

文部科学省科学研究費新学術領域研究 『生命科学系3分野支援活動』

ゲノム支援



支援課題の公募要項

本公募は来年度の活動に関するものですので、本来は予算等の決定後に行うべきですが、できるだけ早く支援活動を開始するために事前にお知らせするものです。まだ未確定なところもあり、今後内容に変更があるかもしれませんので、この点ご承知おきください。(2011年3月1日)

新学術領域研究「ゲノム支援」は、次世代型のゲノム解析システムを開発・整備し、これを活用したゲノム情報の取得や情報学的解析により様々な生命科学を支援します。この過程でゲノム解析システムをさらに向上させるとともに、我国におけるゲノム科学のすそ野拡大とピーク作りの両方を進めることをミッションとしています。この支援にふさわしい課題を公募します。

1. 支援の対象となる研究課題

今回の支援課題の公募は、2011年度文部科学省・科学研究費補助金(新規・継続)に採択されている研究課題を対象とします。当初計画と密接に関連したものであって、本ゲノム支援活動により、当初の計画を上回る重要な研究成果を得ることが期待でき、その結果、我国のゲノム科学自体の発展を促すことにもつながるような支援申請を優先します。したがって、支援の申請内容が科研費の研究当初計画に含まれていることは必要ありませんが、密接に関連することは必須です。なお、単純なアウトソーシングで対処可能なものは、支援の優先順位は低いと考えます。

科学研究費のすべての研究種目を対象とし、その研究課題の研究代表者あるいは研究分担者からの申請を受け付けます。その際、個人・機関からの応募件数の制限はありませんし、科研費の“重複応募制限”とも無関係です。また、本支援活動は、新学術研究「ゲノム支援」に配分された科研費で、「ゲノム支援」班員が(もちろん支援依頼者と協議の上で)行うもので、支援依頼者に研究費を配分することはありません。

2. 支援対象課題の選定

支援課題の選定は、「ゲノム支援」領域外の有識者と班員から構成される支援審査委員会で行います。審査では、申請支援内容が、単なる解析作業のアウトソーシングではなく、研究的要素を多く含むゲノム領域の学術研究として相応しいか、必要経費も含め支援が実行可能かどうか、人材/分野育成の要素が含まれるか等の項目を検討します。ゲノム医学支援については、倫理面も含めて検討します。支援の対象に選ばれた課題については、申請者に通知するとともに、「ゲノム支援」のホームページから公開します。支援課題の選定の過程で知り得た情報は選定目的のみに使用します。審査委員の氏名は、翌年度に公表します。なお、支援活動は、支援依頼者と支援担当研究者の共同作業として進めたいと思いますので、具体的な支援内容は、担当者との協議により決定させていただきます。

3. 支援によりえられた研究リソースとデータの公開、共有

研究の結果得られるデータ量が規模化してくると、個々の研究者が解析するだけでなく、研究コミュニティ全体で共有することにより有効活用が図れます。したがって「ゲノム支援」では、一定期間経過後にデータベースやリソースバンク等を通じた研究成果の共有化を図りたいと考えます。

- 支援活動により得られた解析結果は、論文・データベースなど適切な方法で公表してください。塩基配列データについては、適切なデータベースに登録・公開することとします。またライブラリなどの研究リソースは、論文発表後、研究コミュニティへの配布体制の整備、レポジトリへの登録等により、公開することとします。
- 個人ゲノム情報を含まない塩基配列データは、支援依頼者に提供すると同時に、DDBJ(DNA Databank of Japan、<http://www.ddbj.nig.ac.jp/>)あるいはDDBJが運用するDRA(DDBJ Read Archive、<http://trace.ddbj.nig.ac.jp/dra/index.shtml>)(新型シーケンサーのデータ)に仮登録します。そして、論文発表後は直ちに、未発表の場合は事前に協議した時期(支援終了後原則として1年以内)に公開することとします。
- 個人ゲノム情報についても、その質に応じた適切な個人情報の保護の仕組みの下で、研究コミュニティでの共有を図ります。その詳細については、ゲノム医科学推進支援活動の要領をご覧ください。
- より高度な情報解析システムの開発研究のため、支援依頼者と相談の上で適切な手続きをとり、解析結果の活用をお願いすることがあります。詳しくは、情報解析支援活動の要領をご覧ください。

