## 2023年4月10日 2023年度先進ゲノム支援公募説明会

# 支援の全体的な説明

国立遺伝学研究所 森宙史 Hiroshi Mori



文部科学省科学研究費助成事業 学術変革領域研究「学術研究支援基盤形成」 先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム

### 公募要項について (方針等) https://www.genome-sci.jp/guidance

先進ゲノム支援では、最先端のゲノム解析及び情報解析技術を開発・整備し、多様な<u>科研費課題</u>に提供して支援することにより、我が国のゲノム科学ひいては生命科学のピーク作りとすそ野拡大を進めることを使命としています。本公募はそのような支援に相応しい<u>科研費課題</u>を募ります。

2023年度に文部科学省科学研究費助成事業(科学研究費補助金・学術研究助成基金助成金)の助成を受けている研究課題を対象(2023年度新規・継続課題)研究代表者、研究分担者のどちらでも申請可能

特に女性研究者および若手研究者、ゲノム科学研究を新たに開始する研究者からの応募を期待します。審査の結果が同程度の場合、これらの方々からの応募課題及びこれまで「先進ゲノム支援」による支援を受けていない研究者による課題を優先します。

支援に必要な経費は先進ゲノム支援で負担しますが、 できるだけ多くの支援をするために支援依頼者に一部実費負担をお願いする場合があります。

募集期間: 2023年4月11日から2023年5月9日正午まで

### 支援できる内容

https://www.genome-sci.jp/design 2022年度採択課題リスト https://www.genome-sci.jp/adoptedlist2022

次世代シーケンサーやシングルセル解析・空間トランスクリプトーム解析装置等 を駆使した多様な技術による支援を実施します。

- 新規ゲノム解析 (ヒト以外の動物、植物、微生物)
- 変異解析 (SNP、CNV、SV、ハプロタイプ決定等)
- 修飾/エピゲノム解析 (ChIP-seq、メチル化、ATAC-seq、Hi-C等)
- RNA解析 (RNA-seq、Iso-seq等)
- メタゲノム・環境・ホロゲノム解析 (MAG解析、long readメタゲノム等)
- ・ シングルセル解析 (モデル生物のscRNA-seq解析、一部他の生物も)
- ・ 空間的オミックス解析 (空間トランスクリプトーム解析)
- 情報解析

#### 支援解析機器類等

- DNAシーケンサー(ショートリード): Illumina NovaSeq6000、HiSeq2500、MiSeq、iSeqなど
- DNAシーケンサー(ロングリード): PacBio Sequel II/Sequel IIe、

Nanopore MinION/GridION/PromethION、MGI T7/G400など

- シングルセル解析: 10X Genomics Chromium、Standard BioTools C1 Systemなど
- 空間的オミックス解析: 10X Genomics Visium、Xenium、PhenoCycler(CODEX)など

### 支援対象課題の選定

https://www.genome-sci.jp/guidance

支援課題の選定は、「先進ゲノム支援」<u>領域外</u>の専門家から構成される支援審査委員会で行います。

- 科研費課題の当初計画と密接に関連したものであるか
- 科研費課題そのものの支援ではなく、支援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るか
- 受託解析サービス等の利用ではなく、本支援活動による支援が必要であるか
- ゲノム科学としての先進性があるか
- 技術的および必要経費面で支援が実行可能か

審査委員会による書面審査の後、支援候補課題の技術ヒアリング調査を行い、支援対象課題を選定。 審査は原則として申請時に希望した<u>対象区分と主要技術区分</u>の組み合わせごとに行います。

対象区分 : ヒト、動物1(マウス)、動物2(マウス以外)、植物、微生物、情報

主要技術区分 : 新規ゲノム解析、変異解析、修飾/エピゲノム解析、RNA解析、

メタ・環境・ホロゲノム解析、シングルセル解析、空間的オミックス解析、情報解析

- ・シングルセル解析では、単なる細胞クラスタリング等では先進性が乏しいと判断されます。
- ・RNA-seq解析やシングルセル解析、空間的オミックス解析などでは、リファレンスゲノムの整備状況について詳細に回答を頂きます。
- •10X Xeniumは新規の技術となるため、今年度は比較的少数の依頼者を対象とした試行的な限定運用となります。

