

総合科学技術会議 評価専門調査会
「ゲノムネットワーク研究」評価検討会（第2回）議事録

日 時：平成15年10月1日（水）15：00～17：15

場 所：中央合同庁舎4号館 第3特別会議室（2階）

出席者：大石座長、井村議員、黒田議員、具嶋委員、小原委員、笹月委員、
宮田委員、矢原委員、山本委員

欠席者：鈴木委員、金久委員、高久委員

- 議 事：1．開 会
2．府省への質問事項に対する説明と質疑
3．評価の視点（論点・考慮すべき事項）の整理と考え方について
4．評価コメントの提出について
5．第1回評価検討会の議事録について
6．閉 会

（配布資料）

- 資料1 府省への質問事項
資料2 文部科学省説明資料
資料3 評価の視点（論点・考慮すべき事項）の整理（案）
資料4 第1回評価検討会議事録（案）

（机上資料）

- 国の研究開発評価に関する大綱的指針（平成13年11月28日）
科学技術基本計画（平成13年3月30日）

ヒアリング説明者

- | | |
|--------------------------|-------|
| 文部科学省研究振興局ライフサイエンス課長 | 戸谷 一夫 |
| 理化学研究所ゲノム構造情報研究グループ | |
| プロジェクトディレクター | 榊 佳之 |
| 理化学研究所遺伝子構造・機能研究グループ | |
| プロジェクトディレクター | 林崎 良英 |
| 国立遺伝学研究所生命情報・DDBJ研究センター長 | 五條堀 孝 |
| (株)日立製作所ライフサイエンス推進事業部CTO | 岩柳 隆夫 |

議事概要：

(座長) 時間になりましたので、ゲノムネットワーク研究の第2回評価検討会を開催させていただきます。

皆さん、お忙しいところ、ご苦労さまです。今日は、鈴木委員、高久委員、金久委員はご欠席ということですので始めます。前回いろいろやったんですけども、今日も時間が長くなるかもしれませんが、なるべく議事進行ご協力をお願いいたします。

では、最初に配付資料の確認をお願いいたします。

(事務局) それでは、お手元の資料を確認していただきたいと思います。一番上に議事次第がございまして、それからメンバー表、今、ご紹介ありましたように鈴木先生、金久先生、高久先生がそれぞれご欠席になっております。座席表がございまして、それからその次に1枚紙で、今日再度文部科学省サイドからヒアリングを行います。その際の説明者のリストでございます。

それからその次に資料1といたしまして、府省への質問事項ということで、先生方からいただいたものを取りまとめた資料でございます。

それから、今日の説明資料ということで2種類ございまして、文部科学省から資料2-1、質問事項の回答と、横長の資料2-2でございます。

それから、資料3といたしまして、評価の視点案というものが1枚紙でございます。

それからその次に、資料番号ありませんけれども、評価コメントの提出のための用紙がございます。

それから、資料4といたしまして前回の議事録、これはご確認いただいたものでございます。

それから最後に、文部科学省からの資料2-1の一部訂正のペーパーが入っております。

資料は以上でございます。

(座長) ちょっと前後いたしまして、失礼いたしました。

今回は、前回の検討会で、こちらへいろいろな説明を聞いて、それで皆様方からそれについてのコメントをいただきました。非常に広範なコメントで私も目を通したんですけども、かなり根本的なことから、いろいろ技術的な問題に至るまでいろいろございました。今日は、前回の検討会以降提出されました、いろいろな質問事項に対して、再度文部科学省あるいは当事者の方々から説明をいただき、議事次第の2でございます。

それから、評価の視点としての主要な論点と考慮すべき事項の整理と、それらについて皆さん方にその考え方をいろいろ議論していただくということでご

ざいます。それからもちろん皆様方からコメントをいただく、こういうことを予定しております。

それで、まず質問事項について、事務局の方から説明していただけますでしょうか。

(事務局)これから、文部科学省の方から詳しく回答の方がございまして、若干ダブりますので、項目のご紹介だけざっとさせていただきたいと思います。

資料1をごらんいただきますと、非常にたくさんコメント、質問事項をいただきました。ある程度こちらで項目別に整理をさせていただきました。1番、対象とするゲノム等の選択理由、これは例えば対象生物はヒトなのか、マウスも入っているのかといったこととございます。

それから、cDNAをベースにして研究を進めるということですが、そのカバーがどのぐらいなのかとか、あるいはどういう遺伝子、どういうタンパクから研究をやるのかとか、そういうこととございました。

2番目といたしまして、網羅性の議論が前回ございましたけれども、網羅的に解析をするといった場合に、その到達目標をどういうふうに置いていくのかというようなことを2番としております。

3番といたしまして、オールジャパン体制と書いてありますけれども、集中的な解析を理研を中心としてやり、あとその他公募でもやるといったこととございますけれども、中央推進機関というものを想定してありますけれども、どういう具体的な進め方あるいは柔軟性を持っているのかといったことが中心であったかと思えます。

めくっていただきまして、4番といたしまして、具体的な制度、運用ということで、ここではいろんな項目が出ておりますが、例えばバイオベンチャーが入れるのかといったこと、若い研究者を育てるといった機能があるのかと、それから放医研のHiCEPとの関係、それから新規で同じく要求されています先端計測分析技術・機器開発事業といったものの成果との関係、あるいは科研費との関係といった質問とございます。

5番といたしまして、各省庁のプロジェクトとの協力体制ということで、ご承知のようにタンパク3000等との予算の重複あるいは協力の関係等の質問とございます。

めくっていただきまして、6番といたしまして、技術背景ということで、ここには非常にさまざまなご質問、専門的、技術的なご質問が入っておりますので、それぞれ掲げさせていただいております。

めくっていただきまして、7番といたしまして、到達目標をどこに置くのかということで、特に国としてのゲノム研究全体をどう見通して、その中でこのゲノムネットワーク研究というものの具体的な到達目標をどう置いていくのか

と、マイルストーンとしてどういうものを置くのかといったご質問でございます。

8番といたしまして、統合データベースをつくるということですが、これについてのさまざまなご質問で、予算の使い方、あるいは人の問題等、あるいはデータの公開についてもどんな戦略をとるのかといったご質問がございました。

それから、最後のページで、生命倫理、教育といった問題に関するご質問、それから、アウトプット・アウトカムということで、社会貢献あるいはその他国益にどういうふうに結びつけるのかといったご質問がございました。ざっとご紹介、以上のとおりでございます。

(座長) どうもありがとうございました。

ここへ質問事項というのは、これは皆様方の質問を事務局の方でまとめていただいたものでございます。

私、個々の方の質問を見ているけれども、かなり重複したものがございませぬけれども、そのことについて一応まとめて事務局の方で書いてあるわけでございます。

今までのところで何か質問がございませぬでしょうか。

今日はこれから文部科学省の方から来ていただきまして、約30分これらの質問に対する回答をしていただいて、皆様方からもう一度ご質問していただくと、約30分間でございます。その後、約45分ほど、あるいはもうちょっと長ければあれなんですけれども、今日のことについて我々だけでいろいろ議論をしていきたいと思っておりますけれども、事務局の方から先ほど相談したんですけれども、何らかの少なくともこのプロジェクトはいろいろな修正あるいはその他はあるにしろ、やっぱり全般的として認めるべきものかどうかと、問題点があればどういうことだというようなことについて大まかな結論を今日お出しいただきたいということでございます。

細部に至るといいますか、やはりいろいろな修正点が皆様方のご質問を見ているとたくさんございますので、それらについては具体的にどうするかということについては、もし必要ならばもう一度ご足労をいただいて、ここでそれらについて決めていくと、大体そういうようなことを現在考えておりますので、よろしくご協力のほどお願いいたします。

何か今までのところでご質問ございませぬでしょうか。

では、もう来ていただいて結構です。

(ヒアリング説明者 入室)

(座長) どうもご足労いただきまして、ご苦労さまです。

今回は、先日のご説明に対して委員の方々から相当たくさんの質問がございました。そのことについて、事務局の方でまとめた質問事項に対してご説明を

していただきたい。ご回答していただきたいと、こういうことでございます。約30分間説明していただきまして、残りの30分でそれらについて再度委員の方々から質問していただくと、こういうことになっておりますので、よろしくお願いいたします。

では、どうぞ。

(文部科学省) よろしくお願いいたします。

本日、ご用意いたしました資料は、資料2-1ということで、これは一応いただいたご質問と回答を縦書きのところで紙にまとめた資料でございます。

それからあと資料2-2ということで、これは参考資料でございますけれども、資料2-1を説明する途中で時々こちらの方もごらんいただきたいと思っております。

それからあと資料2-1のところで、一部4ページでございますけれども、記載に間違いがございまして、別紙で1枚訂正版ということでお配りしておりますのでよろしくお願いいたします。

それでは順次ご説明申し上げます。

(文部科学省) それでは、少しサイエンティフィックなパートは私がまず話を、それから国家の方針等に関することはライフ課の方でということで。

最初の質問は、ゲノムネットワークの定義を示されたいと、これはなかなか難しいことですが、基本的にはそこに回答を書いておりますが、ゲノムの上には非常にたくさんの遺伝子があって、そういったものが発現を時間的あるいは空間的に、量的に調節して、全体が相互作用しながら、それがまたよく調和しているいろいろな生命活動が基本的にそこは成り立っていると、ですから、そういった枠組み、仕組み全体をゲノムネットワークという、非常にあいまいな言い方かもしれませんが、要するに全部の遺伝子がどうやって調和して全体の生命活動を成り立たせるかと、そのフレームになるようなものをゲノムネットワークと我々定義してやっています。

それから次に、対象とするゲノム等の選択理由ということで、これについては、まずこれは文部科学省のライフサイエンス委員会の中での報告にもありますように、このプロジェクトはヒトゲノムのシーケンスを完了したということを受けて打ち出されたものでありまして、今のところゲノムシーケンスが非常に、そういう意味で、ヒト及びそれを理解するためのいろいろなモデルとしてマウスということを中心に行うと、それはゲノムシーケンス自身が非常に整備されていることと、さらにこの解析に必要なcDNAクローン等の整備が非常に進んでいると、そういう理由でこの2つを一緒に挙げています。もちろんそのほかでも非常に役立つと思われるような生物種があれば、それは必要に応じて採用していく、そういう方針でございます。

