

本日は、「ゲノム医療実現バイオバンク利活用プログラム
(ゲノム医療実現推進プラットフォーム・先端ゲノム研究開発)」
令和6年度新規公募・公募説明会にご参加いただきましてありがとうございます。
説明会の開始までいましてしばらくお待ちください。

- AMED側で本日の説明会は録画させていただきます。
- いただいたご質問はFAQに掲載して公開することがございます。
- お問い合わせは、本公募の公募要領ならびにホームページに記載しているメールアドレスよりお願いいたします。
- 参加者側で本日の説明会を録音・録画することは禁止となっております。



令和 6 年度 ゲノム医療実現バイオバンク利活用プログラム (ゲノム医療実現推進プラットフォーム ・先端ゲノム研究開発) 公募

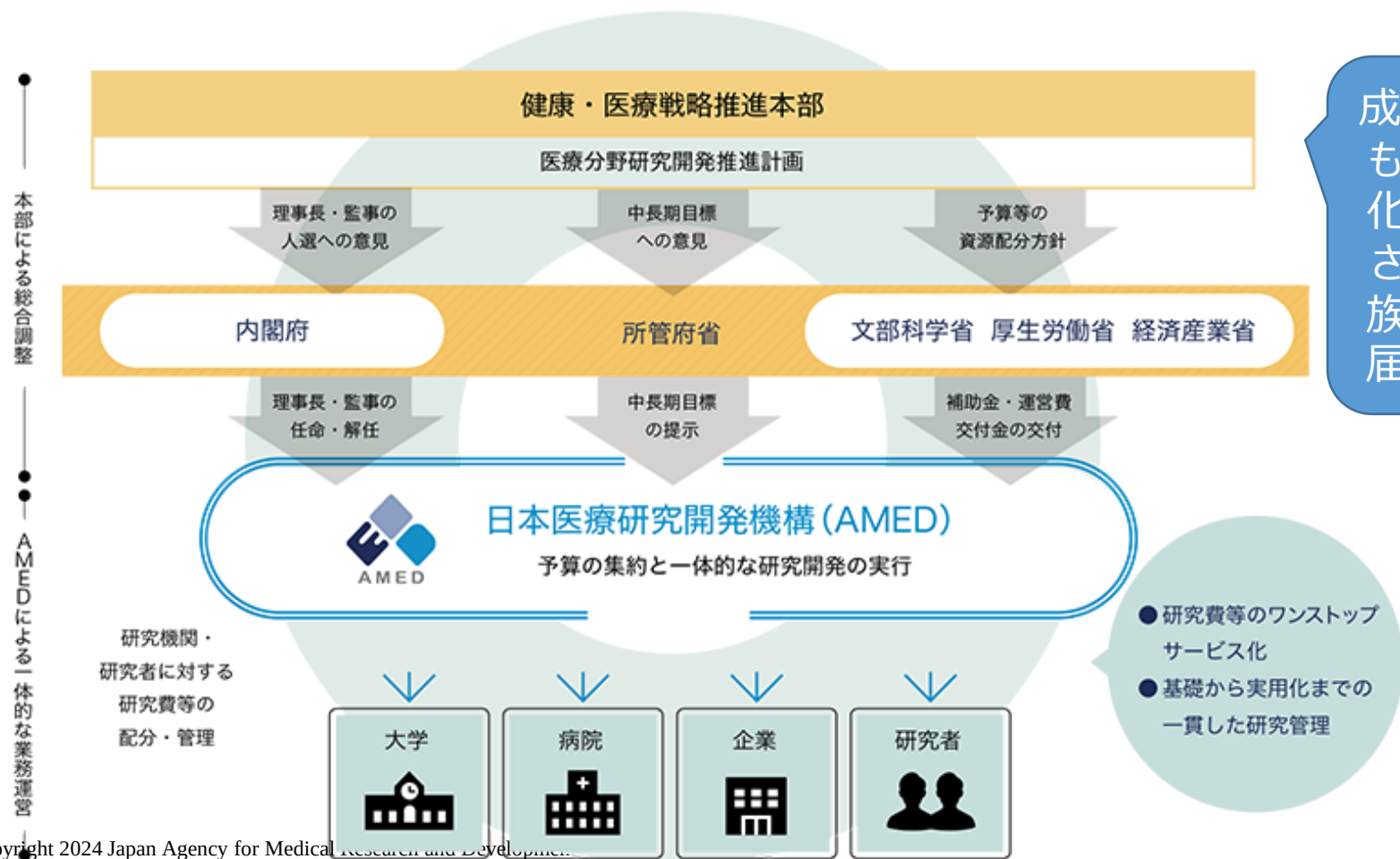
締切：令和 6 年 3 月 1 8 日（月）正午

日本医療研究開発機構（AMED）
ゲノム・データ基盤事業部 ゲノム・データ研究開発課
ゲノム医療実現バイオバンク利活用プログラム
(ゲノム医療実現推進プラットフォーム・先端ゲノム研究開発) 事務局
genome-platform@amed.go.jp

日本医療研究開発機構 (AMED)



AMEDは、健康・医療戦略推進本部の「健康・医療戦略」「医療分野研究開発推進計画」等の施策を進めていくため、日本の医療分野の研究開発の司令塔機能を担っています。それまで文部科学省・厚生労働省・経済産業省が独自に実施していた医療分野の研究開発を一元的に実施することで、研究から臨床への迅速・円滑な橋渡し、国際水準の質の高い臨床研究・治験を確実に遂行できるシステムの構築等を行っています

