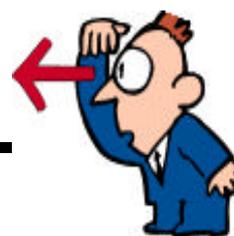




生命化学研究レター



No. 5 (2001年1月)

生命化学研究会の『あす、あさって、しあさって』：
「技術革新」から「概念のイノベーション」へ

生命化学研究会会長
甲南大学理学部
杉本直己

21世紀を迎え、生命化学研究会の将来を展望したい。

本研究会は、来る2月末で設立満3年となり、さらに日本化学会に継続も認可され、創世期から発展期へと、歴史の駒を進めることになる。21世紀最初の研究会イベントであった、第3回シンポジウムも盛会のうちにお開きとなり、次はいよいよ日本化学会第79春季年会での特別企画講演会(3月29日午前中開催予定)である。総合タイトルは『次世代生命化学のニューセントラルドラマ』。講演者、座長、演題は以下のとおり。この講演会は、生命化学研究会として、新しい生命化学の向かうべきところを日本化学会に広く提案しようとする企画である。多くの方々にぜひ参加していただきたい。

1. 馬場嘉信(徳島大薬)(座長:和田健彦(阪大院工))
ヒト・ゲノム その解析計画の向こうに見えるもの
2. 藤井郁雄(蛋工研)(座長:三原久和(東工大院生命理工))
バイオ・コンビナトリアル・ケミストリー 化学と生物学の新しい融合
3. 佐藤智典(慶大理工)(座長:深瀬浩一(阪大院理))
生命情報分子としての糖鎖 グライコームの研究を目指して
4. 竹中繁織(九大院工)(座長:塩谷光彦(東大院理))
次世代型遺伝子診断法 遺伝情報変換分子としての縫い込み型インターカレーター
5. 浜地格(九大院工)(座長:石田斉(科技団井上プロジェクト))
蛋白質の人工機能化 化学による蛋白質の表面加工

生命科学における情報の流れは、DNA RNA タンパク質へと一方向であると、かの

DNA 二重らせんの発見者、F. Crick が提唱してからはや数十年が過ぎようとしている。この考え方は、生命科学における「セントラルドグマ」として名高い。一方で、1990 年から始まったヒトゲノム計画もほぼ峠を越し、ゲノムの全貌が明らかになるのも間近である。しかしながら、核酸を中心とするゲノム科学によって、遺伝子の構造と機能を明らかにするだけでは生命の本質は解明されない。情報の流れていく先のタンパク質（プロテオーム）はもちろんのこと、糖（グリコーム）や脂質などとゲノムの関連が分子化学的に明らかになってこそ、波動方程式で有名な物理学者 E. Schrodinger の問いかけ、「What is life?」の答えにさらに一步近づくことになるのであろう。核酸、タンパク質、糖などの生命分子研究者が、各分野で活躍し、その範疇を越えない時代から、互いに情報を交換し、それらの分子の相互作用を明らかにする時代がいよいよ到来したといえる。そこで、次世代の生命化学における重要な課題を検討し、生命分子とバイオテクノロジーの新たな進展を、上記の 5 人の講演者のお話を基に考察する企画を提案した次第である。

これからの研究会は、さらに天然の生命分子を対象とした新しいバイオテクノロジーの開発や人工生命分子の化学的創製も、その範疇に加えるべきであろう。『あるがままのバイオケミストリー』からテラーメイド型『思うがままの生命化学』への進展が、化学を大きく変革することになるやもしれない。

このようにいうと、自然を改変する新規技術革新のみを説いているように誤解されかねないが、真意は新しい概念の創出を希望しているのである。技術革新とともに、概念のイノベーションを起こさなくてはならない。つまり、「情報の流れは、DNA RNA タンパク質へと一方向である」という生物学的セントラルドグマだけでなく、「DNA から RNA からタンパク質からも情報が発信され新しい分子が生まれる」という化学的なニューセントラルドグマが、本研究会から発信できることを切に望んでいる。

この 3 年間、なんとか会長職を全うできた。ひとえに会員の皆様のお蔭である。特に、卓越した見識と迅速な実行力を備えた名補佐役の方々にはたいへんお世話になった。厚く御礼申し上げます。つくづく思う。人類史家の J. Diamond のいう、「進んだ歴史も遅れた歴史も、人の生物学的な差異によるものではなく、人のおかれた環境の差異によるものである」と。研究会の新しい歴史は多くのアクティブな会員が作り出す素晴らしい環境によって成立すると。

いつまでも「脇は甘く、懐は深い」研究会であることを期待しています。

ヒト・ゲノム

その解析計画の向こうに見えるもの

徳島大学薬学部・科技団 CREST 馬場嘉信

ヒトをはじめとしたゲノム解析の急速な進展は、バイオサイエンス領域に大きな変革をもたらし始めている。ヒトのゲノム情報がほとんどデータベース化された現在、化学はどのように展開していくのか、ゲノム科学を基盤とした生命化学研究の創成など、新しい化学の領域の進展などを探っていくことにする。