4. 支援申請にあたって留意していただきたい点

- 公募による支援課題の選定は年度ごとに行いたいと考えています。したがって、原則として、支援依頼内容は単年度で実施可能なものとなるように注意してください。また、なるべく多くの課題の支援を可能にするために、不必要に過大な内容の申請は避けてください。なお、支援課題として採択された場合でも、翌年度にさらなる支援の申請を行うことは可能です。(したがって、現在、支援課題として採択されている課題の再申請も可能です。)
- 支援活動は、支援依頼者と支援担当研究者の共同作業とお考えください。したがって、送付された試料が量的、質的に解析に不向きな場合には、中止、再調製等について支援担当グループと協議していただきます。また、支援活動により得られた研究成果について、支援担当者への迅速なフィードバックをお願いします。それは、支援活動の質の向上にも重要です。そして、一層の研究の展開を図るための追加の解析の依頼についても、支援担当者にご相談ください。
- 大型ゲノムの新規配列決定など、支援をする側にとってもチャレンジングな課題についても挑戦したいと考えています。しかし、そうした課題の数は限られるものとなることをご了解ください。また、このような場合は基本的に「共同研究」として進めたいと考えます。
- 「ゲノム支援」活動に配分された研究費には限りがあり、希望のすべてに応えることはできません。少しでも多くの課題を支援するために、依頼者に消耗品などの一部負担をお願いすることがあります。
- 支援に当たっては最善の努力を払いますが、不慮の事故も含め、成功を保証するものではありません。また、当初に期待したとおりのデータが得られない場合があることをご了解下さい。支援グループから提供するデータや研究用リソースの内容について、必ず支援依頼者側で最終的な確認をして下さるようお願いいたします。

5. 募集期間

2011年度第1回の募集期間:2011年4月1日(金)から4月25日(月)

注)可能であれば第2回の公募を行いたいと考えています。しかし、今回の公募により開始する支援活動に必要な経費の規模によっては、第2回の公募ができなくなる場合もあります。

6. 支援の開始時期

公募締め切り後、審査委員会による順位決定と支援実施担当者との支援内容の協議を経て、7月初旬に支援範囲を最終決定する予定です。これ以降、支援実施担当者と打ち合わせに基づき支援を開始します。

進む

[\[ホーム\]](#)

ゲノム支援



大規模ゲノム情報生産支援活動

1. 支援内容

以下の項目について、いずれかまたは組み合わせで実施が可能です。なお、シーケンサの選択、目標とする配列決定の精度等は、依頼者と支援担当者の協議の上で決定します。

A. ゲノム配列解析

- 新型シーケンサによる配列決定
 - ゲノム配列の新規シーケンスまたは再シーケンス(再シーケンスには、Sequence Capture法などによる部分ゲノム再シーケンスも含む)
 - メタゲノム解析(メタ16S rRNA解析を含む)
 - エピゲノム解析(メチル化解析、ヌクレオソーム解析等)
 - ChIP-seq解析
- その他
 - BAC/fosmidライブラリの末端配列決定
 - 個別クローンの全配列決定(BAC/fosmidクローンに限ります)

B. トランスクリプトーム解析

- 新型シーケンサによるRNA-seq解析
- ESTライブラリの末端シーケンス決定(完全長ライブラリ以外は、支援依頼者側で構築したものを対象とします)