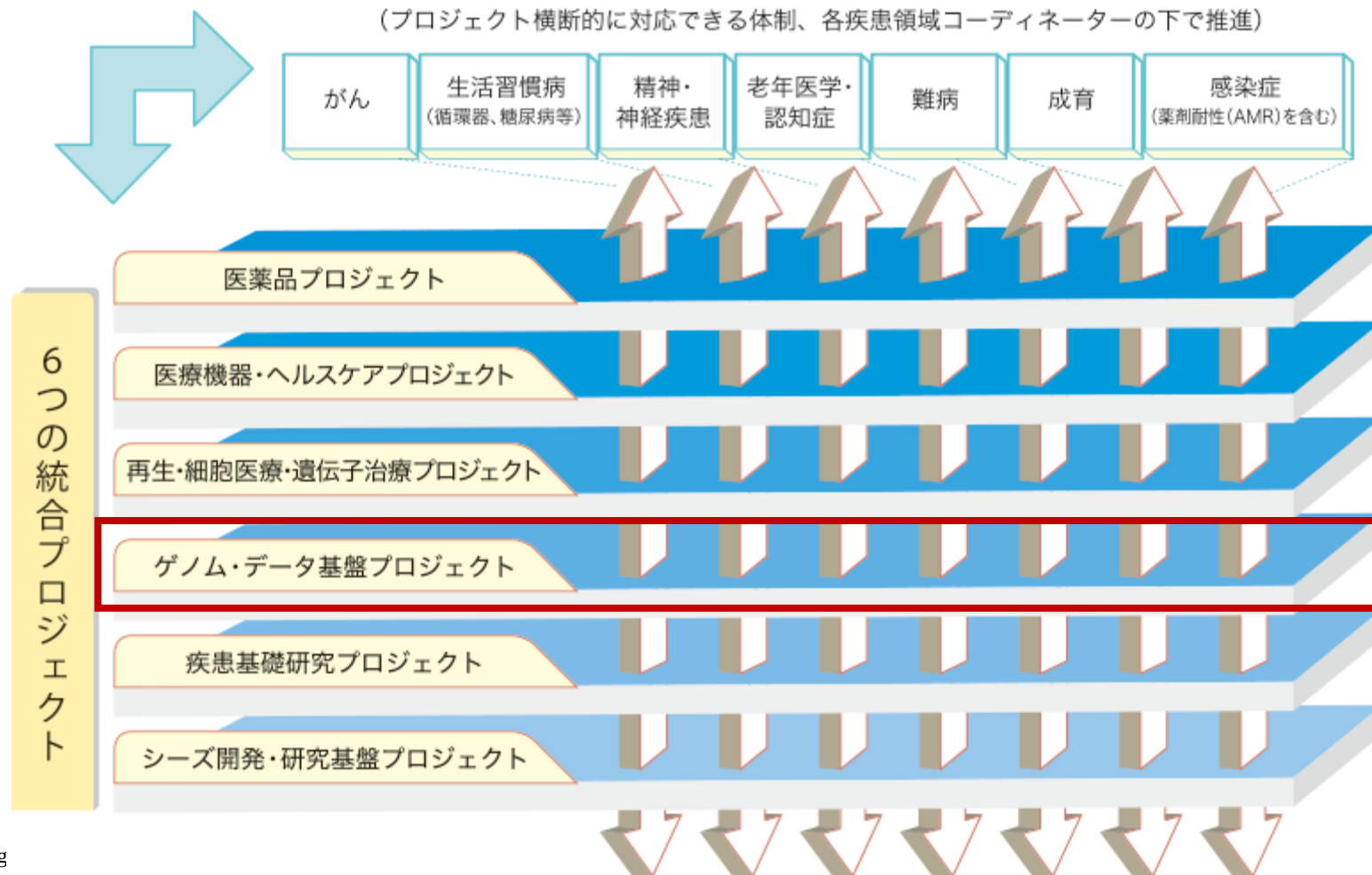


日本医療研究開発機構 (AMED)



AMEDは、国が定める「第2期医療分野研究開発推進計画」に基づき、モダリティ（創薬手法や治療手段等）を軸とした6つの「統合プロジェクト」を中心に、医療分野の基礎から実用化までの研究開発を一元的に推進しています。また、日本における社会課題として主要な7疾患領域（がん、生活習慣病〈循環器、糖尿病等〉、精神・神経疾患、老年医学・認知症、難病、成育、感染症〈薬剤耐性(AMR)を含む〉）に関しても、豊富な経験を有する疾患領域コーディネーター（DC）を配置して十分な配慮をしつつ、事業運営に努めています。

6つの統合プロジェクトの成果を最大化するため、事業横断的に特定疾患を柔軟にマネジメント
（プロジェクト横断的に対応できる体制、各疾患領域コーディネーターの下で推進）



