千葉大学）・吉田 清嗣（東京医科歯科大学）・的場 聖明（京都府立医科大学）
南野 徹（千葉大学）

癌抑制遺伝子p53は、ゲノムの守護神とも呼ばれ、細胞周期停止や細胞老化、アポトーシス誘導を介して癌抑制機能を発揮しているが、他にも血管新生制御･紫外線による色素沈着など多彩な生理作用を有していることが報告されている。最近では、解糖系や細胞内ROS調節、ミトコンドリアの呼吸・エネルギー代謝、オートファジー等、新たな細胞生理機能に加えて、心血管系の制御や内分泌代謝調節など、正常細胞や組織・臓器における生理学的あるいは病理学的な役割がトップジャーナルに報告されている。本ワークショップでは、p53に関する最近のトピックを臓器横断的な視点と多様な分子作用メカニズムの観点から深く広く掘り下げることによって、p53研究の新たなる展開について議論したい。

1W3　進化研究への新しい融合的アプローチ

Integrative approaches towards evolutionary studies

オーガナイザー：倉谷 滋（理化学研究所）・阿形 清和（京都大学）
予定スピーカー：未定

生物の進化過程を発生を通じて研究する戦略にも新しい展開が訪れつつある。単に相同遺伝子の発現制御ネットワークの変容から、特定の動物群やそのボディプランの起源を問うのではなく、進化的変化における概念的、機構的背景が本格的な問題とされるようになってきた。そこでは例えば、形態進化におけるモジュール構造の認識方法とその統合や乖離の検出、特定の淘汰において標的となる遺伝子座の網羅的同定と機能的解析、種や科のレベルでの表現型進化におけるシス制御の変化の同定などを通じて、表現型とゲノム型の関係がいよいよ明らかにされつつある。本シンポジウムでは、数理生物学、集団遺伝学、ゲノム科学などとの新しい統合を予感させる研究を集め、進化発生学の新しい方向性を模索した。

1W4　ゲノム不安定性疾患の分子病態

Molecular pathology of genetic instablity disorders

オーガナイザー：菅澤 薫（神戸大学）・関 政幸（東北大学）

予定スピーカー：田中 亀代次（大阪大学）・益谷 央豪（大阪大学）・石合 正道（京都大学）・関 政幸（東北大学）
菅澤 薫（神戸大学）

ゲノムDNAが損傷を受けた際に本来働くべき修復、あるいは細胞応答に関わる分子機構に異常を示すさまざまな遺伝性疾患が知られている。色素性乾皮症やウェルナー症候群、ブルーム症候群など、これらの疾患の多くが主にゲノムの不安定化に起因する高発がん性を示す一方、それぞれの疾患において神経変性、早期老化、成長遅延、運動障害、再生不良性貧血など、多様な病態の合併が見られる。これらの疾患の原因遺伝子、およびそのタンパク質産物の機能解析から、細胞のDNA修復や損傷応答に関わる分子機構の解明が進むのに伴い、生体内における高次制御機構や他の細胞機能とのクロストークに注目した新たな研究が展開されつつある。本ワークショップではゲノム不安定性疾患の原因遺伝子産物が関わる分子機構に焦点をあて、それぞれの疾患の病態発現機構の理解へ向けて最新の研究成果を基に討論を行う。

1W5　染色体倍加装置のダイナミクス

Molecular dynamics of chromosome doubling apparatus

オーガナイザー：釣本 敏樹（九州大学）・升方 久夫（大阪大学）

予定スピーカー：釣本 敏樹（九州大学）・升方 久夫（大阪大学）・村上 洋太（北海道大学）
Katsunori Sugimoto（UMDNJ）・Stephen P. Bell（MIT）

真核細胞の増殖に伴い染色体を正確に倍加する過程では、複製が起点となって分配にいたるまでの多様な反応が、チェックポイント制御のもと緻密な連係をとって進行する。最近、複製装置の研究が発信源となって染色体倍加に係る反応装置の構成、実体が明らかにされつつある。本ワークショップでは、酵母からヒトまでの多様な材料について、染色体倍加装置の構成、連係、チェックポイント制御に関した研究を集め、最新の研究動向についてのreviewを行うとともに、細胞の分化、がん化、寿命との関わりを視点に入れて、今後の研究の展望についても議論する。

1W6　多様性を生むRNAプログラム

Diversity achieved by RNA program

オーガナイザー：井上 邦夫（神戸大学）・稲田 利文（名古屋大学）

予定スピーカー：井上 邦夫（神戸大学）・大野 源太（東京医科歯科大学）・鈴木 勉（東京大学）
廣瀬 哲郎（産業技術総合研究所）・前田 明（藤田保健衛生大学）・吉田 稔（理化学研究所）

生物の持つ複雑で巧妙な形態・機能の獲得には、RNAレベルでの遺伝子発現制御プログラムが重要な役割を果たしている。遺伝子発現の多様性を生む原動力となっている選択的スプライシングや選択的プロセシング、RNAエディティングなどは時空間特異的あるいは細胞環境による制御を受けており、これらの制御機構の破綻による疾患も注目されている。本ワークショップでは、多様性を生むRNAプログラムについて研究の現状を紹介し、今後の展望について議論したい。

1W7　核様体研究から見る微生物ゲノム情報の制御機構

New frontier of functional regulation in the nucleoid with high- ordering structure

オーガナイザー：山本 兼由（法政大学）・大島 拓（奈良先端科学技術大学院大学）

予定スピーカー：大島 拓（奈良先端科学技術大学院大学）・田上 英明（名古屋市立大学）
戸邉 亨（大阪大学）・仁木 宏典（国立遺伝学研究所）・円山 由郷（京都大学）
Steve Busby（The Univ. of Birmingham）

ゲノムDNAの規則的な折りたたみ構造や、その構造変化による転写制御は、真核細胞においてのみ見出される現象だと考えられてきた。しかしながら、近年、バクテリア細胞内に豊富に存在するDNA結合タンパク質（核様体タンパク質）が、バクテリアの核というべき核様体の規則的な構造を構築している可能性が示されている。このような核様体タンパク質は多くの遺伝子の発現を強く抑制しており、核様体タンパク質と競合的に働く転写制御因子や生育環境の変化による脱抑制の仕組みが明らかとなりつつある。さらに、核様体タンパク質による転写抑制が外来から取り込まれた遺伝子群に対して積極的に機能しており、バクテリアの多様性維持に寄与していると考えられている。これらの知見は、バクテリア核様体が、真核細胞の染色体と同様に、高度な構造を保持し、遺伝情報の発現制御、伝播、分配を行っている可能性を示している。本ワークショップでは、様々なバクテリアの生命現象を支える核様体の最新知見を基に、核様体研

究の今後の展望ついて議論する。

1W8　シグナロソームを介した動・植物共有基盤原理

Signalosome-mediated basic principles common to plants and animals

オーガナイザー：加藤 順也（奈良先端科学技術大学院大学）・松井 南（理化学研究所）

予定スピーカー：加藤 順也（奈良先端科学技術大学院大学）・松井 南（理化学研究所）・山口 淳二（北海道大学）
Daniel A. Chamovitz（Tel Aviv Univ.）・岩井 一宏（大阪大学）・千葉 智樹（筑波大学）

シグナロソームとは、その名のとおり、外部シグナルを細胞内信号に変換し種々の細胞応答を誘導する高次生命調節機構（蛋白質複合体）であり、最初植物で光形態形成の抑制因子として発見されたが、今では、酵母から高等植物・哺乳動物に至るまで非常に高度に保存され、広範囲の生物学的応答反応に関与することが報告されている。また、プロテアソーム Lid 複合体やタンパク質合成に関与する eIF3 複合体との類似性から、タンパク質の分解と合成が細胞内の信号により協調的に調整される可能性が指摘されている。本ワークショップでは、エンドサイクルにかかわる分子的経路との関係の解明、Cullin-RING ユビキチンリガーゼの活性制御、（脱）Nedd8 化経路との関係に注目するほか、シグナロソーム機能と関係の深い研究項目を重視し、「シグナロソーム研究」の推進により、「動物と植物の間で真に共有した基盤」を探り、新たな原理の発見を目指す。

1W9　ナノバイオロジーによる基礎生物学の新展開

Nanobiology as a foundation of basic biology

オーガナイザー：嶋本 伸雄（国立遺伝学研究所）・竹安 邦夫（京都大学）

予定スピーカー：嶋本 伸雄（国立遺伝学研究所）・竹安 邦夫（京都大学）・船津 高志（東京大学）
川岸 郁朗（法政大学）・小寺 秀俊（京都大学）・Alexander Dunn（Stanford Univ.）

分子生物学の「分子」が実は DNA を意味したように、ナノバイオロジーの「ナノ」は実際には分子を意味している。ナノバイオロジーも 20 年を過ぎ、1 分子ダイナミクスや 1 分子メカニクス等による分子機構の解明の例も蓄積しつつある。しかし、多分子の挙動の平均を 1 分子の動きに分解することが、常に意味を持つわけではなく、ナノ操作ナノ計測は、イメージングや計測による単なる分子的記述や確認実験に傾きがちである。生物学は、いくつかのミクロとマクロの技術を組み合わせて始めて新しいものが出てくる成熟度に達している。生理機構の解明や生理的な現象から概念を導く、基礎生物学としての深みには到達していない研究も多い。ナノバイオロジーを、基礎生物学に役に立つようにするには、どのような生物学的手法と組み合わせるのが最適なのか、その限界はどこにあるのか示すためには、分子から生理までいくつかのレベルを貫徹した研究が要求される。このように、ナノバイオロジーを基礎生物学にとって有効な基軸技術の一つにするための展開を議論したい。

1W10　細胞質分裂マシナリーの構造・形成と進化

Structural and molecular evolution of the machinary of cytokinesis in eukaryotic cells

オーガナイザー：細谷 浩史（広島大学）・村田 隆（基礎生物学研究所）

予定スピーカー：村田 麻希（Temasek Life Sciences Lab.）・細谷 浩史（広島大学）・村田 隆（基礎生物学研究所）
馬渕 一誠（学習院大学）・上田 太郎（産業技術総合研究所）・黒岩 常祥（立教大学）
長里 千香子（北海道大学）

動物、酵母、細胞性粘菌などの多くの生物で、細胞質分裂はアクチン・ミオシン系からなる収縮環に依存する。しかし、分裂位置の決定、収縮環の形成機構、収縮環の微細構造と収縮機構など多くが未解明のままである。収縮環の収縮後に娘細胞間が切断されるが、その機構も不明である。一方、陸上植物の細胞は収縮環を形成せず、娘細胞切断と似た細胞板形成により分裂する。また、最近、原始紅藻類では収縮環を作らないものや始原的な収縮環様構造を作るものが見つかった。収縮環を含む分裂マシナリーの構造と機能を多様な生物で解析することは、分裂マシナリーの誕生と進化の機構を俯瞰的に議論するために極めて重要である。我が国には、藻類から高等動植物に至る多様な生物における細胞質分裂の若手研究者が多く存在する。本ワークショップでは、これらの国内の研究者を中心に、真核細胞に普遍的な細胞質分裂の分子機構を議論する予定である。

1W11　免疫発生を制御する細胞間クロストークの分子基盤

Lymphostromal crosstalks in immune system development

オーガナイザー：秋山 泰身（東京大学）・高浜 洋介（徳島大学）

予定スピーカー：渡邊 武（京都大学）・生田 宏一（京都大学）・穂積 勝人（東海大学）・國澤 純（東京大学）
新田 剛（徳島大学）・秋山 泰身（東京大学）

リンパ組織の発生や微小環境維持には、リンパ球と環境を形成する細胞間のコミュニケーションが不可欠である。この細胞間コミュニケーションは、多くの場合で双方向的に作用する。すなわち両者は分化、増殖、生存を互いに制御し合う（クロストーク）ことで、リンパ組織を形成、維持する。一次リンパ組織の１つである胸腺の発生は、Tリンパ球と環境を構成するストローマ細胞の分化が協調して進行し、異種細胞間のクロストークが劇的に作動する代表例である。そして近年、胸腺発生のクロストークを担う細胞外リガンドやレセプター、そして細胞内因子の分子ネットワークが急速に明らかとなりつつある。本ワークショップでは、Tリンパ球と胸腺ストローマ構成細胞に関し、各々の発生を司る分子機構とともに、両細胞間のクロストークを担う分子基盤に関して議論する。また他のリンパ組織発生や維持に関する話題も取り入れ、免疫発生で共通する動作原理を探求する。

1W12　炎症と癌を繋ぐ転写因子 NF-kB 研究の最先端

Leading-edge research on NF-kB, a mediator of inflammation and cancer development

オーガナイザー：井上 純一郎（東京大学）・山岡 昇司（東京医科歯科大学）

予定スピーカー：吉村 昭彦（慶應義塾大学）・丸 義朗（東京女子医科大学）・松沢 厚（東京大学）
池田 史代（Goethe-Univ. Frankfurt am Main）・山岡 昇司（東京医科歯科大学）
山口 憲孝（東京大学）

転写因子 NF-kB は広範な生命現象を制御することが明らかにされており、近年急速なスピードでその活性化の分子機構が明らかにされつつある。癌化や癌の悪性化には、間質細胞が形成する微小環境と癌細胞との相互作用が重要な役割を果たすが、その中心的な役割を果たすのが転写因子 NF-kB である。中でもマクロファージや樹状細胞等の間質細胞が関与する炎症反応では、間質細胞から分泌された種々のサイトカインが癌細胞に働いてその増殖や悪性化を誘導すると考えられているが、その際 NF-kB は癌細胞と間質細胞の両者で活性化され、この癌細胞—間質細胞相互作用の進行に関与している。従って、NF-kB 経路を標的としたがん治療法が多いに期待されるが、特異性あるいは副作用と言った面から解決しなくてはならない問題点が多い。そこで本ワークショップでは、癌細胞や間質細胞等における NF-kB に関連する最先端の研究成果を紹介していただき、NF-kB 経路を標的とした癌治療の妥当性についても議論したい。

1W13　モデル生物を用いた医・薬学研究

Frontier medical research using model animals

オーガナイザー：石田 直理雄（産業技術総合研究所）・野地 澄晴（徳島大学）

予定スピーカー：鈴木 一詩（東京大学）・条 和彦（熊本大学）・坂井 貴臣（首都大学東京）
石田 直理雄（産業技術総合研究所）・野地 澄晴（徳島大学）

医学研究において、原因遺伝子やその経路が未解明な疾患はまだ多く残されている。その中には統合失調症を始めとする精神病、躁うつ病や睡眠障害等の体内時計分子機構と深く関わる疾患、パーキンソン病や筋ジストロフィーのような行動失調が含まれる。これら謎の多く残されている疾患を研究するのにマウスばかりでなく、ショウジョウバエ、ゼブラフィッシュのような分子遺伝学的解析の容易な生物は今や必須となっている。モデル生物を用いて医学に貢献している一線の研究者を集め、それぞれの動物の持つ利点、欠点を含め病気の現状についても議論したい。

1W14　寄生・共生微生物によるパラサイト戦略

Dissecting mechanisms of "sharp tricks" in symbiosis and parasitism

オーガナイザー：山本 雅裕（大阪大学）・嘉糠 洋陸（帯広畜産大学）

予定スピーカー：畠山 昌則（北海道大学）・深津 武馬（産業技術総合研究所）・森石 恆司（大阪大学）
山本 雅裕（大阪大学）・嘉糠 洋陸（帯広畜産大学）

感染症を生物学的に見つめなおすと、その根幹を成すのは「ウイルス・細菌・寄生虫」などの多様な微生物が、ホストとなる生物（宿主）に依存して増殖するという、「パラサイト（寄生・共生）」と表現される極めてシンプルな生命現象であることに気が付く。これらの微生物は、巧みなストラテジーによって宿主のもつ生体防御機構から逃れ、またその特殊な宿主内の環境に適応し、生存に必要な状態を作り上げる。近年のこのような寄生・共生の複雑な生存戦略の解明