ヒト・ゲノム解析計画は、2000年にその約90%が解読されたと発表された。これは、研究の終わりを意味するのだろうか。一般的には(クリントン大統領も)これは終わりではなく、生命を理解するための壮大な研究の始まりであると言われているが、それは本当だろうか。

ヒト・ゲノム解析計画を振り返ると、その前夜(1988年頃)には、『なぜ全ゲノムの塩基配列を決めるのか?』という議論がなされていた。下記にその頃書かれた文書を掲載する。(National Research Council, *Mapping and Sequencing the Human Genome*, National Academy Press, 1988)

技術の急速な進歩によって、少なくとも細菌や酵母などの微生物については、全ゲノムの塩基配列を決める見通しがついてきた。しかし、ヒトの全ゲノムのDNA塩基配列を決めることの価値については、研究者の間でいまだに見解が一致していない。全ゲノムの塩基配列決定を支持する論拠はいくつかある。

ゲノム上の情報には、生命を営むうえで基本的な事柄が記述されている。細胞は自分自身のコピーを構築するのにそれを利用する。その解明こそが、生物学の本質的な命題である。

ゲノムの塩基配列から、将来における生物学の中心となる研究を構築するためのよりどころとなるような、基本概念の枠組みがもたらされる。遺伝子の発現に関する疑問(遺伝子発現の調節シグナル、ゲノムの複製、発生・分化機構など)は、つまるところゲノムの塩基配列情報に依存している。

ヒトを含む高等生物のゲノムには、反復配列が存在し、全DNA含量のほぼ90%を占めている。その機能は不明だが、何の機能ももっていないと思われるものもある。いくつかの生物種について完全なDNA塩基配列が決定されなければ、これらの配列に意味があるのか、これらの配列が祖先のなごりとして残ったかガラクタなのかを確定できない。

ゲノム配列は、進化系統学に関連した問題を解く上で重要である。地球上の生命の歴史の再構成、遺伝子ファミリーの定義、全生物に共通した祖先の探索、これら

すべてにゲノム構造の理解が必要である。

ゲノムは自然の情報貯蔵庫であり、自然情報の処理システムである。これが解明されることを、コンピュータ科学者や物理学者は注目している。

10 年以上前に考えられたヒト・ゲノム解析の根拠については、ヒト・ゲノム解析がほぼ終了した現在でも、以前として疑問のまま残されている。

例えば、ヒト・ゲノムのサイズは、 3×10^9 bp 細菌のゲノムサイズは $10^6 \sim 10^7$ bp、菌類のゲノムサイズは $10^7 \sim 10^8$ bp であるが、植物のゲノムサイズは $10^8 \sim 10^{11}$ bp、昆虫のゲノムサイズは $10^8 \sim 10^{10}$ bp、軟体動物のゲノムサイズは $10^8 \sim 10^{10}$ bp、軟骨魚類のゲノムサイズは $10^9 \sim 10^{10}$ bp、硬骨魚類のゲノムサイズは $10^8 \sim 10^{10}$ bp、両生類のゲノムサイズは $10^9 \sim 10^{11}$ bp、爬虫類のゲノムサイズは 10^9 bp 程度、鳥類のゲノムサイズは $10^8 \sim 10^9$ bp、ほ乳類のゲノムサイズは 10^9 bp 程度である（詳しくは、Molecular Biology of the Cell 第3版日本語版 p. 340, Fig. 8-6 参照）。つまり、生物の外見上の複雑さと DNA 含量のあいだには、多くの矛盾がある。トウモロコシのゲノムサイズはヒトの5倍であり、ユリやサンショウウオのゲノムサイズはヒトの30倍である。これを、遺伝学上、C 値のパラドクス（C 値はゲノムサイズ）というのだそうであるが、もちろんこのパラドクスに対する答えはまだ得られていない。

また、ヒト・ゲノム解析と言っても、今我々がデータベース化できたのは、たかだか 3 Gbp (bp= base pair, 塩基対) に過ぎない。将来のゲノム医療やゲノム創薬で、個人個人の多型情報（あるいは全ゲノム情報）が必要だとすれば、1000 人分のゲノムの情報となると 3 Tbp、100 万人分であれば 3 Pbp、10 億人分であれば 3 Ebp というように、地球規模で考えると（現在の全人口を 60 億人とすると）ヒトの DNA 情報は、18 Ebp というように、天文学的数字になる。ここで、G はギガ (10^9)、T はテラ (10^{12})、P はペタ (10^{15})、E はエクサ (10^{18}) である。さらに、地球上に生きる生物は、全て DNA をもっているので、地球上の DNA 資源の情報は、Ebp どころではなく、Zbp, Ybp をも越えるまさに天文学的な数字となる。ここで、Z はゼタ (10^{21})、Y はヨタ (10^{24}) である。このような膨大な情報は、もちろんまだ得られていない。

ゲノムシーケンシング時代においては、ヒト・ゲノムの約 32 億塩基の配列が解明されると同時に、他の生物種のゲノム情報も合わせてデータベース化され、それに基づき遺伝子とそれらのネットワークにより、生命現象の総合的理解を試みるゲノム科学が誕生してきた。しかし、これは、上記のように本当に第一歩を踏み出したに過ぎない。

