



東北メディカル・メガバンク計画の概要

東北大学 東北メディカル・メガバンク機構
試料・情報分譲室

信國 宇洋

東北メディカル・メガバンク計画とは

- **健常人**（岩手県、宮城県）コホートを基盤とするバイオバンク
- **15万人**の参加者の**ゲノム**情報(含アレイデータ)を有する複合バイオバンク
 - DNA、血清、血漿、単核球細胞等の生体試料
 - 生活習慣、罹患歴等のアンケート情報
 - 血液検査情報、健診情報
 - 一部参加者の
 - MRI情報、メタボローム情報などの解析情報
 - その他（生理機能情報など）
- **約2万人**の**妊婦・新生児**を含む家系情報付き参加者（三世代コホート全体で約7万人）



15万人の健常人コホート

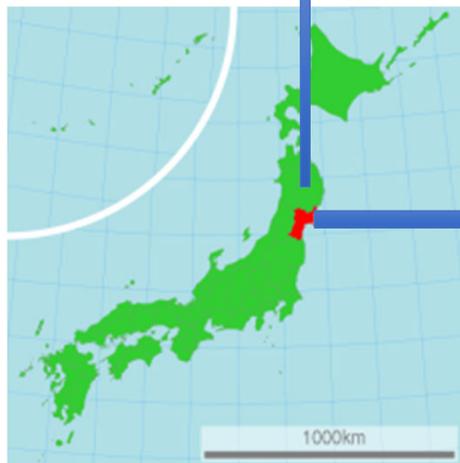
- ・ 災害後に増加が懸念される疾患のリスク同定
- ・ 被災地の健康支援
- ・ 次世代医療の恩恵を



岩手県 (人口128万人) **沿岸部**
30,000 人 (2.3%)
(地域住民コホート)

両者合わせて両県人口の4.1%

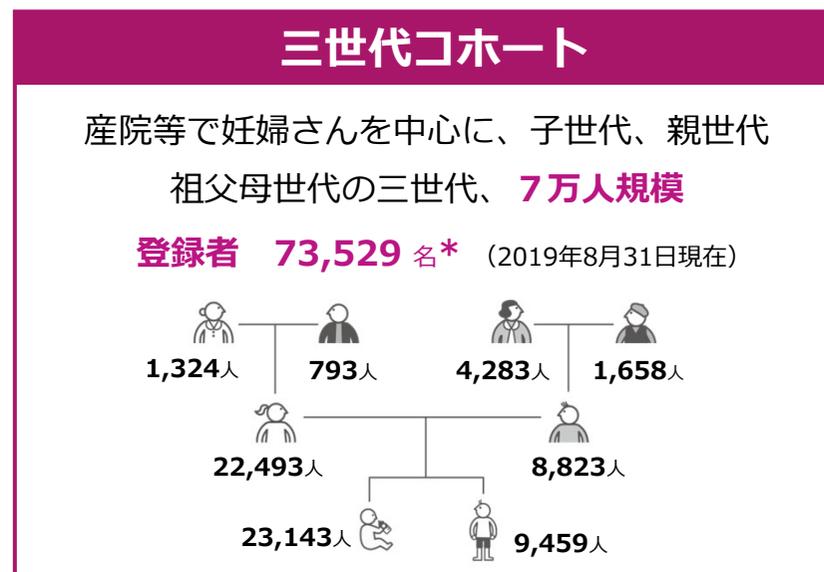
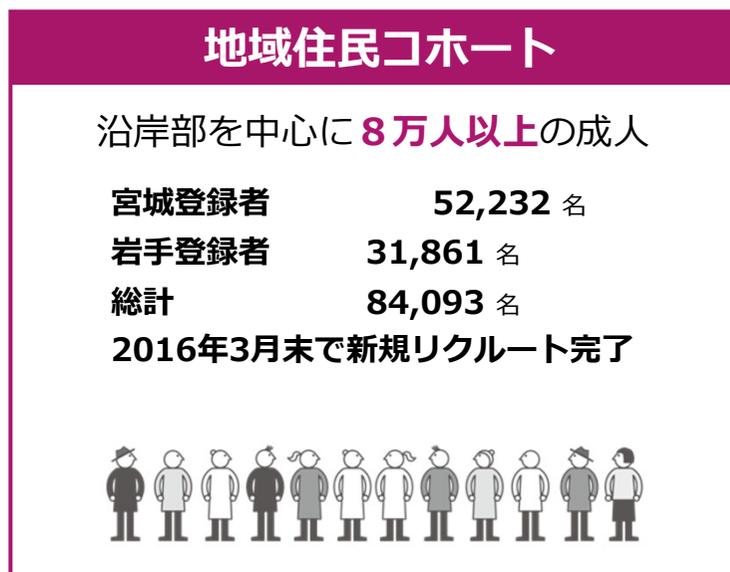
フィンランド、ノルウェイのバイオバンク提供者は人口約500万人の5-10%