は、感染症の克服という重要な課題に加え、極めて興味深い生物学的パラダイムをもたらしつつある。本ワークショップでは、最近のゲノミクス・新手法によるアプローチ・新しいモデルの導入などにより次々と明らかになったこれらのパラサイト分子戦略について、感染症の征圧にむけた将来像を踏まえ、寄生・共生という美しい生命現象に魅せられた気鋭の研究者らの手によって概説したい。

1W15　心臓大血管形成における器官形成メカニズムの普遍性と独自性

Universal and unique features of heart development: insights into the mechanisms of general organogenesis

オーガナイザー：三浦 直行（浜松医科大学）・栗原 裕基（東京大学）

予定スピーカー：淺井 理恵子（東京大学）・山岸 敬幸（慶應義塾大学）・南沢 享（早稲田大学）
三浦 直行（浜松医科大学）・竹内 純（東京工業大学）

器官はもともと違った部位にあった原基細胞が移動し、左右が融合し、領域化が進み、各部位は個別の増殖・分化を行なう。例えば、心臓大血管は左右外側中胚葉にある一次心臓予定領域および二次心臓予定領域の細胞が左右から正中部位に移動し、融合して直線状の原始心筒を作る。次に、右側に屈曲して前後の領域が左右に位置するようになる。そののち、心室、房室管、心房、動脈幹は独自の増殖と分化をおこし、各領域は個別化を遂げる。心臓の形成とともに、神経堤細胞が大動脈や動脈幹領域まで移動し、心臓流出路の形成にあずかる。このような心臓形成の過程は、他の器官形成との共通メカニズムと独自のメカニズムを併用することで、成し遂げられている。例えば、予定領域の誘導、細胞の移動、左右原基の融合、器官の回転、左右の認識、増殖と分化の連関などは器官形成に共通するメカニズムと考えられる。一方、血流による増殖・分化・細胞運命の決定、内皮—間葉転換、などは独自のメカニズムにあたると思われる。本シンポジウムでは、器官形成の普遍性と独自性という観点から心臓大血管形成過程における分子メカニズムについて考察を行ないたい。

2W2　ユビキチンによる多彩な細胞機能制御メカニズム

Diverse roles of ubiquitin in regulating cellular functions

オーガナイザー：岩井 一宏（大阪大学）・中山 和久（京都大学）

予定スピーカー：石戸 聡（理化学研究所）・小松 雅明（東京都臨床医学総合研究所）・徳永 文稔（大阪大学）
川原 裕之（首都大学東京）・佐伯 泰（東京都臨床医学総合研究所）
駒田 雅之（東京工業大学）・若槻 壮市（高エネルギー加速器研究機構物質構造科学研究所）

ユビキチン修飾系はエネルギー依存的タンパク質分解系の一部として発見され、近年その生物学における重要性が多くの研究者の手によって明らかにされてきた。しかし、多様なポリユビキチン鎖や多くの脱ユビキチン化酵素の発見なども相まって、現在ではユビキチン系はタンパク質分解の枠組みを遙かに凌駕し、多彩な様式でタンパク質の機能を制御する翻訳後修飾系であると認識されている。加えて、ユビキチン化を選択的に認識するユビキチン結合分子も数多く同定され、その構造も明らかになりつつあるなど、ユビキチン化によって惹起される現象を分子レベルで理解する基盤が整いつつある。本ワークショップでは分解・メンブレントラフィック・シグナル伝達などの細胞機能を、ユビキチン修飾系を切り口に横断的に議論し、ユビキチンの織りなす世界を俯瞰してみたい。

2W3　遺伝情報場の構築とダイナミクスに迫る多角的アプローチ

Approaches for understanding the physicochemical field for genetic activities

オーガナイザー：木村 暁（国立遺伝学研究所）・小布施 力史（北海道大学）

予定スピーカー：木村 宏（大阪大学）・十川 久美子（理化学研究所）・山縣 一夫（理化学研究所）
胡桃坂 仁志（早稲田大学）・小布施 力史（北海道大学）・木村 暁（国立遺伝学研究所）
森下 真一（東京大学）

「遺伝情報をどのように空間的に収納し、効率よく適時的に発現し、正確に継承するのか」その理解のためには、一次元のDNA配列を越えて、染色体の物性や形状あるいは三次元の配置など遺伝情報をとりまく時空間的な「場」を理解する必要がある。そのために、遺伝情報制御の分子基盤・構造基盤をスナップショット的に捉えるのみならず、時空間的に動的な挙動をその機能とともに捉える新たなアプローチが果たす役割は大きい。本ワークショップでは、生細胞イメージング、1分子計測、プロテオミクス、構造生物学、シミュレーションなどを交えた多角的な解析により、遺伝情報の時空間場を形成する細胞核あるいは染色体の分子基盤・構造基盤とそのダイナミクスを捉えるアプローチについて紹介して頂き、今後この研究分野の展望について概観する。発表は討論を含めて一人13分ほどとし、多くの比較的若

い演者に発表してもらい、多様な視点からの議論を盛り上げたい。

2W4　染色体テリトリー・核内ドメインの構造機能研究の新展開

Novel insights into the roles for the spatial organization of chromosome territories and nuclear domains

オーガナイザー：田代 聡（広島大学）・柴原 慶一（国立遺伝学研究所）

予定スピーカー：Irina Solovei（Univ. Munich）・斉藤 典子（熊本大学）・柴原 慶一（国立遺伝学研究所）
滝沢 琢己（奈良先端科学技術大学院大学）・田代 聡（広島大学）
田辺 秀之（総合研究大学院大学）・谷 時雄（熊本大学）・永田 恭介（筑波大学）

細胞核はその複雑な構造とダイナミックな性質により、遺伝情報の制御、遺伝子の複製、損傷修復など様々な生命活動プロセスの中心的な役割を担っている。細胞固有の機能特異性を説明する機構の一つとして、高度に組織化・区画化された染色体とその構造変換が想定されており、細胞分化の過程や染色体の活性状態の違いで染色体の占める核内配置やその形状（染色体テリトリー）が変化することが証明されつつある。一方で近年、細胞核内に蛋白質やRNAなどからなる多種多様な核内構造体（核内ドメイン）が存在し、それらが細胞核機能と密接に関連していることも明らかになってきた。これら核内ドメインは、常に集合と離散を繰り返し、相互作用を確立･消去しながら細胞のアイデンティティーの決定に貢献していると考えられる。しかし、染色体テリトリーや核内ドメインの構造・形成のメカニズムとその機能解明の研究は国内外を問わずに黎明期にあり、未解決な点も多い。本ワークショップでは、現在も進展しつつある「核内構造の基本原理と機能構造相関における新たなコンセプト」に関する最新の研究結果を発表・議論し、この研究分野の推進をはかることを目的とする。

2W5　ウェット研究者が情報技術的に自立するために：統合データベースプロジェクトからの提案

What every wet-lab scientist should know about bioinformatics and databases.

オーガナイザー：中村 保一（国立遺伝学研究所）・川本 祥子（ライフサイエンス統合データベースセンター）

予定スピーカー：中村 保一（国立遺伝学研究所）・坊農 秀雅（ライフサイエンス統合データベースセンター）
髙祖 歩美（ライフサイエンス統合データベースセンター）
岡本 忍（ライフサイエンス統合データベースセンター / かずさDNA研究所）

現在の分子生物学に顕著な特徴のひとつとして、オミクスに代表される大規模解析実験系プロジェクトを基盤とした発展が挙げられる。これらのプロジェクトから生み出されるデータ量は膨大であり、データハンドリングはおろか、その全体を一望のもとに把握することさえ実験生物学者には困難となってきている。こうした大規模情報の公開のため数多くのデータベースが構築されているが、その活用方法に関する情報を得ることも実は容易ではないという現状がある。このワークショップは、統合データベースセンターからの情報技術活用の提案とともに、ウェット研究者がデータベース由来の情報を活用した事例や、利用に際しての問題点などの実例を集め共有することで、実験生物学者の情報技術的な自立を促すための情報提供と議論の場としたい。議論を通じ､実験生物学者にとって真に役立つバイオインフォマティクスのツールとデータベースの活用知識が形成されることが目標である。

2W6　環境ストレスとゲノム安定性

Genomic stability under environmental stress

オーガナイザー：関口 睦夫（福岡歯科大学）・真木 壽治（奈良先端科学技術大学院大学）

予定スピーカー：Bruce Demple（HSPH）・真木 壽治（奈良先端科学技術大学院大学）・布柴 達男（東北大学）
日高 真純（福岡歯科大学）・Robert P.P. Fuchs（CNRS）

環境と生物の関係はこれまで個体あるいは集団のレベルで捉えられてきたが、生物のもつ可能性や可塑性とその限界を知るには、ゲノム安定性に関わる生体内の諸機構とそれを司る機能分子の働きを通じて理解する必要がある。本ワークショップでは生物の環境ストレスに対する応答として、ゲノムの維持機構が如何に関わっているのか、最新の話題を紹介し議論したい。

2W7 染色体分配と細胞周期進行

Chromosome segregation and cell cycle progression

オーガナイザー：丑丸 敬史（静岡大学）・山本 歩（静岡大学）

予定スピーカー：広田 亨（癌研究会 癌研究所）・大杉 美穂（東京大学）・山本 歩（静岡大学）・塚原 達也（東京大学）
新冨 圭史（理化学研究所）・山田 ちひろ（静岡大学）

複製された染色体が分配され二個の細胞に分裂する分裂期はもっとも細胞がダイナミックに変化する時期であり、その制御は精緻を極めている。その制御の破綻は染色体異状による細胞死や細胞の癌化を招く。サイクリン /CDK 活性の変化が分裂期の進行に必要であり、染色体の分離、分配もサイクリン /CDK によって的確に制御されている。しかし最近の研究の進展により、染色体が、紡錘体チェックポイントなどを介してサイクリン /CDK 活性を制御することで細胞周期進行をコントロールしていることが明らかになりつつある。本ワークショップでは、酵母から哺乳類における染色体分配と細胞周期進行との連携機構研究の最新のトピックについて紹介し、本研究分野の到達点と新たな問題点を共有し更なる発展の礎としたい。

2W8 細胞による機械的ストレス感知の分子機構

Molecular and cellular mechanisms of mechanosensing

オーガナイザー：二川 健（徳島大学）・武田 伸一（国立精神・神経センター 神経研究所）

予定スピーカー：野田 政樹（東京医科歯科大学）・鈴木 友子（国立精神神経センター・神経研究所）
曽我部 正博（名古屋大学）・二川 健（徳島大学）・山本 希美子（東京大学）
小椋 利彦（東北大学）・土田 邦博（藤田保健衛生大学）・大平 充宣（大阪大学）

重力や圧力など機械的ストレスを感知しうる分子 (センサー) が次々に報告されている。一方、廃用性筋萎縮や骨粗鬆症のようにその感知システムの異常が原因と考えられる疾患も増加の一途をたどっている。これら疾患の新規治療法を開発するには、機械的ストレスに対する細胞固有の感知機構を分子レベルで明らかにしなければならない。本シンポジウムでは、機械的ストレスセンサーから疾患までを網羅的に議論できる国内外のスペシャリストを招集する。具体的には、筋肉、骨、血管、皮膚や脂肪細胞など、機械的ストレスに感受性の高い臓器・細胞のストレス感知機構と疾患についての発表を行い、各臓器固有のストレス感知システムやその制御方法について議論を深めたい。

2W9 難治性神経筋疾患に対する新世代の治療戦略

Emerging therapeutic modalities for neuromuscular disorders

オーガナイザー：大野 欽司（名古屋大学）・石浦 章一（東京大学）

予定スピーカー：祖父江 元（名古屋大学）・服部 信孝（順天堂大学）
武田 伸一（国立精神神経センター・神経研究所）
西野 一三（国立精神神経センター・神経研究所）・石浦 章一（東京大学）・大野 欽司（名古屋大学）

神経変性疾患や骨格筋疾患には有効な治療法が存在しない難治性疾患が多い。近年、神経・筋疾患の分子病態機構の解明が進むとともに、それぞれの病態分子機構に基づいた新しい病態制御研究が盛んに行われてきている。このワークショップでは難治性神経変性疾患・骨格筋疾患の最先端の病態制御研究を紹介したい。予定をしている演題は、球脊髄性筋萎縮症に対するアンドロゲン受容体機能抑制治療法、アルツハイマー型認知症およびパーキンソン病に対する分子状水素による抗酸化療法、ジストロフィンが繰り返し配列をもつ構造タンパクであることを生かしたエクソンスキッピング治療法、コラーゲンQが分子自身が組織標的シグナルを持つ細胞外分子であることを利用したタンパク標的療法、そして糖鎖形成不全の分子治療などであり、新しい世代の治療戦略を提案したい。

2W10 昆虫と関連生物の多様性と進化メカニズムをさぐる

Diversity and evolution of insects and related species

オーガナイザー：林 茂生（理化学研究所）・相垣 敏郎（首都大学東京）

予定スピーカー：國枝 武和（東京大学）・志賀 靖弘（東京薬科大学）
田中 光太朗（Oregon Health and Science Univ.）・丹羽 尚（理化学研究所）
藤原 晴彦（東京大学）

昆虫は地球上の広汎な地域で niche を獲得して多様な進化を果たしてきた。その要因には優れた感覚受容と運動能力、長距離の移動を可能にした翅の獲得、多様な食性、植物などとの共生、捕食者の眼を欺く擬態、そして高度な社会性コロニーなどが挙げられる。これらの特性は生得的なもので遺伝子により規定されていると考えられるがその実体の解明

は困難を極めていた。しかし近年の比較ゲノム研究の進展は、ゲノムの進化が各種昆虫種に固有な特性の出現にどのように寄与してきたのかを、研究が先行しているモデル昆虫や他の節足動物との比較の上で調べる絶好の機会を提供することとなった。本ワークショップでは多様性と進化に関連して昆虫および関連研究生物種で活発な研究を行っている内外の若手研究者を演者に招き議論の場としたい。ポスター演題からも演題を採択する予定である（本ワークショップでの講演は全て英語で行われる予定)。

2W11　サイトカイン制御因子による多様な生体調節

Multiple control of cytokine regulatiors in homeostasis and host defense

オーガナイザー：益見 厚子（国立感染症研究所）・田村 智彦（東京大学）

予定スピーカー：益見 厚子（国立感染症研究所）・田村 智彦（東京大学）・生谷 尚士（富山大学）
河野 友子（長崎大学）・上條 竜太郎（昭和大学）・高岡 晃教（北海道大学）・池水 信二（熊本大学）

ウイルスや細菌による感染に応答して生体がインターフェロン (IFN) などのサイトカインを産生することは感染防御において極めて重要である。サイトカインの遺伝子及び蛋白レベルでの発現、ならびにサイトカインへの応答は精密に制御されており、その機構に障害があると免疫不全や、逆に自己免疫を生じ得る。また、サイトカイン発現・応答に関わる制御因子が、例えばインターフェロン制御因子 (IRFs) や NF-κB 等の転写因子ファミリーのように、免疫応答のみならず細胞の分化や増殖・アポトーシスの制御など生体調節のより広い局面において重要な役割を果たしていることが示されてきている。今回のワークショップでは、サイトカイン、IFN 系に関わる制御因子を培養細胞および個体レベルで欠失または過剰発現させること等によって生体調節機構を解明する研究内容を中心に取り上げる。

2W12　動植物の受精とアロ認証機構

Fertilization and allogeneic authentication mechanisms in animals and plants

オーガナイザー：岩野 恵（奈良先端科学技術大学院大学）・澤田 均（名古屋大学）

予定スピーカー：岩野 恵（奈良先端科学技術大学院大学）・森 稔幸（理化学研究所）・吉田 学（東京大学）
澤田 均（名古屋大学）・宮戸 健二（国立成育医療センター研究所）・馬場 忠（筑波大学）

