

大規模ゲノム・オミックス解析

先端的な解析を実施して価値の高いデータベースを作成・公開

全ゲノム解析の実施

- 全ゲノム解析を実施し、**日本人全ゲノムリファレンスパネルを構築**
- **8,300人分のリファレンスパネル (8.3KJPN)** 公開 (2020年)
- 長鎖シークエンスなど様々な技術やITを駆使し、**日本人のゲノム解析のひな型となる日本人基準ゲノム (JG1)** を構築 (2019年)、更に更新版**JG2**を公開 (2020年)

簡易ゲノム解析ツールの開発と大規模解析の実施

- 日本人に最適化した簡易ゲノム解析ツール「**ジャポニカアレイ®**」を開発しバージョンアップを継続 (2017年v2上市)、2019年刷新版**ジャポニカアレイ®NEO**を発表
- **令和2年度に15万人全員のアレイ解析を完了**

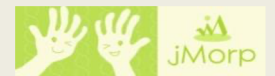
オミックス解析の実施

- 血漿中の代謝物等を解析して**日本人多層オミックス参照パネル jMorp を作成**
- 2.5万人分の代謝物の平均や分布情報 (**jMorp2020**) 公開 (2020年)
- 多層オミックス解析の実施と**リファレンスデータベース (iMETHYL) の公開**
- 1,100人規模のゲノム多型、DNAメチル化情報と遺伝子発現情報の平均や分布情報を公開

- 世界に先駆けて千人規模の全ゲノム解析を実施 (現在、世界は数十万人規模に)
- 複数名で構成される民族集団別の基準ゲノムは世界初



- 民族別アレイの開発は今や世界の主流
昨秋、Nature Medicine誌が、アレイを用いたゲノム検査の医療への活用を提言
- ゲノム以外のデータの重層化にも先駆的に対応

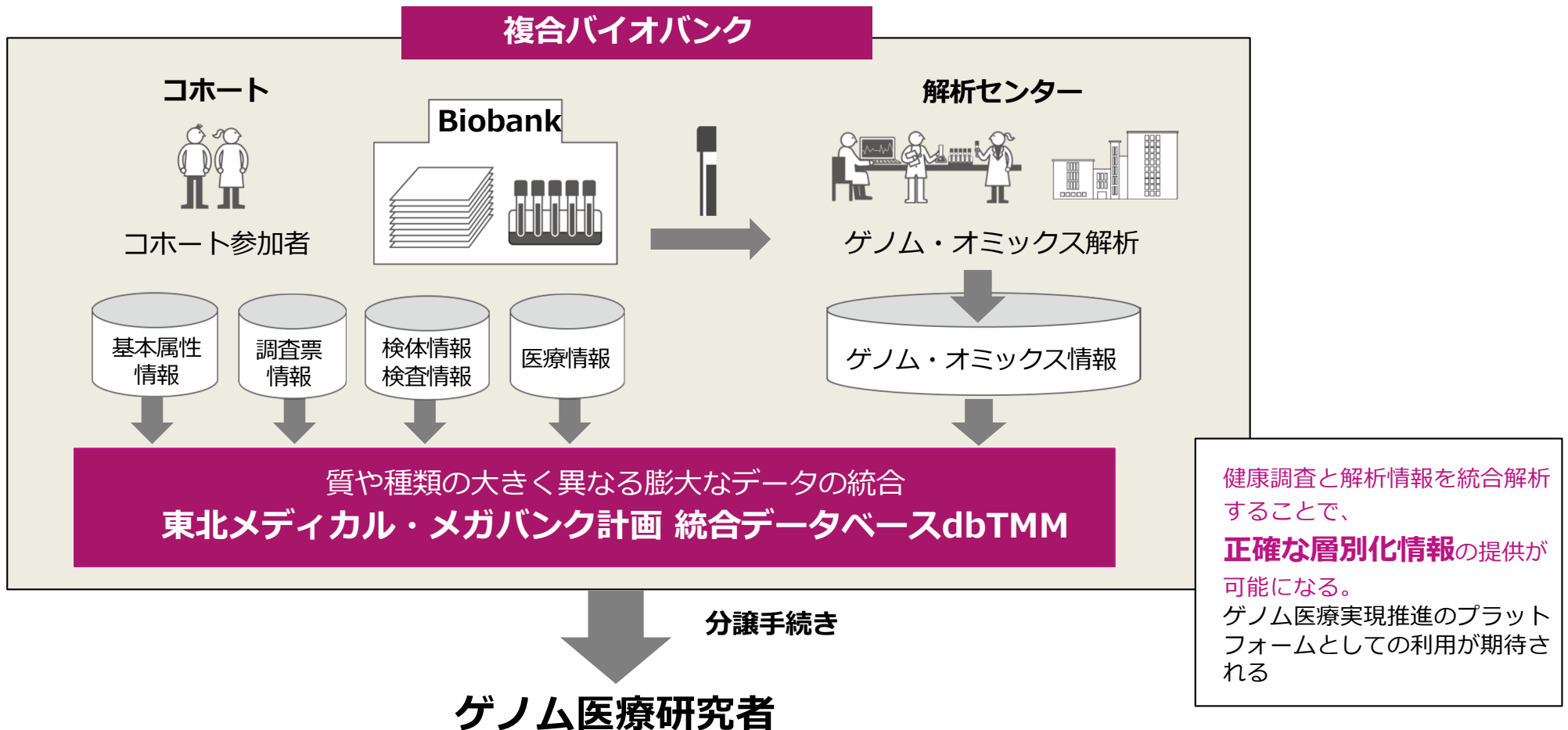


- 2013年11月 1,000人の全ゲノム解読完了
- 2014年12月 ジャポニカアレイ®を用いたゲノム解析サービスを開始
- 2015年12月 1,000人分の全ゲノム情報に基づき、アレール頻度情報を公開
- 2017年10月 ジャポニカアレイ® v2を用いたゲノム解析サービスを開始
- 2017年10月 5,000人分のオミックス解析データを公開
- 2018年6月 3,552人分をもとにした全ゲノムリファレンスパネル 3.5KJPNv2を公開
- 2019年2月 「日本人基準ゲノム配列」初版JG1を公開
- 2019年9月 4,773人分をもとにした全ゲノムリファレンスパネル 4.7KJPNおよび1.5万人分のオミックス解析データを公開
- 2019年9月 ジャポニカアレイ® NEOを用いたゲノム解析サービスを開始
- 2020年8月 8,380人分の全ゲノムリファレンスパネル8.3KJPN、日本人基準ゲノム第2版JG2、2.5万人分に拡大したオミックス解析データを公開

統合データベースによる大規模データ統合

統合データベースにはゲノムコホート由来のデータが格納・蓄積されている

- 定められた登録・審査の手続きを経て全国の研究者が利用できる
- “大規模データ向け高速検索”や“検索後層別化集団の統計学的自動特徴付け”等の新たな機能が搭載されている



100,000 Genomes Project

Genomics
england



Over **100,000** genomes



Over **97,000** patients and family members



21+ Petabytes of data.
1 Petabyte of music would take 2,000 years to play on an MP3 player.



