The Molecular Biology Society of Japan

MBSJ NEWS

日本分子生物学会

2011.7

No.99

会報

目 次一

第34回年会	参加登録費払込 重
第 44 叫生学	

- 富澤基金による研究助成の審査経過・結果報告 -----
- 第9回(2011年)日本分子生物学会三菱化学奨励賞 募集のお知らせ 3
- 第34回 (2011年) 日本分子生物学会年会開催のお知らせ (その2)― 4

【プログラム (予定)】 4

【参加者へのご案内】 5

【参加登録について】 (

【一般演題募集について】 7

【フォーラム企画の公募について】 (

【年会日程表(予定)】 10

【一般演題 発表分類一覧】 11

【シンポジウムテーマ一覧】 12

【ワークショップテーマ一覧】 20

【宿泊申込のご案内】 31

- 男女共同参画委員会活動報告 -
- 学術賞、研究助成の本学会推薦について ――――35
- TH do HI L. MA
- 研究助成一覧 -----36
- 各種学術集会、シンポジウム、講習会等のお知らせ ―――― 39
 - ○第 16 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技術講習会「クロマチン免疫沈降法」
 - ISNMR2011(第 50 回記念 NMR 討論会国際シンポジウム)
 - ○日本環境変異原学会第40回大会
- 第 17 期役員・幹事・各委員会名簿 -----42



特定非営利活動法人

日本分子生物学会

http://www.mbsj.jp/

日本分子生物学会編 —学会創立 30 周年記念出版—

分子生物学会は2008年に創立30周年を迎えましたが、これを記念し、

- 1. その歴史を留め(分子生物学に魅せられた人々),
- 2. 分子生物学の現在と将来を概観・展望し(21世紀の分子生物学),
- 3. 次なる世代にその魅力を伝える(なぜなぜ生物学)

ことを目的に、以下の3部作の出版を企画いたしました.

(出版社 東京化学同人に直接注文で、会員特別割引)



<会員特典> 日本分子生物学会会員が購入する場合,下記の特価となります.送料は弊社負担,ただし,海外への送品は実費請求となります.会員特典による頒布は東京化学同人への直接申し込みに限ります.書店・大学生協等では扱いません.東京化学同人のホームページ上に申込用紙がございますので,申込用紙をご利用の上,直接東京化学同人へお申込下さい.

分子生物学に魅せられた人々



<mark>発売中</mark> 四六判 縦組 232ページ 定価 1680円 → **特価 1400**円

創立 30 周年を期に、分子生物学が今日に至った道筋を、記憶の奥にしまいこまれてしまう前に記録することは重要と考え、日本の分子生物学の小史を書き留めることにしました。本書は、分子生物学進歩の臨場感を味わっていただけるように、我が国において分子生物学・分子生物学会の創立・発展に貢献した下記 14 名の方々に、現在第一線で活躍中の研究者がインタビューをし、まとめたものです。

富澤純一/岡田吉美/村松正實/志村令郎/吉川 寬/松原謙一/小川智子堀田凱樹/柳田充弘/竹市雅俊/谷口維紹/岡田清孝/田中啓二/長田重一

なぜなぜ生物学



新書判 縦組 202ページ 定価 1470円 → 特価 1250円

中学生・高校生とその家族、あるいは生物を専攻しなかった社会人の方々がふと思う「いのち」にかかわる「なぜ?」について、分子生物学の最先端で活躍している研究者が対話形式でやさしく答えます。「いのち」の不思議を解く面白さを一人でも多くの人に知ってもらい、次の時代の分子生物学を担う若者の参入を期待します。



<目 次> 遺伝子とパソコンソフトはどこが違うの?(五十嵐和彦)/なぜ肥満と痩せになるの?(島野 仁)/なぜ親子は似るの?(正井久雄)/なぜ癌になるの?(花岡文雄)/どうして心臓は左にあるの?(松崎文雄)/雄と雌ってなにが違うの?(諸橋憲一郎)/どうして毎年のようにインフルエンザに罹るの?(永田恭介)/なぜ地球環境にいいことをグリーンというの?(篠崎一雄)/ケガをしてもちゃんとなおるよね!(阿形清和)/クジラはどこから来たの?(岡田典弘)/組換え食品は安全なの?(渡辺雄一郎)/細胞の中って見えるの?(永井健治)/薬はどうやって創るの?(吉田 稔)

21世紀の分子生物学

A5 判 横組 2 色刷 約 250ページ **2011年 10 月刊行予定**

各分野の第一線で活躍する専門家が、最新の論文情報や知見も含めて易しく簡潔に分子生物学を概説. コラムを豊富に挿入し、鍵となった歴史的な発見や実験などにもふれます. 若い読者に"これなら自分にもできる、自分でもやってみたい"と思わせる一冊.

<生命の分子基盤> 細胞の構造と機能(大隅良典)/タンパク質, 酵素(永田和宏)/代謝調節(門脇孝)/ゲノムと遺伝子(小原雄治)/RNAバイオロジー(塩見春彦)

< 生命の維持と継承> 恒常性維持と細胞応答(加藤茂明)/細胞分裂(山本正幸)/癌(山本 雅)/発生・分化(近藤寿人)/再生(山中伸弥)/老化(石川冬木)

<生命のコントロール> 脳と神経(**岡野栄之**)/概日時計(**近藤孝男**)/植物のバイオテクノロジー(**島本 功**)/細菌・ウイルス・感染症(**小安重夫**)/創薬(**辻本豪三**)

〒112-0011 東京都文京区千石3-36-7

Tel 03-3946-5311/Fax 03-3946-5317

東京化学同人

富澤基金による研究助成の審査経過・結果報告

基金運営委員会委員長 山本 正幸

この度「日本分子生物学会若手研究助成富澤純一・桂子基金」による研究助成の第一回受領者を決定いたしました。 日本分子生物学会として初めての研究助成事業であり、また助成金の使途を直接的な研究経費に限定しないという我が 国ではユニークな助成制度でもありますので、今回の審査経過と結果の概要を記録に残すことは、必要に応じて今後こ の制度を改善していく上で意義があることと考え、ここに報告いたします。

今回の助成は、2010年11月発行の会報97号で予告を行い、2011年1月7日から同31日まで応募を受け付けました。助成予定者5名に対し、応募総数は223件に達しました(応募書類に性別の記入は求めませんでしたが、お名前から判断して男性186名、女性37名)。基金運営委員(審査員)8名は、各自が全ての応募書類に目を通し、ヒアリング対象者を絞り込む作業を行いました。各委員が相応しいと思う方18名に点数を付け、合計得点の順に十数名をリストアップし、どなたをヒアリング対象者とするかについて合議を行いました。

応募者数の多さから、書面審査で委員の採点が散らばることが懸念されましたが、結果的には、まったく独立に採点が行われたにもかかわらず、得点上位者には多数の委員の支持が集まっていました。応募者のレベルの高さから、できるだけ多くの方をヒアリングに呼びたいというのが審査員の希望でしたが、掛けられる時間の制約等から、この段階で10名の方(男性5名、女性5名)にヒアリングを実施することとしました。

当初ヒアリングは3月18日に予定されていました。しかし、東日本大震災直後の混乱が収まらない状況では、参加者に負担をかけ、また審査員も落ち着いたよい判断ができないだろうという懸念から、延期が決定されました。その後関係者の日程を調整し、改めて5月29日の日曜日に東京でヒアリングが実施されました。審査員8名全員が出席し、またオブザーバーとして富澤先生にもご出席を賜り、1名あたり約30分のヒアリングを行いました。終了後、審査員の採点と合議により、当初の予定数より1名多い6名の方(男性2名、女性4名)を、第一回の若手研究助成対象者として選抜いたしました。

今回の選考は審査員にとってもまったく初めての経験であり、審査の過程は文字通り手探りで進められたといえます。 各ステップで、どのような応募者が助成対象に相応しいか、どのように選考を進めていけばよいか、各審査員が真剣に 考え、議論が交わされました。富澤先生がご寄付に込められた精神を大事にしつつ、具体的な個々の応募をどう判断す るのかが問われました。

今回の審査を進めてきて、この助成制度の基本的な性格のようなものがいくつか浮き彫りになってきたように思われます。とりわけ、募集の文面に謳った「生命科学の基礎的研究に強い熱意をもって携わっているが、必ずしも研究資金に恵まれていない若手研究者」の具体像です。今後の選考における必須条件というほどの強いものではありませんが、次回以降の応募希望者の参考になると思われますので、以下に6点を列挙してみます。

- 1. この助成金は応募者のこれまでの研究業績を顕彰するものではない。この助成が応募者の今後の発展にどれだけ大きく寄与するか、により重点を置くものである。従って、今までに優れた業績を挙げていても、既に比較的恵まれた研究資金を受けている場合などは、審査においての優先順位は低くなった。
- 2. 研究内容が基礎的研究を志向しているかという点にも重点が置かれた。この結果には、研究資金が得にくくなっている基本指向の研究を助成したいという富澤博士のご熱意と、それをサポートする審査員の考え方が反映されているように思われる。
- 3. ボスのもとで大きなプロジェクトの一角を担うような研究よりも、小さくても応募者が自分の力で新しい研究を切り開こうとしているプロジェクトが評価された。別の表現では、この助成金を受けることによって始めてその研究推進が可能になるようなプロジェクトがより高く評価された。
- 4. 上記のような判断基準に則って、応募者がおかれた身分・立場も参考とした。採択された6名中4名が、ちょうど

独立グループを立ち上げようとしている研究者とテニュアトラックの任期付きポジションにある研究者であった。ヒアリングの印象では、このような立場の人々には、自分で研究費を獲得しなければ研究が成り立たないという危機意識のせいか、研究のアピールや質問に対する受け答えがきちんと準備されているケースが多く、結果的に高い評価が得られた。

- 5. 採択されたのは結果的に女性 4 名男性 2 名であったが、審査の過程で性別が考慮されることは一切なかった。また、応募書類には日本分子生物学会員であるか否かを記入する欄はなく、審査員は審査過程でこの点につき全く認識がなかった。事後の事務局の調べによると、採択された 6 名中現会員が 4 名、元会員が 1 名、非会員が 1 名とのことである。
- 6. 今回の受領者には典型的なケースは含まれなかったが、委員会では、挑戦的な研究テーマを掲げた、いわゆるハイリスクハイリターン型の応募者を評価しようとする機運も強い。従って、今後は挑戦的かつポイントを押さえた研究提案なども期待したい。 以上

「日本分子生物学会 若手研究助成 富澤純一・桂子基金」基金運営委員会

委員:山本正幸(委員長)、岡田清孝(副委員長)、阿形清和、小原雄治、近藤滋、塩見美喜子、嶋本伸雄、谷口維紹

■第1回(2011年)日本分子生物学会 若手研究助成の助成対象者

〈氏名・所属機関(職名)・研究題目(和文) 50音順〉

○植木 紀子 Bielefeld University, Germany(博士研究員)

研究題目「緑藻ボルボックス目の多細胞化に伴う走光性の進化:改良トランスポゾンタギング法による機能欠損 変異体作製と遺伝子機能解析」

○大澤志津江 神戸大学大学院医学研究科細胞生物学 G-COE (グローバル COE 研究員)

研究題目「細胞競合の分子機構の遺伝学的解析」

○久原 篤 甲南大学理工学部生物学科 (講師)

研究題目「線虫 C. エレガンスをもちいた環境情報の識別と適応の分子機構の解析」

○佐野 浩子 お茶の水女子大学 お茶大アカデミック・プロダクション(特任助教)

研究題目「ショウジョウバエの fat body を用いた脂質代謝制御および内分泌機能の解析」

○茶谷 絵理 神戸大学大学院理学研究科化学専攻(准教授)

研究題目「アミロイドーシスの伝播を担うアミロイド自己複製反応機構の解明と制御」

○丹羽 隆介 筑波大学大学院生命環境科学研究科(助教)

研究題目「セロトニン産生神経依存的なステロイドホルモン生合成制御と発育プログラムの適応的調節」

第9回(2011年)日本分子生物学会三菱化学奨励賞 募集のお知らせ

2003年より「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。

(※会員歴5年以上が必要です。入会年月日が不明な場合は、事務局 info@mbsj.jp までお問い合わせ下さい)

 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)

※提出物:推薦書(オリジナル1部とコピー5部)および論文別刷(業績の主体となる文献5点を選んで、各5部ずつをご用意下さい)

4. 推薦書送付先

日本分子生物学会 賞選考委員会 委員長 小安重夫 〒 102-0072 千代田区飯田橋 2-11-5 人材開発ビル 4 階 日本分子生物学会事務局気付 TEL: 03-3556-9600

- 5. 締切期日 2011年8月10日(水)(必着) ※例年より期限が早まりましたので、ご注意下さい。
- 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。 賞選考委員会:小安重夫(委員長)、相沢慎一、石川冬木、大隅典子、水島 昇
- 7. 賞の贈呈 第34回日本分子生物学会年会において贈呈式および授賞記念の講演を行う。
- 8. 受賞業績の会誌掲載

受賞者は、受賞対象となった研究成果を中心に総説にまとめて、学会誌 Genes to Cells に発表するものとする。

第34回日本分子生物学会年会 開催のお知らせ(その2)

分子からヒトヘ ーメカニズムを知り、コントロールするー

会 期:2011年12月13日(火~16日金)(4日間)

会 場:パシフィコ横浜

年 会 長:花岡 文雄(学習院大学 理学部)

演 題 登 録 期 間: 2011 年 8 月 1 日(月)~ 8 月 26 日金予定 事前参加登録期間: 2011 年 8 月 1 日(月)~ 10 月 28 日金予定

※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34回日本分子生物学会年会事務局

〒 101-0051 東京都千代田区神田神保町 3-2-8 昭文館ビル3階

Tel: 03-3230-2744 Fax: 03-3230-2479 E-mail: mbsj2011@aeplan.co.jp

URL: http://www.aeplan.co.jp/mbsj2011/

【プログラム(予定)】

○ Leading Edge セミナー

12月13日(火)Scott E. Fraser (California Institute of Technology)菅 裕明 (東京大学)12月14日(水)Gerhard Wagner (Harvard Medical School)石川 冬木 (京都大学)12月15日(木)東山 哲也 (名古屋大学)Jerry L. Workman

(Stowers Institute for Medical Research)

○ Early Bird セミナー

12月13日(火) 坂野 仁(東京大学) 中村 義一(東京大学)

12月14日(水) 藤吉 好則(京都大学) 春日 雅人(国立国際医療研究センター研究所)

12月15日(木) 山本 正幸(東京大学) 田中亀代次(大阪大学)

○シンポジウム

組織委員会による指定企画および会員より公募し採択された31テーマのシンポジウムを開催します(12頁参照)。 講演・質疑応答はすべて「英語」で行います。

○ワークショップ

会員より公募し採択された 41 テーマのワークショップを開催します (20 頁参照)。講演は「英語」、質疑応答はオーガナイザーに一任します。

○一般演題(ポスター発表、一般口頭発表への採択)