有性生殖により遺伝的に多様な子孫を増やすためには、遺伝的に異なる相手が作った配偶子を選ぶためのアロ認識と、配偶子が融合する受精が成功の鍵となる。これらのしくみ（ここでは総称して「アロ認証」とよぶ）は、長らく各生物種に特異的なシステムとして捉えられ研究されてきた。しかし近年の研究から、原索動物ホヤ類の自家不稔性と被子植物における自家不和合のシステムが酷似していることや、植物の受精の膜融合因子が動物にも存在することが、明らかにされている。また配偶子の融合メカニズムについても、遺伝子改変動物を用いた解析から従来のパラダイムが覆され、混沌とした状況にある。そのような状況下、新たな融合因子やメカニズムが提唱され、受精研究は新展開を見せ始めている。本ワークショップでは、有性生殖の要となる受精のメカニズムについて、動植物の枠をこえて研究者が集まり、それぞれの見地からの検証を議論することにより、この分野における飛躍的な進展を目指す。

2W13　幹細胞と糖

Glycan in stem cells

オーガナイザー：西原 祥子（創価大学）・等 誠司（医薬基盤研究所）

予定スピーカー：西原 祥子（創価大学）・等 誠司（生理学研究所）・古江－楠田 美保（医薬基盤研究所）
梅澤 明弘（国立成育医療センター研究所）

細胞表面には様々な糖鎖修飾を受けた糖タンパク質や糖脂質が存在し、細胞間の情報伝達、細胞間基質との相互作用、細胞外因子からのシグナル伝達を制御している。これらの糖鎖構造は発生過程で顕著な変化を示し、その一部は、胚性幹細胞（ES 細胞）や組織幹細胞のマーカーとなっている。例えば、SSEA-1 は未分化なマウス ES 細胞、SSEA-4 は未分化なヒト ES 細胞のよいマーカーであり、分化にともなって速やかに発現が低下する。幹細胞表面に存在する糖鎖に加え、細胞間基質にある糖鎖はニッチとしての役割が期待される。この様な細胞表面やニッチからの糖鎖を介したシグナルは、幹細胞の未分化性・多能性の維持および分化に深く関わっていると考えられる。本ワークショップでは、ES 細胞をはじめとする各種幹細胞における糖鎖に焦点を置き、①幹細胞表面の糖鎖構造、②その解析手段、さらには、③各種糖鎖構造の機能を紹介し、幹細胞を制御するシグナル伝達の基地となる糖鎖の可能性、糖鎖研究と幹細胞研究の新たな融合について議論する。

2W14　Notch シグナル：セルバイオロジーから見えた新たな制御機構

Notch signaling: new regulatory mechanisms revealed by cell biological studies

オーガナイザー：北川 元生（千葉大学）・松野 健治（東京理科大学）

予定スピーカー：Francois Schweisguth（Institut Pasteur）・松野 健治（東京理科大学）
北川 元生（千葉大学）・富田 泰輔（東京大学）・伊藤 素行（名古屋大学）

Notch 受容体を介するシグナル伝達系（Notch シグナル伝達系）は、細胞間の接触によって活性化され、様々な組織においてその発生や恒常性の維持に重要な役割をはたす。Notch シグナル伝達系は進化的に広く保存されており、ヒトにおけるその異常は、乳がん、白血病などのがんや、各種心疾患、脳血管障害の原因となる。ここ数年の研究の進展にともない、Notch 受容体やそのリガンドのエンドサイトーシスや小胞輸送が、シグナル伝達の制御において極めて重要な役割をはたすことが明らかになってきた。また、従来から注目されてきた糖鎖結合やリン酸化等の翻訳後修飾による調節にも新たな知見が加わっている。これらの成果より、Notch シグナルが、細胞の基本的な機能と密接に連携して制御されている姿が見えはじめた。本ワークショップでは、海外からの招待演者、公募した演者に最新の研究成果を紹介していただくとともに、今後の研究の展開を見据えた議論を深めたい。

2W15　翻訳後修飾・分解による細胞制御の構造生物学の最前線

Forefront of structural biology into cell regulation mechanisms by post-translational protein modification and degradation

オーガナイザー：箱嶋 敏雄（奈良先端科学技術大学院大学）・深井 周也（東京大学）

予定スピーカー：箱嶋 敏雄（奈良先端科学技術大学院大学）・深井 周也（東京大学）
千田 俊哉（産業技術総合研究所）

細胞内シグナル伝達や転写制御は、幾つものタンパク質間の特異的な会合やリン酸化のみならず、ユビキチン化やアセチル化等の翻訳後修飾や分解を介して制御される。最近になって、これらの修飾・分解を制御するタンパク質複合体の構造研究の成果が国内外から相次ぎ、Nature 誌等に発表されて、分子生物学や基礎生物学・医学全般に強いインパクトを与えている。本シンポジウムでは、脱ユビキチン化酵素・基質の複合体，ヒストンシャペロンとアセチル化 Lys 認識ドメインとの複合体、あるいは「ユビキチン化シャペロン」としての植物ホルモン受容体等の、世界をリードしている最新の三次元構造データを持ち寄って、翻訳後修飾や分解による細胞機能の制御を、タンパク質の原子レベルでの精密な構造と、特異的な分子間相互作用の言葉で記述するともに、急展開する当該分野の将来を展望する。

3W2　ゲノムネットワーク解析が拓く新たな医療・バイオの世界

Genome network analysis opening the world of new biology and medical care.

オーガナイザー：宮本 悦子（慶應義塾大学）・柳川 弘志（慶應義塾大学）

予定スピーカー：宮野 悟（東京大学）・井上 純一郎（東京大学）・裏出 良博（大阪バイオサイエンス研究所）
斎藤 輪太郎（慶應義塾大学）・柳川 弘志（慶應義塾大学）・宮本 悦子（慶應義塾大学）

ポストゲノム解析において、生命の基本単位である細胞における生命プログラムを解明し、生命の仕組みを理解し、それらの知見を病気の診断や治療に役立てて行くことが所望されている。そのためには，細胞の全体像を把握する解析能力を持つ革新的ツールによる大量かつ多面的なゲノム情報の解析が必要となる。次世代シーケンサーなどの登場により、ゲノムレベルのオミックス情報の新しい大容量データが産出され、これらのデータを利用した転写制御や翻訳制御ネットワークなどを理解するための様々な解析が始まっている。しかしながら、これらオミックスデータの利用方法や統合解析などはまだ試行錯誤のただ中にあり、生命の仕組みを理解し、得られた知見を病気の診断や治療に役立てるための道筋は明確ではない。本ワークショップでは、様々な立場の研究者によるゲノムネットワーク解析からのバイオや医療への取り組みをご講演いただき、ポストゲノム時代に革命をもたらしつつある次世代シーケンサーを利用した新しいオミックス解析実験の紹介やその利用方法の可能性などについても議論する。

3W3　細胞周期とクロマチン制御

Cell cycle and chromatin regulation

オーガナイザー：北川 雅敏（浜松医科大学）・中山 敬一（九州大学）

予定スピーカー：西山 正章（九州大学）・神武 洋二郎（浜松医科大学）・黒川 理樹（埼玉医科大学）
岡田 由紀（京都大学）

細胞周期の正確な進行、停止は増殖、発生、分化等多くの生命現象の分子基盤である。これまでサイクリン CDK やその標的分子のタンパクレベルでの活性制御機構を中心に研究が進んできた。一方で最近、ヒストンコードやノンコーディング RNA がクロマチン制御を介して様々な生命現象に関与していることが明らかになってきた。本ワークショップでは、クロマチン制御分子やノンコーディング RNA による細胞周期の制御に特に焦点を当てた新しい細胞周期研究を紹介する。

3W4　天然変性タンパク質による転写調節機構

Transcriptional regulation by intrinsically disordered proteins

オーガナイザー：西村 善文（横浜市立大学）・菅瀬 謙治（サントリー生物有機科学研究所）

予定スピーカー：津中 康央（大阪大学）・柳澤 純（筑波大学）・清水 敏之（横浜市立大学）・五十嵐 和彦（東北大学）
福地 佐斗志（国立遺伝学研究所）・菅瀬 謙治（サントリー生物有機科学研究所）
西村 善文（横浜市立大学）

従来の構造生物学では、タンパク質の機能は立体構造を決定することによって解明されると考えられてきたが、近年、この考えに収まらない天然変性タンパク質と呼ばれる特異な存在が明らかにされ始めた。天然変性タンパク質は、遊離状態では全体または長い領域で変性状態にあるが、他のタンパク質や核酸と結合すると特定の立体構造に折り畳まれる。興味深いことに、網羅的な配列解析から転写因子の実に約 7 割が天然変性状態にあることが示唆されている。この数の多さからも、天然変性タンパク質の挙動の理解は、転写調節の機構を解明する上で、避けて通れない重要な研究課題と言える。しかしながら、このような天然変性タンパク質の特異な性質や概念が分子生物学関連研究者に深く浸透しているとは言い難い。そこで本シンポジウムでは、転写調整に関わる天然変性タンパク質の役割や存在意義を明らかにするとともに、構造生物学や分子生物学の研究者間の議論を通して転写調節機構の本質に迫る。

3W5　多様な生命現象を担う TGF- βのバイオロジー

Biology of TGF- β : a key regulator in a diverse array of biological phenomena

オーガナイザー：宮澤 恵二（山梨大学）・伊東 進（筑波大学）

予定スピーカー：宮澤 恵二（山梨大学）・伊東 史子（筑波大学）・市山 健司（慶應義塾大学）
金 尚宏（第一三共株式会社）・Akiko Hata（Tufts Medical Center）

TGF- βシグナルは、細胞間コミュニケーションに不可欠なシグナル系であり、線虫からヒトに至るまでシグナル伝達系がよく保存されている。TGF- βシグナル伝達の研究は、細胞内シグナル伝達分子である Smad の発見を契機に 1990 年代後半に急速な展開をみせた。それから 10 年余、大きな興奮の時期は過ぎたものの、Smad 分子は、時空間特異的に機能を持つ様々な細胞内情報伝達分子と協調作用し、発生初期から成熟個体に至るまでの広範な生命現象に深く関わっていることが解明されてきた。特に、胚性幹細胞維持、免疫調節、血管発生、癌幹細胞等の高次生命現象における TGF- βシグナルの調節機能の重要性は近年、ますます明らかにされつつある。また、Smad 分子が司るシグナル系の異常が、発がんや先天性疾患の要因となることもよく知られるようになった。本ワークショップでは TGF- βシグナルのバイオロジーの広がりを俯瞰しなおし、難治性疾患治療や再生医療への応用という視点を意識した今後の研究展開を考える（本ワークショップでの講演は全て英語で行われる予定）。

3W6　生殖隔離のメカニズムとゲノム進化

Mechanisms for reproductive isolation and their relation to genome evolution

オーガナイザー：倉田 のり（国立遺伝学研究所）・東山 哲也（名古屋大学）

予定スピーカー：東山 哲也（名古屋大学）・木下 哲（奈良先端科学技術大学院大学）
清水 健太郎（Univ. of Zurich）・倉田 のり（国立遺伝学研究所）

生物の受精後隔離はゲノム（種）進化の原動力となり、さらなる多様性を生み出す。生殖の過程で働く遺伝子のいくつかは、遺伝的に差のある系統間のハイブリッドではしばしばその機能に齟齬を来し、生殖的隔離障壁となる。ゲノム進化における生殖的隔離の様相は、近年 Drosophila を中心に幾つかの原因遺伝子が明らかになり進展しつつあるが、隔

離障壁の全体像はなかなか掴めない。植物は生殖のシステムや発生過程が動物と大きく異なるが、生殖過程において種の特異性やゲノム分化にかかわる幾つかの重要な遺伝子がごく最近クローニングされはじめた。これらの遺伝子の興味ある解析結果と生殖や発生とのかかわり合いと共に、ゲノム進化においてこれらの遺伝子の果たす役割などの話題も含めて議論する。本ワークショップでは植物を中心に、動物の話題提供も受けて企画する。

3W7　原核生物で新たに見いだされた細胞複製の基本分子機構

Frontiers of bacterilal cell duplicaition

オーガナイザー：小笠原 直毅（奈良先端科学技術大学院大学）・仁木 宏典（国立遺伝学研究所）

予定スピーカー：Kit Pogliano（Univ. of California, San Diego）・Frédéric Boccard（CGM du CNRS）
塩見 大輔（国立遺伝学研究所）・片山 勉（九州大学）・石川 周（奈良先端科学技術大学院大学）
福島 達也（信州大学）

原核細胞の複製や細胞分裂などの増殖機構に関して、ゲノム情報や細胞生物学的なアプローチを駆使した研究から、これまでの概念を変えるような巧妙な細 胞内分子動態 が最近、次々と発見されている。細胞骨格タンパク質の発見はその最も象徴的な例であり、真核細胞に共通する増殖の基本メカニズムがあぶり出さ れてきた。さらに、染 色体の構造や細胞形態形成、複 製の制御機構にも新知見が得られ、今はかつての単純 な細胞というイメージはない。欧米からこれらの発見 に寄与した研究者を集め、その意義と今後の発展性に ついて討論する。近年、原核細胞に見つかった現象は、真核生物の細胞増殖の理解を深める上でも非常に有用な基本共通概 念を有している。しかしながら、多くの日本の研究者にとっては海外の原核細胞研究者の話を聞く機会は少ない。細胞増殖の共通原理を考えて、新らしい発想を生む機会にしたい。

3W8　相同組換え研究の新展開

New aspects of homologous recombination research

オーガナイザー：菱田 卓（大阪大学）・岩﨑 博史（横浜市立大学）

予定スピーカー：菱田 卓（大阪大学）・中川 拓郎（大阪大学）・松永 幸大（大阪大学）

減数分裂の際に遺伝的多様性を付与する相同組換えは、通常の体細胞分裂時には遺伝情報の維持に働く。すなわち、相同組換えはDNAの配列情報の恒常性と可塑性の両面に重要な役割を担っていることになるので、その機能発現は厳密に制御されなければいけない。近年、相同組換え制御機構の破綻がゲノム不安定性を誘発するという共通認識が確立し、高発がん性遺伝病との関連で医学的観点からもさらに注目されるようになってきている。本ワークショップは、相同組換えの制御と分子メカニズムに焦点をあて、モデル生物系の研究を中心に、学術雑誌に未発表の最新のデータを中心に議論して、この分野の重要性についてアピールする。そのために、予定演者に加えて、ポスドククラスの実際に手を動かして実験を行っている活発に研究を行っている若手研究者の発表を積極的に採択します。

3W9　慢性炎症：生活習慣病・癌に共通する基盤病態

Chronic inflammation: molecular basis of lifestyle-related disease and cancer

オーガナイザー：小川 佳宏（東京医科歯科大学）・尾池 雄一（熊本大学）

予定スピーカー：小川 佳宏（東京医科歯科大学）・尾池 雄一（熊本大学）・真鍋 一郎（東京大学）
全 泰和（東京大学）・Akira Orimo（The Univ. of Manchester）・青木 浩樹（久留米大学）

過食や運動不足により発症する肥満、糖尿病や高血圧、動脈硬化性疾患に代表される生活習慣病あるいは癌に共通する基盤病態として“慢性炎症”が注目されている。“慢性炎症”では、比較的短期間に炎症反応の活性化と退縮を生じる急性炎症と異なり、長期にわたるストレス応答のために実質細胞と多様な間質細胞の相互作用が遷延化し、適応の破綻により不可逆的な「組織リモデリング」を生じて臓器の機能障害をもたらす。「組織リモデリング」の前段階となる低レベル炎症状態（para-inflammation/smoldering inflammation）においても内皮細胞機能障害やインスリン抵抗性が誘導され、生活習慣病や癌の原因となる。この“慢性炎症”の経時変化や病態生理的意義の解明は生活習慣病や癌の発症・進展の理解と新しい診断・治療・予防法の開発に必須である。本ワークショップでは、“慢性炎症”がどのようにして多彩な臓器機能障害をもたらし、生活習慣病や癌に至るのかを議論したい。

3W10　宿主・組織特異性を規定する宿主・寄生体インターフェイスの分子基盤

What determines host-parasite or tissue/cell specificities: Molecular mechanisms for parasitic adaptation?