13 Genomic Medicine Centres, and
98 NHS Trusts within them were involved in recruiting participants

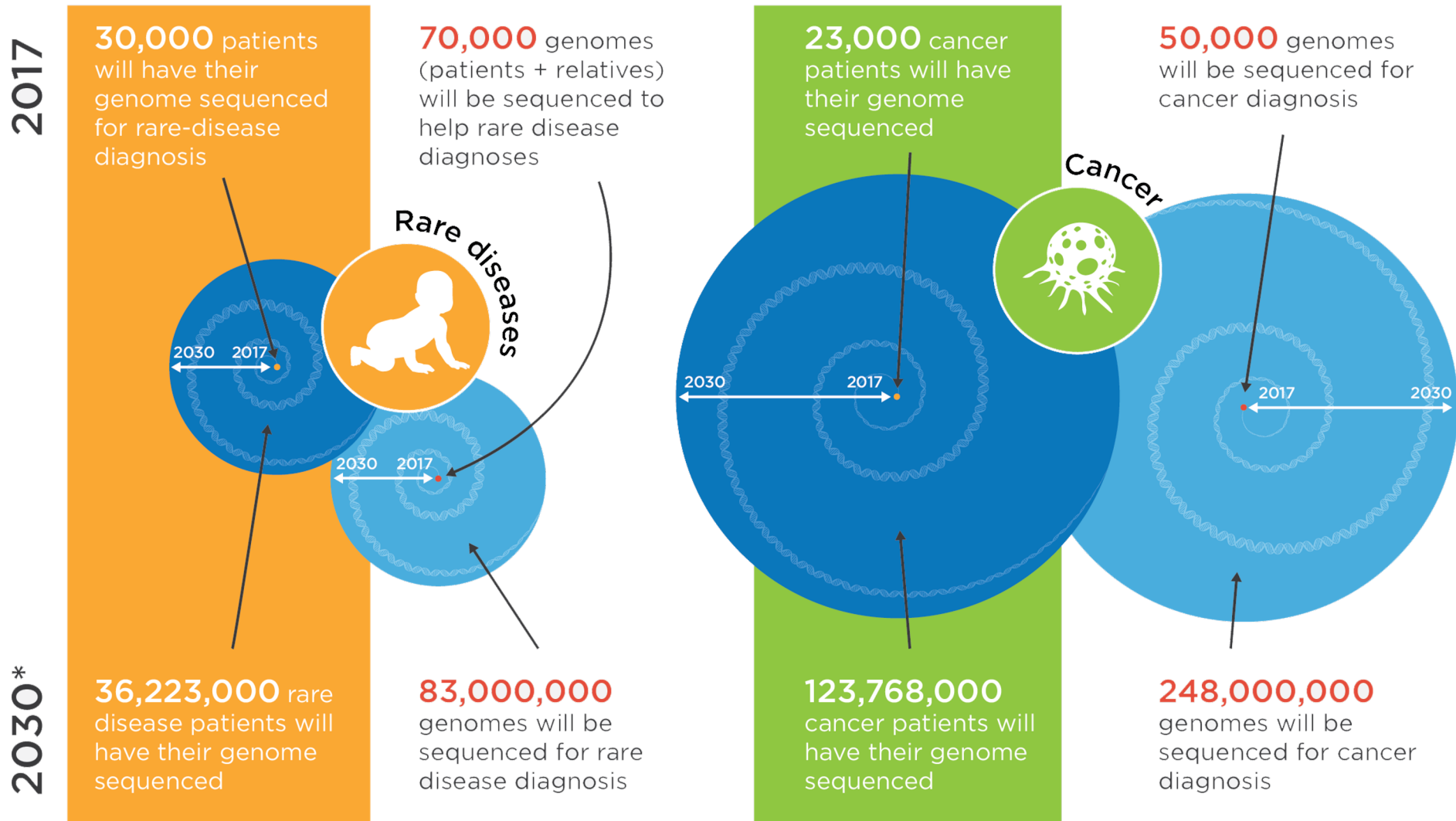


Around **5,000** NHS staff (doctors, nurses, pathologists, laboratory staff, genetic counsellors)



Over **3,000** researchers and trainees

Genomics in healthcare



* Projected figures, based on current data and known status of genomics initiatives worldwide.

診療でシーケンスされるゲノム情報の急増

Ewan Birney, Jessica Vamathevan, Peter Goodhand.
Genomics in healthcare: GA4GH looks to 2022.
BioRxiv: doi.org/10.1101/203554

クリニカルシークエンスデータの標準化

国際標準

ISO/TC215

医療情報の国際標準の策定



フォーラム標準

HL7

米国主導の医療情報交換のための
標準規格の策定



事実上の標準

GA4GH

研究開発におけるデータ共有のための
ハーモナイゼーション

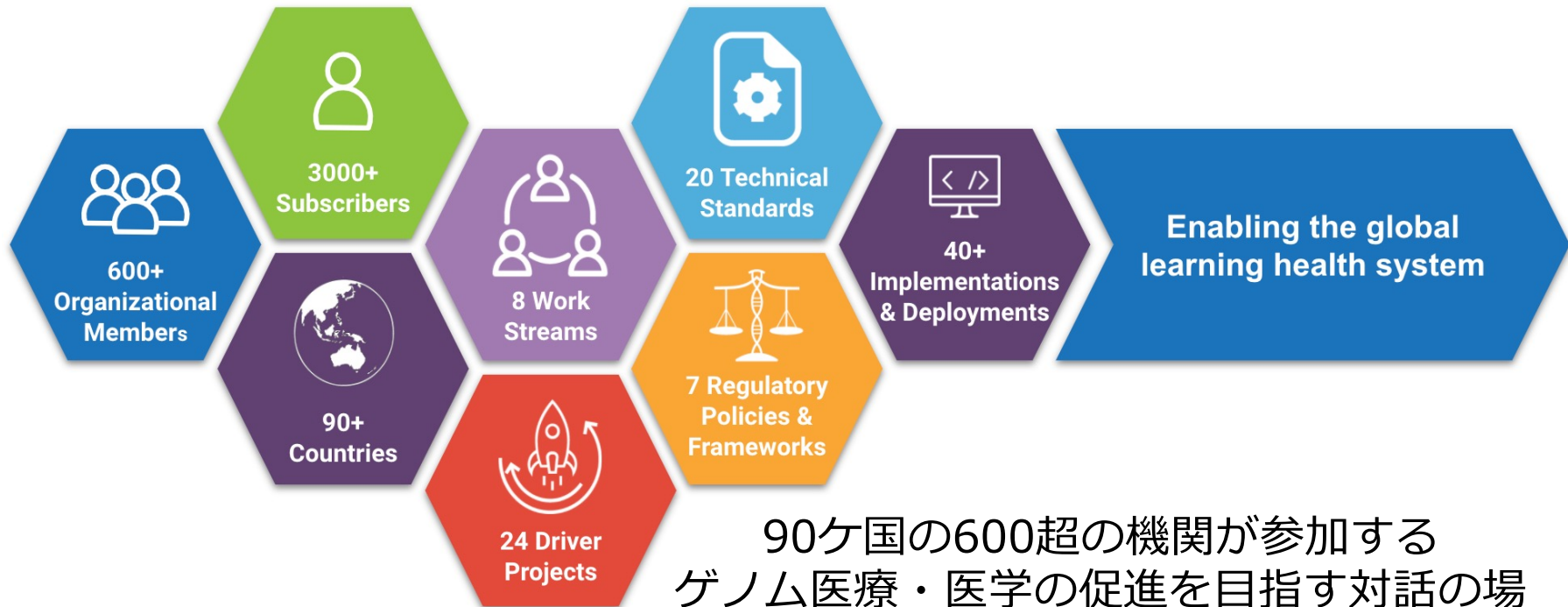


xSDO (cross Standards Development Organization)
による標準化が進展中



Global Alliance for Genomics & Health

Collaborate. Innovate. Accelerate.



90ヶ国の600超の機関が参加する
ゲノム医療・医学の促進を目指す対話の場

国際的なハーモナイゼーションへの取り組み

Real-World Driver Projects & Technical Work Stream



		Real-World Driver Projects									
Technical Work Streams	Discovery	✓		✓		✓		✓			
	Large-Scale Genomics		✓		✓		✓		✓		
	Data Use & Researcher IDs	✓		✓		✓	✓				✓
	Cloud		✓	✓						✓	
	Genomic Knowledge Standards		✓				✓	✓	✓		
	Clinical & Phenotypic Data Capture	✓			✓	✓	✓				✓
Foundational Work Streams	Regulatory & Ethics										
	Data Security										



縦軸の各国のゲノム医療研究開発プロジェクト
横軸の技術開発のワークストリーム

INFORMING HUMAN HEALTH & MEDICINE

Governing Outputs

- Return of Results Policy
- Standard Genomic Data Licenses & Agreements



DATA DONOR

Your DNA Your Day



Consents

- Consent Policy
- Consent Clauses
- Machine-Readable Consent Guidance
- Data Use Ontology

Genomic Sequencing

- CRAM/BAM
- VCF
- Crypt4GH
- Data Privacy and Security Policy



RESEARCH ETHICS COMMITTEE

Ethics Review and Recognition Policy



Data transformation for database storage

DATA CUSTODIAN

Data Security Infrastructure Policy

Discover Services

- Service Registry
- Service Info

Find Datasets

- Search API
- Beacon API
- Data Use Ontology

Retrieve Datasets

- refget
- htsget
- RNAget

Analyze Datasets

- TRS
- WES
- TES
- DRS

Share Datasets

- VRS
- VA
- Phenopackets
- Pedigree



RESEARCHER / CLINICIAN

Apply for GA4GH Passport

- GA4GH Passport

Approval of Data Access Request

- GA4GH Passport
- Data Use Ontology



Request Access to Dataset

- GA4GH Passport
- AAI

DATA ACCESS COMMITTEE

Data Access Committee Review Standards



AMED-GA4GH



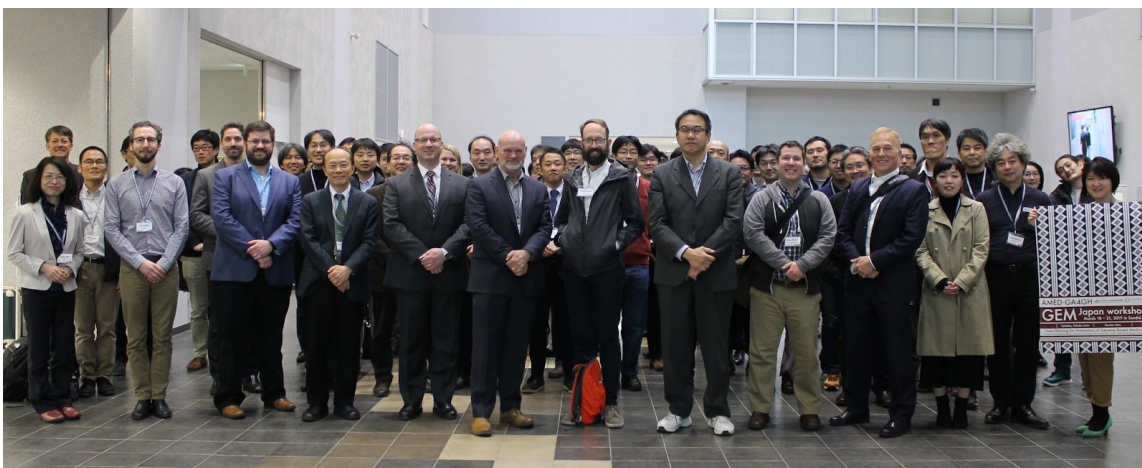
国立研究開発法人日本医療研究開発機構
Japan Agency for Medical Research and Development



Global Alliance
for Genomics & Health
Collaborate. Innovate. Accelerate.