採択されたすべての一般演題は、ポスター発表を行っていただきます。また、一般口頭発表への希望を募り、採択された演題については口頭での発表も併せて行っていただきます。演題申し込みに関する詳細は、7頁の「オンライン演題投稿方法」をご確認下さい。

○バイオテクノロジーセミナー

年会とセミナー主催者との共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。

○男女共同参画ランチョン企画

開催日:12月13日(火)12:15~13:30 会場:パシフィコ横浜 会議センター3階303(第4会場)

○若手教育シンポジウム

開催日:12月14日(水)12:15~13:30 会場:パシフィコ横浜 会議センター3階301(第2会場) ランチョンセミナーの形式で行います。

○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9頁の『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:2011年8月5日金)。

【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します。非会員の場合は、参加登録費に含まれるため、参加章(ネームカード)と共に事前送付します(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 円で販売します。このほか、全演題のプログラムを年会ホームページ上で公開する予定です。

○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 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公開日(発行日)は、11月 21日(月)を予定しています。

○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(ソフトドリンク等を販売します)。

自由で活発な議論が行われることを期待します。

○保育室

お子さま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します。

○親子休憩室

会場内に親子休憩室を設けます。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 31 頁に掲載の「宿泊申込のご案内」をご覧下さい。その他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 MICE 営業部

「第34回日本分子生物学会年会」受付デスク

〒 530-0001 大阪市北区梅田 1-11-4 大阪駅前第4ビル5階

TEL: 06-6342-0230 FAX: 06-6342-0232 E-mail: osaka_gakkai@nta.co.jp

(営業時間 平日:9:45~17:45 休業日:土日祝日)

【参加登録について】

事前参加登録期間: **2011 年 8 月 1 日**(月)~ **10 月 28 日**(金) **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、34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)。

○参加登録費振込方法

オンライン事前参加登録により発行された参加登録 ID を、本会報に綴じ込みの払込取扱票の所定欄にご記入の上、お近くのゆうちょ銀行・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

	事前参加登録 8月1日(月)~10月28日(金)	当日参加登録				
正会員	8,000円	10,000円				
学生会員	4,000 円	6,000円				
非 会 員	11,000 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登録費無料 (事前登録をされる場合は、年会事務局へEメールでお申し込み下さい)					

※<u>東日本大震災で被災された学生会員の参加登録費を免除いたします。</u>手続き等の詳細については、 ホームページでお知らせいたします。

<送金先>

郵便振替口座 口座番号:00110-6-385846

加入者名: MBSJ2011

参加費振込期限:11月4日金 ※振込手数料は参加者各自でご負担下さい。

- ・発表者は必ず事前参加登録を行って下さい。
- ・事前参加登録締切後は、年会当日に会場にて当日参加登録を行って下さい。
- ・事前参加登録は、オンライン参加登録を行った後、参加登録費の振込をもってはじめて登録が完了します。したがいまして 11月4日 金までに参加登録費の振込がない場合は、事前参加登録は無効となり、当日参加登録を行っていただくことになります。予めご了承下さい。
- ・事前参加登録費を期日内に振り込まれた方には、11 月下旬頃に参加章 (ネームカード)を登録先の住所に郵送します。非会員には、プログラム集を同封します。また、すべての事前参加登録者に、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。
- ・参加章(ネームカード)を持たない方は会場への入場をお断りします。
- ・一度納入された参加登録費は、理由の如何に関わらず一切返金しません。
- ・事前参加登録費等払込みの領収証は、参加章(ネームカード)と一緒に郵送します。原則として再発行しませんの でご了承下さい。念のため、ゆうちょ銀行・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お いて下さい。
- ・海外から参加される方は、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: **2011 年 8 月 1 日**(月)~ **8 月 26 日**(金) **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。

【演題投稿における注意事項】

- ・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(2011 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。
- ・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。
- ・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。
- ・要旨は英語での執筆を推奨します (口頭発表およびポスター発表の言語は日本語でも結構です)。
- ・原則として演題投稿受付期間の延長はしません。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ません。
- ※東日本大震災で被災された学生会員の2011年度学会会費を免除いたします。申請手続きについては、学会本部のホームページをご覧下さい。

○オンライン演題投稿方法

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。<u>指定演者以外の方</u>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. 口頭発表への採択希望

一般投稿演題より、口頭発表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、プログラム委員会にて行います。なお、一般口頭発表に採択となった演題は、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すべての演題が投稿を終了した後に、年会ホームページの「連続発表登録」にアクセスし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、すべての演題の発表者氏名、演題の登録番号、希望発表分類が必要となります。

7. 会員番号

投稿者(発表者)の会員番号(数字6桁)を入力して下さい。会員番号は会報送付時の宛名右下【括弧】内に記載されています。なお、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

2011 年度の日本分子生物学会会費を支払った際の控え(受領証等)に記載されております日付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「会費納入ページ」でも、会費入金日(クレジット決済を含む)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「2011年1月3日」とご入力下さい。
- ・振込用紙の送付を依頼したが、演題投稿時までに届かず、振込めなかった場合: 納入日に「2011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「2011年1月1日」とご入力下さい。手続き完了後、学会事務局から会費の請求書が送られてきますので、届き次第、お振込み下さい。

9. 演題要旨の長さ

要旨本文は、全角850文字、半角1,700文字以内で作成して下さい。予め、文字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

<u>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。</u> 一度登録された登録情報・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E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、<u>もしこのメールが指定したEメールアドレスに届かない場合は、アドレスに誤りがあったか、</u>演題登録が完了していない可能性があります。E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、E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。

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。<u>投稿受付締切後の演題</u>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。したがって、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:2011年8月5日金)】

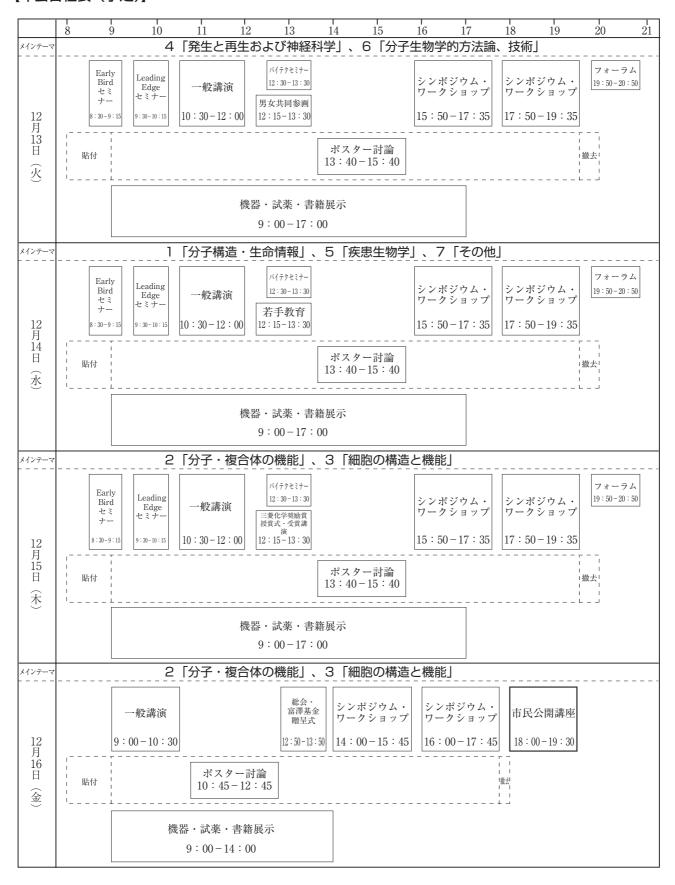
分子生物学分野のみならず、社会との関連が深い企画を「フォーラム」と位置づけ、1 テーマ 1 時間の時間枠(19: $50 \sim 20:50$)で、会員の皆様より企画を公募いたします。奮ってご応募下さい。

〈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: mbsj2011@aeplan.co.jp)。

- 1) テーマタイトル
- 2) オーガナイザーの氏名・所属・連絡先(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) 予想される聴衆数

【年会日程表(予定)】



【一般演題 発表分類一覧】

	大 項 目		小 項 目
			遺伝子・核酸・ゲノム構造
			オミクス
		С	ポストゲノム解析・バイオインフォマティクス
1	分子構造・生命情報	d	タンパク質構造
		e	分子進化
		f	糖・脂質
		g	分子構造・生命情報
		a	複製 (DNA·RNA·染色体)
		b	組換え・修復・変異
		С	転写
0	パマー塩人は小機能	d	翻訳
2	分子・複合体の機能	е	エピジェネティック制御
		f	RNA の機能・RNA プロセッシング
		g	生理活性物質
		h	分子・複合体の機能
			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
		с	細胞接着・細胞運動・細胞外基質
	細胞の構造と機能	d	タンパク質のプロセッシング・輸送・局在化
3		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	細胞死
			細胞の構造と機能
	発生と再生および神経科学	a	初期発生
		b	器官・形態形成
4		с	再生・幹細胞・細胞分化
1		d	生殖細胞・受精
		е	神経発生
		f	脳・神経系
	疾患生物学	a	免疫
		b	感染
5		с	老化
		d	がん
		e	遺伝性疾患
			慢性疾患生物学
	分子生物学的方法論、技術	a	DNA · RNA工学
		b	タンパク質工学
6		с	細胞工学・発生工学
0		d	ケミカルバイオロジー
		e	病因解析および診断
		f	分子生物学的方法論、技術
7	その他	a	その他

※シンポジウム日程表については、7月中旬頃ホームページで公開いたします。

【シンポジウムテーマ一覧】(順不同)

The molecular biology of neural stem cells

神経幹細胞の分子生物学

オーガナイザー: 岡野 栄之 (慶應義塾大学)・後藤 由季子 (東京大学)

The central nervous system consists of a variety of neuronal and glial cells that are derived from common progenitors called neural stem cells. The fate of embryonic and adult neural stem cells is tightly regulated to establish and maintain the normal brain architecture and its functional networks. The underlying molecular mechanisms thus would be of great value for understanding the fundamental logics of brain development as well as for developing strategies for regenerative medicine. This symposium will deal with hot topics in this exciting field.

Epigenetic control of animal development and organogenesis

器官発生のエピジェネティック制御

オーガナイザー: 竹内 純 (東京大学)・武田 洋幸 (東京大学)

During development, a single pluripotent cell, the fertilized egg, gives rise to hundreds of different cell types. In the process the differentiation potency of a cell becomes gradually restricted and finally a cell is irreversibly fate-determined and indeed a cell remembers its history and transmits it to its descendants. How this is accomplished has been a century-long mystery in developmental biology. We now know that this process is underlined by epigenetic regulation, reversible chemical modifications to DNA and its associated proteins, taking place without any change in the genome sequence. In this symposium, we will invite leading scientists to share recent progresses in understanding of the epigenetic regulation of vertebrate development.

Novel cell signaling machineries regulating brain development and function

脳の発生と機能を支える情報伝達系

オーガナイザー:尾藤 晴彦(東京大学)・林 崇(東京大学)

Higher brain functions such as emotions, intelligence, and ability to learn and remember, depend on the intricacy of communication between trillions of nerve cells in the brain. Remarkably, the efficiency of neuronal transmission is constantly being updated in response to events that our brain experiences throughout an entire life. Both neuronal connectivity and plasticity are sculpted through modification of synapses via actions of many intra- and inter-neuronal signaling molecules. In this symposium, we will focus on the molecular mechanisms that specifically underlie the regulation of neurotransmitter receptors, the formation of neuronal circuits, plasticity in the brain and behavior. Speakers will also discuss how these findings provide clues on better understanding the molecular basis of neuropsychiatric disorders.

Development and regeneration of internal organs

臓器の発生、分化、再生

オーガナイザー: 西中村 隆一 (熊本大学)・宮島 篤 (東京大学)

The liver, pancreas and kidney are essential organs for life, and their functional defects can be fatal. To restore normal functions, regeneration is an attractive option, but it is a very challenging approach that requires a close collaboration between basic developmental biologists and clinical investigators. Understanding the detailed mechanisms of the organogenesis is prerequisite to develop strategies for regeneration. In this symposium, recent findings on the development of those organs will be presented. In particular, we will focus on the interactions among the cells constituting each organ in normal development and also in responses to injuries. Through active discussion, we hope to come up with intelligent strategies toward organ regeneration.

Molecular principles of regeneration

再生原理の分子生物学

```
オーガナイザー: 阿形 清和 (京都大学)・野地 澄晴 (徳島大学)
```

Recently, scientific researchers and medical doctors hope to make concepts of regeneration into reality by developing therapies to restore lost, damaged, or aging cells and tissues in the human body, as regenerative medicine. Especially, induced pluripotent stem cells have been expected to be useful for transplantation medicine as a field of the regenerative medicine. However, the main stream of the regenerative medicine should be to regenerate damaged tissues and organs in the body by stimulating previously irreparable organs to heal themselves. In the past decade, great advances in regeneration biology have revealed many of molecular mechanisms underlying regeneration. Thus, we now aim to develop strategies to induce regenerative response in humans by understanding molecular principles of regeneration from regeneration-competent animals, combined with technical advances to induce cellular reprogramming events. In this symposium, we invite top scientists in a field of regeneration biology and discuss common molecular mechanisms underlying regenerative ability and morphological regeneration.

Frontiers in nucleic acid technology: From understanding to control of biological function 新たな核酸工学による生命機能の解明と改変の新展開

```
オーガナイザー:鈴木 勉 (東京大学)・稲田 利文 (東北大学)
```

Nucleic acids are essential biomolecules that serve as storage and transmitter of genetic information. As novel classes of small nucleic acids including miRNA and siRNA were discovered recently, functional nucleic acids have been recognized as excellent candidates of therapeutic agents including siRNA, aptamers and antisense-oligonucleotides. Based on molecular design of artificial nucleic acids with unique chemical structure and activity, next-generation technologies for gene recombination and high-sensitive detection of nucleic acids have been developed. In addition, the novel method to visualize RNA in living cells or the direct analysis of cellular RNA by mass spectrometry has been applied to study the novel functions of RNA in vivo. In this symposium, we will introduce recent studies to discover and control of biological functions by the latest technologies for nucleic acids.

The state and perspective of the protein designing

タンパク質設計の現状と未来

```
オーガナイザー:山岸 明彦 (東京薬科大学)・肥後 純一 (大阪大学)
```

Proteins and enzymes have been designed based on the knowledge on structure and the physicochemical principles of proteins. Enzymes with improved characteristics have been also selected using molecular evolutional techniques. Despite the number of successful examples of these techniques, the level of our technology is far from the state "Engineering as will". Recently, new methods in designing proteins using methagenomic information and/or the information accumulated in data bases have been developed. Vast increase in computational power and progressing methodologies make it gradually possible to estimate the three-dimensional structure of proteins in all-atom model level. In this symposium, we will review the state-of-art techniques and forecast the future progress in protein designing technology.

