

# 過去に行った 国家的に重要な研究開発の 事後評価結果(抜粋)

## 1. 「イネゲノム機能解析研究」の事後評価結果

(平成 21 年 4 月 21 日総合科学技術会議)…… p.1

## 2. 「ゲノムネットワークプロジェクト」の事後評価結果

(平成 22 年 7 月 16 日総合科学技術会議)…… p.9

## 1. 「イネゲノム機能解析研究」の事後評価結果

### 3. 評価結果

#### 3. 1. 研究開発成果と目標の達成状況

本研究開発は、それまでのイネゲノム塩基配列の概要解読や部分長cDNAライブラリーの整備などの研究開発成果を受けて、「ポストイネゲノム」研究への展開を図ることとしたものである。

具体的には、①イネゲノム研究の基盤整備、②遺伝子の機能解明手法の高度化、③ターゲットを絞った有用遺伝子探索、④育種システムの高度化、に関する12の個別課題を設定して取り組んだ。

この個別課題については、9の個別課題は当初計画から設定されていたが、得られた成果を活用して3つの個別課題を途中から追加して実施し、都合12課題となった。なお、当初計画された9の個別課題のうち、3つの個別課題については、総合科学技術会議の事前評価による課題の重点化などの指摘や研究の進捗状況等を踏まえ、計画を変更し、途中で中止又は終了した。

なお、本研究開発の目的と目標については、総合科学技術会議が事前評価を実施した時点から個別課題の重点化や事業規模の見直しなどにより、開始段階で一部を変更して実施している。

##### 3.1.1. 個別課題の研究開発成果に係る目標の達成状況

農林水産省は、それぞれの個別課題について、その終了時点で、外部専門家などから構成する農林水産技術会議評価専門委員会において、研究開発成果の確認と目標の達成状況等に関する事後評価を実施した。

この事後評価の結果等によると、個別課題については、次のような成果が得られている。

- ① 研究基盤の整備に関する課題においては、イネゲノムの全塩基配列の解読を目標より早い時期に完了したこと、遺伝解析材料などの

整備とその提供体制の整備などの成果

- ② 機能解明手法の高度化に関する課題においては、遺伝子地図利用技術の開発やミュータントパネルの整備、タンパク質立体構造と遺伝子機能の相互関係の解明や遺伝子機能の予測手法の開発などの成果
- ③ ターゲットを絞った有用遺伝子探索に関する課題においては、穂が出る時期の調整に関わる遺伝子や病害虫に強い遺伝子などイネの重要な形質に関連する多くの遺伝子の単離と機能解明、イネの複雑形質に関与する遺伝子の単離と機能解明などの成果
- ④ 育種システムの高度化に関する課題においては、遺伝子組換え技術やDNAマーカーを用いた従来に比べて育種期間を大幅に短縮した効率的な育種技術の開発など、従来育種法では開発が不可能とされていたイネを作出する革新的な育種システム構築などの成果

このうち、ターゲットを絞った有用遺伝子探索に関する課題において得られた成果は、国際的な科学雑誌に多くが掲載されるなど世界的に高い水準の評価を得ている。また、革新的な育種システムによって、病害抵抗性を有するイネや血圧調整機能を有する成分を蓄積するイネを作出するなど、具体的な成果も得られている。

そして、これらの個別課題の成果は開始時点の目標を達成し、一部はこれを上回る成果を得ているとしている。

個別課題の成果については、農林水産省が外部専門家などによる評価体制を整備するなどして適切に評価を実施したものと認め、これを踏まえ、個別課題の研究開発成果は十分に開始当初の目標を達成しているものと判断する。

### 3.1.2. 研究開発成果総体の効果に関する検証・評価の実施

農林水産省は、本研究開発の成果を、消費者ニーズへの対応、需要拡大、国際戦略に基づく貢献、生産性の向上や、植物科学への貢献という農林水産政策上の課題解決に活用することを目指し、また、植物生命科学の基盤を作ること、イネの各種形質の改良、植物工場などの産業利用につなげることを目的として本研究開発を計画し

