

大阪大学微生物病研究所附属 遺伝情報実験センター

Genome Information Research Center
Osaka University



2005

沿革

- 平成 4年 4月 大阪大学遺伝情報実験施設(「遺伝子情報解析分野」、「遺伝子組換え研究分野」)設置
 遺伝情報実験施設長事務取扱(併任)豊島久真男微生物病研究所長
- 平成 4年 5月 第1回遺伝情報実験施設運営委員会を開催し、施設長選考規程、教官人事などについて審議
- 平成 5年 2月 遺伝情報実験施設長(併任)島田和典教授(微生物病研究所・遺伝子疾患研究分野)
- 平成 5年 4月 「ヒトゲノム情報解析分野」設置
- 平成 5年10月 微生物病研究所附属病院臨床研究室跡を利用して遺伝情報実験施設の活動を開始
- 平成 7年 7月 微生物病研究所附属病院棟(現・微研南館)の全面改修工事が完了し、移転完了
- 平成10年 7月 遺伝情報実験施設長(併任)木下タロウ教授(微生物病研究所・免疫不全疾患研究分野)
- 平成13年 4月 微生物病研究所附属共同無菌実験施設を統合し、遺伝情報実験センター(「遺伝子機能解析
 分野」、「ゲノム情報解析分野」、「感染症ゲノム研究分野」)に改組
- 平成15年10月 遺伝情報実験センター長(併任)目加田英輔教授(微生物病研究所・発生遺伝学分野)
- 平成17年 4月 大阪大学微生物病研究所附属遺伝情報実験センターに改組

職員

センター長(併) <input checked="" type="checkbox"/>	教授 <input checked="" type="checkbox"/>	目加田英輔
遺伝子機能解析分野 <input checked="" type="checkbox"/>	教授 <input checked="" type="checkbox"/>	岡部 勝
<input checked="" type="checkbox"/>	助教授 <input checked="" type="checkbox"/>	三輪 岳志
<input checked="" type="checkbox"/>	助手 <input checked="" type="checkbox"/>	蓮輪 英毅
<input checked="" type="checkbox"/>	助手 <input checked="" type="checkbox"/>	井上 直和
	COE特任助手 <input checked="" type="checkbox"/>	小林 慎
ゲノム情報解析分野 <input checked="" type="checkbox"/>	教授 <input checked="" type="checkbox"/>	安永 照雄
<input checked="" type="checkbox"/>	教授(兼) <input checked="" type="checkbox"/>	高木 達也
<input checked="" type="checkbox"/>		
感染症ゲノム研究分野 <input checked="" type="checkbox"/>	教授(兼) <input checked="" type="checkbox"/>	安永 照雄



はじめに

大阪大学微生物病研究所附属遺伝情報実験センターは、学内の遺伝子研究を促進するための教育と研究支援を行う学内共同利用施設です。平成13年4月に、遺伝情報実験施設（平成4年設置）と微生物病研究所附属共同無菌実験施設（昭和55年設置）を統合し、名称変更して再スタートいたしました。センターは、微生物病研究所の南館（旧微研附属病院）内にあり、運営委員会は、理学、医学系、歯学、薬学、工学、基礎工学、生命機能の各大学院研究科と、微生物病研究所、産業科学研究所、蛋白質研究所、本センターからの委員で構成されています。センターは、遺伝子機能解析分野、ゲノム情報解析分野、感染症ゲノム研究分野の3分野で組織され、共同利用実験室、RI 実験室、動物飼育室、共同利用コンピュータシステム、各種共同利用機器を備えています。センターでは、遺伝子操作動物の新規作製法の開発、受精メカニズムの解明、遺伝子解析プログラムの開発、病原微生物ゲノム解析をテーマに研究を行うとともに、スタッフ一同ポストゲノム時代の遺伝子実験施設として、最先端でかつ高品質の遺伝子研究支援を行う体制を整えております。遺伝子操作動物作製、遺伝子情報解析に関して随時相談を受け付けておりますので、おおいに利用していただきますようあらためてご案内いたします。詳しくは、センターのホームページをご覧ください。

平成 16 年 7 月

大阪大学微生物病研究所附属遺伝情報実験センター長

目加田 英輔

● 遺伝子実験室(2階)

☒ クライオトーム ☒ ☒ ☒ ☒ Jung CM3000
☒

● 塩基配列解析実験室(1階)

☒ プラスミド抽出機 ☒ ☒ ☒ ☒ PI-100(6台)
☒ PCR 装置 ☒ ☒ ☒ ☒ PE9600(2台)
☒ DNA シークエンサー ☒ ☒ ☒ ABI-377, ABI-310
☒ Sequence Detector ☒ ☒ ☒ ABI-7700

● RI実験室(³H, ¹⁴C, ³²P, ³³P, ³⁵S, ¹²⁵I 使用可)

☒ バイオイメージアナライザー ☒ ☒ MacBAS1500

学内からは on-line での予約が一部可能である。

<http://www.gen-info.osaka-u.ac.jp/localdocs/yoyaku.html>

当実験センターでは多くの研究者の要望に応じ、遺伝子操作動物作製に関する情報の提供を行っているほか、トランスジェニックマウスの作製や、共同研究ベースでのノックアウトマウス作製に協力する体制を整えている。

供給しているサービスは下記の3つである。

- (1) トランスジーンを受け取り、トランスジェニックマウスを作製する
- (2) ターゲティングベクターを受け取り、相同組換え体キメラマウスを作製する
- (3) 相同組換えが確認された ES 細胞を受け取り、キメラマウスを作製する

遺伝子操作動物を作製する場合、トランスジーンの性質やターゲティングを受ける遺伝子の性質によって作製の効率は大きく変化するので、確実に何ラインの遺伝子操作動物が得られるとはいえないが、これまでの実績では、トランスジーンやノックアウトされる遺伝子が胚の発生に悪影響を及ぼす場合を除いて、ほとんどの場合ジャームラインへトランスミットしたマウスが得られている。

当実験センターにおける遺伝子操作動物作製の実績や、支援体制の詳細についてはホームページ <http://www.gen-info.osaka-u.ac.jp/welcome.html> から該当する項目を参照されたい。