宮城県 (人口233万人)
120,000 人 (5.2%)
50,000 人
(地域住民コホート)
70,000 人
(三世代コホート)

地域住民コホート・三世代コホート

TMM計画では2種類のコホートを活用すること、追跡調査の実施により縦断解析を可能とすることで大きな成果を目指す



総計15万人以上をリクルート

15万人超の参加者に順次、再来所依頼

バンキングの精度を上げる工夫 (品質管理の仕組み)

- 自動機器の積極的導入



- LIMS(Laboratory Information Management System)の活用



- MassARRAY[®] Systemなどtracking, validationの体制
 - (不死化細胞など)



Agena HPより

- ISO (9001, 27001) 認証活動による改善の努力

jMorp サイト (ToMMo解析情報のまとめ)



- Phenome**
To be provided
- Metabolome**
- Proteome**
- Transcriptome**
IMM (iMethyl) & ToMMo
- Methylome**
IMM (iMethyl)
- Genome Variation**
- Genome Sequence**

jMorp release 202008

November 17th, 2020
New Articles were published.
New articles about metabolome GWAS [GWAS](#) and jMorp database [jMorp database](#) have been published on Communications Biology and Nucleic Acids Research respectively.

November 12nd, 2020
Iso-Seq and GWAS summary statistics datasets have been added.
[Transcriptome (Iso-Seq)] We released transcriptome data for lymphoblastoid cell lines (LCLs) using long-read sequencing technology (PacBio Isoform-Sequencing, Iso-Seq).
[GWAS summary statistics] We have added GWAS summary statistics of metabolome-GWAS study (TGA000003). Manhattan plots have been added in each compound page in the metabolome layer, which have been reported in this study.

August 31st, 2020
JG2 Japanese Reference Genome, 8.3KJPN allele frequency panel, and 25K Metabolome
[Genome Sequence] We updated the Japanese reference genome, JG2, which is constructed by integrating six de novo phased assemblies from three Japanese male individuals.
[Genome Variation] 8.3KJPN, allele and genotype frequency panels from 8,380 Japanese individuals were released.
[Metabolome] We released distributions of concentrations of 45 metabolites identified by NMR detected in 25,763 volunteers, distributions of peak intensities of 169 characterized metabolites by GC-MS in 2,939 volunteers. We also released the quantified metabolome data from 2,374 volunteers by new Biocrates LC-MS analysis. Moreover, information of metabolome data obtained from volunteers in repeat assessment survey by GC-MS is released.
The normalization and quality filter protocol was updated from 2019 version in GC-MS data. Three metabolite's name (TCO500085, TCO500226, and TCZ001256) were corrected.

[More](#)

jMorp Publication

Tadaka et al., "jMorp updates in 2020: large enhancement of multi-omics data resources on the general Japanese population", Nucleic Acids Research, 2020 Nov 12; gkaa1034. doi: 10.1093/nar/gkaa1034. [Link](#)

Tadaka S, Katsukawa F, et al., "3.5KJPNV2, An allele frequency panel of 3,552 Japanese Individuals including the X chromosome" Human Genome Variation, 2019 Jun 18; 6:28. doi: 10.1038/s41439-019-0059-5. [Link](#)

Saigusa D, Matsukawa N, Tadaka S, Motoike IN, Koshiba S. "Metabolome Analysis of Human Plasma by GC-MS/MS in a Large-scale Cohort" Proteome Letters, 2019 Volume 4 Issue 1 Pages 31-40. doi: 10.14889/pros.4.1_31. [Link](#)