た。

そして、本研究開発の農林水産政策上の位置付けとして、画期的な品種開発等に活用し得る知的財産権の強化に主眼を置き、得られた特許等については、農産物需要の拡大・生産性の向上等の国内農業振興、食料輸出国に対する競争力向上・開発途上国への技術支援等の国際戦略に基づく貢献等の政策手段として活用していくとしていた。

農林水産省は、これらの政策実施を担う府省であることから、本研究開発の研究開発結果に加え、これに係る特許の取得状況等を把握・分析し、それらについて当初目指した政策上の課題解決への活用見込みやその効果・貢献度など、本研究開発成果の総体としての効果に関しても、外部有識者などを活用して検証・評価を行うべきであった。

### 3. 2. 研究開発成果の活用状況

本研究開発においては、イネゲノムの全塩基配列の解読などの成果により、そのデータベースを整備・公開し、また、遺伝解析のための植物ゲノム研究用リソースを整備・配布しており、世界の多くの研究者がこれらを利用するなど、植物生命科学発展に結びつけるよう体制が整備されたことから、科学技術的な波及効果は今後大きく期待される。

また、DNAマーカーを活用した効率的な育種手法や、有用遺伝子の単離、実用品種作出のための遺伝子組換え手法の開発などの成果により、今後の国内外の食料の安定供給やエネルギー資源供給などの課題解決に貢献する品種開発が見込まれることから、社会経済的・国際的にも今後の波及効果が期待される。

農林水産省は、このような本研究開発の成果を活用した次の段階の具体的な施策として、食料・農業・農村政策の基本計画や農林水産研究の基本計画に沿って、食料問題、環境問題及びエネルギー問題の解決に貢献する画期的な作物の開発を目指した研究開発や、加工品等に利用された農産物の品種識別技術の研究開発などに取り組んでいる。

本研究開発においては、我が国の食料・農業において最も重要な作物であるイネを対象として実施し、多くの研究開発成果が得られている。そして、本研究開発は基礎的な研究開発であるが、今後この多くの成果を活用することによって、国内の農産物需要の拡大や農業生産性の向上、開発途上国への農業生産技術支援、植物科学の発展などの政策に貢献する多くの具体的・画期的な成果に結びつく可能性を有している。

このため、農林水産省は、本研究開発の実施主体としてその成果を次の段階の研究開発の実施等に活用するとともに、政策実施を担う府省として本研究開発の成果を多くの政策課題解決に活用していくべきである。この場合に、成果の活用のための手段や手法、その実施工程などの全体の道筋を明らかにしつつ、その具体的な施策を実施・推進していくことが必要である。

特に、農林水産省は、本研究開発においては画期的な品種開発等に活用し得る知的財産権の強化に主眼を置き、得られた特許等については政策手段として活用するものとしていた。今後さらに特許出願等が増加し、

その多様な政策等への活用が見込まれることから、農林水産省は本研究開発の成果に係る特許等の取得やその政策上の活用に関する方針を明確にすべきである。

また、本研究開発の成果は食料の輸出入などの国際戦略への貢献が期待されることから、農林水産省は、その戦略的な活用を図るためにイネに関する海外との競争力の状況等を継続的かつ組織的に把握すべきである。

農林水産省は、遺伝子組換え作物などの国民理解に関する取組について、本研究開発の成果等を踏まえ、平成 20 年 1 月に外部有識者からなる検討会によってとりまとめられた遺伝子組換え作物に関する研究開発の推進方針等に沿って、研究開発と併せて国民理解のための双方向コミュニケーションを多様な規模で開始するなど、その強化に取り組んでいる。