事業及び公募課題の紹介

ゲノム医療実現推進プラットフォーム

先端ゲノム研究開発

公募要領 p.1～2

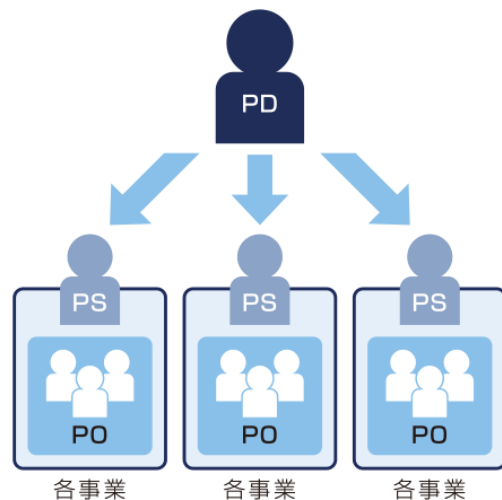
- 背景 -

「ゲノム医療実現推進プラットフォーム・先端ゲノム研究開発（GRIFIN）」は、多因子疾患を対象に、遺伝要因等の解析を行うことにより、創薬等の社会実装につながるエビデンスの獲得を目指すものです。本事業においては、これまでゲノム情報を用いた多因子疾患研究及び先進的なゲノム解析等の基盤研究開発を目的として平成28年度～令和5年度までに計25 課題を採択し、ゲノム医療の実現に向けて研究を推進しているところです。

重点分野ごとの課題管理体制

PD(プログラムディレクター)

- 担当分野の運営方針の決定
(補助要綱の範囲内で)
- 各事業の資金配分方針決定等の調整
- PS間の調整



先端ゲノム研究開発（GRIFIN）

PS (プログラムスーパーバイザー)

菅野純夫 千葉大学 未来医療教育研究機構 特任教授

PO (プログラムオフィサー)

尾崎紀夫 名古屋大学 大学院医学系研究科 特任教授

小崎健次郎 慶應義塾大学 医学部 臨床遺伝学センター 教授

斉藤典子 がん研究会 がん研究所 がん生物部 部長

三成寿作 京都大学 iPS細胞研究所 上廣倫理研究部門 特定准教授

安田和基 杏林大学 医学部 糖尿病・内分泌・代謝内科学教室 教授

- プログラムの方向性 -

ゲノム情報と疾患との関連については、単一遺伝子疾患や生殖細胞系列由来DNA 等に存在する多型等が発症に強い影響を与える希少疾患・難病を中心として、比較的エビデンスが蓄積され医療への実利用に向けた取組が進められています。

一方で、糖尿病、循環器疾患等、環境要因（食事・運動等の行動やライフスタイルなど）の関与が大きく、多くの国民が罹患する一般的な疾患への対応には、前向きの健常人ゲノムコホートや疾患ゲノムコホートを引き続き推進するとともに、遺伝要因に加えて環境要因と疾患の関連を解明しなくてはなりません。これら疾患の研究は、医療の大きな発展の可能性を秘めているものの、研究成果を医療に応用するまでに時間と費用を要するため、早期から戦略的に取り組む必要があります。

本事業では、複数の遺伝子多型が相互に関係したり、環境等の影響を受けたりするなど、多因子が関わりうる疾患であって、国民の多くが罹患する一般的な疾患において、疾患の発症にゲノム等情報、環境要因がどのように影響を及ぼしているかを解明し、バイオマーカー候補や治療技術シーズといった創薬等の社会実装につながるエビデンスを獲得することで、ゲノム医療の実現に貢献します

- 研究開発費の規模・研究開発期間・採択課題予定数等 -

#	分野等、 公募研究開発課題	研究開発費の規模 (間接経費を含まず)	研究開発実施 予定期間	新規採択課題 予定数
1	多因子疾患研究 (若手育成) ※1	1 課題当たり年間 7,600千円 (上限)	令和 6 年6月 (予定) ～ 令和 8 年度末 ※2	0 ～ 5 課題程度

※1 ①年齢が満43歳未満の者（昭和56年4月2日以降に生まれた者）

②又は博士号取得後10年未満の者のいずれか高い方とします。

③ただし、出産・育児又は介護により研究に専念できない期間があった場合は
①あるいは②に当該期間分（最長2年。延長の単位は月単位とし1月未満の日数は切り上げます（例：研究に専念できない期間が17ヶ月14日の場合は18ヶ月の延長となります。））加算することができます。

※2 研究開発期間の延長を希望する場合は、到達目標の達成状況、及び延長する期間で実施する研究開発計画について、最終年度である令和8年度秋に評価します。その結果、本研究課題を継続することでゲノム医療の実現に向けてさらなる展開が期待される場合、研究開発を最長2年間延長できるとします。

- 公募研究開発課題の概要 -

本事業の令和6年度公募では**若手研究者※が研究代表者として主体的に推進する研究開発を募集します**。独創的な切り口・新しいアイデアによる、解析技術の開発研究や、既存のデータ解析による疾患研究の提案を求めます。画期的シーズの源泉となる成果創出を目指し、最新情報等をもとに考え抜いた、既成の枠にとらわれない研究提案を期待します。同時に、**提案された内容を自らの責任において実施することなどを通じた研究者自身の成長も望みます**。また、我が国におけるゲノム医療の実現に資する、日本人の遺伝的な背景を考慮した提案を求めます。そのため、研究チームの構成に当たっては、臨床学的意味づけを適正に行うため、**臨床系研究者が研究開発分担者・参加者の形で研究に参画することが必要**です。

※若手研究者の詳細な条件は、「2.1研究開発費の規模・研究開発期間・採択課題予定数等について」の注意事項（7）を参照してください。ただし、研究代表者以外の研究開発分担者・参加者が若手研究者である必要はありません。研究を遂行する上で適切な実施体制を整えてください。