C. ライブラリ作製

- BAC/fosmidライブラリ作製
- Sheared FOSMIDライブラリ作製
- オリゴキャップ法による完全長cDNAライブラリ作製

2. 支援の要件

A. ゲノム、トランスクリプトーム解析

1. 個人情報や倫理に関する配慮が必要な医学材料の解析は、ゲノム医学支援活動を窓口として行います。
2. 病原性微生物(BSL2以上またはそれに準ずるもの)、毒性、感染性をもつ可能性がある試料の解析については、実施にあたり、支援担当グループとの協議を行っていただきます。
3. 配列決定に用いるDNA試料の調製は、原則として支援依頼者側で実施していただきます。解析に必要なDNA量とその質については、支援担当グループと協議していただきます。例えば、ChIP-Seq解析については、既知のタンパク質結合領域について、4-8倍程度以上のDNAの濃縮がreal time PCRで確認されていることが必要です。送付された試料が量的、質的に解析に不向きな場合には、中止、再調製等について支援担当グループと協議することとします。
4. RNA-Seq解析のためのRNA調整は、原則として依頼者側で実施していただきます。その後の、配列解析のための前処理については、支援担当グループと協議していただきます。なお、期待される転写産物が含まれていることのreal time RT-PCRによる確認などの、基礎的検討もお願いすることがあります。
5. ライブラリの配列決定には、原則としてクローンを送付してください。鋳型DNAの調整は支援側で行います。組換えDNA実験を含む場合には、「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」を遵守して支援を実施します。支援担当機関で実験許可を取得する必要がある場合は、その許可がおりた後に支援を実施することになります。
6. 得られた配列データは、支援依頼者に提供すると同時に、DDBJ(DNA Databank of Japan、<http://www.ddbj.nig.ac.jp/>)あるいはDRA(DDBJ Read Archive; <http://trace.ddbj.nig.ac.jp/dra/index.shtml>)に仮登録し、IDとパスワードを発行します。その結果、支援依頼者が解析結果にアクセス可能となり、DDBJが提供する解析ツールを用いた解析も可能となります。配列データの直接提供も可能ですが、必要なディスク類は支援依頼者側で準備していただきます。また、その場合でも、DDBJへの配列データの仮登録を、情報解析支援グループで行います。

B. ライブラリ作製

1. 構築後のライブラリは、出発材料も含めて支援依頼者に引き渡します。全ゲノム解読の一部である場合や末端配列決定が支援に含まれる場合には、全プロセス終了後に引き渡します。その際、MTA等への署名が必要となる場合もあります。
2. ライブラリ作製に必要な試料の種類と量の詳細について、支援担当グループとの協議をお願いします。
3. キット利用が可能なcDNAライブラリ作製等は支援の対象外とします。

3. 情報解析

大規模ゲノム情報生産支援活動では、波形や画像データからの配列データへの変換(ベースコール)と品質スコアの付記などの前処理、シーケンサに付属または支援活動拠点が保有する解析パイプラインを使用した定型的なマッピングやアセンブルなどの一次的解析までを行います。以後の、配列データの高度化(ギャップフィリングや高精度配列決定)、アノテーション、高度な統計処理などの個別研究的な要素が大きい事項については、希望に応じて共同研究として実施するか情報解析支援活動グループの班員を紹介します。

4. 研究リソースとデータの公開、共有

1. 支援活動により得られた塩基配列データは、適当なデータベースに登録し、論文発表後は直ちに、未発表の場合は事前に協議した時期(支援終了後原則として1年以内)に公開することとします。
2. 支援活動で構築したライブラリなどの研究リソースの、研究コミュニティへの配布、レポジトリへの登録等、リソースの共有活動は支援依頼者側での実施をお願いします。

[戻る](#)[進む](#)[\[ホーム\]](#)

