

国家自然科学基金工程 申请书写作范例

基金工程申请前的准备工作

1 了解国家基金的招标时间

国家自然科学基金网站：

集中接受时间：2009年3月2日开始，3月20日16时截止

《国家自然科学基金工程申请书》须使用2009年新版本（以前版本均不接收），于2009年1月1日后登录基金工程管理ISIS网络信息系统下载。

基金工程申请前的准备工作

- 2 了解国家自然科学基金工程的申请指南
- 3 资助范围
- 4 工程要求
- 5 工程归属和专题
- 6 工程的学科分类
- 7

基金工程申请前的准备工作

○ 面上项目

- 面上工程是国家自然科学基金研究工程体系中的主要局部，其定位是全面均衡布局，瞄准科学前沿，促进学科开展，鼓励原始创新。
- 面上工程支持从事根底研究的科学技术人员在国家自然科学基金资助范围内自由选题，开展创新性的科学研究，力图通过研究得到新的发现或取得重要进展。鼓励开展具有前瞻性、勇于创新的探索性研究工作；注重保护非共识工程，支持探索性较强、风险性较大的创新研究。
- 面上工程申请人应充分了解国内外相关研究领域开展现状与动态，能领导一个研究组开展创新研究工作，依托单位应具备必要的实验研究条件。申请的工程有重要的科学意义和研究价值，理论依据充分，学术思想新颖，研究目标明确，研究内容具体，研究方案可行。资助研究期限一般为3年，按面上工程撰写提纲撰写申请。

基金工程申请前的准备工作

2008年度面上工程资助情况

金额单位：万元

科学部	申请项数	批准资助				资助率 (%)
		项数	金额	资助金额占全委比例 (%)	单项平均资助金额	
合计	49310	8924	288647.4	100	32.35	18.10
数理科学部	3297	926	31690	10.98	34.22	28.09
化学科学部	4669	1001	32061	11.11	32.03	21.44
生命科学部	21448	3471	103127	35.73	29.71	16.18
地球科学部	3413	860	37393	12.95	43.48	25.20
工程与材料科学部	8362	1321	45833	15.88	34.70	15.80
信息科学部	5263	957	29453	10.20	30.78	18.18
管理科学部	2858	388	9090.4	3.15	23.43	13.58

平均资助强度32.35万元/项，平均资助率18.1%

基金工程申请前的准备工作

○ 青年科学基金项目

- 青年科学基金是青年科技工作者的起步基金，其定位是稳定青年队伍，培育后继人才，扶持独立科研，鼓励创新思维，不断增强青年人才勇于创新 and 开展协同研究的能力，促进青年科技工作者的成长。
- 青年科学基金工程申请、评审和管理机制与面上工程根本相同。申请人应能够独立开展研究工作，工程的主要参与者以青年为主体。研究期限一般为**3**年。申请此类工程须按青年科学基金工程申请书撰写提纲撰写申请书。请申请人参照面上工程的各科学部及学科领域资助范围自由选题。
- 本卷须知：
 - 1. 申请人在申请当年**1月1日**未满**35**周岁（**1974年1月1日**（含）以后出生的）；
 - 2. 已获得过青年科学基金工程资助的（包括执行期为一年的小额探索工程以及被终止或撤销的工程），不能再次申请青年科学基金工程。
 - 3. 主要参与者应以青年为主体。

基金工程申请前的准备工作

2008年度青年科学基金工程资助情况 金额单位：万元

科学部	申请项数	批准资助				资助率 (%)
		项数	金额	资助金额占全委比例 (%)	单项平均资助金额	
合 计	21134	4757	93994.2	100	19.76	22.51
数理科学部	1545	483	9664	10.28	20.01	31.26
化学科学部	2146	530	9763	10.39	18.42	24.70
生命科学部	7864	1560	31223	33.22	20.01	19.84
地球科学部	1876	552	11033	11.74	19.99	29.42
工程与材料科学部	3582	887	18044	19.20	20.34	24.76
信息科学部	2936	553	11058	11.76	20	18.84
管理科学部	1185	192	3 209.2	3.41	16.71	16.20

