

先進ゲノム支援は **最先端技術** を用いて 皆さまの科研費研究を加速・発展させます



中核機関：国立遺伝学研究所

・シーケンス拠点
遺伝研、東大柏、九大、

・情報解析拠点
遺伝研、東大、東工大、
千葉大、名大、産総研、
早稲田、かずさ、理科大
ヒューマノーム、DS施設

技術開発拠点
(国内)で解析



・常に最新のシーケンシング技術
を導入。

・情報解析にも、最新の
シーケンサーからのデータ
を利用可能。
高度技術の開発経験が
豊富であり、国内随一。

最先端の
解析技術を
提供

解析費用は先進ゲノム
支援が負担

情報解析のみ
でも支援可能



お手元の
シーケンスデータも
情報解析支援可能。

原則、シーケンス・
情報解析費用は
自己負担なし。



支援側も研究者
だからこそその
丁寧なアドバイス



ゲノム科学研究を新たに
開始する研究者のかたで
も応募可能。

サンプル調製からご相談頂けます。
必要に応じ、倫理申請、ABS手続きも支援します。

公募は年1回

次回2023年度
4月公募開始予定

できるだけ多くの支援
をするために、一部実
費負担をお願いする
場合があります。

2022年度分は受付終了、
支援中

—第1期支援— 第2期

直近4年間の
応募・採択数

年度	2019	2020-1	2020-2	2021-1	2021-2	2022
応募数(件)	371	220	246	179	258	323
採択数(件)	168	101	106	97	116	171
採択率(%)	45.3	45.9	43.1	54.2	45.0	52.9

支援解析機器類：

・DNAシーケンサー

ショートリード：Illumina NovaSeq6000,
MiSeq, HiSeq2500, iSeq など

ロングリード：PacBio Sequel 2, NanoPore など

最先端の解析技術を 提供します

- ・1細胞解析：10X Genomics Chromium,
Standard BioTools (Fluidigm) C1 System など
- ・空間的オミックス解析：10X Genomics Visium など



新規ゲノム解析

・大型真核ゲノムでも50種以上の決定実績。国内最大

▶短鎖型や長鎖型シーケンサーなどのシーケンス技術を組み合わせることにより、動物、植物、菌類、原生生物、細菌等のゲノム配列決定を行います

<解析例>

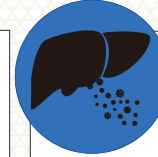
カイコ、シャジクモ、ゼニゴケ、アサガオ、アフリカツメガエル 他



修飾・ エピゲノム解析

- ・細胞からの支援にも対応
- ・試料に応じた
条件検討からの支援

- ▶ ChIP-Seq解析
- ▶ メチレーション解析
- ▶ Hi-C解析
- ▶ ATAC-seq解析



シングルセル・ 空間的オミックス 解析

- ・サンプル調整のアドバイス
からシーケンシング、情報解
析までトータルで支援

▶真核細胞を対象としたシングルセルレベルのトランスクリプトーム、エピゲノム解析、空間的オミックス解析を行います



変異解析

- ・国内有数の高精度配列
- ・構造多型解析体制でリード

- ▶リシーケンス解析
- ▶エキソーム解析
(PCRアンプリコン含む)

- ・疾患関連遺伝子の同定・変異遺伝子の同定
- ・HLA遺伝子群の配列決定
- ・リピートのタンDEM重複や欠損等の検出
- ・染色体レベルの大規模な構造多型の検出
- ・ハプロタイプ解析の実用化
- ・表現形質に関連する遺伝子・ゲノム構造の検出



RNA解析

- ・極微量試料にも対応
- ・長鎖型シーケンサーでの解析も対応

- ▶トランスクリプトーム解析
- ▶ TSS-seq解析 : 転写開始点を網羅的に同定
- ▶ 完全長RNA解析 : mRNAやlncRNAの全長を解析
- ▶ ダイレクトRNA-seq : cDNAに逆転写せずにNanoporeでRNA配列解読
- ▶ CLIP-seq解析 他



情報解析

- ・高度技術の開発経験が豊富であり、
国内では随一。

論文化に向けた各種解析に関する相談・支援を実施

- ▶基盤的解析パイプラインによる支援
- ▶統合的ゲノムアノテーション支援
- ▶多層統合ゲノム情報解析技術を駆使した支援



遺伝研スパコン

- ・各種シーケンシング関連技術で得られたデータを用いた多彩な情報・統計解析手法の提案と解析支援を行います

- ▶▶ お手元のシーケンスデータを用いる
情報解析のみの支援も可能です。



メタ・環境・ホロゲノム解析

- ・アンプリコンやショットガン解析などの結果解釈まで含めた多彩な支援

▶主に微生物群集を対象として、群集構造や遺伝子レパートリー等を解析します

- ・集団の菌種・遺伝子・代謝パスウェイ組成
- ・宿主表現型との相関 (メタGWAS)
→疾患相関菌種・遺伝子の同定等
- ・有用菌種・遺伝子の探索
- ・メタゲノムからのゲノム再構築
- ・環境DNA解析、ancient DNA解析、他