遺伝子組換え



マウス胚の採取

Injection針作製

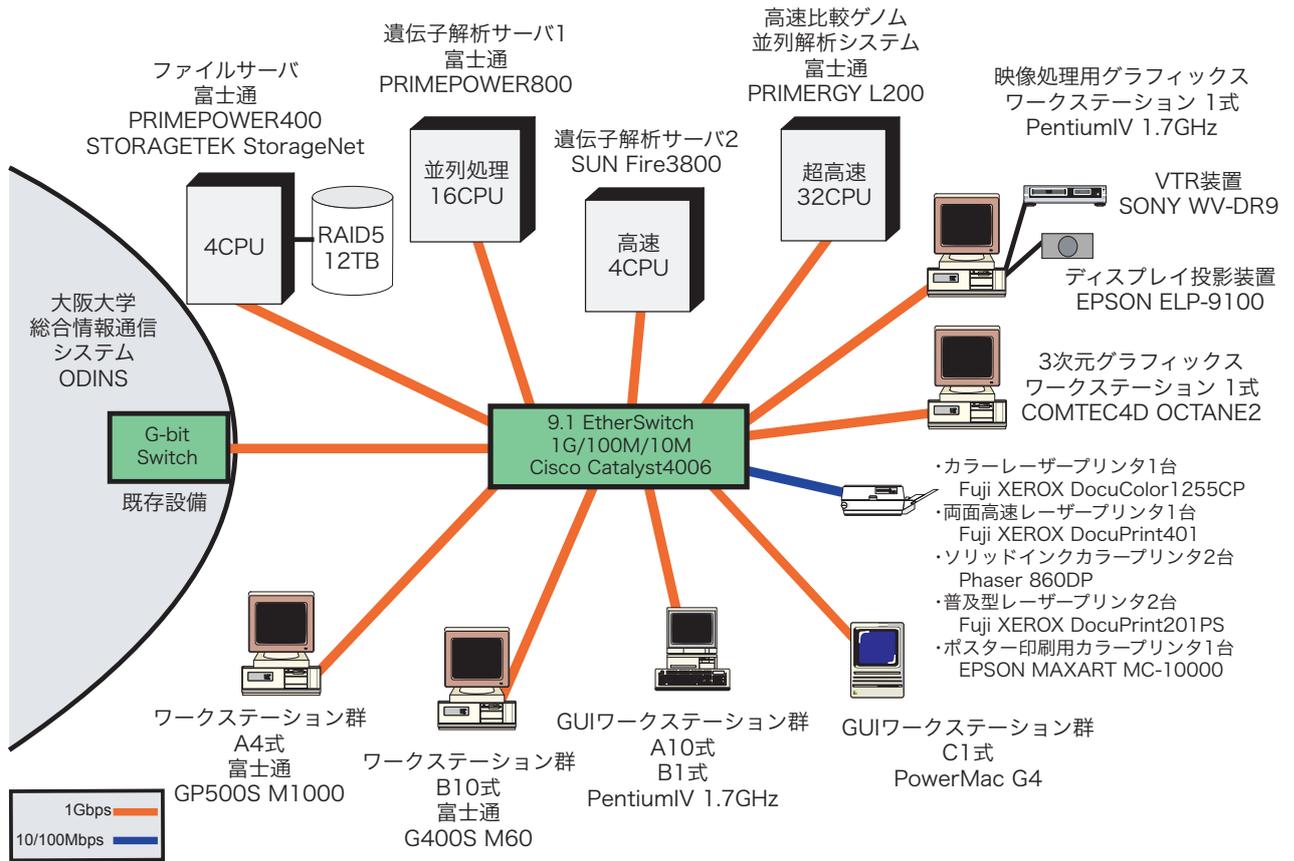


受精卵への遺伝子注入



胚の凍結

遺伝情報実験センター学内共同利用計算機システム



主な遺伝情報解析ソフトウェア

遺伝情報実験センターにて開発のソフトウェア

- Menu System☒ Webインターフェースを利用した統合ソフトウェア
- GeneWeb II☒ 遺伝情報解析統合パッケージソフトウェア
- GeneAlign☒ マルチプルアラインメントエディタ
- Mblast☒ BLASTによる相同性検索の大量解析用ソフトウェア
- Mfasta☒ FASTAによる相同性検索の大量解析用ソフトウェア
- Pfasta☒ FASTAによる相同性検索の並列化ソフトウェア
- hRNA☒ ニューラルネットワークを利用したRNA 2次構造予測ソフトウェア
- DBentry☒ 大規模データベースのインデックス作成
- DBext☒ 大規模データベースからのデータの抽出
- CONSERV☒ Suffix Treeを用いた高速ゲノムアラインメントツール
- ParalogCluster☒ パラログ遺伝子のクラスタリングソフトウェア
- WGPSanalyzer☒ WGPSanning法の解析ソフトウェア
- GBview☒ GenBank形式ファイルの可視化ソフトウェア
- CodonViewer☒ ゲノム全遺伝子のコドン使用頻度可視化ソフトウェア

遺伝情報実験センターで利用可能なソフトウェア

- PHYLIP (Washington Univ.) ☒
 - XGRAIL (Oak Ridge National Lab.) ☒
 - GENSCAN (Stanford Univ.) ☒
 - FASTA (Virginia Univ.) ☒
 - InsightII/Homology/Discover (Biosym) ☒
 - BIORESEARCH (Fujitsu) ☒
 - Glimmer (TIGR) ☒
 - BLAST (NCBI) ☒
 - MUMmer (TIGR) ☒
 - HyperBLAST (Fujitsu) ☒
 - ☒ ☒ ☒ ☒ ☒ ☒
- その他多数

ファイルサーバ・記憶装置 12TB



主機室サーバ機器

PCクラスタマシン



ワークステーション



グラフィックワークステーション

疾病の実験モデル動物としてこれまで突然変異動物が重要な役割を果たしてきたが、ポストゲノムの時代には人工的に遺伝子改変を加えた遺伝子操作動物が大きな役割を果たそうとしている。具体的には受精卵に遺伝子を注入して人工的に遺伝子を導入したトランスジェニック動物や、全能性を持つ胚性幹細胞を利用して特定の遺伝子を人工的なものと置き換えるジーンターゲット法が開発され使用されている。