ZFN (Zinc finger nuclease): Emerging technology for versatile genome modification

ジンクフィンガーヌクレアーゼ:様々なゲノム改変を可能にする新規技術

```
オーガナイザー: 竹田 潤二 (大阪大学)・北畠 康司 (大阪大学)
```

Zinc finger nucleases (ZFNs) consist of a customized array of ZF domains and a restriction enzyme, FokI. Each ZF recognizes specific 3 bp of DNA and three to six ZF form a ZF domain. Since the activity of the FokI is induced by its dimerization, DNA double strand break (DSB) is specifically generated at the intervening DNA between flanking sequences recognized by two ZNFs. A site-specific introduction of the DSB by the ZFNs results in gene-specific disruption following non-homologous end joining (NHEJ). When homologous donor DNA is provided during the DSB by the ZFNs, homologous repair such as knock-in is achieved. This emerging technology using the ZFNs has an enormous impact in the field of genome modification.

Constructive studies on gene networks and their fundamental technologies towards synthesis of cells 細胞を創ることを目指した遺伝子ネットワークの構成的研究とその基盤技術

オーガナイザー: 木賀 大介 (東京工業大学)・野地 博行 (東京大学)

Recently, synthetic approaches, (which are) complementary to conventional, analytical ones, are applied to various fields of biology. Constructive studies towards synthesis of cells, aiming at understanding nature of cells, are increasing in their numbers, supported by fundamental technologies in related fields. In this symposium, we will focus on a gene network from layers of life. The topics of this symposium will be (1) theories and experiments for synthesis of gene networks, (2) genome engineering of prokaryote and eukaryote, and (3) cutting-edge biotechnologies for measuring outputs of gene networks. Current status and future perspectives for cell synthesis research will be discussed thoroughly.

A new frontier of computational analysis of functional RNAs 機能性 RNA 情報解析の新展開

オーガナイザー:浅井 潔 (東京大学)・榊原 康文 (慶應義塾大学)

Recent progress of computational sequence analysis for non-coding RNAs and next-generation sequencing technology enable the comprehensive and functional analysis of RNAs such as structure prediction and comparison, family classification, target prediction, and transcriptome analysis. In this symposium, the speakers present their up-to-date and practical computational tools and algorithms for secondary structure prediction of RNAs, RNA sequence alignment, functional RNA database, and RNA sequence design. Further, some speaker talk about deep RNA-seq approach to small non-coding regulatory RNAs, and another speaker talk about a computational approach to the analysis of evolution of disrupted transfer RNA genes and their introns in Archaea. Lastly, the speakers discuss the problems and future aspects of computational RNA analysis and summarize this symposium.

Unbiased quantitative biology for trans-OMIC study

トランスオミクスに向けたアンバイアス定量生物学

オーガナイザー:黒田 真也(東京大学)・ 中山 敬一(九州大学)

Cellular functions are regulated by dynamics of molecular interactions between multiple molecular layers including proteins and their phosphorylation, mRNAs and metabolites. Quantitative variations and epigenetic regulation of specific genes expression characterize cells and organs. To understand the mechanisms of cellular functions, simultaneous quantitative and global measurements of dynamics in multiple molecular layers will be needed rather than individual analysis of some targeted molecules that inevitably accompanies researcher's bias. In this symposium, unbiased quantitative biological analysis will be discussed including genome, epigenome, transcriptome, proteome, modified proteome, metabolome and their integration, trans-OMICS analysis.

Diversity and molecular evolution of mitochondria, plastids and related organelles

ミトコンドリア・色素体および関連オルガネラの機能を司る分子機構の多様性と進化

オーガナイザー:野崎 智義(国立感染症研究所・筑波大学)・橋本 哲男(筑波大学)

Recent studies on unicellular eukaryotes (protists) have demonstrated that function and molecular mechanisms of mitochondria and plastids are more diverse than ever thought. Accumulated findings on protistan organelles together with a refined molecular phylogeny of eukaryotes enable to deepen our knowledge on these organelles at the cellular and/or molecular levels. This symposium focuses on diverse organisms and their unusual organelles, such as hydrogenosomes, mitosomes, and apicoplasts, of which origins are mitochondria or plastids. Hydrogenosomes and mitosomes are found in anaerobic organisms and are considered to be reduced mitochondria without respiratory function. Some eukaryotic algae are believed to have captured their current plastids via endosymbioses of photosynthetic eukaryotes. Apicoplasts are the organelle derived from an endosymbiotic red alga. They lost the photosynthetic function, but are essential for the cell viability of apicomplexan parasites. Furthermore, diverged eukaryotes have been known to possess evolutionarily 'young' organelles-bacterial endosymbionts highly integrated into the host cellular systems. We invite researchers leading the studies of these organelles as speakers to shed light on the putative evolution of host cellular machineries driven by orgenelles.

Rapidly-evolving research into aging

秒進分歩する老化研究の最前線

オーガナイザー: 西村 栄美 (東京医科歯科大学)

Ageing is characterized by functional tissue decline which is often associated with defective homeostasis of tissue stem cell systems which sustain tissue maintenance and repair. Recent studies have revealed that stress responses such as by genomic stress or physiological ageing accelerate qualitative and/or quantitative changes in somatic stem cells. While the precise underlying mechanisms causing these changes are important, they remain elusive. In this symposium, we will focus on the stress responses underlying tissue ageing and age-related diseases and will explore the association between stem cell ageing and tissue decline to further develop this new research area.

Chronic inflammation and epigenetics in life style disease

生活習慣病の分子発症メカニズムー慢性炎症とエピジェネティクス

オーガナイザー:真鍋 一郎 (東京大学)・南 敬 (東京大学)

In metabolic syndrome multiple cardiovascular risk factors, including hypertension, insulin resistance, and glucose intolerance, are found in a single obese individual. Similarly, multiple lifestyle diseases often develop in a single patient, suggesting that close interplays exist between the multiple organ system during disease initiation and progression. In this symposium one focus will be on the mediators and signaling pathways that control the interplay between organs, such as the heart, kidney and adipose tissue and the involvement of chronic inflammation in expansion of pathologies. The other focus will be on the epigenetic and transcriptional regulation of pathological processes in metabolic syndrome and vascular disease. In particular, we will address applications of new technologies, such as comprehensive chromatin immunoprecipitation with deep sequencing (ChIP-seq), and genome-wide microarrays. Through this symposium we wish to discuss the current progress and future directions of lifestyle disease biology and development of novel therapeutic strategies aiming chronic inflammation and organ interplay.

Cancer and stem cells

がんと幹細胞

オーガナイザー:北林 一生 (国立がん研究センター)・後藤 典子 (東京大学)

Each tissue of our bodies is formed and maintained by self-renewal and differentiation of the tissue-specific stem cells. Recently it has been shown that cellular hierarchy in several cancers is also maintained by "cancer stem cells". Since such cancer stem cells often show resistance to chemo- and radiotherapy and thus cause recurrence, they are important targets for eradication of cancer cells. In this symposium, we focus on a contact point of rapidly emerging fields, stem cell research and cancer research. We discuss the similarity and difference between the normal and cancer stem cells, aiming at characterizing and eradicating cancer stem cells.

Next generation sequencing technology enables a large scale medical genomic research

オーガナイザー: 井ノ上 逸朗 (国立遺伝学研究所)

The unveiling of the human genome 8 years ago casts the first light on our complete genomic makeup. The International HapMap project provided more than 10,000,000 SNPs throughout the human genome, also copy number variations or other structural variations are emerging that need to be thoroughly considered. In addition, the personal genome of Craig Venter, James Watson or others shed new light on human variation and complexity. Now, 1000 human genome sequence is available. The rapidly growing human genome information will bring bright future to medical genomics research and lead to improve healthcare system. In the symposium, we will discuss the most updated medical genomic research using next generation sequencing technology.

Modern descendants of an ancient RNA world

RNA ワールドの残存

オーガナイザー:塩見 春彦 (慶應義塾大学)

The term "RNA World" originally referred to a hypothetical time in the evolution of life on the earth when RNA was only

catalysts and the sole genetic material. "The RNA World" hypothesis includes basic assumptions: At that stage in evolution, genetic continuity was assured by the replication of RNA catalyzed by RNA, which was based on the standard Watson-Crick pairing. This hypothesis of an RNA world without protein was supported by the discoveries of RNA molecules ("ribozymes") that indeed have catalytic activity. DNA stores more stable information than RNA and proteins can be more catalytically active than RNA, but only RNA can do both. RNA World organisms could have harnessed the structural and functional potential of RNAs to create sophisticated regulatory networks without the need of proteins. To understand the origins of our genetic system, it is important to search for RNA-based regulatory systems that might be relics of the RNA World in contemporary organisms. Current efforts to search for modern descendents of an ancient RNA-based regulatory system will be presented.

Spatiotemporal regulation of chromosome segregation 染色体分配の時空間的制御

```
オーガナイザー:渡邊 嘉典 (東京大学)・平野 達也 (理化学研究所)
```

In every cell division, a cell must duplicate its genome and faithfully partition the duplicated genome into daughter cells. If this process fails to occur accurately, the resulting daughters inherit an incorrect number of chromosomes, leading to aneuploidy, a condition that sometimes promotes cancer. For faithful partition, the enormously long chromatin becomes compact, and the chromosome architecture changes dynamically. We will discuss recent outstanding progress in the chromosome segregation field.

Networks and dynamics of regulatory chromatin

クロマチン制御のネットワーク構造と動態

```
オーガナイザー: 五十嵐 和彦 (東北大学)・加藤 茂明 (東京大学)
```

Chromatin structure shows dynamic changes upon gene expression. Diverse sets of proteins have been found to regulate the structure and function of chromatin. Modified chromatin then changes the activities and specificities of the regulators, indicating the presence of networks of regulators on the surface of chromatin. "Regulatory chromatin" is coined to reflect the bi-directionality. In this symposium, various approaches using proteomics and genetics will be presented to show networks of regulatory chromatin. Canonical histone modifications will be integrated as network parts, and both stability and dynamic transition of chromatin will be discussed based on recent findings.

Plasticity of cell polarity and the signaling pathways driving its transition 細胞極性の可塑性と極性の動的変化を支えるシグナル系

```
オーガナイザー: 大野 茂男 (横浜市立大学)・菊池 章 (大阪大学)
```

Cell Polarity is among the fundamental cellular features besides cell division, apoptosis, differentiation, aging, and others governed by gene expression, metabolism, cytoskeletal arrangements, vesicular transport and cell signaling. Cell polarity is critically related to cell shape and tissue architecture, special arrangements of cellular structures in a single cell and that of cells in a tissue, but their underlying meanings and mechanisms remain mostly unclear. However, recently accumulating evidence indicates the importance of cell polarity not only during animal development but also in physiology and pathophysiology of adult animals. Here we aim to focus on some phenomena that have been studied from the point of a variety of biological and medical interests, and to reconsider them from the point of cell polarity and its plasticity. The phenomena we consider involves epithelial morphogenesis, epithelial mesenchymal transition, and neuronal development.

Frontier of reconstitution biology toward understanding of principals in dynamics of high-order complexes 高次複合体ダイナミクスにおける基本原理の解明を目指した再構成生物学の最前線

```
オーガナイザー:片山 勉 (九州大学)・岩崎 博史 (東京工業大学)
```

The life of the cell requires highly organized dynamics of high-order complexes including various protein factors and/or nucleic acid factors. Such dynamics will never be fully clarified only by the in vivo analyzes using cell biology and genetics although these studies are indispensable to construct important basis. In addition to these, it is extremely important to use in vitro reconstitution biology, which builds, analyzes and operates the high-order complexes, in cooperation with the

in vivo analyzes, structural biology, bioinformatics etc. Indeed, in vitro reconstitution plays important roles in developing frontiers of various fields in current molecular biology. This symposium will present representative researches in reconstitution biology.

Regulatory systems mediated by programmed ribosomal stalling

翻訳アレストによる遺伝情報発現制御

オーガナイザー: 伊藤 維昭(京都産業大学)・内藤 哲(北海道大学)

In this symposium, we address a concept that elongation of nascent peptides is arrested or modulated through their interaction with the ribosomal interior components, thereby regulating specific cellular events. Recent years have witnessed discoveries of regulatory nascent chains, which contain amino acid sequences that interact with the ribosomal exit tunnel to induce elongation arrest in response to a specific physiological cue, such as the presence of metabolites, exposure to antibiotics or other stresses including dysfunction of a protein delivery machine. Resulting ribosome stalling affects secondary structures or cellular localizations of mRNA as well as fates of the protein product, providing a novel mode of regulation at the level of translation, mRNA splicing and protein targeting/maturation. We will discuss physiological significance of this class of regulatory systems in bacteria, plant and animal cells as well as molecular mechanisms underlying therein.

Centrosome Biology: From structures to developmental functions

中心体バイオロジーの最前線:分子構造から発生制御まで

オーガナイザー: 杉本 亜砂子 (東北大学)・大杉 美穂 (東京大学)

It has become apparent in recent years that the centrosome is not merely a microtubule organizing center, but actively participating in various developmental processes including cell polarization, cell fate determination and morphogenesis. Defects in centrosome organization or its movement are linked to human diseases such as microcephaly. In this symposium, by introducing latest findings in centrosome research with diverse approaches from structural to developmental biology, we will shed light on new aspects of the centrosome as an organelle that integrates diverse intracellular signals.

Static and dynamic states of the epigenome - maintenance, establishment, and reprogramming

エピゲノムの静と動ー維持、形成、リプログラミング

オーガナイザー:牛島 俊和(国立がんセンター)・中尾 光善(熊本大学)

Epigenome is characterized by its stable maintenance upon somatic cell replications and its dynamic changes upon cellular differentiation and reprogramming. Molecular bases for faithful replication of an epigenome have been characterized. For the dynamic aspects, changes in individual genomic regions upon differentiation have been clarified, together with their significance and active regulation. Mechanisms how exogenous signals induce epigenomic changes are now becoming clear. Further, erasure and re-writing of the epigenome are critically important for cellular reprograming. This symposium will focus on epigenetic controls involved in the static and dynamic states of the epigenome.

From proteostasis to organellostasis — a new paradigm in organelle biology

オルガネラバイオロジーの新展開ープロテオスタシスからオルガネロスタシスへ

オーガナイザー:遠藤 斗志也(名古屋大学)・藤木 幸夫(九州大学)

Proteins in cells do not function alone, but instead cooperate with each other to form functional networks, thereby mediating various essential cellular processes. Functional generation and maintenance of these protein networks or proteostasis rely on the system that controls protein synthesis, folding and trafficking and the one that monitors their functional quality and, if necessary, executes risk-management programs. Recent studies indicate that similar cellular systems are also in operation at the levels of organelles, which are essential for achievement and maintenance of the organellar functions or organellostasis. For example, a cell has a mechanism to monitor mitochondrial functions and to dispose of defective parts of mitochondria for achieving normal energy generation. Under the ER stress conditions, a cell may regulate inheritance of ERs to a daughter cell to maintain a minimum level of ER functionality in the cell. In this

symposium, we will focus on recent advances in our mechanistic understanding of proteostasis and on newly emerging concept of organellostasis in various organelles.

