

2025年4月10日

2025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

先進ゲノム支援 第2期

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、多様な科研費課題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科研費課題を募ります。

2025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(2025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: 2025年4月15日から2025年5月13日正午まで

支援できる内容

<https://www.genome-sci.jp/design>

2024年度採択課題154件のリスト

<https://www.genome-sci.jp/adoptedlist2024>

次世代シーケンサーやシングルセル解析装置、空間オミックス解析装置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 (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等)
- 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 NovaSeq X/6000、NextSeq 2000、MGI T7/G400、Element AVITIなど
- DNAシーケンサー(ロングリード) : PacBio Sequel IIe/Revio、Nanopore MinION/GridION/PromethIONなど
- シングルセル解析 : 10X Genomics Chromium/Chromium iX、Standard BioTools C1 Systemなど
- 空間的オミックス解析 : 10X Genomics Visium、Xenium、PhenoCycler (CODEX)、CosMx、AVITI 24 Teton、Canopy CellScape、Olink Reveal、Pixelgenなど³

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」領域外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対象区分と主要技術区分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。空間的オミックス解析においても、真の必要性が問われます。得られた結果を活用して新規知見を見出す具体的な計画が求められます。

・同一研究室・講座等から複数申請があった場合は、個々の研究者の独立性について審査で考慮する場合があります。支援が特定の研究室・講座・グループ等に偏ることがないように配慮する場合があります。

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）

- 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）
- 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、ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS) およびDDBJが協力運用するNBDCヒトデータベースを通して行います。

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ヒトデータベース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おります。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」(支援のwebサイトから書式をダウンロード可能です)
- (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。

(2-4)については、特に様式の指定はありませんのでご所属機関のフォーマットで結構です。

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必要があります。

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。

申請前の確認も可能です。

遺伝研ABS支援室までお問合せください。

https://idenshigen.jp/contactus/advice_request

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。申請時にはABS対応が完了していなくても構いませんが、採択された場合でも、支援開始はABS対策の完了後となります。

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。不必要に過大な内容の申請は避けてください。
- 特に、高額を経費を必要とするシングルセル解析、空間的オミックス解析については厳しく経費を査定することとなります。例えば、空間的オミックス解析において標準的な解析ではなくカスタムパネルを希望される場合などはその作成費を自己負担頂くなど、必要最低限を超える解析については依頼者に経費の一部負担をお願いすることがあります。
- 「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。
- 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。業者等への委託とは趣旨が異なります。具体的な支援の進め方は、担当者との協議により決定します。なお、審査の際には、支援側への協力体制についても考慮する場合があります。
- 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。
- 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。

申請のポイント1

<https://www.genome-sci.jp/point>
https://www.genome-sci.jp/faq_public

- 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>
https://www.genome-sci.jp/faq_public

- 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: 2025年4月15日から2025年5月13日正午まで



書面審査: 書面審査結果は7月上旬までにメールにて通知予定



支援内容の詳細の聞き取りと協議(ヒアリング): 7月中旬



採択決定後の支援開始時期: 2025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、4月15日からより

<https://www.genome-sci.jp/> から可能

支援申請の流れ

2016年度以降の「先進ゲノム支援」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/session20240410faq>

をぜひ最初にご一読ください。

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



ヒト由来細胞の取り扱い状況

本報告は、本学が所蔵するヒト由来細胞について、ヒト由来細胞の提供、人に対する使用、反社会的活動に関する倫理管理について、本学倫理委員会によって承認を受けた上で、倫理委員会による倫理審査が完了したものであること、併せて倫理委員会によって倫理審査が完了した倫理審査表の写しを、下記のとおり添付し、以下のチェック項目に入力して、いずれも必要事項を記載をお願いします。

倫理審査表の添付
倫理審査表の添付は、倫理審査表の添付欄に添付してください。

① 倫理審査表の添付状況について入力してください。

② 倫理審査表の添付状況について入力してください。①で入力した項目について、②で入力してください。倫理審査表の添付状況について入力してください。倫理審査表の添付状況について入力してください。

③ 「研究に倫理委員会の承認を得た」と入力した場合は以下の情報を入力してください。 (必須事項)

倫理審査表の添付
倫理審査表の添付は、倫理審査表の添付欄に添付してください。

④ 倫理審査表の添付状況について入力してください。

⑤ 倫理審査表の添付状況について入力してください。④で入力した項目について、⑤で入力してください。倫理審査表の添付状況について入力してください。倫理審査表の添付状況について入力してください。