オーガナイザー：河津 信一郎（帯広畜産大学）・野崎 智義（国立感染症研究所）

予定スピーカー：大槻 均（愛媛大学）・彦坂 健児（大阪大学）・永宗 喜三郎（国立感染症研究所）
西川 義文（帯広畜産大学）・石野 智子（愛媛大学）・三田村 俊秀（国立国際医療センター研究所）

寄生原虫は固有の宿主内で、その発育・増殖に必要な物質あるいは生活環境を宿主に依存することによって、生命を維持している。この「寄生現象」は、原虫の宿主への接着・侵入、宿主成分の盗用、宿主細胞の修飾など、様々な宿主と寄生体間の相互関係が分子レベルで展開することによって成立している。このような好適な宿主・寄生体関係は特定の宿主／寄生体間で、更に特定の細胞や組織においてのみ成立する。今回のワークショップでは宿主・臓器特異性を規定する宿主・寄生体インターフェイスを支える分子機構について、最新の研究成果を紹介したい。

3W11　繊毛の形成機構と多彩な機能

Cilia: Assembly mechanisms and diverse biological functions

オーガナイザー：横山 尚彦（京都府立医科大学）・廣野 雅文（東京大学）

予定スピーカー：横山 尚彦（京都府立医科大学）・廣野 雅文（東京大学）・武田 洋幸（東京大学）
池上 浩司（浜松医科大学）・石川 尚（ETH Zurich）・橋本 寿史（名古屋大学）

繊毛は細胞の遊泳や水流を起こす運動器官としてのみ理解されていた。ところが最近の研究により、繊毛の機能は想像以上に多様であることが明らかになってきた。例えば初期胚に存在する繊毛は体の左右性を決定する上で重要な役割を果たす。また、腎臓などに存在する運動性のない繊毛（一次繊毛）は感覚受容のアンテナとして機能する。これらの重要な機能を裏付けるように、繊毛の形成や運動性の異常は腎嚢胞症、水頭症など多くの遺伝的疾患の原因となっている。しかし繊毛構造の構築機構と繊毛が関与するグナル伝達経路についてはまだほとんどが未解明で、現在、国内外で精力的に研究が進められている。本ワークショップでは、異なる視点から繊毛形成・機能発現の機構に迫っている研究者を、細胞生物学、発生学、医学など幅広い分野から人選し、講演・議論することで繊毛の構造・機能の理解を深める。

3W12　小胞体・ゴルジ体における翻訳後修飾が可能にする新たな生体機能

Biological functions mediated by post-translational modifications in ER and Golgi apparatus

オーガナイザー：岡島 徹也（名古屋大学）・佐藤 ちひろ（名古屋大学）

予定スピーカー：遠藤 玉夫（東京都老人総合研究所）・岡 昌吾（京都大学）・前田 裕輔（大阪大学）
佐藤 ちひろ（名古屋大学）・岡島 徹也（名古屋大学）・石川 裕之（千葉大学）

多くのタンパク質は、小胞体やゴルジ体において翻訳後修飾を経て、正しい機能を発揮できる。例えば、代表的な翻訳後修飾であるN-型糖鎖修飾は、タンパク質の品質管理、トラフィッキングといったタンパク質の一般機能に重要な役割を果たすことが知られている。一方で、ポリシアル酸やHNK-1抗原などの神経系に特徴的な翻訳後修飾、そして特殊なO-結合型糖鎖修飾は、特異的な生体分子の機能を調節し、複雑な細胞機能を可能にし、その異常はヒトにおける疾患とも関連する。さらに、ゴルジ体におけるタンパク質のリン酸化も知られており、糖鎖修飾とともにタンパク質機能の調節に関与している。本ワークショップでは、糖鎖修飾やリン酸化修飾を中心にして、分泌経路における多彩な翻訳後修飾が可能にする新たなタンパク質機能や生体機能について議論する。

3W13　脊椎動物器官形成研究の新展開

A new era of genetic studies on vertebrate organogenesis

オーガナイザー：川上 浩一（国立遺伝学研究所）・日比 正彦（名古屋大学）

予定スピーカー：川上 浩一（国立遺伝学研究所）・日比 正彦（名古屋大学）
川原 敦雄（国立循環器病センター研究所）・J. Keith Joung（Harvard Medical School）

ゼブラフィッシュでは、従来から利用されてきた化学変異原を用いた大規模変異スクリーニング、胚へのマイクロインジェクションに加え、最近開発されたトランスポゾンテクノロジー、さらに最近開発されたzinc finger nucleaseを用いたtargeting技術などにより遺伝子機能操作・改変のための手段がとても豊富になってきました。このように「脊椎動物のショウジョウバエ」ともいえるゼブラフィッシュにおける最新の遺伝学的方法論や、それらを駆使した脊椎動物器官形成のメカニズムに関する最新の研究を紹介し、議論します。

3W14　バイオイメージからの情報抽出：定量化とその先にあるもの

Bio-image processing: quantification and what is next

オーガナイザー：大浪 修一（理化学研究所）・森下 真一（東京大学）

予定スピーカー：大浪 修一（理化学研究所）・徳永 万喜洋（東京工業大学）・中谷 明弘（東京大学）
初田 浩志（東京大学）・横田 秀夫（理化学研究所）

共焦点顕微鏡等の様々な可視化技術を使って取得した生物試料の画像や動画像から画像処理技術を使って形態や動態等の情報を取得する解析の重要性が、近年、特に細胞や発生を対象とする研究分野で高まっている。これらの解析は、詳細かつ客観的な大規模スクリーニングを可能にするだけでなく、人間の知覚に依存した解析では困難である 3 次元的な形態や 4 次元的な動態についての詳細な解析や、細胞や発生の現象に関する定量的法則の発見・数理モデルの構築を可能にする。DSLM や STED など、生物試料に対する新たな可視化技術の開発は近年活発化しており、本研究分野の重要性は今後ますます高まっていくと考えられる。本ワークショップでは、様々な生物試料を対象にした画像・動画像から画像処理技術を使って情報を抽出する技術の開発を行っている研究者の最新の成果を紹介し、本分野の現状と今後の展望を多角的に議論する。

3W15　RNA とイントロン進化の最前線

Frontiers in RNA and intron evolution

オーガナイザー：金井 昭夫（慶應義塾大学）・渡邊 洋一（東京大学）

予定スピーカー：剣持 直哉（宮崎大学）・程 久美子（東京大学）・新海 暁男（理化学研究所）
斎藤 博英（京都大学）・渡邊 洋一（東京大学）・金井 昭夫（慶應義塾大学）

21 世紀になってから、より多くの生物種でゲノムの塩基配列が決定されたのは周知のことである。また、これに伴い数多くの機能性 RNA の存在が明らかとなって来た。本ワークショップでは RNA レベルでの進化という観点から、機能性の RNA エレメント、リボザイム、miRNA などの低分子 RNA、イントロンなどを再考し、生命科学における意味を考察する。また、試験管内の進化を通じて得られるアプタマー等の機能性 RNA 分子に関しても議論の対象としたい。これらの研究題材は遺伝子制御における新たな知見の獲得に貢献するばかりでなく、例えば、生命の起源、脳の進化、生体防御、さらには、癌や白血病などの疾病における役割など、生命科学における根幹としての制御系を明らかにすることに通じている。進化という時間軸から様々な RNA 研究を俯瞰することで、これまでにない議論の場を提供できたらと考えている。一般演題からも広く発表を採用したい。

4W2　細胞の極性化と遊走を制御する分子機構

Mechanism underlying directional cell migration

オーガナイザー：貝淵 弘三（名古屋大学）・菊池 章（広島大学）

予定スピーカー：菊池 章（広島大学）・Anna Akhmanova（Erasmus Medical Center）・清川 悦子（京都大学）
渡辺 崇（名古屋大学）

繊維芽細胞や上皮細胞はケモカインなどの細胞外シグナルの濃度勾配に応答し、前後軸を形成して方向性を持って遊走する。遊走細胞の前方ではアクチン細胞骨格が再構築されリーディングエッジを形成する。同時に、中心体から生ずる微小管のプラス端がリーディングエッジに再配向し、方向性を持った小胞輸送を行うことにより極性化した遊走を可能にすると考えられている。これらの極性化と遊走には、Ca2+、Rho ファミリー、Par 複合体、Dsh などの細胞内シグナル因子が重要な役割を果たすことが明らかになりつつある。一方、遊走細胞の前後軸の形成機構は、神経細胞や上皮細胞の極性化、不等分裂など、より複雑な極性化機構を理解する上でも、モデルシステムとしても有用である。本ワークショップでは、国内外の第一線の研究者にお話しいただき、分子から個体レベルにおける極性化と遊走についての理解を深めたい。

4W3　TOR 経路研究の最前線

Current progress in TOR research

オーガナイザー：前田 達哉（東京大学）・瓜谷 真裕（静岡大学）

予定スピーカー：丑丸 敬史（静岡大学）・瓜谷 真裕（静岡大学）・大坪 瑶子（東京大学）
鎌田 芳彰（基礎生物学研究所）・佐藤 龍洋（北里大学）・武井 延之（新潟大学）
林 武志（沖縄科学技術研究基盤整備機構／京都大学）・前田 達哉（東京大学）
前濱 朝彦（国立感染症研究所）

TOR（target of rapamycin）は、免疫抑制剤／抗癌剤ラパマイシンの標的分子 として同定されたプロテインキナーゼで、その構造と機能は真核生物を通じて 広く保存されている。いずれの生物においても、細胞が栄養状態に応答して代 謝と成長とを制御するための情報伝達経路において枢要な役割を果たしていることが明らかにされている。近年になってTOR と共に複合体を構成する因子が多 数同定され、これらがTOR の活性制御やTOR の支配する細胞応答に果たす役割が 明らかにされつつあり、TOR 経路の研究は急展開を迎えている。本ワークショップでは、酵母から哺乳類に至るTOR 経路研究の最新のトピックについて紹介し、研究の広がりと到達点とを踏まえつつ、この重要な経路の全体像に迫りたい。

4W4　血管多様性が生み出す生体機能と疾患

Vasculodiversity in health and disease

オーガナイザー：渡部 徹郎（東京大学）・山下 潤（京都大学）

予定スピーカー：山下 潤（京都大学）・高橋 淑子（奈良先端科学技術大学院大学 ）・向山 洋介（NHLBI/NIH）
古瀬 幹夫（神戸大学）・渡部 徹郎（東京大学）・樋田 京子（北海道大学）

成人では全長１０万ｋｍにも及び全身に張り巡らされた血管は、「生命を運ぶ臓器」とも言われ、まさにヒトの生老病死の全ての過程に深く関与している。日本人の死因の第２位と３位を占める心疾患と脳血管障害はその多くは動脈硬化症など血管の老化に起因しており、死因第１位のがんの進展、予後を左右する転移は血管新生がその中心的役割を果たしている。最近の血管生物学（vascular biology）の進歩により、単に血液や酸素、種々の因子などを運ぶ管と考えられてきた血管が、様々な形で周囲の組織と相互作用しあい、発生過程、臓器形成、病態形成過程等それぞれにおいて多彩な特徴や役割を有していること、すなわち、非常に大きな「血管多様性 (vasculodiversity)」が存在し、血管がそれぞれの局面において固有の機能を果たしていることが明らかになってきた。本ワークショップではこの「血管多様性」にスポットを当て、血管が関わる生老病死の中で血管が持っている多様性を明らかにし、その固有の機能を理解するという新しいパラダイムを紹介する。

4W5　減数分裂の仕組み

Molecular mechanisms of meiosis

オーガナイザー：渡邊 嘉典（東京大学）・篠原 彰（大阪大学）

予定スピーカー：岸本 健雄（東京工業大学）・石黒 啓一郎（東京大学）・山下 朗（東京大学）
大江 宗理（九州大学）・丁 大橋（情報通信研究機構）・篠原 美紀（大阪大学）

配偶子形成に必須の役割を果たす減数分裂は体細胞分裂とは異なり、DNA 複製後、染色体の分配を２回連続して行うことで、ゲノム量を半減することで、世代間のゲノムの２倍性を維持する。減数分裂の破綻はゲノムの不安定化を産み出し、ヒトでは流産やダウン症に代表される異数体病を誘発する。減数分裂においては、体細胞分裂期に見られない、多数の複雑な細胞周期、染色体構造、染色体分配の制御がゲノムの半減化を促進する。その分子基盤は近年急速に解明され、減数分裂期の研究のみならず、エピジェネテックスなどの様々な分野から注目されている。本ワークショップでは、体細胞分裂と比較を含め、減数分裂についての最新の知見についての講演を通し、この分野の将来の展望への議論を深めたい。

4W6　地球温暖化防止への分子生物学の貢献ーバイオマスの完全糖化に向けたセルロソーム超タンパク質複合体の機能解明

Contribution of molecular biology to prevent global warming - Functional analysis of cellulosome super-complex for complete degradation of biomass

オーガナイザー：植田 充美（京都大学）・田丸 浩（三重大学）

予定スピーカー：小杉 昭彦（国際農林水産業研究センター）・田丸 浩（三重大学）・三宅 英雄（三重大学）
植田 充美・黒田 浩一（京都大学）・近藤 昭彦・荻野 千秋（神戸大学）

地球温暖化防止に向けた化石燃料からバイオ燃料への変換は、地球環境保全の認識と新しい環境調和型のバイオ技術の導入の積極的な促進を奨めており、本学会の分子生物学の貢献が今、まさに、問われる時を迎えている。食糧と競合しない第２世代バイオ燃料生産には、食物廃棄物や植物セルロースなどのソフトバイオマスや建築廃材や間伐材などのハードバイオマスを原料とする前処理・糖化が急務である。バイオマスの完全糖化には、クロストリジウム属微生物が細胞表層に構築する、セルロースを完全分解できタンパク質超複合体であるセルロソームの全ゲノムや全機能解析が望まれており、さらに、その再構成が環境保全型の第２世代バイオ燃料生産への活路を開くものと考えられている。本ワークショップでは、バイオマスの完全糖化に導くタンパク質超複合体であるセルロソームの機能解析を分子生物学的に目指している研究者に詳述していただく。

4W7　インビボ分子生物学　～光技術を駆使した新たな分子生物学～

In vivo molecular biology

オーガナイザー：今村 健志（癌研究会 癌研究所）・根本 知己（生理学研究所）

予定スピーカー：今村 健志（癌研究会 癌研究所）・岡田 峰陽（理化学研究所）・石井 優（大阪大学）
東島 眞一（岡崎統合バイオサイエンスセンター）・野中 茂紀（基礎生物学研究所）
根本 知己（生理学研究所）

分子生物学は、個々の遺伝子機能のインビトロ解析から始まり、遺伝子改変動物を用いた各遺伝子のインビボでの解析へと発展してきた。生物個体内で働く生体分子の機能および動態を、生きている動物の中で解析し理解することは、現在の生命科学研究分野の最も重要な課題である。近年、動物が生きた状態で細胞や生体分子を可視化するインビボ光イメージングが急速に進歩した。この背景には、分子生物学の進歩による新しい蛍光蛋白質や発光蛋白質の発見とその改良、近赤外蛍光プローブ作製技術の進歩、さらにレーザー、蛍光顕微鏡や高感度CCDカメラなどの光学機器の性能の飛躍的向上がある。本ワークショップでは、生体分子イメージングの新手法に焦点を絞り、これまでの要素還元論的分子生物学やインビトロ分子生物学に対して、新たな研究のフレームワークを提供し、「インビボ分子生物学」と言うべき新研究領域の創成を目指す先進的研究を紹介する。

4W8　癌、生活習慣病の発現と時計遺伝子

Clock genes to emerge as key molecules for etiology of cancer and metabolic disease

オーガナイザー：池田 正明（埼玉医科大学）・榛葉 繁紀（日本大学）

予定スピーカー：榛葉 繁紀（日本大学）・池田 正明（埼玉医科大学）・河野 公俊（産業医科大学）
Francis LEVI（Hôpital Paul Brousse）