平均资助强度19.76万元/项，平均资助率22.51%

基金工程申请前的准备工作

○ 重点项目

- 重点工程是国家自然科学基金研究工程系列中的另一个重要类型，其定位是在促进学科均衡协调和可持续开展的根底上，根据国家自然科学基金优先开展领域，通过指南引导，更集中地瞄准国际前沿，整合创新资源，孕育重点突破。重点工程主要支持科技工作者结合国家需求，针对我国已有较好根底和积累的重要研究领域、对学科开展具有重要推动作用的领域或新学科生长点开展深入、系统的创新性研究工作。
- 为实现重点突破的目标，重点工程进一步强调有限目标、有限规模和重点突出的原那么，重视学科交叉与渗透，强调利用现有重点科学基地的条件。重点工程根本上按照五年规划进行整体布局，每年确定受理申请的研究领域、发布指南引导申请。研究期限一般为4年。申请重点工程的根本要求，请参照前面的申请须知和限项规定相关局部，重点工程申请书要按照重点工程撰写提纲撰写。申请代码1须选择《指南》中的指定申请代码（每个研究领域后面括号内的字母和数字，特殊说明的除外）。

基金工程申请前的准备工作

2008年度重点工程资助情况

金额单位：万元

科学部	申请项数	批准资助				资助率 (%)
		项数	金额	资助金额占全委比例 (%)	单项平均资助金额	
合 计	1 875	425	77 973	100	183.47	22.67
数理科学部	158	54	10 808	13.86	200.15	34.18
化学科学部	174	51	10 213	13.10	200.25	29.31
生命科学部	714	121	21 042	26.99	173.9	16.95
地球科学部	323	62	10 250	13.15	165.32	19.20
工程与材料科学部	291	76	14 930	19.15	196.45	26.12
信息科学部	139	45	9 000	11.54	200	32.37
管理科学部	76	16	1 730	2.22	108.13	21.05

平均资助强度183.47万元/项

基金工程申请前的准备工作

对申请者和参加者的要求

- (1) 主要参与者中有依托单位以外的人员参加，其所在单位即被视为合作单位，须在申请书信息简表中填写合作单位信息并在签字盖章页上加盖合作单位公章，填写的单位名称须与公章一致。已经在自然科学基金委注册的合作单位，须加盖单位注册公章，没有注册的合作单位，须加盖该法人单位公章。一般情况下，1个申请工程的合作单位不得超过2个。
- (2) 对申请者的一般要求〔见国家自然科学基金条例第十条〕。
- (3) 申请人为在职研究生的，只能通过其在职的聘任单位申请，同时须单独提供导师同意其申请工程并由导师签字的函件，同意函应说明申请工程与其学位论文的关系，承担工程后的工作时间和条件保证等。
- (4) 脱产研究生不能作为负责人申请各类工程，其身份确认时间与当年自然科学基金接收申请的截止时间相同。
- (5) 限项规定。

项目类别	是否限项申请	限项规定说明
面上项目	是	计入总数，本类型限2项，同年只能申请1项
重点项目或重大项目	是	计入总数，本类型合计限1项
青年科学基金项目	是	计入总数，本类型限1次，并计入面上项目限项范围

基金工程申请前的准备工作

- 3 所提工程的根本思考和要求
- 4 必须在基金的资助范围内
- 5 学科开展的前沿领域或国家工程
- 6 与解决关键的科学问题相联系
- 7 有一定的工作积累和根底
- 8 有良好的学术梯队
- 9 充分的文献准备
- 10 求新、求奇、有限目标、有所为有所不为

基金申请书的写作思路

基金申请书的要求内容

- 1、立题依据和国内外动态
- 2、研究目标
- 3、研究内容
- 4、拟解决的关键问题
- 5、研究方案
- 6、可行性分析
- 7、工程特色和创新之处
- 8、预期研究结果
- 9、年度研究方案

- 1、研究工作根底
- 2、工作条件
- 3、申请者简历
- 4、承担科研工程情况

基金申请书的写作思路

申请书题目确实定

申请标书的精髓和核心

表达的是立项依据和研究内容的统一
是研究方法和研究结果的统一

要求：表达方法简洁明了
语言修辞正确
具有感召力和可信度



项目类别	申报学科代码 1	科学部编号
H	C03030302	

国家自然科学基金

申 请 书

项目名称: 肝癌细胞转移过程中关键分子的研究

申请者: 刘 银 坤

所在单位:

邮政编码:

通讯地址:

电 话:

传 真:

申请日期: 2001 年 2 月

国家自然科学基金委员会

基金申请书的写作思路

1、立题依据和国内外动态

- 研究动态的综合分析
 - 层层展开、有事实、有分析、强调综合
 - 国内外动态的分别表达
 - 须引用最新的文献和综述（近三年）
- 提炼学科/专题的研究热点和难点
- 课题要解决重点内容的简单说明
- 课题研究的意义和对解决重大科学理论或
 - 实际问题的关系

二、立论依据

(包括项目的研究意义、国内外研究现状分析,并附主要参考文献及出处)

对基础研究,着重结合国际科学发展趋势,论述项目的科学意义;
对应用基础研究,着重结合学科前沿、围绕国民经济和社会发展中重要科技问题,论述其应用情景。

肝细胞肝癌(HCC)是一种很难预测的恶性肿瘤。建立成功的治疗方案往往因对肿瘤发生、发展的认识而受到很大的限制。近年来分子生物学及肝癌治疗学上长足的进步使肝癌已从不治到可治,但肝癌的复发和转移仍是影响病人生存期的重大障碍。HCC常表现为早期的血管侵犯,包括门静脉侵犯,肝内血管侵犯;包膜侵犯和肝内、肝外的转移,因此了解HCC生长行为的控制及转移复发的分子机理是十分重要的。

经过长期的研究,已经知道参与肝癌转移的分子有:癌基因、肿瘤抑制基因、生长因子类(HGF、TGF、IGF),粘附分子类(E-cadherin、E-selectin、SLeX及其衍生物、ICAM-1、整合素、CD44、LNR),促细胞移动因子--Rho和Rho相关的蛋白激酶,基质降解酶,促血管生成因子(VEGF、ANG)及整合素 α 、 β 等。但还有些关键分子尚未被发现。

应该看到,单纯的遗传学分析很难诊断多因素的疾病,复杂的基因间和蛋白质间的相互作用,细胞内活动和环境的影响都会影响基因的表达及蛋白质的翻译后加工。人类后基因组研究特别是蛋白质组学无疑为医学领域带来一场革命。因此,正确的诊断和治疗应基于机体渐进发展过程的调控失调,并考虑到环境因素的影响。生物信息学的发展已给蛋白质组计划提供更方便有效的计算机分析软件;蛋白质组研究方法易于操作,具有快速、直观的特点。最近,Nature及相关Nature生物领域杂志,Science^[1-3],接连刊登和评论有关蛋白质组学的文章,表明了蛋白质组学成为后基因组学中的重要组成部份的地位正在得到加强。

肿瘤学是与蛋白质组研究相对应的一个领域。对一个特定细胞基因组表达的所有蛋白质进行质量和数量分析,可确定全部蛋白质表达谱。结合功能蛋白质组的研究,依托大规模二维电泳和质谱分析的体系,可以寻找新的关键分子,并研究生物大分子相互作用。Robison^[4]等用蛋白质组分析的方法鉴定了UVB诱导的黑色素瘤细胞系在不同阶段蛋白质表达模式,获得了有意义的启示。蛋白质组研究是人类攻克肿瘤的主要途径之一。国内外应用蛋白质组学的研究方法研究人类肝癌和肝肿瘤细胞刚刚开始^[5,6],还未涉及应用蛋白质组学的研究方法研究肝癌肿瘤细胞转移过程中关键分子。该项目的科学意义在于可以发现肝癌转移相关调控基因和相关功能基因蛋白产物,与其它蛋白或核酸的联系网络,以及它们在转录、翻译调控中的作用。为确定肝癌转移的预测指标和新的治疗靶点提供理论和实践基础,有利于恶性肿瘤—肝癌的防治。

1. Pandey A and Mann M: Proteomics to study genes and genomes. *Nature*, 2000, 405, 837
2. Robert, F: Proteomics, can Celera do it again?, *Science*, 2000, 287, 2136
3. Schiermeier Q, Centralized German research centres will compete for funds. *Nature* 1999, 402, 450.
4. Robinson ES, et al: UV-induced melanoma cell lines and their potential for proteome analysis: a review. *J. Exp. Zool*, 1998, 282(1-2):48-53.
5. Yu LR et al: Two-dimensional gel electrophoresis analysis of the proteomes expressed in the human hepatoma cell line BEL-7404 and normal liver cell line L-02. *Chinese Science Bulletin* 2000, 45, 1115-1122.
6. Zeng R et al: Identification of two-dimensional electrophoresis-separated proteins in human