本研究開発においては遺伝子組換え技術による実用品種の作出などに関しても多くの成果が得られている。このような研究開発成果が国内農業の生産性向上等に貢献していくためには、総合科学技術会議の事前評価においてその重要性を指摘したように、遺伝子組換え作物の研究開発やその応用に関する国民の理解が欠かせない。

農林水産省は、国民の安心を得るために必要な研究開発等への取組も含め、関係府省とも協力しつつ、これらの一層の推進に引き続き取り組んでいくべきである。

### 3. 3. 研究開発マネジメントの実施状況

本研究開発の実施体制については、その中核機関となった(独)農業生物資源研究所の理事長を全体の総括責任者とし、また、個別課題ごとには、当該分野の経験と実績を有する研究者を総括研究リーダーとして、(独)農業生物資源研究所を中心に、大学、企業、都道府県の研究機関などの参加を得て体制が整備された。

また、個別課題ごとに、研究中核機関である(独)農業生物資源研究所に設置された評価委員会が毎年度評価を行い、農林水産省は農林水産技術会議評価専門委員会において事前評価、中間評価及び事後評価を実施した。

個別課題の運営管理は、課題ごとの総括研究リーダーは経験と実績を有する研究者が選考され、開始から終了までの間を概ね一人のリーダーが継続して担っており、課題設定や進捗管理等が適切に実施された。このことが個別課題について目標を十分に達成した要因の一つであると考えられる。

研究開発全体の運営管理は、全体の統括責任者と農林水産省が協議して方針決定などを行う体制で実施された。総合科学技術会議は事前評価などでトップマネジメントの重要性を指摘したが、個別課題ごとに予算額に鑑みて目標が再設定され、また、実施期間中に個別課題が変更されるなどの状況の中で、全体の総括責任者が5年の間に2回交代した。

本研究開発のように関連する多くの個別課題から構成される研究開発は、単に個別課題の集合として運営管理等を行うのではなく、研究開発全体の成果によって達成されるべき政策目的に当然リンケージする必要がある。このことにかんがみれば、上位政策を視野に入れて重要な国家的利益に結実させるトップマネジメントによる包括的かつ総合的なリーダーシップを継続的に発揮して研究開発全体の運営管理を行うべきである。

また、多くの個別課題から構成される研究開発については、その全体の運営管理やその全体の成果に関しても、外部専門家等による事後評価を実施することが必要である。

農林水産省は、今後このような多くの相互に関連する個別課題から構

成される研究開発の実施に際しては、全体として政策目的に関連させた目標の設定、及びそれに相応したマネジメント体制を整備し、目標の達成状況や運営管理の妥当性などについての評価を行う体制を整備すべきである。

### 3. 4. まとめと今後の課題

- (1)本研究開発については、個別課題ごとには計画期間内に開始時点の目標を十分に達成した成果を得ているものと認められる。
- (2)イネは我が国の食料確保や農業生産にとって最も重要な作物であることから、この研究開発成果は、国内外の食料の安定供給や農業の生産性向上といった農林水産省が取り組むべき幅広い政策課題の解決に貢献していくことが期待できる。
- (3)農林水産省は、今後、より多くの政策課題解決のためにこの成果を活用していくべきである。その際、その成果により得られた特許等を政策手段として活用していくための具体的な方針の策定や、イネに関する海外情勢の継続的かつ組織的な把握などが重要であることから、これらについて早急に取り組むべきである。
- (4)農林水産省は、今後実施する研究開発の検証・評価に関して、研究開発結果の評価・検証に加え、研究開発成果の総体についての政策上の課題解決への活用見込みなどの検証・評価を、外部有識者などを活用して適切に実施すべきである。
- (5)本研究開発のように相互に関連する多くの個別課題から構成される政策対応型の大規模な研究開発においては、実施府省は、個々の課題の研究開発結果に係る成果目標と、研究開発成果全体によって達成されるべき政策目的に係る目標とを設定し、それぞれについて適切な評価体制などを整備することが重要である。また、その政策目的への活用のための具体的な方策や工程をあらかじめ明確にし、その上位政策を視野に入れた研究開発全体の運営管理や次の施策への活用を戦略的に行うことが重要である。