さらに、ポストゲノムシーケンシング時代には、ゲノム科学を基盤として、個人個人のゲノムの違いを調べるゲノム多型解析、ゲノムから遺伝子を同定し機能を調べるゲノム機能解析、遺伝産物であるタンパク質の発現プロファイル・翻訳後修飾・相互作用などを調べるプロテオーム解析などが主要な課題となる。さらに、mRNA の発現情報を得るトランスクリプトーム解析、生体内の代謝物およびその中間体を対象としたメタ

ボローム解析、生体で働いている糖鎖を対象としたグライコーム解析、e-Cell に代表されるシステムバイオロジーの研究も不可欠である。

このようなポスト・ゲノムシーケンシング時代が到来した 21 世紀に生命化学研究は何を目指すのか。杉本会長の言葉を借りると『ゲノム解析の進展のなかで、生命を真似るのではなく、核酸なりタンパク質なりを改変して、自分たちの欲しいものを思うがままに作る“テラーメード・バイオケミストリー”を実現するとともに、核酸、タンパク質、糖、細胞などの生命分子研究者が、各分野で活躍し、その範疇を越えない時代から、互いに情報を交換し、それらの分子の相互作用を明らかにし、生命化学の『ニューセントラルドクマ』を構築する時代を創り出していくこと[1]』を目標にすることが重要であろう。

今後は、膨大なゲノム情報およびその多型情報・発現情報・相互作用情報・ネットワークなどを解析し、ゲノム科学を基盤として、化学による生体機能の創製と生命活動の再構築を目指した、新しい生命化学研究が開花するものと期待される。ゲノム科学は、生命のプログラムを司るゲノムの全構造を明らかにし、遺伝子とそれらのネットワークにより、全ての生物の原理的理解を目指すものである。ここには、個体、種としての生命の理解のみならずその進化の理解をも含んでいる。従って、生命現象から遺伝子へと解析的・還元的な方法から、遺伝子から生体機能へと合成的・演繹的な方法へとバイオサイエンスのパラダイムの転換が期待されるものである。本来、生命現象は、多種多様な化学反応の積み重ねであり、これまで、生命に関連した化学研究は、どちらかという還元的な方向で研究が進められてきた。しかし、ゲノム科学の誕生により、ゲノム情報に基づいて、生命現象を演繹的に再構築することも夢ではなくなってきた。さらに、人工 DNA、人工タンパク質に代表されるような化学による生体機能の創製をも可能とするものである。

生命化学研究会は、21 世紀に、化学において若い人を引きつける新たなコンセプトを生命化学を軸に提案したいと考えている。

21 世紀に始まる第二期科学技術基本計画案（2000 年 12 月 21 日現在）には、『ノーベル賞受賞者を今後 50 年で 30 人程度』と明記されている。アメリカはこの 100 年間で 198 人、イギリスが 65 人、ドイツが 61 人である。この 30 人の中にたくさんの生命化学研究会会員が名を連ねることを夢見て（21 世紀の初夢）。

参考文献

- 1) 馬場嘉信、三原久和、浜地格、杉本直己、化学, 56(2), 12 (2001).
- 2) 馬場嘉信、ファルマシア, 37, 46 (2001).
- 3) 馬場嘉信、化学, 55(4), 22 (2000).

バイオ・コンビナトリアル・ケミストリー： 化学と生物学の新しい融合

(生物分子工学研究所) 藤井郁雄

Bio-combinatorial Chemistry:

At the Crossroads of Chemistry and Biology

20 種のアミノ酸を合成素子として用い新しい機能を持つ人工酵素を自由自在に設計し創出することは、生命化学研究の最終目標の一つである。近年の遺伝子工学技術の進展はタンパク質の大量発現や部位特異的変異操作による修飾酵素の作製を可能にしてきたが、今日までの研究が示すように、水素結合などのネットワークを考慮して機能発現に必要なアミノ酸残基を適切な部位に正確にならべることが未だ容易ではなく、完全 *de novo* の機能設計には膨大な基礎データの蓄積と長い年月が必要である。

一方、自然界は何億年という長い年月をかけて、突然変異と選別を繰り返し、酵素のような高度な機能分子を獲得してきている。このような自然界における進化の過程（多様性の発生と選別）を試験管の中（*in vitro*）で再現することにより、効率よく生体機能分子を設計・合成することはできないものであろうか？そして、このような研究をバイオ・コンビナトリアル・ケミストリーと名付けた。

ここでとりあげる進化とは、生物学でいう進化ではない。生物学でいう進化（ダーウィン進化のことだが）は、多様性の発生と選別が生細胞の中で繰り返され、生物学の枠組みの中で起こる。生物学の枠組みというのがミソで、すなわち、個体の生き残りをかけて進化が起こっているわけで、触媒活性が良くなった酵素が選択されるとは限りらない。バイオ・コンビナトリアル・ケミストリーとは、このような生物学の束縛から逃れて、多様性の発生