哺乳類の時計遺伝子は、転写・翻訳制御からなるフィードバック機構によって約24時間のリズムを生体内に作り出している。最近、細胞のガン化や脂肪細胞の分化に時計遺伝子が関与することを示唆する知見が相次いで報告された。時計遺伝子が概日リズム発現機能を通じて癌化や脂肪分化に係っているのか、全く別の機能として癌化や脂肪分化作用があるのか現段階ではまだ明らかにされていない。本ワークショップでは、時計遺伝子の機能に関して、特に脂肪代謝と癌との関連を分子レベルで解析を行なっている内外の研究者に、最新の研究成果を紹介していただくとともに、生活習慣病および癌の病因と概日リズム・時計遺伝子との関連を議論していただき、これら疾患の治療ストラテジーのヒントを提示していただく予定である。

4W9　テトラスパニン研究の新展開　～分子レベルからみたその機能と疾患との関わり～

Recent progress in molecular research of tetraspanin: its novel function from an etiologic standpoint

オーガナイザー：中西 徹（就実大学）・宮戸 健二（国立成育医療センター）

予定スピーカー：小柳 義夫（京都大学）・立花 功（大阪大学）・三浦 巧（国立成育医療センター研究所）
森部 弘樹（大阪大学）・河野 菜摘子（国立成育医療センター研究所）・森 宏樹（就実大学）

テトラスパニンは多細胞生物のみに存在する一群の４回膜貫通型タンパク質ファミリーである。ヒトでは30種以上が

知られているがその機能についてはこれまで不明のものが多く、分子レベルでの解明も十分行われていない。最近このテトラスパニンについて、様々な疾患との関わりからその役割を理解しようとする新しいいくつかの試みが行われるようになり、徐々にその全体像についての理解が進みつつある。そこでこのワークショップでは、テトラスパニンに関する研究者が一堂に会し、リウマチ、感染症、細胞接着、神経疾患、循環器障害、生殖などとの関わりからこのテトラスパニンを論じることによって、分子レベルからの統一的な理解を深めたいと考える。

4W10　発生タイミング：発育段階を調節する分子機構とその適応的意義

Developmental timing: Molecular mechanisms for the temporal control of development and evolution of life histories

オーガナイザー：丹羽 隆介（筑波大学）・小川 輝（MPI for Developmental Biology）

予定スピーカー：小川 輝（MPI for Developmental Biology）・吉村 文（帯広畜産大学）
篠田 徹郎（農業生物資源研究所）・西村 隆史（理化学研究所）・丹羽 隆介（筑波大学）
田中 幹子（東京工業大学）・福山 征光（東京大学）

多細胞生物の発生においては、細胞の運命決定と組織の形態形成が時空間的に適切に制御されることが必須である。これまでに、３次元空間軸に沿ったパターン形成を制御する分子機構について膨大な知見が蓄積されてきた。その一方で、第４の軸・時間軸に沿った発生現象の調節機構には不明な点が多く残されている。発生のタイミング機構を解明することは、個体発生の理解につながるだけではなく、発生の進化を理解するうえでも重要である。例えば、形態進化において重要なヘテロクロニー（異時性）や、発生タイミングを環境に応じて調節することで達成される適応的生活戦略の理解に分子基盤を与える。本ワークショップでは、発生生物学に残されたこの大きなフロンティアに対して、多様なモデル生物を用いて研究に取り組んでいる国内外の若手研究者に最新の話題を提供していただき、活発な議論の場とする。

4W11　ファイトケミカルゲノミクスのための生物情報学

Bioinformatics for phytochemical genomics

オーガナイザー：斉藤 和季（千葉大学）・金谷 重彦（奈良先端科学技術大学院大学）

予定スピーカー：松田 史生（理化学研究所）・平井 優美（理化学研究所）・西岡 孝明（慶應義塾大学）
時松 敏明（京都大学）・田中 謙（富山大学）・金谷 重彦（奈良先端科学技術大学院大学）

植物は動物や微生物に比べ大きな化学的多様性を有しており、それが食料、医薬品、燃料など植物の有用性に深く関わっている。最近の植物ゲノム科学の進展により、この化学的多様性のゲノム基盤を解明する研究が精力的に進められている。しかし、そのためには実験生物学と生物情報学との連携が重要な鍵になっている。本ワークショップでは、ファイトケミカルゲノミクスのための生物情報学について、データベース、解析ソフトウェア、植物ゲノム科学への応用などの項目について議論する。

4W12　代謝適応と破綻にみる新たなミトコンドリア機能研究

New insights into mitochondrial function in metabolic adaptation and failure

オーガナイザー：中田 和人（筑波大学）・石原 直忠（東京医科歯科大学）

予定スピーカー：石原 直忠（東京医科歯科大学）・中田 和人（筑波大学）・設楽 浩志（東京都臨床医学総合研究所）
冨塚 江利子（国立がんセンター東病院）・篁 俊成（金沢大学）

ミトコンドリアは独自のセントラルドグマをもちつつも、その維持や機能制御の大部分を核のセントラルドグマに依存しなくてはならないという、ユニークな機能発揮形態を呈している。ミトコンドリアの機能はエネルギー代謝だけにとどまらず、カルシウム代謝や細胞死制御と生命活動の根幹を担っていることから、その破綻はミトコンドリア病、糖尿病、神経変性疾患、がん、老化といった多様な表現型と関係する。本ワークショップでは、１）ミトコンドリアの代謝適応による生体機能調節機構、２）ミトコンドリアの機能破綻によって起る多様な病態の発症機構、３）それらの詳細解析から展開される新たな治療戦略といった現在進行型のミトコンドリア研究を紹介したい。そして最終的に、「ミトコンドリアの代謝適応と破綻」という側面からみえてくる新たなミトコンドリア研究の可能性について議論したい。

4W13　ゲノム異常抑制における翻訳後修飾系の機能

Functions of post-translational modification systems in suppressing genome aberration

オーガナイザー：益谷 美都子（国立がんセンター研究所）・西谷 秀男（兵庫県立大学）

予定スピーカー：益谷 美都子（国立がんセンター研究所）・永井 成樹（Stanford Univ. Medical Center）
茂木 章（京都大学）・西谷 秀男（兵庫県立大学）・松本 清治（東京都臨床医学総合研究所）
井倉 毅（京都大学）

DNA損傷等の外界からの予期せぬ刺激に対してゲノム異常を回避するために様々なクロマチンレベルでの制御系がゲノム情報を保護している。DNA複製、転写や修復、細胞分裂等に伴い局所的にゲノム及びクロマチン構造状態は大きく変動し、外界からの刺激への応答もゲノム上で様々に異なる必要がある。細胞内外の変化や刺激に応じてクロマチンの動態制御を行う立役者が種々の翻訳後修飾系である。ユビキチン化、SUMO化、ポリADP-リボシル化、アセチル化、メチル化、リン酸化等は相互に作用しながら複雑なクロマチンを巧みに制御し、ゲノム安定性を維持していると考えられる。本ワークショップではこれらのクロマチン及びその制御因子の翻訳後修飾に焦点をあて、ゲノム異常抑制における役割をクロマチンの局所的及び全体的応答として概観し、異なる翻訳後修飾系の連携、相互干渉の可能性について討論し、研究者間の交流を促進する機会とする。

4W14　遺伝子発現のセルバリアとしての核膜の構造・機能・ダイナミクス

The nuclear envelope as a cell barrier for regulating gene expression

オーガナイザー：原口 徳子（情報通信研究機構 未来ICT研究センター）・大隅 圭太（名古屋大学）

予定スピーカー：秋田 英万（北海道大学）・大隅 圭太（名古屋大学）・長田 健介（東京大学）
米倉 功治（理化学研究所）・吉村 成弘（京都大学）・今本 尚子（理化学研究所）
志村 まり（国立国際医療センター研究所）
原口 徳子（情報通信研究機構 未来ICT研究センター）

核膜が常時存在している非分裂細胞では、遺伝子導入が上手くいかないことから、核膜は、外来性遺伝子が核内に侵入し発現するのを妨げる構造的なバリアになっていると目される。この核膜バリア問題をいかに克服するかは、遺伝子治療もしくは遺伝子工学における喫緊の重要課題である。一方、核膜は、染色体のヘテロクロマチン化などを通して、内在性遺伝子の発現の制御にも関わることが知られている。これらのことから、核膜は、外来遺伝子にとっても、内在性遺伝子にとっても、その発現を制御する物理的・機能的なバリアと見なされる。このワークショップは、遺伝子発現のセルバリアとなる核膜に注目し、分子生物学的アプローチによる核膜機能の研究に加えて、イメージングや構造学的な手法を用いた核膜構造の理解に迫る研究や、遺伝子治療や遺伝子工学などの分野における核膜バリア克服法を模索した研究を集め、核膜の構造・機能・ダイナミクスについて議論する。

4W15　クロマチン機能構造の階層性

Hierarchy in chromatin structure and function

オーガナイザー：堀越 正美（東京大学）・大山 隆（早稲田大学）

予定スピーカー：大山 隆（早稲田大学）・北野 宏明（ソニーコンピュータサイエンス研究所）
堀越 正美（東京大学）・前島 一博（国立遺伝学研究所）・吉川 研一（京都大学）

酸性物質である遺伝情報DNAは細胞内でそれだけで存在することはなく、様々な塩基性蛋白質と複合的に結合して、その機能・構造の維持、変換がダイナミックに制御されている。これらの点については古くから指摘されてきたが、クロマチンを構成する塩基性蛋白質の機能的特性やDNAの構造的特性の解明に、多くの時間が費やされた結果、クロマチン・染色体の階層性の問題に関しては、等閑視される状況が続いた。しかし、最近になって、ゲノムDNA自体、あるいはゲノムDNAと塩基性蛋白質の間で形成される複合体の物理的・化学的特性に着目した新しい研究が行われはじめた。この潮流のなかで、従来、定説と見なされていた30 nm繊維の存在が否定される可能性も指摘された。また、出芽酵母に関しては、ゲノムワイドでのヌクレオソームの配置がほぼ明らかになり、リンカーDNAの物理的特性を予測することで間期クロマチンの基盤構造をモデル化することも可能になってきた。本ワークショップでは、これら新しいタイプの研究を紹介することで、従来からの研究の方向性に沿った発想ではなく、異なる発想・視点・思考から生まれるオリジナルな研究によって、欧米の競争原理から生み出された流行的研究に意識を奪われがちな長年の風潮に一石を投じたい。

第 32 回日本分子生物学会年会　宿泊申込のご案内

　この度、「第 32 回日本分子生物学会年会」開催にあたり、ご参加される皆様方の便宜をおはかりするため、宿泊の手配をお手伝いさせて頂くこととなりました。厚く御礼申し上げます。

　つきましては、下記ご参照の上、お申込頂きますようお願い申し上げます。学会ホームページにリンクされております**宿泊受付ホームページからの予約もご利用いただけます。（宿泊予約：8 月 3 日から受付開始）**是非ご利用ください。（**宿泊受付ホームページアドレス**　https://apollon.nta.co.jp/mbsj2009/）

１、宿泊期間　：平成２１年１２月８日(火)～１２月１２日(土)の５泊
２、宿泊料金　：**１泊朝食付税金サービス料込**のお一人様料金です。

【宿泊ホテルリスト】※宿泊受付ホームページにて空室状況閲覧可能

ホテル名		宿泊料金（1泊朝食税サ込）						エリア	最寄駅からのアクセス
		シングル		ツイン		ﾂｲﾝ又はﾀﾞﾌﾞﾙ1名様利用			
		申込記号	料金	申込記号	料金	申込記号	料金		
パンパシフィックホテル横浜ベイホテル東急	12/8～10	—	—	1-T	¥15,750	1-TS	¥27,300	ＭＭ２１	みなとみらい線「みなとみらい駅」徒歩1分/ＪＲ京浜東北線・市営地下鉄「桜木町駅」徒歩10分
	12/11				¥17,850		¥29,400		
	12/12				¥19,950		¥32,550		
ヨコハマグランドインターコンチネンタル	12/8～10	—	—	2-T	¥11,550	2-TS	¥21,000	ＭＭ２１	みなとみらい線「みなとみらい駅」徒歩２分
	12/11				¥17,850		¥26,250		
	12/12				¥21,000		¥33,600		
横浜ロイヤルパークホテル	12/8～10	3-S	¥19,950	—	—	—	—	ＭＭ２１	みなとみらい線「みなとみらい駅」徒歩３分、ＪＲ京浜東北線・市営地下鉄「桜木町駅」徒歩５分
	12/11		¥21,000						
	12/12		¥28,350						
横浜平和プラザホテル	12/8～11	4-S	¥7,875	4-T	¥6,300	—	—	関内	みなとみらい線「馬車道駅」５番出口徒歩１分、ＪＲ根岸線「桜木町駅」徒歩5分
	12/12		¥10,500		¥9,975				
ホテルコスモ横浜	12/8～11	5-S	¥9,975	5-T	¥7,875	—	—	横浜	横浜駅西口徒歩７分
	12/12		¥10,500		¥11,025				
ホテルキャメロットジャパン	全日	7-S	¥12,075	7-T	¥8,400	—	—	横浜	横浜駅徒歩５分
ブリーズベイホテル	全日	8-S	¥13,125	8-T	¥9,975	8-TS	¥14,700	桜木町	ＪＲ根岸線「桜木町駅」徒歩２分
セントラルイン横浜	12/8～11	9-S	¥9,240	9-T	¥15,750	—	—	関内	ＪＲ根岸線「関内駅」徒歩１０分
	12/12		¥11,550		¥19,950				
横浜桜木町ワシントンホテル	12/8～11	10-S	¥12,075	10-T	¥9,135	—	—	桜木町	ＪＲ桜木町駅徒歩１分
	12/12		¥14,700		¥12,705				
横浜伊勢佐木町ワシントンホテル	12/8～11	11-S	¥11,025	11-T	¥8,400	—	—	関内	ＪＲ根岸線「関内駅」徒歩５分
	12/12		¥13,125		¥11,550				
マイステイズ横浜	全日	12-S	¥7,875	12-T	¥6,825	—	—	黄金町	京急黄金町駅徒歩１分
ホテルシャトレーイン横浜	全日	13-S	¥8,190	13-T	¥7,350	—	—	関内	ＪＲ根岸線「関内駅」徒歩１分
		13-XS※	¥8,925						
アパホテル＜横浜関内＞	全日	14-S	¥9,765	—	—	—	—	関内	ＪＲ根岸線「関内駅」徒歩３分
ダイワロイネットホテル横浜関内	全日	15-S	¥12,075	—	—	—	—	関内	ＪＲ根岸線「関内駅」徒歩３分
スターホテル横浜	12/8～11	16-S	¥9,975	—	—	—	—	山下町	みなとみらい線「元町駅」「中華街駅」４番出口徒歩2分
	12/12		¥13,650						
ホテルＪＡＬシティ横浜関内	12/8～11	17-S	¥11,025	—	—	—	—	山下町	みなとみらい線「日本大通り駅」３番出口徒歩1分
	12/12		¥12,600						
ホテルルートイン横浜馬車道	全日	18-S	¥7,350	—	—	—	—	関内	みなとみらい線「馬車道駅」徒歩２分ＪＲ「関内駅」徒歩９分
ローズホテル横浜	12/8～10	—	—	19-T	¥8,400	19-TS	¥13,650	山下町	みなとみらい線「元町駅」「中華街駅」徒歩1分
	12/11				¥9,450		¥16,800		
	12/12				¥14,700		¥25,200		

※ホテルシャトレーイン横浜：[13-XS]＝デラックスシングルルーム

３、お申込方法（ＦＡＸ用）：（１）別紙「宿泊申込書」に必要事項をご記入の上、ＦＡＸして下さい。
※第２希望ホテルを備考欄へご記入ください。
（２）受付完了後、弊社より予約確認書と請求書を１週間以内にＦＡＸ送信いたします。
（３）予約内容を必ずご確認下さい。訂正・変更・取消が生じた場合は、ご面倒ですが
ＦＡＸ又はＥメールにてご連絡下さい。
（４）**請求書及び宿泊クーポンは郵送されません。**何卒ご了承下さい。