## 2. 「ゲノムネットワークプロジェクト」の事後評価結果

### 3. 評価結果

#### 3. 1. 研究開発成果と目標の達成状況等

##### 3. 1. 1. プロジェクトの目的・構成と運営体制

国際ヒトゲノム計画によるヒトゲノムの塩基配列解読の達成に伴い、「ポストヒトゲノム研究」は、遺伝子、タンパク質及びこれらを総合した系の全体機能解明を中心とした国際競争の段階に入った。本プロジェクトはこうした認識の下、ヒト及びマウスの完全長cDNAライブラリーなど我が国の優位性を生かして、将来的には新たな治療法の開発や創薬への寄与も見据えつつ、今後のライフサイエンス全般の発展につながり得る確固としたゲノム情報基盤を提供することを主目的として開始された。

本プロジェクトにおいては、ゲノムの発現制御の根幹をなすヒト全遺伝子の転写制御系の分子間相互作用(ネットワーク)の解明が目標として設定された。

本プロジェクトは、①ヒトゲノムの発現調節領域の解析、遺伝子発現に係る生体分子(タンパク質など)間の相互作用の解明といった転写制御に係るネットワークを明らかにする「ゲノム機能情報の解析(横軸研究)」、②横軸研究のデータを活用し、発生・分化などの個別の生命現象のネットワーク解析を行う「個別生命機能の解析(縦軸研究)」、③横軸研究及び縦軸研究等で得られた情報を体系化しデータベースとして提供する「ヒトゲノムネットワークプラットフォームの構築」、横軸研究及び縦軸研究を加速するための、④ネットワーク解析などの新しい技術の研究を行う「次世代ゲノム解析技術の開発」及び、⑤転写制御系を中心とする分子ネットワークの動的な特性の解析を行う「動的ネットワーク解析技術開発」の 5 つのプログラムで構成されている。各プログラムの課題数と配分額は、「横軸研究(ゲノム機能情報の集中的解析)」が 7 課題、82.1 億円、「縦軸研究(個別生命機能解析)」が 19 課題、21.8 億円、「ヒトゲノムネットワークプラットフォームの構築」が 1 課題、20.7 億円、「次世代ゲノム解析技術開発」が 5 課題、4.3 億円、「動的ネットワーク」が 3 課題、3.4 億円となっ

ている。

特に、本プロジェクトは、網羅的にゲノム機能情報を解析する基盤的な横軸研究と、個別の生命活動の解析にターゲットを絞った縦軸研究を密接に連携をとって進めることを最大の特徴としており、これによりゲノム機能の効果的な解明を行うことを主眼とし、併せて将来の医療技術等に寄与する知的財産権を戦略的に確保することとしていた。

実施体制としては、「横軸研究（ゲノム機能情報の集中的解析）」を独立行政法人理化学研究所（中核機関）を中心に、また、「縦軸研究（個別生命機能解析）」、「次世代ゲノム解析技術開発」、「動的ネットワーク」を提案公募により実施し、さらに、国立遺伝学研究所（中核機関）において「ヒトゲノムネットワークネットワークプラットフォームの構築」が行われた。

本プロジェクトの推進に当たっては、「推進委員会」と「実施会議」を設け、「推進委員会」では、このプロジェクトの方向性、マイルストーンの設定を行い、参加研究機関の代表者等で組織された「実施会議」では、研究実施グループ間の研究成果の相互交換、事業推進に関する協議調整等を行った。さらに、推進委員会の下にデータ公開・知的財産権に関するワーキンググループを設置し、プロジェクトのデータの公開にかかる原則及び知的財産権の取扱いについての検討を行った。