と選別を行い，生体機能分子を創出する試みである．

バイオ・コンビナトリアル・ケミストリーは，3つの研究から成り立っている．第1は多様性の発生で，どのようにしてライブラリーを構築するかということである．2番目は，多様性の phenotype と genotype を関連づけるために，ライブラリーをどのように提示するかということである．3番目に，望んでいる機能を作るために，どのようなそのライブラリーの選別法を使うかということ．抗体の場合はどうかというと，免疫システムでは，抗体遺伝子の再編成と体細胞変異によって抗体ライブラリーが作製される．この多様性 B 細胞に提示され，抗原の免疫刺激によって選別されます．このような過程は，ファージ抗体の技術を使うことによって試験管の中で再現することができる．

このようなアプローチは，従来の育種工学のような自然界のランダムなライブラリーを用いるアプローチとは大きく異なる．バイオ・コンビナトリアル・ケミストリーでは，過去十数年間に蓄積してきた構造生物学や計算化学の知識を基にして，ラショナルなライブラリーを構築し効率的に選別を行うことが重要になる．ここで用いるライブラリーとは，ある一定の性質（構造や機能）を持つ分子の集合体を意味する．この方法で，分子進化の方向性を制御することにより，テラーメイドの生体機能分子を短期間に取得することが可能になるであろう．また，この方法では，選択圧（スクリーニング法）を自由自在に変化させることができるので，進化の過程の各段階にある機能分子を追跡することが可能になる．これを詳細に調べることにより，酵素などの生体分子がどのようにして高度な機能を獲得してきたかを検証することが可能になり，アミノ酸配列や構造モチーフについての新しい知見が期待される．

グリコームの研究を目指して (慶應大理工) 佐藤 智典

2000年4月に慶應義塾大学に移動したとき、学内で何度か講演をする機会があり、今後の抱負を語る時につい口を滑らせてしまった。

「ゲノム プロテオームの先にはグリコームがある。これからの慶應大学での10年間でグリコームという概念を具体化する研究を確立したい。と・・・」

しかも、ホームページ (<http://www.applc.keio.ac.jp/~sato/index-jp.html>) でもその考えを流してしまった。しかし、なぜ私が「グリコーム」と言うことを口にするのか、その理由付けは必要である。提案する方法論はまだ未熟であるが、2001年3月の日本化学会の特別企画で話すつもりでいる。隠しているわけではないが、これまでに行っている研究のちょっとした発想の転換である。

1958年にCrickはDNA mRNA タンパク質の流れを遺伝情報の中心であると表現した。その当時、糖鎖は生命情報分子として認知されていなかった事になる。しかし、生命情報の伝搬はタンパク質合成で終わるのではなく、その先に発現されている糖鎖情報により多くの生体反応は制御されている。糖鎖が関与する生体反応は、受精、着床、細胞の分化、増殖、組織形成、免疫、血液型、あるいは毒素やウイルスの受容体など非常に多岐にわたる事が知られている。そのような糖鎖は単糖、オリゴ糖、多糖、糖脂質、糖タンパク質、あるいはプロテオグリカンなど様々な形態で存在している。糖鎖は核酸やペプチドと比較して構造や機能の多様性は非常に高い。糖鎖の多様性は、門外漢や初心者にとっては難解である。しかし、計算上多様性があると言っても実際には、全ての糖や結合様式が使われているわけではなく、一定の規則に従って糖鎖構造が作られている。このような規則性を知ることが出来れば、糖鎖の構造はより簡単に理解できるようになるであろう。

ゲノム解析が完結すれば、あらゆる細胞の持つ潜在的な糖鎖合成能力が明らかになるであろう。しかし、全ての遺伝子が特定の細胞上で機能していることはない。そこで、実際に発現している糖鎖構造を解析する必要もある。糖鎖構造の変化は時間的に更に空間的に常に変動している可能性もある。それを追跡できるシステムができれば、ある細胞が特定の糖鎖合成経路を採用し、必要な糖鎖のセットのみを生合成できるようにプログラムされている事の意味が解けてくるかもしれない。「糖鎖言語を解読」するために、一つ一つの糖鎖の構造と機能を地道に解析してきた時代から、ゲノム情報の存在は大きな武器となるであろう。

次世代型遺伝子診断法 - 遺伝情報変換分子としての縫い込み型インターカラーター (九大工院) 竹中繁織

生命が分子レベルで考えられるようになってきた今日において「セントラルドグマ」を再度分子レベルで説明できる日が近づいてきている。生命化学者が「ニューセントラルドグマ」を構築する時代となったのである。先の馬場・藤井・佐藤各先生の遺伝子(ゲノム化学) たんぱく質(プロテオーム) 糖(グライコ-ム)に至る「ニューセントラルドグマ」のお話の一方、これらを支援するバイオ技術の革新がそれを支えることも忘れてはならない。DNA シークエンサー、DNA 合成装置、PCR などはその顕著な例である。ヒューマンゲノムプロジェクトのラフ ドラフトが発表されるに及んで、今後膨大な遺伝情報を短時間で同時に解析する技術(high-throughput 解析技術) さらにはこれらの膨大なデータを整理・解析する情報技術(バイオインフォマティクス)が重要となってきている。これを実現する技術の1つとしてDNA チップやDNA マイクロアレイが注目されている。