GEM Japan workshops in Sendai

GA4GHの技術標準の開発と日本国内の実装について
のワークショップ



国内の主要なゲノム医療の研究グループが参画し、国内のハーモナイゼーションの実現





ISO/TC215/SC1

Genomics Informatics

SECRETARIAT: KATS

Committee Manager: [Mr Sungin Lee](#)

Chairperson (until end 2021): Mr Bron Kisler

ISO Technical Programme Manager [TPM]: [Ms Monica Ibido](#)

ISO Editorial Programme Manager [EPM]: [Ms Christelle Gansonre](#)

Creation date: 2019

SCOPE

ゲノム、トランスクリプトーム、プロテオーム、フェノームなどのオミックス情報により、医療や研究開発を支援するための、ゲノムデータ、知識（その表現やメタデータを含む）の標準化

**日本の国内対策委員会を設立、委員長に就任
2020年4月、10月、2021年3月のミーティングに参加**

3

**PUBLISHED ISO
STANDARDS***

under the direct responsibility
of ISO/TC 215/SC 1

7

**ISO STANDARDS UNDER
DEVELOPMENT***

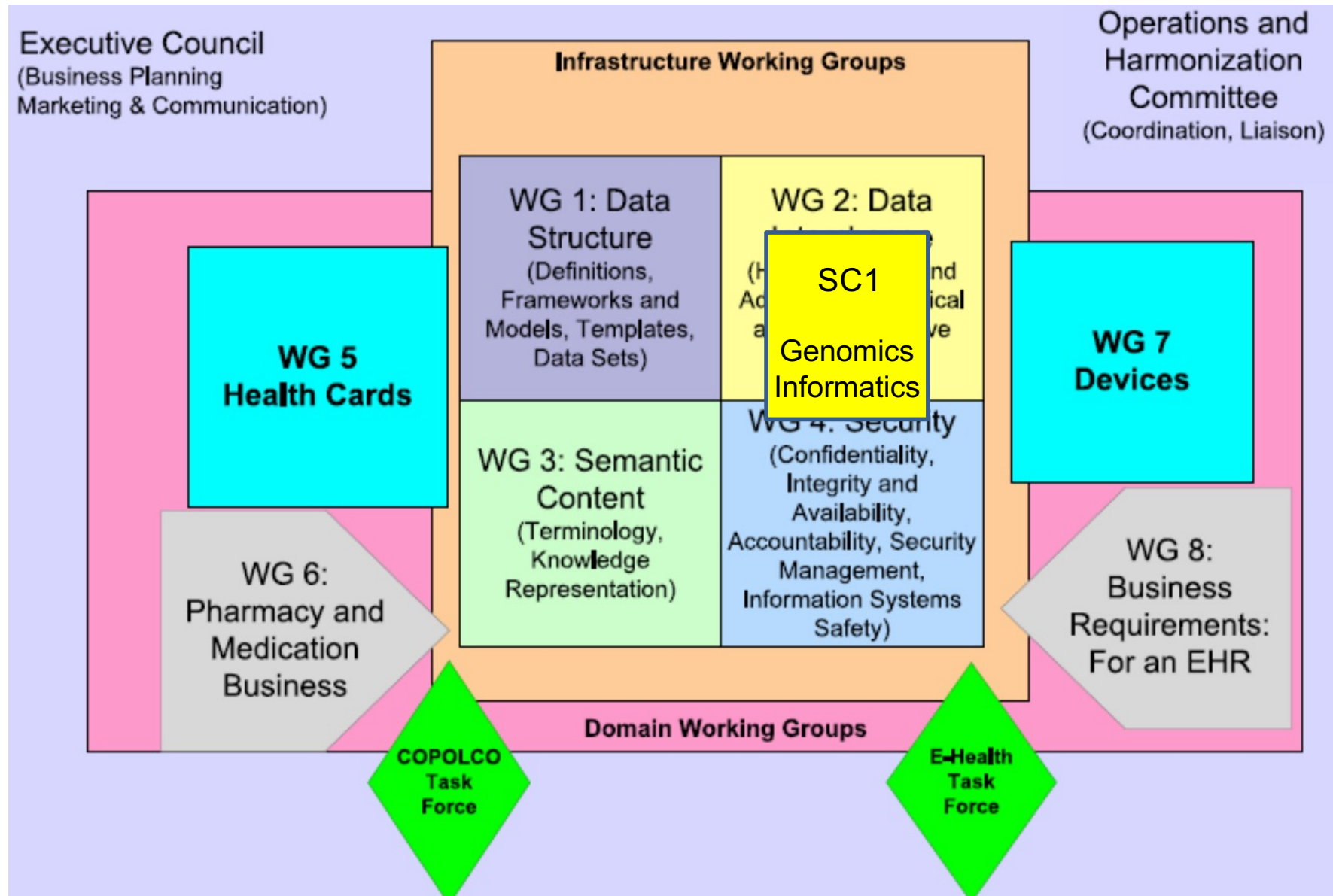
under the direct responsibility
of ISO/TC 215/SC 1

18

**PARTICIPATING
MEMBERS**

ISO/TC215 Health Informatics

医療情報の国際標準の策定



Working groups and task forces

ISO/TC 215/SC 1/TF 1 ⓘ	Strategic roadmap	Working group
ISO/TC 215/SC 1/TF 2 ⓘ	Cross-SDO genomics coordination	Working group
ISO/TC 215/SC 1/WG 1 ⓘ	Genomics data sharing	Working group

LIAISON COMMITTEES TO ISO/TC 215/SC 1

The committees below can access the documents of ISO/TC 215/SC 1:

REFERENCE ↓	TITLE	ISO/IEC
ISO/TC 276	Biotechnology	ISO

LIAISON COMMITTEES FROM ISO/TC 215/SC 1

ISO/TC 215/SC 1 can access the documents of the committees below:

REFERENCE ↓	TITLE	ISO/IEC
ISO/IEC JTC 1/SC 29	Coding of audio, picture, multimedia and hypermedia information	ISO/IEC
ISO/TC 276	Biotechnology	ISO

ORGANIZATIONS IN LIAISON (CATEGORY A AND B)