我々はマウスに発光オワンクラゲの緑色蛍光蛋白質(GFP)の遺伝子を組み込むことによって緑の蛍光を発するようになった green mouse を世界に先駆けて作製することに成功した(裏表紙写真)。このマウスは移植の研究をはじめ多くの基礎的な研究に利用可能なため日本国内だけに留まらず、世界中から分与の希望があったため、当施設でコロニーを維持し、供給を続けている。(FEBS Lett., 407:313-319(1997))

我々は研究支援として最先端の技術を学内のみならず広く学外にも提供してきたが、3~4万種存在するといわれる遺伝子について詳しく検討するためにはさらに革新的な遺伝子操作動物作製法の出現がなければならないと考えている。そこで、当研究分野では遺伝子操作動物作製の手法そのものの開発を行なう(Science, 284:1180-1183(1999))とともに、クローン動物の作製などに見られる個体の増殖過程をも含めた広い意味での reproduction(生殖)機構の解明についても研究を行っている。

研究課題

- (1) 遺伝子ノックアウトによる疾患モデル動物の作製と解析
- (2) 体外受精や遺伝子操作動物を用いた受精機構の分子生物学的解明
- (3) 胚性幹細胞を用いた細胞系列群別のノックアウト
- (4) 緑色蛍光マウスを用いた雌雄の産み分け
- (5) 遺伝子操作動物作製に関する新規技術の開発

In the past, naturally-mutated animals have been used to elucidate the mechanism of various diseases. In the "post-genome project era," however, genetically manipulated animals will play a key role in such investigations through providing animal models for human diseases.

Our research interests span the horizon from reproductive biology to gene manipulation.

We succeeded, for the first time in the world, in producing a genetically altered "green mouse" which glows in the dark. Since mice are in constant demand for many types of research projects, such as those involving cell transplantation, there are many requests for our mice. In answer to the worldwide demand, we continue proliferating and distributing the "green mice" to the scientific community at large.

Aside from research, our lab assists other research facilities in generating genetically manipulated animals, as shown on our web pages.

<http://kumikae01.gen-info.osaka-u.ac.jp/EGR/index.cfm>

Ongoing projects include:

- (1) production of experimental animals for human diseases
- (2) studies on the molecular bases of sperm/egg interaction
- (3) cell lineage dependent gene knockout using embryonic stem cell lines
- (4) sexing of preimplantation embryos
- (5) development of new technologies to produce genetically-manipulated animals

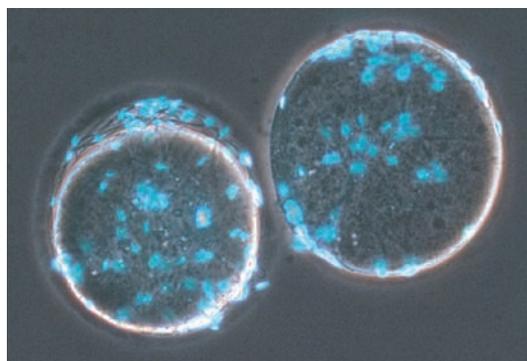


図1:世界的に人類の精子が減少傾向にあるかもしれないと警告されている。また、不妊や避妊は先進諸国における重要な研究課題である。図はCD9と呼ばれる因子を欠く卵子に精子を媒精したところ、精子と卵子の融合がおこらないために、通常1匹の精子が透明帯内に侵入するのに比べ、異常に多数の精子が侵入している様子を示す。我々はこのように特定の遺伝子を破壊したノックアウトマウス等を作製することによって受精のメカニズムを遺伝子のレベルで明かにしようとしている。
Nature, 387:607-611(1997); Science, 287:321-324 (2000)

私たちはヒトの各種疾患、特に循環器系疾患に関与する遺伝子機序の分子生物学的解明を遺伝子変異実験動物等を利用して行っている。

(1) 血管平滑筋細胞における組織特異的遺伝子発現調節機構

動脈硬化部位で増殖する血管平滑筋細胞の細胞学的及び分子生物学的基礎を明らかにする目的で血管平滑筋特異的遺伝子、特にヒト血管平滑筋アクチン遺伝子の発現機構の解析を行い、マウス個体レベルでの発現に必要なDNA領域及びそこに結合する核内因子の同定を進めている(図1-2)。また、生体内の分化型を保った培養血管平滑筋細胞の開発検討を行っている(J. Am. Soc. Neph., 15:1090-1101(2004))。

(2) 血管平滑筋特異的遺伝子発現ベクターの開発

血管平滑筋特異的に強く遺伝子発現できるベクターをアクチン遺伝子の転写系を用いて開発した。動脈硬化症などの循環器病の原因の一つである血管平滑筋の細胞型変化を阻止するために、このベクターを利用して細胞増殖抑制や分化誘導遺伝子を循環器病変部特異的に導入発現する遺伝子治療に向けての研究を進めている(J. Clin. Invest., 110:177-184(2002))。

(3) 心不全発症機構の解析

高食塩食を投与することで拡張障害型心不全を発症するモデルラットを開発し、その発症メカニズムを分子生物学的手法で解析している。特に心臓の間質の繊維化や心筋肥大に関与する因子としてエンドセリン系とレニン-アンギオテンシン系に着目している(Cardiovas. Res., 57:757-765(2003))。

We investigate the molecular biological mechanisms involved in human diseases, especially cardiovascular diseases with using genetically manipulated animals.

(1) Transcriptional mechanisms of vascular smooth muscle (VSM) specific genes

To study cellular and molecular aspects of VSM cell growth in atherosclerosis plaques, we characterized transcriptional mechanisms of one VSM specific gene, human VSM alpha-actin gene. Several cis-acting DNA elements and transcriptional nuclear factors binding to them, which are essential for gene expression in mice, have been identified. We also develop in vitro cultured VSM cell lines keeping original differentional properties.

(2) Tissue-specific expression vectors in VSM cells

We developed gene expression vectors using the alpha-actin promoter, which can strongly drive a following gene in a VSM cell-specific manner. It should be a useful tool for gene therapy in cardiovascular diseases, because the VSM cell-type change to the growth state in atherosclerosis plaques is major cause of this disease.

