仕様書

- 1. 件 名 放射線被ばく後のラット由来ゲノムの全ゲノムシーケンス解析
- 2.数量35検体
- 3. 目 的 放射線被ばく前後のラットの DNA 配列を解析することにより、遺伝子変異を 網羅的に検出することを目的とする。
- 4. 履行期限 令和8年2月27日
- 5. 納品場所 千葉県千葉市稲毛区穴川 4-9-1 国立研究開発法人量子科学技術研究開発機構 千葉地区 低線量影響実験棟 4 階 E413 号室

6. 業務内容

- 1) 当機構より提供するラット個体から抽出した DNA 検体について、検体のクオリティチェック、ライブラリ調製(VAHTS Universal Plus DNA Library Prep Kit for Illumina V2 ND627、PCR-free library 調製)、次世代シークエンサー(DNBSEQ-G400)によるシーケンス解析(MGI DNBSEQ 2x150bp configuration,配列データ量は1検体あたり90Gb 相当)を行い、配列データ(FASTAQ データ等)及び結果報告書を納品する。なお、全35 検体のうち、18 検体は本項の業務内容のみを実施する。残りの17 検体は、それに加えて、次の2)および3)に記すデータ解析を実施する。
- 2) Web で公開されているラットのリファレンス配列を元に、Sentieon pipeline を使用して得られた配列データにおける SNV / InDel の検出を行う。さらに、指定した 2 検体間における差異について SNV / InDel の variant allele frequency、filter (PASS とその以外の全ての結果) などの結果を含むバリアントの検出を行い、その 結果を raw データ、vcf および xlsx 等のファイルとして納品する。
- 3) CNVnator(version0.3.1)を用いた CNV 解析、および Manta (version 1.6.0)をもちいた SV 解析を実施する。その結果を vcf および xlsx 等のファイル形式として納品する。

7. 提出図書

・6. 1) に係る配列データ及び結果報告書(配列データ: FASTAQ データ等、結果報

告書: PDF等)

- ・6.2) に係るバリアントの検出結果 (raw データ、vcf および xlsx 等のファイル形式)
- ・ 6. 3)に係る CNV 解析および SV 解析結果(vcf および xlsx 等のファイル形式) 以上をハードディスクドライブ等により納品するものとする。

8. 必要な能力・資格

上に示した内容の十分な業務実績(目安として100件以上)を有すること。

9. 検 査 作業完了後、当機構職員が、所定の要件を満たしていることを確認したことをもって検査合格とする。

10. その他

- (1) 受注者は、量子科学技術研究開発機構(QST)が量子科学技術の研究・開発を行う機関であり、高い技術力及び高い信頼性を社会的に求められていることを認識するとともに、QST の規程等を順守し、安全性に配慮しつつ業務を遂行しうる能力を有する者を従事させること。
- (2) 受注者は、本件業務を実施することにより取得したデータ、技術情報、成果その他の すべての資料及び情報を QST の施設外において、発表若しくは公開することはできな い。ただし、あらかじめ書面により QST の承認を受けた場合はこの限りではない。
- (3) 受注者は QST に対して、各解析工程においてその実施内容の報告を随時行う。また、解析工程において異常事態等が発生した場合、QST の指示に従い行動するものとする。
- (4) データの納品は、ハードディスクドライブ等によるものとし、パスワードを設定することとする。

11. グリーン購入法の推進

- (1) 本契約において、グリーン購入法(国等による環境物品等の調達の推進等に関する法律)に適用する環境物品(事務用品、OA機器等)が発生する場合は、これを採用するものとする。
- (2) 本仕様に定める提出図書(納入印刷物)については、グリーン購入法の基本方針に定める「紙類」の基準を満たしたものであること。

(要求者)

部課(室)名:放射線影響予防研究部

氏 名:今岡 達彦