- 公募研究開発課題の概要 -

(1) 研究開発で用いるデータについて

本プログラムはゲノム医療実現バイオバンク利活用プログラム（B-Cure事業にあることから、同じ**B-Cure事業にある研究開発課題で得られたデータの活用による研究開発を優先します**。B-Cure事業にある研究開発課題名と研究代表者の一覧は、以下を参照ください。さらに本公募では、**B-Cure事業にある研究開発課題で得られたデータを利用する研究提案を行う場合、AMED事務局はその事前準備を支援します**。具体的には、本公募に応募を検討している研究開発提案者に対して、AMED事務局がB-Cure事業の研究開発課題の研究代表者を紹介し、事前の打ち合わせを仲介します。また、どの研究代表者にコンタクトすべきか分からない場合は、その相談にも応じます。本公募は**若手研究者を対象としているため、AMED事務局はこのようなコンシェルジュ支援が重要であると考えており、このコンシェルジュ支援を通して、若手研究者が全国の様々な研究者と事前に相談した上で、研究開発を考案することを望みます**。

- 公募研究開発課題の概要 - (続き)

(1) 研究開発で用いるデータについて (続き)

またこの事前相談を通して、ゲノム研究を担う人材の裾野が広がることも期待します。
なお、本事業に採択された後も、B-Cure事業内の課題連携についてAMED事務局が引きつづき支援します。

さらにAMEDでは、AMED研究開発から生み出されたデータの利活用を推進するためAMEDデータ利活用プラットフォームを構築しています。令和6年3月より、ナショナルセンターバイオバンクネットワークプロジェクト(NCBN)、TMM、BBJの各バイオバンクの試料を解析した23,211検体の全ゲノム配列データの統合解析サービスの一般受付を開始します。この全ゲノム配列データを利用した研究開発についても、本公募では優先します。

なお、本公募に申請する時点で、使用するデータの利用について承認が得られていなくても応募可能です。

- 公募研究開発課題の概要 -

B-Cure事業 のプログラムで実施中の研究開発課題名（連絡先は公募要領を参照）

■ バイオバンク・ジャパン（BBJ）

ゲノム医療実現バイオバンク利活用プログラム（B-Cure）（ゲノム研究バイオバンク）

■ 東北メディカル・メガバンク（TMM）

ゲノム医療実現バイオバンク利活用プログラム（B-Cure）（東北メディカル・メガバンク計画）

■ ゲノム医療実現推進プラットフォーム・先端ゲノム研究開発（GRIFIN）

■ ゲノム医療実現バイオバンク利活用プログラム（次世代医療基盤を支えるゲノム・オミックス解析）

■ ゲノム医療実現推進プラットフォーム・国際的データシェアリングに関する課題解決のための調査研究及び開発研究

※研究課題名と研究代表者名については、各HPの「評価結果」よりご覧ください。



BIOBANK JAPAN

バイオバンク登録症例数

(51疾患:267,306名、441,550症例)

疾患名	症例数	疾患名	症例数	疾患名	症例数
高脂血症	70,041	花粉症	6,280	間質性肺炎・肺線維症	1,917
糖尿病	59,562	子宮筋腫	6,216	子宮内膜症	1,907
白内障	26,012	緑内障	6,125	卵巣がん	1,610
不整脈	25,354	不安定狭心症	6,123	ネフローゼ症候群	1,179
脳梗塞	21,404	肝硬変	4,800	膵がん	1,091
安定狭心症	20,723	肺気腫 (COPD)	4,584	肺結核	1,011
心筋梗塞	16,637	閉塞性動脈硬化症 (ASO)	4,568	過敏性症候群(薬疹)	972
大腸・直腸がん	14,886	肝がん	4,267	胆道がん・胆管がん	952
心不全	12,890	歯周病	3,957	ケロイド	896
前立腺がん	11,755	脳動脈瘤・クモ膜下出血	3,941	腎がん	887
胃がん	11,393	てんかん	3,408	認知症	820
乳がん	11,380	アトピー性皮膚炎	3,402	筋萎縮性側索硬化症 (ALS)	782
気管支喘息	11,201	造血器腫瘍	2,671	うつ病	541
骨粗鬆症	10,492	B型慢性肝炎	2,666	脳出血	440
C型慢性肝炎	8,810	パセドウ病	2,493	熱性けいれん	341
肺がん	7,866	食道がん	2,427		
尿路結石症	7,027	子宮体がん	2,075		
関節リウマチ	6,743	子宮頸がん	2,025		

(2023年11月時点)

■ バイオバンク・ジャパン (BBJ)

バイオバンク登録症例数

https://biobankjp.org/info/pdf/sample_collection.pdf

保有資料検索システム

<https://searchweb.svc.biobankjp.org/>

<バイオバンク連絡先>

<https://biobankjp.org/contact/index.html>

■ 東北メディカル・メガバンク (TMM)

バイオバンク試料・情報関連ウェブサイト

<http://www.dist.megabank.tohoku.ac.jp/>

<バイオバンク連絡先>

<https://www.megabank.tohoku.ac.jp/researchers/utilization>

東北メディカル・メガバンク計画

バイオバンク試料・情報関連ウェブサイト

サイトマップ

Search...