### 申請書について

申請書様式は https://www.genome-sci.jp/guidance からwordファイルをダウンロードできます。

- 科研費課題の研究目的(概要)
- 支援希望内容
- 支援を希望する理由等 ①-⑥項目
  - ①科研費研究課題における当初の研究計画との関連と、これに加えて支援を希望する 理由
  - ②本支援の結果、科研費研究課題の当初計画に加えてどのような研究の発展が期待できるのか、及びそのための研究計画と研究体制
  - ③受託解析サービス等の利用ではなく「先進ゲノム支援」活動による支援を希望する 具体的な理由
  - ④ゲノム科学研究としての支援申請内容の先進性と国内外の研究状況
  - ⑤支援を受けるための材料等の準備状況、支援結果活用のための準備状況
  - ⑥過去の「先進ゲノム支援」による支援の有無(昨年度の支援および第1期の支援)
- <u>科研費課題の研究目的(大元の科研費の研究計画調書の内容そのままで大丈夫です)</u>
- 研究業績

### 支援により得られたデータの公開、共有

https://www.genome-sci.jp/guidance

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。

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)あるいはDRA(DDBJ Sequence Read Archive)に登録します。 論文発表後は直ちに公開、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、手続きにより延長可能)に公開します。

個人ゲノム情報についても、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。統計値など個人の識別可能でない情報は一般公開として広く研究者に提供し、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「制限公開データ」と呼びます。共有は論文発表後など一定期間後になります)。これらのデータの公開・共有は、JSTのNBDC事業推進部内のNBDCヒトデータ制限公開データベース (JGA)を通して行います。

### ヒト由来試料を扱う研究の倫理関連について

先進ゲノム支援でヒト由来試料について支援を行いNBDCヒトデータ制限公開データベース (JGA)に登録して制限公開を行うためには、いくつか手続きが必要です。

個人情報の保護に関する法律(以下、「個情法」という。)および人を対象とする生命科学・医学系研究に関する倫理指針(以下、「研究倫理指針」という。)等に沿った適切な倫理面の対応が必要です。

「先進ゲノム支援」では2022年4月1日に施行された、改正個情法ならびに改正研究倫理指針を踏まえ、ヒト由来試料を用いるゲノム解析研究のための「説明文書および同意文書のモデル書式」等を改訂し提示していますので、ご利用ください。

https://www.genome-sci.jp/ethic

#### ヒト由来試料を扱う研究の支援申請時には、支援申請書に加えて

- (1)「倫理関連書類チェックシート」
- (2)「倫理審査申請書」、および「研究実施計画書」
- (3)「インフォームドコンセントの説明文書」および「同意文書」および「同意撤回文書」
- (4)「倫理審査委員会からの承認書」、および「機関の長からの許可書」の提出が必要になります。

### ABS (Access and Benefit Sharing)について

https://www.genome-sci.jp/ethic

解析試料が外国に由来する場合、生物多様性条約及び名古屋議定書に基づく由来国の法令などに則って取得することが必要です。

大原則として条約発効日の1993年12月29日以前からその試料の提供国(=その試料の「起源となる国」)の国外で「研究」に利用されている場合、あるいは条約発効日前から「研究用」に日本に持ち込まれていたサンプルやその子孫の場合は対象になりませんが、それ以降の場合はABS対応(確認・調査)が必要です。