Molecular mechanisms of cellular stress recognition and responses

環境変化(ストレス)の認識と細胞応答の分子メカニズム

オーガナイザー: 一條 秀憲 (東京大学)・須田 貴司 (金沢大学)

A living organism can adapt to a variety of environmental changes. This adaptation shall be explained as the sum of recognition of and responses to the environmental stress by individual cells composing the organism. Occasionally, cells actively die in response to severe stress. Recent studies revealed that dying (or dead) cells are source of variety of molecular cues for surrounding cells. In this session, recent topics regarding molecular mechanisms of cellular stress recognition and responses (including cell death) will be presented, and their biological roles will be discussed.

Glycoprotein quality control: Biosynthesis, molecular recognition and physiological roles of N-glycans 糖タンパク質品質管理: N 型糖鎖の生合成、分子認識と、その生理機能

オーガナイザー:鈴木 匡 (理化学研究所)・山口 芳樹 (理化学研究所)

It has been well documented that glycans on proteins play pivotal roles in various intracellular and/or intercellular events. Especially, there is a growing evidence suggesting the occurrence of an N-glycan-dependent sophisticated mechanism for the quality control of proteins, utilizing the early processing events of glycans. In this system, folding state of carrier proteins are closely monitored, and based on the subtle difference of the glycan structures, cells dictate if the carrier proteins are functional or otherwise should be destroyed by the system called ER-associated degradation (ERAD). In this symposium, most recent progress regarding the molecular mechanism of N-glycan-based quality control of proteins, as well as the early events of the biosynthesis of N-glycans and its lipid precursors will be discussed.

Molecular biology of insects

昆虫の分子生物学

オーガナイザー:石田 直理雄(産業技術総合研究所)

Recent advance of molecular biology have enlarged a chance to study many divergent insects as well as a famous model, Drosophila melanogaster. In this symposium, we introduced body color determination of dragonfly, seasonal mating rhythm of stinkbug, early development of cricket at molecular level of study. In Drosophila, we also focused on circadian clock mechanism and neurodegenerative disease model.

Genome dynamics: The molecular network in maintenance and conversion

ゲノムダイナミクス:維持と変換の分子ネットワーク

オーガナイザー: 高田 穣 (京都大学)

Every cell in an organism has a genome, and its stability is crucial for life. On the other hand, the genome often converts its shape in both physiological situations such as meiosis and pathological conditions that result in disorders. The extensive research efforts in recent years have highlighted the molecular networks that support genome dynamics. In this symposium, researchers with different perspectives will discuss their cutting edge data toward deeper understanding of the genome dynamics.

Molecular biology of long noncoding RNA - Quest for origin of its diversity - 長鎖 noncoding RNA の分子生物学 - 多様な分子群の謎に迫る -

オーガナイザー:黒川 理樹 (埼玉医科大学)・中川 真一 (理化学研究所)

The human genome has been found to generate huge numbers of transcripts. Merely half of the transcripts are mRNAs bearing protein-coding information. The other half of transcripts are thought to be noncoding RNAs (ncRNAs) that do not code any protein sequence information. A majority of the ncRNAs are supposed to be long ncRNAs (lncRNAs) with length more than two hundred nucleotides (nt), and strong attention has recently been made on these group of RNAs, although we know much less about them compared to the small RNAs that have been a major topic of the ncRNA research field.

Divergent functions have now been assigned to the lncRNAs, including epigenetic regulation of gene expression (Xist, Kcnq1ot1, and other lnc RNAs), regulation of splicing factors (Malat-1), and architectural role in nuclear bodies (MEN ϵ/β). There is no significant sequence homology identified across these lncRNAs, nor similarity in their functional mechanisms. One of the central questions regarding the lncRNAs is their origin of the molecular diversity; how are these lncRNAs generated, and how are they selected for each specific function? We organize this symposium with active scientists from all over the world, aiming at discussing these elusive questions with an emphasis on their common origins.

Mobile elements and its biological functions

レトロトランスポゾン・反復配列と生命機能

オーガナイザー: 石野 史敏(東京医科歯科大学)・眞貝 洋一(京都大学・理化学研究所)

In higher animals and plants, biological functions of retrotransposons and repetitive sequences are now attracting much attention. They had long been recognized "garbage" of the genomes in spite of their abundances, several lines of evidences demonstrate that some of them play essential roles in development and evolution of the organisms. In this symposium, we focus on their functions as newly acquired genes and regulatory elements in development, components for maintaining heterochromatin structure as well as molecular mechanisms for repressing their expressions and/or utilizing their sequences as structural components, such as DNA methylation, histone modification and RNAi. These studies will elucidate the real interaction between these mobile elements and the host organisms in the past and present.

19 —

※ワークショップ日程表については、7月中旬頃ホームページで公開いたします。

【ワークショップテーマ一覧】(順不同)

Can the heart regenerate? -Approaches for understanding developmental cardiac diversity and reconstruction of the functional heart-

心臓は再生するか?一心臓血管系多様性の理解と心臓再構築研究の最前線一

オーガナイザー: 宮川-富田 幸子(東京女子医科大学)・小柴-竹内 和子(東京大学)

The heart is a quite important organ to maintain our life, but heart transplantation remains the definitive treatment for end-stage heart failure in human. Certain fish and amphibians retain a robust capacity for cardiac regeneration. And recently regenerative potential in newborn mouse heart was reported. To find the way instead of heart transplantation, many scientists have tried to identify cardiac stem cells, establish efficient cardiomyocyte differentiation system from ES and/or iPS cells and direct reprogramming methods. In this session we would like to introduce recent researches for basic and practical cardiac regeneration to repair damaged hearts. And the heart morphological diversity is thought to be a candidate to provide regenerative ability. Then we will also focus on diversity of the heart system and developmental differences.

Revisiting model animals as tractable tools for studying life science

モデル生物と生命事象の新たなコラボレーション

オーガナイザー: 倉永 英里奈 (理化学研究所)・嘉糠 洋陸 (東京慈恵会医科大学)

The success of life science has been achieved by the study of classic model organisms, such as bacteriophage and sea urchin, and also recent models - Dictyostelium, Arabidopsis, C. elegans, Drosophila and Zebrafish. These model organisms have acquired an important position as research tools aimed at connecting universal biological phenomena with gene function, as a consequence of which the meaning of "gene" includes its physiological functions. In the 1970s, Dr. Seymour Benzer discovered that biological phenomena such as "time, love and memory" are genetically regulated by a "gene". As more than 30 years have passed since Dr. Benzer published this amazing discovery, it is now time for us to reconsider the potential of model organisms. This workshop will focus on a number of biological phenomena expressed by "living organisms" and we will hear about recent progress from leading researchers who are using such models.

Dynamic linkage of vascular system and organ functions - novel roles of blood vessels in health and disease

オーガナイザー:山下 潤(京都大学)・渡部 徹郎(東京大学)

The complex body architecture of vertebrates requires blood vessels transporting gases and nutrients between organs. Blood vessels develop from common endothelial progenitors in the early stages of embryogenesis, and become diverse among the different organs. This diversity of blood vessels is determined by their interaction with various cell types in the microenvironment. Since vascular systems are involved not only in the maintenance of homeostasis of our body but also in the pathogenesis of various diseases such as cancer, understanding the molecular mechanisms that govern angiogenesis is crucial for developing therapeutic strategies. In this workshop, we will introduce the recent progress in the mechanisms underlying the formation of a vascular system, focusing on its interaction with organ functions in physiological and pathological conditions.

Neuronal ensemble revealed by calcium imaging

カルシウムイメージングにより解き明かす神経細胞のアンサンブル

オーガナイザー:中井 淳一(埼玉大学)・川上 浩一(国立遺伝学研究所)

It is important to visualize neuronal activities during animal behaviors to understand the function of the neurons and the brain. One approach to make this possible is to image the increase of cellular calcium ion concentrations associated with generation of action potentials. For this purpose, fluorescent calcium indicator dyes and genetically-encoded calcium indicators (GECIs or DECIs), such as the cameleon and the GCaMP protein, have been developed. When these are introduced into neurons, spatio-temporal patterns of the neuronal activation are visualized. In this workshop, we will present methodologies developed for calcium imaging and studies on functional neuronal circuits by using those methods.

Visualization and optic control of neural circuit underlying behavior

行動を支配する神経回路の可視化と光による制御

オーガナイザー: 飯野 雄一(東京大学)・石原 健(九州大学)

Animal behavior is based on sophisticated information processing by the neural network. Recently developed optical techniques are powerful tools to extend our understanding of the neural network when combined with the classical techniques such as genetics, molecular biology and electrophysiology. The new techniques include live imaging to visualize neural activities in living animals and optogenetics to control neural activities by light. In this workshop, we will review the recent progress in the neural circuit analyses made by using these optical techniques in model organisms.

Next generation molecular medicine

次世代分子医学

オーガナイザー:油谷 浩幸 (東京大学)

Advances in next-generation sequencing and genomic technologies are unlocking the biology of disease in an unprecedented way, leading to a paradigm shift in elucidation of genetic and epigenetic disease mechanisms, as well as in target finding, drug development and patient treatment. The mission of this workshop is to explore the most exciting examples of next-generation sequencing currently applied in biomedical research.

New development of in vivo optical imaging and optical manipulation by advanced light source

新規光源を駆使した生体光イメージングと光操作の新展開

オーガナイザー: 今村 健志 (愛媛大学)・根本 知己 (北海道大学)

Advances in novel light sources and biological light probes have recently triggered innovative developments in optical imaging and manipulation in living animals. Those allow us to visualize dynamics of cells and biomolecules as well as to manipulate them "in vivo". In this workshop, four young and prominent investigators will present their recent progress regarding in vivo optical imaging by using two-photon, super-resolving microscopy, coherent anti-stokes Raman spectroscopy (CARS), or optical manipulation by using photo-activatable membrane proteins. We would like to discuss about these current improvements in the field of optical imaging and manipulation as well as their potentials.

Allogeneic authentication: Molecular mechanisms of cell recognition and fertilization

アロ認証:細胞間識別と受精の分子メカニズム

オーガナイザー:井上 直和(大阪大学)・漆原 秀子(筑波大学)

The sexual reproduction deserves profound importance for life. Besides it is evidently the only means for proliferation in many complex organisms, it contributes to the genetic diversity within species for a wide range of organisms, including the monads which can asexually reproduce. For the latter significance to be acknowledged, fertilization or mating should occur between the gametes from allogeneic (i.e. genetically different) individuals. Thus, the "allorecognition" to discriminate self and non-self and "gamete recognition" leading to membrane fusion construct a fundamental system of reproduction to maintain species with adequate divergence. Those two recognition mechanisms can be integrated and referred to as "allogeneic authentication." Although it has been anticipated that individual species have evolved their indigenous molecular mechanisms for allogeneic authentication, recent investigations are demonstrating that various reproduction systems share molecular mechanisms more extensively than we expected. In this workshop, current hot topics in this field will be presented by invited investigators and the future scope of "allogeneic authentication" will be discussed with all the attendees.

Cell competition: A new frontier toward understanding cell-cell communication

細胞競合:細胞間コミュニケーション研究の新局面

オーガナイザー:松田 七美(早稲田大学)・藤田 恭之(北海道大学)

Tissue development and homeostasis are regulated by the coordination of cell death and cell proliferation within multicellular communities. Such coordination is facilitated by a phenomenon called "cell competition", which is a concept of cell–cell communication, in which faster growing cells ('winners') in the tissue eliminate adjacent slower-growing cells

('losers') by inducing cell death. Cell competition is thought to play a role in organ size control by absorbing fluctuations of the 'cell proliferation/cell death balance' during normal development, as well as in tumorigenesis, cancer progression, and maintenance of stem cell populations in their niche. In this workshop, we would like to have an exciting and stimulating discussion to impact the future direction of this field.

Recent progress in cell engineering: Development of cells with novel functions

細胞工学の新展開:新規な能力を持つ細胞の開発

オーガナイザー: 妹尾 昌治 (岡山大学)・紀ノ岡 正博 (大阪大学)

Recently the development of cells with novel functions is accelerated due to the availability of reprogramming procedures. As well as gene transduction, various techniques such as designing human artificial chromosomes, replacing cytoplasm, and co-culturing with other cells are found to be useful for the approaches to prepare the cells with the function of interest. Some of these techniques are demonstrated with iPS cells and others are independent of iPS cells. Here, we introduce recent practical approach to develop cardiomyocytes, chondrocytes, human artificial chromosomes for gene therapy, an in vitro antibody generation system, and a cancer stem cell model in this workshop. The cells developed by these techniques are expected to help tissue regeneration, gene therapy and treatment of diseases including cancer, inflammation and infection.

Reconstruction of human evolutionary history by using huge amount of genome sequence data 膨大なゲノムデータを用いてヒト進化の歴史を再構築する

オーガナイザー:颯田 葉子 (総合研究大学院大学)・今西 規 (産業技術総合研究所)

Thanks to next-gen sequencing technology, the first Japanese genome sequence was determined in 2010, while the 1000 Genomes Project is producing a large amount of data on human genetic variation. Those data will be indispensable resources to elucidate how our ancestors developed human-specific features and how our species acquired the diversity at the molecular and phenotypic levels. In this workshop, we introduce current topics about reconstruction of human evolutionary history, including the speciation from our primate relatives, the origin of the Japanese population and the evolution of genetic diseases, that made use of massive sequence data.

Useful and useless databases

役に立つデータベース、役に立たないデータベース

オーガナイザー:川本 祥子(ライフサイエンス統合データベースセンター)・村上 勝彦(産業技術総合研究所)

The amount of scientific knowledge, publications and biological databases are growing rapidly and their effective research applications are becoming more and more important. The recent development of new sequencing technologies have lead us to gain the wide variety of massive data on gene expression, variation, epigenetic information, as well as genome sequences per se. With the advent of new kind of resource databases (for metabolites, etc.), and mobile IT devices (smartphones, etc.) and the internet services (social network services), we have embarked on new era of the research environments in information management. In this workshop, we would like to discuss and manifest for new challenges on biological databases in terms of their effective developments and research applications from various viewpoints, which lead us to the ideal next generation databases.

Gene regulation by small RNAs: Mechanisms and functions

小分子 RNA による遺伝子発現制御~作用メカニズムと生理的意義~

オーガナイザー:泊 幸秀(東京大学)・塩見 美喜子(慶應義塾大学)

It is well established that 20-30 nt long small non-coding RNAs, including small interfering RNAs (siRNAs), microRNAs (miRNAs) and PIWI-interacting RNAs (piRNAs), play critical roles in diverse cellular processes by regulating expression of complementary target genes. However, it remains largely unknown exactly how small RNAs function and which steps of cellular processes small RNAs regulate. In this workshop, we focus on such mechanisms and functions of small RNAs, and will discuss latest findings on small RNAs in various organisms.

How in vivo imaging approaches the molecular mechanism of common diseases?