DNA チップまたはDNA マイクロアレイは、基板上に特定のDNA プローブを特定の場所に固定化したものである。これにラベル(検出するためのマーカー)をつけた遺伝子サンプルまたは mRNA サンプルのハイブリダーゼーションによって、存在する遺伝子の種類・量を同時に解析できるのである。DNA チップは、基板上でホトリソグラフィーを利用してDNA 合成を行い、DNA プローブを高密度に配置したものである(>3千個/1cm²)。一方、細いペン(ピン)にDNA 溶液をつけてポリリジンコート グラスに高密度にスポットしたものがDNA マイクロアレイである。いずれの場合もケイ光スキャナーによる画像化によって high-throughput 解析が達成されるのである。DNA マイクロアレイの例を図に示した。この技術は現在、迅速・簡便・感度・定量性などまだ満足のいくものでないが、その可能性は計り知れない。

著者らは、これらの要求を満たす次世代型 DNA マイクロアレイとしてインターカラーターと電気化学的手法を組み合わせた新しい ECA チップの開発を行っている。特に、著者らは大学での基礎研究を実用化レベルまで持っていくといった企業化まで踏み込んだ研究を行なおうと考えている。現在、TUM 研究所との共同で実用化へ向けて開発研究を行っている。

ここでは、その基礎となるインターカラーターと電気化学的手法を組み合わせた DNA センシング法について説明する。DNA プローブを電極に固定化し、DNA サンプルとハイブリダイゼーションする。目的遺伝子があると 2 本鎖が電極上に形成されるので、これに特異的に結合する電気化学的リガンドによって 2 本鎖形成情報を電気化学的情報に変換するのである。ここで特に重要となるのはリガンドによる 1 本鎖(未反応 DNA プローブ)と 2 本鎖(目的遺伝子とのハイブリッド)との識別である。著者らは、縫い込み型インターカラーターを利用した 2 本鎖識別能の高いリガンドを設計・合成した。この識別は、縫い込み型インターカラーターと 2 本鎖 DNA との複合体が特に安定化されることに基づいている。このような単純なシステムにより、特定遺伝子または mRNA の非ラベルによる迅速・高感度検出が可能となった。

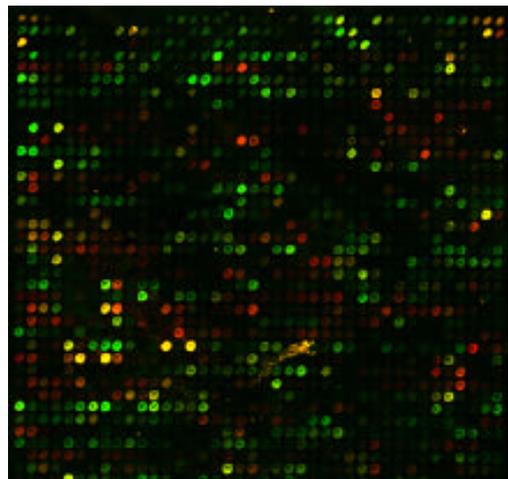


図 . DNA マイクロアレイの例 . Stanford 型 DNA マイクロアレイで酵母の mRNA の発現を Cy3 と Cy5 色素とのケイ光による相対強度で調

蛋白質の人工機能化：化学による蛋白質の表面加工

九州大学大学院工学研究院応用化学部門・助教授 浜地 格

E-mail: itarutcm@mbox.nc.kyushu-u.ac.jp

化学者にとって生体分子が示す美しく高度に均整のとれた分子構造や驚異的な反応特性は常に魅力的で不思議なものに映る。我々は、それらの特性を分子として理解し、出来ればコントロールしたいと考えている。しかしながらタンパク質を例にとって考えると、分子量が（小さくても）1万を越えるヘテロな構造を持つ高分子は、現在の高度に進んだ有機合成化学を持ってしても、まだまだ複雑で扱い難いと感じられることが多い。そのような高分子を分子・原子レベルで精密に扱うことの出来る分子科学が今のところ未成熟だからである。従っていくつもの制限があることを承知の上で生物の論理である遺伝子操作にほぼ独占的に頼らざるを得ない。しかし“へそ曲がりな”我々のグループはそれ以外の方法もあるはずだと考えて研究を進めている。

2001年3月末の日本化学会春年会企画講演では、核酸・糖と並んで生体高分子の代表格の一つであるタンパク質（酵素）に対する有機化学的な展望を我々の研究を例に取りながらお話しさせていただきたい。今回は特に**<非天然分子のタンパク質表面への組み込み>**に焦点を絞ったごく最近のアプローチを三つほど紹介する予定である。このような有機化学的なアプローチは、タンパク質という生体高分子の本質にユニークな側面から光を当てることになると考えられる。またこのような企てから得られる**<生体高分子を自在に操る化学的マニピュレーションの方法論や分子群>**は、分子科学としての興味だけでなく、医薬学的分野からバイオ材料分野までの幅広い応用展開をもたらすことになるであろう。