それから、どの遺伝子、どのタンパクから研究に着手するのかということですが、これはもちろん最後は全体像を見るということですから、全部ですが、どういう順序でやっていくかといえば、やはりサイエンティフィックであるいはメディカルにいろんな意味づけが大きいものからやるというのが自然だと思います。

そういう意味では、まず転写のネットワークという転写の遺伝子関係のことが最も中心になるとと思いますので、転写制御因子とそれにさらにつながっているシグナル伝達系のタンパクと、そういったものを最初にプライオリティ高く進めて、それから創薬や医療ということに関係しそうな、GPCRとか、それからいろいろな酵素類ですね、修飾酵素類、そういったものを行うということ。

それから、いろんな重要な疾患遺伝子が見つかっていますので、そういったものも優先的に対象として解析していくという、そういうような方針であります。

これは、全体としてももちろん外部の評価を受けながら進めていくというふうになっております。

それから次に、5ページ、ゲノムネットワーク研究はポストゲノム……、これは魚やそのほかのゲノムもどうですかという質問なんですが、これは先ほどもお答えしましたように、このプロジェクト自身はヒトゲノムの解読完了を受けて行うことですので、ヒトを中心にマウス等をモデルとして行うということですが、もちろんそのほかの生物も大事なものはその目的に応じてその情報は取り入れていくと、これはもう変わらない。

これは、いろいろ公募等で提案があれば、それを検討すると、そういうことになるとと思います。

それから、網羅的にゲノムネットワーク解析する場合に、研究成果の到達目標をどのように設定するかということで、そのうちの幾つか、小質問があって、6ページですね。転写調節因子のネットワークの最終目標にはゲノム上の網羅的に解析した場合、幾つぐらいの転写因子の解明が予想されるのかと、こういうことですが、まず転写因子の数がどれくらいあるのかということに対して、これは今のところいろんなデータが出ておりますが、cDNAとしてとられて、そしていろんな解析が進んでいるのは、マウスの完全長cDNAのグループでこれは論文としても、FANTOMとしてネイチャーに出されましたので、それに基づきますと、Transfacという、これはデータベースがありまして、トランスクリプションファクターをいっぱい記載したデータベースがあります。それぞれいろいろな分類がありますが、そこに基づいて間違いなく転写因子を確定しているものが900ございます。Transfac自身はたくさんの重複や、間違いといっちはいけません、ややあいまいなものを含んでおりまして、全

部で5,000ぐらいありますが、そのうちで確かなものは900と、それからジーンオントロジーの分類で、転写因子としてかなりしっかり確定したものは1,500と、それはTransfacの方を含んでですね。

それから、いろいろモチーフで転写因子のモチーフがございいますが、そういったものを含んでいるという意味できちっとしているものを見ると、3,000に上りますので、3,000という数字が大きければ3,000、非常に確かなものとしては900から1,000というのであります。

そして、これに基づいて、これらを中心に、先ほど申したようにプライオリティ高いところで出だしがこういうところからスタートすると、こういうことになります。

それから、全体の転写因子は、ゲノムの存在する転写因子の何%をカバーできるのかということですが、これは全体としては当初はもちろん年度計画に従って、やっていきますので、計画年度内といえはこれは最終的には全部というこの3,000と3,000という数はこういうスケールの研究からいって決して無理な数字ではありませんので、これはもう転写因子としては当然全部やるということを考えております。

それから次の8ページからのオールジャパン体制の構築と、これについてはライフ課の担当だと思えますで、ライフ課の方から。

(文部科学省)このプロジェクトの進捗状況に応じて大胆な見直し等も必要なので、中央推進機関はそういった役割をちゃんと担うのかというご指摘でございますが、一言で申し上げれば、基本的には予算の配分あるいは事業計画の立案あるいは事業の評価、そういったものについてこの中央推進機関でしっかりやっていただくということでそれに必要な各委員会組織を設置をするということ、それから外部の評価委員の参画については必ずこれを得て透明度の高い運営を心がけるといふことにしたいというふうに思っております。

その次の研究当初において理研に35億ということで、その積算根拠等、それからあと能力がちゃんとあるのかどうかということでございますけれども、これについては、現行の2-ハイブリッド法の中である程度の確認は済んでいるということ、そういったようなことから、初年度からスクリーニングをすることが可能であるということで、理化学研究所がそれなりに適切ではないかというふうに考えております。

詳細な積算といえますか、事業内容については、参考資料2ということで、これは資料2-2の方でございますけれども、そちらの方に数字等も記載してございますので、ごらんいただければというふうに思います。

それから、研究開発方法について、理研を拠点とした上で他の機関との連携、あるいはデータベースについて遺伝研と他の連携の関係はどうかとか、あ

るいは理研主導でやるのが妥当なのかどうか、これはちょっと一部前の質問と若干重複しているような点があるかと思います。

先ほどから出ておりますこのライフサイエンス委員会の中の検討におきまして、こういう集中的な解析を行う機関が必要として具備すべき要件ということで、ここにありますようなリソース、あるいは大規模解析技術設備、人員、そういったものが必要であるといったようなことでございます。

さらに、理化学研究所については、先ほどcDNAのところにもお話ございましたような、そういうクローンの問題、あるいは技術開発の問題等でそれなりの実績があると考えております。

それから、遺伝研につきましても、DDBJの運用その他のところからかなり中核的な役割を担うのではないかというふうに考えてございます。

ただ、参考資料の3にございますように、これにつきましては提案公募枠が別途ございますので、そういったようなところで特徴的なものが出来ればそういったところと当然連携をして行うといったような体制を構築してまいりたいというふうに考えております。

それからあと、次のページの具体的な制度運用ということで、バイオベンチャーが参画し得るかどうかということでございますが、これにつきましても提案公募をいたす際に、そういう企業の参画については、排除するつもりは全くございませんで、日本全国からそういう参加をしたいというところがあれば、日本全国から参加を募りたいということで考えております。

次に、若手の問題でございますが、これについては実際に提案公募を行う際の評価のある意味では考え方、基準の考え方ということになるかと思えますけれども、特に年齢等について制限を設けるとか何とかということではございませんが、もし積極的に若手が何かうまく場合によっては少し優先的にやった方がいいというようなご判断があれば、またそういったものも実際の評価に当たっての基準として加えるといったようなことは可能かというふうに考えております。

次に、放医研から今回HiCEPについて従来やっておる事業を拡充したいということで概算要求がなされているというのは承知いたしております。それについては、今回のこのプロジェクトの関連において、当然先ほど申し上げた中央推進機関の中で評価した上、予算が実際どういう形でつくのかということにもよろうかと思えますけれども、当然ここで評価した上で、もし一緒にできるということであれば協力してやってもらいたいというふうに思っております。

それからあと次は、提案公募で推進する部分と科研費との兼ね合いのところでございますが、今回はこのゲノムネットワーク研究、例えば次世代技術の開発につきましても、例えば一応3年程度で実用化のめどを立てようといったよ

うなことで、提案公募と申し上げて一応ある一定の基準を設けた中での特殊な提案公募ということでございますので、科研費等々の研究者の自由な発想に基づくいろいろな研究の運営のやり方と、おのずから異なってくることにはなるかと思いますが、実際、科研費で行われる研究の動向につきましても、私どもとしても十分留意をしまいたいというふうに思っております。

それから、タンパク3000やほかのプロジェクトとの関係がどうなのかということ、それと各省との連携関係の問題ということでございますが、各省との関係につきましては、ちょっと今私どもの方で直ちに具体的な案は持っておりませんが、少なくとも私どもの関係で進めておりますタンパク3000でございますけれども、これはもともとタンパク質の基本構造を解析するというところで、当然このゲノムネットワーク研究の中で非常に重要なタンパクが出てまいりますれば、直ちにこのタンパク3000プロジェクトとの連携において構造解析なりあるいは最終的にはゲノム創薬へつなげていくといったような連携関係は十分とりたいというふうに思っております。

それからあと、テーラーメイド医療の方でも、疾患関連遺伝子といったものがよく出てまいりますので、これはゲノムネットワーク研究のまさに一番重要なスタートラインになりますので、そういったようなところとの連携関係も十分図ってまいりたいというふうに思っております。

(文部科学省)では、技術的背景に対する質問が幾つかありました。

1つは、Glycobiology、Epigeneticsはどのような形で含まれるかということですが、これはGlycobiologyって、このご質問の意味がちょっと私にはわからないんですが、糖修飾とか、そういう意味かと思えますけれども、そういうことについてのいろいろなネットワークに対する関与とか、そういったものだとしたら、もちろんよい提案があれば個別の提案公募型の中で受けたいというふうに思っております。

それからEpigenetics、これについても多分私の理解では一番あれはDNAのメチル化の問題かというふうに思いますけれども、これについても具体的にたくさんゲノムワイドでスクニングするテクノロジーが海外でも、それから我が国でも開発されていますので、そういったものを取り入れて、主に提案公募型で取り入れたいというふうに思っております。

それから次に、18ページ、公募型の個別の課題における分子ネットワークと、それらの意味が明瞭とは言えない、転写系、それからシグナル伝達系を共に解析するものなのかということですが、個別研究ではもちろんいろいろなバイオロジーの観点からそういった現象をゲノムネットワークというか、分子のいろいろな回路として解析しようという、そういったことをこの大きな全体のゲノム全体のネットワークの上でそれを関係づけをするという、そういうこと

を期待しておりますし、そういう研究がたくさん来ると思いますので、具体的には発生とか細胞分化とか細胞周期とか、免疫応答、サーカディアンリズムとか、あるいは疾患の病態の変化とか、あるいは薬物応答とか、そういった視点から行われている研究について、ゲノムのネットワークとをつないで全体としてどういうリンクになっているかということをやより以上に細かい、詳しい段階で、詳しく解析すると、そして、そういったことを考えていますので、当然、転写制御系もシグナル伝達系のどちらもそういったものを対象になるというふうに思われます。