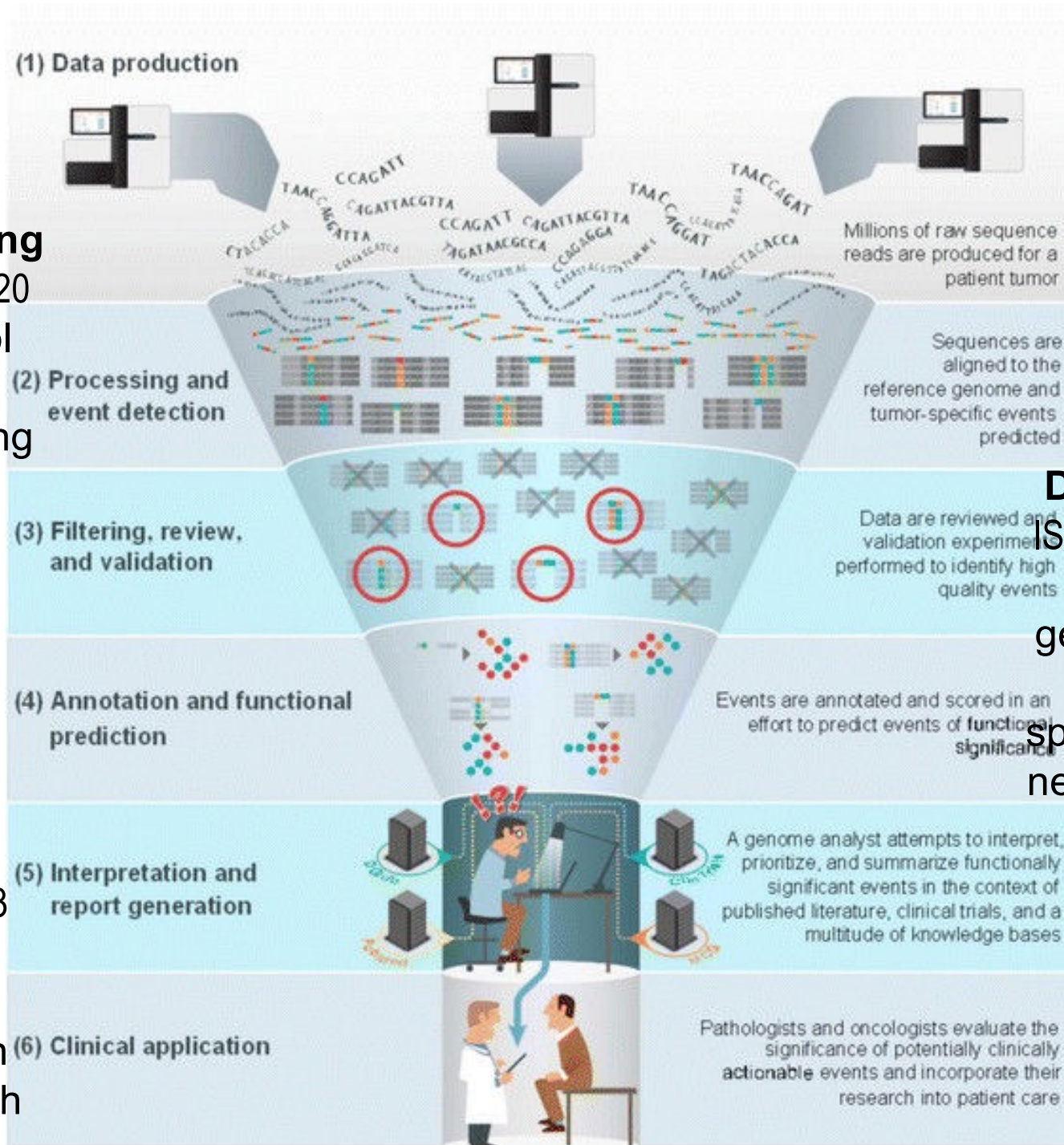
ACRONYM ↓	TITLE	CATEGORY
IHE	Integrating the Healthcare Enterprise International	A
IHTSDO	International Health Terminology Standards Development Organization	A

ORGANIZATIONS IN LIAISON (CATEGORY C)

C liaisons participate at the level of a Working Group

ACRONYM ↓	TITLE	CATEGORY
EU-STANDS4PM	A European standardisation framework for data integration and data-driven in silico models for personalised medicine	C
GA4GH	Global Alliance for Genomics and Health	C
Instand-NGS4P	Integrated and standardized NGS workflows for Personalised therapy	C

DNA sequencing
ISO/TS 22692:2020
Quality control
metrics for
DNA sequencing



Data sharing
ISO/CD TS 23357
Clinical
genomics data
sharing
Specification for
next generation
sequencing

Reporting
ISO/CD TS 22693
Structured
clinical gene
fusion report in
electronic health
records

ISO/TC215/SC1 国内委員会の設置

- 事務局を日本HL7協会に設置
- アカデミア・医療界、産業界のステークホルダーの参加

アカデミア・医療界

日本医療情報学会, 日本学術会議ゲノム科学分科会, 日本人類遺伝学会, 日本臨床検査医学会,
日本バイオインフォマティクス学会, クリニカルバイオバンク学会, 日本オミックス医学会,
国立がん研究センター, 日本医師会(予定), 日本歯科医師会(予定)

産業界

日本製薬工業協会, 日本衛生検査所協会, 保健医療福祉情報システム工業会(予定),
富士通株式会社, 日立製作所(検討中), 株式会社テック

省庁

経済産業省 産業技術環境局 国際標準課, 経済産業省 生物化学産業課
厚生労働省 大臣官房 厚生科学課, 厚生労働省 健康局 がん・疾病対策課 他

- ISO/TC215/SC1の標準化活動、各国からの規格提案の対応
および規格提案の検討、日本からの規格提案
- GA4GHの標準化活動との連携
- HL7 Clinical Genomics WGの標準化活動との連携

ゲノム社会の到来に向けた国内の標準化検討の場

HL7[®]

International

HL7

Clinical Genomics

WG

Mission

臨床ゲノミクス作業部会は、個別化医療や精密医療をサポートするために必要な、臨床、個人、集団のゲノム情報や家族の健康履歴に関心のある当事者間での意味のあるデータ交換を可能にすることで、HL7の標準を作成し、促進するというミッションをサポートする。臨床ゲノミクス領域の焦点は、個人のゲノム情報と家族の健康履歴を特定し、病気や健康の根本的な遺伝的要因をより良く理解すること、そしてデータと知識の両方を含む関連する臨床情報にリンクすることである。

日本HL7協会のゲノムWGのWG長に就任

2020年9月、2021年1月のWGに参加

HL7 FHIRのClinical Genomicsの実装ガイドの研究開発

v2

- v2 Implementation Guides

Genetic Variation
(Fully LOINC-
Qualified Genetic
Variation Model)

Laboratory Results
Interface (LRI)

v3

- Family History (Pedigree)
- Genetic Variations
- Gene Expression
- CMETs defined by the Domain

CDA

- A CDA Implementation Guide for Genetic Testing Reports

FHIR R4

- Genomics Reporting IG
- MolecularSequence Resource
- Profiles for
 - Family member history for genetics analysis
 - DiagnosticReport
 - ProcedureRequest
 - HLA Reporting
 - Genetic Observation

HL7 Clinical Genomics WGにおいて想定している クリニカルシーケンスのシナリオ

- Scenario 1: Specimen Identification
- Scenario 2: Clinical Sequencing – Germline Testing
- Scenario 3: Cancer Profiling – Somatic Testing
- Scenario 4: Decision Making Tools – Family History and Drug Dosage Calculators
- Scenario 5: Public Health Reporting
- Scenario 6: Clinical and Research Data Warehouses
- Scenario 7: Cytogenetic Marker identification via sequencing
- Scenario 8: Pharmacogenomics
- Scenario 9: State & Regional Health Information Exchanges
- Scenario 10: Human leukocyte antigen (HLA) Typing
- Additional Use Case Scenarios
 - Comprehensive Pathology Report, Rare/Undiagnosed Diseases, Preimplantation Testing, Cell-free Fetal DNA (cffDNA) Based Noninvasive Prenatal Testing, Newborn Screening, Genetic Tests

HL7 Clinical Genomics WG

標準化活動の概要



v2

- v2 Implementation Guides
 - Genetic Variation (Fully LOINC-Qualified Genetic Variation Model)
 - Laboratory Results Interface (LRI)

v3

- Family History (Pedigree)
- Genetic Variations
- Gene Expression
- CMETs defined by the Domain

CDA

- A CDA Implementation Guide for Genetic Testing Reports

FHIR R4

- Genomics Reporting IG
- MolecularSequence Resource
- Profiles for
 - Family member history for genetics analysis
 - DiagnosticReport
 - ProcedureRequest
 - HLA Reporting
 - Genetic Observation

Common

- Domain Analysis Models for the various topics
- A Domain Information Model describing the common semantics
- Semantic alignment among the various specs

Green projects are being developed or maintained

FHIR R4 Genomics Reporting IG



This page is part of the Genetic Reporting Implementation Guide (v1.0.0: [STU 1](#)) based on [FHIR R4](#). This is the current published version. For a full list of available versions, see the [Directory of published versions](#)

1 IG Home Page

This implementation guide is not fully complete. Portions of the implementation guide are provided for "framework purposes only" - giving a sense of what additional topics are intended to be covered and where that content will fit. The work group has prioritized standardizing those portions of the specification with general applicability and related to sequencing. At this time, the work group has not yet come to a consensus on a single minimal set of elements that are required to be supported for generic use cases. In a future release, specific lab reporting use cases will have individual capability statements including must-support elements. The work group will continue to flesh out additional sections for future ballot publications.

1.0.1 Scope

Genomics is a rapidly evolving area of healthcare that involves complex data structures. There is significant value in sharing this information in a way that is consistent, computable and that can accommodate ongoing evolution of medical science and practice. The value comes from the ability to easily sort, filter and perform decision support on such information and the resulting improvements in care and reduction in costs such as the elimination of redundant testing. The implementation guide is also transmission protocol-independent - the data structures presented here could be used in RESTful, messaging, document or other paradigms.