(3) Developmental mechanisms of diastolic heart failure in hypertensive hearts

We developed a diastolic heart failure model using Dahl salt-sensitive rats and analyzed its molecular mechanisms. We are investigating contributions of endothelin and renin-angiotensin systems to diastolic heart failure through development of excessive hypertrophy and fibrosis.

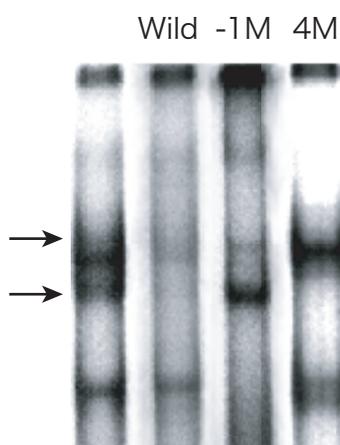


図1: ヒト血管平滑筋アクチン遺伝子の発現に必要な領域に結合する2種類の核内因子は-1Mと4Mの点変異DNAで各々のDNA結合が阻害される。

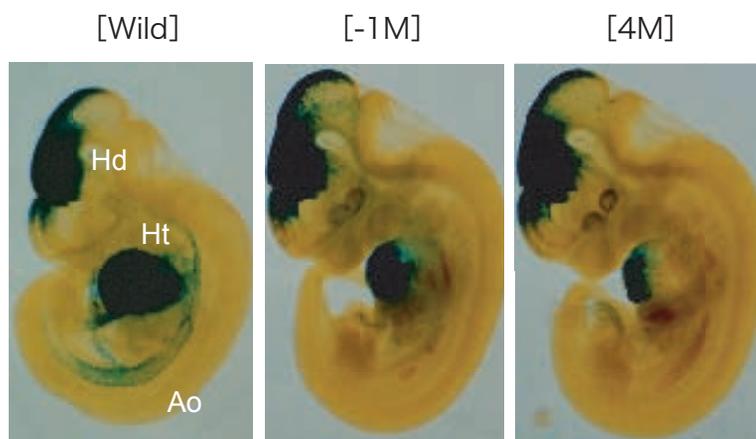


図2: -1Mと4Mの点変異を持つ血管平滑筋アクチン遺伝子プロモーターはマウス胎児において大動脈(Ao)での発現のみが阻害されるので、この両配列が組織特異的遺伝子発現に必須である。

本分野は、コンピュータやコンピュータネットワークを駆使した遺伝子情報解析システムの研究開発やこれらを用いた遺伝子情報解析の研究を行っている。また遺伝子情報解析用コンピュータシステムを運用し、学内の遺伝子関連研究者に提供するとともに遺伝子情報解析手法やシステムの利用方法の教育研修を行っている。

(1) 遺伝子情報解析システムの研究開発

a) インターネットを利用して、遺伝子データベースを自動更新するシステムを開発し稼働させている。

b) 大量の遺伝子データを一括してホモロジーサーチやモチーフサーチを行うコマンドツールを、ゲノムプロジェクトをサポートする目的で、開発している。

c) ホモロジーサーチの高速化はデータベースの急激な増大に対処するため重要な課題となっており、ワークステーション群を用いた並列処理によるホモロジーサーチの高速化の研究開発を行っている。

(2) 実験分子生物学研究者のためのグラフィックユーザインターフェース開発

分子生物研究者が容易に種々の遺伝子情報解析ソフトウェアを利用できるように、GUIベースのソフトウェアの開発を行っている。GeneWeb II はJava言語を用いて開発したソフトで、Webブラウザから起動でき、塩基やアミノ酸含量の計算や翻訳などの基本的な解析から系統樹構築などの専門的な解析までを行うことができる。GeneAlignは配列解析の基礎であるマルチプルアライメントを行うもので、ClustalWによるアライメントの実行や、細部の調整をマウスを使って容易に行うことが可能である。

We are developing various genome information analysis software tools which make advanced use of computers and computer networks. We also operate the computer system for genome information analyses and provide it to biological researchers in Osaka University. Furthermore, we offer educational courses for genome information analyses to students and researchers in our university.

(1) Development of Genome Information Analysis Software Tools

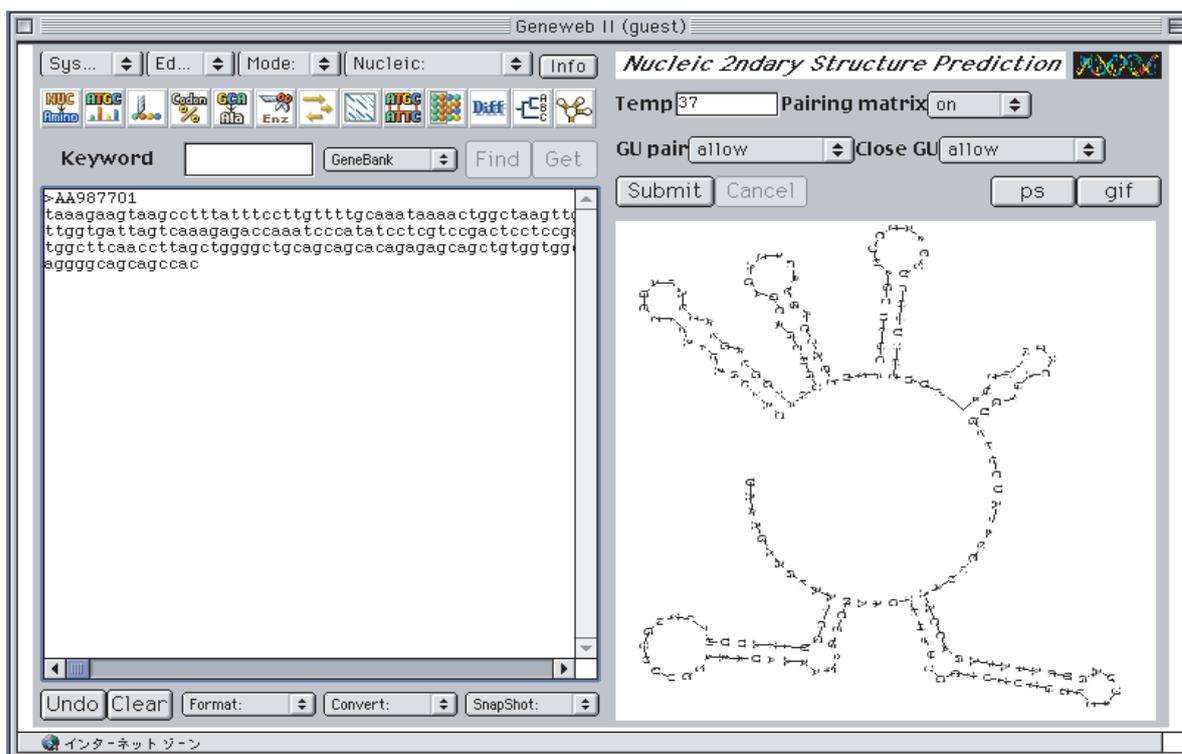
a) Daily updated sequence data provided by DNA/protein database centers are obtained automatically through the Internet, to keep our databases up-to-date