これは、いろいろな、既に我が国ですぐれた研究がこういった分野でありますので、そういった方々にぜひ参画していただきたいというふうに思っております。

それから次に、タンパク質間の相互作用の分析が2-ハイブリッドシステムによるようだが、現在考えているほかの技術をいろいろ使ってはどうかということでもあります。これはもちろん、そのとおりであります。この参考資料2-2の4のところ、幾つかの方法の現在よく使われる、あるいは使われつつあるタンパク相互作用の方法のいろいろ比較表がありますけれども、基本的にはこういうことを申し上げられると思います。

非常に網羅的に行うという意味では、2-ハイブリッドシステムが最もエフィシエントであると、その中でも、イーストと、マンマリアン細胞を宿主とするものとか、あるんですが、今回、ヒトを中心にします。そういう意味ではマンマリアンの2-ハイブリッドということが妥当であろうと、それが実際に可能なのかどうなのかと、これについては、既に理化学研究所の方で約3,000の遺伝子等についてはフィジビリティスタディをやって、それがきちんと働くということを確認していますので、これで今後中心に置くのが妥当であろうと、ただもちろん1個の方法だけでは有効かどうか、あるいは間違いがあるかもしれないということで、既に今までもイーストの2-ハイブリッドとタンパクチップ、はなかったと思いますが、.....タグですね、タグをつけたり、あるいはコンプレスでとってくるというような、いろんな方法について評価がイーストについて行われていまして、それを見ますとやはり2つの方法を組み合わせると非常にカバレッジも精度も上がるということですので、そういう意味では、マンマリアン2-ハイブリッドを中心に据えながらもいくつかのイーストの2-ハイブリッドとか、それからそのほかの方法も取り込んで評価しながらやっていくと、そういうふう考えております。

それで、あと細かなことを言いますと、網羅性ということからいうと、やはり2-ハイブリッドの方が非常に、細胞の中でわずかなコンプレックスしかないものも、大量にあるものも同じように検出できますが、コンプレックスをア

イソレートしてくるといふのは大量にあるコンプレックスをとれるんですが、微量なものはそういう技術的な面で非常に困難に面していると思いますので、そういう面で長所、短所、それぞれありますので、それを取り入れる、そういうふうには思っております。

それから21ページ、これは擬態チップや抗体チップということですが、私ちょっと不勉強で、擬態チップというのよくわからなかったですが、多分、だんだんチップ上でいろいろ有用なものが選択しながら進化させていくとか、そういうことじゃないかと思うんですが、いずれにしても抗体チップあるいはRNAを介したチップと、そういうことの意味だろうと思います。

それについては、もちろん公募のところ、こういう網羅的な解析に非常に有用なものかどうかという提案があれば、それを使っていきたいと思いますが、今の段階ですぐに抗体チップでやると、こういうことで、これがなければ動かないというふうには私には思えないんですが、いい提案があれば使いたいというふうには思っております。

それから次に、22ページ、数千、数万の遺伝子が関与した大規模なネットワークを推定し、生物学的に意味のある結果が得られた研究はこれまでに例があるのか、もしあるなら示されたい。もしないなら、その理由を示されたいということで、これはこういったことの大規模解析は、ほとんどの場合イーストを使った例が大半であります。それから、類推するよりしょうがないんですが、イーストのまず6,000対6,000の遺伝子から、約1,000ぐらいの相互作用と、現在はいろいろな方法を組み合わせると約2,000以上のインタラクションが確定したものと見つけられております。そういう中から、結構おもしろいことがあって、1つは、これは私どものグループの仕事なんです、例えばオートファジー、自食作用というか、細胞の中のいろいろな機関の再形成の問題と、それから細胞周期のチェックポイントとなるタンパク質ですね、その2つの現象がつながっていることがわかって、これは非常にいろいろなところに引用されています。

それから、もう1つわかったことは、これはちょっと直接この生物学ではありませんが、複雑系の研究者が、イーストの2-ハイブリッドのネットワークが出たときに、彼等が解析した結果、この生物のインタラクションというのは、平均何個ずつインタラクションするんじゃないくて、幾つものハブがあって、それを中心に全部がつながるといふ、そういうシステムで、航空会社の拠点、ハブ空港があって、それからローカルシティにつながっていると、そういうような構図のスケールフリーというタイプのインタラクションであるという特徴があると、そういうことをやっています、そういう特色を多分この生物系が持っていることも全体を見てきてわかってきたというふうには思います。

それから、あと幾つかそういう転写、調節因子とか、いろんな新しい今まで機能がわからなかったタンパクがあるパスウェイにはめ込まれて、こういう機能を持っているというようなことが次々とわかってきたんですが、特に私は23ページの5番に書いてあるんですが、これはサムソンというMITのがんの研究者ですが、これがリーフドのやっているシステムバイルド研究所と組み合わせて、DNAのリペアに関係する遺伝子系が、実はセルフサイクルはもちろん当たり前なんですけど、細胞骨格からクロマチンのリモデリング、それからタンパクやRNAや脂質のメタボリズムに関係するものとリンクしているということ、これはコンピューターと、それからジーンコンストラクションのものと、それからタンパク-インタラクションと、その3つを組み合わせると、こういう非常にリンクしているんだという、この関係を明らかにして、これはおもしろい研究、こういった研究も出てきているというふうに思います。

そういうことで、こういう例から見ても、私は動物細胞でやることによって、非常に全体として大きく分けました。

あともう1つ、イーストの例からいいますと、イーストのインタラクションをやった論文は2つあって、スタンリーフィーズのグループの研究と、それから我々のグループの研究と、それが最初にイーストの2-ハイブリッド、それから、ドイツとデンマークのグループから、今度はマウスを使った方法、それらのものは非常にサイテーションの頻度が高い論文でありまして、例えば我々の出した論文についても、いろいろな論文ですが、既に300数十のサイテーションがあるということで、そういう意味ではこういったものを出すことによって非常にコミュニティ全体がそれを活用できるという、ベースを与えるというものになるので、そういう意味で非常に私はこういう研究をやることは個々の問題以上にいろんなコミュニティに大きな影響、インパクトを与える、そういうふうに思っております。

それから25ページに、ヒトゲノム計画は、当初のさまざまな技術的問題点を克服して、大量生産フェーズに入ることができた。このような大規模ネットワークには技術的問題点はないのかと、あるいはそれがあれば示されたいと、また技術的問題点がなくて、現時点でプロダクションフェーズが可能ならば何個の遺伝子が関与するネットワークがどのような結果が得られるのかと、こういうことですが、これは、もちろん今これが何も完璧な技術じゃないということは最初から報告にも出していますし、それから実際に幾つかの技術的開発も取り入れながらこのプロジェクトを進めるということですから、当然、技術的な問題点が残っている部分はあります。ただ、今見て、今の技術から実行に移せるものからやっていくというふうに報告書にもあって、そういうふうにこのプロジェクトは組まれていますので、全体として5年後に非常に、ヒトゲノム

でいえばドラフトに当たるものですが、そういった大きな枠組みを示すことは確実にできると我々は踏んでおります。そういう回答でよろしいでしょうか。

それから、もう1つは、何個の遺伝子が関与するネットワークがどのような結果を得ることができるか、これはなかなか難しい質問なんです。さっきのようにハブ的にネットワークができていますので、あるハブごとに広がった、そういうパターンができて、大きくつながるもので、あるところは抜けていたりするかもしれませんが、大きなハブはこういう研究でやっていけば決して落とすことはなくて二重三重にトラップされますから、そういうことはないというふうに我々は思っています。

それから、次の27ページの個別生命機能解析の内容をたかだか数十程度の遺伝子が関与する小規模なネットワークと、それから、従来型の分子生物学的手法であると、こういったものが混在しているためにゲノムネットワークというあいまいな言葉がますますあいまいになっていると、だからこの大規模ネットワークと個別ネットワークを完全に分離して評価すべきで、それを研究のゲノムネットワーク研究における位置づけにするように明確に示されたいということですが、これについては、もちろん小型のネットワーク研究というのは今でも幾つか進んでいるわけです。ただ、それが絶えず非常に今ゆっくり進むというか、なかなか全体像が見えないままで進みながら研究成果が出てきていると私には思えます。

このプロジェクトで一番の核心は、そういった研究を大々的に、なおかつ全細胞、全ゲノムレベルで解明するためには、そのための基盤を一方で与えて、その上にそれを活用しながら個別の研究が進んでいくという、そういうスタイルでもって、いわば、こういう集中的なところはそういう材料を提供する、そういう役割に特化していますので、そういう意味で、先ほどのイーストの例でもお話ししたように、そういったものを与えられることによって、非常にたくさんの人たちがそれを活用して、新しい発見をする、あるいは新しい論文を書くというか、サイエンスを進めていくと、そういうスタイルになると思いますので、ちょっと個別に評価するというよりも、ミッションが非常に違いますが、両方をジョインするし、最終的には、いわゆるここで書かれている個別型研究というか、個別のいろいろな生物現象にかかわる分子的な問題の解明にこの全体が貢献すると、そういうスタンスでやっております。

それから次に28ページ、転写調節因子を網羅的に解析する場合、転写が誘導される細胞の分化や云々とありますが、これはおっしゃるとおり、もう細胞の生理的条件はもうほとんど無限にあるわけですから、それを全部について対応したら、それはできないわけです。だから非常に標準的な現在研究に使われている細胞株であるとか、あるいは非常に標準的ないろいろな動物の臓器、ス

ページ、それから、あるところでは非常にヒトから得られやすい臓器、血球系とかですね、そういったものについて、まずこういった基本を示して、大きな基本はそこに私は必ず存在すると思います。

それと、使いながら、個別の問題で個別の材料を持った人たちがじゃあその時間刻みでどうかとか、あるいは薬物の量を変えたらどうかとか、そういった条件をやっていくことであって、それはだから、むしろ個別型研究、縦軸研究と我々が言っているものの中で、そういったものが非常に発展させる可能性があります、大きくは1個、1個全部について網羅的にこれをやるということは物理的に多分不可能だと思いますし、あまり意味のないことだと思います。非常に標準的なものについては絶対きちっとしたデータを出して、そういうふうに思ってやっております。やろうとしております。