### 3. 1. 2. 文部科学省の評価結果に基づく研究開発成果

文部科学省は、外部有識者からなる「ゲノムネットワークプロジェクト」評価委員会を設置して事後評価を行い、科学技術・学術審議会のライフサイエンス委員会での審議を経て評価結果を最終決定した。この評価結果によると、本プロジェクトでは、

(1)ゲノムの基盤情報に関しては、

- ①ヒトのタンパクコード遺伝子約 20,000 種類の cDNA クローン（全タンパクコード遺伝子を対象と設定した当初目標の約9割）や 19,000 を超える遺伝子の発現に抑制率の高いsiRNAライブラリー（当初目標 15, 000 遺伝子）の整備
- ②ゲノムワイドにデータを収集・解析する基盤技術の開発及び高度化（CAGE 法, 高精度 CHIP-chip 法, IVV 法）
- ③1,000 を超える転写制御因子（タンパク質）間相互作用マップ

- ④タンパク質をコードしない極めて多様で大量の RNA が存在することの発見(RNA 新大陸の発見)
- ⑤秩序だった遺伝子発現を保証するためのインシュレーター機能因子(コヒーシン)の発見

などの成果が、

(2)個別生命機能に関しては、

- ⑥肥満細胞・骨芽細胞分化を制御する遺伝子制御関係の発見
- ⑦脳における遺伝子発現の空間的、時間的制御ネットワークの解明
- ⑧生体においてステロイドホルモンが担うゲノムネットワークの解明
- ⑨破骨細胞分化制御機構の解明

などの成果が得られたとしている。

### 3. 1. 3. 目標の達成状況等

本プロジェクトの個別研究課題の学術的な成果に関しては、文部科学省が行った外部専門家による事後評価結果は適切と認められるものであり、これに基づけば、各プログラムにおいて評価すべき多くの成果があったものと判断する。

特に、タンパク質をコードしない極めて多様で大量の RNA が存在することの発見(RNA 新大陸の発見)やコヒーシンというタンパク質が遺伝子を仕切るインシュレーター(壁)の重要な構成単位であることの見解は、国際的にも画期的な成果であったと捉えることができる。

プロジェクトの目標に関しては、総合科学技術会議における事前評価での指摘を踏まえて、ゲノムの機能解明の対象領域を転写制御系に絞り、一定の明確化が図られた。しかし、同領域の分子間相互作用(ネットワーク)を解明するとした目標については、プロジェクト全体としての達成すべき水準が明確に示されていなかった。

プロジェクト全体をみると、横軸研究の成果である各種リソース、データ、および解析手法を駆使した破骨細胞分化制御機構の解明など、ゲノム機能情報の解析(横軸)研究と個別生命機能の解析(縦軸)研究の連携は

部分的には評価できる点は少なくない。

しかしながら、本プロジェクトで想定された横軸研究と縦軸研究の有機的な連携によるゲノム機能の効果的な解明と知的財産権の戦略的な確保という当初の構想に照らせば、横軸研究から派生した新規性のある縦軸研究の創成が少ない点や、縦軸研究から横軸研究へのフィードバックが限られている点、また、RNA 新大陸といった大きな科学的発見が十分に知的財産権に結びついていない点、などの課題があったと判断する。

また、本プロジェクトでは、横軸研究と縦軸研究を加速する観点から、要素技術として、次世代ゲノム解析技術や動的ネットワークの解析技術の開発を同時並行で実施しているが、これらの技術は、今後のゲノム機能の解析に寄与すると期待されるものの、本プロジェクトの実施期間中における横軸研究あるいは縦軸研究への顕著な貢献は見られない。

こうしたことを勘案すれば、本プロジェクトにおいて、縦軸と横軸の連携というこれまでにない斬新なアプローチ手法に取り組み、一部成果を上げた課題があり、この点は評価できるが、プロジェクト全体としては、この連携が必ずしも十分に機能したとは言えず、またプログラム構成による十分な効果が発揮されたとは言えないものと判断する。