b) To support genome research projects, we have developed the tools performing homology search and motif search for multiple query sequences in one operation.

c) We have developed the system of parallel processing using multiple workstations that shorten the turn around time in homology search.

(2) Development of Graphical User Interface for Molecular Biologists

Software packages with graphical user interface have been developed for molecular biologists. We have been developing the sequence analysis software package named GeneWebII which uses Java Application Programming Interface for graphical user interface and for interfacing external applications with Web server. GeneWebII supports various analysis tools for from basic to advanced analyses. We have also developed GeneAlign that is a multiple sequence alignment editor written in Java language.



本分野で開発した遺伝子情報解析ソフトウェアGeneWeb II。GenBank形式からFasta形式への変換などのデータ形式変換機能や配列データの指定した領域の切り出しなどの便利なツールから二次構造予測や類似性検索、マルチプルアライメント、系統樹構築など本格的な情報解析機能までを備えたソフトウェアである。遺伝情報実験センターのホームページから利用できる (<http://www.geninfo.osaka-u.ac.jp/geneweb2/>)。

病原性微生物のゲノム情報は、病原体の感染定着、侵入、毒素生産、免疫防御、薬剤耐性など病原性に関連する遺伝子を洗い出し、ワクチンや治療薬の開発、予防法や治療法の研究に利用できる。

(1) 本分野では、病原性細菌や病原ウイルスさらにワクチン株の全ゲノムの塩基配列を決定し、それらのDNA情報を得て、解析して全遺伝子を決定する。ゲノム情報解析分野と協力して病原性微生物ゲノム情報のデータベースを構築し、国内外の全ての感染症研究者にインターネットで公開する。

(2) 多量塩基配列の決定のための技術開発と教育を行う。

(3) 1996年堺市で発生した腸管出血性大腸菌O157:H7による集団食中毒では、1万人近い患者が出て、3人の死者を出すという痛ましい結果になった。本分野とゲノム情報解析分野、微生物病研究所などが協力してこの流行で堺市で分離された大腸菌O157Sakai株の全塩基配列5.6Mbpを決定し、解析した(下図参照)。既に全ゲノム配列が解析されている非病原性大腸菌K-12株とO157株のゲノムを比較することによって、病原性や薬剤耐性に関与する可能性がある遺伝子が約100個も新しく同定された。微生物病研究所や内外の研究機関でこれらの遺伝子の機能解析が開始されている。

次のゲノム解析のターゲットである腸炎ビブリオ菌は50年前に微生物病研究所の故藤野恒三郎教授によって発見された我が国の最も重要な下痢症の原因菌である。

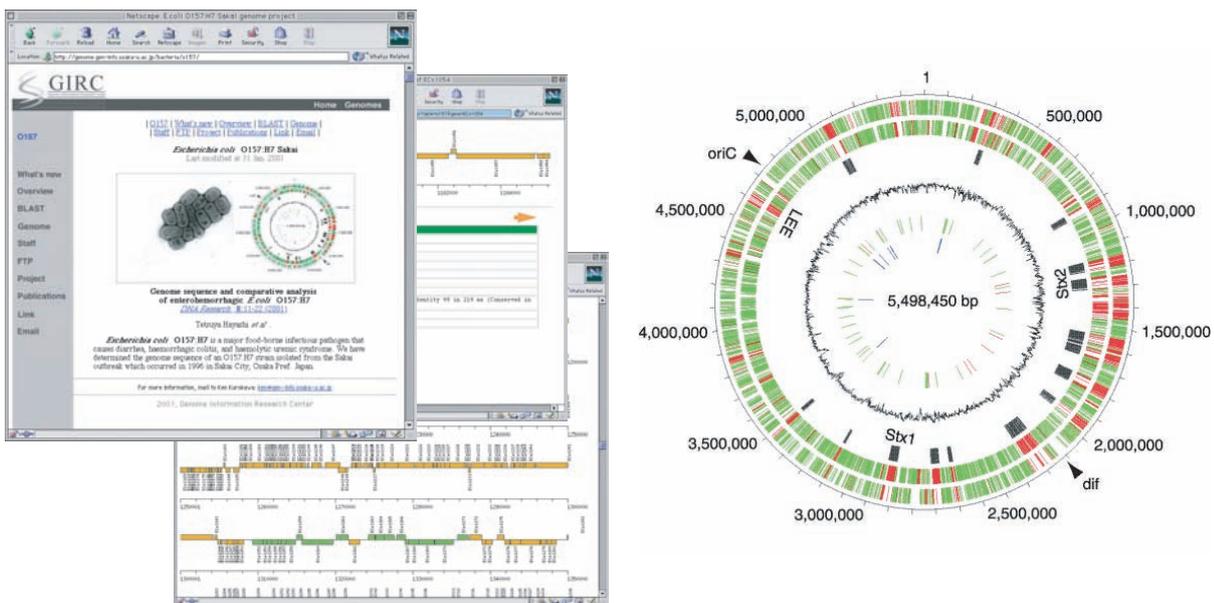
Whole genome information of pathogenic microorganisms is vitally important for developing vaccines, drugs and treatments.