科学问题的提出

研究动态

工程的科学意义

参考文献

二、立论依据

(包括项目的研究意义、国内外研究现状分析, 并附主要参考文献及出处)

对基础研究, 着重结合国际科学发展趋势, 论述项目的科学意义;
对应用基础研究, 着重结合学科前沿、围绕国民经济和社会发展中的重要科技问题, 论述其应用情景。

肝细胞肝癌(HCC)是一种很难预测的恶性肿瘤。建立成功的治疗方案往往因对肿瘤发生、发展的认识而受到很大的限制。近年来分子生物学及肝癌治疗学上长足的进步使肝癌已从不治到可治, 但肝癌的复发和转移仍是影响病人生存期的重大障碍。HCC常表现为早期的血管侵犯, 包括门静脉侵犯, 肝内血管侵犯; 包膜侵犯和肝内、肝外的转移, 因此了解HCC生长行为的控制及转移复发的分子机理是十分重要的。

经过长期的研究, 已经知道参与肝癌转移的分子有: 癌基因、肿瘤抑制基因、生长因子类(HGF、TGF、IGF), 粘附分子类(E-cadherin、E-selectin, SLeX及其衍生物, ICAM-1、整合素, CD44, LNR), 促细胞移动因子--Rho和Rho相关的蛋白激酶, 基质降解酶, 促血管生成因子(VEGF、ANG)及整合素 $\alpha_v\beta_3$ 等。但还有些关键分子尚未被发现。

应该看到, 单纯的遗传学分析很难诊断多因素的疾病, 复杂的基因间和蛋白质间的相互作用, 细胞内活动和环境的影响都会影响基因的表达及蛋白质的翻译后加工。人类后基因组研究特别是蛋白质组学无疑为医学领域带来一场革命。因此, 正确的诊断和治疗应基于机体渐进发展过程的调控失调, 并考虑到环境因素的影响。生物信息学的发展已给蛋白

早期的血管侵犯，包括门静脉侵犯，肝内血管侵犯；包膜侵犯和肝内、肝外的转移，因此了解 HCC 生长行为的控制及转移复发的分子机理是十分重要的。

经过长期的研究，已经知道参与肝癌转移的分子有：癌基因、肿瘤抑制基因、生长因子类（HGF、TGF、IGF），粘附分子类（E-cadherin、E-selectin, SLeX 及其衍生物, ICAM-1、整合素, CD44, LNR），促细胞移动因子——Rho 和 Rho 相关的蛋白激酶，基质降解酶，促血管生成因子（VEGF、ANG）及整合素 α, β 等。但还有些关键分子尚未被发现。

应该看到，单纯的遗传学分析很难诊断多因素的疾病。复杂的基因间和蛋白质间的相互作用，细胞内活动和环境的影响都会影响基因的表达及蛋白质的翻译后加工。人类后基因组研究特别是蛋白质组学无疑为医学领域带来一场革命。因此，正确的诊断和治疗应基于机体渐进发展过程的调控失调，并考虑到环境因素的影响。生物信息学的发展已给蛋白质组计划提供更方便有效的计算机分析软件；蛋白质组研究方法易于操作，具有快速、直观的特点。最近，Nature 及相关 Nature 生物领域杂志，Science⁽¹⁻³⁾，接连刊登和评论有关蛋白质组学的文章，表明了蛋白质组学成为后基因组学中的重要组成部份的地位正在得到加强。

肿瘤学是与蛋白质组研究相对应的一个领域。对一个特定细胞基因组表达的所有蛋白质进行质量和数量分析，可确定全部蛋白质表达谱。结合功能蛋白质组的研究，依托大规模二维电泳和质谱分析的体系，可以寻找新的关键分子，并研究生物大分子相互作用。Robison⁽⁴⁾等用蛋白质组分析的方法鉴定了 UVB 诱导的黑色素瘤细胞系在不同阶段蛋白质表达模式，获得了有意义的启示。蛋白质组研究是人类攻克肿瘤的主要途径之一。国内外应用蛋白质组学的研究方法研究人类肝癌和肝肿瘤细胞刚刚开始^(5,6,7)，还未涉及应用蛋白质组学的研究方法研究肝癌肿瘤细胞转移过程中关键分子。该项目的科学意义在于可以发现肝癌转移相关调控基因和相关功能基因蛋白产物、与其它蛋白或核酸的联系网络，以及