４、お支払い方法：［クレジットカード決済］⇒「宿泊申込書」にカード情報をご記入の上、ＦＡＸして下さい。
決済予定日：予約確認書ＦＡＸ送信後、約１週間以内
［銀行振込］⇒１１月１８日（水）までに、請求書（ＦＡＸ）記載の銀行口座までお振込み下さい。

５、申込み締切日：**平成２１年１１月１８日（水）**

６、宿泊取消料：取消料金は、下記表の料金が必要となります。宿泊日、人員の変更の場合にも下記取消料金がかかりますのでご了承下さい。（**旅行条件詳細につきましては宿泊受付ホームページで必ずご確認下さい**）

宿泊日の７日前から４日前まで	宿泊日の３日前から前々日まで
10%	30%

宿泊日の前日	宿泊日の当日・不泊
50%	100%

７、お申込み・お問い合わせ先

㈱日本旅行　西日本ｲﾍﾞﾝﾄ・ｺﾝﾍﾞﾝｼｮﾝ支店　医学･学術会議デスク
〒530-8341　大阪市北区芝田町 2-4-24　ＪＲ西日本本社ビル１階
TEL06-6376-6450/FAX06-6376-6465　E-mail: kansai_gakkai@nta.co.jp
担当：今田・青野・中村
（営業時間　平日…9：30～17：30　休業日…土日祝日）

第 32 回日本分子生物学会年会

《 宿泊申込書 》

日本旅行 西日本ｲﾍﾞﾝﾄ･ｺﾝﾍﾞﾝｼｮﾝ支店 医学･学術会議デスク 担当:今田･青野･中村 宛

ＦＡＸ ０６−６３７６−６４６５

＊申込締切日:平成２１年１１月１８日(水)までに必着　　　　申込日　　月　　日

フリガナ お申込者名		メールアドレス (携帯不可)	このｱﾄﾞﾚｽでご予約記録が操作できます
ご連絡先住所 (自宅 ・ 勤務先)	〒　　－	電話	
		ＦＡＸ	
所属先名		携帯電話	

フリガナ / 氏名	宿泊日（○印を記入） 12/8	12/9	12/10	12/11	12/12	申込記号 (希望ホテル)	フリガナ / 同室者名
ニチリョ タロウ 記入例 日 旅 太 郎		○	○			1−T (ﾊﾟﾝﾊﾟｼﾌｨｯｸﾎﾃﾙ 横浜ﾍﾞｲﾎﾃﾙ東急)	ニチリョ ハナコ 日 旅 花 子

【備考・ご要望事項など】※第２希望ホテルをご記入ください。

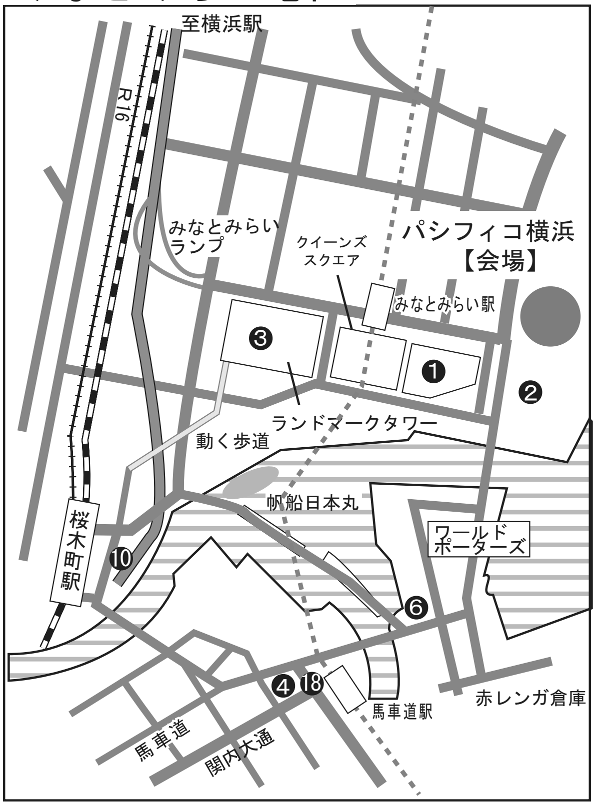
＊フリガナは必ずご記入お願い致します。
＊ ツイン(２名１室)ご利用の方のみ同室者名をご記入ください。

■お支払い方法　□銀行振込 ： 月 日頃 振込予定（指定銀行口座は申込受領後、返信されます請求書に記載）
□クレジットカード決済：必要事項を下記へ正確にご記入下さい。（予約確認書ＦＡＸ送信後約１週間以内）

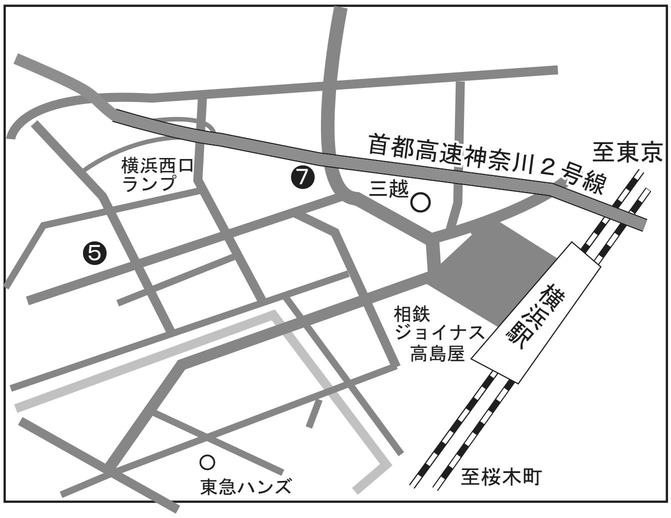
カード種類	□ＶＩＳＡ □ＪＣＢ □ＤＣ □ＵＦＪ □ＵＣ（※） □ＡＭＥＸ □ＮＩＣＯＳ □ダイナース □ＭＡＳＴＥＲ ※ＭＡＳＴＥＲの国際カードは日本国内ではＵＣカードによる決済となります															
カード番号																
有効期限	２０　年（YEAR）　月(MONTH)							ご署名								

【ホテルマップ】

みなとみらい地区



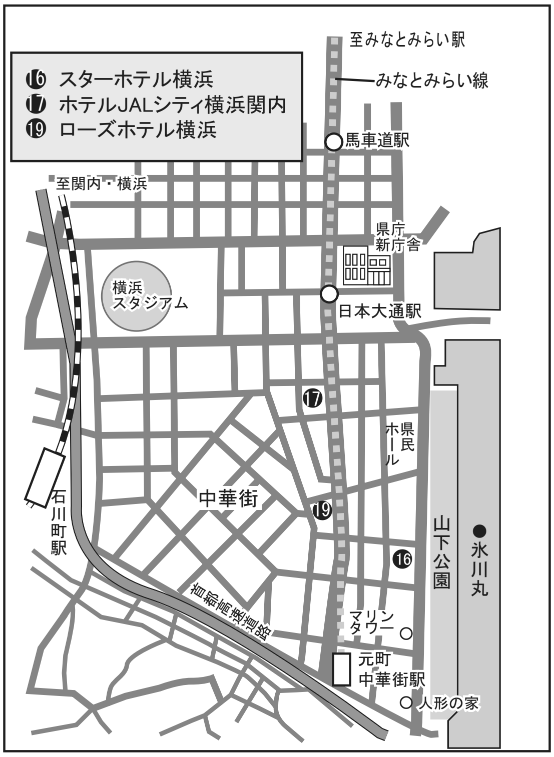
横浜駅周辺



1. パンパシフィック横浜ベイホテル東急
2. ヨコハマグランドインターコンチネンタルホテル
3. 横浜ロイヤルパークホテル
4. 横浜平和プラザホテル
5. ホテルコスモ横浜
6. ナビオス横浜
7. ホテルキャメロットジャパン
10. 横浜桜木町ワシントンホテル
18. ホテルルートイン横浜馬車道

関内駅周辺

山下町・元町周辺駅周辺



男女共同参画委員会活動報告

男女共同参画委員長　杉本亜砂子
副委員長　篠原　　彰

1.　大規模アンケート分析結果の完成報告

前号でお知らせしましたように、「第２回科学技術系専門職の男女共同参画実態調査」（主催：男女共同参画学協会連絡会、2007年８～11月実施）の日本分子生物学会員回答結果の分析が終了しました。分析結果の概要を次頁に掲載しておりますので、是非ご覧ください。分析結果全文は本会HPの男女共同参画ページ（http://wwwsoc.nii.ac.jp/mbsj/gender_eq/index.html）で公開しています。また、分析結果全文の冊子体をご希望の方は学会事務局までご連絡ください（部数には限りがあります）。

2.　第２回男女共同参画委員会開催報告

３月14日、理研CDB（神戸）にて今期２回目の委員会を行い、大規模アンケートの分析結果、夏の学校、年会等の具体的な計画について、検討しました。

3.　学協会連絡会関連活動報告

今年の学協会連絡会主催シンポジウムの日程・場所が以下の通り決定しました。

日　程：2009年10月７日㈬
場　所：東京工業大学　大岡山キャンパス内　蔵前会館
（TOKYO TECH FRONT）

4.　女子中高生夏の学校

今年も女子中高生夏の学校の合宿プログラムが、８月13日㈭― 15日㈯に、国立女性教育会館（埼玉県）にて開催されます。

この合宿が、科学・技術世界の楽しさを「体験する」だけでなく、その世界で活躍する女性達と「交流する」、科学・技術に関心のある仲間や先輩と「知り合う」ための場となるよう、今回も新しい企画を準備中です。分子生物学会からも例年通り、ポスター展示と実験の実演を行う予定です。イベントの詳細、申込みについては以下のURL（国立女性教育会館）をご覧ください。（http://www.nwec.jp/jp/program/invite/2009/page04i.html）

5.　第32回日本分子生物学会年会
（2009年12月９日～12月12日）

ｉ）演題発表者の属性調査について

今年の年会より､演題カテゴリー（ポスター･ワークショップ・シンポジウム等）ごとの演題発表者の属性（性別・年齢・身分）の動向を経年的に調査し公表する予定です。演題投稿の際に投稿者の属性を調査する質問が追加される予定ですが、回答の有無や内容は演題の採択とは一切関連いたしませんので、皆様のご協力をお願いいたします。

ⅱ）男女共同参画委員会 年会企画について

年会での男女共同参画企画の開催も、今回で９回目となりました。今年も昨年と同様に、ランチョンワークショップを企画しております。開催日時が、以下の通り決定しましたので､お知らせいたします。

日　時：12月９日㈬11：45 ～ 13：00

企画内容については現在検討中ですが、詳細は後日年会HP（http://www.aeplan.co.jp/mbsj2009/index.html）に掲載いたします。

第2回バイオ系専門職における男女共同参画実態大規模調査の分析結果（概要）

男女共同参画学協会連絡会（http://annex.jsap.or.jp/renrakukai）主催、第2回科学技術系専門職実態調査が、2007年8月20日から11月20日に行われた。日本分子生物学会男女共同参画委員会では、バイオ系研究者・技術者の男女共同参画推進課題を明確化することを目的として、2007年12月に大規模アンケートワーキンググループを発足させ、日本分子生物学会員の回答結果を抽出して分析を行った。分析結果の概要をここに報告する。全分析結果の報告書は、以下のHPアドレス (http://wwwsoc.nii.ac.jp/mbsj/gender_eq) に掲載されている。

大規模アンケートワーキンググループメンバー；松尾勲（座長）、松崎文雄（副座長）、大坪久子、金井正美、見学美根子、条昭苑、赤林英夫（図表化作業担当）

第15期大隅典子委員長、第16期杉本亜砂子委員長、篠原彰副委員長

回答者数；連絡会全体の大規模アンケート回答総数は14,110件、そのうち分子生物学会員による回答は2,768件（19.6%）であった。全学会員15,962名に対して回答率は17.3%となる（アンケート実施時）。男女比は分子生物学会員内では男性65.8%、女性34.2%であった（分子生物学会員の男女比は、男性75.7%：女性24.2%）。年齢別では30代の回答率が最も高く、男性は30代後半、女性は30代前半がピークであった。

仕事時間の男女差；職場での仕事時間は、配偶者がいない場合は平均勤務時間の男女差はほとんど認められなかったが、配偶者がいる場合には、女性の勤務時間が男性と比較して週10～15時間短くなり、子どもがいると更に週10時間程度も短くなっていた。子どものいる女性の勤務時間の短縮傾向は、子育て期間の終了する年齢である45～50歳頃に解消することから、子育て時期の女性が時間的制約を大きく受けることを反映している。

理想の職；将来の望ましい職は男女とも大学等で研究に従事することであった。男性の6割が研究室を主宰することを理想と考えるのに対して、女性はその比率は3割以下に留まる。むしろ女性の場合は、必ずしもPIでなくとも大学や企業で研究に従事することを期待する人が5割に達した。この数字は、男性に比べて女性はPI願望（研究リーダーとなる希望）が相対的に低いことを示す。また理想の職に就くために必要事項として、男性は、「知的能力や専門知識」に加えて、「リーダーシップや管理能力」を挙げている一方、女性では、「上司の理解協力」と「家庭の理解協力」を挙げる人が多くみられた。女性回答者の少数に「性別」つまり男性であることを挙げていた事実は無視できない。

研究開発費獲得の男女差；取得研究費の額に関して、企業、大学、公立研究所の区別なく、どの年齢層でも男性が女性の取得額を大きく上回っていた。抽出を大学所属博士号取得者に絞った場合には、結婚して子どもをもつ女性は、男性と比べて平均700万円/年以上も獲得予算が少ない。男性の研究費獲得額は博士号の有無に関わらず、未婚者に比べて既婚者のほうがより多く、更に既婚者の間で比べると、子どもがいない人よりいる人の方が多かった。しかし女性では正反対の傾向が認められた。即ち、未婚者の方が既婚者より獲得研究費が多く、この傾向はPIに限っても同様である。結婚している女性研究者（特に、子どもをもつ女性）にとって、研究費獲得というキャリア・ディベロップメントが困難であることが窺える。

任期付き職・ポスドク職の現状；学会員の雇用形態の現状は、常勤任期無し職は男性で44%、女性で32%に過ぎず、4年前に比べ、10ポイント減少し、逆に任期付き職・非常勤職が同ポイント増加した。任期付き職・非常勤職が任期無し職の比率を上回っている事実は学会として最重要視すべき問題と思われる。雇用任期は、1年間が男性3割、女性4割程度であり、再任可は男女ともその半数に留まる。以上の結果から、就業学会員の4分の1が再任制限のある職に就いているという現状が明確となった。これは、ボスドク後の再任制限のない常勤職が大幅に不足している現状を反映している。次に年齢別雇用形態を見ると、30代前半では男女とも任期付き職・非常勤職に就いている人が8割近くで、30代後半でも男性の6割、女性の7割を占めている。つまり大多数の学会員は、雇用環境が不安定な状態で出産・育児の時期を迎える事実が浮き彫りになった。男性では40代でも3割以上が、女性では50代前半まで4割以上が任期付き職・非常勤職に就いていた。特記すべきは、10年以上任期付き職にある人が男女とも1割程度占めることである。以上の結果は任期付き職・非常勤職が、PIになるまでの一時的なものではなく、一生涯にわたって続く雇用形態であることを示す。年収に関しては、博士号取得者のうち年収300万未満が7%も存在する（内16人が無給者）。また、博士号未取得者のうち年収200万円未満が4割

もいた（内 189 人が無給者）。このように、適正賃金とかけ離れた（ワーキングプア）研究者・技術者が回答会員 2,768 人中 500 人以上も存在する。収入 300 万未満の人の割合は男性では 2% であるのに対して女性では 14% を占める。任期の年数と配偶者及び子どもの有無について分析すると、任期の長い職に就いている人ほど、子どもありと回答していた。特に男性では、任期が 5 年以上の人が、子どもありの 51% を占めているのに対して、任期が短い人ほど未婚率が上昇した。男性が結婚し子どもをもつためには、5 年以上の長い任期が必要であること、つまり任期が 5 年未満であると、「結婚して子どもをもつ」ための環境を整えにくい事実が窺える。