⑥ 倫理審査表の添付状況について入力してください。⑥で入力した項目について、⑦で入力してください。倫理審査表の添付状況について入力してください。倫理審査表の添付状況について入力してください。

ヒト由来試料の対応状況

本欄には、本支援申請での解析対象がヒト由来試料かどうか、ヒト由来試料の場合、人を対象とする生命科学・医学系研究に関する倫理指針などの研究倫理指針の対象であって、倫理委員会における審査等承認手続きが必要となる場合と、市販の培養細胞のように倫理指針の対象外になる場合がありますので、どちらであるか、以下の該当するものにチェックを入れた上で、それぞれ必要な情報を記述、もしくは必要な書類を提出して下さい。

臨床研究法や研究倫理指針の適用範囲に含まれ、
倫理審査委員会による審査が必要な研究課題*

- 解析対象はヒト由来試料ではない⇒ 対応不要です。
- 解析対象はヒト由来試料を含み研究倫理指針の対象である※1 ⇒ ※1 の設問に回答してください。倫理審査関連書類チェックシートに記載の上、後半で必要書類を提出して下さい。
- 解析対象はヒト由来試料を含むが研究倫理指針の対象外※2である ⇒ ※2 の設問に回答してください

※1 「研究倫理指針の対象である」を選択した場合は以下の設問回答してください。（必須項目）

倫理審査の形式

支援により得られるデータを公開する際のデータ
アクセスレベルについて

- ☐ 多機関共同研究における一括審査
- ☐ 単機関での研究、もしくは、多機関共同研究であるが機関ごとの審査
- ※ 多機関共同研究の場合は、研究代表者と相談のうえ、選択してください。
- ☐ 非制限公開データ：誰しみが閲覧・ダウンロード可能な形での共有
- ☐ 制限公開データ：一定の利用者要件を満たした利用者のみがアクセス可能な形での共有

※2 倫理指針対象外は「既に学術的な価値が定まり、研究用として広く利用され、かつ、一般に入手可能な試料・情報」のみを用いる研究です。
この項目を選択した場合は以下の設問に回答してください。（必須項目）

倫理指針の対象外である理由

支援対象となるすべての試料についての情報（入手元情報、市販の培養細胞等の場合は試料を特定するカタログ番号等）

希望審查區分

[illegible]

- 主要技術区分のシーケンス解析には基本的な情報解析も含まれます。
 - すでにシーケンスデータをお持ちで、**情報解析の支援のみを希望される場合**は、対象区分「情報」＋主要技術区分「情報解析のみ」の組み合わせを選んでください。なお、その場合は、整理の都合上、支援希望内容にシーケンス解析を含めることはできません。
 - 申請内容に**VisiumやXeniumなどの空間的オミックス解析を含む場合**は主要技術区分は「空間的オミックス解析」を選択してください。
- 空間的オミックス解析を含まないがシングルセル解析を含む場合**は「シングルセル解析」を選択してください。

对象区分*

審査を希望する区分として、もっとも相応しいものを選択してください

- ☐ ヒト
- ☐ 動物1 (マウス)
- ☐ 動物2 (マウス以外)
- ☐ 植物
- ☐ 微生物
- ☐ 情報

「ヒト」を選択した場合は、「新規ゲノム解析」を選択することはできません。

「情報」を選択した場合は、シーケンシングを依頼することはできません。
シーケンシングと情報解析の両方を希望される場合は、「情報」以外から選択してください。

- ☐ 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、プロテオーム解析
- ☐ 情報解析のみ

[詳細](#)

[詳細](#)

[詳細](#)

[詳細](#)

[詳細](#)[詳細](#)[詳細](#)

[詳細](#)

商売を希望する対象区分および主要地域区分を漏れしてご下さい。

- ※ 主参加区分別のシークラス一覧には基本および追加料金が表示されます。
- ※ すでにシークラスデータをお持ちで、**情報照会**の**お問い合わせ**が選択される場合は、対象区分「**区分**」主参加区分「**区分**」の組み合わせが正しく入力してください。なお、その場合は、管理の画面上、登録希望の区分にシークラス名を入力するのではなくてください。
- ※ 区分内「**Venue or Platform**」の登録区分とシークラス名が同じ場合は主参加区分は「**登録区分**」とシークラス名を選択してください。
- ※ 登録区分とシークラス名をともに「**シングルセル**」を選択する場合は「**シングルセル**」を選択してください。