ABS対応が行われていない場合、論文発表やデータベース登録ができなくなる恐れがありますので、先進ゲノム支援での解析は行なえません。

### 「日本で生まれたもの」#「日本由来」

その遺伝資源の大元がいつ日本に入ってきたかが重要です。 申請者が入手したものが日本生まれであっても、ABS対象になる場合があります。

申請前の確認も可能です。 お気軽に遺伝研ABS学術対策チームまでお問合せください。



申請システムでは、各支援依頼内容の入力時にABSに関する設問にご回答いただきます

### 支援申請にあたりご留意頂きたい点1

https://www.genome-sci.jp/guidance

- 少しでも多くの課題を支援するために、依頼内容の一部変更や、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。
- 選考時に決定した支援内容を超える追加解析が必要となった場合は、原則として支援依頼者の実費負担とします。
- 「先進ゲノム支援」の活動は年度単位であり、支援依頼内容は単年度で実施できるようにしてください。8月の採択決定後、12月までに試料を提供して下さい。倫理委員会等における承認手続きが必要な場合は、10月末までに承認が必要になります。
- 支援を担当するシーケンス拠点に試料を送付する際に、公共の塩基配列レポジトリへのデータ登録に必要なサンプルのメタデータも必ず併せて提出して頂きます。
- 配列決定に用いるDNA/RNA試料の調製やシーケンシングライブラリの作製は、 原則として支援依頼者側で実施していただきます。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 プとの協議となります。

### 支援申請にあたりご留意頂きたい点2

https://www.genome-sci.jp/guidance

- 支援活動は、支援依頼者と支援担当者の研究者間の共同作業として進めます。
- 支援担当者の貢献の度合いにより、共著者とする共同研究の形や謝辞に記載する形等、必要に応じ事務局も交えて協議の上、適切な対応をお願いします。
- 本支援活動では情報解析人材育成が特に重要視されています。また情報解析 は多大な手間がかかりますので、情報解析支援メンバーによる支援は共同研 究の形でお願いします。
- 支援結果を含む論文等の成果を発表された場合は、速やかに支援事務局まで ご連絡下さい。また事務局では定期的に成果の発表状況調査を実施し、成果 報告書の提出を毎年度お願いしております。
- 論文発表に際しては、「先進ゲノム支援」の支援を受けている事を記載して下さい。「先進ゲノム支援」の英語表記は、JSPS KAKENHI Grant Number 22H04925 (PAGS)です。
- 支援活動の実施は、最善を尽くし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。

https://www.genome-sci.jp/point

支援課題は必ず科研費課題に基づく必要があります。科研費課題から大きく逸 脱する課題は支援する事ができません。

例:科研費課題の研究が「新たに単離した細菌のゲノム解読を基盤とした研究」であるにも関わらず、支援課題として「真核細胞のChIP-seq&RNA-seqによるエンハンサー解析」という場合は支援をすることは困難です。

科研費課題内の当初計画自体の支援や計画していた解析の単なる拡大ではなく、科研費課題を発展させる支援課題の申請をお願いします。

例1:科研費課題では、マウスのRNA-seqを20サンプル解析する計画だったが、そのうち 10サンプルは自分で、残りの10サンプルを先進ゲノム支援で解析してほしい。

→ 科研費課題の計画そのものであり、支援する事はできません。

例2:科研費課題では、マウスのRNA-seqを20サンプル解析する計画だったが、新たに10サンプルを先進ゲノム支援で解析してほしい。

→ サンプルサイズを増やせば検出力が向上するのは全ての研究で共通であり、それだけでは他の研究との差別化は困難です。10サンプル追加することで、科学的にどのような発展が見込めるのか、を明確に記述して下さい。

### 申請のポイント2

https://www.genome-sci.jp/point

- 科研費課題内の当初計画自体の支援や計画していた解析の単なる拡大ではなく、科研費課題を発展させる支援課題の申請をお願いします。
   例:科研費課題は、ある大型真核生物の特定の遺伝子の機能に着目した研究である。
   その生物のゲノム情報が公開されていないので、研究のインパクトを上げるためにゲノムを解読したい。 →単にゲノムを解読する、ではなく、ゲノム解読した結果得られた情報をどのように活用し、科研費課題を発展させるのかを明確に記述して下さい。
- 新規ゲノム解析など、対象とする生物種のゲノムサイズや倍数性などは、事前に解析し可能な限り具体的に記述して下さい。どうしても不明な場合は、近縁種のゲノム情報で代替するなど検討して下さい。
- 希望するサンプルの数やシーケンス量、ライブラリの種類など、参考となる論文を参照するなどして、可能な限りそれらの具体数を記述するようにして下さい。
- サンプルは支援期間中に準備可能なのか、解析に資するサンプルは技術的に 調整可能なのか、など事前の準備状況を明確に記述して下さい。