ポスドク制度の問題点と改善点；ポスドク制度の利点については、「全く利点は無い」という極端な意見が 1 割にものぼる。回答者を PI に絞っても同じ傾向が見られた。つまり現在のポスドク制度は、利点を見出し難い、多くの問題を抱えた制度であることを端的に示す。その欠点については、「その後のポジションが少ない」が 8 割、「生涯設計を立てにくい」や「任期の見通しがつかない」が 6 割であった。また、「年齢制限があること」や「育児休業しにくい」といった指摘が女性に多く見られる。「問題点が無い」とする回答者がほとんど無く、現行ポスドク制度の欠点を多くの人が認めていた。ポスドク制度の改善点として 8 割の回答が「独立しなくとも研究を行う常勤職」を挙げていた。現在、PI 職を希望しない研究者が多数存在する。この結果から、「独立しなくとも研究を行う常勤職」を新たに創設あるいは大幅に増やすことが急務と考えられる。

仕事と家庭の両立；配偶者ありは男性 65%、女性 51% で、女性研究者・技術者は男性より配偶者を持ちにくい事実が窺える。単身赴任に関しては、男性では、3 割以上、女性では約 5 割が単身赴任を経験していた。その経験年数は、男女ともに 10 年以上が高い割合で認められた。子どもの人数については、4 年前のアンケートの結果と比較すると、男性において少子化が一層進んでいた。この結果は不安定な任期付職が増加したことのデメリットの 1 つと推測される。生涯における理想の子ども数は男女ともに「2 ～ 3 人」との回答が 8 割を占めるが、男性では約半数が、女性では約 3 分の 2 が現実的には「達成不可能」と考えている。その理由として、男性は「経済上」、「職の安定」を、女性は「育児とキャリア形成の両立」、「職場の理解」、「配偶者の協力」を挙げている。技術者・研究者、更には、指導的地位に女性が少ない理由では同様な回答が目立った。「家庭と仕事の両立が困難」、「育児期間後の復帰が困難」、「採用時の業績評価において配慮がない」、「評価者に男性を優先する意識がある」の順であった。女性に家庭の負担が集中していることが指導的な立場になるための障害となっていることが窺える。8 割近い女性が男女に処遇差があると感じていたことから、男女間に現状認識に大きなギャップがあることが明らかとなった。

男女共同参画・施策について；所属職場に「女性研究者比率の数値目標があるべきか」という問いに対し、「定めるべき」とした女性は 4 割に対し、男性では 2 割以下であった。任期付職・非常勤職に就いている回答者で男女差が最も大きく、9 割以上の男性が「定めるべきでない」としているが、女性では 4 － 5 割が目標の導入を歓迎している。女性が雇用の機会の拡大を期待しているのに対し、男性は雇用・昇進への危機感を感じているのが事実であろう。所属機関、学会、世の中の男女共同参画の流れについて、4 割の人が学会や世の中での変化を感じているのに対して、実際に所属する職場の変化を感じている人は 3 割程度であった。この結果から、学会や世の中で支援が進みつつあるという意識はあるが、実際の雇用条件の変革は立ち後れていることを示唆する。「ほとんど変わらない」と答えた割合は女性で高く、「進んでいる」と答えた割合が男性で高かったことは、男女共同参画に対する男女の期待度の違いを反映している。男女共同参画社会の推進のために今後必要と思われることについては、男女とも「男性の意識改革」を一番に挙げていた（男性 6 割、女性 7 割）。次に、男性では、「女性の意識改革」（5 割）、「育児支援などの拡充」（5 割弱）と続く。一方女性では、「育児介護支援などの拡充」（6 割）、「多様な勤務体系の拡充」（5 割）、等と続いている。女性が多く回答した項目として「上司の理解の促進」、「各種年齢制限の撤廃」、「一定期間の女性優先措置」が挙げられる。

自由記述；寄せられた自由記述内容を見ると、男女共同参画社会の実現に向けて、社会や職場における意識改革への要望、一生涯継続する任期付き雇用制度やポスドク制度の改善要望、子育て期間における両立支援の拡充要望、労働環境の適正化要望や女性研究者数の拡充要望等が数多く見られた。このような記述から、今後これらの重点要望課題の実現に向けて、日本分子生物学会として、国や研究機関に対して強く働きかけを行っていく必要があると思われる。

学術賞、研究助成の本学会推薦について

本学会に推薦依頼あるいは案内のある学術賞、研究助成は、本号に一覧として掲載しております。そのうち、応募にあたり学会等の推薦が必要なものについての本学会からの推薦は、本学会賞推薦委員会または研究助成選考委員会の審査に従って行います。応募希望の方は、直接助成先に問合わせ、申請書類を各自お取寄せのうえ、ふるってご応募下さい。

本学会への推薦依頼の手続きは次の通りです。

1.　提出物

1)　本申請に必要な書類（オリジナルおよび募集要項に記載されている部数のコピー）

2)　本学会の選考委員用および学会用控に、上記申請書類のコピー計6部

3)　申込受付確認のための返信封筒（返信用の宛名を記入しておいて下さい）

4)　論文（別刷は各種財団等応募先の必要部数をご用意下さい。委員会用の論文は不要です）

2.　提出先

※賞推薦についての送付先

日本分子生物学会・賞推薦委員長　田畑　哲之
〒102-0072　千代田区飯田橋3-11-5
20山京ビル11階
日本分子生物学会事務局気付

※研究助成についての送付先

日本分子生物学会・研究助成選考委員長　町田　泰則
〒102-0072　千代田区飯田橋3-11-5
20山京ビル11階
日本分子生物学会事務局気付

3.　提出期限

財団等の締切りの1カ月前まで。提出期限後に受取った場合や、提出書類が不備な場合は、選考の対象にならないことがあります。推薦手続きのことでご不明な点がありましたら、学会事務局までお問合わせ下さい。

研究助成一覧

名　称	連　絡　先	件　数	締　切	助成内容等	概　要
第40回三菱財団自然科学研究助成	㈶三菱財団 ☎（03）3214－5754 〒100－0005 千代田区丸の内2－3－1	総額3億円、40件程度	2009年 2月2日	1件当たり 2,000万円まで	自然科学の基礎となる独創的、かつ先駆的研究とともに、すぐれた着想で新しい領域を開拓する萌芽ともなる研究（原則として個人研究）。
新化学発展協会2009年度研究奨励金	㈳新化学発展協会 ☎（03）5297－8820 〒101－0041 千代田区神田須田町1－12	8課題、 各課題1件	2009年 1月31日	1件　100万円	新化学の発展に資する若手研究者（39歳以下）の研究に対して、研究奨励金を交付。 研究課題有り。
山田科学振興財団2009年度研究援助	㈶山田科学振興財団 ☎（06）6758－3745 〒544－8666 大阪市生野区巽西1－8－1	15件程度 （2件）	2009年 3月31日	1件当たり 100～500万円、 総額4,000万円	自然科学の基礎的研究に対しての研究費援助。 ［推薦書は山田財団HPよりダウンロード http://www.yamadazaidan.jp/］
第25回国際生物学賞	国際生物学賞委員会 ☎（03）3263－1722 〒102－8471 千代田区一番町6 日本学術振興会内	1件 （1件）	2009年 5月15日	賞状、賞牌、 1,000万円	生物学の研究において世界的に優れた業績を挙げ、世界の学術進歩に大きな貢献をした研究者。第25回の授賞分野は「感覚の生物学」。
第26回持田記念学術賞	㈶持田記念医学薬学振興財団 ☎（03）3357－1282 〒160－0003 新宿区本塩町7－6 四谷ワイズビル	2件以内 （1件）	2009年 7月31日	1件　500万円	生命科学・薬物科学・情報科学と医療応用の研究の分野における研究で、顕著な功績があり、かつ新進気鋭の研究者。
第27回研究助成		総額 1億6,000万円	2009年 6月26日	1件　200万円	
第26回国内および海外留学補助金		総額 1,000万円	2009年 6月26日	1件　50万円	
平成22年度笹川科学研究助成	㈶日本科学協会 ☎（03）6229－5365 〒107－0052 港区赤坂1－2－2 日本財団ビル	約350件	募集期間 2009年＊ 10月1日 ～ 10月15日	1件当たり100万円まで	人文・社会科学および自然科学（医学を除く）の研究計画に関するもの。4月1日現在、35歳以下の若手研究者へ助成。

名　称	連 絡 先	件　数	締　切	助成内容等	概　要
上　原　賞	㈶上原記念生命科学財団 ☎（03）3985－3500 〒171－0033 豊島区高田3－26－3	2件以内 （1件）	2009年 9月8日	金牌、 2,000万円	生命科学の栄養学、薬学、基礎および臨床医学、社会医学、東洋医学で顕著な業績を挙げ、引き続き活躍中の研究者。
第26回井上学術賞	㈶井上科学振興財団 ☎（03）3477－2738 〒150－0036 渋谷区南平台町15－15－601	5件以内 （2件）	2009年 9月20日	賞状、金メダル、 200万円	自然科学の基礎的研究で特に顕著な業績を挙げた者（ただし締切日現在満50歳未満）。
第2回井上リサーチアウォード		3名以内 （うち1名以上女性研究者）	2009年 7月31日	1人当たり 1,000万円 （期間は2年）	開拓的発展を目指す若手研究者の独創性と自立を支援する目的で、研究を助成。期間は2年。
第18回木原記念財団学術賞	㈶木原記念横浜生命科学振興財団 ☎（045）502－4810 〒230－0045 横浜市鶴見区末広町1－6	1件 （1件）	2009年 9月30日	賞状、記念牌、 200万円	最近において生命科学の分野で優れた独創的研究を行っている国内の研究者で、原則として締切日現在50歳以下の者。
木原記念財団特別賞（平成20年より新設）		1件 （1件）	2009年 9月30日	賞状、記念牌、 100万円	生命科学の分野で独創的かつ社会的貢献に繋がる研究を行っている研究者で50歳以下の者。
平成21年度日産科学賞	㈶日産科学振興財団 ☎（03）3543－5597 〒104－0061 中央区銀座6－16－9	1件 （1件）	2009年＊ 9月15日	賞状、500万円	自然科学分野で、学術文化の向上・発展に大きな貢献をした、わが国の公的研究機関に所属する概ね50歳以下の研究者。年度により、対象研究分野の指定有り。
住友財団2009年度基礎科学研究助成	㈶住友財団 ☎（03）5473－0161 〒105－0012 港区芝大門1－12－6 住友芝大門ビル2号館	総額 1億4,000万円 100件程度	2009年 6月30日	1件当たり500万円まで	理学（数学、物理学、化学、生物学）の各分野及びこれらの複数にまたがる分野の基礎研究で萌芽的なもの。若手研究者（個人またはグループ）を対象とする。
第50回藤原賞	㈶藤原科学財団 ☎（03）3561－7736 〒104－0061 中央区銀座3－7－12	2件 （1件）	2009年 1月31日	副賞1,000万円	推薦の対象は自然科学分野に属するもの。わが国に国籍を有し、科学技術の発展に卓越した貢献をした者。
平成22年度科学技術分野の文部科学大臣表彰科学技術賞および若手科学者賞	文部科学省 研究振興局振興企画課奨励室 ☎（03）6734－4071 〒100－8959 千代田区霞が関3－2－2	科学技術賞140件（年）のうち、研究部門は40件程度 若手科学者賞は100名程度（学会推薦枠は定まっていないが推薦は若干名まで）	2009年 7月17日	表彰状及び副賞	我が国の科学技術の発展等に寄与する可能性の高い独創的な研究又は発明を行った個人又はグループを表彰。 萌芽的な研究、独創的視点に立った研究等、高度な研究開発能力を示す顕著な研究業績を誉げた若手研究個人。
平成21年度島津賞	㈶島津科学技術振興財団 ☎（075）823－3240 〒604－8445 京都市中京区 西ノ京徳大寺町1	1件 （推薦枠は若干件）	2009年 9月30日	賞状、賞牌、 副賞300万円	科学技術、主として科学計測およびその周辺の領域における基礎的な研究において、近年著しい成果をあげた功労者を対象とする。
島津科学技術振興財団研究開発助成		総額 1,000万円	2009年 9月30日	1件当たり 100万円以下	上記同様を研究対象とする、国内の研究機関に所属する45歳以下の新進気鋭の日本人研究者。
東レ科学技術賞	㈶東レ科学振興会 ☎（047）350－6103 〒279－8555 浦安市美浜1－8－1 東レビル	2件前後 （2件）	2009年 10月9日	1件につき 賞状、金メダル、 500万円	学術上の業績顕著な者、学術上重要な発見をした者、重要な発明により効果が大きい者、技術上の重要問題を解決し貢献が大きい者。
東レ科学技術研究助成		総額 1億3,000万円 10件程度 （2件）	2009年 10月9日	特に定めず最大3,000万円程度まで	今後の研究の成果が科学技術の進歩・発展に貢献するところが大きいと考えられる、独創的、萌芽的な研究を活発に行っている若手研究者（原則として45歳以下）。

名　称	連　絡　先	件　数	締　切	助成内容等	概　要
第41回内藤記念科学振興賞	㈶内藤記念科学振興財団 ☎（03）3813－3005 〒113－0033 文京区本郷3－42－6 NKDビル8階	1件 （1件）	2009年 10月1日	金メダル、 1000万円	人類の健康の増進に寄与し得る自然科学の基礎的研究において、独創的テーマに取り組み、その進歩発展に顕著な功績を挙げた研究者。
第41回海外学者招へい助成金		（前期・後期各10件）	2009年 6月1日・ 10月1日	1件 20～80万円まで（エリアによる）	同上のテーマに取り組み、国際的に高い評価を得ている外国の研究者を招へいする受入れ責任者に贈呈。
ブレインサイエンス財団研究助成	㈶ブレインサイエンス振興財団 ☎（03）3273－2565 〒104－0028 中央区八重洲2－6－20	8～12件	2009年＊ 10月16日	1件 100万円	ブレインサイエンス研究分野における独創的な研究計画への助成。
塚原仲晃記念賞		1件		1件 100万円	生命科学の分野において優れた独創的研究を行っている45歳以下の研究者。
海外派遣研究助成		若干件		1件 30万円まで	ブレインサイエンスの研究の促進を図るため、国際学会、シンポジウム等への参加、あるいは研究者の派遣を助成。
海外研究者招聘助成		若干件	2010年＊ 1月15日	1件 30万円まで	同分野において独創的テーマに意欲的に取り組んでいる外国人研究者の招聘を助成。
平成22年度研究助成	㈶長瀬科学技術振興財団 ☎（06）6535－2117 〒550－8668 大阪市西区新町1－1－17	10数件	2009年＊ 11月30日	1件 250万円以内	生化学および有機化学等の分野において研究活動を行う研究者または研究機関。
ノバルティス研究奨励金	㈶ノバルティス科学振興財団 ☎（03）5464－1460 〒106－0031 港区西麻布4－16－13 西麻布28森ビル10F	約45件 指定機関からの推薦必要	2009年＊ 9月11日	1件 100万円	生物・生命科学およびそれに関連する化学の領域における創造的な研究に対して助成。
第6回日本学術振興会賞	㈱日本学術振興会 ☎（03）3263－1762 〒102－8472 千代田区一番町8番地	20件程度	2009年 5月26日～ 28日 （受付日）	賞状、賞碑、 110万円	人文、社会科学及び自然科学にわたる全分野が対象。博士の学位を取得しており、国内外の学術誌等に公表された論文、著書、その他の研究業績により学術上特に優れた成果を上げたと認められた研究者（45歳未満）。
㈶材料科学技術振興財団 山﨑貞一賞	㈶材料科学技術振興財団 ☎（03）3415－2200 〒157－0067 世田谷区喜多見1－18－6	各分野 1件	2009年 4月30日	賞状、金メダル、 300万円	授賞対象は、「材料」、「半導体及び半導体装置」、「計測評価」、「バイオサイエンス・バイオテクノロジー」の4分野からなり、論文の発表、特許の取得、方法・技術の開発等を通じて、実用化につながる優れた業績をあげている者。
平成21年度研究助成	㈶光科学技術研究振興財団 ☎（053）454－0598 〒430－0926 浜松市中区砂山町325－6	総額 4,000万円	2009年 8月31日	助成金総額 約4,000万円	光科学に関係する研究に対して助成。対象課題有り。
2009年度朝日賞	㈶朝日新聞文化財団 ☎（03）5540－7453 〒104－8011 中央区築地5－3－2	ここ最近は 4～6件 （1件）	2009年＊ 8月31日	正賞（ブロンズ像）と副賞500万円	学術、芸術などの分野で傑出した業績をあげ、わが国の文化、社会の発展、向上に多大の貢献をされた個人または団体に贈られる。