それから、今度は網羅型研究先行ではなくて、個別型のものを先に行うとして、そこから進めていったらどうかということですが、これも先ほど言いましたように、個別型研究はもちろん、集積していくんですけども、いつまでたっても全体像が見えないということがあります。これはゲノム研究の特色だと思いますけれども、ヒトゲノム計画が出た当初の議論を思い出してほしいんですけども、あんなもん全部やってもしょうがないと、ともかく1個1個の病気の遺伝子をちゃんとやっていけばいいんだという議論はずっとあったわけですね。でもそこで、全体像が見えたことによって、これだけいろんな見方が変わったわけですから、全体像が見えるということは非常に大事なことで、我々としてはその全体像をきちっと、きちっとという意味はドラフト程度のものであっても、全体像が見えるということは非常に大事だと、それによって研究の方法論も変われば、研究のいろいろな物事の見方も変わるということで、そういったものをここで我々作り出したいということで考えておりますので、そういう意味で、個別型研究もちろん大切だと思いますが、それを発展させるためにもこの大きなゲノムネットワークプロジェクトというのは私は必要だと、そういうふうに考えて、この提案に至っております。

また後で質問がありましたら、あれですが、以上です。

(文部科学省)それから次は、国として、ゲノム関連研究全体としての方向性の中で、どう考えているのかというご質問でございますが、これにつきましては、総合科学技術会議の方でもいろいろなご検討がなされているというふうに承知しておりますが、ゲノムの解読が終わった後、こういうシステム、要素的なものを徐々にシステム的なものにくみ上げて研究していくという、そういう1つの大きな流れの大事なステップではないかというふうに考えております。

こういった研究の中で、DNAタンパク質あるいはタンパクの基本的なデータベースが使われまして、ゲノム研究の大幅な加速といったことが見込まれる

というふうに考えております。

例えば、このSNPsの例もここに書いてございますけれども、リスクについての評価ができるということでございますけれども、それを今後コントロールしていくといったようなことのためには、こういう生態システムの理解が不可欠であると、それからさらに盛んに行われてようとしております遺伝子の発現、プロファイルのデータと、そういったものにつきましても、こういったものを具体的にどういうふうにするのかということの意味づけしていくためには、ネットワークの理解が不可欠ではないかといったようなことで私どもとして考えております。

(文部科学省)ではその次は、ゲノムネットワーク研究という大きな課題、3年後の到達目標、5年後の到達目標を一般国民だけじゃなくてサイエンティストにもわかるように説明しろということですが、それはちょっとかなりテクニカルなことにもなりますが、その32ページから34ページにかけて回答がございますが、先ほども申しましたように、既に今からすぐ走ることができるテクノロジーとして、イーストあるいはマンマリアンの2-ハイブリッドシステムを使ったインタラクションと、それから転写制御領域を特定するということで、フルレンジcDNAがハイスループット転写開始点解析法という方法で5'の末端だけをSAGE法のように並べて解析するという方法で非常に大量にやると、そういうことで解析すること、それからそのプロモーター領域の特質を、たくさんの生物種のゲノムのシーケンスを比較してものを抽出するとか、あるいはタンパクとDNAのインタラクションで、そういった転写制御に関与していると思われる領域を特定するとか、そういうような方法があります。

こういった方法をとにかく1年目からフルにというか、予備的なものをフルにスケールアップしながら2年、3年と進めていって、3年後までには非常に基本的なそういったもののデータはできるというふうに思っております。

それで、3年後になったときには、そういう非常に基本的なゲノム機能データというか、基本情報はそこで得られるというふうになっております。

それから、さらにこれをいろいろなバイオロジーと結びつける、多分縦軸研究がそこに入ってきますので、そういうものと統合しながら3年から5年に向けてそれをさらに密度を高めていくと同時に、先ほど出てきましたエピジェネティクスとか、そういった情報も入れながら、より精度を高めていくと、そういう言い方で全体の言い方をお話するしかないと思いますが、全体としては5年後に大きく言って、ヒトゲノムというドラフトに当たるような、そういったネットワークのものの完成を目指すということでありました。

(文部科学省)引き続きまして、統合データベース関係ということですが、最初の質問、ちょっと私ども、必ずしも十分理解できていない点がござい

ましたので、もし、間違いがあればさらにご指摘いただければと思いますが、ここにシステムバイオロジー以下、幾つかの技術の参画の調査検討ということでございます。それで、私どもこの中でも特に難解読領域でございますが、これも約1%残っておって、実際にその中に遺伝子も含まれているというふうに言われておまして、こういったものについて、もしよい提案があれば、提案公募型の課題として取り入れてまいりたいというふうに考えております。

(文部科学省) 次のページ、36ページですが、インフォマティクスの約10億円の予算の使用目的と本プロジェクトの関係をより具体的に説明されたいということであります。

それで、大きく2つに分けておまして、1番目はデータ構築あるいはそれに関するサービス提供ということで、5億強、それから2番目は、むしろアルゴリズム開発やシステム開発を中心として4億強ということと考えております。その他です。1番目のデータベース、インフォマティクス構築ということに関しては、3つの対応を考えておまして、機関プロジェクト、これは推進中央機関に対するデータに対してのゲノムネットワーク構築、2番目は公募がございましたので、公募プロジェクトに対応する対応で、これは公募の規模がよくわかりませんので、一応暫定という形でやらせていただきます。あと、パブリックデータベース等からのデータの取り込みということがございますので、それを考慮いたしました。

2番目につきましては、以下に書いてあります9つのそれぞれのシステム開発として述べております。ただし、1番目のバイオインフォマティクス研究開発というのは、ちょっと漠然ではありますけれども、これは研究開発プロジェクトの方針決定のための情報収集、とりわけ既存のバイオインフォマティクス技術の収集と評価と、特にこのプロジェクトに対する応用について考えております。

以下は、解析アルゴリズム、マッピングアルゴリズム、ネットワーク、サブネットワーク、データベースシステム、データ標準化システム、データ標準化というのは、各グループのそれぞれのデータ交換を標準化して取り込んでいこうということにしております。あとはアノテーション、情報表示システムということでございます。

最後に、旅費その他をとってございます。

以上です。

(文部科学省) 引き続きまして、統合データベース構築に当たっているいろいろな考えを聞くとか、あるいは人材の養成・確保をどうするのかということでございます。これは先ほど中央推進機関の設置ということで申し上げまして、その中に幾つかの委員会を設置するというところで申し上げましたけれども、当然こ

のデータベースの関係につきましても外部の専門家の方も入れた委員会をつくりまして、その中でデザインあるいは最新技術の導入等々について十分検討を行っていただくということで進めてまいりたいというふうに考えております。

人材の問題につきましても、ちょっとこのプロジェクトの中で直ちにどういう形でできるのかということについては、ここの委員会の中でもちょっと検討していただきたいというふうに思っておりますけれども、むしろいいプロジェクトを示して、特に積極的にいろいろな形で参加を求めるということで、結果として人材が養成されていくといったようなことも期待しているのではないかとこのように考えております。

それから、データの公開、共有についてのポリシーの関係ということで、その辺をどう整理するのかと、それからあと、横軸研究ということで、データが出てきた場合に、どういうふうに領域を対象にするのかということでございます。

このプロジェクトにおきまして出てきましたデータについては、最終的には、公開をしていきたいということではございます。ただ、当面ここにありますような知的財産権の問題につながる、あるいは知的財産権をとるような研究をうまく支援をしていくといった方がいいのかもしれないけれども、そういったかなり知的財産権に近いところのお話もいろいろあるわけではございますので、今回のプロジェクトにつきましても、このプロジェクトに参加する機関あるいは研究者におきましては、一定期間外部に対しては守秘義務を負う形で参画をしていただきたいというふうに思っております。あと一定期間を具体的にどうするかということにつきましては、さらに詳細に今後また詰めてまいりたいというふうに思っております。

それからあと、生命倫理教育の問題ということでございます。

このネットワーク研究、ゲノムネットワーク研究そのものにおきましては、今のところ特に生命倫理教育といったような観点での経費は計上しておりませんが、これに付随するものとしたしまして、付随するといえますか、情報を積極的に公開するといったような観点からは、シンポジウムの開催その他について、積極的に進めてまいりたいというふうに思っております。

それからあと、こういった生命倫理関連予算を文部科学省だけではなくてほかの省庁でどうかということではございますが、ちょっとそれについては私ども今、データを持ち合わせておりませんので、ちょっとお答えはできませんが、ただ人材の養成という1点について申し上げますと、今の科学技術振興調整費を使いまして、この分野の人材の育成を図るといったようなことをやっているというのはちょっとご紹介申し上げておきたいというふうに思います。

それから、1番最後のアウトプット、アウトカムということでございますが、

ちょっとこれもなかなか難しい質問でございますので、少しピント外れのお答えになるかと思いますが、最前来から述べてきているように、今回のこのゲノムネットワーク研究のプロジェクトフォーメーションというのは、ある意味ではこういう基盤的なデータを出しながら、その上で個別の生命現象をうまく研究していく、ある意味では生命全体のシステムとしてとらえる、生命科学の新しい研究のスタイルといいますか、そういったものを生み出していくといったようなことにおいては非常に意義があるのではないかというふうに思っております。

それからあと、その成果がいつ具体的なものとして出るのかということについては、必ずしも5年間の間に直ちに知的財産権が相当多数出るということになるかどうかということの点について言うと、そこはもう少し息の長い研究になる可能性があるかと思いますが、こういう個別的な研究の進展といったものは、当然のことながら国民の健康の増進、福祉の向上、あるいはいろんな形での標的分子の特定といったようなことで、ゲノム創薬の大きな基盤となるといったようなことで考えてまいりたいというふうに思っております。

それからあと、この成果につきましては、最前来申し上げますように、最終的には公開を行うということでございますが、当面は外部に対して守秘義務を負うといったようなことで、我が国としての国益といったような点についても十分配慮をしていきたいというふうに考えております。

以上でございます。

(文部科学省) 1つだけ、補足で。

さっきのいろいろなネットワークがたくさんあると、イーストの例で話したんですが、もう既にマウスでも一部そういうことが出ているということだけちょっと補足させていただきます。以上です。