文部科学省が行った事後評価は、当初目標と達成状況の比較検証や研究開発マネジメントの検証が不明確である、知的財産権の確保について言及されていない、評価委員会に産業界の委員が入っていないといった点で、評価の方法に課題があった。これらの諸点については、今後の文部科学省の研究開発評価方法の改善が必要である。

また、文部科学省が行った事後評価において、ヒトゲノムプラットフォームのデータベースの活用状況の把握等、今後のフォローアップが必要とされている点について、文部科学省は確実に実行することが必要である。

### 3. 2. 科学・技術的、社会・経済的、国際的な効果と波及効果

#### 3. 2. 1. 科学・技術的、社会・経済的、国際的な効果

科学・技術的效果については、ヒトの cDNA クローンや siRNA、抗体と

いったりリソースの整備、CAGE 法等ゲノムワイドにデータを収集・解析する基盤技術の開発・高度化、転写開始点や転写制御関連因子間の相互作用等に係る多くの基盤情報のデータベースの整備が行われた。

これらの研究成果が国内外の研究機関に幅広く提供され、有効に活用されるものとなれば、RNA 新大陸の発見などの新たな知見の創出と相まって、国内外の生命科学の今後の発展に大きく寄与すると期待される。

社会・経済的効果については、肥満細胞・骨芽細胞分化制御因子の発見等、将来的に医療技術への応用等に可能性のある成果はいくつか出ているが、現時点で直接的な効果を評価することは困難であり、産業利用につなげるためには、発見された遺伝子機能やタンパク質について、抗体、化合物等による評価を行い医療、医薬品への可能性を検証する取り組みが必要である。

文部科学省は、公開シンポジウムの開催等により研究成果一般に公開する取り組みを行ったが、これらの研究成果が産業界に必ずしも周知されていないのではないかという意見があることも踏まえ、産業界に対する積極的な情報発信に努め、成果の活用状況について長期的にフォローアップを行っていくことが必要である。

本プロジェクトに 1 年先だってヒトゲノムの全機能解析を目標に開始された米国の ENCODE 計画は、基本的にデータを速やかに公開する方針で進められている。また、米・欧を中心とする国際ヒトメタゲノム計画等、国際的なゲノム構造解析研究の進展も見られる。こうした状況を踏まえ、国際協調と日本の特長を生かした国際競争という観点から、文部科学省は、本研究開発成果の活用を含め今後のゲノム研究の戦略を構築していくことが必要である。

### 3. 2. 2. 成果の活用

本プロジェクトで得られたリソースやデータ等の研究成果については、知的財産権の確保に配慮した上で、今後の学術、産業界に広く貢献するために、可能な限り速やかにかつ幅広く研究機関・研究者の活用にと供することとしていた。

リソースについては、プロジェクト期間中は、規約に基づき、本プロジェクトに参加したコンソーシアム内の研究機関に利用が限定されていた。プロジェクト終了後一般公開に向けた取組みが行われ、cDNA については平成 22 年 3 月から、siRNA については平成 22 年 4 月から公開に至ったことは評価できる。文部科学省は、これらリソースの積極的な活用が図られるようフォローアップを行っていくことが必要である。

また、データベースについては、当初計画通り構築されたプラットフォーム上でプロジェクト期間中から順次公開が進められており、この点は評価できるが、コンソーシアム内の研究機関からのアクセス数に比べて一般研究機関からのアクセス数が必ずしも多くないこと、プロジェクト終了後にアクセス数が減少していることは問題である。文部科学省は、データの利用価値が十分に示されていないのではないかとという観点も含めてその要因を分析し、積極的な情報発信と併せて、データベースの継続的な維持を含めた有効活用に向けた方策を検討することが必要である。