This guide covers all aspects of human genomic genomics-reporting, including:

- Representation of simple discrete variants, structural variants including copy number variants, complex variants as well as gross variations such as extra or missing chromosomes
- Representation of both known variants as well as fully describing de novo variations
- Germline and somatic variations
- Relevance of identified variations from the perspective of disease pathology, pharmacogenomics, transplant suitability (e.g. HLA typing), etc.
- Full and partial DNA sequencing, including whole genome and exome studies
- Mosaicism (differing genomic characteristics for different specimens from the same subject)
- Mitochondrial DNA variations

<http://hl7.org/fhir/uv/genomics-reporting/>

FHIR R4 Genomics Reporting IG 策定方針

- すべての国で自由に利用できる用語のみを利用する
HGVSをはじめとしたゲノム医学分野の事実上の標準の用語を活用する
- 臨床検査のObservationやDiagnosticReportなどで共通に使用されているリソースを最大限に活用する
- 検査法に依存しない形式でバリエントをレポートする
遺伝子検査によるバリエントと、ダイレクトシーケンスで確認されたバリエントを共通の形式でレポートする
- 本ガイドは、HL7のv2 Genetic Variation Model Implementation Guide およびv2 Cytogenomic Model Implementation Guideと可能な限り整合性をとり、v2システムから変換するFHIRシステムやv2システムと相互運用するFHIRシステムの一貫性を最大限に高める

FHIR R4 Genomics Reporting IG 策定状況

■データ構造にフォーカスして策定

- ✓ 2018年4月 STU 1 Ballot
<http://hl7.org/fhir/uv/genomics-reporting/2018May>
- ✓ 2018年12月 STU 1 Ballot #2
<http://hl7.org/fhir/uv/genomics-reporting/2019Jan>
- ✓ 2019年11月 STU1 Published
<http://hl7.org/fhir/uv/genomics-reporting>
- ✓ 2021年5月 STU2 ballot
<http://hl7.org/fhir/uv/genomics-reporting/2021May>
- ✓ Current build
<http://build.fhir.org/ig/HL7/genomics-reporting>

■クリニカルシーケンスのレポートのリクエスト、作成、承認、ルーティング、配信、修正などのワークフローには対応していない

FHIR R4 Genomics Reporting IG STU2 Ballot

- Fixed errors
- Easier to read
 - Rewrote Pharmacogenomics Reporting section
 - Better consistency throughout
- More examples
 - 19 vs 61
- Defined Operations
 - \$find-subject-variants
 - Retrieves variants from a specified genomic region
- New Profiles
 - Tumor mutation burden
 - Microsatellite instability
 - Diagnostic Implication
 - Therapeutic Implication
- Removed Profiles
 - Inherited Disease Pathogenicity
 - Somatic Diagnostic Implication
 - Somatic Prognostic Implication
 - Somatic Predictive Implication
 - Medication Metabolism Implication
 - Medication Transporter Implication
 - Medication Efficacy Implication
 - High Risk Allele
 - Current Medication
 - Medication Implication
 - Somatic Implication

Tumor Mutation Burden (TMB)、マイクロサテライト不安定性などの新しいプロファイルの追加

FHIR R4 Genomics Reporting IG STU2

- Background
- Reporting
 - General Genomics
 - Variant
 - Pharmacogenomic
 - Somatic
 - Histocompatibility
- Profiles & Extensions
- Examples
- Appendices
 - Relation to v2 reporting
 - Clinical Genomics Apps
 - Domain Analysis Model
 - External Coding Systems
 - Conversion from STU3 Extensions
 - Molecular Sequence
 - Glossary

Diagnostic Report

- Focus of all genomic reporting
- Metadata about the the overall report
 - what kind of report?
 - when it was written?
 - who wrote it?
 - final vs draft?
 - etc
- Typically includes a rendered version for review by clinician
- Information found is expressed as FHIR Observations

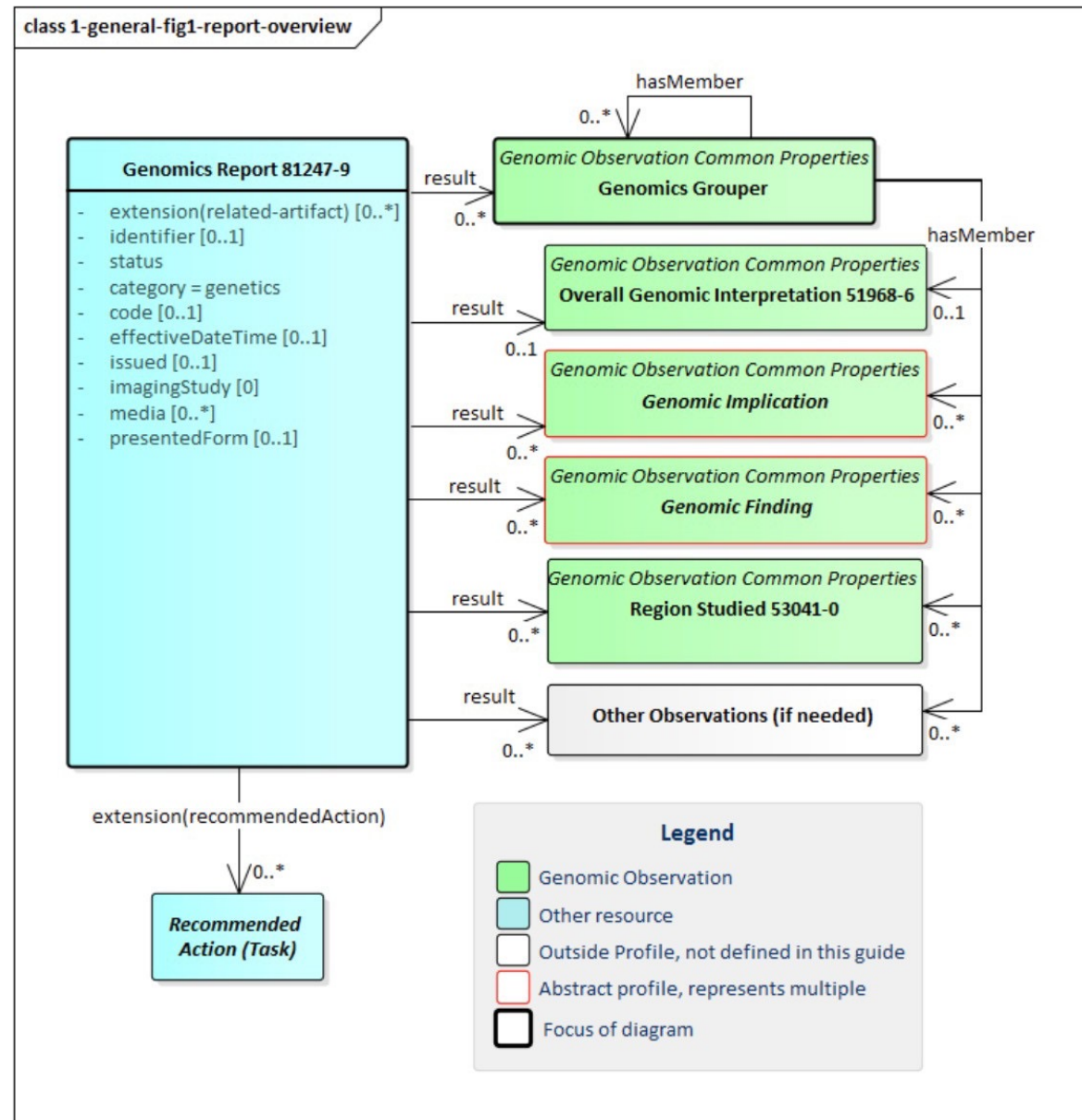
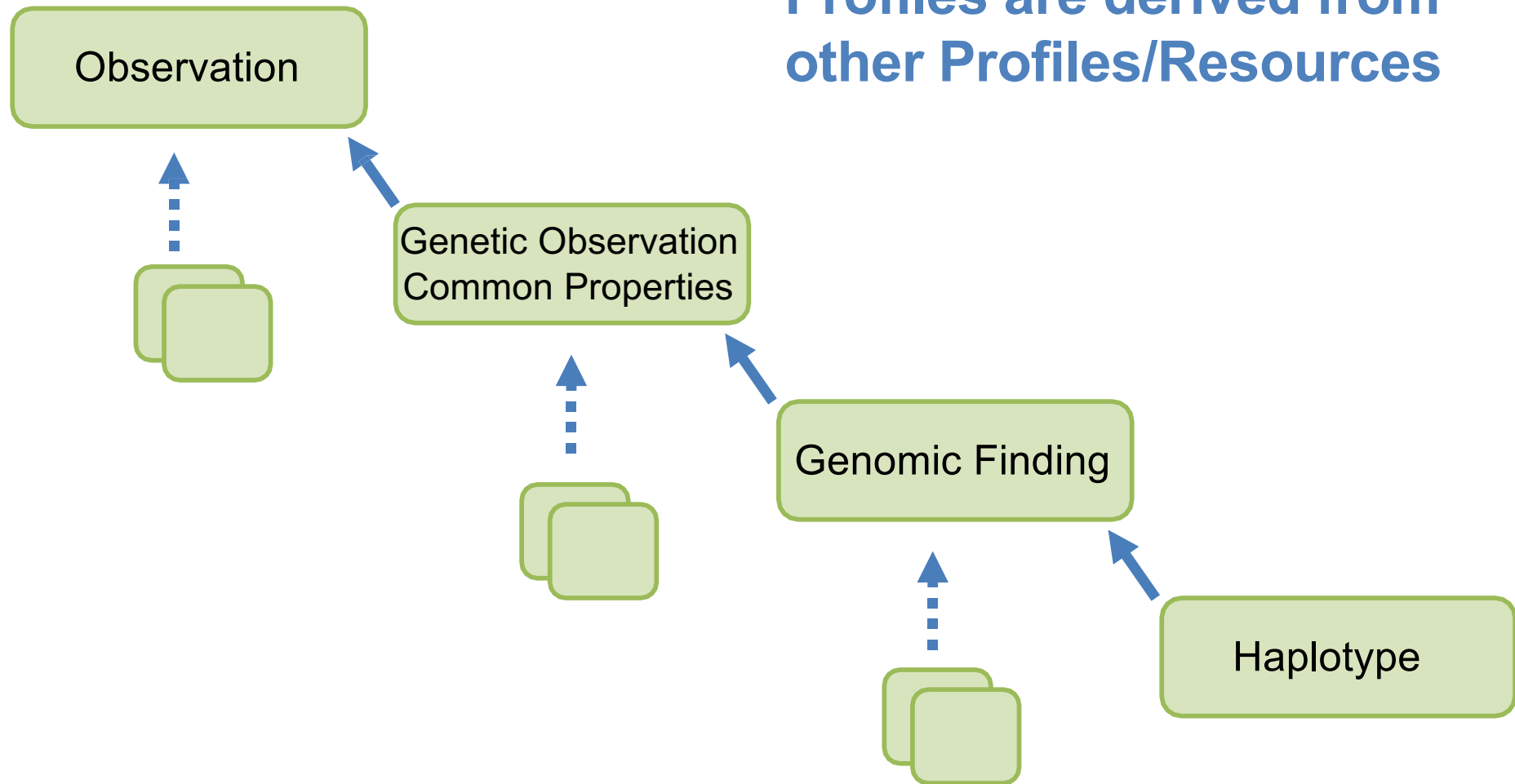


