

2022年度大学共同利用機関法人情報・システム研究機構
国立遺伝学研究所 共同研究・研究会「NIG-JOINT」募集要項

1. 募集内容

(1) 共同研究

「共同研究」とは、本研究所の教員と他機関の研究者が特定の研究課題について本研究所の施設・設備を利用して共同で行う研究で、次の3種類に分けて募集を行います。支給する旅費については、原則として所外の共同研究者が本研究所を訪問するためのものとなります。

研究期間は、2022年4月1日から2023年3月31日までとします。

なお、同一研究課題での継続申請については、3年までとします。

① 共同研究（A）

- ・対象は国内及び国外の研究機関等に所属する研究者とし、本研究所に来所して共同研究を実施するための旅費を支給します。
- ・1件あたりの申請額は150千円を上限とします。

② 共同研究（B）

- ・対象は国内及び国外の研究機関等に所属する研究者とし、本研究所に来所して共同研究を実施するための旅費及び研究費（原則として所内で使用する消耗品費等）を支給します。
- ・共同研究者全体の延べ来所日数の合計が7日以上となるように計画・実施される必要があります。
- ・1件あたりの申請額は、旅費と研究費の合計で700千円を上限とします。
- ・採択件数は共同研究（A）に比して限られます。
- ・共同研究（B）として採択されなかった場合、共同研究（A）として再度審査を行うことができます。これを利用したい場合は、申請情報登録画面の（A）再審査希望欄にチェックを入れるとともに、（A）の場合の所要経費も入力してください。ただし、その場合、旅費申請額は150千円を上限とします。

③ 国際共同研究

- ・対象は国外の研究機関等に所属する研究者とし、本研究所に来所して共同研究を実施するための旅費を支給します。
- ・1件あたりの申請額は共同研究（A）の上限（150千円）を超える申請額で350千円を上限とします。
- ・採択件数は5件程度を予定しています。
- ・国際共同研究として採択されなかった場合、共同研究（A）として再度審査を行うことができます。これを利用したい場合は、申請情報登録画面の（A）再審査希望欄にチェックを入れるとともに、（A）の場合の所要経費も入力してください。ただし、その場合、申請額は150千円を上限とします。

(2) 研究会

「研究会」とは、所内及び所外の比較的少人数の研究者で実施する研究集会です。研究会は本研究所での開催を条件としますので、支給する旅費については、所外の研究者が本研究所を訪問するためのものとなります。（所外での開催は不可。）ただし、必要に応じてオンライン会議システムによる開催（ハイブリッド形式を含む）も可とします。

開催は、2022年4月1日から2023年3月31日までの期間内とします。

- ・対象は国内、国外の研究機関等に所属する研究者及び所内研究者とし、研究会に参加するための旅費を支給します。
- ・オンライン会議システムによる開催の場合は、オンライン会議ツールの必要最小単位の契約料を支給します。
- ・1件あたりの申請額は、350千円を上限とします。

2. 申請者

原則として国内の大学、大学共同利用機関法人、独立行政法人の研究機関等に所属する研究者、又は国外の研究機関等に所属する研究者とします。なお、大学院生は研究代表(申請)者にはなれませんが、共同研究者に含めることができます。

3. 申請方法

「共同利用・共同研究高度化支援システム JROIS」（以下、JROIS という）からの電子申請となります。

JROIS : <https://jrois.rois.ac.jp/rois-dev/Rois/public/NIG>

（システム操作マニュアルもこちらからダウンロードできます。）

電子申請システムに係る詳細は、以下の本研究所ホームページ（NIG-JOINT のページ）を参照してください。

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research-infrastructure-collaboration/nig-collaboration-grant>

(1) 申請者は研究課題または研究会名称、参加予定者、必要経費及びその他必要と認められる事項について、事前に所内受入教員と打ち合わせを行い申請してください。

本研究所の「研究系等・各研究室の担当教員及び研究の概要」は募集要項末尾に添付しています。

(2) 申請にあたっては事前に必ず所属機関長（又は所属長）の承諾を得てください。（承諾書の提出は不要。）

4. 電子申請締切

2021年12月1日（水）（日本時間 正午）締切厳守

上記締切日時までに「提出」された課題を受理します。

※締切日時を過ぎて提出された課題については、いかなる理由があっても受理しません。

5. 審査

採否及び経費配分額は本研究所の審査を経て決定し、2022年3月末までに申請者に E-

mail にて通知します。また、過年度に採択実績がある研究代表者からの申請については、申請内容が新規か継続かにかかわらず、過年度の経費の執行状況を重視して審査を行います。