ゲノム支援



ゲノム医学支援活動

1. 支援内容

以下の項目について、いずれかまたは組み合わせで実施が可能です。

- A. ゲノムワイド関連解析 (GWAS)
 - ゲノムワイドSNP タイピング (一次スクリーニング)
 - GWAS後の大規模2次スクリーニングあるいはreplication study
- B. 家系由来試料の連鎖解析
 - パラメトリック連鎖解析
 - モデルフリー連鎖解析 (罹患同胞対解析など。タイピングおよび一連の連鎖解析を含む)
- C. 大規模ゲノム再シーケンシング
超高速シーケンサを用いてexome/target sequence captureまたは全ゲノムを対象に大規模再シーケンシングを行い、希望に応じて、一次的な解析 (マッピング、SNV、short in/del の検出、variationの一覧など)、さらに、variationについてのfunctional annotationなどの医学・生物学的な解釈、統計学的解析などを実施します。
- D. 超高速シーケンサを用いたゲノム機能解析
 - RNA-seq解析
 - ChIP-seq解析
 - エピゲノム解析

2. 支援のための要件

- A. GWAS
検体提供者への説明同意文書、及び倫理審査委員会への研究計画書は、以下の記載すべき内容を取り入れた形で提出してください。このリストの内容を原則として反映していることが支援実施の条件になります。またゲノム支援では、説明同意文書の雛形を用意していますのでご利用ください。
 1. 記載すべき内容 (3月中旬に掲載予定)
 2. 説明同意文書の雛形 (3月中旬に掲載予定)

***すでに収集された資料を解析する場合**

本支援活動では、研究の結果を広く医学研究に役立てるために、データベースに登録し、個人の識別可能でない情報は一般公開とし、識別可能な情報は審査を経て承認された研究者において共有します (後者を「制限付きアクセス」と呼びます)。なお、こうした研究結果の公開・共有は、バイオサイエンスデータベースセンター (平成23年4月設置予定) を通して行います。このため、すでに取得された説明同意文書において、データベースにおける公開・共有が明記されていないものに関しては、あらためて所属機関の倫理審査委員会でデータの公開・共有について承認を得る必要があります。
- B. 家系由来試料の連鎖解析
説明同意文書は、通常の疾患遺伝子探索研究として取得してください。また説明同意文書内には、「研究を外部に依頼する等の場合には倫理審査委員会の審査を受け承認を得た上で行います」という旨を記載してください。なお、データベースへの登録は想定していません。
- C. ゲノムリシーケンシング
検体提供者への説明同意文書、及び研究計画書は、以下の記載すべき内容を取り入れた形で提出してください。このリストの内容を反映していることが支援実施の条件になります。またゲノム支援では、説明同意文書の雛形を用意していますのでご利用ください。

1. 記載すべき内容(3月中旬に掲載予定)
 2. 説明同意文書の雛形(3月中旬に掲載予定)
- *すでに収集された資料を解析する場合

「記載すべき内容」の項目を反映していない説明同意文書においては、再同意の取得をお願いしています。

2. 超高速シーケンサを用いたトランスクリプトーム解析

発現プロファイル解析は、本来、三省ゲノム指針の対象ではありません。しかし、例えば、次世代シーケンサを用いたトランスクリプトーム解析では遺伝子領域の配列情報がデータに含まれるようになるため、ゲノム配列解析に準じた扱い(検体提供者への説明と同意、倫理審査委員会の承認)をお願いします。

なお、支援の実施にあたり、支援実施者所属機関の倫理審査委員会の承認も必要であり、支援の実施は、その承認後になります。

3. データの公開と共有

<GWASデータについて>

A. サマリーデータ

支援活動によって得られた、SNP解析の結果について、頻度情報、統計解析結果などのサマリーデータは、バイオサイエンスデータベースセンター(平成23年4月設置予定)を通して公開します。

B. SNP解析データ

支援によって得られたサマリーデータ以外のSNP解析データについても、制限付きアクセスを条件に、バイオサイエンスデータベースセンターを通して他の研究者が共有できるようにします。共有できる内容は、SNPデータ、疾患名(あるいはコントロール)とします。共有に際して、所属機関の研究倫理審査委員会での審査承認が必要です。共有を可能とする条件は次の通りです。