(1) In this department, we determine the nucleotide sequences of the whole genomes of pathogenic bacteria and viruses, and analyze the genome sequences to identify the genes involved in pathogenicity. We, in collaboration with Department of Genome Informatics construct genome database for pathogenic microorganisms, which are accessible to all researchers through internet.

(2) We improve and teach the methods for large scale DNA sequencing.

(3) We have determined entire nucleotide sequence of the genome of enterohemorrhagic *Escherichia coli* O157:H7 strain, derived from the Sakai outbreak in 1996 and compared it with that of the laboratory strain K-12 (see the figure below). This work revealed about 100 new putative pathogenic genes, which are being studied by many researchers in Osaka University and other institutions.

As the second genome project, we are analyzing the genome of *Vibrio parahaemolyticus*, which is one of the most important pathogens causing food poisoning in Japan and was discovered 50 years ago by Prof. T. Fujino of Osaka University.



左図:当実験センター内のサーバで稼働する腸管出血性大腸菌O157:H7のゲノム統合データベース。インターネットを通して、国内外の研究者に有用な情報を提供している(<http://genome.gen-info.osaka-u.ac.jp/bacteria/o157/>)。

右図:既に全ゲノム配列が解析されている非病原性大腸菌K-12株とO157株のゲノムの比較。図中、緑の線分は両株に保存されている遺伝子を、赤い線分は病原性大腸菌O157にのみ存在する遺伝子を表す。Stx1,2は志賀毒素遺伝子をコードするプロファージのゲノム上での位置を表している。

大阪大学微生物病研究所附属 遺伝情報実験センター利用内規

1. この内規は、大阪大学微生物病研究所附属遺伝情報実験センター（以下「センター」という。）の利用に関し必要な事項を定めるものとする。
2. センターの利用は、原則として大阪大学の教職員・学生等が、センターの実験設備もしくはコンピュータシステムを利用して遺伝情報に関する研究・教育を行う場合に限る。
3. センターに入構する者は、別途所定の手続きに従ってセンター長の入構許可及び立入可能区域の指定を受けなければならない。
4. センターの利用に際して、利用者は、実験設備の利用についてはセンター実験設備利用内規に、コンピュータシステムの利用についてはセンターコンピュータシステム利用内規に従うものとする。
5. 利用者は、センター長の依頼に応じて、センターの維持管理、講演会及び講習会等の教育訓練その他、センターの運用に関して協力しなければならない。
6. この内規に定めるもののほか、センターの利用に関し必要な事項は、センター長が定める。

附則

この内規は、平成 17 年 4 月 1 日から施行する。

大阪大学微生物病研究所附属遺伝情報実験センター 実験設備利用内規

1. この内規は、大阪大学微生物病研究所附属遺伝情報実験センター（以下、「センター」という。）の実験設備の利用に関し、必要な事項を定める。
2. センターの実験設備を利用できる者は、次に掲げる者が、遺伝情報実験を行う場合とする。ただし、放射性同位元素（以下、「RI」という。）を使用する場合は、大阪大学微生物病研究所附属遺伝情報実験センター放射線障害予防規定（以下「予防規定」という。）第 8 条の規定に基づき、RI 等取扱者として登録された者でなければならない。
 - (a) 本学の教職員。
 - (b) 本学の学部学生、大学院生及び研究生。
 - (c) その他遺伝情報実験センター長（以下「センター長」という。）が適当と認めた者。
3. 実験設備を利用しようとする者は、所定の遺伝情報実験センター実験設備利用申請書（別紙様式第 6 号）をセンター長に提出し、承認を得なければならない。この場合、当該研究・教育に責任を持つ教室・講座・分野等の所属教授等を利用責任者として届け出なければならない。
 - (a) 遺伝子組換え実験を行う場合は、遺伝情報実験センター遺伝子組換え実験室利用申請書（別紙様式第 10 号）とともに大阪大学遺伝子組換え実験安全管理規程（以下「管理規程」という。）及び大阪大学遺伝子組換え実験実施規則（以下「実施規則」という。）に基づく実験計画の承認に関する通知書の写しをセンター長に提出しなければならない。
 - (b) RIを使用する実験を行う場合は、遺伝情報実験センターRI実験室利用申請書（別紙様式第 9 号）をセンター長に提出しなければならない。
4. (a) センター長は、前条の申請が適当であると認めたときは、これを承認し実験区域を割り当て、利用を承認するものとする。
 - (b) 前項の利用承認期間は、当該年度内とする。
5. 利用の承認を受けた者（以下「利用者」という。）がセンター利用の記載事項を変更しようとする場合は、センター長に変更届（別紙様式第 7 号）を届け出て改めて承認を得なければならない。
6. 利用者は、この内規に定めるもののほか、遺伝子組換え生物等の使用等の規制による生物の多様性の確保に関する法律、研究開発等に係る遺伝子組換え生物等の第二種使用等に当たって執るべき拡散防止措置等を定める省令、管理規程、実施規則及び予防規定（以下「法令」と総称する。）に従わなければならない。
7. 利用者が、前条に違反した場合又は実験設備の運営に重大な支障を生じさせた場合には、センター長は、その利用の承認を取消し、又はその利用を一定期間停止することができる。
8. (a) 利用者は、実験設備の利用を終了又は中止したときは、すみやかに使用した区域及び設備を現状に復するものとする。
 - (b) 遺伝子組換え実験の生物に由来するすべての廃棄物及び他の汚染された設備の消毒等を、法令に従って行なわなければならない。
 - (c) 利用者は、RIによる汚染の検査及び除去等を、予防規定に従って行わなければならない。
 - (d) 利用者は、前項の措置終了後、速やかにセンター長へ終了又は中止の報告書（別紙様式第 8 号）を提出しなければならない。

9. (a) 利用者は、実験設備利用に係わる経費の一部を負担しなければならない。
 - (b) 利用負担金の額及び負担方法は、別に定める。
 10. 実験設備の利用に関する事務は、微生物病研究所研究協力掛が行なう。
 11. この内規に定めるもののほか、実験設備の利用に関し必要な事項は、センター長が別に定める。
8. 利用者は、本システムを利用して行なった研究の成果を論文等により公表するときは、当該論文等に本システムを利用した旨を明記し、かつ、その別刷、又はコピー1部をセンター長に提出しなければならない。
 9. (a) センター長は、本システムの維持費の予算その他の事情により、その利用に係わる経費の一部を利用者負担金（以下「負担金」という。）として、利用者に請求できるものとする。
 - (b) 負担金の額は、遺伝情報実験センター運営委員会（以下「委員会」という。）の議を経てセンター長が別に定める。