バイオバンクの構築について

東北メディカル・メガバンク計画について

研究者の皆様へ
To Researchers

分譲の申請について
Application for Distribution

実績
Research Results

研究成果発表について
Releasing your research result

よくあるご質問
FAQ



東北メディカル・メガバンク

統合データベースdbTMMカタログ

> 研究成果発表するときには

> 知的財産の取扱いについて



申請の流れ



申請書類のダウンロード



費用について

> 申請に関する詳細はこちら

ゲノム医療実現バイオバンク 利活用プログラム	研究開発課題名（研究期間）	研究開発 代表者	代表研究機関
ゲノム医療実現推進 プラットフォーム ・先端ゲノム研究開発 （GRIFIN）	糖尿病の遺伝・環境因子の包括的解析から日本発次世代型精密医療を社会実装するプロジェクト（H28-R7）	山内 敏正	東京大学
	ヒトゲノム De Novo 情報解析テクノロジーの創出（H28-R7）	森下 真一	東京大学
	マルチオミクス連関による循環器疾患における次世代型精密医療の実現（H30-R9）	小室 一成	東京大学
	次世代ゲノミクス研究による乾癬の疾患病態解明・個別化医療・創薬（R2-R6）	岡田 随象	大阪大学
	先天的/後天的構造多型に着目した免疫/精神疾患病態解明に関する研究開発（R3-R7）	寺尾 知可史	理化学研究所
	免疫担当細胞eQTLデータを用いた免疫介在性疾患ゲノム情報からの層別化および予後予測モデルの構築（R3-R7）	藤尾 圭志	東京大学
	精神疾患の個別化医療を実現するためのゲノム・空間オミクス多施設共同研究（R4-R8）	徳永 勝士	国際医療研究セ
	Polygenic risk scoreが生体に与える影響の評価に関する技術開発（R4-R8）	石垣 和慶	理化学研究所
	ゲノム特徴による双極性障害の疾患層別化とPRS実装に向けた研究開発（R4-R8）	加藤 忠史	順天堂大学
	ゲノムバリエントがもたらす細胞運命変化を予測する深層学習技術の開発（R5-R7）	島村 徹平	東京医科歯科大学
次世代医療基盤を 支えるゲノム・オミクス解析	炎症性関節炎の統合ゲノミクス解析（R5-R9）	寺尾 知可史	理化学研究所
	全ゲノム解析と組織オミクス解析による心房細動の病態解明と精密医療（R3）	小室 一成	東京大学
	慢性心不全発症予防・重症化予防のための次世代医療基盤確立に向けたゲノム・オミクス解析とデータシェアリング（R3）	坂田 泰彦	循環器病研究セ
	COPDの病態解明・新規治療開発のための空間解析を含むマルチオミクスデータベース構築（R3-R4）／COPDの病態解明・新規治療開発のための空間シングルセル・マルチオミクスデータベース構築（R4）	遠西 大輔	岡山大学
	心不全治療における次世代医療基盤確立に向けたゲノム・オミクス解析とデータシェアリング（R4）	坂田 泰彦	循環器病研究セ
	マルチオミクス手法を用いた糖尿病および合併症の病態解明に関する研究開発（R4）	植木 浩二郎	国際医療研究セ

- 公募研究開発課題の概要（期待される成果について） -

本研究開発実施により期待される成果例を以下に示します。

- シングルセルトランスクリプトーム情報の解析、細胞内分子の時空間マッピング情報の解析による疾患原因の解明や創薬シーズ等の発見
- クローン性造血に係る疾患原因の解明や創薬シーズ等の発見
- モザイク変異に係る疾患原因の解明や創薬シーズ等の発見
- ゲノムデータに加えて、病理学や生物学（オルガノイド技術やモデル生物作成など）の融合を図り、疾患原因の解明や創薬シーズ等の発見
- 生物医学データベース等の既存のデータを活用した疾患バリエーションの生物・医学的意義の解釈
- 非コード領域のバリエーションの機能予測を通じた疾患原因の解明や創薬シーズ等の発見
- 遺伝子発現制御のバリエーションの機能予測を通じた疾患原因の解明や創薬シーズ等の発見
- 上記の研究開発を推進する技術開発

（上記以外でも、研究規模、要件が本公募の範囲に収まり、目指す目的に合致する成果を上げられる課題であれば応募可能です）

- 公募研究開発課題の概要（期待される成果について） - （続き）

本公募においては、若手研究者が、独自の独創的なアイデア・切り口に基づく、研究開発を進めることにより、ゲノム医療研究分野の新しい局面を切り拓き、本研究領域を先導する研究成果を期待します。

本プログラムでは、開発された技術がゲノム医療研究コミュニティ全体の基盤技術として広く利用されることを望みます。そのため、提案書においては、開発した技術を広く周知し普及するための計画も合わせて記載してください。

本プログラムは、とんがった研究を支援し、
ゲノム医療研究を活性化したい

申請手続き等

- 申請書類の入手方法 -

本公募に関する書類を下記ホームページからダウンロードしてください。

https://www.amed.go.jp/koubo/14/05/1405B_00046.html

- ① 令和6年度公募要領.pdf
- ② 様式1 研究開発提案書.docx
- ③ 様式2 データマネジメントプラン.xlsx
- ④ 様式3 : ヒト全ゲノムシーケンス解析プロトコール様式.xlsx【必要な場合】

先端ゲノム研究開発

公募要領 p18~20

- 申請書類の提出方法 -

■ 府省共通研究開発管理システム (e-Rad)からご応募ください。

<https://www.e-rad.go.jp/>

- 必ず研究開発代表者のアカウントで申請してください。
- e-Radを利用するには、事前に機関登録や研究者登録が必要です。登録手続きに日数を要する場合があるので、2週間以上の余裕をもって登録手続きしてください。
- 「研究開発代表者」から所属機関にe-Rad で申請した段階では応募は完了していません。所属機関の承認の手続きを必ず行ってください。
- e-Radの操作方法に関するマニュアルは e-Rad ポータルサイトから参照又はダウンロードすることができます。
- システムの操作方法に関する問い合わせは e-Rad ポータルサイトのヘルプデスクにて受け付けます。