新世紀の始まりとともにポストゲノム配列の時代がやってきた。遺伝子を扱っている研究者だけでなく全く関係ないと思っている科学者全てにまで、その流れは影響を及ぼすことになるであろう。その時代にはタンパク質に関する情報は、爆発的に増大することになり、「タンパク質をどうとらえ、どう扱うか」は、ポストゲノム時代の科学技術の中心課題の一つとなることは間違いない。現在人工ホストや分子集合体に対して自在に施されている高精度のデザインや分子操作が、将来タンパク質などの生体高分子でも可能となって、化学者がこれらと自在に戯れる日がくることを夢見て、小生は日夜学生諸氏と戯れている。



お知らせコーナー

会員異動

井上 将彦 富山医科薬科大学 教授（平成12年12月1日付、大阪府立大より）

e-mail: inouye@ms.toyama-mpu.ac.jp

関連シンポジウム

高分子九州支部：有機材料研究会セミナー

<テラーメイド生命化学：バイオ材料設計の新コンセプト>

新世紀を迎えて、生体分子を機能材料として用いる新しい化学の発展に期待が寄せられています。本セミナーでは、それぞれユニークな観点から、タンパク質・酵素・核酸・細胞などの生体高分子を研究対象としておられる新進気鋭の若手研究者の方々に、ご参集いただき、「テラーメイド生命化学」について議論いたします。多数のご来場を歓迎いたします。

主催：高分子学会九州支部、

共催：生命化学研究会

日時：2001年3月3日（土曜日）13：00 - 18：00

会場：九州大学国際ホール（〒812-8581福岡市東区箱崎6-10-1）

講演者

坂本 寛（久留米大学医学部）：ヘムは如何にして壊れるのかーヘムオキシゲナーゼの構造とヘム分解機構

竹中繁織（九州大学工学研究院）：遺伝子情報変換分子としてのインターカレーター

新留琢郎（長崎大学工学部）：ペプチドを使った細胞内への遺伝子デリバリー

芳坂貴弘（岡山大学工学部）：遺伝子暗号を拡張した人工タンパク質合成システムー化学と遺伝子工学の融合を目指して

藤井政幸（近畿大学九州工学部）：ペプチドと核酸の機能の融合ー次世代遺伝子医薬の創製を目指して

松下 琢（崇城大学工学部）：ガン細胞の細胞死（アポトーシス）を引き起こす新しい脂質膜リポソーム

長瀬 剛・浜地 格（九州大学工学研究院）：光親和性ラベル化後修飾によるレクチンのタンパク質工学

参加費無料

参加申し込み方法：電子メールで浜地までお申し込み下さい（締め切り2月14日）

申込先 九州大学大学院工学研究院応用化学部門 浜地 格

Tel:81-92-642-3584, Fax:81-92-642-3611
E-mail: itarutcm@mbox.nc.kyushu-u.ac.jp

生命化学研究会 会員各位

来る3月28日より甲南大学で開かれます第79日本化学会春季年会に、下記の特別企画を予定しております。新世紀の生命化学研究に応用可能なさまざまなヒントを得ていただけるものと期待しております。初日の午前中ということで、参加されにくい方もおられるかと存じますが、万障繰り合わせの上、ぜひ多数ご来場いただきますよう、お願い申し上げます。

石田 斉

第79日本化学会春季年会特別企画「光活性種としての配位化合物の新世紀 - 基礎と応用の連携 - 」へのお誘い

甲南大学で来春開催されます春季年会において、上記特別企画を行います。皆様のご参加をお待ちしております。

(1) 開催日時 3月28日午前(9時~12時)

(2) 企画趣意書

配位化合物は可視部に強い吸収をもつことが多く、また中心金属と配位子の組み合わせにより、その吸収域を自由に变化させることが可能である。この優れた性質のため、太陽エネルギー変換システムや三重項EL素子など様々な光機能性材料において中心的な役割を演ずることが期待されている。この重要な分野を発展させるためには、配位化合物の光励起状態やその反応によって生じる活性種の性質と挙動を解明する基礎的研究と応用研究が緊密な連携を保ちながら進んでいくことが必須である。本企画では、このような連携の実例を示すとともに、光活性種としての配位化合物の新しい可能性を探る事を目的とする。錯体化学、光化学、物理化学、材料化学等の多様な専門分野をバックグラウンドに持つ研究者が一堂に会し、光活性種としての配位化合物の新展開について議論する場にしたい。

(3) 企画内容

座長：山内 清語(9:00~9:50)

今堀 博(阪大 院工)

フェロセン - ポルフィリン - フラーレン連結系光電子移動の新展開

小堀 康博(東北大 反応研)

時間分解EPR法によるジポルフィリン - フラーレン連結系の光電荷分離状態の解析

座長：喜多村 昇(9:50~10:40)

民秋 均(立命館大 理工)

自己集積型クロロフィル系色素の会合体による光励起エネルギー移動

野崎 浩一(阪大 院理)

テラヘルツ時代の光活性配位化合物

座長：朴 鐘震(10:40~11:10)