[More](#)



jMorpサイトの画面例

Sequence | Variation | Methylation | Transcriptome | Proteome | Metabolome | Repository | GWAS | Downloads | Help | Login

jMorp Japanese Multi Omics Reference Panel

Search by gene: BRCA2 (8.3KJPN) GRC137Hg19 Statistics

511 variants found Browser Plot

missense

| Type | Position | Ref/Alt | rs# | Annotation | Gene | MeanDepth (16ZPE) | JPA | ClinVar Annotation | ToMMo 8.3KJPN | gnomAD AFR | gnomAD AMR | gnomAD ASJ | gnomAD EAS | gnomAD NFE |
|------|-------------|---------|--------------|--------------------------------|-------|-------------------|--------|--|---------------|------------|------------|------------|------------|------------|
| SNV | 13:32890605 | T/C | rs1555280096 | missense_variant (p.Ile3Thr) | BRCA2 | 30.0/30.0 | | Uncertain_significance | 0.0001 | | | | | |
| SNV | 13:32890608 | G/C | rs587782137 | missense_variant (p.Gly4Ala) | BRCA2 | 30.5/30.5 | | | | | | | 0.0006 | |
| SNV | 13:32890625 | A/G | rs786203080 | missense_variant (p.Thr10Ala) | BRCA2 | 30.0/30.0 | | Conflicting_interpretations_of_pathogenicity | 0.0001 | | | | | |
| SNV | 13:32890650 | G/A | rs80358762 | missense_variant (p.Arg18His) | BRCA2 | 30.0/30.0 | V2&NEO | Benign | 0.0041 | | | | | |
| SNV | 13:32893234 | A/C | rs1253463092 | missense_variant (p.Asn30His) | BRCA2 | 30.5/30.5 | | | | | | | | 0.0001 |
| SNV | 13:32893253 | C/A | rs730881554 | missense_variant (p.Ser36Tyr) | BRCA2 | 29.9/29.9 | | | | 0.0001 | | | | |
| SNV | 13:32893271 | A/G | rs4987046 | missense_variant (p.Tyr42Cys) | BRCA2 | 30.2/30.2 | | | | 0.0006 | | 0.0069 | | 0.0022 |
| SNV | 13:32893282 | C/T | rs80358425 | missense_variant (p.Pro48Ser) | BRCA2 | 30.4/30.4 | | | | 0.0001 | | | | |
| SNV | 13:32893321 | C/G | rs56091799 | missense_variant (p.Pro59Ala) | BRCA2 | 31.3/31.3 | | | | 0.0033 | 0.0012 | | | |
| SNV | 13:32893325 | A/G | rs80358463 | missense_variant (p.Asn60Ser) | BRCA2 | 31.6/31.6 | | | | | | | | 0.0001 |
| SNV | 13:32893328 | T/C | rs1555280374 | missense_variant (p.Leu81Pro) | BRCA2 | 31.0/31.0 | | Conflicting_interpretations_of_pathogenicity | 0.0004 | | | | | |
| SNV | 13:32893361 | A/G | rs276174818 | missense_variant (p.Asn72Ser) | BRCA2 | 32.6/32.5 | | | | | | | 0.0006 | |
| SNV | 13:32893369 | G/C | rs28897701 | missense_variant (p.Ala75Pro) | BRCA2 | 32.7/32.7 | | | | 0.0001 | 0.0012 | | | 0.0003 |
| SNV | 13:32893396 | C/G | rs80358515 | missense_variant (p.Gln84Glu) | BRCA2 | 32.0/32.0 | | Uncertain_significance | 0.0004 | | | | | |
| SNV | 13:32893449 | C/A | rs397507301 | missense_variant (p.Phe101Leu) | BRCA2 | 33.7/33.7 | | | | 0.0001 | | | | |
| SNV | 13:32899218 | A/C | rs80358567 | missense_variant (p.Asn108His) | BRCA2 | 32.1/32.1 | | | | 0.0017 | | | | |
| SNV | 13:32899219 | A/C | rs80358568 | missense_variant (p.Asn108Thr) | BRCA2 | 32.1/32.0 | | | | 0.0001 | | | | |

