

本日は、「ゲノム医療実現バイオバンク利活用プログラムB-Cure
(ゲノム医療実現推進プラットフォーム・先端ゲノム研究開発
GRIFIN)」令和7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 7 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) 新規公募

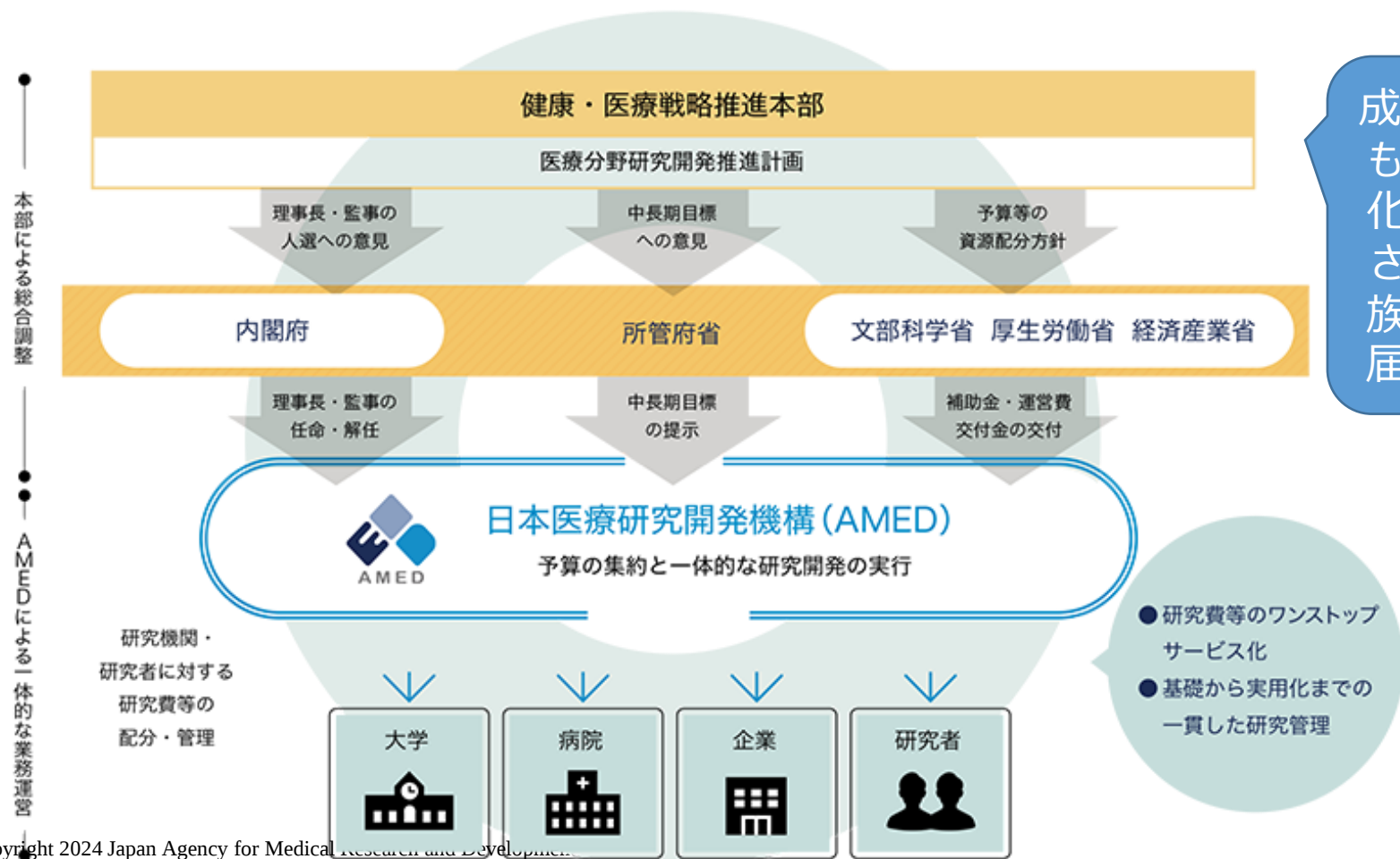
締切：令和 7 年 3 月 3 日（月）正午

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

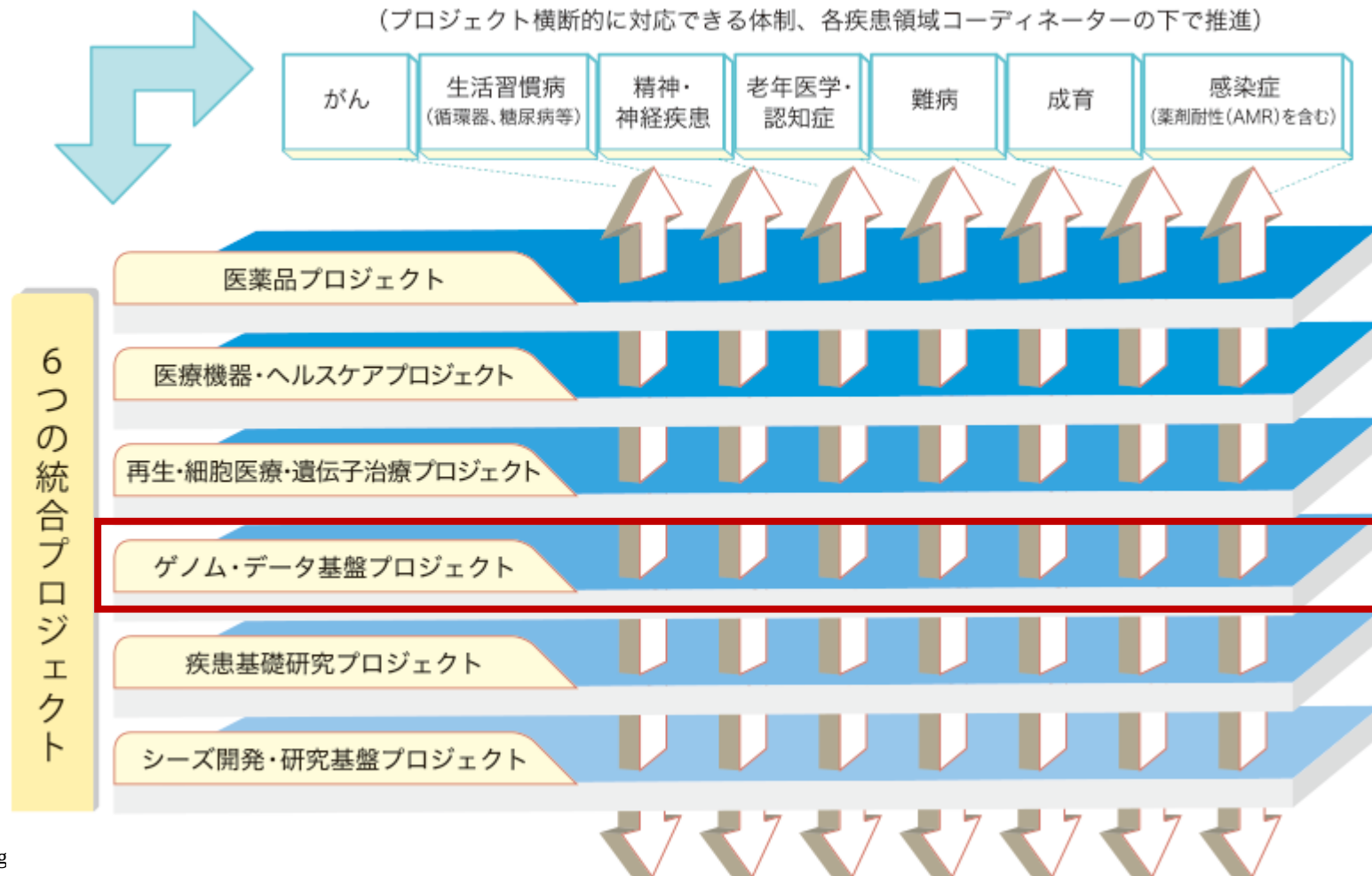


日本医療研究開発機構 (AMED)