(座長) どうもありがとうございました。

こちらの方で質問が、実は皆さん方の質問を事務局の方でまとめまして、それでこういうまとめた形で質問したんで、内容的に整理されていないといいますが、幾らかのなかなかお答えできなかったことも、難しいこともあったと思いますけれども、その点はどうかご了承いただきたいと思います。こちら時間の都合もありまして、すべての委員の方の質問を事務局でまとめまして、大体幾つかの項目にしたので、個人的にいろいろ微妙な違いがあったり、あるいはお互いに矛盾するものものあったんですけれども、その点については一応弁明といいますが、どうもありがとうございました。

それでは、あと、2、30分使いまして、今の文部科学省の方の説明に対しまして委員の方々からご質問をお願いいたします。どうぞ遠慮なく。

(委員) 最初に、多分一番答えやすいような質問からしたいと思うんですけれ

ども、今、文部科学省は、一応の目標は、ドラフトという形で出てくるだろうということをおっしゃられたんですけれども、ゲノム解析の場合のドラフトというのは割と頭でつかみやすいんですが、今これからやろうとしているネットワークに関してのドラフトというのは、どのようなことかというのはもうちょっと具体的に説明された方がいいと思うんですよ。例えば、1つ、ちゃんと出されているのは、転写因子がどのくらいあるかという、少なくともこれだけはありますよというのが出れば、それはもうかなり役に立つし、転写因子同士がどういうインタラクションがあるのかということがわかったりすれば、かなり転写に関するイメージってわいてくると思うんですが、一応それだけではないと思うので、例えば、タンパクの場合の2 - ハイブリッドの解析をやった結果、もし仮に、今、榊さんが引用された例えばハブになるようなキータンパクが幾つか、何種類かあって、それを介してタンパク同士のインタラクションを行われていて、そのハブのタンパクが幾つあるかというようなことがわかるというようなことだったらだんだん理解していけると思うんですけれども、その辺ももうちょっと全体像というのを表立った説明をしていただきたいんですが。

(文部科学省) なかなか難しいというか、これからやることなので、技術的な問題、基本はさっき言ったように、転写制御系と、それからシグナル伝達と、そこはもうそこに関与するものについては非常にかっちり押さえるというか、インタラクションをいろんな方法で調べる。それからもう1つは、イーストの2 - ハイブリッドあるいはマンマリアン2 - ハイブリッドを使えば、いろいろなことでフォースポジティブもフォースネガティブもいろいろ出てくると思うんですが、さっき言ったハブに当たるようなものは何重にも検証されますから、そういったものは必ず私は浮かび上がってくると、そういうタンパクはきちっと押さえて、そののところをしっかり解析するということがもう1つ大事なことであって、それがリン酸化されたらどうだ、スモンカされたらどうだという、そういう問題を全部含んでくると、これはそういう私がドラフトといっている中で、全部カバーすることは困難かもしれないけれども、主要な拠点と、それから大きな遺伝子の情報を制御するネットワークという意味だから、転写制御因子とシグナル伝達系と、そういうところについてはもう転写因子なんかはかなりリストアップされていますから、そういうことはきちっとわかると、そういう、それぐらいのセンスでドラフトということであって、そこからつながったものはもちろんデータとしてはあると思います。

(委員) それをハブのような機能をもったタンパクの解析が重要だという1つの理由は、イーストの場合ですと、例えばある遺伝子のミュータントがとられると、そのサプレッサーを単離したり、シンセテックリーサル遺伝子を見つけたりするということで、ネットワークが次から次へと広がっていきます。

そういう研究は実際にやってみるとあまり大変すぎて普通ではなかなかできないんです。こういう場合にはまさにネットワークをたぐっていくのに非常に有力な手段になると思うんですけども、やっぱりヒトの遺伝子を使うと、そういういわゆる遺伝学的な解析って、そう簡単にできないですから、ハブとか、そういうキーのタンパクとか、あるいはキーになる遺伝子というのに注目しなきゃならないなというふうに考えたんです。

1つだけちょっと、これは私のたまたま個人的な興味から見ていたことで1つ、RNAバインディングプロテインが割とキーになっていると、そういう主張をしているヒトがアメリカにいまして、それはベンチャー企業ですが、うちの会社がそこに投資しているんですけどもね、リボノミックスという会社で、RNAバインディングプロテインで、例えばHuA, HuB, HuC、あるいはHuRで、神経系のRNAバインディングプロテインについては、慶応の岡野先生なんかやられています。そのところを押さえると、そのトランスクリプトームと翻訳をつなぐところの全体がぱっと押さえられるという、そういう仮説があるんです。

そういうところをやると、そういうハブになるようなタンパクを介して、転写からトランスレーションにいたる、その部分がある程度網羅的に明らかにするという可能性がないわけではない。

(座長) ちょっとほかの方のご意見、いかがでしょうか、どうぞ。

(委員) この間も、今日伺ってもやっぱり感じたんですけども、極端なことを言うと、分子細胞生物学全部やりますというふうにも聞こえるんですね。だけでも実際にソリッドなデータを提供できるのは、各遺伝子の転写に関するエレメント、プロモーター領域、ここがそうですよということ、それからそこに結合する転写因子、それも1個ではなくて、タンパク複合体としての証明です。これをすべての遺伝子でやってみせれば、それだけで非常に重要な基盤情報を提供することになると思いますね。だから、こういう国家プロジェクトというか基盤研究、あるいはそういう情報を提供するというふうなビッグプロジェクトにしてみれば、そこに限ってしまった方が到達目標も明確だし、それからフィジビリティということもきちんとできるだろうと思います。そしてその情報を利用した、それぞれの遺伝子について深くやる、縦の研究というのは、公募型あるいは全く別のプロジェクトでやるという風にすっきりさせた方が良いと思います。そのあたりが割とごちゃまぜになっているような、例えば分化、あるいは免疫系、いろいろなことが書いてあるものですから、そして最後は病気まで出てくるので、そこまで言わないで今回はまず非常にソリッドなところでおさめるという方が良いのではないかと思います。

(文部科学省) 横軸研究が全部細胞分化とか、さっきのネットワークについて、

どういう解析をしますかということに対して、非常に代表的なものについて、何か材料にしてやらなきゃいけないわけですよ。そうすると、1個の例を持てば、例えば樹立した細胞株を使えば、あるインタラクションは全く見えないということがあるわけですから、そういう意味では幾つかの代表的な素材を使って、でもやることは先生おっしゃったように、我々、プライオリティつけているように、転写因子系からスタートするとか、そういうことで順次広げていくと、そういうことで考えています。

それからもう1つは、技術的な問題にもなるんですけども、ある数を超えると、ほとんど同じスケールで、例えば1枚あることと、2枚あることとは、100やると1,000やるとの差よりもずっと近いわけですよ。ですから、あるシステムができ上がったときには、我々は網羅的にやるといっているのは、網羅的にやること自身はそれほど困難なことではなくて、そういう意味ではデータが出てくることは、我々は何もそこを全部セルバイオロジーをやるとは言っていないわけで、基本になるものをきちっと押さえて、あとはデータを提供すると言っているわけですから。

(委員) ですから、もし今先生がおっしゃったことを、私が正しく理解しているとすれば、私が今申したことと同じだと感じました。ですから、プロモーター領域をぜひ全域について、きちんと示す、そこに結合するいろいろなエレメントを複合体として示してみせるということ、そうすると、もう最初の一段階はそれで終了した、あとはそれをどう各機能として見ていくかということだと思います。

(文部科学省) 我々としては、まず、提案の中全体は、転写制御、まず転写制御の領域のプロモーター、そこにくっつくタンパク質、そのタンパク質が形成するタンパク-タンパクのコンプレックスと、そういったものについて、きちっとしたデータをとる。先生おっしゃったとおりです。でもそのタンパク自身の転写因子は、当然アクティブになったり、ならなかったときに、それは今度はシグナル伝達系とインタラクションしているわけですから、そのインタラクションをたどっていけば、当然シグナル伝達系につながっていくわけですね。当然データやれば、転写因子同士だけでインタラクション調べたって、これはわからないので、転写因子を相手にしても相手は全部なんですよ。全部に対してどうやってインタラクションしますかというクエスチョンをしなきゃいけないわけですから。そうすると、自動的にシグナル伝達系にはつながっていくというふうに考えられます。ですから、その流れはやはり我々は先生おっしゃったように中心であって、ただそれからさらにいろいろな問題にそこから発展していくと、そういうふうに思っています。

(委員) 私が質問したのは、要するにその素子を明確にするということと

めた方がフィージビリティ、それから到達目標としてもわかりやすいんじゃないかと思ったんですが、今、先生がおっしゃったのは、それだけじゃなくて、ファンクションもやりますということに……

（文部科学省）我々自身がファンクションも全部、我々というのは横軸研究がやるわけではなくて、それは縦軸研究がそれを使いながらいろいろな関係をつけていくということでありますから、縦軸研究は当然ですけれども、バイオロジーをやると思うんです。そういう人たちが入ってきて、ここのデータを最大限に活用してやってもらおうと、そこが大事なポイントだと思いますので、横軸の研究側が全部それをやるということでは決してありません。

（委員）もちろんそうでしょうからこそ、先生のおっしゃる横軸研究ということはこのプロジェクトの全体として、まずそれを第一段階のプロジェクトとしたらどうなんでしょうというのが私の質問なんです。

（文部科学省）一番最初に、このプロジェクトを立ち上げたときの趣旨をお話ししたんですが、今のこういうバイオロジーあるいは研究は、ゲノム型というか、今のよう時代になりますと非常に大量のデータあるいは非常に組織立ったデータと、そういったものをさらに使って、個別のバイオロジーの現象をきちっと調べようという、いわばビッグサイエンスと、スモールといったら失礼ですが、個別型研究と、そのコンビネーションが非常に大事な状況になってきているわけですね。昔は、個別研究だけだったです。ヒトゲノム計画をやっているころは、あれはある意味でビッグサイエンスの準備段階であって、それはなかったんですが、今は、そういったものが整いつつありますので、両方をジョインした新しい研究のフォーメーションをつくらなきゃいけないということで、それで1つはデータベースという言い方もちょっとあれなんです、非常に大事な役割をしますし、こういうコンソーシアムをつくって、データを出し合いながら、それを使っていくということですね。我々としては非常に新しい研究スタイルをここで作り出したいと思っていますので、個別研究は個別研究、中心型は中心型ということだけでは、これは非常に研究として不完全になると思います。