1. 論文として発表された時点以降。
2. 論文として発表されていない場合、SNP解析データが依頼者に提供された時点から1年を経過した時点以降。

<ヒトゲノムシーケンスデータについて>

A. 頻度データ

支援活動によって得られたすべてのゲノム配列から、variationについて頻度情報を整理し、この情報をバイオサイエンスデータベースセンター(平成23年4月設置予定)上で公開します。

B. 日本人ゲノムの参照配列

支援拠点においては、支援活動によって得られたすべてのゲノム配列から、日本人ゲノムのコンセンサス参照配列の作成を進めます。この参照配列は、十分な数のゲノム配列が得られ、個人識別を可能にする情報は含まれないと判断される段階で、日本人ゲノム参照配列として公開します。

C. 個別配列情報

支援によって得られたゲノム配列を、制限付きアクセスを条件に、バイオサイエンスデータベースセンターを通して、他の研究者が共有できるようにします。共有できる内容は、ゲノム配列、疾患名(あるいはコントロール)とします。共有に際して、所属機関の研究倫理審査委員会での審査承認が必要です。共有を可能とする条件は次の通りです。

1. 論文として発表された時点以降。
2. 論文として発表されていない場合、ゲノム配列が依頼者に提供された時点から1年を経過した時点以降。

4. 支援の体制

1. 検体や解析に必要なデータは、支援拠点における解析を行う必要上、「連結可能匿名化」の状態を受け取ります。ただし匿名化の対応表は、依頼機関において適切に保管をしていただき、支援側では対応表は受け取りません。
2. 個人情報の保護が必要なシーケンシングは、生体認証によって入室管理が行われている場所に設置され、インターネット接続されていないシーケンサを使用します。データ解析については、入退室の管理が行われている部屋に設置された、インターネットに接続されていないコンピュータを使用します。
3. ヒトゲノム配列データについては、一定の管理体制*が整備している場合にのみ、画像・波形データを含めて、支援依頼者

に提供します。それ以外の場合は、サマリーデータのみを提供し、解析は支援拠点で行います。

※ヒトゲノム配列データの管理体制：個人ゲノムを解析する場合、入退室の管理が行われており、データ解析には、インターネット接続されていないコンピュータを用いる体制

[戻る](#)[進む](#)

[\[ホーム\]](#)



情報解析支援活動

1. 支援内容

支援依頼者自らが取得されたデータについての情報解析の支援を行うと共に、「大規模ゲノム」「ゲノム医科学」支援活動でのデータ取得の後の情報解析についても、情報解析支援活動としても、事前に協議したところまで協力します。

A. 一次的解析の支援

- 新型シーケンサによる概要配列決定: マッピング、アセンブル、大規模相同性検索、アノテーション
- 微生物ゲノム解析、病原性微生物ゲノム解析: アセンブル、大規模相同性検索、アノテーション、大規模系統解析
- メタゲノム解析(メタ16S rRNA解析を含む): メタゲノム遺伝子予測、大規模相同性検索、アノテーション、大規模系統解析
- 比較ゲノム解析: 自動オーソログ抽出、ゲノムアラインメント
- ゲノム再シーケンス、多型解析
- ChIP-seq解析: マッピング、領域&ピーク検出

以上のすべての解析は、一般的に利用可能なソフトウェア(学術論文として公表され、パブリックドメインで提供されており、GNU-GPL下またはフリーソフトウェアライセンス下で無償利用可能なもの)を既定のパラメータで使用する解析です。

B. より高度な情報解析支援

- 一次解析を大規模に実施する場合や、複数のソフトウェアを組み合わせて実施する情報解析については、支援依頼者の要望に応じ解析パイプライン構築の支援を行います。
- 大規模相同性検索、アセンブル、遺伝子予測、マッピングなどのために新たにソフトウェア開発を必要とするもの、高度な配列解析、高精度アノテーション、解析結果の統計処理など、個別研究的な要素が大きい場合は、希望に応じて情報解析支援活動グループの班員との共同研究を紹介します。ただし、課題によっては、適切な研究者を紹介できない場合もあることを御承知ください。