なお、予算の都合上、配分額が申請額より減額となる場合がありますので、ご了承ください。

6. 採択後の研究組織の変更等

(1) 研究代表者又は共同研究者の所属・職名等の変更があった場合は、当該研究者が JROIS の「利用者情報」画面にてご自身の登録情報を変更してください。なお、研究代表者の所属機関変更時には、変更後の所属機関長（又は所属長）から所定の様式による承諾書を提出してください。（公印の押印は不要。）

(2) 共同研究者を追加又は削除する場合は、研究代表者、又は所内受入教員が JROIS の「共同研究者変更申請」画面にて追加又は削除の申請をしてください。また、研究会については採択後、参加者が確定次第、速やかに当該画面より追加登録してください。

(3) 研究代表者を変更する場合は、速やかに所内受入教員まで連絡してください。

(4) やむを得ない事情により共同研究、研究会を実施することができなくなった場合は、所内受入教員から中止届を提出してください。

7. 所要経費

(1) 旅費・研究費等の経費は、情報・システム研究機構関連規程に基づき、予算の範囲内で本研究所が負担します。各機関への配分は行いませんので、所内受入教員を通じ、手続きを行ってください。

また、宿泊費用については、所内宿泊施設利用 2,500 円／泊、市内ホテル利用 8,000 円／泊を支給します。（宿泊は可能な限り所内宿泊施設を利用していただきます。）

なお、全行程中に本研究所訪問以外の用務を含む場合は、旅費支給額が減額となる可能性がありますのでご注意ください。

(2) 研究代表者は予算の早期執行にご協力ください。やむを得ない事情により全額未執行となる場合には、12 月末までに理由書（任意様式）を提出の上、予算を返納してください。なお、このほか、予算残が生じると判明した場合には、その時点で連絡願います。

8. 実施報告書の提出

研究代表者は、「共同研究」又は「研究会」のいずれについても、2023 年 4 月 30 日までに JROIS にて実施報告書を提出してください。

9. 研究成果の発表

共同研究の成果を学術論文として発表する場合には、必ず謝辞欄 (Acknowledgements) に本研究所共同研究に基づくものであることを次のように明記するとともに、当該論文の別刷 (PDF ファイルでも可) 1 部を提出してください。

英文・和文ともに：NIG-JOINT (課題番号)

*課題番号は採択通知にてお知らせします。[通し番号+カテゴリ(A or B or I)+採択年度]
英文記載例 (採択者:Taro Iden, 課題番号:1A2022 の場合)
This work was supported by NIG-JOINT (1A2022) to T. Iden.

10. その他

(1)共同研究では本研究所の施設・設備、及び共通機器を利用することができます。利用可能な共通機器は以下を参照してください。

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research-infrastructure-collaboration/common-equipment>

(2)研究会の開催にあたっては、所内受入教員を通じ遅くとも開催の2ヶ月前に遺伝研ホームページに開催日程を掲載するとともに、所内周知をお願いします。

(3)遺伝子組換え実験及び動物実験を行う場合は、当該研究の開始前に所内受入教員を通じて「遺伝子組換え実験計画書」及び「動物実験計画申請書」を提出していただきます。なお、動物実験を行う場合は、所内の資格審査登録及び教育訓練の受講も併せて必要となります。所外の共同研究者も直接動物実験を行う場合には、これらを事前に済ませる必要があります。実施にあたっては、関係法令・指針等を遵守し、適切に実験を行っていただきますようお願いいたします。

(4)本研究所でラジオアイソトープを使用する場合は、使用開始前に放射線業務従事者登録手続き等が必要となります。

(5)共同研究又は研究会のため本研究所を訪問される際、可能な限り所内の研究員宿泊施設を利用していただきます。ただし、所内宿泊施設が満室の場合は、市内ホテルを利用することができます。

(6)本共同研究により得られた知的財産権の帰属等については、大学共同利用機関法人情報・システム研究機構職務発明等規程に基づき協議することになります。

(7)公募により提供された個人情報は、課題審査のみを目的として利用します。また、採択課題については、本研究所のホームページ及び要覧に共同研究代表者氏名及び所属並びに研究課題名等を掲載いたします。

(8)本研究所の共同研究及び研究会のために出張される場合、本研究所からの出張依頼書は、手続の簡素化を図るため原則として送付しませんのでご了承願います。

出張の手続きなどは各所属機関で適切に処理されるようお願いいたします。

【連絡先】

〒411-8540 三島市谷田1 1 1 1 番地

大学共同利用機関法人情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所
管理部総務企画課研究推進係

E-mail: kyodo-mail@nig.ac.jp / TEL: 055 (981) 6728

研究系等・各研究室の担当教員及び研究の概要

(2021年11月1日現在)