生体イメージングで明らかになる生活習慣病の分子メカニズム

オーガナイザー: 西村 智(東京大学)・石井 優(大阪大学)

It has recently been elucidated that adult common diseases including cardiovascular and malignant disorders are based on chronic inflammatory status, but conventional methods to analyze in vivo cellular and molecular functions are very limited. Therefore, intravital visualization techniques to assess dynamic interplay between multiple cell-types are clearly needed to reveal underlying mechanisms of pathological conditions. In this session, we focused on the recent advances of intravital imaging technique using new microscopes, and research findings of in vivo functions of inflammatory, immune, and stem cells in diseased situations. The research fields of the presenters would be very broad, including metabolic, immune, and cancer diseases. In this session, we also show not only new in vivo imaging techniques, but also novel research paths connecting in vitro molecular and in vivo research fields, that we hope would be informative to all the audiences in the fields of molecular and cellular biology

Oxidative stress and its defense mechanisms

酸素ストレスに対する遺伝子応答

オーガナイザー:續輝久(九州大学)・能美健彦(国立医薬品食品衛生研究所)

Oxygen is utilized for generating the energy in the organisms, thus, indispensable for the life. The utilization of oxygen in the energy producing system inevitably accompanies the generation of reactive oxygen species (ROS). The formation of ROS is further enhanced by exposure to ionizing radiation and various chemicals as well as by inflammation. ROS attack DNA, RNA and their precursor nucleotides, and consequently various modifications of nucleotides are introduced into DNA or in RNA as oxidative DNA/RNA damages in the normal cells under the physiological condition. The resulting oxidative DNA/RNA damages are considered to cause mutagenesis and cell death, implying aging-associated diseases, such as carcinogenesis and neurodegenerative disease. In this workshop, the research on the defense mechanisms against the oxidative stress will be presented, and their relationship to suppress ageing-associated diseases will be discussed.

Functions of the intrinsically disordered regions found in various proteins 天然変性タンパク質研究が明かす生命の分子機構

オーガナイザー: 石野 良純 (九州大学)・柴田 武彦 (理化学研究所)

Proteins do not always have defined structure, but some of them entirely or partly lack stable three-dimensional structures in solution. These proteins are called intrinsically disordered proteins (IDP), and the disordered regions in part of the proteins are called intrinsically disordered regions (IDR). The folding of the IDPs or IDRs is coupled to binding with their targets. This molecular recognition mechanism is different from the well known "lock and key" and induced-fit models. Therefore, IDP and IDR are now the objects of attention from the protein structural point of view. In this workshop, we summarize the current status of the novel research field of the protein science, and the topics will be how the IDP and IDR distribute in the living organisms, how to study structural biology of IDP and IDR, how the IDP and IDR are involved in the functions for the protein interactions. Scientists in the fields of structural biology, molecular biology, and bioinformatics will present their works and we will discuss perspective of this research field.

Atomic resolution dynamics revealed by state of the art technologies

最新技術を駆使した原子座標ダイナミクスの解明

オーガナイザー:濡木 理(東京大学)・岩田 想(京都大学)

Recent progress of biophysical techniques involving electron micrography, NMR and X-ray crystallography as well as single molecular imaging is so rapid. Furthermore, X-ray free electron laser (XFEL) is now ready to develop a new field of dynamic structural biology. In this workshop, we will discuss how far these state of the art technologies elucidate the mechanism of the atomic-resolution dynamics of biological phenomena.

Circadian clocks: Diseases and therapeutic targets

生体リズム学を基盤とする時間医薬研究の展開

オーガナイザー: 土居 雅夫 (京都大学)・八木田 和弘 (京都府立医科大学)

Circadian dysregulation, a characteristic of rotational shift work and sleep disruption in humans, has been linked to the pathogenesis of a variety of diseases that include hypertension, obesity, diabetes mellitus, cancer, etc. Recent advances in our knowledge of mammalian clockworks have opened up new analytical and therapeutical approaches against the diseases. In particular, the availability of clock-deficient animal models for disease analysis on the one hand, and the ability to diagnose circadian malfunction by means of clock (and clock-controlled) gene expression profiling with isolated tissues and blood on the other hand, have paved the way toward exploring the molecular pathways linking clocks and diseases. An outstanding feature of this field is that therapeutic targets are widespread across the body. Virtually all cells in the body possess self-sustained functional clocks and they constitute a hierarchical multi-oscillator network, in which the hypothalamic suprachiasmatic nucleus acts as the central pacemaker dominating the local clocks. This workshop will elaborate on the central and peripheral clock system at the molecular, intercellular and systemic levels and further discuss in detail how this current knowledge will translate into potential chronotherapy and diagnosis for the circadian clock-related diseases.

Animal models for cancer development: Relationship between genetic abnormalities and cellular context がんの発生と進展を解き明かす動物モデル:遺伝子変異と細胞内環境の相関

オーガナイザー:本田 浩章 (広島大学)・中村 卓郎 (がん研究会がん研究所)

The neoplastic diseases are manifested by abrogating homeostasis of higher-order organisms. Therefore, animal models are important to understand the nature of cancer and the mechanism of cancer development. Novel information will be presented using innovative animal models, and presentation will be focused on the relationship between genetic/epigenetic abnormalities in human cancer and cellular context of tissue stem/progenitor cells that are origins of cancer. Exploration of genetic interaction and pathways important for cancer development are also an important goal of this workshop, and the models using the transposable element technology provide great advantages for this purpose.

Epigenetic regulation of cytokines in chronic inflammation

炎症性サイトカインと慢性炎症のエピジェネティックス

オーガナイザー:久保 允人(東京理科大学)・山下 政克(かずさ DNA 研究所)

Inflammation is characterized by simultaneous destruction and healing of the tissue. Chronic inflammation accelerates disease symptom as harmful face, eventually leading to several refractory inflammatory diseases. However, this chronic situation also leads to negative regulation of the accelerated responses. These positive and negative regulations during chronic inflammation are controlled by combination of pro-inflammatory cytokines (IL-1, TNF, IFN-g IL-17 and so on) and anti-inflammatory cytokines (IL-10 and TGFb. The expression of these cytokines is genetically controlled by epigenetic regulation, and chronic situation sometimes promotes plasticity in cytokine expression profile that influence on the disease symptom. In this workshop, we mainly focus on the transcriptional regulation of pro-inflammatory and anti-inflammatory cytokines to understand how the plasticity of cytokines are regulated in chronic inflammation.

Chromatin dynamics regulating chromosomal functions

染色体諸機能を制御するクロマチンダイナミクス

オーガナイザー: 升方 久夫 (大阪大学)・中山 潤一 (理化学研究所)

Chromosomes are highly-organized structures that carry the genes of eukaryotic cells. In addition to the actual genes, there are at least three essential domains ensuring chromosomal function: origins of replication which direct the duplication of chromosomal DNA, centromeres which distribute the chromosomes properly into daughter cells, and telomeres which protect and replicate the ends of linear chromosomes. Recent studies make it increasingly clear that 1) organization of such domains are tightly linked to characteristic histone modifications and chromatin dynamics, and that 2) the domain's functions are interlinked each other by an intricate network mediated by chromatin proteins. In this workshop, we will discuss recent findings on the molecular mechanisms of chromatin dynamics that regulate chromosomal functions.

New paradigm of cellular DNA repair in relation with transcription and replication 修復から視る転写・複製との新しいゲノム共通原理

オーガナイザー: 井倉 毅 (京都大学)・安井 明 (東北大学)

DNA damage seriously influences transcription and replication, leading cell to genome instability and cell death. Consequently, many lines of evidence have shown that transcription and replication cooperate with DNA repair. Since DNA damage produced in cell is repaired in the context of chromatin complexes, it is reasonable to suppose that the cellular repair process requires remodeling of chromatin before and after the process, which may be similar to those for transcription and replication. Indeed recently, various factors involved in the chromatin remodeling during transcription or replication were identified as those necessary for DNA repair. Thus, the process of cellular response to DNA damage and repair may be more related to those of transcription and replication. From this viewpoint of cellular DNA repair, the influence of DNA damage on transcription, histone modification, chromatin remodeling and replication, and the mechanisms of molecular responses to DNA damage will be discussed.

The molecular biology of "Life-Aging-Disease-Death"

「生老病死」への分子生物学的アプローチの最前線〜細胞と個体、シグナルとエピゲノムの複雑な結びつき〜オーガナイザー:田中 知明(千葉大学)・ 南野 徹(千葉大学)

While many processes, for instance temporal and spatial control of gene profile during the development of organisms, in biology increase complexity, the aging process increases entropy and culminates in the death of animals. Recent genetic studies have indicated that aging process is subjected to regulatory network. It is now well appreciated that these include the nutrient-sencing pathways (such as insulin and mTor signals), and transcriptional and chromatin regulations (Sirtuins etc) with profound consequences. Importantly as well, it is also evident that molecules that regulate cellular senescence and apoptosis (such as p53 and p16) are critically involved in aging process and pathogenesis of its associated diseases like cancer, cardiovascular disease and metabolic disorders, a testament to importance and crosstalk of transcriptional and epigenetic regulators in the four inevitables in our life. In this workshop, we discuss about the forefront of molecular biology in "Life-Aging-Disease-Death" and hopefully find out and share the future direction in this field.

Molecular mechanisms of replication fork recovery pathways

複製フォーク再生機構研究の最前線

オーガナイザー: 大橋 英治 (九州大学)・菱田 卓 (学習院大学)

Cells have evolved multiple pathways to prevent and recover from catastrophic consequences after replication-fork stall and collapse at the sites of DNA damage. These pathways, including double strand break repair, interstrand crosslink repair, fork regression, translesion DNA synthesis and cell cycle checkpoint, are very important, because the loss of function of any one of them leads to cell death, cellular senescence or cancer. Recently, it has been shown that posttranslational modifications of repair and replication proteins, such as ubiquitination of PCNA, and the modification-dependent protein-protein interactions play crucial roles in the activation or choice of the pathways. In this workshop, we will introduce studies by young researchers in this field, and will discuss the molecular mechanisms and biological significance of a wide variety of the replication fork recovery pathways.

Ribosome biogenesis and nucleolar dynamics

リボソーム生合成と核小体ダイナミクス

オーガナイザー: 剣持 直哉 (宮崎大学)・村山 明子 (筑波大学)

Ribosome is a macromolecule responsible for protein synthesis in all organisms. Ribosome biogenesis is a tightly controlled multi-step process that begins in the nucleolus and ends with the formation of mature ribosome in the cytoplasm. Recent findings indicate that the ribosome biogenesis is directly involved in variety of cellular functions, including chromatin modulation, cell metabolism, senescence, and apoptosis. Defects in ribosome biogenesis also link to human diseases. It is now becoming clear that disruption of ribosome biogenesis causes nucleolar stress that triggers a p53 signaling pathway, thus providing cells with a surveillance mechanism for monitoring ribosomal integrity. In this workshop, we will focus on the recent topics of ribosome biogenesis and nucleolar dynamics and will discuss future directions for research in this field.

Survival strategies of unicellular organisms-from a cell to population

単細胞生物に見る個と集団の生存戦略

```
オーガナイザー: 仁木 宏典 (国立遺伝学研究所)・大庭 良介 (筑波大学)
```

We usually think that cells in an isogenic population of unicellular organisms should show uniform characteristics under any circumstances. However, it is now proving that individual cells even belonging to a population sometimes show heterogeneous characters. Interestingly, the fate of a population is determined by the limited number of cells or the communication between cells which shows different characteristics in some cases. This phenomenon might be enhancing the adaptation activity not only for cells, but also populations to environmental stresses. In this workshop, we are going to focus on the researches related to the heterolytic behavior of cells and their inter-cellular communication in the population. We believe that, through the discussion about the latest progression by novel idea and new technologies, we could share new concepts of how the population characteristic of unicellular organisms is determined.

The nuclear pore complex and the nuclear transport system acting as a molecular switch to regulate nuclear functions

細胞核の機能制御スイッチとして働く核膜孔構造と核輸送の仕組み

```
オーガナイザー:原口 徳子(情報通信研究機構)・安原 徳子(大阪大学)
```

The eukaryotic cell nucleus is an organelle to maintain the integrity of the genome, and it controls the cellular activities by regulating gene expression. The mechanisms for intensive and specific control of gene expression are essential for various cellular events including differentiation, senescence, proliferation, and stress response. Recently, components of the nuclear pore complex and the nuclear transport system, or their modification such as phosphorylation and sumoylation turned out to be a molecular switch to regulate the function of the nucleus. We will present the research fronts of the developing field, and discuss the significance of the nuclear structure and the nuclear transport system.

To the comprehensive view of cell division mechanisms in terms of balance control

バランス制御の観点からの細胞分裂制御機構の統合的理解に向けて

```
オーガナイザー:田中 耕三 (東北大学)・広田 亨 (がん研究会がん研究所)
```

Cell proliferation through cell division and inheritance of genetic information through equal chromosome segregation are fundamental phenomena for life from eggs to adults. Progression of cell division driven by cell cycle engines like cyclin/CDK complexes and chromosome segregation driven by spindle are closely related mechanisms that regulate each other. In addition, each mechanism is maintained through fine-tuning of the balance between counteracting actions; protein synthesis and degradation, protein phosphorylation and dephosphorylation, microtubule polymerization and depolymerization, attachment and detachment of microtubules from kinetochores, and so on. Disruption of these mechanisms is related to congenital disorders and oncogenic transformation. In this workshop, we aim for the comprehensive understanding of cell division and chromosome segregation as mechanisms maintained by balance control.

The frontiers of DNA dynamics for chromosome maintenance

DNA ダイナミクスによる染色体維持の新展開

```
オーガナイザー:上野 勝 (広島大学)・中川 拓郎 (大阪大学)
```

Maintaining the chromosome integrity is crucial for all living organisms. To prevent chromosomal rearrangements, it is important to regulate DNA recombination and damage repair to occur in "a spatiotemporally appropriate fashion". The ends of a chromosome (telomere) and the essential domain for faithful chromosome segregation (centromere), consisting of repetitive DNA sequences, form unique chromatin structures, and occupy specific territories in the nuclei. Although telomere and centromere play pivotal roles in the chromosome maintenance, the mechanisms of recombination and repair that occur in such domains remains elusive. In this workshop, we would like to encourage young scientists to present their new findings on recombination or repair, and to have an exciting discussion on the regulation of DNA dynamics with regard to the preservation and the evolution of the complex chromosomes.

Molecular basis of gene regulation and genome maintenance in chromosomes 染色体における遺伝情報の発現と維持のメカニズム

オーガナイザー: 胡桃坂 仁志 (早稲田大学)・木村 宏 (大阪大学)

Genomic DNA is packaged into the nucleus as a highly compacted chromatin. Recent advances in structural biology and genome wide analyses of the chromosome architecture provide a structural basis for the molecular mechanisms of gene expression, replication, repair, and recombination. The chromatin structure is considered as a fundamental regulatory element for the epigenetic regulation of gene expression. However, it is far from clear how the gene expression is regulated and the genome is maintained in the context of chromatin. In this workshop, we will discuss the molecular mechanism of the epigenetic genome regulation, including the structure and dynamics of histone variants and modifications, by gathering current studies on the chromatin structure and function using various approaches.