（委員）もちろん理想として、それでいいと思いますので、その横系の基盤研究と、今度は縦系の公募型といいますか、それと明確にプランの中でわかりやすく分けてしまって、予算措置なんか、それから公募型と計画というふうな意味でも分けてしまったらわかりやすいんじゃないかと思いますが。

（文部科学省）ちょっと最初のご説明が、必ずしも十分でなかったのかというふうに思いますが、参考資料の3というのがございまして、資料2-2の方ですね。これをちょっと書き方はかなり不十分なところがございましてけれども、機能情報の集中的な解析という点は、これは理研がいいかどうかという議論は

また別途ございますけれども、今は理研なら理研でとりあえずやると。それからあと縦軸ということで、個別の生命機能というのが右側の方にちょっと書いてあります。右側の方にゲノム機能解析等の推進による提案公募というのがあります。これはちょっと箱が3つありますけれども、その一番下のところに個別生命機能解析ということで、一応15億円割り当てておりますけれども、これはこれとして提案公募の枠として、ある意味では集中解析と予算は切り離れた形で、これはこれとして独立して運用するというところでございます。

ただ、実際には予算がどういう具合につくのかとか、そういった問題もございますし、それからさらに、今後詳細な評価をやった結果として、こういう10億、15億のアロケーションがいいのかどうかとういのはまた別の議論としてあろうかと思っておりますけれども、とりあえずこのプロジェクト全体としては、この理研の35億と提案公募の35億は両輪として走っております。そういう形でございます。

(委員) 質問が2つあります。

1つは、この間私がちょっと失礼させていただく前に議論したものと全く関係してきますけれども、これは、要するに詳細な問題よりも研究開発に対するポリシーというか哲学の問題を1つは聞きたい。つまり、網羅とおっしゃっているけれども、これをゲノムというのは30億ベース、仮に0.1%ぐらいの揺らぎはあるとしても、それを30億読めば終わりがあったんだと思っておりますけれども、今回この28ページのご回答などを読んでみると、結局この遺伝子の相互作用の関係というのは、環境情報とか、あるいは分化している細胞とか、そういった細胞種によって、実は変わってくる、関係性が実は無限にあるだろうと私は考えているわけです。無限にあるからこそ、将来起こり得る環境に対しても、生命は進化を遂げていって、我々が適用できるような状況になっているわけです。だから、こういう意味では、先生は前の段階の質問のときに、前回は全部網羅をするのが理想ですとおっしゃったけれども、今日ここの質問の中では、実際的なことを考えるとある種の細胞株とか、ある種のヒトですと血球の細胞の、例えば血球の細胞だって、どういう病気を持っているヒトとか、どのようなライフスタイルをしているヒトによってはゲノムの遺伝子の発現のパターン、当然変わってくるわけであって、私が伺いたいのは、まず網羅なんかできないということをもっと明確にして、できる限りの努力で全部の網羅記述する努力をする、網羅って、ゲノムというコンセプトと、プロテオームのコンセプトは全く違うんだということを真摯に考えないと、この研究は終わりがなくて、200億円使って、ここまでドラフト1までいきました。ゲノムの場合には99.6とか99.9という、ある意味ではどんどん近づいていくようなドラフトとして定義できたんですけれども、まだほかの条件がある、ま

だほかの組織がある、つまりフルレングスのcDNAを遺伝子の相当する部分を全部とれないのと同じ問題をこの研究の構造は持っていると思います。

この間の質問のときに申し上げた、ある特定の個別の生命現象の条件を使って、ある意味でそこに関係するような転写調節因子の網羅的なネットワークを記述することの方が実は意味があるんじゃないかというのがその質問です。

2番目の問題は、そういう意味では今おっしゃっていた標準という概念が、実は、データのクオリティとか、データの役立ちやすさというのに相当かかわってくるんじゃないかと実は思っているんです。ですから、これからやらなきゃいけないというのは、多分皆さんがつくるデータベースは、さっき言ったようにあるカタログをつくっていくということでは意味があると思うんですけども、生物現象を起こすときには、環境情報と、分化とかスペーシャルな情報と組み合わせさせて初めて、その関係性に機能が出てくる、つまり、オントロジーをしっかりとやらないといけないと思うんですけども、そこら辺に対する包括的なデータベースの作り方とか、あるいはどうやってオントロジーを込めたようなデータベースをつくっていくのかということについて、ちょっとお伺いしたい。だから、網羅はできないということを認めるか、認めないかということと、2番目は、オントロジーのデータベースをどういうふうにとっていくかということなんです。

(文部科学省) 網羅ができるか、できないか、それはこの間もお答えしたように、最後は、理屈からいえば網羅できると、プラクティカルには網羅できない。そういう言い方をこの間、お答えしたと思うんですが。

(委員) 理屈からいっても網羅できないというのが私の考えです。

(文部科学省) それはだって全部のインタラクションを調べれば、100年かかればできるんじゃないですか。

(委員) 全部のインタラクションを記述できない。我々は、全部のインタラクションを記述できないでしょう。

(文部科学省) それはですね、基本的に、この分子がどういうふうにインタラクションするかという、そういうことは、それは記述できるわけじゃないですか。

(委員) ただ、環境情報がありますし.....

(文部科学省) それは環境情報入ったときに、どうなるかということ記述すればいいわけですよ。

(委員) ただ、その場合の環境情報を我々どの程度評価できるかとか、そういうのというのは.....

(文部科学省) それは操作するかどうかじゃなくて、こういうキャラクターを細胞は持っている、タンパクは持っているということを記述して、それをもと

にしているいろいろなことを解釈するというベースなんじゃないですか。

(委員) それは多分考え方の問題で、さっきの標準状態とは何かという問題で、物理科学的に標準状態を……

(文部科学省) 標準という言い方はですね、私は、世の中で広く使われている、例えば細胞株であるとか、そういったもの、細胞株なかったら、当然培養条件で初期と後期と違うとか、というように言われれば、あらゆるものがあるわけです。ただ、私は、さっき、網羅的というふうにいったのは、もちろんドラフトとっているように、非常に大事な骨格は、そういうことを言いながらも、そんなに動かない。

(委員) それはわかりますけれども、生物学というのは、実は生物種を選ぶことによって、基本的なプリンシプルを考えますよね。

(文部科学省) それは、さっき先生の質問で……

(委員) だからさっき先生がおっしゃったように、イーストではハブが見つかったし、イーストは遺伝学的な手法を使ってネットワークをたぐることができるわけですよね。ここで先生方がヒトで使うといったときに、一体どのような新しい有利な点があるのかというのを知りたい。

(文部科学省) 有利な点というのは。

(委員) 要するに、生物学的なプリンシプルを探すんじゃなくて、例えば人間の病気に直接解読がいきますと。

(文部科学省) そうです。だからこれを例えば……

(委員) そうおっしゃっていただければすごくよくわかる。

(文部科学省) 例えば、疾患関連性遺伝子というものがある、例えば発現量が倍にふえたというようなことが例えばSNPs研究でわかったとしますよね。最近、疾患関連性遺伝子というと、オール・オア・ナンじゃなくて、そういうある影響、だから、その2倍に転写がふえたことがどうして病気と関係するのかということになると、それはネットワークが開始すれば、それが次にどういふ影響を与えて、どういふ影響を与えて、非常にある意味で細胞レベルあるいはゲノムレベルで、その効果がどういふふう、たかだか2倍のインフがどういふ効果を与えるかということ、これをそういう骨格がわかっていれば、ある程度推測がついて、それから個別の研究者がその病気に対する専門家がそのデータを見たときに、こういう解釈が成り立つ、あるいはこういうふうな発展できると、そういう学問的な発展につながると思うので、我々が何もすべて全部やるというわけじゃなくて、ただ、基盤をつくるんだと我々はいっているのです。

(委員) ただ、今言ったように、ある特定の病気やなんかの解釈を考えたときに、研究のアプローチは2つとり得て、網羅的というか、一般的なような状況

の遺伝子のインタラクションを百科事典学的につくって、その病気のときの状況にどの程度近づけるのか。病気のときの状況のジーンのインタラクションをまずつくって、それじゃその研究をヒトのために役に立たせませすというロジックの方が近いんじゃないですかというのが。

(文部科学省) それは、病気といえ、もう千差万別あるし、いろいろな病態がありますから、我々のいっていることはそうじゃなくて、そういうことを研究するための非常に重要な基盤を与える、ですから、ある研究者がこういうことを気がついたと、ある病気について、そのときにそれをどう解釈するかというと、じゃあそこから全部インタラクションのことを調べて何かやるか。また別な研究者が別のことを見い出したら、彼がまた全部やるかということ、私はそれは大変なむだであって、大きな共通の基盤にもなりませんから、やはりこういう共通基盤を与えておいて、そこにそういう研究者の情報がインテグレートされることによって、それは自己増殖的に情報がふえていくと、そういうふうにするので、そういうものをつくらなきゃいけないというのがこの提案の一番の趣旨になるんです。

(委員) それはわかりますけれども、逆の見方はできませんか。

ある特定の病気の疾患に関するものを、それを網羅的に集めて、それを統合的にデータベース化するという方向の方がさっき言ったように網羅できるかできないかを議論したときに、いいんじゃないですか。

(文部科学省) それはちょっとフィロソフィーの問題ですね……

(座長) 同じテーマについて、水かけ論やっけてもしょうがないんで。

(委員) 僕は、網羅するための基盤情報をつくるんだというふうに理解しています。だから、そういうふうに理解した方がわかりやすいんじゃないかと思えますけれども。だから、網羅するための基盤情報をつくる上で、という前提に立って、私の考えは、疑問は、先ほど先生の言われたところとちょっと裏腹になるかもしれないんですけれども、同じところに疑問を感じていて、個別的生命機能というのをここ見ていると、大体横軸と縦軸が両方とも含まれている気がするんですよね。それで、公募型のやつですかね、個別生命機能解析のところですね。それからゲノム機能解析、集中的な解析を見ると、これは割と横軸に重点を置いていると、ただ、さっき参考資料の3を見ると、やはりそこにもタンパク質、違う種付けも入っているような気がするんですよね。ちょっとその切り分けが個別生命機能の中で、シグナル系と、それから遺伝子情報、解析系と、両方とも含めるんだらば、やはり基盤情報のところでもある程度シグナル伝達系の横軸もあってもいいんじゃないか、あるいは逆に個別生命機能の方からできるだけシグナル伝達系を落として、横軸、トランス向けだけを入れてしまうというような考えもできると思うんですよね。そこをちょっと個別