アレル頻度情報が表示される。

収集した試料や情報は“分譲”により広く提供している！



東北大学
TOHOKU UNIVERSITY



Press Release

令和元年8月8日

東北大学東北メディカル・メガバンク機構
岩手医科大学いわて東北メディカル・メガバンク機構
国立研究開発法人日本医療研究開発機構

6万7千人分の生体試料・情報の分譲を開始
- 食事などの生活情報から検査値まで幅広い情報を網羅 -

昨年、地域住民6万7千人が
分譲対象に！

今年、三世代コホート
7万3千人が分譲対象に！



東北大学
TOHOKU UNIVERSITY



Press Release

2020年8月21日

東北大学東北メディカル・メガバンク機構
国立研究開発法人日本医療研究開発機構

三世代コホート調査全体の試料・情報分譲の開始
～世界最大規模の家系付きコホートが全国の研究者へ利用可能に～

分譲関連の情報の公開

カル・メガバンク計画
バンク試料・情報関連ウェブサイト

サイトマップ Search... バイオバンクの概要について
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

分譲の申請について

- 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

研究者の皆さま

- 分譲する試料・情報について
- 承認研究について

お困りのことはありますか？

- Q 分譲申請する費用はいくらですか？
- Q 分譲申請から、実際に試料・情報を受け取るまでに時間はどれくらいかかる？
- Q 分譲された試料・情報に基づく研究成果を発表する場合は？

よくあるご質問へ

新着情報

2020/08/26 ウェブサイト閲覧一時停止のお知らせ(2020/08/26) 東北大学内のネットワーク機器保守のため、下記の日程で、バイオバンク試料・情報関連ウェブサイトが閲覧できなくなりました。 2020年08月26日(水)18:00 - 20:00

何かお探しですか？
目的のページをお開きします。

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

- カタログ
- 手続き
- 費用
- etc.



連絡先

電話: 022-272-6955

Mail: dist@megabank.tohoku.ac.jp

カタログ

調査票データ
生活習慣等
食事

生化学データ
血液検査
生化学検査
アレルギー検査

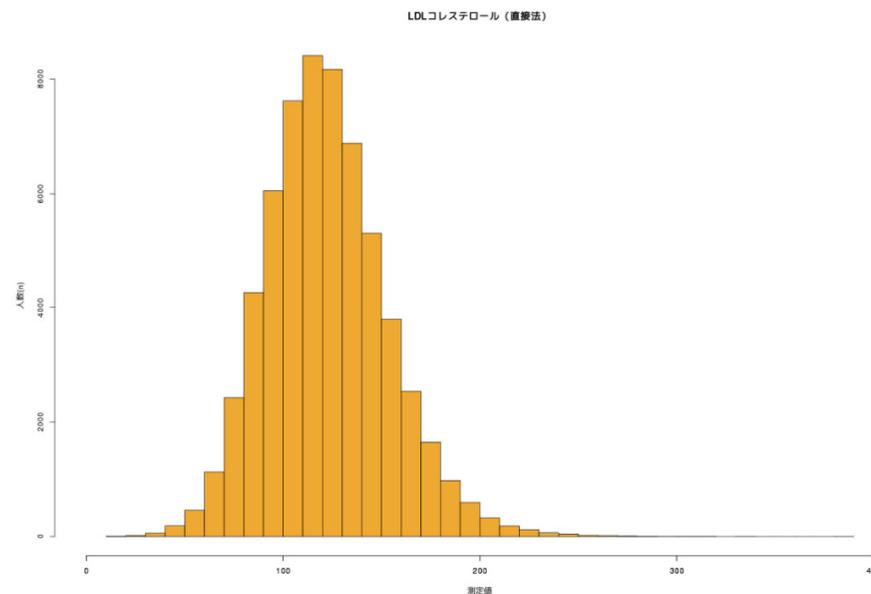
特定検診調査情報
など

項目名：LDLコレステロール(直接法)(全員)

項目コード：241111.00

カテゴリ：特定健診

| | |
|------|-------|
| 人数 | 66943 |
| データ数 | 61320 |
| データ型 | 連続値 |



ToMMoからの分譲の手続き



- 共同研究とは異なり、知財や論文等のオーサーシップを求めない。
- 費用は分譲作業の実費を請求
- **申請手続きを専門の窓口が担当**
- 倫理審査等のサービス提供

- 個人情報保護への配慮が必要
- 解析した生データはバンクの充実のために提供していただく
- 成果発表時にAcknowledgeをお願いする

東北メディカル・メガバンク機構



山本機構長以下合計約380名のスタッフ（GMRC / TCFを含む）

GMRC: genome medical research coordinator

TCF: ToMMo clinical fellow

連絡先: 試料・情報分譲室

電話: 022-272-6955

Mail: dist@megabank.tohoku.ac.jp