Dynamics and molecular basis of post-translational modifications and cell signaling networks: Interdisciplinary approaches to understanding biological systems

翻訳後修飾の分子基盤とシグナル伝達ネットワークのダイナミクス:生命システムへの学際的アプローチ

オーガナイザー:井上 純一郎 (東京大学)・武川 睦寛 (名古屋大学)

Post-translational modifications regulate various properties of proteins such as their activity, localization, stability, and interactions with other molecules, thereby playing a key role in the control of cell signaling networks and diverse biological processes. Recent advances in mass spectrometry, and in molecular, structural, and mathematical biology, have not only made it possible to identify novel post-translational modifications, but have also opened the door to a comprehensive understanding of the molecular basis and dynamics of protein modifications. It is now appreciated that spatio-temporal changes in post-translational modifications serve as the driving force in the dynamics of signal transduction pathways and underlie the diversity of cell responses. Furthermore, functional interplay between different modifications has recently been identified and is important for dictating cell-fate decisions. Perturbation of post-translational modifications is involved in a variety of life-threatening diseases. Therefore these modifications are also of clinical importance. In this workshop, speakers from various fields of biology, including molecular, structural, and mathematical biology, will present recent advances in the understanding of post-translational modifications (e.g. ubiquitination, sumoylation, glycosylation, acetylation, and phosphorylation) that regulate critical signaling pathways (e.g. NF- ł B, MAPK, and Notch signaling). Furthermore, the use of an interdisciplinary approach to study signal transduction networks will be discussed.

Cytokine regulatory factors in and beyond the cytokine system

サイトカイン制御因子の新たなる機能に迫る

オーガナイザー:田村 智彦 (横浜市立大学)・益見 厚子 (国立感染症研究所)

Cytokines such as interferons (IFNs) and interleukins are pivotal to host defense against viral and bacterial infection. Regulators in the cytokine system, including transcription factor families IFN regulatory Factors (IRFs) and NF-kB, have been shown to possess critical roles even beyond typical immune responses; such roles include regulation of cell differentiation, proliferation and cell death. Thus, abnormalities in the function of these regulators are involved in the pathogenesis of not only infectious diseases but also cancers, autoimmune diseases and more. In this workshop, we aim for introducing the recent progress in understanding such diverse functions of cytokine regulators as well as the discovery of new regulators.

Chemical biology of RNA regulations

RNA 制御のケミカルバイオロジー

オーガナイザー: 谷 時雄(熊本大学)・片岡 直行(京都大学)

In eukaryotic cells, post-transcriptional regulations, such as alternative pre-mRNA splicing, RNA editing and translational regulation by microRNAs, are crucial for gene expression. Chemical biology, a rapidly developing field defined as the application of the chemistry methods and approaches to the understanding and manipulation of biological systems, is now being applied for RNA research and is giving novel insights into biological phenomena through, for example, identification of small chemicals that modulate alternative pre-mRNA splicing. In this workshop, selected speakers will present recent

topics of a broad range of subjects in this field, from the basic research on the molecular mechanisms of RNA processing to the applied sciences leading to the treatment of diseases, and discuss the prospects for the future development of the chemical biology of RNA regulations.

Recent advances of Hippo and RASSF signaling pathways that regulates cell fate 細胞運命を制御する Hippo および RASSF シグナル伝達系の最前線

オーガナイザー: 仁科 博史 (東京医科歯科大学)・佐々木 洋 (熊本大学)

The Hippo pathway has emerged as a conserved signaling pathway that is essential for the proper regulation of organ size in Drosophila and vertebrates. It is composed of the core kinases Hippo/MST and Warts/LATS that negatively regulates the coactivators Yorkie/YAP and TAZ to restrict cell proliferation and to promote cell death. A dysfunction of the pathway is frequently detected in human cancers and correlates with a poor prognosis. The human RAS association domain family (RASSF) contains 10 related genes with different chromosomal locations (RASSF1 to RASSF10) that regulate cell cycle control, RAS signaling, apoptosis, immune cell function, and microtubule stability. Some of the family members are associated with the activation MST. Loss of function of the RASSF family members also results in uncontrolled growth and tumor formation. Interestingly, recent studies have shown that Hippo and RASSF signaling pathways regulate cell fate during Drosophila and vertebrate development. The aims of the workshop are to discuss ideas and share scientific knowledge, and to accelerate our ability to understand cancer and other aspects of biology modulated by the Hippo and RASSF signaling pathways.

Coordinated epigenetic regulations for transcription by biomolecular modifications

生体分子修飾による転写に向けた協調的なエピジェネティック制御

オーガナイザー:大熊 芳明 (富山大学)・伊藤 敬 (長崎大学)

For long time, we thought that living phenomena are regulated by functional proteins with enzymatic activities. Recently, however, it has come to be recognized that their regulations are not such simple. The reasons are because it has become obvious that there are so-call epigenetic regulations by modifications of biomolecules like proteins and DNAs in the eukaryotic cell nucleus while they also contain the physical substances other than proteins like RNAs. We further knew that these regulations are cooperatively well organized. At this workshop, we would like to discuss the roles and effects of such biomolecular modifications through epigenetic regulations toward transcription.

Emerging roles of chromosomal DNA replication

染色体 DNA 複製の新たな生物学的意義

オーガナイザー:三村 覚 (大阪大学)・藤田 雅俊 (九州大学)

Faithful DNA replication is a fundamental process for all organisms. In eukaryotic cells, DNA is replicated in a highly regulated manner during the cell cycle and many "DNA replication" proteins including replicative helicase and polymerases operate at replication forks during S-phase. In addition to such classical replication factors, it has recently been shown that many other proteins, which are not directly required for DNA duplication, are recruited to replication forks to coordinate replication and other chromatin transactions such as DNA damage response, switching of TLS polymerases, chromatin disassembly and reassembly, and establishment of sister chromatid cohesion. Thus, chromosomal DNA replication has important roles more than just duplicating genomic DNA, which are tightly linked to the other chromosomal events. In this workshop, we would like to introduce novel aspects of DNA replication research, focusing on how DNA replication fork is formed, how its progression is regulated and how DNA replication is harmonized with the other biological events such as regulation of chromatin structure and development.

Phytochemicals and diseases: A wide variety of pharmacological functions

ファイトケミカルと疾病:その多彩な薬理学的作用

オーガナイザー: 萩原 啓実 (桐蔭横浜大学)・坂本 和一 (筑波大学)

We well know and investigate the polyphenols such as resveratrol from grape, epigallocatechin gallate (EGCG) from green tea, hydroxytyrosol and apigenin from olive. Recently, those polyphenols reportedly exert physiological effects

against diseases such as cancer, arterioscrerosis, hyperlipidemia and osteoporosis. Generally, polyphenols display antioxidant and anti-inflammatory properties. In this workshop, we would like to introduce pharmacological functions and action and molecular mechanisms of polyphenol on several diseases and human health. This workshop contains 1. Hypoglycemic effects of phytochemicals: with special reference to skeletal muscle cells and tissues, 2. Antidiabetic effects of phytochemicals: improvement of insulin sensitivity, 3. Phytochemicals and obesity: from the view of adipocyte, 4. Effects of olive polyphenol on the formation and maintenance of bone: improvement of osteoporosis, 5. Beneficial effects of olive compounds and their molecular mechanisms: vascular and reproduction systems, 6. Phytochemicals and anti-aging: from a view of "Drug-Food-Identical Source".

Control of mitochondrial functions via intracellular crosstalk

細胞内クロストークを介したミトコンドリア機能制御

オーガナイザー: 岡本 浩二 (大阪大学)・石原 直忠 (久留米大学)

Mitochondria are double membrane-bound compartments that harbor their own genome and central dogma, and play pivotal roles in various metabolisms including energy conversion, signaling, and calcium ion regulation. It is thus apparent that this multi-tasking organelle dominates our lives, and that defects in its function are associated with numerous human diseases. Recently, emerging evidence suggests that mitochondria cooperate with other cellular compartments in order to control and maintain their functions essential for cell homeostasis. In this workshop, we highlight brand-new cutting-edge topics on mitochondrial structure and function related to intracellular crosstalk, and also discuss about the physiological relevance to higher-order biological processes.

TOR

オーガナイザー: 前田 達哉 (東京大学)・丑丸 敬史 (静岡大学)

TOR, the target of rapamycin, is the central hub of a highly conserved signaling network that regulates cell growth in response to nutrients, growth factors, cellular energy, and stresses. TOR belongs to the family of the PI3 kinase-related Ser/Thr kinases and forms two functionally distinct and evolutionary conserved complexes, TORC1 and TORC2 (mTORC1 and mTORC2 in mammalian cells). These two complexes have unique regulation and unique roles, but collaborate to control various physiological functions, including macromolecular synthesis, nutrient import, autophagy, and cytoskeletal regulation, which, as a whole, orchestrate cellular metabolism and growth. Furthermore, recent studies associated TOR with various physiological and pathological events, including development, cell differentiation, nerve functions, carcinogenesis, diabetes, obesity, and aging. This workshop will focus on recent advances in the rapidly expanding field of TOR research.

Effects of mechanical stress on functions and shapes of the cells and tissues 細胞の機械的ストレスの感知とその形態や機能への影響

オーガナイザー:二川 健 (徳島大学)・野田 政樹 (東京医科歯科大学)

Mechanical stress is known to regulate functions and shapes of the cells and tissues. For example, a ventricular myocyte experiences changes in length and load during every beat of the heart and has the ability to remodel cell shape to maintain cardiac performance. In this workshop, the sensing mechanism of mechanical stress as well as its effects on functions and shapes of the cells and tissues will be discussed by experts in the field with respect to the molecular, cellular, and tissue aspects. Taking these aspects together, this workshop will provide the most up-to-date information on cutting-edge advancements in the field of mechanobiolgy.

Molecular mechanism and control of meiosis

減数分裂の分子メカニズムと制御

オーガナイザー:篠原 彰 (大阪大学)・太田 邦史 (東京大学)

Meiosis essential for gametogenesis is different from mitosis, in which two consecutive chromosome segregation takes place following one round of DNA replication for reduction of chromosome contents for next generation. Dysfuction of meiosis often lead genome instability, resulting in miscarriage and aneuploidy disease such as Down syndrome. Meiosis

is unique in chromosome morphogenesis, dynamics as well as cell cycle regulation. In addition, more attention is paid on meiosis because the importance of epigenetics in the process. In this workshop, we will focus on new advances on our understanding on events in meiosis for future development in the area of meiosis.

第34回日本分子生物学会年会 宿泊申込のご案内

この度、「第 34 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。

年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をおすすめします。**

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/mbsj2011/)

1、宿泊期間: 平成23年12月12日(月)~16日(金)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

	宿泊料金(1泊朝食税サ込)												
ホテル名 		シングル		ツイン(2名利用)		ツイン又はダブル(1名利用)		エリア	最寄駅からのアクセス				
		申込記号	料金	申込記号	料金	申込記号	料金						
	12/12-13-16			1-T	¥11,550	1-TS	¥21,000	みなと	みなとみらい線「みなとみらい駅」徒歩1分				
パンパシフィックホテル横浜	12/14	_	_		¥13,650		¥24,150	みらい	JR京浜東北線·市営地下鉄「桜木町駅」徒歩10分				
	12/15			2-T	¥16,800	2-TS	¥30,450						
ヨコハマグランド インターコンチネンタル	12/12~15	l —	_		¥11,550		¥19,950	みなと みらい	みなとみらい線「みなとみらい駅」徒歩2分 JR京浜東北線・市営地下鉄「桜木町駅」徒歩11分				
1ンターコンテネンタル	12/16				¥13,650		¥23,100	0,501	OK永然来礼称"旧名地下级"按小叫歌]证少11万				
 横浜ロイヤルパークホテル	12/12 ~ 15			3-S	¥14,700	3-TS	¥23,100	みなと	みなとみらい線「みなとみらい駅」徒歩3分				
横浜ロイドルバーンボナル	12/16	_	_		¥15,750		¥27,300	みらい	JR京浜東北線·市営地下鉄「桜木町駅」徒歩5分				
#::**		4.0	V0.450	4-T	V0.005			±\V- ↓ - M-r					
横浜桜木町ワシントンホテル	全日	4-S	¥9,450	4-1	¥8,085	_	_	桜木町	JR桜木町駅徒歩1分				
ブリーズベイホテル	12/12•13		¥10,000		¥7,000			4W-L-m-	JR桜木町駅徒歩2分				
リゾート&スパ	12/14-15-16	5-S	¥16,500	5-T	¥11,500	1 -	_	桜木町					
									みなとみらい線「馬車道駅」徒歩2分。JR「関内駅」徒				
ホテルルートイン横浜馬車道	全日	6-S	¥6,900	6-T	¥6,100	6-TS	¥9,500	馬車道	歩9分/※6-TS→カジュアルツインルーム				
横浜平和プラザホテル	全日	7-S	¥7.455	7-T	¥5.460		_	馬車道	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				
世典平和ノブリホテル	王口	7-8	¥ 7,433	/-1	# 3,460			治早坦	駅」徒歩5分。市営地下鉄「関内駅」徒歩3分				
ホテルプラム/コスモY	全日	8-S	¥7.875	l _	_	_	_	横浜駅	┃ ┃横浜駅西口徒歩7分				
111777771111111111111111111111111111111			, , , , ,					15477(19)(
ホテルキャメロットジャパン	全日	9-S	¥8,400	9-T	¥7,350	l –	_	横浜駅	横浜駅徒歩5分				
ホテルマイステイズ横浜	全日	10-S	¥6,000	10-T	¥5,000	_	_	黄金町	京急 黄金町駅」徒歩1分				
									JR根岸線「関内駅」徒歩10分				
セントラルイン横浜	全日	11-S	¥7,500	-	_	-	_	関内	※朝食はレストランガスト対応				
## \C /n & /L _ m_ = \ \ \ \ \ \ \ = \ \ \ \ \ \ = \ \ \ \	^ =	40.0	\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\	10. T	\/7.00F			884					
横浜伊勢佐木町ワシントンホテル	全日	12-S	¥8,400	12-T	¥7,035	_	_	関内	JR根岸線「関内駅」徒歩5分				
ホテルシャトレーイン横浜	全日	13-S	¥8.500	13-T	¥8.000		_	関内	JR根岸線「関内駅」徒歩1分				
ハ	- TH	10 0	+0,000	10 1	+0,000			ניונאו	CLAIN THE LINE AND THE STATE OF				
アパホテル<横浜関内>	全日	14-S	¥9,450	l —	_	_	_	関内	JR根岸線「関内駅」徒歩3分				
	 												
JALシティ横浜関内	全日	15-S	¥8,925	15-T	¥7,350	_	_	山下公園	みなとみらい線「日本大通り駅」3番出口徒歩1分				
スターホテル横浜	全日	16-S	¥9,450	16-T	¥7,350	_	_	中華街	みなとみらい線「元町・中華街駅」4番出口徒歩2分				
					10.405								
ローズホテル横浜	全日			17-T	¥8,400	17-TS	¥13,650	中華街	みなとみらい線「元町・中華街駅」徒歩1分				