締切：令和6年3月18日（月）正午

全ての研究開発提案書等について、期限を過ぎた場合には一切受理できませんので注意してください。
また、e-Rad以外の方法（E-mail、郵送、持ち込み、等）による提出は受け付けません。

- ヒト全ゲノムシーケンス解析プロトコールについて -

※当該解析を実施する場合は必ず記入・提出してください。

- AMEDは、政府の方針に基づき、様々なAMED研究課題で得られたヒト全ゲノムシーケンスデータを取りまとめて大規模なデータセットをつくり、研究開発に提供する基盤「AMEDデータ利活用プラットフォーム」の整備を進めています。
- 全ゲノムシーケンスデータの大規模解析には、個別のデータの解析プロトコールが揃っていることが、解析結果の精度に直接影響します。そのため、AMEDは、国費を投じて得られたデータを利活用した研究開発において精度の高い解析が可能となるよう、このプラットフォームが窓口となり共有されるヒトの全ゲノムシーケンスデータには、政府の方針※¹に基づき以下の2点を求めています。
 - ① 既にプラットフォームで共有予定となっているデータと品質を同等に担保すること
 - ② ゲノム解析の先進諸国との国際共同研究でも円滑に活用可能であること

※1 厚生労働省 第2回「全ゲノム解析等実行計画」の推進に向けた検討会議（令和3年2月16日、資料1）

<https://www.mhlw.go.jp/content/10901000/000739542.pdf>

内閣官房健康・医療推進戦略本部 第8回ゲノム医療協議会（令和4年3月30日、資料3、参考資料3）

https://www.kantei.go.jp/jp/singi/kenkouiryou/genome/genome_dai8/siryou3.pdf

https://www.kantei.go.jp/jp/singi/kenkouiryou/genome/genome_dai8/sankou3.pdf

- 既にこのプラットフォームで共有予定となっているヒト全ゲノムシーケンスデータとは、現時点では、内閣官房健康・医療推進戦略本部の第5回ゲノム医療協議会（令和3年3月16日）参考資料3で示されたデータのことです。
- ゲノム解析の先進諸国との国際共同研究とは、現時点では、英国のUK BiobankおよびGenomics Englandや、米国のAll Of Usなどの海外の大規模ゲノムデータリソースを用い、ゲノム医療研究で先行する欧米の研究機関と共同して実施するような研究を想定しています。

先端ゲノム研究開発

公募要領 p. 13～16

- ヒト全ゲノムシーケンス解析プロトコールについて(続き) -

- AMEDは、この目的を達成するため、全ゲノムシーケンスの解析※²プロトコールが公募要領の「2.2.6 データシェアリングについて」に記載されている以下の**5つの要件**を満たしているか確認しています。
 - ライブラリー作成（キット名、断片長等）
 - シーケンス反応（キット名、リード長等）
 - 解析装置の機種名（機種名・型番等。外注の場合は外注先も記入）
 - クオリティーコントロール（QC）の方法
 - リファレンスゲノムとのマッピング及びアセンブルの方法

※2 全ゲノムシーケンス解析

次世代シーケンサーを利用した全ゲノムシーケンス解析及び全エクソーム解析を指します。なお、次世代シーケンサーを用いる解析のうち、全ゲノムまたは全エクソーム以外を対象とするゲノム解析や、アレイ解析、サンガー法によるシーケンス解析は含みません。

- ヒト全ゲノムシーケンス解析を実施する研究課題は、所定の様式※³を提出することにより、解析プロトコールの各項目を示す必要があります。**様式が提出されていない場合には応募申請は「不受理」となり、審査の対象となりませんので、**提案課題におけるヒト全ゲノムシーケンス解析の実施の有無については十分に注意してご判断ください。