組織図	○ 社長
	○ 取締役（代表）
	○ 取締役（専任）（正社員）
	○ 取締役（兼務）（正社員）
	○ 監査役
役員	○ 会長
	○ 副会長
	○ 常務取締役
	○ 専任取締役
	○ 兼務取締役
役員候補者	○ 代表取締役候補者
	○ 取締役候補者
	○ 監事候補者
	○ 会長候補者
	○ 副会長候補者
役員候補者	○ 代表取締役候補者
	○ 取締役候補者
	○ 監事候補者
	○ 会長候補者
	○ 副会長候補者

他項する支店通日とその概要を、分かる範囲で入力してください。

※希望する支援項目とその概要を、分かる範囲で入力してください。
 記録情報は、現在、想定している量を入力してください。（最終的には支援率との算出で決定いたします。）
 ここでの情報は、依頼された支援の範囲の評価、必要経費の見積り等に活用しますので、ご協力をお願いします。

また、支援を希望する試料それぞれについて、外国由来試料への対応状況の確認を行います。
この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、先進国・国々での解析は行なえません。
できる限り詳細な回答をお願いします。

[illegible]

• 2008年10月

[ログイン/お問い合わせ](#)

希望する支援項目とその概要を、分かる範囲で入力してください。

試料数等は、現在、想定している量を入力してください。（最終的には支援側との協議で決定いたします。）

ここでの情報は、依頼された支援の技術的評価、必要経費の見積もり等に重要なので、ご協力をお願いします。

また、支援を希望する試料それぞれについて、外国由来試料への対応状況の確認を行います。

この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。
できる限り詳細な回答をお願いします。

入力方法

1. 希望される支援項目のチェックボックスをチェックすると、それに関する情報の入力画面が表示されます。
2. 複数の支援項目を希望される場合は、それぞれのチェックボックスをチェックしてください。各々についての情報の入力画面が表示されます。
3. 同じ解析技術（同じ支援項目）を複数希望される場合は、「追加」ボタンを押してください（「追加」ボタンはチェックボックスをチェックすると現れます。） 同様に削除も可能です。

※「情報解析」のチェックボックスは、審査区分で「情報解析のみ」を選択した場合のみ選ぶことができます。シーケンス解析に加えて情報解析も希望される場合は、各支援項目内にそれぞれ用意されている「情報解析の希望内容」欄に記載してください。

* 必須項目

支援項目 ※

- ☐ 新規ゲノム配列決定
- ☐ 全ゲノム再シーケンス
- ☐ エクソーム解析(ターゲットシーケンシングを含む)
- ☐ メタゲノム解析
- ☐ 菌叢解析(16S, 18S, ITSなど)
- ☐ メチル化解析
- ☐ ChIP seq
- ☐ ATAC seq
- ☐ Hi-C解析
- ☐ RNA seq
- ☐ シングルセル解析
- ☐ 空間的オミックス解析、プロテオーム解析
- ☐ 情報解析
- ☐ その他