井上 晴夫（東京都立大 院工）

金属ポルフィリンによる水を電子源、酸素源とする光増感酸素化反応

総合討論及び総括（11：10～12：00）

パネリスト：瀬川 浩司（東大院総合）・石田 斉（科技団 井上プロ）・浅野 素子（東工大 院理工）・長谷川 靖哉（阪大院工）・石谷 治（埼玉大院理工）

問い合わせ先

石谷 治

埼玉大学 大学院理工学研究科 環境制御工学専攻

〒338-8570 埼玉県浦和市下大久保255

電話: 048-858-3733

Fax: 048-858-3818

E-mail: ishitani@apc.saitama-u.ac.jp

以下のような企画を日本化学会春季年会で行います。特定分野の近未来をざっくりばらんに議論しようと言う趣旨です。会場からの積極的なご意見も歓迎する予定ですので、若手の方々（学生さんも含めて）、色々な意見をぶつけてください。この研究会のメンバーの先生方にもショートトークをお願いしていますので興味のある方は是非ご参加下さい。

浜地@九大院工

日本化学会春季年会 3日目午後4時から

先端ウォッチング「分子認識化学：人工ホストからバイオまで」

認識がもたらす歴史的ブレイクスルー：新海征治（九大院工）

分子認識の精密解析のための新手法

- ・「化学シフトから構造を探る」深澤義正（広大院理）
- ・「分子認識を重さで測る」岡畑 恵雄（東工大院生命理工）

分子デバイスの構築に向けて

- ・「分子コンピュータは化学者でつくりませんか？」藤田誠（名大院工）
- ・「分子でどのようなマシンが創れるか？」原田明（阪大院理）
- ・「人間に似た行動パターンをとる分子（分子アイボ）は設計できるか？」相田卓三（東大院工）

分子マニピュレーションへの挑戦

- ・「保護基のいらぬ有機合成を目指して」井上 将彦（富山医薬大薬）
- ・「高機能な分離材料をどのように設計し、また作るか？」小宮山 真（東大先端研）
- ・「水へ」青山安宏（九大有機基礎セ）

生命現象の制御を目指した分子認識化学

- ・「分子認識で細胞内有機化学に挑むには」浜地 格（九大院工）

- ・「特定遺伝子の発現をコントロールする分子を設計できるか」杉山 弘（東京医歯大生材研）
- ・「生命分子間認識を解明するには、ラショナル法で行くべきかランダム法でいくべきか？それが問題だ」杉本直己（甲南大理）

第 12 回 Combinatorial Chemistry 研究会

- 主 催 Combinatorial Chemistry 研究会
 日 時 2001年4月23日(月), 24日(火)
 共 催 日本化学会近畿支部他
 会 場 大阪千里ライフサイエンスセンター(豊中市新千里東町1-4-2)
 電話 06-6873-2010)
 交 通 北大阪急行(地下鉄御堂筋線) 終点「千里中央」駅下車北出口徒歩1分
 (所要時間:梅田から20分、新大阪から15分) または大阪モノレール
 「千里中央」駅下車徒歩5分(所要時間:伊丹空港より10分)
 事前参加申込 1月8日(月)より3月31日(土) 定員170名
 3月31日までの申込み分を事前登録とし,これを過ぎてのお申し込みは「当日扱い」としますのでご注意ください。

主な講演(予定・順不同)

1. Siegfried Blechert (Technische Univ. Berlin)
2. Mark Bradley (Univ. of Southampton)
3. Robert Kennedy (Pfizer Inc.)
4. Kim D. Janda (Scripps Research Institute)
5. 植田充美(京大院工)
6. 萩原正敏(東医歯大)
7. 藤井郁雄(生工研)
8. 杉本直己(甲南大理)
9. 牧野眞吾(味の素)
10. 水口博義(MRC)

一般講演募集

一般講演を募集いたします。口頭発表とし、日本語または英語で討論を含めて20-25分を予定しています。演題(日英併記)、講演者名(日英併記)、連絡先(住所、所属、電話、ファクス、電信メール)、使用機材(OHP、スライド、液晶プロジェクタ)を明記の上 Combinatorial Chemistry 研究会 (FAX:06-6850-5419 または E-mail: jccf@soc2.riken.go.jp) にお申し込み下さい。

【発表申込期間】 1月8日(月)より2月19日(月)まで

【要旨締切】 3月22日(金)

参加費

事前登録料金 1月8日(月)より3月31日(土)まで

JCCF 正会員 企業 15,000 円, 大学・官公庁等 3,000 円, 学生 無料

共催団体会員 企業 20,000 円, 大学・官公庁等 5,000 円, 学生 1,000 円

非 会 員 30,000 円

賛 助 会 員 3名まで無料(下記賛助会員の申込方法をご参照ください)

当日受付料金 4月1日(日)以降のお申し込みは全て当日受付扱い料金となります

JCCF 正会員 企業 20,000 円, 大学・官公庁等 5,000 円, 学生 1,000 円

共催団体会員 企業 25,000 円, 大学・官公庁等 7,000 円, 学生 2,000 円

非 会 員 40,000 円

賛 助 会 員 3名まで無料(下記賛助会員の申込方法をご参照ください)

学生の方は要旨集代, ミキサー参加費が別料金となっております。御希望に応じて要旨集代 1000 円, ミキサー参加費 2000 円を別途申し受けます。

参加申込方法 1月8日(月)より受付開始

J C C F 正会員, 共催団体会員, 非会員

電子メール(jccf@soc2.riken.go.jp), WEB 申込ページ

(<http://www.orgsyn.riken.go.jp/CombiChem/announce/2001/0423.reg.html>) または Fax(06-6873-2300)にて次の事項を記入したものを一人1通ずつ作成してお送りください。