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)



医療分野研究開発推進計画（案）

健康・医療戦略推進本部決定

3.2 研究開発の環境の整備及び成果の普及等

(2) 推進体制の整備

① 研究人材力の強化

医療分野の研究開発を実施し、実用化を目指していくには、新しい医薬品・医療機器等を生み出す創造性に富んだ人材と、医療の実用化に向けてこうした創造的な人材の活動を支える人材が必要である。また、人口減少社会に直面し、人材配置の最適化が不可避と考えられる。異分野間での人材交流によって知の創造を活性化することも重要である。

・ 分野横断的な人材の育成、異分野人材の参入を促す。最先端の健康・医療研究分野での人材育成、異分野・融合研究が推進されるよう、数理科学、情報科学、統計学分野、人文・社会科学の専門家の呼び込みを図る。その際、異分野挑戦のリスクに報いる待遇面の改善も含めて支援方策を検討する。（健、文、厚、経）

・ 競争的研究費の枠組みにおいて、優秀な若手研究者の能力や創造性を引き出す仕組みを構築し、異分野・融合研究を担う若手研究者を育成する。また、時間的余裕の確保や経済的な基盤構築も含めた研究に専念できる環境整備に努める。（健、文、厚、経）

（後略）

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GRIFIN

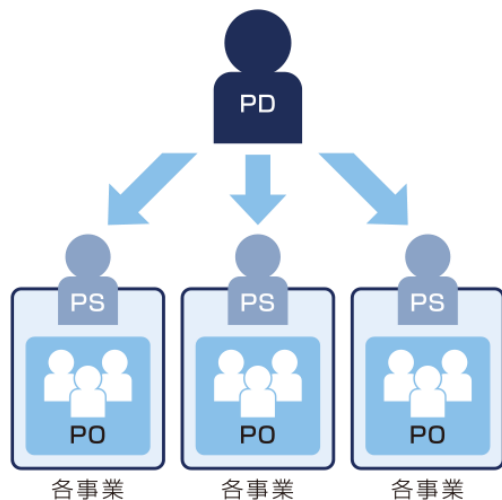
- 背景 -

「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6年度までに計32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 一般社団法人 柏の葉オーミクスゲート 代表理事

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 -

これまで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

令和6年度採択課題について

AMEDホームページより

https://www.amed.go.jp/koubo/14/05/1405C_00046.html

多因子疾患研究（若手育成）

研究開発課題名	所属機関名	役職	研究開発代表者
ゲノム情報に基づく気管支喘息エンドタイプの病態解明と個別化医療の実装	大阪大学	助教	白井 雄也
遺伝子-環境相互作用の学術・オミクス横断による個別化医療の実装	東京大学	助教	難波 真一
全ゲノム配列・シングルセル/空間トランスクリプトームデータを用いた双極性障害モザイク変異の研究	順天堂大学	准教授	西岡 将基
トランスオミクス解析による慢性腎臓病診療変革への挑戦	東京大学	助教	平川 陽亮
機能的な非典型的翻訳領域における疾患関連変異の解析	名古屋大学	教授	松本 有樹修

申請数	書面審査通過数	採択数
28	12	5

およそ6倍

質の高い提案の応募が多数あったため
引き続き同じ趣旨で公募を行う

先端ゲノム研究開発

- 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 7 年 7 月 (予定) ～ 令和 9 年度末 ※2	0 ～ 5 課題程度

※1 研究開始年度の4月1日時点において、①年齢が満43歳未満の者、又は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9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7年度公募では令和6年度に続き**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**。若手研究者自身の独創的な切り口・新しいアイデアに立脚し、新しい解析技術の開発研究や、主に既存のデータを解析しゲノム医療推進に役立つ知識を発見でき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し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代表者、分担者、または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。

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）

- 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）
- 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