生命機能解析のところのまとめ方と、集中機能解析のところのまとめ方がちょっと……

(文部科学省) ちょっとこの図はそういう意味ではなかなか舌足らずなところがあって、すいません、いろいろな誤解を生んでいるかもしれませんが、先生ご指摘のように、横軸研究でも当然シグナル伝達系もやれば、今おっしゃったようなことは基盤としては与えるということで。

(委員) 横軸研究でも基盤としては、横軸研究でも基盤としてはつくるということですか。

(委員) 基盤をつくるということで、これは大変結構だと思うんですが、対象を何にするかという、一番の質問ですけれども、ヒト、マウス、マウスは重要なことはよくわかりますけれども、どうもこの計画を見ていると、マウスがかなり重点置かれているのかなというふうに思うんです。いけないといっているんじゃないですよ。その場合に、どうなんでしょうね。クローンがどのくらいあるかという、この正誤表がありますが、正のあれを見ますとやっぱり国内にいろいろ持っておられるし、特にヒトのcDNAに関しては、五條堀先生おられますけれども、いろいろなソースがありますよね。それをうまく我が国のせっかくの成果ですから、あわせてただ理研でその機能を見るというのは結構だと思うし、そういうふうによく組めるんでしょうか。あるいはそうじゃなくて、理研だけで既に案とか書いてありますが、中のシーケンスを含めて、結構な投資があると思うので、そこはどうですか。

(座長) そのことで、ちょっと僕も関連質問。

これね、対象何かってものすごく大事なことなんですよ。それで、ヒトとマウスと両方やる。それを中心にやるとおっしゃいましたけど、その全体の流れから見ると、やはり一般的な転写のネットワークを探るといった場合には、ヒトをやってマウスをやるということは、ヒトとマウスは違いあるかもしれないし、ヒトの悪いところをマウスで補うということもあるけど、ほかに植物もあるし、シスエレガンス、ドロシェフネ、いろいろモデル植物としてあるわけですよ。それをあえてヒトとマウスだけに両方やるということについて、我々さっきもちょっと話したんですけれども、やっぱり何らかのきちっとした理屈づけをしていただかないと、マウスならマウスやるでいいんですよ。ヒトならヒトやる。けど、もしそういうことだとしたら、やっぱりこれはゲノムネットワークというより、哺乳動物のゲノムネットワークとかね、何とかということになっちゃうと思うんですよ、基本的にはね。だからやっぱりマウスもやるし、ヒトもやるということについてのきちっとした説明が必要だと思うんです。それは1つより両方やるにこしたことはないですけども、なぜほかの生物を差し置いて、その両方をやらなきゃならないのか。そこがやっぱり皆さ

んの一番の基本的な質問だと思うんです。

(文部科学省) 私の理解は、これはやっぱりヒトなんですよ。報告書にあるように、中心は。ヒトなんです。ですから、例えばタンパクインタラクションをやるとなったら、これはどれぐらいヒトのフルレングス cDNA があるか、あるいはいろいろな情報があるかということをやったり基本はヒトなんです。それは間違いないと思います。

そのところで、そういうインビトロの試験管内の実験は材料があればヒトということであろうと、タンパクであろうと、マウスであろうと、全く同じ条件になる。そこはヒトです。ただ、いろいろな生物学者がやっているのを見ると、そうすると多くの方が、ヒトの病気を目指しながらもマウスを使っているとか、マウスは非常によく病態のモデルとして使われていますから、そういう意味で、コンプリメンタリーにマウスのデータを足しておくことは非常に大事だし、あるいは非常に発生の段階を追うということになったら、これはヒトではできませんので、マウスを使うという、そういうことです。

(座長) ただ、その場合にはちゃんとロジカルな面で、ある局面になったら普通マウスを使うとか、ある局面になったらノックアウトするとか、ちゃんとそういう局面に応じて使い分けているわけですよ。最初から両方パラレルという形ではないわけね。ただ、その辺が明白じゃないんですよ、これについては。

(文部科学省) それは、こういう答えでいいんですか。

ヒトをやります。ヒトで困難なものについてマウスを使って……

(座長) きちっとその辺をはっきりさせていただかないと……

(文部科学省) それは、ライフサイエンス委員会の報告書でもヒトをやるべきであると。

(座長) それでマウスは構わないんですけども、そのときにちゃんときちっとしたヒトでやったけど、こういう技術的な問題があるから、これはマウスでやるとかね、何かきちっと局面を分けないとね、ただ両方パラレルでやりませうじゃ、今までやったのをただ……

(文部科学省) すいません、これはパラレルというふうに読めたかもしれないので、ちょっとそれはエクスキューズですけども、モデルとしてのマウスと書いてあるので、それはある状況になって……

(座長) そこはやっぱりはっきりさせないとね、非常に誤解が出てくると思うんですよ。

それは両方やるにこしたことはないんです。じゃあなほかをやらないのかという問題は必ず出てくるしね、もっと実験系としていいのが幾つもあるじゃないかと。

(文部科学省) いろいろな個別のことをいえばそういう問題はあると思います。

ただ、ジェネラルに言うと、マウス、ラットもあれですが、マウスが非常によく実験系に使われている。それからもう1つは、リソースとして、ゲノムシーケンスとフルレングスcDNAということでは、マウスはヒトに比べてよく整備されていて、ヒトでも今度ゲノムデータは完璧ですということですね。そういう意味で、ヒトを基点にしながらもマウスは絶えずリファレンスをして、その必要なときに使うと。

(座長) だから、その場合のちゃんと理屈づけをきちっとしていただかないとね、そうしないと、あるからただ両方やるじゃね、やはりそれじゃみんなの納得をいかないと思うんですよ。だからヒトを中心に置かれるという今文部科学省がおっしゃったから、あくまでマウスはそれに対してのあれのとき。普通実験動物やなんかね、薬で何でも最初からマウスも両方平行してやるというんじゃないくて、ある段階になったらマウスを使うと、きちっと局面に応じて仕分けしているわけでしょう。だからそのことをちょっと。今、委員の質問とちょっと関連して。

(委員) 同じことになると思うんですけども、要するにそれぞれ同じことをマウスとヒトでやるみたいな印象を受けるんですね。おそらく共通部分がもう大部分だろうと思います。ところが今度は逆に病気になると、先生がヒトの病気のモデルとおっしゃるけれども、マウスで本当にヒトの病気と同じモデルマウスはほとんどないんですね。全然違うんです。ですから……

(文部科学省) それを言われるともう……

でも、よくわかります。ただそれはもっとちょっとこのプロジェクトを超えるかもしれないけれども。

(委員) 違う角度からですが、データの公開のことですけれども、基盤をつくるということはまさにそれで結構ですし、やっていただきたいと思いますが、であればこそ、速やかな公開といいますかね、プロジェクトに入っている人、入っている、入っていないにかかわらず、たくさんの方がアクセスできないと、多分、おっしゃった意味は達成できないんじゃないかというふうに思うんですよ。しかし一方、知財権のことも当然あるから、そのあのあれが難しいと思いますけれども。そこは最大限何か、うまくやらないと、せっかく国費を投入する限りはですね、困るなと思います。その辺うまいお考えあったら。

(文部科学省) 一番私どもで、心配しておりますのは、例えばアメリカのENCODEにしても、今回ENCODEのコンソーシアムの中で、一定期間守秘義務を課すと、従来あれほど公開を盛んに主張してきたアメリカでさえ、今回このヒトゲノムの機能の面について、よくそういったことを言ってきているということで、その両立をどういうふうに図っていくのかというのが非常に重要なことだというふうに思っております。

それで、そういったことからいくと、先ほどちょっと一定期間ということで、まだはっきりした期間は限定して申し上げてはおりませんが、やはり一定期間は、その成果を使って、次代に結びつくものがあればやはり可能な限りサーベイした上でその後で公開していくということを基本としたいと思っておりますが、ただ、実際ちょっとそういう形のフォーメーションがうまく組めるかどうかという問題がありますけれども、例えばこのプロジェクトの中で、ファンドをされていない研究の方でも、このコンソーシアムとある一定の契約をして、入っていただいた場合には、そういった研究者の方々にはデータを場合によっては速やかに流すとか、少しこのコンソーシアムといいますか、そういったものの関与を必ずしもこのプロジェクトだけに限定をしないでもう少し広げられないかどうか、その辺もちょっと折衷案ということでちょっと検討してまいりたいというふうに思っております。

（座長）委員のご意見まだ聞いてなかったんで。

（委員）私も2年前にゲノム研究の市民とのコンセンサス会議に加わったことがあるので、その後も勉強会を続けていたんですが、やっぱり我々の貴重な税金がゲノム関連で生活に、それから健康にどう成果が出てくるのか、かなり市民の方は関心を持っている。

それから、産業界の方からでも、やはり網羅的に近づくのはいいですけども、創薬にかかわるところ、その辺から先にやってくれないかという希望があります。例えば、創薬にかかわるゲノムネットワーク、数十から数百ぐらいになるんじゃないかという感じで、そういうところから先にやってほしいという希望が出る。成果に結びつくところから始めていただいて、それが将来網羅的に広がっていけばという希望を私は持っています。

（座長）ちょっと一言ね、時間がそろそろあれなんですけれども、ひとつ、今日のお話を聞くと、ちょっとゲノムネットワークというのは非常にあいまいな言葉でいろいろなあれがあるわけですよ。ゲノムサイドもあるし、プロモーターなり、その領域とのアサインも含めて、インタラクションの問題もあるし、今トランスクリプションの問題、それとインタラクションもありますしね、ただ、少なくともインタラクションの問題というのは、かなりもうアメリカの製薬会社もそうですし、いろいろなところでやられていることも事実なんですね。たしか去年1月のネイチャーにイーストのインタラクションのネットワーク、これがここで言っているあれだと思うんですけどもね。だから、そのインタラクションを本当に中心に、今日のお話を聞いていると、どうもインタラクションをすべて中心に持っていくというようなお話を聞いたんです。それはそれで僕は非常に……