附則

この内規は、平成17年4月1日から実施する。

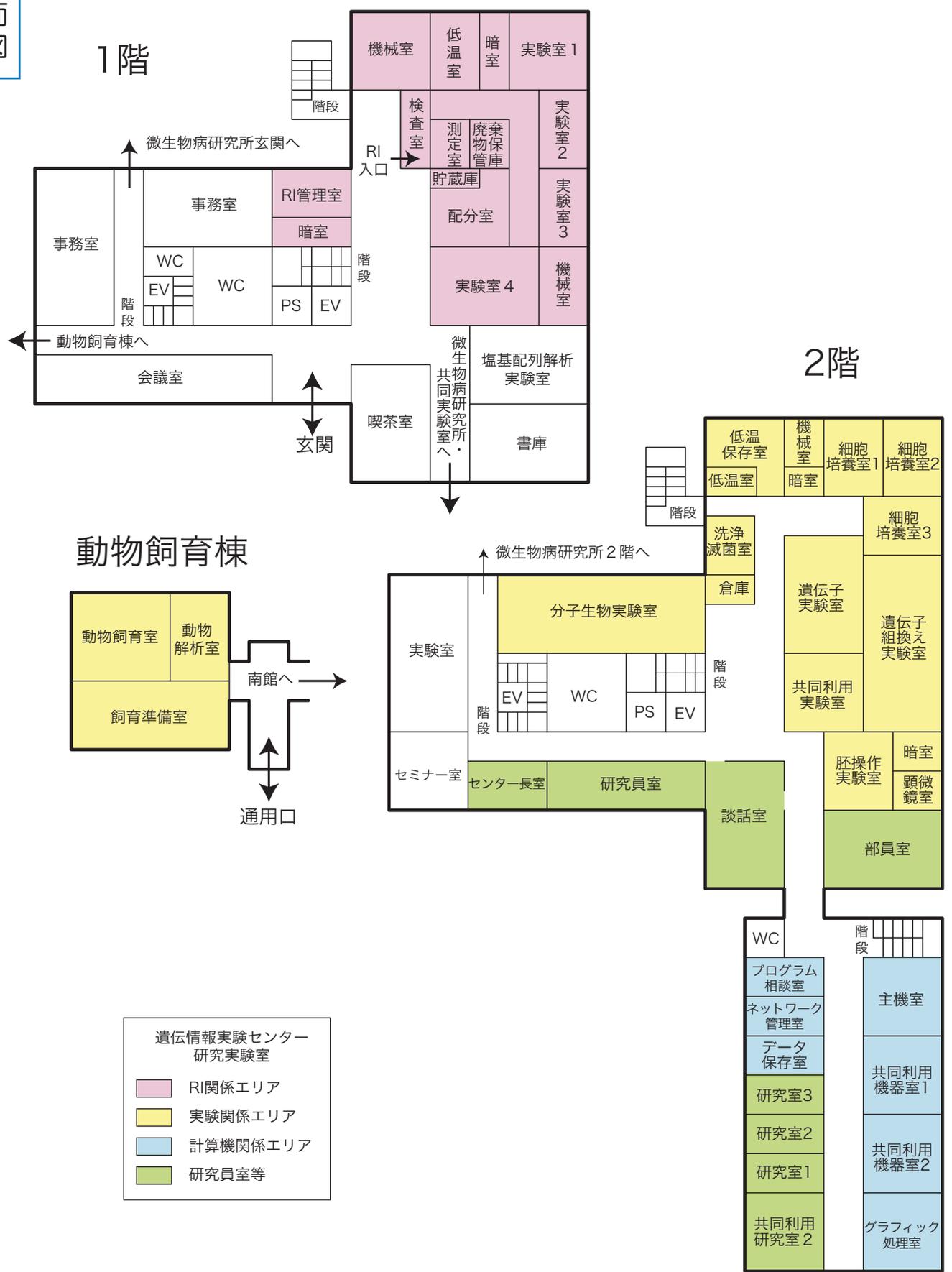
大阪大学微生物病研究所附属遺伝情報実験センター コンピュータシステム利用内規

1. 大阪大学微生物病研究所附属遺伝情報実験センターのコンピュータシステム（以下「本システム」という。）の利用については、この内規の定めるところによる。
2. 本システムを利用することのできる者は、次の各号に掲げるとおりとする。
 - (a) 大阪大学の教室主任教授等（以下利用責任者という。）の承認を得た教職員および院生、学生、研究生で遺伝情報解析を行なう者。
 - (b) その他特に遺伝情報実験センター長（以下「センター長」という。）が適当と認めた者。
3. 本システムを利用しようとする者（以下「申請者」という。）は、申請書（別紙第1号様式）をセンター長に提出し、その承認を受けなければならない。
4. (a) センター長は、3の申請に係る本システムの利用を承認したときは、その旨を申請者に通知するものとする。
- (b) 本システムの利用の承認期間は、当該会計年度を超えないものとする。
5. 本システムの利用の承認を受けた者（以下「利用者」という。）が、申請書に記載した事項について変更しようとするとき、若しくは変更を生じたとき、又は利用の取消しをしようとするときは、変更届（別紙第2号様式）又は取消届（別紙第3号様式）をセンター長に提出しなければならない。
6. 利用者が翌年度も継続して利用しようとするときは、継続利用申請書（別紙第4号様式）を前年度の3月末日までにセンター長に提出し承認を得なければならない。
7. 利用者は、本システム利用の成果又は経過について、毎年度末までに、利用報告書（別紙第5号様式）をセンター長に提出しなければならない。
10. 利用者は他人に自分のユーザ登録名およびパスワードを開示し本システムを利用させてはならない。
11. 利用者は本システムや学内、学外の利用が許可されていない計算機等への侵入を試みてはならない。
12. 利用者は本システムの利用にあたり公序良俗に反する行為、犯罪的行為に結び付く行為、その他法律に反する行為を行ってはならない。
13. 利用者がこの内規に違反したとき、又は本システムの運営に重大な支障を生ぜしめたときは、センター長は、その者の係る本システムの利用の承認を取消し、又は本システムの利用を一定期間停止することがある。また、これにより引き起こされた事故の責任は利用者と利用責任者が連帯して負うものとする。
14. この内規に定めるもののほか、本システムの利用に関し必要な事項は、委員会の議を経てセンター長が定める。