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。

- (2)受付完了後、弊社より予約確認書兼請求書を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。[銀行振込]⇒11月28日(月)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23年11月28日(月)
- **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

(株)日本旅行 西日本 MICE 営業部

「第34回日本分子生物学会年会」受付デスク

〒530-0001 大阪市北区梅田 1-11-4 大阪駅前第 4 ビル 5F

 $\begin{tabular}{ll} TEL:06-6342-0230/FAX:06-6342-0232 & E-mail: osaka_gakkai@nta.co.jp \end{tabular} \label{table:eq:condition}$

(営業時間 平日…9:45~17:45 休業日…土日祝日)

第 34 回日本分子生物学会年会

《宿泊申込書》

日本旅行 西日本 MICE 営業部 「第34回日本分子生物学会年会」受付デスク 宛

FAX 06-6342-0232

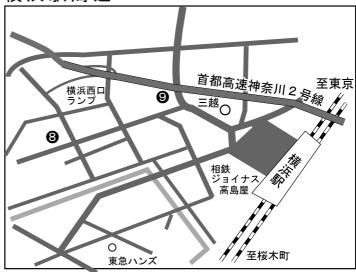
*申込期間	: 平成2	3年8月1	日(月)~	11月2	8日 (月) まで			#	込日	戶	3	В	
									ご記入の場	合メールフ	アドレスで登	登録いたし	ます。	
│ フリガナ │ │お申込者名 │						1	アドレス							
					(携帯	小可)								
	 													
-> >+ 45 H 12	I .	_					電	話						
ご連絡先付	E所													
	統													
								FAX						
所 属 先	名						携帯	携帯電話						
										1				
フリガ			宿泊日	3(〇印を	記入)			申込記			フリ	リガナ		
氏	名	12/12	12/13	12/14	12/15	12/16		(希望ホテル)		ル) 同室者名				
ニチリョ タ	!ロウ									ニチリョ ハナコ				
記入例			0	0	0		(n°	1 — T (パンパシフィックホテル横浜)			日旅花子			
日旅太	郎						(1.7)	1 7717711	//(央/六/		ᆸᇪᇉᆍ			
		-												
		-												
! /## → = → = + + + + + + + + + + + + + + + +	-X+、1* T													
【備考・ご要望事	頃など】													
	17 Janes . W.L.													
* フリガナは必ずご翫 * ツイン(2名1室)ご			記入ください	١.										
■お支払い方法 □ 銀行振込 <u>月</u> <u>日</u> 頃 振込予定(指定銀行口座は請求書に記載)														
□ クレジットカード決済・・・必要事項を下記へ正確にご記入ください。														
カード種類	□VISA □JCB □DC □UFJ □UC(※) □AMEX											ナース		
ノノ・「「工工工工工工工工工工工工工工工工工工工工工工工工工工工工工工工工工工	□MASTER ※MASTERの国際カードは日本国内ではU							ードにも	る決済	となりま	ます			
+ 1,440														
カード番号														
有効期限	20	年(YE	EAR)	月(MOI	NTH)	ご署	名							

【ホテルマップ】

みなとみらい地区

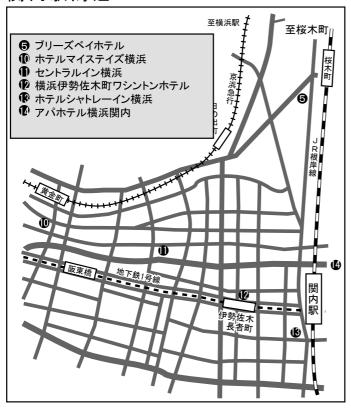
在 本なとみらい スクエア 【会場】 みなとみらい駅 多 ランドズークタワー 動く歩道 「M船日本丸 スペース・アンドス 「スールドス 「スールドス 「スールドス 「スールドス 「スールドス 「スール・アンガ倉庫 馬車道駅 赤レンガ倉庫

横浜駅周辺

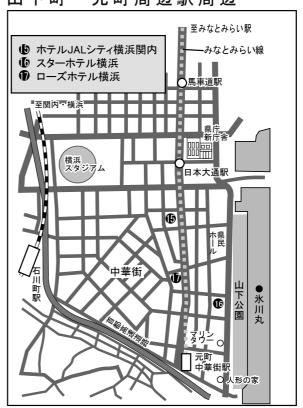


- パンパシフィック横浜ベイホテル東急
- 2 ヨコハマグランドインターコンチネンタルホテル
- ❸ 横浜ロイヤルパークホテル
- 4 横浜桜木町ワシントンホテル
- ⑥ ホテルルートイン横浜馬車道
- ▼ 横浜平和プラザホテル
- ❸ ホテルプラム/コスモY
- (9) ホテルキャメロットジャパン(18) ナビオス横浜

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

男女共同参画委員会 委員長 後藤由季子 副委員長 塩見 春彦

第34回日本分子生物学会年会

(2011年12月13日~16日)

i) 年会における演題発表者の属性調査について

演題発表者の属性調査も今年で3回目となりました。今回の演題投稿ページ(日本語)にも、昨年と同様、属性(性別、年齢、身分・職階)に関する質問が設定されます。今後も、調査は経年的に実施し、結果を公表していく予定です。今後ともご協力をよろしくお願いいたします。

また、昨年、調査にご協力くださった皆様、ありが

とうございました。調査の集計・分析結果は、会報98号、および学会 HP に掲載しております。是非ご覧ください。

ii) 男女共同参画企画について

今年のランチョン企画の開催日時と会場が以下の通り決まりましたので、お知らせいたします。企画の詳細は、年会プログラム集、年会ホームページ、また会報 11 月号でご案内いたします。

開催日時: 12 月 13 日(火) 12:15 ~ 13:30 会 場:パシフィコ横浜 第4会場

(会議センター3階・303)

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 小安 重夫 〒 102-0072 千代田区飯田橋 2-11-5 人材開発ビル 4 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 西田 栄介 〒 102-0072 千代田区飯田橋 2-11-5 人材開発ビル 4 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 42 回三菱財団自然 科学研究助成	(財三菱財団 ☎ (03) 3214 - 5754 〒 100 - 0005 千代田区丸の内 2 - 3 - 1	総額2億5,000 万円、 40件程度	2011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)。
新化学発展協会平成 23年度研究奨励金	(世新化学発展協会 ☎ (03) 5297 - 8820 〒 101 - 0041 千代田区神田須田町 1 - 12	9課題、各課題1件	2011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 2011年度研究援助	(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 (本学会の (推薦枠は 5 件)	2011年3月31日	1件当たり 100~500万円、 総額3,000万円	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 27 回国際生物学賞	国際生物学賞委員会 ☎ (03) 3263 - 1722 〒 102 - 8472 - 千代田区一番町 8 日本学術振興会内	1件(1件)	2011 年 5 月 13 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27回の授賞分野は「発生生物 学」。
第 28 回持田記念学術 賞		2 件以内 (1 件)	2011 年 7 月 29 日	1件1,000万円	学術賞は次の6項目の研究分野 で、研究の進歩発展のため顕著 な功績のあった研究者に贈呈。 (1)バイオ技術を基盤とする先端 医療に関する研究 (2)バイオ技術を基盤とするゲノム機能/病態解析に関する研究 (3)免疫/アレルギー/炎症の治療ならびに制御に関する研究 (4)循環器/血液疾患の病態解析/治療制御に関する研究 (5)創薬・創剤の基盤に関する研究 (6)創薬の臨床応用に関する研究
第 29 回研究助成		総額 2億4,000万円	2011 年 6 月 24 日	1件 300万円	
第 28 回国内および海 外留学補助金	(助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	総額 1,000 万円	2011年6月24日	1件 50万円	
平成 24 年度笹川科学 研究助成	(財日本科学協会 ☎ (03) 6229 - 5365 〒 107 - 0052 港区赤坂 1 - 2 - 2 日本財団ビル	約 330 件	募集期間 2011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。
上 原 賞	(財)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)	2011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 28 回井上学術賞	(助井上科学振興財団 ☎ (03) 3477 - 2738 〒 150 - 0036 渋谷区南平台町 15 - 15 - 601	5 件以内 (2 件)	2011 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4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)	2011年 7月29日	1人当たり 1,000万円 (研究期間は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 20 回木原記念財団 学術賞	(助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)	2011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)	2011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 いる若手研究者で50歳以下の 者。推薦の研究課題で他の著名 な賞を受けていない者。
住友財団 2011 年度基 礎科学研究助成	(財住友財団 ☎ (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 1億6,000万円 100件程度	2011 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。

名 称	連絡先	件数	締 切	助成内容等	概 要
第 52 回藤原賞	(財藤原科学財団 ☎ (03) 3561 - 7736 〒 104 - 0061 中央区銀座 3 - 7 - 12	2件(1件)	2011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 24 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 千代田区震が関 3 - 2 - 2	科学技術賞140 件(年)のうち、 研究部門は40 件程度 若手科名程度 は100名推薦いは (学会推薦には によった。 にまった。 によった。 によった。 によった。 によった。 によった。 によった。 によった。 によった。 によった。 によった。 にまった。 によった。 にと、 にと。 にと、 にと、 にと。 にと。 にと。 にと。 にと。 にと。 にと。 にと。 にと。 にと。	2011年 7月19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40歳未満の若手研究個人。
平成 23 年度島津賞	(財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)	2011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	2011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	(財東レ科学振興会 ☎ (047) 350-6103 〒 279-8555 浦安市美浜 1-8-1 東レビル	2 件前後 (2 件)	2011年 10月7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)	2011年10月7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)。
ノバルティス研究奨 励金	(財)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35件 指定機関から の推薦必要	2011 年 * 9月15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 43 回内藤記念科学 振興賞	(助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)	2011年 10月3日	金メダル、 1000 万円	人類の健康の増進に寄与する自 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 43 回海外学者招へ い助成金		(前期・後期各 10件)	2011 年 6月1日・ 10月3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	(財プ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	2011 年 * 10 月 14 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	2012 年 * - 1 月 13 日	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 短期間の研究者の派遣を助成。
海外研究者招聘助成		若干件	1 / 1 10	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 24 年度研究助成	(財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	2011 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。

—————————————————————————————————————	連 絡 先	件 数	締切	助成内容等	概要
第8回日本学術振興会賞	(独日本学術振興会 ☎ (03) 3263 - 0912 〒 102 - 8472 千代田区一番町8番地	25 件程度 機関長推薦 扱いとして 学会推薦枠 も若干件あり	2011年 5月18日 ~ 5月20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)。
第2回日本学術振興 会育志賞		16 件程度 (1 件)	2011年 6月15日 ~ 6月17日 (受付日)	賞状、賞碑、 110 万円	我が国の学術研究の発展に寄与することが期待される優秀な大学院博士課程の学生を顕彰 (34 歳未満)。
脚材料科学技術振興 財団 山﨑貞一賞	(財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	2011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 23 年度研究助成	(助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 5,000 万円	2011年8月31日	助成金総額 約 5,000 万円	光科学に関係する研究に対して 助成。対象課題有り。
2011 年度朝日賞	(財朝日新聞文化財団 ☎ (03) 5540 - 7453 〒 104 - 8011 中央区築地 5 - 3 - 2	ここ最近は 4~5件 (1件)	2011 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。
第 23 回加藤記念研究 助成	(財加藤記念バイオサイエンス研 究振興財団 ☎ (042) 725 - 2576 〒 194 - 8533 町田市旭町 3 - 6 - 6	25 件 総額 5,000 万円	2011 年* 8月31日	1件 200 万円	バイオサイエンス分野における 有能な若手研究者を発掘し、そ の創造的かつ先駆的研究を支援 する。年齢制限あり。
平成 24 年度(第 1 回) 三島海雲学術賞	(財三島海雲記念財団 ☎ (03) 3780 - 2317 〒 150 - 0021 渋谷区恵比寿西 2 - 20 - 3 代官山 CA ビル	自然科学部門 で2件以内 (1件)	2011年 8月31日	1件 200 万円	自然科学部門は、食の科学に関する研究が対象。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独創的で発展性のある顕著な業績を挙げている40歳以下の若手研究者。

●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16回日本病態プロテアーゼ学会学術集会

会 期: 平成 23 年 8 月 26 日金・27 日生 会 場: 千里ライフサイエンスセンター

(大阪、豊中市)

学術集会長:木曽 良明(長浜バイオ大学ペプチド科学

研究室 客員教授)

学会参加費:会員2,000円 非会員5,000円 学生無料

連 絡 先:〒634-8522

橿原市四条町 840

奈良県立医科大学産婦人科学教室内

TEL: 0744-29-8877 FAX: 0744-23-6557

E-mail: cpipt@naramed-u.ac.jp

8月26日金 12:00~講演会

◆特別講演 「化学生態学とタンパク毒」 上村 大輔(神奈川大学理学部化学科 教授)

◆教育講演 「日本人2型糖尿病において食後血糖上昇 の意味するところ」

武田 純(岐阜大学大学院医学系研究科 内分泌代 謝病態学 教授)

◆基調講演「考える腸、働く膵島─臓器・細胞連関から 見直す、2型糖尿病の成り立ちとその対策 |

難波 光義(兵庫医科大学内科学糖尿病科 主任教授)

◆シンポジウム『糖尿病(2型)の新しい治療法とプロ テアーゼとその阻害剤』

はじめに:オーガナイザーより

永津 俊治 (藤田保健衛生大学); DPP-IV/CD26の 発見の歴史と糖尿病薬創薬: serendipitous discovery 池原 征夫 (福岡大学); DPP-IV/CD26の生化学分 子生物学

- 「インクレチンの生理作用」 山田祐一郎(秋田大学大学院医学系研究科 内分泌・ 代謝・老年内科学 教授)
- 「DPP-IV 阻害薬の心血管に対する作用」 綿田裕孝(順天堂大学大学院医学系研究科 代謝内 分泌内科学 教授)
- 「DPP-IV 阻害薬の糖尿病治療薬としての展望と問題 点」

寺内康夫 (横浜市立大学大学院医学研究科 分子内 分泌・糖尿病内科学 教授)

◆一般ポスター講演

8月27日生) 9:00~講演会

◆会長講演「ペプチド化学を基盤とする創薬科学研究: 難病克服をめざして」

木曽 良明(長浜バイオ大学ペプチド科学研究室 客 員教授)

- ◆ワークショップ『ホットトピックス 2011』 オーガナイザー 井上紳太郎(㈱カネボウ化粧品) 中島元夫(SBI アラプロモ㈱)
 - 「C型肝炎ウイルス NS3-4A プロテアーゼ阻害剤テラプレビルの研究開発」

神谷 直洋 (田辺三菱製薬㈱研究本部薬理第一研究 所 薬理第一部 主任研究員)

• 「Protease-activated receptor (PAR) の生理的・病態 生理学的役割」

川畑 篤史(近畿大学薬学部病態薬理学研究室 教授)

- •「トロンボモジュリンの基礎から臨床まで」 鈴木 宏治(鈴鹿医療科学大学薬学部 教授)
- •「光老化および自然老化皮膚における線維芽細胞エラスターゼの役割

- 活性本体中性エンドペプチダーゼの同定とその調 節機構の解明 - |

森崎 尚子(花王㈱生物科学研究所主任研究員)