※3 ヒト全ゲノムシーケンス解析プロトコール様式（公募要領第5章を参照）

- お問い合わせ先 -

- 公募事業課題、評価、提案書類の記載方法等についての照会は、下記アドレスまでメールでお願いします。

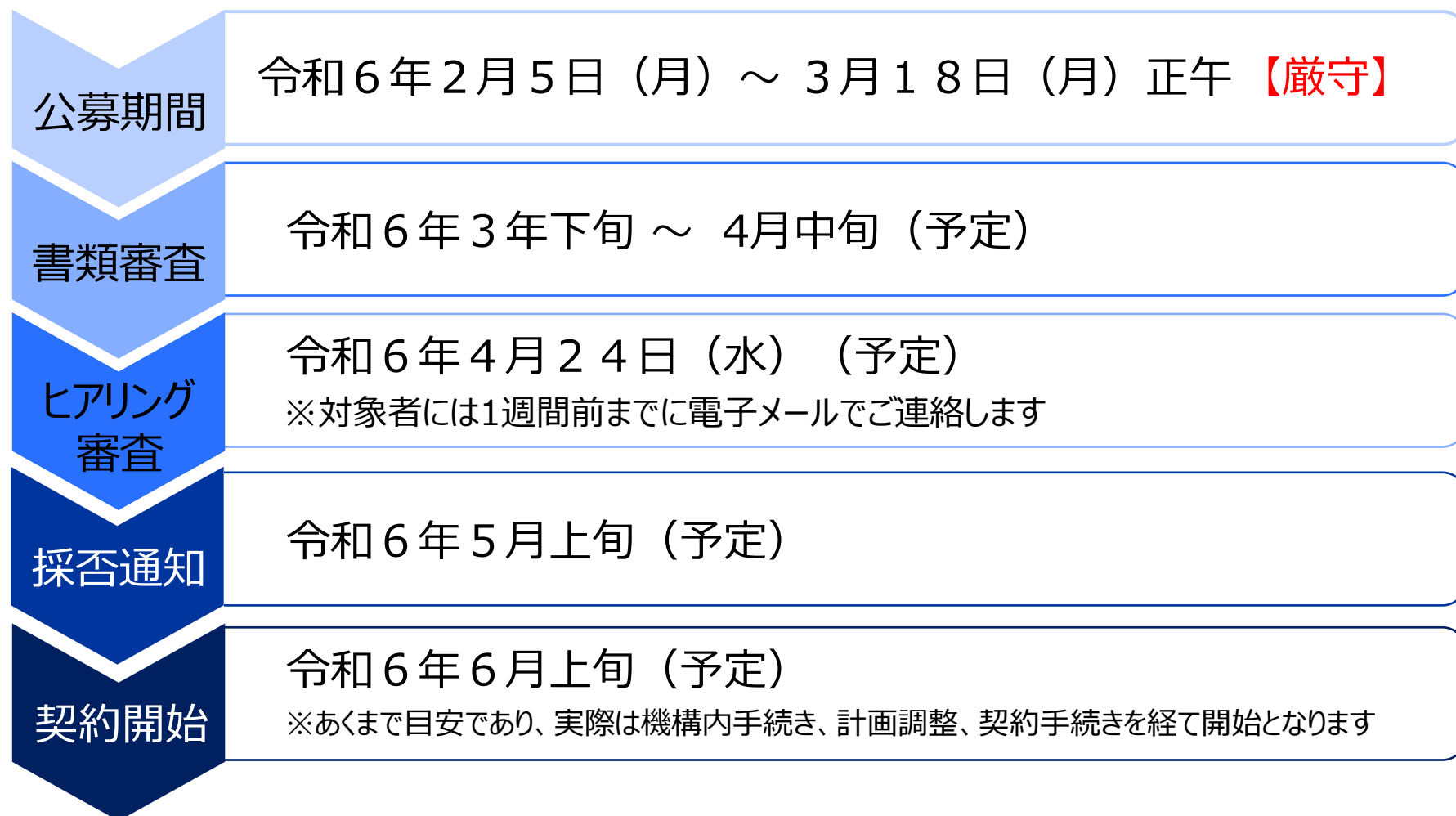
国立研究開発法人 日本医療研究開発機構
ゲノム・データ基盤事業部 ゲノム・データ研究開発課
GRIFIN事業担当

genome-platform@amed.go.jp

- 情報の更新がある場合はAMEDウェブサイトの公募情報に掲載します。
併せてご参照ください。

https://www.amed.go.jp/koubo/14/05/1405B_00046.html

- 公募期間・選考スケジュールについて -



研究者の皆様へ



データマネジメントプランの提出について

国立研究開発法人日本医療研究開発機構 (AMED)

概要

公的資金により行われる研究開発から生じるデータ等は国民共通の公の財産でもあり、AMEDは、研究開発から生じるデータの所在等を把握し、データの収集、質の確保、意味づけ、保存と活用等が適切かつ公正に行われるよう推進する役割がある。



- ✓ 平成30年5月1日以降にAMEDが新規公募する事業については、データマネジメントプラン（以下、「DMP」という。）の提出を義務化してきた。
- ✓ 令和2年度の委託研究開発契約書の改訂※に伴い、平成30年5月1日よりも前に開始された委託研究開発の令和2年度の継続課題においても、DMPの提出をお願いすることになった。

※令和2年度よりAMED研究データに係るガイドラインにおいて、DMPの提出義務についても明記。

- ✓ 令和4年度より、全ての委託研究開発事業の契約締結時に加え、AMEDが指定する一部の補助事業の交付申請時に、**DMPの提出を義務化**することとなった。
- ✓ **データマネジメントプランは、どの研究開発課題で、どんなデータが産出され、誰がどこに保有しているのかを記載するものである。**
- ✓ AMEDがデータの所在等を把握することにより、マネジメント機能または触媒機能を強化し、可能な範囲で異なる研究開発課題間での連携促進や二重研究開発の回避等に役立てる。