Figure 1: Genomic Report Overview

Profiles are derived from other Profiles/Resources



東北大学星陵キャンパスにおける がん患者の個別化医療の取組み

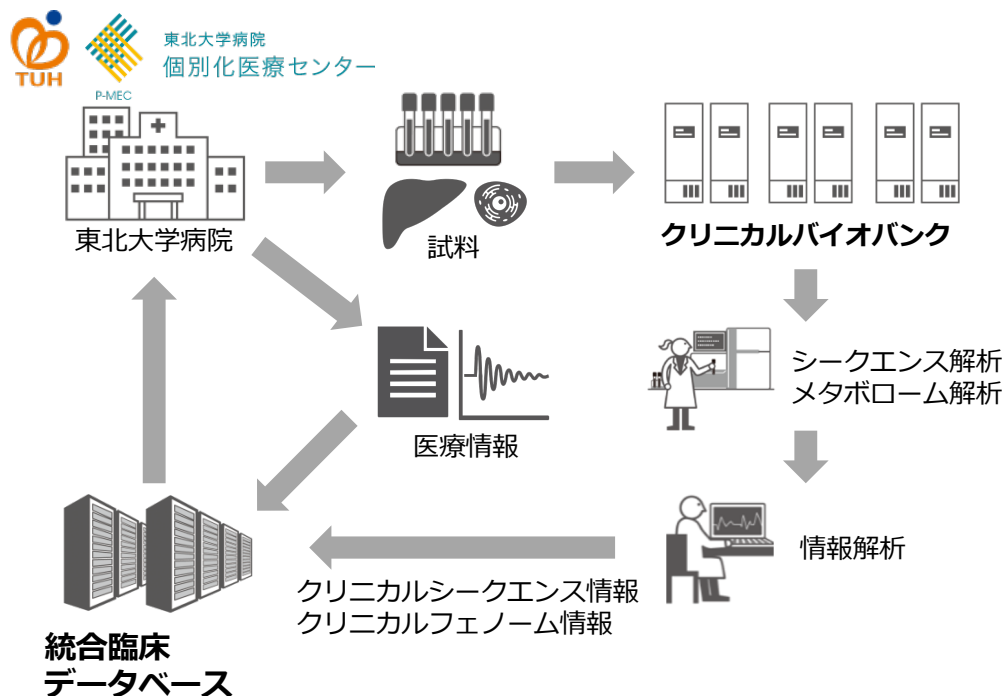
短期目標

がん患者のために個別化医療を数年の内に東北大学病院で実現する

また、クリニカルシーケンス解析による変異情報の蓄積、及び各種疾患データや脳MRI等の画像データを組み込んだ臨床データベース構築を行う

中長期目標

日本人でのエビデンスに基づいた個別化医療・個別化予防を実現



がんゲノム解析の実施

- シークエンス・情報解析の体制の構築
- 解析実施数
正常部エクソーム解析 205検体
腫瘍部エクソーム解析 225検体
正常部RNA-Seq 12検体
腫瘍部RNA-Seq 26検体

クリニカルバイオバンク

- 19診療科の血液試料と11診療科の組織サンプルを収集
- 8,600を超える液性サンプル、3,300を超える組織サンプルを収集済み。
- 末梢血・骨髄液由来単核球、口腔内検体の収集も開始

クリニカルフェノーム

- 血漿中代謝物の網羅的定量系の構築
- 28がん種834検体の測定が終了
- がん以外の症例344検体の測定が終了

統合臨床データベース

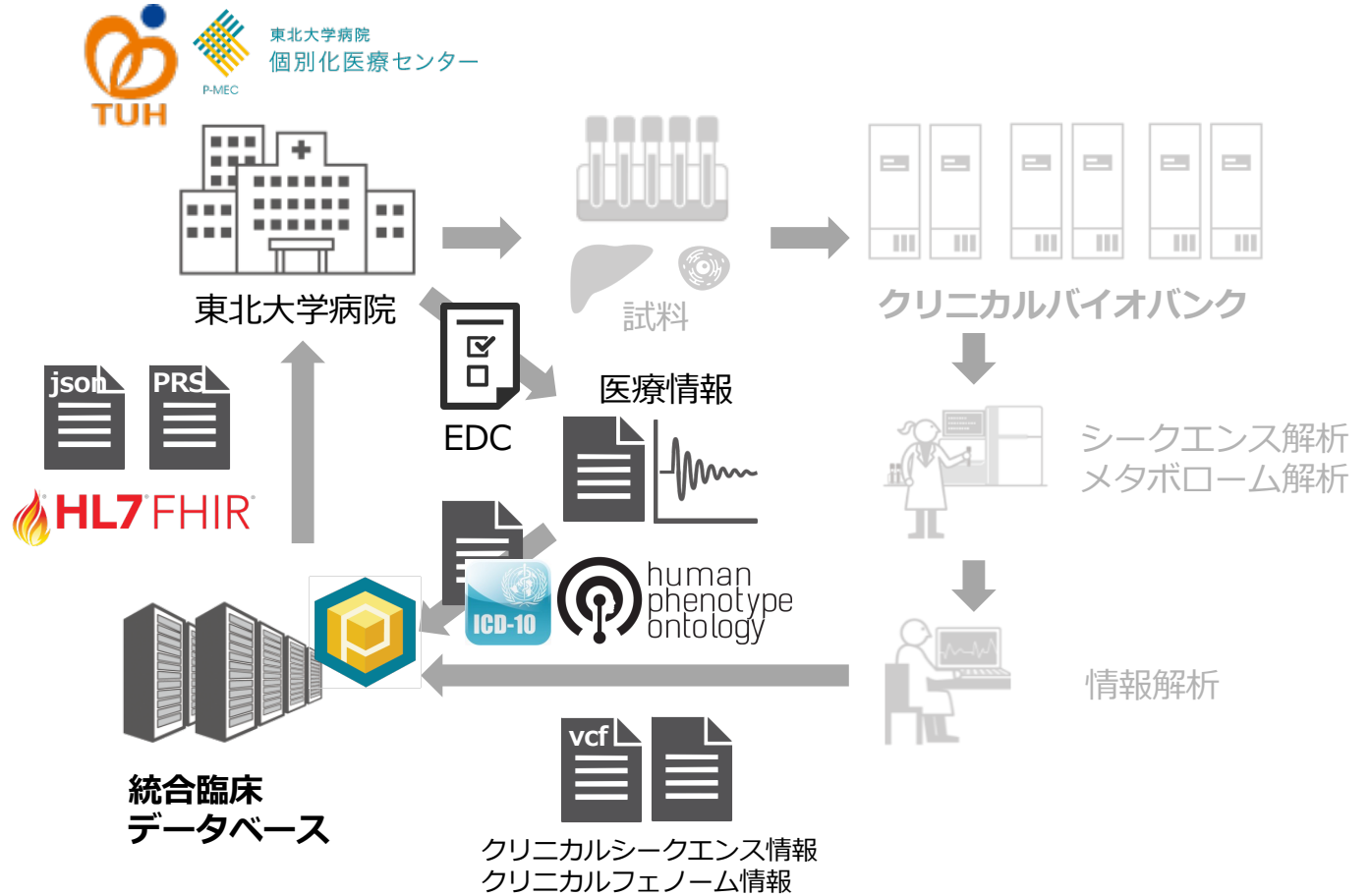
- 19診療科の血液試料と11診療科の3,456人の患者の16,287件の臨床情報の収集
- 699検体のクリニカルフェノーム情報の受け入れ