### 3. 2. 3. 知的財産権の確保

本プロジェクトにおいては、国際競争の観点から、知的財産権の確保を目的の一つとして、網羅的なゲノム機能情報の解析（横軸研究）と、画期的な成果を見込みうる個別生命機能の解析（縦軸研究）を組み合わせ、参加研究機関によるコンソーシアムを形成して実施された。

本プロジェクトにおいて、国としての知的財産権確保のため、推進委員会の下に、「データ公開・知的財産権に関するWG」を設け、知的財産権保護と情報公開のバランスに配慮し、データ公開に係る原則及び知的財産権の取扱いについてのルールを策定し、そのルールに沿った取組みが行われた点は評価できる。

一方で、本プロジェクトの成果としてこれまでに出版に至った特許の数は、国内で23件、海外での出版はPCT出版を含めて8件であり、知的財産権確保等のためにコンソーシアム外への成果の公開を一定期間制限したこと、課題数の設定や参加研究機関数を考慮すれば、当初の期待に対し十分であったとは言えない。

特許出版については、弁理士を活用した相談や支援が行われていたものの、その最終的な判断は、特許の有効性、費用対効果等を勘案し、

実施機関が行った。戦略的に特許を取得するという観点に立てば、プロジェクトの推進体制の中で全体の特許の出願・取得についての責任の所在を明確にし、状況を把握した上で権利化を促す取組みをより強力に行うべきであった。

また、知的財産権に結びつくことが期待された縦軸研究の課題の選定は、文部科学省が設置した「課題選考委員会」において行われたが、産業界からの意見を反映するという観点に立てば、産業界からの専門家の参画の割合が必ずしも十分であったとは言えない。文部科学省は、本プロジェクトで実施した研究について、引き続き特許の取得と活用状況のフォローアップを行うとともに、こうした指摘を今後のプロジェクトに生かしていくことが必要である。また、各研究機関においてプロジェクトの成果に関する特許を取得・維持するための仕組みが必ずしも十分でなかったという問題点も出されていることから、文部科学省は実態を把握し改善に向けた対応を行うことが必要である。

### 3. 2. 4. 人材育成

本プロジェクトに参画し優れた研究成果を創出した若手研究者が輩出されている点は評価できる。

一方、本プロジェクトでは延べ 160 人以上のポストドクが雇用されているが、各研究機関ではキャリア支援の取組みが行われているものの、プロジェクト全体としてのキャリア支援やキャリアパスの実態は十分に把握されていない。

本プロジェクトは、遺伝子機能や生命機能の解明を進めていく上で必要性が強く求められるバイオインフォマティクスの素養を持った人材を育成する格好の場であったとの見方もできることから、文部科学省は、プロジェクトにおけるキャリアパスの実態を把握し、今後の人材の育成・確保に生かしていくことが必要である。

### 3. 3. 研究開発マネジメントの実施状況

プロジェクトの推進・実施にあたって、「推進委員会」がプロジェクトの方

向性、マイルストーンの設定等を行い、「実施会議」が研究実施グループ間の研究成果の相互交換や事業推進の協議調整等を行うというように、役割分担をして取り組んだこと自体は適切であったが、プロジェクト全体の研究開発を主導する責任と権限の帰属が必ずしも明確でなかった。

前述したプロジェクト全体としての効果が十分に発揮できていない点は、公募課題の採択において学術的意味合いのほか、プロジェクトへの貢献をどれだけ重視したか、実施期間中の課題・予算配分の見直しやプログラム間、課題間の協力体制の構築が適切に行われたかという面で課題があったと考えられるが、リーダーシップを発揮しうるトップマネジメント体制が十分ではなかったことに起因するところが大きいと判断する。

文部科学省は、今後のプロジェクトのマネジメントに、こうした指摘を生かしていくことが必要である。

なお、本プロジェクトにおいて、縦軸研究を補完する観点から「協力機関」という枠組みを導入し、国内外 50 以上の研究機関の参画を得て体制の強化の取組みを行ったことについては評価できる。一方で、縦軸研究の課題数が不十分であり、文部科学省は、予算の縮減を行った際に、他の資金で支援されている研究も取り入れることで、プロジェクトを再構成すべきであったのではないかとの意見や、同時期に実施された科学研究費補助金のゲノム関係の特定領域研究との連携が十分ではなかったのではないかとの意見があった。