○千里ライフサイエンス技術講習会(第 54 回) 「クロマチン免疫沈降法」

1. 日時・場所

講 義: 平成23年9月26日(月)13:00~16:50 於 千里ライフサイエンスセンタービル(北 大阪急行千里中央駅徒歩5分)

実 習: 平成23年9月27日(火) 9:30~16:00於 大阪大学大学院理学研究科(大阪モノレール柴原駅徒歩10分)

- 2. コーディネーター: 大阪大学大学院理学研究科 教授 升方 久夫
- 3. プログラム

講 義:

1) クロマチン免疫沈降法の原理と分裂酵母のクロマチン免疫沈降解析

升方 久夫 (阪大院・理学 教授)

2) 動物培養細胞のクロマチン免疫沈降: native 法 と closslink 法

木村 宏(阪大院・生命機能 准教授)

3) 酵母での ChIP 法実験操作解説 中川 拓郎 (阪大院・理学 准教授)

実習:

- 1) 酵母からの免疫沈降操作実習(午前) 中川 拓郎(阪大院・理学 准教授)
- 2) リアルタイム PCR 解析実習 (午後) 中川 拓郎 (阪大院・理学 准教授)

4. 参加費(定員)

講義のみ:3000円(34名)、講義と実習:5000円(16名)

5. 申込方法

- 1) 氏名、勤務先、所属、役職名、所在地、電話、 FAX
- 2) 希望コース(「講義のみ」または「講義と実習」) 1)、2) を明記の上、E-mail でお申し込み下さい。 折り返し参加費の振込み先等をご連絡致します。

6. 申込先

公益財団法人千里ライフサイエンス振興財団 技術講習会 G54 係

 $E\text{-mail}: tkd@senri\text{-life.or.jp} \ \ (TEL: 06\text{--}6873\text{--}2001)$

7. 詳細につきましては下記 Web site をご覧下さい。 Web site: http://www.senri-life.or.jp/gijyutsukosyukai. html

○ ISNMR 2011 (第50回記念 NMR 討論会 国際シンポジウム) のお知らせ

NMR 討論会は、核磁気共鳴分光法(NMR)に関連する様々な研究についての発表、討論を通して当該分野の発展に貢献することを目的に開催されています。本討論会は、NMR の解明と応用における学際的な集まりであり物理学・材料化学・応用物理学・有機化学・高分子化学・天然物化学・生化学・構造生物学的研究が主題となっていることが、際立った特徴になっており、これらの分野において原子レベルでの革新的な材料評価や同定として広く応用されています。

本実行委員会では、本シンポジウムを国内だけでなく世界に開かれたものにするために、第50回記念 NMR 討論会を国際シンポジウムとして開催することとし、下記のとおり著名な先生方をお招きしご講演頂く予定です。

会 期:2011年11月15日(火)~11月18日(金) 会 場:大さん橋ホール(横浜市中区海岸通り1-1-4) 実行委員長:

西村 善文 (横浜市立大学生命ナノシステム科学研究 科)

【招待講演者(予定)】

Richard R. Ernst (ETH, Switzerland ノーベル賞受賞者)
Kurt Wüthrich (ETH, Switzerland ノーベル賞受賞者)
John L. Markley (University of Wisconsin, USA)
Peter E. Wright (The Scripps Research Institute, USA)
Gerhard Wagner (Harvard Med. School)
Marc Baldus (Utrecht University, The Netherlands)
Tadeusz F. Molinski (University of Calfornia, San Diego, USA)

小川 誠二 (東北福祉大学 感性福祉研究センター) 甲斐荘正恒 (名古屋大学 理学研究科 構造生物学センター)

Matthias Ernst (ETH, Switzerland)
Bong-Jin Lee (Seoul National University, Korea)

演題登録: 2011 年 7 月 1 日金~ 7 月 29 日金 事前参加登録: 2011 年 7 月 1 日金~ 10 月 4 日火 参加費: 一般会員(事前)6,000 円(当日)7,000 円 一般非会員(事前)13,000 円(当日)15,000 円 学生会員(事前)2,000 円(当日)3,000 円 学生非会員(事前)6,000 円(当日)7,000 円

ホームページ: http://www.aeplan.co.jp/isnmr2011/ ※演題投稿には事前参加登録が必要です

連絡先: ISNMR2011 運営事務局 (株式会社エー・イー 企画内)

〒 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: 06-6350-7163 FAX: 06-6350-7164

E-mail: isnmr2011@aeplan.co.jp

○日本環境変異原学会第 40 回大会開催のお知らせ

会 期:平成23年11月21日(月)~22日(火)

会 場:学術総合センター

(東京都千代田区一ツ橋 2-1-2)

大会長:能美 健彦 国立医薬品食品衛生研究所 大会事務局:

〒 158-8501

東京都世田谷区上用賀 1-18-1

国立医薬品食品衛生研究所 変異遺伝部内日本環境変異原学会第40回大会 事務局

TEL: 03-3700-9872 FAX: 03-3700-2348 E-MAIL: jems2011@nihs.go.jp

大会の内容:

- 1. 一般演題発表
- 2. シンポジウム

酸化ストレスとその健康影響

生殖細胞突然変異 発がんと遺伝毒性(ICH S1&S2)

- 3. 特別講演 Wei Yang 博士(米国・NIH)
- 4. 学会賞等受賞講演 など
- 5. その他 (総会、企業展示、懇親会など)

一般演題発表形式:

- 1. ポスター発表: 150-200 題程度
- 2. 口頭発表:ポスター発表から若手の演者を中心に 選抜、14 題を予定
- ○ベストプレゼンテーション賞を選考し、大会最後に 表彰

演題申込期間:平成23年7月1日金~8月20日生

事前登録 一般会員:10,000 円、学生会員:3,000 円、

非会員:12,000円

当日登録 一般会員:12,000 円、学生会員:5,000 円、

非会員:15,000円

講演申し込み方法および参加登録方法の詳細は決まり次 第大会ホームページに掲載いたします。

URL: http://www.j-ems.org/meeting/jems2011.html

JEMS ホームページ: http://www.j-ems.org

第17期役員・幹事・各委員会名簿

理事長 (任期:2011年1月1日~2012年12月31日)

小原 雄治 (遺伝研)

副理事長

相沢 慎一 (理研・CDB) 大隅 典子 (東北大・医)

理 事

 阿形 清和 (京大・理)
 審良 静男 (阪大・IFReC)

 五十嵐和彦 (東北大・医)
 石川 冬木 (京大・生命)

 上田 泰己 (理研・CDB)
 貝淵 弘三 (名大・医)

 影山龍一郎 (京大・ウイルス研)
 五條堀 孝 (遺伝研)

 後藤由季子 (東大・分生研)
 小安 重夫 (慶應大・医)

 塩見 春彦 (慶應大・医)
 白髭 克彦 (東大・分生研)

 杉本亜砂子 (東北大・生命)
 田中 啓二 (都臨床研)

 谷口 維紹 (東大・医)
 月田早智子 (阪大・生命機能)

 永田 恭介 (筑波大・人間総合科学)
 中山 敬一 (九大・生医研)

 鍋島 陽一 (先端医療財団先端医療センター)
 西田 栄介 (京大・生命)

 花岡 文雄 (学習院大・理)
 三浦 正幸 (東大・薬)

 水島 昇 (東医歯大・医歯)
 宮園 浩平 (東大・医)

 柳田 充弘 (沖縄科学技術研究機構)
 山本 雅之 (東北大・医)

米田 悦啓 (阪大・生命機能)

(50 音順)

監 事 勝木 元也(自然科学研究機構)、町田 泰則(名大・理)

幹事

庶務幹事 石野 史敏 (東医歯大・難治研)

 会計幹事
 塩見
 春彦 (慶應大・医)

 編集幹事
 上村
 匡 (京大・生命)

広報幹事 荒木 弘之 (遺伝研)、篠原 彰 (阪大・蛋白研)

集会幹事 柳澤 純(筑波大・TARA センター/第34回年会)(第35回年会組織委員より1名、就任予定)

Genes to Cells 編集長 柳田充弘(沖縄科学技術研究機構)

Genes to Cells 将来計画ワーキンググループ 荒木弘之、林 茂生、平岡 泰、宮園浩平

賞推薦委員会 小安重夫(委員長)、相沢慎一、石川冬木、大隅典子、水島 昇 研究助成選考委員会 西田栄介(委員長)、五條堀孝、月田早智子、三浦正幸、山本雅之 **男女共同参画委員会** 後藤由季子(委員長)、塩見春彦(副委員長)、井関祥子、大杉美穂、

佐藤 健、篠原美紀、竹内 純、原 英二、本間美和子

〈研究倫理委員会下部組織〉

若手教育問題ワーキンググループ 白髭克彦(WG 座長)、上村 匡、後藤由季子、小林武彦、斎藤通紀、

塩見美喜子

学術事業企画委員会(30周年記念出版) 永田恭介(委員長)、伊藤耕一、稲田利文、入江賢児、塩見春彦、

島本 功、菅澤 薫、中尾光善、林 茂生、三浦正幸、渡邊嘉典

「日本分子生物学会 若手研究助成 富澤純一・桂子基金」

基金運営委員会(任期:2010年10月1日~2014年12月31日)

山本正幸(委員長)、岡田清孝(副委員長)、阿形清和、近藤 滋、塩見美喜子、嶋本伸雄、谷口維紹、小原雄治(職指定委員)

日本分子生物学会 賛助会員一覧

(2011年7月1日現在)

アサヒビール株式会社 食の基盤技術研究所

株式会社アドバンテージ・サイエンス

株式会社エー・イー企画

沖縄科学技術研究基盤整備機構 事業推進部

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 創薬研究部

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 第二事業部営業一課

住友化学株式会社 農業化学品研究所

第一三共株式会社 抗体医薬研究所

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 研究本部研究企画部

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

株式会社ボナック

三菱化学株式会社 RD 戦略室

ヤマサ醤油株式会社 R&D 管理室

ライフテクノロジーズジャパン株式会社

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〉

- ■第34回(2011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/mbsj2011/
- ■学会 HP の URL が新しくなりました。 http://www.mbsj.jp/ Bookmark の更新をお願いいたします。
- ■東日本大震災で被災された学生会員の 2011 年度学会会費を免除いたします。 (納入済みの場合は 2012 年度分に充当します) 申請手続きについては、学会 HP をご覧下さい。 申請期限: 2011 年 10 月 11 日火)

※学会事務所は 4 月 28 日に下記住所へ移転しました。 TEL. FAX. E-mail は変わりません。

> 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 2-11-5 人材開発ビル4階 TEL: 03-3556-9600 FAX: 03-3556-9611

E-mail: info@mbsj.jp

日本分子生物学会編 —学会創立 30 周年記念出版—

分子生物学会は2008年に創立30周年を迎えましたが、これを記念し、

- 1. その歴史を留め(分子生物学に魅せられた人々),
- 2. 分子生物学の現在と将来を概観・展望し(21世紀の分子生物学),
- 3. 次なる世代にその魅力を伝える(なぜなぜ生物学)

ことを目的に、以下の3部作の出版を企画いたしました.

(出版社 東京化学同人に直接注文で、会員特別割引)



<会員特典> 日本分子生物学会会員が購入する場合,下記の特価となります.送料は弊社負担,ただし,海外への送品は実費請求となります.会員特典による頒布は東京化学同人への直接申し込みに限ります.書店・大学生協等では扱いません.東京化学同人のホームページ上に申込用紙がございますので,申込用紙をご利用の上,直接東京化学同人へお申込下さい.

分子生物学に魅せられた人々



<mark>発売中</mark> 四六判 縦組 232ページ 定価 1680円 → **特価 1400**円

創立 30 周年を期に、分子生物学が今日に至った道筋を、記憶の奥にしまいこまれてしまう前に記録することは重要と考え、日本の分子生物学の小史を書き留めることにしました。本書は、分子生物学進歩の臨場感を味わっていただけるように、我が国において分子生物学・分子生物学会の創立・発展に貢献した下記 14 名の方々に、現在第一線で活躍中の研究者がインタビューをし、まとめたものです。

富澤純一/岡田吉美/村松正實/志村令郎/吉川 寬/松原謙一/小川智子堀田凱樹/柳田充弘/竹市雅俊/谷口維紹/岡田清孝/田中啓二/長田重一

なぜなぜ生物学



新書判 縦組 202ページ 定価 1470円 → 特価 1250円

中学生・高校生とその家族、あるいは生物を専攻しなかった社会人の方々がふと思う「いのち」にかかわる「なぜ?」について、分子生物学の最先端で活躍している研究者が対話形式でやさしく答えます。「いのち」の不思議を解く面白さを一人でも多くの人に知ってもらい、次の時代の分子生物学を担う若者の参入を期待します。



<目 次> 遺伝子とパソコンソフトはどこが違うの?(五十嵐和彦)/なぜ肥満と痩せになるの?(島野 仁)/なぜ親子は似るの?(正井久雄)/なぜ癌になるの?(花岡文雄)/どうして心臓は左にあるの?(松崎文雄)/雄と雌ってなにが違うの?(諸橋憲一郎)/どうして毎年のようにインフルエンザに罹るの?(永田恭介)/なぜ地球環境にいいことをグリーンというの?(篠崎一雄)/ケガをしてもちゃんとなおるよね!(阿形清和)/クジラはどこから来たの?(岡田典弘)/組換え食品は安全なの?(渡辺雄一郎)/細胞の中って見えるの?(永井健治)/薬はどうやって創るの?(吉田 稔)

21世紀の分子生物学

A5 判 横組 2 色刷 約 250ページ **2011年 10 月刊行予定**

各分野の第一線で活躍する専門家が、最新の論文情報や知見も含めて易しく簡潔に分子生物学を概説. コラムを豊富に挿入し、鍵となった歴史的な発見や実験などにもふれます. 若い読者に"これなら自分にもできる、自分でもやってみたい"と思わせる一冊.

<生命の分子基盤> 細胞の構造と機能(大隅良典)/タンパク質, 酵素(永田和宏)/代謝調節(門脇孝)/ゲノムと遺伝子(小原雄治)/RNAバイオロジー(塩見春彦)

< 生命の維持と継承> 恒常性維持と細胞応答(加藤茂明)/細胞分裂(山本正幸)/癌(山本 雅)/発生・分化(近藤寿人)/再生(山中伸弥)/老化(石川冬木)

<生命のコントロール> 脳と神経(**岡野栄之**)/概日時計(**近藤孝男**)/植物のバイオテクノロジー(**島本 功**)/細菌・ウイルス・感染症(**小安重夫**)/創薬(**辻本豪三**)

〒112-0011 東京都文京区千石3-36-7

Tel 03-3946-5311/Fax 03-3946-5317

東京化学同人

The Molecular Biology Society of Japan NEWS

日本分子生物学会 会報

(年3回刊行)

第99号(2011年7月)

発 行——特定非営利活動法人 日本分子生物学会

代表者——小原 雄治