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
高脂血症	70,041
糖尿病	59,562
白内障	26,012
不整脈	25,354
脳梗塞	21,404
安定狭心症	20,723
心筋梗塞	16,637
大腸・直腸がん	14,886
心不全	12,890
前立腺がん	11,755
胃がん	11,393
乳がん	11,380
気管支喘息	11,201
骨粗鬆症	10,492
C型慢性肝炎	8,810
肺がん	7,866
尿路結石症	7,027
関節リウマチ	6,743

疾患名	症例数
花粉症	6,280
子宮筋腫	6,216
緑内障	6,125
不安定狭心症	6,123
肝硬変	4,800
肺気腫 (COPD)	4,584
閉塞性動脈硬化症 (ASO)	4,568
肝がん	4,267
歯周病	3,957
脳動脈瘤・クモ膜下出血	3,941
てんかん	3,408
アトピー性皮膚炎	3,402
造血器腫瘍	2,671
B型慢性肝炎	2,666
パセドウ病	2,493
食道がん	2,427
子宮体がん	2,075
子宮頸がん	2,025

疾患名	症例数
間質性肺炎・肺線維症	1,917
子宮内膜症	1,907
卵巣がん	1,610
ネフローゼ症候群	1,179
脾がん	1,091
肺結核	1,011
過敏性症候群(薬疹)	972
胆道がん・胆管がん	952
ケロイド	896
腎がん	887
認知症	820
筋萎縮性側索硬化症 (ALS)	782
うつ病	541
脳出血	440
熱性けいれん	341

(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

- 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)

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促進するため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（NCBN）、東北メディカル・メガバンク（TMM）、バイオバンク・ジャパン（BBJ）の各バイオバンクの試料を解析した約2万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（期待される成果について） -

2.3.3 期待される成果

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。

- ✓ 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
 - ✓ 体細胞モザイク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学・医学的意義の解釈
 - ✓ 非コード領域やエピゲノム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）

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。

本公募においては、若手研究者が、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。

先端ゲノム研究開発

公募要領 p.8~9

- 公募研究開発課題の概要（期待される成果について） - （続き）

2.3.4 留意事項

- ・ 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を対象としてください。
- ・ 疾患関連遺伝子群の機能的意義づけ（遺伝要因や環境要因の相互作用や疾患の原因の解明含む）を行い、ゲノム情報に基づく診断、治療及び予防の確立や創薬により、国民の健康増進に資する研究開発、又は、これらの研究の推進に貢献する革新的な基盤技術開発を提案してください。
- ・ 若手研究者が研究代表者として主体的に推進し、異分野（ゲノム、臨床、薬理学、生物学、化学、統計学、計算科学など）の研究者が連携し、既成の枠にとらわれない研究提案を期待します。
- ・ 得られた研究成果は、我が国における医療実装に資するよう、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代表者、研究開発分担者、又は参加者の形で研究に参画することを必要とします。

臨床系研究者について「研究開発提案書」に記載してください

■ 「４．研究開発代表者及び研究開発分担者に関する情報」の表の後

●臨床系研究者※³について（必ず記載してください）

本事業では、得られた研究成果が我が国における医療実装に資するよう、日本人の遺伝的な背景を考慮した提案を求めます。研究チームの構成に当たっては、臨床学的意味づけが吟味され確保されるように、臨床系研究者が研究開発代表者、分担者、または参加者のいずれかの形で少なくとも一名参画することを必須とします。今回の提案において、臨床系研究者に該当する者、及びその該当理由と妥当性を以下に記載してください。該当者が複数名に及ぶ場合は、各々の者について同様に記載してください。

※3 公募要領の第I部-第2章の2.3.2及び2.3.4をご参照ください。

臨床系研究者として該当する者：○○○○

該当理由と妥当性（200～400文字程度）：

○○。

○○。

○○。

○○。

○○。

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_00010.html

- ① 令和 7 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】

- 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7年3月3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。

- 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「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）