附則

この内規は、平成17年4月1日から施行する。

建物平面図



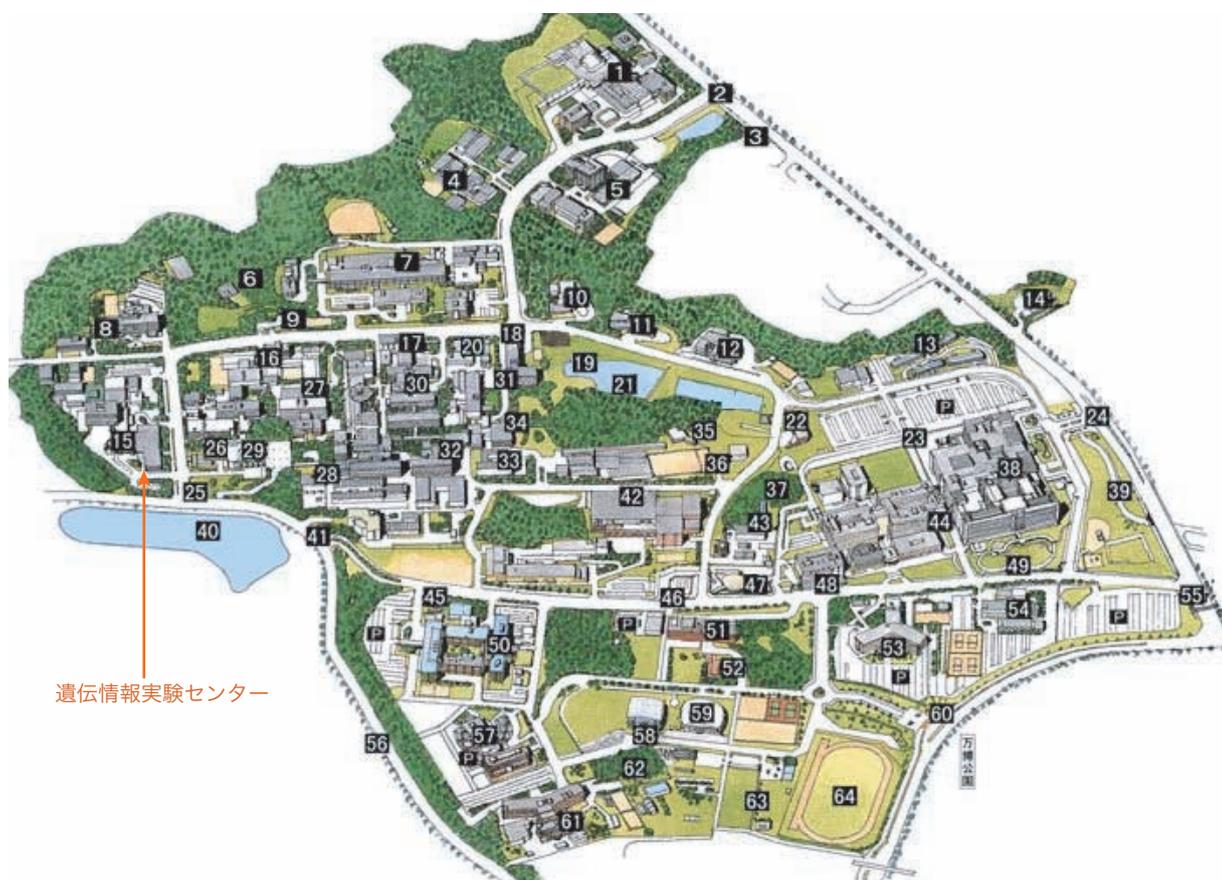
1階

2階

動物飼育棟

- 遺伝情報実験センター
研究実験室
- RI関係エリア
 - 実験関係エリア
 - 計算機関係エリア
 - 研究員室等

大阪大学吹田地区配置図



遺伝情報実験センター

- | | | | |
|----------------|--------------------|--------------------|-----------------------------------|
| 1. 核物理研究センター | 2. 北門 | 3. 府道道祖本摂津北線 | 4. 工学部原子力系 |
| 5. 接合化学研究所 | 6. 楠本会館 | 7. 産業科学研究所 | 8. 蛋白質研究所 |
| 9. 職員会館 | 10. 超高圧電子顕微鏡センター | 11. 社会経済研究所 | 12. サイバーメディアセンター |
| 13. 看護婦宿舎 | 14. 共同利用研究員宿泊所 | 15. 微生物病研究所 | 16. 工学部化学系 |
| 17. 工学部電気系 | 18. パンチャー・ビジネス・ホトリ | 19. 先端科学技術共同研究センター | 20. 先導的研究オープンセンター |
| 21. 犬飼池 | 22. 医学部銀杏会館 | 23. ポジトロン棟 | 24. 東門 |
| 25. 千里門 | 26. 留学生センター | 27. 工学部材料系 | 28. 工学部機械系 |
| 29. 工学部管理棟 | 30. 福利厚生棟 | 31. 工学部応物系 | 32. 工学部建設系 |
| 33. 工学部環境系 | 34. 附属図書館吹田分館 | 35. 保健センター | 36. サイバーメディアセンター
(旧情報処理教育センター) |
| 37. 保全科学研究センター | 38. 医学部附属病院 | 39. 阪大医学部病院前バス停 | 40. 水遠池 |
| 41. 西門 | 42. レザ-核融合研究センター | 43. RI総合センター | 44. 医学部医学科 |
| 45. MRI-CT | 46. 阪大本部前バス停 | 47. 福利会館 | 48. 附属図書館生命科学分館 |



大阪大学微生物病研究所附属遺伝情報実験センター

〒565-0871 大阪府吹田市山田丘3-1

<http://www.gen-info.osaka-u.ac.jp/>