### 3. 4. その他の留意点

文部科学省は後継として実施している「革新的細胞研究プログラム(セルイノベーション)」において、本プロジェクトから継承したリソースやデータ、ソフトウェア等を活用して成果を生み出すことが期待される。本プロジェクトで課題として指摘された点については、改善を進めることが必要である。

### 3. 5. まとめ

本プロジェクトは、網羅的にゲノム機能情報を解析する基盤的な横軸研

究と、個別の生命活動の解析にターゲットを絞った縦軸研究を密接に連携をとって進めることを最大の特徴としており、これによりゲノム機能の効果的な解明を行うことを主眼とし、併せて将来の医療技術等に寄与する知的財産権を戦略的に確保することとしていた。

(1) 個別研究成果としては、ヒトcDNAクローン等のリソースの整備、CAGE法等ゲノムワイドにデータを収集・解析する基盤技術の開発、転写因子相互作用等に係るデータベースが整備されたほか、多くの優れた学術的成果が得られている。特に、タンパク質をコードしない極めて多様で大量の RNA が存在することの発見(RNA 新大陸の発見)や、コヒーシンというタンパク質が遺伝子を仕切るインシュレーター(壁)の重要な構成単位であることの実見は、国際的にも画期的な成果であったと捉えることができる。

(2) プロジェクト全体の目標については、総合科学技術会議における事前評価での指摘を踏まえて、ゲノムの機能解明の対象領域を転写制御系に絞り、一定の明確化が図られた。しかし、同領域の分子間相互作用(ネットワーク)を解明するとしていた目標については、プロジェクト全体としての達成すべき水準が明確に示されていなかった。文部科学省は、今後のプロジェクトの実施に当たり、こうした指摘を生かしていくことが必要である。

(3) プロジェクト全体の遂行結果をみると、横軸研究から派生した新規性のある縦軸研究の創成が少ないなど、横軸と縦軸の連携構想が必ずしも機能したとは言えず、知的財産権の確保についても、取り組んだ課題数等事業規模と得られた特許数を考慮すると十分であったとは言えない。公募課題の採択時における産業界からの専門家の参画の割合が少なかった点を含め、これらの要因としては、リーダーシップを発揮する責任と権限を伴ったトップマネジメント体制が十分ではなかったことが大きいと判断する。文部科学省は、今後のプロジェクトのマネジメントに、こうした指摘を生かしていくことが必要である。

(4) 本プロジェクトの成果を学術、産業界に還元するために、文部科学省は、プロジェクトで得られたリソース、データ等について、産業界での成果の活用を促すための積極的な情報発信を進めるとともに、活用状況等に

ついて長期的なフォローアップを行っていくことが必要である。また併せて、米国の ENCODE 計画との連携等、国際的な戦略を構築しつつ、本プロジェクトで得られた成果を着実に今後の研究開発に活用していくことが必要である。

(5) 本プロジェクトに参画し優れた研究成果を創出した若手研究者が輩出されている点は評価できるが、ポスドクについてはプロジェクト全体としてのキャリア支援やキャリアパスの実態は十分に把握されていない。文部科学省は、プロジェクトにおけるキャリアパスの実態を把握し、今後の人材の育成・確保に生かしていくことが必要である。

(6) 文部科学省が行った事後評価は、当初目標と達成状況の比較検証や研究開発マネジメントの検証が不明確である、知的財産権の確保について言及されていない、評価委員会に産業界の委員が入っていないといった点で、評価の方法に課題があった。これらの諸点については、今後の文部科学省の研究開発評価方法の改善が必要である。