統合臨床データベースの構築

```

{
  "resourceType": "DiagnosticReport",
  "id": "rpt-000000000000",
  "meta": {
    "profile": [
      "http://hl7.org/fhir/us/genomics-reporting/StructureDefinition/genomics-report"
    ]
  },
  "contained": [
    {
      "resourceType": "Observation",
      "id": "o-200000000000",
      "meta": {
        "profile": [
          "http://hl7.org/fhir/us/genomics-reporting/StructureDefinition/variant"
        ]
      },
      "status": "final",
      "category": [
        {
          "coding": [
            {
              "system": "http://terminology.hl7.org/CodeSystem/observation-category",
              "code": "laboratory"
            }
          ]
        }
      ],
      "code": {
        "coding": [
          {
            "system": "http://loinc.org",
            "code": "69948-0",
            "display": "Genetic variant assessment"
          }
        ]
      },
      "subject": {
        "reference": "Patient/1234567"
      },
      "valueCodeableConcept": {
        "coding": [
          {
            "system": "http://loinc.org",
            "code": "LA9020-4",
            "display": "present"
          }
        ]
      },
      "component": [
        {
          "coding": [
            {
              "system": "http://loinc.org",
              "code": "42370-4",
              "display": "Human reference sequence assembly version"
            }
          ],
          "valueCodeableConcept": {
            "coding": [
              {
                "system": "http://loinc.org",
                "code": "LA14009-0",
                "display": "NC_008881.18"
              }
            ]
          }
        },
        {
          "coding": [
            {
              "system": "http://loinc.org",
              "code": "44802-3",
              "display": "Genomic reference sequence ID"
            }
          ],
          "valueCodeableConcept": {
            "coding": [
              {
                "system": "http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore",
                "code": "NC_008881.18"
              }
            ]
          }
        }
      ],
      "code": {
        "coding": [
          {
            "system": "http://loinc.org",
            "code": "53834-9",
            "display": "Allelic state"
          }
        ]
      },
      "valueCodeableConcept": {
        "coding": [
          {
            "system": "http://loinc.org",
            "code": "LA0000-0",
            "display": "homozygous"
          }
        ]
      }
    }
  ]
}

```



収集期間 2018年4月1日 ~ 2021年5月30日

収集患者 3,456 人

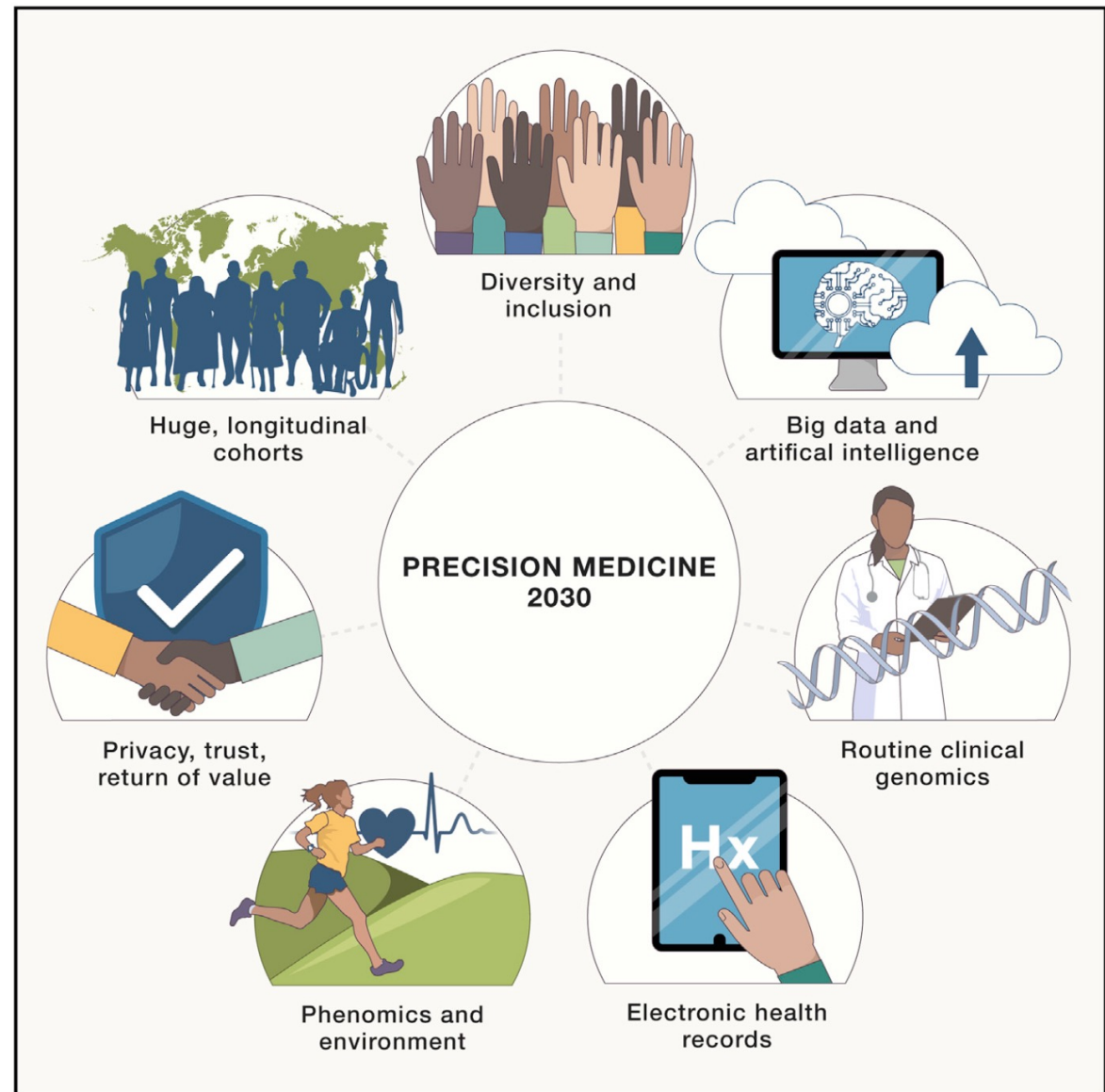
臨床情報 16,287 エントリ (19 診療科)