●件数の（　　）内は、応募に当たり学協会等からの推薦が必要な場合、本学会の推薦枠を示しています。

＊は、本年度の案内を受取っておらず、昨年の締切日を参考に示してあります。
締切日を過ぎているものは、本年度応募は終了していますが、参考資料として掲載しました。

●学会推薦した会員が財団等の研究助成対象者となった場合には、その研究成果を将来、学会誌「Genes to Cells」に論文あるいは総説として発表して頂くように要請いたします。応募に際しては、その旨をご了解くださるようお願いします。

各種学術集会、シンポジウム、講習会等のお知らせ

○第 14 回日本病態プロテアーゼ学会学術集会

会　期：平成 21 年 8 月 21 日㈮・22 日㈯
会　場：千里ライフサイエンスセンター（大阪、豊中市）
第 14 回学術集会長：小林　浩（奈良県立医科大学産婦人科学教室）
事務局：〒 634‒8522 橿原市四条町 840　奈良県立医科大学産婦人科学教室
TEL：0744（29）8877 ／ FAX：0744（23）6557
E-mail：cpipt@naramed-u.ac.jp
URL：http://www.naramed-u.ac.jp/-gyne/13kaigakkai3.html

【8 月 21 日㈮ 11：50 ～開会式　12：00 ～講演会】

■特別講演①　「質量顕微鏡“Imaging Mass Spectrometry”に関して」
浜松医科大学 分子イメージング先端研究センター 分子解剖学研究部門　瀬藤　光利

■特別講演②　「VKORC1 と g-glutamylcarboxylase（仮）」
Department of Biology,University of North Carolina at Chapel Hill　Professor Dr. Darrel Stafford

■ワークショップ　「血栓症に関するプロテアーゼと病態（仮）」
オーガナイザー　国立循環器病センター研究所病因部　宮田　敏行
奈良県立医科大学第三内科学教室　植村　正人
①小亀　浩市「ADAMTS13 と VWF」（国立循環器病センター研究所脈管生理部・血栓研究室）
②森岡　千恵「重症急性膵炎における ADAMTS13 の動態」（奈良県立医科大学第三内科学）
③永井　信夫「脳梗塞における tPA の役割」（近畿大学医学部第二生理学教室）
④林　　辰弥「プロテイン C インヒビター (仮)」（三重県立看護大学薬理学生化学）
⑤惣宇利正善「凝固 XIII 因子ノックアウトマウスの止血異常と病態」（山形大学医学部分子病態学講座）

【8 月 22 日㈯ 8：45 ～総会　9：00 ～講演会】

■教育講演　「トシリズマブ創薬物語―免疫難病のベールを剥ぐ日本発の抗体医薬―」
中外製薬株式会社　学術情報部　サイエンスディレクター　大杉　義征

■シンポジウム　「組織・細胞ターンオーバーとプロテアーゼ研究の最前線」
オーガナイザー　東京薬科大学薬学部生化学・分子生物学教室　伊東　晃
㈱カネボウ化粧品　基盤技術研究所　井上紳太郎
①木崎景一郎「子宮内膜のターンオーバーと MMP」（岩手大学農学部獣医生理学研究室）
②佐々木　稔「角層のターンオーバーとカセプシン D」（㈱カネボウ化粧品　基盤技術研究所）
③佐藤　　隆「癌のマトリックスターンオーバーと EMMPRIN」（東京薬科大学薬学部生化学・分子生物学教室）
④福田　信治「ADAM による膜型増殖因子 shedding と cell cycle 制御」（愛媛大学大学院医学系研究科システムバイオロジー部門　分子ネットワーク解析学講座　生化学・分子遺伝学分野）
⑤山本　直樹「ウイルスのライフサイクル（ターンオーバー）とプロテアーゼ」（国立感染症研究所　エイズ研究センター）

○千里ライフサイエンスセミナー 「臨床に繋がる癌幹細胞研究」

日　時：平成 21 年 8 月 25 日㈫　10：00 ～ 17：10
場　所：千里ライフサイエンスセンタービル 5 階ライフホール
着眼点：
癌幹細胞は、悪性腫瘍の発生、治療抵抗性、再発、転移等に重要な役割を果たす。臨床応用に直結する可能性を秘めた癌幹細胞研究は造血器腫瘍が先行する形で進み、固形腫瘍でも精力的に検証が進んでいるのが現状である。本セミナーでは、主に固形腫瘍の癌幹細胞研究の動向をまとめ、近未来の臨床応用に繋がる内容として、特に若手研究者のスキルアップを目指したい。
コーディネータ：
大阪大学大学院医学系研究科　森　　正樹
東京医科歯科大学難治疾患研究所　田賀　哲也
プログラム：
1. 消化器癌における癌幹細胞
大阪大学大学院医学系研究科
石井　秀始、森　　正樹
2. 肝胆膵領域における癌幹細胞研究の動向
横浜市立大学大学院医学研究科　谷口　英樹
3. グリオーマ幹細胞の性状解析
理化学研究所発生・再生科学総合研究センター
近藤　　亨

4. 神経幹細胞の増殖能と多分化能の分子基盤から癌細胞制御を探る
東京医科歯科大学難治疾患研究所　田賀　哲也
5. 癌幹細胞のエピジェネティクスとポリコーム遺伝子の機能
千葉大学大学院医学研究院　岩間　厚志
6. 幹細胞とがん幹細胞の異同
慶應義塾大学医学部　須田　年生

定　員：300名
参加費：無料
申込方法：
1）氏名、勤務先、〒所在地、所属、電話およびFAX番号を明記の上、郵便、FAXまたはE-mailで下記宛お申し込み下さい。
2）事務局より参加証を送付します。
3）参加証は、セミナー開催当日、受付で提示ください。

申込先：
㈶千里ライフサイエンス振興財団セミナーZ3事務局
〒560-0082
大阪府豊中市新千里東町1-4-2
千里ライフサイエンスセンタービル20階
TEL：06-6873-2001　FAX：06-6873-2002
E-mail：tkd@senri-life.or.jp

○千里ライフサイエンスセミナー 「ユビキチン研究の新展開：病態生理学的観点から」

日　時：平成21年9月7日㈪10：00～16：10
場　所：千里ライフサイエンスセンタービル
5階ライフホール
着眼点：
エネルギー依存性タンパク質分解系の一部として発見されたユビキチン系は、その異常がガンや神経変性疾患などの原因になることや、ユビキチン化タンパク質を分解するプロテアソームの阻害剤が抗ガン剤として認可されているなど、関与しない生命現象が存在しないと考えられるほどに私達の身体で重要な役割を演じています。しかも、ユビキチン系はタンパク質分解の枠組みを凌駕し、多彩な様式でタンパク質の機能制御を司っていることも解ってきました。
本セミナーでは、日本のユビキチン－プロテアソーム研究のトップランナーにユビキチン研究の最前線を紹介していただきます。

コーディネータ：
東京都臨床医学総合研究所　田中　啓二
大阪大学大学院生命機能研究科　岩井　一宏

プログラム：
1. はじめに
東京都臨床医学総合研究所　田中　啓二
2. 直鎖状ポリユビキチン化：NF-κB活性化に必須な新たなユビキチン修飾系
大阪大学大学院生命機能研究科　岩井　一宏
3. 脂溶性生理活性物質によるユビキチン化制御機構
東京大学分子細胞生物学研究所　加藤　茂明
4. がんの進展とタンパク質分解
筑波大学大学院生命環境科学研究科　柳澤　純
5. 超分子複合体タンパク質分解酵素プロテアソームによる生体制御
東京大学大学院薬学系研究科　村田　茂穂
6. プロテオミクスが拓くユビキチン研究の新地平：酵素－基質関係の網羅的解明にむけて
九州大学生体防御医学研究所　中山　敬一
7. おわりに
大阪大学大学院生命機能研究科　岩井　一宏

参加費：無料
定　員：300名
申込方法：
氏名、勤務先（所属）、〒所在地、電話番号を明記の上、E-mailで下記宛にお申込み下さい。事務局より受付メールを返送いたします。

申込先：
㈶千里ライフサイエンス振興財団セミナーZ4係
〒560-0082
大阪府豊中市新千里東町1-4-2
千里ライフサイエンスセンタービル20階
TEL：06-6873-2001　FAX：06-6873-2002
E-mail：tnb@senri-life.or.jp

○第10回 若手NMR研究会開催のお知らせ

主　催　第10回若手NMR研究会　実行委員
後　援　日本分子生物学会
会　期　平成21年9月4日㈮～9月6日㈰
場　所　神奈川県三浦郡葉山町湘南国際村
IPC生産性国際交流センター

プログラム　（講演タイトルはすべて仮題）
9月4日㈮　NMR基礎講義　池上　貴久（大阪大学）
9月5日㈯
1. 生体分子同位体標識の基礎とNMR信号帰属
相沢　智康（北海道大学）
2. 高圧NMRによるタンパク質構造の揺らぎ
北原　亮（立命館大学）
3. 固体NMRの基礎と生体分子構造解析の最新手法
内藤　晶（横浜国立大学）
4. 四極子相互作用とどう戦うか　－^{17}O NMR－
山田　和彦（東京工業大学）
5. 固体NMRによる絹材料研究の過去から現在
朝倉　哲郎（東京農工大学）

9月6日(日)

1. 固体NMRによるゴムの解析
   小谷真理奈（住友ゴム工業株式会社）
2. 食品分野におけるNMRの役割
   山口　秀幸（味の素 ライフサイエンス研究所）

申し込み方法：参加方法や締め切り等について詳しくはホームページをご覧ください。

参加費：学生18,000円　一般23,000円
（定員　110名程度）

連絡先：
〒240-8501 横浜市保土ヶ谷区常盤台79-5 横浜国立大学大学院工学研究院棟102室
横浜国立大学大学院工学研究院　川村　出
E-mail：izuruk@ynu.ac.jp
TEL：045-339-4224
FAX：045-339-4251
ホームページURL：
http://www.chem.ynu.ac.jp/lab/naitolab/wakatenmr/10th_WakateNMR2.html

○第29回日本糖質学会年会開催のお知らせ

会　期：平成21年9月9日(水)〜11日(金)
会　場：飛騨・世界生活文化センター
（岐阜県高山市千鳥町900-1）
世話人：矢部　富雄　岐阜大学応用生物科学部
討論主題：糖質、複合糖質に関する基礎および応用研究
プログラム概要：
特別講演（2題）、シンポジウム（4題）、日本糖質学会奨励賞受賞講演（2題）、一般講演
参加・発表申込：
申込方法、発表方法の詳細は平成21年5月より学会ホームページ（http://www.gak.co.jp/jscr/）に記載いたします。申込期限を参照の上，ホームページより直接お申し込みください。
参加登録費：
日本糖質学会正会員および共催学会正会員：5000円（5500円）、日本糖質学会学生会員および共催学会学生会員：2500円（3000円）、一般：6000円（6500円）、一般学生：3000円（3500円）※（　）内の金額は当日受付
問合せ先：
〒501−1193 岐阜県岐阜市柳戸1−1
岐阜大学応用生物科学部食品生命科学課程生理活性物質学研究室
第29回日本糖質学会年会世話人代表・木曽　真、事務局・石田　秀治
TEL：058−293−2918，FAX：058−293−2918
e-mail：glyco_gf@gifu-u.ac.jp

○財団法人神奈川科学技術アカデミー　教育講座のご案内

機能性ＲＮＡコース
〜機能性ＲＮＡの歴史と応用展開〜

20世紀週末から今世紀初頭にかけてヒトゲノム解析が進み、「ヒトの遺伝子の総数と線虫やショウジョウバエの遺伝子の総数の間に大差がない」ことがわかったことは、大きな衝撃でありました。20世紀後半に創成された学問であり、確立されたと信じられてきた分子遺伝学では解明できない課題に直面しました。21世紀初頭になって、この衝撃の秘密が、「機能性RNA」の発見により、解き明かされることになりましたが、これは分子遺伝学の第二世代の幕開けともいえる大きな発見でありました。

今回のこのコースでは、この「機能性RNA」について、その発見までに至る歴史と基礎サイエンス、さらには今後の産業化への応用までを広く俯瞰します。そのために、現在、RNAの研究開発の第一線で活躍されている研究者や研究リーダーの方を講師とし、機能性RNAの機能、機能性RNA研究のための研究手法、ならびにバイオインフォマティクスについて詳細な解説を行います。

開講期間：平成21年9月15日、16日　計2日間
申込締切：平成21年8月20日(木)
会　場：かながわサイエンスパーク（KSP）内研修室
（川崎市高津区坂戸3−2−1）
◆JR南武線「武蔵溝ノ口」駅・東急田園都市線「溝の口」駅下車
募集人員：30名
受講料：
【全日程】38,000円
＊財団法人賛助会員（事業所単位）及び神奈川県内企業、個人の申込で県内在住者の方には受講料の優遇制度がありますので、お問い合わせください
【1日受講】20,000円／日
詳細・お申し込み：http://www.newkast.or.jp/kyouiku/kouzaboshu/ed21_II_04.html から
お問い合せ：
財団法人神奈川科学技術アカデミー（KAST）教育情報グループ
〒213−0012 神奈川県川崎市高津区坂戸3−2−1　KSP東棟1F
Tel（044）819-2033　Fax（044）819-2097
e-mail：ed@newkast.or.jp
http://www.newkast.or.jp

日本分子生物学会　賛助会員一覧

（2009年6月1日現在）

アサヒビール株式会社 健康おいしさ研究所
アジレント・テクノロジー株式会社
アトー株式会社 営業開発グループ
アプライドバイオシステムズジャパン株式会社
株式会社エー・イー企画
科学技術振興機構 研究基盤情報部バイオインフォマティクス課
科研製薬株式会社 研究開発本部総合研究所
協和発酵キリン株式会社研究本部研究推進部
株式会社コクサン
コスモ・バイオ株式会社 開発部
産業技術総合研究所 北海道センター図書室
ジャスコインタナショナル株式会社 第二事業部営業課
住友化学株式会社 農業化学品研究所探索生物グループ
第一三共株式会社 創薬基盤研究所
タカラバイオ株式会社 バイオインダストリー部
武田バイオ開発センター株式会社 プロジェクトマネジメント部
株式会社ダスキン開発研究所
田辺三菱製薬株式会社 研究本部研究推進部加島推進グループ
東洋紡績株式会社 ライフサイエンス事業部
株式会社トミー精工
ナカライテスク株式会社 技術営業部広報課
日本甜菜製糖株式会社 総合研究所第二グループ
日本ベクトン・ディッキンソン株式会社 BD バイオサイエンス
日本たばこ産業株式会社 植物イノベーションセンター
日本たばこ産業株式会社 たばこ中央研究所
浜松ホトニクス株式会社 システム事業部特機営業部
ヒゲタ醤油株式会社 研究開発部
日立公共システムエンジニアリング株式会社
富士レビオ株式会社 研究開発部門研究支援グループ
フナコシ株式会社
三菱化学株式会社 イノベーションセンター
ヤマサ醤油株式会社 R&D 管理室
ロシュ・ダイアグノスティックス株式会社 AS 事業部
湧永製薬株式会社 湧永満之記念図書館
和研薬株式会社 大阪センター営業推進部

〈50音順〉

The Molecular Biology Society of Japan NEWS

日本分子生物学会 会報
（年 3 回刊行）
第 93 号（2009年6月）
発　行——特定非営利活動法人　日本分子生物学会
代表者——岡田　清孝