### 今年度のスケジュール

https://www.genome-sci.jp/guidance

募集期間: 2023年4月11日から2023年5月9日正午まで



書面審査



支援内容の詳細の聞き取りと協議(ヒアリング): 7月下旬(7/21-24



を予定)

採択決定後の支援開始時期: 2023年9月上旬頃

支援開始時に支援の進め方等についてオリエンテーションを行います。 申請者あるいは実務担当者の出席が必須になります。

支援申請は、

https://www.genome-sci.jp/ から可能

### 支援申請の流れ

昨年度の申請および、2016年度以降の「先進ゲノム支援(第1期)」の申請で発行されたIDとパスワードをお持ちの方は、今年度の申請においても継続してそのアカウントを使用してください。必ず最初に研究者情報の確認・修正を行ってください。

公募要項、申請のポイント以外にも FAQ

https://www.genome-sci.jp/faq\_public 昨年度の公募説明会での質問と回答 https://www.genome-sci.jp/session20220513faq をぜひ最初にご一読ください。

#### https://www.genome-sci.jp/guidance

01 公募要項の確認・同意

公募要項を確認する

公募要項をご確認ください。 また、上記「申請に際してのポイント」、「FAQ」「倫理、ABS、データ登録」についてもご確認ください。

**四** 研究者登録(申請用研究者情報入力)

新規研究者登録

□図 本人確認Eメールの自動送信

メールが届かない場合は、迷惑メールフォルダもご確認の上、 お問い合わせフォームからお問い合わせください。

🔼 Eメール内に記載のURLクリック

URLの有効期間は72時間です。 72時間以内にクリックして下さい。

□5 登録完了Eメールでパスワード通知

\*パスワードを忘れた方は再発行が可能です。

「支援申請書」様式のダウンロード

2023年度支援申請書様式

・2023「先進ゲノム支援」支援申請書様式 (word) ・(入力準備用)2023web申請システム入力項目一覧 (excel)

\*第1期で研究者登録頂いている場合は再登録不要で

同じ研究者番号での2重登録はできません。 \*ログインID. パスワードが不明の場合は、お問い合

わせフォームよりお問い合わせください。

\*フォルダ内に、webシステム内における支援依頼項目の

入力項目の一覧excelが同梱されています。事前にご確認

倫理関連書類チェックシートのダウンロード ヒト由来試料を用いた研究の場合はチェックシートの 提出が必須です。ゲノムだけでなくRNA解析や 腸内細菌解析なども含まれます。

- ・倫理関連書類チェックシート(word)
- く参考資料
- ・記載すべき内容のリスト【2023年度版】(excel)
- ・同意説明文書のひな形【2023年度版】(word)

substitution 
「支援申請書」の作成(PDF形式で保存)

\*ヒト由来試料を用いた研究の場合は、「倫理関連書類チェックシート」、「倫理審査委員会審査資料」も用意 (PDF形式で保存してください)

□□ 申請システムログイン

※期間中は何度でも修正可能。

ご準備ください。

HPトップ画面の「依頼者マイページ」ログインからもログインできます。
\*途中、一時保存も可能です。

申請システムログイン

10 申請システムから研究費の情報、希望する支援技術の入力

\*申請書様式のフォルダ内に、「web申請システム入力項目一覧(excel)(入力準備用)が同梱されています。 内容はそちらを参照いただき、回答を事前にご準備ください。

11 「支援申請書」および「倫理審査委員会審査資料」(PDF形式)のアップロード

12 受付完了Eメール自動送信

マイページトップ画面の支援申請一覧からも、申請受付状況および申請内容が確認できます。