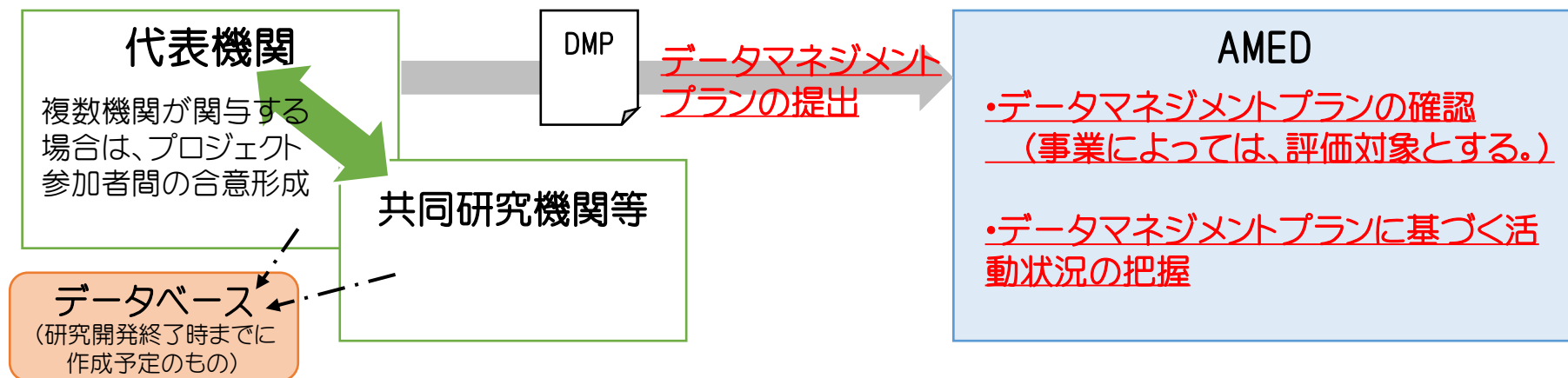
適用対象等

対 象

原則として、AMEDからの支援を受けて行う全ての研究開発が対象
(研究開発の過程で生み出される全てのデータのうち、管理・利活用の対象として研究者がその範囲を定めた管理対象データを含む課題)

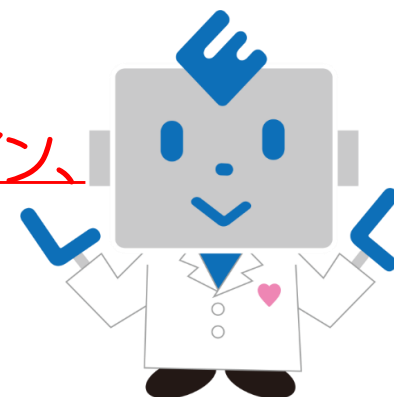
提出方法

AMEDが指定する様式を用い、AMEDとの委託研究開発契約締結時及び補助事業の交付申請時に提出する。



- プロジェクト情報(事業年度、事業名、研究開発代表者情報)
- 本研究開発によって取得・収集され、登録の必要がある研究開発データについて
(本研究開発課題以外での利活用の可能性が考えられるデータの有無)
- 登録の必要がある個々の研究開発データ群について
(データの説明:名称、公開・提供方針、リポジトリ情報など)
※複数のデータ群の記載可
- 研究開発データ管理に関わった人材(管理責任・データ関連人材)
- その他必要事項(各事業の特性等に応じ設定)

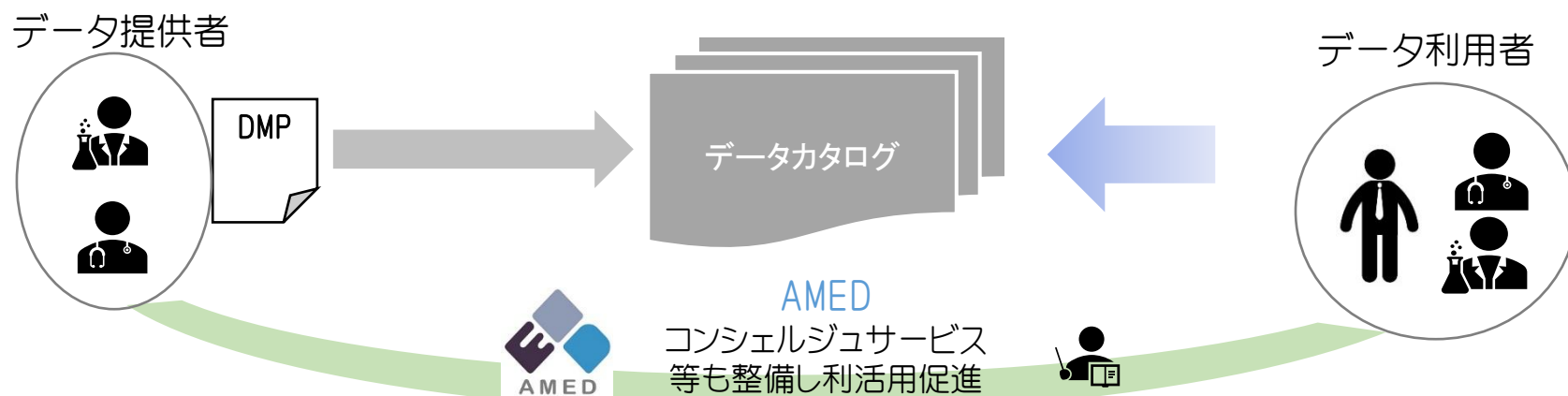
※詳細は、AMEDの研究データ利活用に係るガイドライン、DMP記入要領及び様式を参照のこと。



DMPの活用

- ✓ データシェアリングによる研究開発データの利活用という観点からは、研究開発データの存在を広く関係者に公開又は共有し、一定の適切な範囲で外部の第三者が把握できるようにすることが重要です。
- ✓ DMPで、「本研究開発課題以外での利活用の可能性が考えられるデータがある」と記載された研究開発事業に関して創出、取得又は収集される研究開発データについて、当該研究開発データを利活用したいと考える大学、企業その他の研究機関等へ紹介する目的で、当該研究開発データに関する情報を整理したデータカタログを作成し、AMEDウェブサイトに公開する予定です。

※データカタログには、当該研究開発データの存在を広く関係者に公開又は共有する目的の達成に必要な範囲の情報を掲載するものとし、研究開発データそのものを掲載することは想定していません。





«本事業、応募手続き等に関する問い合わせ先»

日本医療研究開発機構（AMED）
ゲノム・データ基盤事業部 ゲノム・データ研究開発課

ゲノム医療実現バイオバンク利活用プログラム
（ゲノム医療実現推進プラットフォーム・先端ゲノム研究開発）事務局
genome-platform@amed.go.jp