研究系等	研究室名	担当教員名	研究の概要
情報研究系	遺伝子発現解析	教授 大久保 公策	「あふれる情報やデータをどのように個別の局面で課題解決に利用可能にするか？」データベース統合、データ解釈、エビデンスベース医療、医師患者コミュニケーション、教育での困難は既存の知識の分断に加えその表現の人や媒体の間での移動性や会合性の低さに起因すると考えます。この課題に再利用性（流動性と加工性）に富む生命医学知識の表現法の開発で応えようと試みています。
	系統情報	准教授 川本 祥子	本研究室ではナショナルバイオリソースプロジェクトを中心に、生物遺伝資源のデータベースの研究開発を行っている。
	ゲノム進化	教授 黒川 顕 助教 東 光一	バイオインフォマティクスおよび統合データベースを武器として、生命科学や地球科学などからもたらされる多元情報を統合的に解析することで、微生物の進化、微生物群集ダイナミクスさらには生命と地球の共進化をゲノムレベルで解き明かす。
	ゲノム多様性	准教授 森 宙史	比較ゲノム解析やメタゲノム解析等の手法によって、ゲノムの多様性と普遍性、遺伝子組成と生息環境との関係性等を情報解析し、多様な生物のゲノム間で共通した特徴を明らかにする研究を主に行なっています。
	生命ネットワーク	教授 有田 正規 助教 川島 武士	網羅的な代謝物の同定・計測（メタボロミクス）に基づく代謝ネットワークの研究、植物二次代謝物や脂質の生合成に関するバイオインフォマティクス。
	大量遺伝情報	教授 中村 保一 助教 谷澤 靖洋	大量塩基配列解析の効率化ならびに注釈情報の高信頼化に関わる研究。
ゲノム・進化研究系	遺伝情報分析	准教授 池尾 一穂	ゲノム構造や遺伝子発現パターンからみた生物の進化過程の解明、特に脳や神経系および感覚器に注目した進化の研究。また、様々な生物種のゲノム進化、メタゲノムによる生物多様性の研究。生命情報に関するデータベース構築やソフトウェアの研究開発。
	集団遺伝	教授 斎藤 成也 ※2022.3.31 退任予定 助教 JINAM, Timothy	ヒトを中心として、遺伝子およびゲノムの進化を研究している。またゲノムの進化を研究するための解析法を開発している。
	植物遺伝	教授 佐藤 豊 助教 野坂(高橋)実鈴 助教 鈴木 俊哉	イネ胚発生突然変異系統を用いて、植物の初期発生機構の解析を行っている。特に、初期胚の細胞分裂パターンと細胞分化の可塑性に着目した研究を行っている。

	進化遺伝	教授 明石 裕 助教 松本 知高	集団遺伝学的解析やゲノム比較といった手法を用いゲノム進化に関する研究を行う。特に現在は、生合成やクロマチン構造などの様々な生物で一般的に観察される現象が引き起こす弱い自然選択に注目している。
	人類遺伝	教授 井ノ上 逸朗	単一遺伝病から多因子疾患における疾患原因遺伝子同定そして疾患メカニズム解明を目指している。得られた遺伝要因については population genetic の手法によりヒト進化との関連を検討する。
	生態遺伝学	教授 北野 潤 助教 山崎 曜	トゲウオ科魚類は、わずか数百万年の間に適応放散を遂げたことから、生物多様性の進化機構を研究する上で格好のモデル系です。トゲウオ科魚類をモデルとして、種分化と適応進化の遺伝機構を研究しています。
	比較ゲノム解析	特任教授 豊田 敦	超大規模情報に基づく生命システム全体像の理解をめざし、新型シーケンサとバイオインフォマティクスを駆使した先端ゲノミクス研究を行う。
	分子生命史	教授 工樂 樹洋	ゲノムワイドな視野で分子生物学実験と DNA 情報解析を有機的に結び付け、脊椎動物に注目して、ゲノム進化プロセスの解明とそのメカニズムの究明のための研究を進めている。
遺伝形質研究系	共生細胞進化	教授 宮城島 進也 助教 藤原 崇之	葉緑体、ミトコンドリア、及びその他細胞内共生細胞の分裂増殖機構とその進化を、藻類、植物、原生生物等を用いて解析し、恒常的な細胞内共生関係の成立における一般原理を解明する。
	小型魚類遺伝	准教授 酒井 則良 助教 河崎 敏広	ゼブラフィッシュの雄生殖細胞培養系を用いて、精子による遺伝子改変技術の確立と精子形成の分子機構の解析を行っている。また、初期胚由来の培養細胞を用いて初期発生過程の分子機構の解析も進めている。
	細胞制御	教授 小田 祥久 助教 佐々木 武馬	植物細胞の分化・分裂における細胞壁パターンの形成機構を解析しています。特に細胞骨格及び Small GTPase の動態と機能に着目し、細胞生物学、遺伝学、生化学的な手法を用いて研究を進めています。
	植物細胞遺伝	准教授 野々村 賢一 助教 津田 勝利	イネの種子不稔突然変異体の解析を通じて、植物生殖細胞の初期発生過程および染色体動態を制御する遺伝子群の解明を目指す。
	神経回路構築	教授 岩里 琢治 助教 中川 直樹	ノックアウトマウス、トランスジェニックマウス、 in vivo イメージングなど多彩な手法を複合的に用いて、哺乳類中枢神経回路の発達と機能の分子・細胞機構の解明を目指している。
	多階層感覚構造	教授 米原 圭祐	マウスやマーモセットを用いて視覚神経回路の構造や機能、発達、疾患、環境適応を遺伝子や神経回路生理、行動などの多階層で理解することを目指す。