2. 支援のための要件

1. 個人情報や倫理に関する配慮が必要な支援は、[ゲノム医学支援活動](#)と連携して行います。
2. 大規模ゲノム情報生産支援により得られた配列データは、DDBJ(DNA Databank of Japan、<http://www.ddbj.nig.ac.jp/>)へ仮登録します。なお、DDBJへの配列データの受け渡しは、情報解析支援グループが直接行います。
3. 依頼者が独自に生産した配列データの解析支援を行う場合、波形や画像データからの配列データへの変換(ベースコール)と品質スコアの付記などの前処理は依頼者側で行っていただきます。データ授受の際必要となるディスク類は支援依頼側で準備していただきます。また、データが量的、質的に解析に不向きな場合には、中止、再実験等について再協議することとします。

3. データの公開、共有

1. 支援活動により得られた解析結果は、論文・データベースなど適切な方法で公表してください。
2. より高度な情報解析システムの開発研究のため、支援依頼者と相談の上で適切な手続きをとり、解析結果の活用をお願いすることがあります。

[戻る](#)[進む](#)[\[ホーム\]](#)

文部科学省科学研究費新学術領域研究 『生命科学系3分野支援活動』

ゲノム支援



支援申請の方法

1. 申請者情報の入力

申請者(グループ代表者)の情報を、支援申請WEB画面から入力して下さい。その後、電子メールにてIDとパスワードの取得方法をお知らせいたします。以後はIDとパスワードでログイン後に、申請内容の入力、修正、申請結果の確認などが行えます。

2. 科研費情報の入力

支援申請内容に強く関係する科研費採択課題に関する情報をWEB画面から入力して下さい。その項目は、すべて「科学研究費補助金データベース (<http://kaken.nii.ac.jp/>)」から公開されるものです。また、個人のゲノム情報が含まれる等、倫理審査委員会による審査が必要な支援申請の場合は、「該当あり」にチェックを入れてください。

3. 支援内容概要の入力

支援依頼課題の対象となる生物種の情報、希望される支援の具体的な内容の情報について、可能な範囲で、WEBページ上で選択・記述してください。

4. 申請書のアップロード

支援申請内容に強く関係する科研費研究課題の概要と支援希望の内容を記入した申請書をアップロードしてください。科研費課題概要については当該科研費研究計画調書に記載した研究目的等を2ページ程度、研究業績を1ページ以内で記述して下さい。支援希望の内容については、(1)「ゲノム支援」活動による支援を希望する具体的な内容、(2)「ゲノム支援」の結果、どのような研究の展開が期待できるか。そのための研究計画と研究体制、(3)ゲノム科学、ゲノム医学研究としての支援申請内容の重要性と国内外の研究状況、(4)支援を受けるための材料等の準備状況、を2ページ程度で記述して下さい。なお、支援申請にあたり、「大規模ゲノム情報生産・研究リソース構築支援活動」、「ゲノム医科学推進支援活動」、「情報解析支援活動」の区分を考える必要はありません。

・支援申請書

5. 研究計画書、説明同意文章のアップロード(4で該当ありにチェックした場合)

個人のゲノム情報が含まれる等、倫理審査委員会による審査が必要な研究課題で、すでに機関承認が得られている場合は、(1)研究計画書、(2)説明同意文書(インフォームドコンセント)、(3)許可書をアップロードしてください。申請予定の場合は、予定している(1)研究計画書、(2)説明同意文書をアップロードしてください。なお、「ゲノム支援」では、説明同意文書のモデル書式(説明文書、及び、同意文書)を用意しており、ダウンロードが可能です。また、これらの書類は審査のみに使用し、他の目的には使用しません。

6. 申請内容の確認

申請内容を確認し、終了して下さい。申請内容の閲覧が可能になります。以後、修正も可能です。

2011年度第1回の募集期間:2011年4月1日(金)~4月25日(月)

[戻る](#)[申請する](#)[\[ホーム\]](#)