申請システムにおける支援内容の詳細情報入力項目

新規ゲノム配列決定	入力欄	入力に当たっての注意事項など									
対象生物分類 *		(プルダウンから選択)									
生物種名(学名) *		支援依頼サンプルが複数種類ある場合は、「支援項目」選択画面で同じ支援項目を複数「追加」し、それぞれ個別に入力してください。	(ここでは、「新規ゲノム配列決定」の入力欄のセット (2行目～22行目まで) をコピーして、入力情報をご準備ください。)								
生物種名(和名) *											
系統名 *	生物種名 ・系統名 (例：マウス・C57BL/6J系統、シロイヌナズナ・Col-0系統、ヒト・HeLa細胞、ヒト・日本人 など)	? 「ヒトも自国の遺伝資源である」という国内法を持つ国もあるため、ヒト臨床検体、ヒト培養細胞の場合は国籍にも注意が必要です。									
外国由来試料 *	○外国由来 ○外国に由来するが条約発日より以前から日本国内にあり、かつ「研究」に使用されていた ○外国由来ではない ○わからない	? 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「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、それ以降のものは対応が必要です。この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。									
A)解析試料の由来 *	○ヒト臨床検体 ○所属ラボで樹立した系統 (細胞、マウス、ラット等) ⇒設問B)へ ○研究者本人による野外採取 ○実験動物業者・公的機関からの購入・分与 ○実験動物業者以外からの購入 (スーパー、園芸店、ペットショップ等) ○研究者間での譲渡・分与 ○上記にあてはまらない										
B)樹立株作製の際に、大元となった生物名および系統名 (かけ合わせた場合はその全ての生物名・系統名を記載)	(例：マウス・C57BL/6J系統、シロイヌナズナ・Col-0系統、ヒト・HeLa細胞 など)	? かけ合わせた場合はその全ての生物名・系統名を記載してください。欄が足りない場合はD欄に記載してください。 設問A)で「所属ラボで樹立した系統 (細胞、マウス、ラット等)」を選択した場合のみ回答必須									
C)入手方法、入手元 (採取の場合は採取場所)、入手時期 等 *											
D)その他、試料の由来に関連する情報 * 国内で「研究」に使用され始めた時期や、「起源となる国」の共同研究者がいる場合はその情報、等		? 1) 条約発効日の1993 年12 月29 日以前からその試料の「起源となる国」以外の国ですでに「研究」に利用されている場合、その根拠となる文献情報 (論文、書籍など) 。 2) 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、その根拠となる文献情報 (論文、書籍など) 。 3) その試料の「起源となる国」の共同研究者がいる場合はその情報 4) その他、由来に関する情報 5) 2019年以降の「採択」課題で、先進ゲノム支援のABS担当者より「ABSに問題はない」とされた試料と同じ試料の場合は、その際の申請ID番号(数字6桁) など、試料の由来に関する情報をできるだけ記載してください。									
推定ゲノムサイズ(Mb) *		数値が無い場合は近縁種の情報など参考情報ができるかぎり入れてください。 (分からない場合は分からないと記載したうえで近縁種の情報をできる限り入れてください。)									
試料数 *											
試料提供時期 *	2025年9月～12月から選択 何月に試料を準備できるか記載して下さい。	(プルダウンから選択) 12月までに試料提供できない場合は原則として支援できません。									
近縁種ゲノム配列の有無 *	○有 (有を選択した場合は、次設問で生物種を回答) ○無	(どちらか選択)									
上記で「有」を選択した場合は、近縁種の生物種名 *											
シーケンシング手法 (機種、ライブラリ種類、シーケンス量など) *	○ 支援側の提案に従う ○ 解析条件の希望あり (以下の項目に回答してください)	(どちらか選択) ただし、「解析条件の希望あり」を選択された場合でも、支援側と協議の上、条件変更となる場合があります。									
	○ PacBio + Illumina ○ Illumina										
			シーケンシング手法で、「解析条件の希望あり」を選択した場合は回								
▶ 新規ゲノム リシーケンス エキソーム解析 メタゲノム解析 菌叢解析 メチル化解析 ChIPseq ATACseq Hi-C解析 RNAseq シングルセル 空間的オミックス 情報解析のみ											

支援申請完了

入力 > アップロード > 確認 > 完了

支援申請が完了いたしました。

ログインホームに戻り、「申請一覧」欄をご確認ください。

- ・「申請状況」欄が「申請済み」となっていれば、申請は完了しています。
- ・「申請内容」欄から、申請内容ファイル（審査委員会提出資料）をダウンロードできます。
- ・公募期間中は何度でも「修正」ボタンから修正が可能です。

- ・ 支援申請の完了通知が登録メールアドレスに送信されますので、内容をご確認ください。
申請完了後、数時間経っても届かない場合は[問い合わせフォーム](#)よりお問い合わせください。
（お問い合わせ前に、通知メールが迷惑メールとして振り分けられていないかご確認ください。）
- ・ 締切後、審査委員会によって選定された候補課題については、ヒアリングを行う予定です。（7月中旬を予定）
詳細については7月上旬頃に登録メールアドレスにご連絡します。

ログインホームへ戻る

「申請状況」欄が「申請済み」となっていれば、申請は完了しています。

公募期間中は何度でも「修正」ボタンから修正が可能です。

「申請内容」欄から、申請内容ファイル（審査委員会提出資料）をダウンロードできます。（申請完了メールからもダウンロードできます。）

「申請内容」欄のPDFファイルは、審査委員会の審査資料になります。

PDFファイルは「web入力項目+申請書様式ファイル+倫理資料」を1つにまとめたものです。修正の度に更新されます。支援申請の可否選定に使用されますので、必ず内容をご確認ください。

- 1) ファイルのダウンロードには、本サイトにログインした際のログインID（メアド）とログインパスワードが必要です。
- 2) ファイルの開封には以下の開封パスワードが必要です。

2025年度申請 開封パスワード：

The screenshot shows the application portal interface. The 'Application Status' column shows 'Application Submitted' (申請済み). The 'Application Content' column has a download icon and a link to the PDF file. The 'Open Password' field is visible.

The screenshot shows the 'Application List' (申請一覧) page. The table shows the application status as 'Application Submitted' (申請済み). The 'Application Content' column has a download icon and a link to the PDF file. The 'Open Password' field is visible.

The screenshot shows the 'Application Content' (申請内容) page. It displays the PDF file for download and the open password field.