1. 第12回 Combinatorial Chemistry 研究会と明記
2. 参加者氏名(ふりがな)
3. 資格(所属学協会名および企業, 大学・官公庁, 学生の別)
4. 所属
5. 連絡先(住所, 電話番号, Fax 番号, E-mail アドレス)
6. 振込金額および振込日時
7. 請求書・領収書の要・不要

請求書・領収書が必要な場合「宛名」も

賛助会員

以下連絡先におたずねいただくか

<http://www.orgsyn.riken.go.jp/CombiChem/announce/2001/0423.html>

をご覧ください。

連 絡 先

〒560-0082 豊中市新千里東町1-4-2 千里 LC ビル 14F 学会センター関西内

Combinatorial Chemistry 研究会

FAX: 06-6873-2300 Email: jccf@soc2.riken.go.jp

<http://www.orgsyn.riken.go.jp/CombiChemJ.html>

新ミレニアムを目指した超分子化学の夢

Dreaming Supramolecular Chemistry for New Millennium

(第26回大環状化学国際学会サテライトシンポジウム)

日時 平成13年7月13日(金)9:00 a.m.~7月14日(土)12:00 p.m.

会場 広島大学医学部広仁会館(広島市南区霞1丁目2番3号)

主催 広島大学医学部総合薬学科組織委員会(委員長 木村榮一)

共催 日本化学会中国四国支部、日本化学会生体機能関連化学部会、日本薬学会中国四国支

部

討議主題 遊び心のある超分子化学とコンビナトリアル化学

招待講演 J-P. Sauvage, F. Stoddart, J. Sessler, J-M. Lehn (予定), K. Kim, J. Chin、
原田 明、中村榮一、梅澤 喜夫他

一般講演 ポスター発表を募集します。独創的で夢のある内容等。(できるだけ新しい成果、
未発表成果など)

締め切り 平成13年5月10日(木)(演題提出希望者は、仮題を至急 e-mail でご提出下
さい)

参加費 1万円(懇親会費を含む)(支払い方法は下記にお問い合わせのこと)

懇親会 7月13日(金)(瀬戸内海クルーザー“銀河”上で宮島などライトアップ夜景を楽
しむ)

宿泊先 できるだけ全員「ホテルサンルート広島」(特別割引)にご宿泊いただきます。詳
細は下記にお問い合わせください。

連絡先

〒734-8551 広島市南区霞1丁目2番3号 広島大学医学部総合薬学科

木村 榮一 Tel: 082-257-5320 Fax: 082-257-5324

e-mail: ekimura@pharm.hiroshima-u.ac.jp

<http://www.jst.ktarn.or.jp/hiroshima.html>

第1回不斉光化学国際会議

International Symposium on Asymmetric Photochemistry 2001 (ISAP)

主催 科学技術振興事業団 協賛 日本化学会生命化学研究会ほか

会期 平成13年9月4日(火)～6日(木)

会場 千里ライフサイエンスセンター 大阪府豊中市新千里東町 1-4-2 [交通] 北大阪
急行(地下鉄御堂筋線)「千里中央駅」下車 徒歩

過去半世紀近くにわたる研究成果の蓄積と特に近年の精力的な研究により、光化学反応の理解は飛躍的に進み、化学全体の中で確固たる地位を確立して、さまざまな分野で活用されるようになってきました。しかしながら、光による分子キラリティーの誘起を目指す「不斉光化学」は、19世紀末に le Bel や van't Hoff が円偏光による絶対不斉合成の可能性を示唆してからすでに100年をすぎているにもかかわらず、長らくの間光化学研究の中でも必ずしも中心的な課題とはならず、ようやく最近になって基礎と応用の両面で興味深い結果が出始め、関心を集める魅力的な研究テーマとなりつつあります。

このような状況を背景に、この度、この分野で先駆的な研究成果を挙げている気鋭の研究者を組織委員に迎え、2001年9月4-6日に大阪で、はじめての「不斉光化学国際会議」を開催する運びとなりました。この会議は、科学技術振興事業団が主催し、参加登録費は無料となっておりますので、現在この分野の研究をされている方はもとより、そうでない方も多少とも関心がおありでしたら、是非ともご参加(口頭・ポスター発表、また参加のみも歓迎)いただきますようお願い申し上げます。ご参加・ご発表頂ける方は、2月28日までに

ご連絡下さい。詳細をご連絡申し上げます。

仮登録・発表仮申込：2月28日(水)(以後も受け付けます)

発表申込・要旨締切：6月30日(土)必着

参加登録締切：6月30日(土)必着

参加登録費：無料(但し、懇親会費は別途申し受けます)

申込先 〒560-0085 大阪府豊中市上新田 4-6-3 科学技術振興事業団 井上光不斉反応
プロジェクト 井上 佳久 TEL: 06-6836-1635 FAX: 06-6836-1636 E-mail:
isap@chem.eng.osaka-u.ac.jp

なお、詳細はホームページ(<http://www.chem.eng.osaka-u.ac.jp/isap/>)にて掲載します。