观的特点。最近，Nature 及相关 Nature 生物领域杂志，Science ；按连刊登和评论有关蛋白质组学的文章，表明了蛋白质组学成为后基因组学中的重要组成部份的地位正在得到加强。

肿瘤学是与蛋白质组研究相对应的一个领域。对一个特定细胞基因组表达的所有蛋白质进行质量和数量分析，可确定全部蛋白质表达谱。结合功能蛋白质组的研究，依托大规模二维电泳和质谱分析的体系，可以寻找新的关键分子，并研究生物大分子相互作用。Robison⁽⁴⁾等用蛋白质组分析的方法鉴定了 UVB 诱导的黑色素瘤细胞系在不同阶段蛋白质表达模式，获得了有意义的启示。蛋白质组研究是人类攻克肿瘤的主要途径之一。国内外应用蛋白质组学的研究方法研究人类肝癌和肝肿瘤细胞仅刚刚开始^(5,6,7)，还未涉及应用蛋白质组学的研究方法研究肝癌肿瘤细胞转移过程中关键分子。

该项目的科学意义在于可以发现肝癌转移相关调控基因和相关功能基因蛋白产物、与其它蛋白或核酸的联系网络，以及它们在转录、翻译调控中的作用。为确定肝癌转移的预测指标和新的治疗靶点提供理论和实践基础，有利于恶性肿瘤—肝癌的防治。

1. Pandey A and Mann M: Proteomics to study genes and genomes. Nature, 2000, 405, 837
2. Robert, F: Proteomics, can Celera do it again?, Science, 2000, 287, 2136
3. Schiermeier Q, Centralized German research centres will compete for funds. Nature 1999, 402, 450.
4. Robinson ES, et al: UV-induced melanoma cell lines and their potential for proteome analysis: a review, J. Exp. Zool, 1998, 282(1-2):48-53.
5. Yu LR et al: Two-dimensional gel electrophoresis analysis of the proteomes expressed in the human hepatoma cell line BEL-7404 and normal liver cell line L-02, Chinese Science Bulletin 2000, 45, 1113-1122.

用蛋白质组学的研究方法研究人类肝癌和肝肿瘤细胞仅刚刚开始^(5,6,7)，还未涉及应用蛋白质组学的研究方法研究肝癌肿瘤细胞转移过程中关键分子。该项目的科学意义在于可以发现肝癌转移相关调控基因和相关功能基因蛋白产物、与其它蛋白或核酸的联系网络，以及它们在转录、翻译调控中的作用。为确定肝癌转移的预测指标和新的治疗靶点提供理论和实践基础，有利于恶性肿瘤—肝癌的防治。

1. Pandey A and Mann M: Proteomics to study genes and genomes. Nature, 2000, 405, 837
2. Robert, F: Proteomics, can Celera do it again?, Science, 2000, 287, 2136
3. Schiermeier Q, Centralized German research centres will compete for funds. Nature 1999, 402, 450.
4. Robinson ES, et al: UV-induced melanoma cell lines and their potential for proteome analysis: a review, J. Exp, Zool, 1998, 282(1-2):48-53.
5. Yu LR et al: Two-dimensional gel electrophoresis analysis of the proteomes expressed in the human hepatoma cell line BEL-7404 and normal liver cell line L-02, Chinese Science Bulletin 2000, 45, 1113-1122.
6. Zeng R et al: Identification of two-dimensional electrophoresis-separated proteins in human hepatoma cell by electrospray ion trap mass spectrometry. Chinese Science Bulletin 2000, 45, 1509-1514,
7. Yu LR et al: Identification of differentially expressed proteins between human hepatoma and normal liver cell lines by two-dimensional electrophoresis and liquid chromatography-ion trap mass spectrometry, Electrophoresis 2000, 21, 3058-3068

基金申请书的写作思路

2、研究目标

- 是标题的进一步的具体化
- 研究对象、研究方法、成果和应用的高度概括
- 不是研究内容的阶段性成果的罗列
- 常用一、两句话表达

以上内容仅为本文档的试下载部分，为可阅读页数的一半内容。如要下载或阅读全文，请访问：<https://d.book118.com/048065055107006141>