先端ゲノム研究開発

- 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

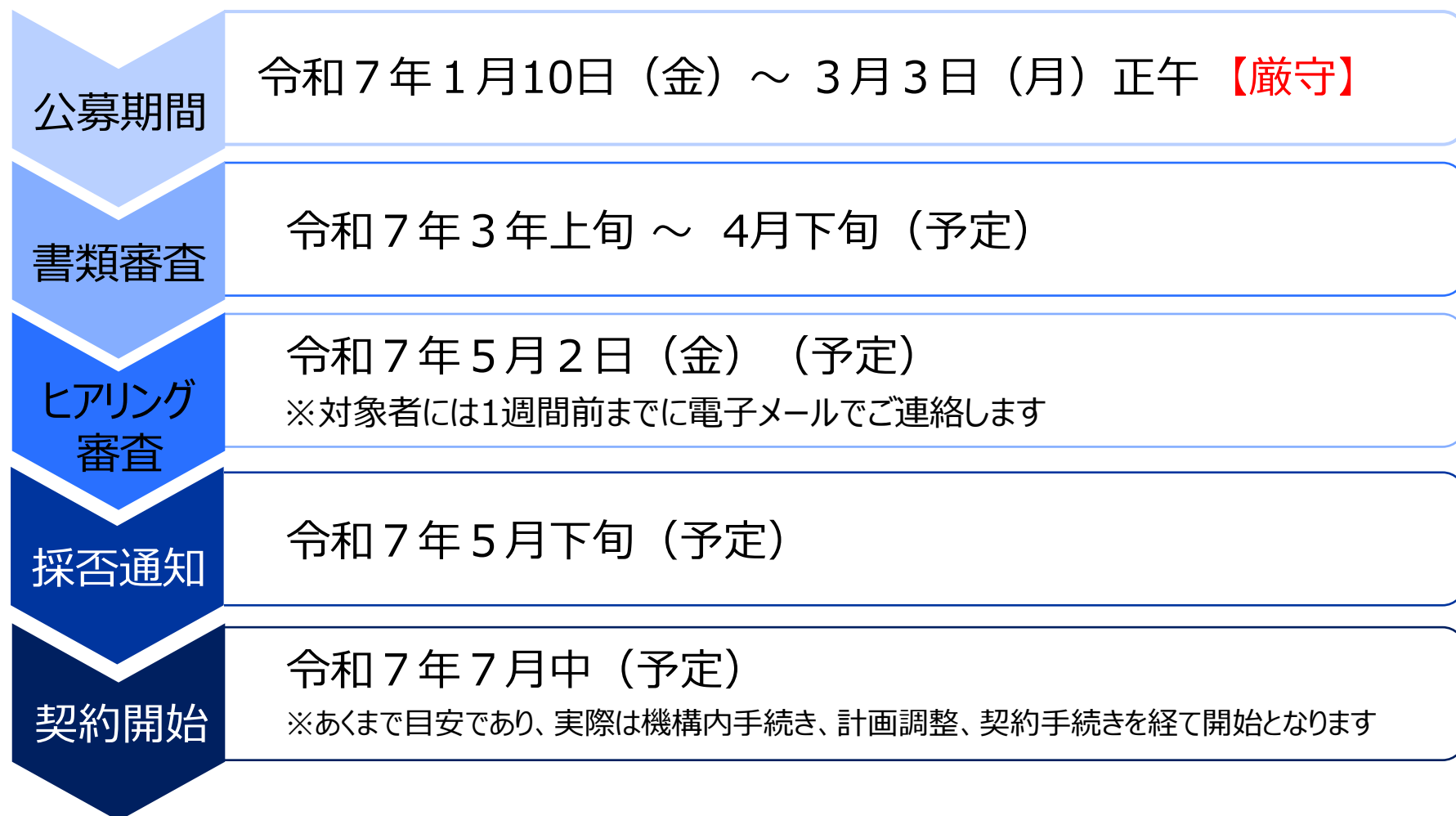
genome-platform@amed.go.jp

- 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。

先端ゲノム研究開発



- 公募期間・選考スケジュールについて -





«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