クリニカルフェノーム情報 699 検体

2030年の未来型医療 – 医療を変革する7つの方法

遺伝子、環境、ライフスタイルの個人差を考慮することで、健康の改善を実現

そのためには、巨大なコホート、人工知能（AI）、日常的な臨床ゲノミクス、フェノミクスと環境曝露、多様な集団における価値の還元が重要となる

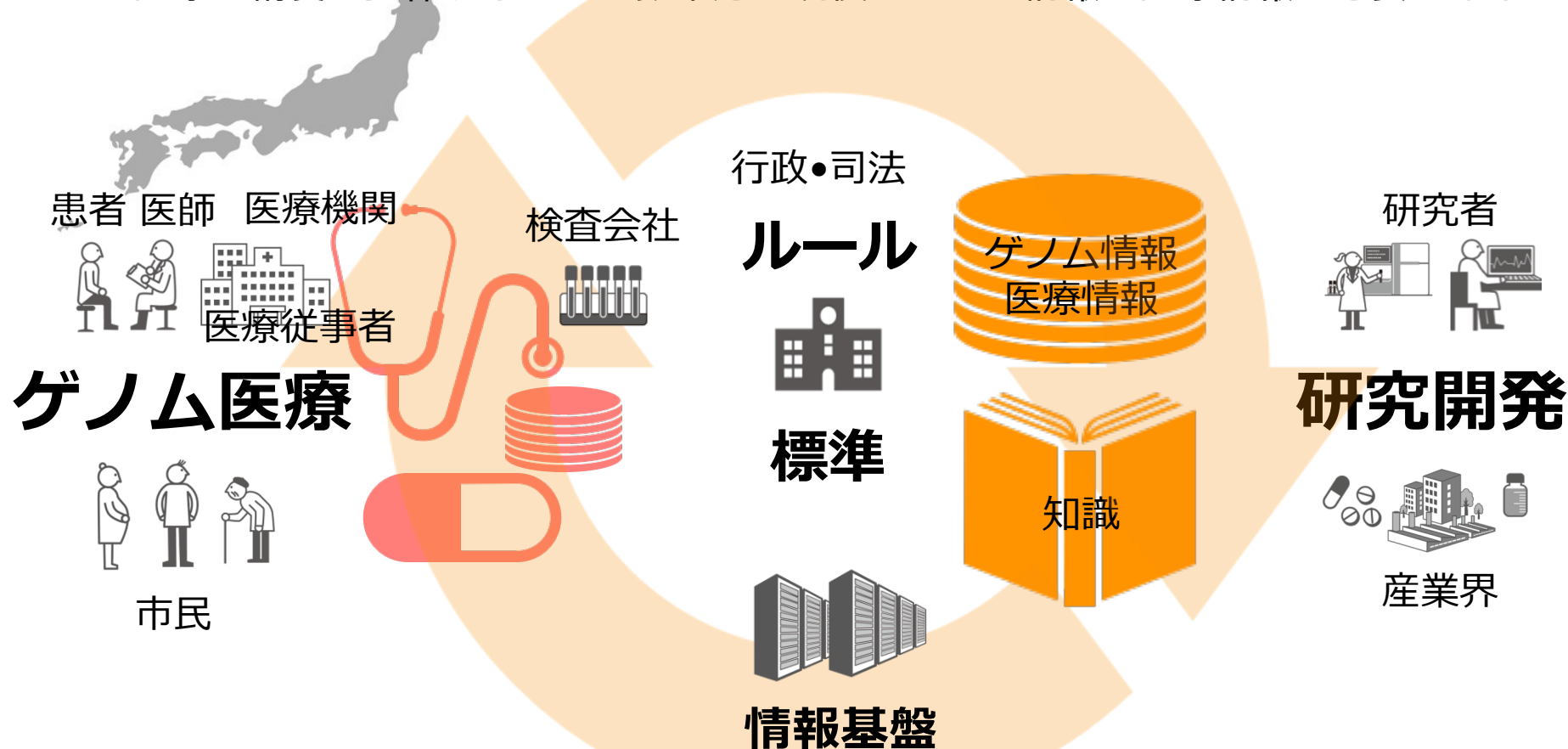


Joshua C. Denny, Francis S. Collins.
Precision medicine in 2030 - seven ways to transform healthcare.
Cell. 2021 Mar 18;184(6):1415-1419.

5～7年後の未来 – ゲノム社会の到来

医療でゲノムをシーケンスし、ゲノム情報に基づく診断・治療が日常化する

医療の精度を担保するために数千万人規模のゲノム情報と医療情報が必要となる



だれもがゲノム情報をもつゲノム社会が到来したとき、膨大なゲノム情報をいかに管理して、いかにアクセスをコントロールするのか医療制度、法制度から情報基盤までゲノム社会をデザインしなければならない

Monthly | Jurist

実用法律雑誌

特集 / ゲノムデータの利活用と法の未来

ジュリスト

6

2021 June
#1559

[座談会]
米村滋人
岡部尚文
荻島創一
宮田裕章
山本龍彦

2021年6月1日発行 毎月1回 白紙

米村滋人
長神風二
山本奈津子
中込英人・北山健児

特集

Special
Feature

ゲノムデータの 利活用と法の未来

連載 新・改正会社法セミナー | 最高裁時の判例

有斐閣

法制度の検討も必要

東京大学教授 (司会)

米村滋人

東北大学教授

荻島創一

慶應義塾大学教授

山本龍彦

日本製薬工業協会

岡部尚文

慶應義塾大学教授

宮田裕章

座談会

ゲノムデータの利活用の可能性と 法規制のあり方

目次

Index

はじめに

I. ゲノムデータ利活用の現状

1. 利活用の全体的な状況
2. 利活用の広がり要因
3. 製薬やデジタルヘルスなどへの利活用の広がり

II. ゲノムデータ利活用の未来

1. 5～7年後の未来
2. 利活用の可能性

III. ゲノムデータ利活用の法的課題

1. 現状の法規制の整理
2. 法規制と実務上の課題

ゲノム情報による健康の改善

“Improving the health of all people”
「すべての人々の健康の改善」

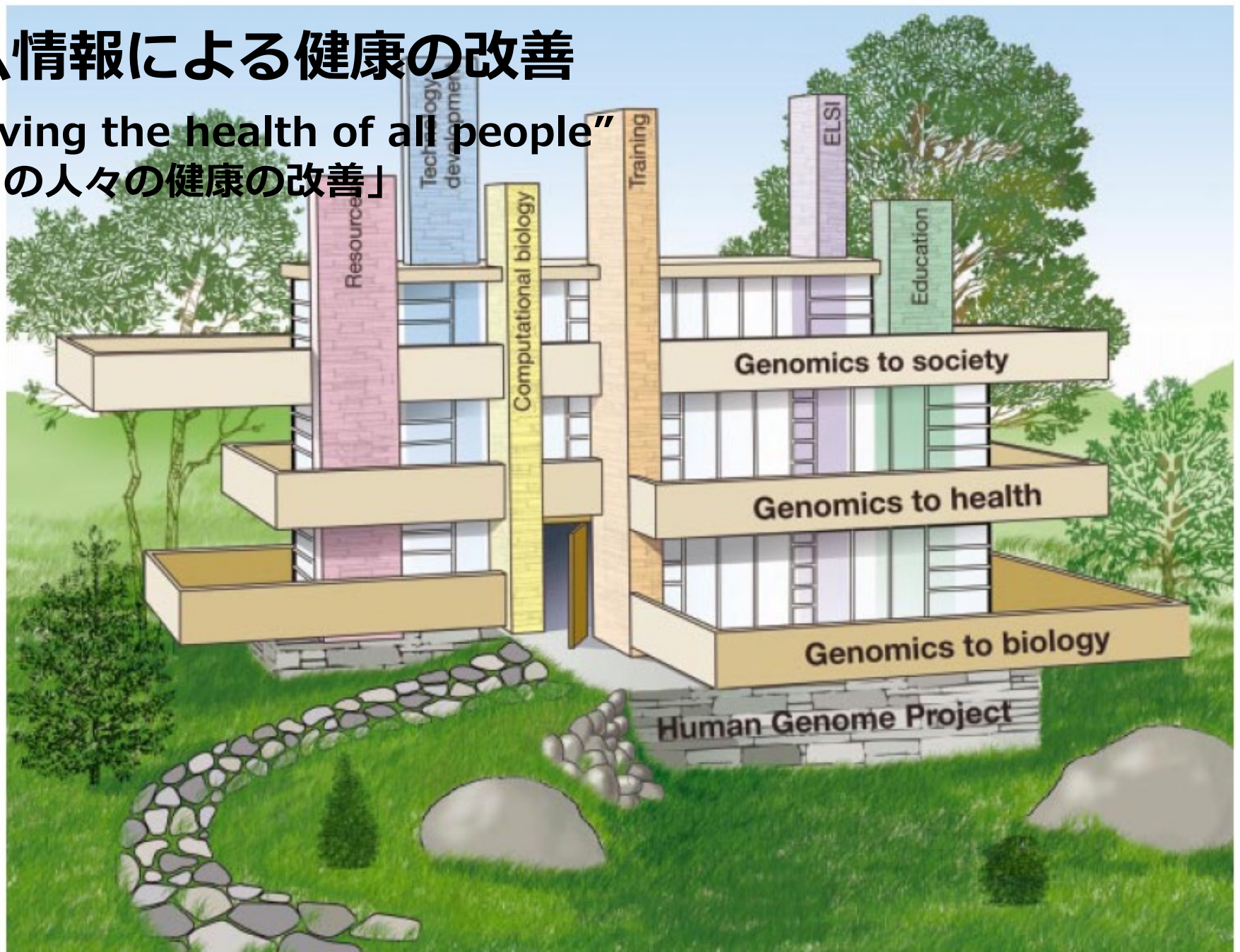


Fig 2 The future of genomics rests on the foundation of the Human Genome Project.

東北メディカル・ メガバンク機構で 活躍する人々

東北大学 学内 協力研究組織

医学系研究科
大学病院
歯学研究科
薬学研究科
情報科学研究科
加齢医学研究所
災害科学国際研究所
未来型医療創成センター



機構長

山本 雅之

副機構長

呉 繁夫
木下 賢吾
布施 昇男

機構長特別補佐

八重樫 伸生 (研究科長)
斎藤 嘉信
小林 忠雄

総務・企画事業部

佐藤 政文 (事業部長)
長神 風二 (副事業部長)
斎藤 嘉信
村上 有美
橋詰 拓明
櫻井 美佳

横田 博
境田 正樹
岸 郁子

コホート事業部

栗山 進一 (事業部長)
寶澤 篤 (副事業部長)
布施 昇男 (副事業部長)

麦倉 俊司 菅原 準一
富田 博秋 鈴木 吉也
石井 正 宇留野 晃
中谷 直樹 小原 拓
濱中 洋平 小林 朋子

複合バイオバンク事業部

泉 陽子 (事業部長)
大根田 絹子 (副事業部長)
小柴 生造 (副事業部長)
荻島 創一 (副事業部長)

中村 智洋 熊田 和貴
田宮 元 木下 賢吾
勝岡 史城 清水 律子
元池 育子 田口 恵子
櫻井 美佳

7つの部門と事務部、事業推進の中心となる16の室およびセンター
合計約370名程度のスタッフ (GMRC / TCFを含む)

GMRC: genome medical research coordinator TCF: ToMMo clinical fellow