	多細胞構築	授 教 澤 齊 助 教 根岸 剛文	細胞系譜の解析が容易な線虫を用いて、非対称細胞分裂によって多種多様な細胞が作られる機構を研究している。
	脳機能	教 授 平田 たつみ 助 教 川崎 能彦 助 教 ZHU, Yan	主にマウスを用いて、脊椎動物の神経発生、特に神経回路形成機構の解析を行っている。
	発生遺伝学	教 授 川上 浩一	ゼブラフィッシュをモデル生物として用いて、脊椎動物の発生、形態形成、行動の遺伝学的解析を行う。
	発生工学	教 授 相賀 裕美子 ※2022.3.31 退任予定 助 教 加藤 譲 助 教 安島 理恵子	マウスの初期発生、形態形成に関与する分子の機能及びその発現制御機構を発生工学的な手法、ノックアウトマウス作製や、トランスジェニックマウス法を用いて解析している。特に中胚葉性器官及び生殖細胞の形成に関わる研究を行っている。
	微生物機能	教 授 仁木 宏典	大腸菌と酵母を用いて、染色体の高次構造とその動態を探る。
	マウス開発	准教授 小出 剛 助 教 高浪 景子	野生由来マウス系統等の行動表現型を明らかにし、遺伝解析手法を用いて関連遺伝子の同定、機能解析を行っている。さらに、ゲノム編集を用いた遺伝子改変マウス作製技術の開発および機能解析への応用を進めている。
遺伝メカニズム研究系	ゲノムダイナミクス	教 授 前島 一博 助 教 井手 聖 助 教 日比野 佳代	細胞内のゲノム DNA の折り畳み構造やダイナミクス、さらにそれらの機能制御について、細胞生物学、物理、化学など幅広い手法を用いて研究を進めている。
	細胞建築	教 授 木村 暁 助 教 鳥澤 嵩征	線虫 <i>C.elegans</i> 胚における核と染色体の細胞内動態・小器官の流動現象・細胞質分裂を主な対象として、定量計測やコンピュータ・シミュレーションを駆使した「細胞建築学」の発展を目指している。
	物理細胞生物学	准教授 島本 勇太 助 教 斎藤 慧	有糸分裂を駆動する紡錘体が細胞内で適切に集合・機能するメカニズムを、生物物理、生化学、細胞生物学などの知識と技術を使った学際的アプローチによって研究しています。
	分子細胞工学	教 授 鐘巻 将人	ヒト培養細胞における DNA トランスアクションを理解するために、オーキシンドグロン法によるコンディショナル変異細胞作成をおこない分子遺伝学、細胞生物学的手法を用いて解析をしている。またヒト細胞の解析に必要な新たな細胞株構築技術を開発している。
	無脊椎動物遺伝	教 授 齋藤 都暁 助 教 三好 啓太	モデル動物ショウジョウバエの遺伝子発現の仕組みを生化学的、遺伝学的手法を駆使して解析している。特に小分子 RNA によるクロマチン制御機構や、その生殖細胞発生における役割に着目した研究を展開している。

新分野創造 センター	システム 神経科学	准教授 久保 郁	視覚情報がどのようにして目的に応じた行動を生み出すのか、その神経回路メカニズムを研究しています。ゼブラフィッシュをモデル生物として、遺伝学的、光学的、行動学的な手法を使用しています。
	染色体 生化学	准教授 村山 泰斗	精製タンパク質を用いた試験管内再構成実験を用いて、染色体動態制御について研究しています。特に、染色体構造の主要な構成因子である SMC 複合体の機能を明らかにすることを目指しています。
先端ゲノミクス 推進センター		特任教授 野口 英樹	多様な生物種の配列データから、ゲノム構造の再構築や機能領域推定を行うための情報科学的手法の開発、およびその適用研究。次世代、次次世代シーケンサを活用した、新しい解析手法の開発。
放射線・ア イソトープ 支援ユニッ ト		助 教 安達 佳樹	線虫にて microRNA による転写後制御を研究しており、microRNA や標的遺伝子を検出する方法の開発と活用を進めている。