（文部科学省）質問がですね、大体、インタラクションについての質問が非常

に多かったんですよ。それもありますけれども。

(座長) それ以外のことについてのポイントが、ちょっと、インタラクションについてはかなりもう今ご承知のように世界でいろいろな方法でやられているわけですよ。ヒトに関してもおそらく出るでしょうし、だから、それ以外のことについてのもう少し具体的なあれはありますか。

(文部科学省) 質問のおっしゃっているのは、例えば転写のネットワークといえますか。

(座長) そういうことです。

(文部科学省) だから、まず、今、プロモーターの領域をきちっと特定できるかということ、これは完全長のcDNA、それに近いものがなければできないわけで、その網羅性を考えると我が国が最も優位に立っていると思いますね。それから次に、プロモーターの領域というのはどういうエレメントがあるかということになると、これは1つはもちろんDNAタンパクインタラクションの仕事となります。それから、いろいろなゲノム間の比較から、コンサーブされたり、バリエーションがあるようなものを使うと、そういうこととなりますね。それについては、プロモーターの比較解析のところは、このプロジェクトに入っていて、非常に霊長類から魚類から、非常に幅広いところで非常に網羅的、比較解析を行って特定するというプロジェクトが入っています。

それから、タンパクDNAインタラクションについては、これについては2つ方法を考えていて、1つは有名なイーストの1ハイブリッドで、これは特定できます。それからもう1つは、チップ上で、チップでその領域をトラップするというので、これはタンパク質と、転写因子とDNAがインタラクションした場所をトラップしてきて、そのくっついた場所にDNAをチップ上でディテクトするという方法で、我々既に白髭君なんかですね、それからイーストですけども、チップオンチップという方法でやっているの、その方法で、どの転写因子がある状況でどの遺伝子のプロモーターにという網羅的にどこにつけるかをチップを使って検出できるということで、この方法も技術的には既にどういうふうな問題があるかということもわかって、実行できるようになっていますので、そういうことを使ってやっていこうと思っています。

(座長) 少なくとも私の理解している限りは、その辺のところはまだ割合やられてないし、世界的に、かなりこれから日本が一所懸命やればかなりの情報が得られる分野だと思っています。タンパク-タンパクインタラクションに関しては、少なくとも私の我々のところの情報も外国に送って今共同研究やっているんです。いろいろ技術的な問題があって、思いのほか、なかなか難しいということも事実なんですね。ただ、特に薬の関係とかの何とかのインタラクションは、製薬会社が相当アメリカのベンチャーにお金を出して、いろいろな

ところをやっていますので、だからひょっとしたらそういうところと完全なオーバーラップのものが出てくる可能性もなきにしもあらずじゃないかなと。

それからもう1つは、イーストとヒトとはかなり、イーストでうまくいったから必ずしもヒトでね、同じように……、それがね、相当なギャップがあるということも文部科学省さんご存じだと思いますけれどもね。

(文部科学省) ちょっとすみません、時間があれですが、反論ではないんですけれども、参考資料の5のところに、これは日立のライフサイエンス事業部が、この場合はインシュリンからのシグナル伝達からいろいろなものに至る、そういったパスウェイをインタラクション、これは主にイーストの2 - ハイブリットを使いながら解析した例があるわけですが、こういう式のことを現行のものでも、この中にももちろん間違いもあると思いますし、いろいろなことがあります、少なくともこういう大きなビューが描けるわけで、これはある意味で個別的なある部分を見ていますけれども、これがもっと全体に広がるような、そういったものが現行の制度でも十分とは言いませんが、先生ご指摘のように、間違いはありますけれども見えると思います。

もう一つは、外国の企業とももちろんコンプライトされ、あるいは向こうがやっているからこちらがやらないという手はなくて、私は未開拓で見えていないところがものすごくたくさんあって、それは、イーストでは網羅的にある程度遺伝子が3000であると聞きましたけれども、まだマンマリアンではそういったことは非常に限られたものであって、製薬会社は、ある特定のものだけに限ってやっていますから。

(委員) 1つだけちょっと伺っておきたいんですが、一応オールジャパンでやることを強調されるんですけれども、やはりネットワークのドラフトを目指すのであれば、できれば、本当は国際的なコンソーシアムでやった方が、これはいいと思うんですけれども、実際にはアメリカがある意味からいうと自分のところで走り出しているからなかなか難しいとは思いますが、そういう試みというのは、全然ここまではされていないんですか。

もしできて、日本がそのイニシアチブをとれば、やはり国費を使うということで、国民に対する説明には十分なと思うんですけれども、そういう試みというのは全然されていないですか。

(文部科学省) ほかの形をというのはあれですが、解説をお願いします。

(文部科学省) 今の時点では、先ほど来申し上げているように、アメリカが自分のファンドのところで自分でコンソーシアムを組んでやっているということで、各国の研究者に対しては、一本釣りの動きというのは、先生ご案内のように当然あるんですね。ですから、むしろ各国の技術をうまく取り入れて、アメリカのプロジェクトフォーメーションとしてうまくやっていきたいという試み

じゃないかなというふうに思っております。

ただ、正式な国際間といいますか、あるいは政府間ベースといいますか、そういったようなことで各国に対するアメリカからの働きかけなり何なりというのは今の時点では全くないということで、彼らは彼らで一応やっているということです。

今後の展開ということで考えた場合に、今アメリカでは3年間はパイロットプロジェクトというふうに言っているわけで、それで評価した後で、最終的には全体をやるかどうかを彼らが決めるわけだと思いますけれども、おそらくその段階になったときに、本当にアメリカ一国だけでやり切れるのかというのは、当然財政負担の問題、その他が出てくるというふうに思っておりますので、我々としては、その時点で、彼らとある意味ではちゃんとした形でネゴシエーションできるような基盤を今の時点で作っておくということも、今後の国際協力その他の展開を考えたときには重要ではないかというふうに考えております。

(委員) そうするのは、アメリカ主導というのを大前提として考えているので、ポリティカルにはちょっと弱いのではないか。もちろん本当の政治の世界では、アメリカが主導を握ると。これは力関係からいってしょうがないかもしれないけれども、こういうサイエンスの世界だったら、アメリカが自国の殻の中でやっているのであれば、先にそういう働きをしていて、3年後にもしアメリカが参画してくるのであれば、むしろそれを取り込むというような、そういうことは全然考えないですか。

(文部科学省) こういうことを申し上げるのは大分不見識というか、あるいは間違ったことを申し上げるかもしれませんが、この成果をだれが使うのか、例えば産業的に使うのかということ考えた場合に、日本とアメリカの産業界の力の実情とか、その辺を考えたときに、日本がそこまでしてアメリカと今、日本がわざわざ優位性を持っている技術をアメリカ側にそのまま提供してしまう方がいいのかどうか、ちょっとこの辺のところもいろいろ考えたいというふうに思っています。

(座長) ちょっと時間的にあれなので、1つ技術的のことの質問なんですけど、資料の2-1でヒトのcDNAのクローンですね、これをお使いになるのがあるんですけども、ここに菅野さんのところのクローンが全然リストされていませんね。これは何か理由があるんですか。

(文部科学省) かずさとヘリックスというのが、あと医科研というのがありますけれども。

(座長) 下にあったんですね。

(文部科学省) かずさは違うところです。ヘリックスと医科研というのがそれ

に……。

(座長) N E D O / 東大医科研、下の行ですね。わかりました。

(文部科学省) これは、そこに書いてあるものは既存のものも入っていますが、そういうのを除いて、彼らが独自に抽出したと。

(座長) それから、これはクオリティーがすごくばらばらだと思いませんか。実際にインビトロでタンパクまでつくるところまで確認しているのは、みんな同じようなクオリティーでやっているかどうかとか、あるいは作り方のPCRを使う、使わないとか、いろいろな問題があるので、その辺はちゃんともちろん理解していらっしゃると私は理解します。

(文部科学省) 実は、この表をまとめさせていただいたのは私なんですけれども、これは公開されているクローンと、それからH-インビテショナルでいただいた情報をもとにして、全部データを書き上げたものでございます。

それで、要するに、このプロジェクトに今どれだけのシーケンスがわかっているかとか、それからどれだけのクローンが報告されているかという情報以外にもこのゲノムネットワークでもっと重要な別のファクターがあります。まずクローンがアベラブルか、ゲノムネットワークプロジェクトには使えなかったら話にならないので、いろいろな制約というのが、各所属機関、提供者によってあります。それで、表の下に使用可能かどうかイエス・オア・ノーと書いてあります。それから、今言われましたように、理研のファントムなどは、1機関で全部出していますので、クローンの品質などは非常に一定しているんですけれども、ヒトのクローンは、合作でありまして、ヒトのcDNAに關しましてはいろいろのラボがつくり、その品質が異なります。入ってあるベクターから何から全部異なっていて、その調整法が非常に困難です。先ほど、私、手を挙げて言おうかと思ったんですが、ヒトをやるのかマウスをやるのかというときに、これはやはり時間的な勝負で、高率の完全長率が達成されないと、ここにあるクローン数としてはそろっているけれども、実際、タンパク-タンパクの相互作用等々に使う場合、かなり使用可能なクローン数が落ちることであれば、やはりそれはまずマウスで全部統一してやってしまい、そのインタラクションしたデータが出てから、それからヒトにかえるというやり方もあり得るのではないかと考えます。要するに、インタラクションのスクリーニングが実際どの程度できるかというのは、これからヒトのシーケンスの情報をもっとつぶさに見ないとわからない状況でございますので、先ほどの質問に対してはそういう答えでお願いします。

(委員) 今日は、RNAの話はあまりありませんでしたけれども、これは、公募に入れようとしておられるのか、それともやはり研究の中でも、これからやられるsiRNAとかmiRNAなんかはかなりやはり転写調節とかいろいろ

関係すると思うんですけれども、そのあたりも視野に入っているのでしょうか。
(文部科学省)それは、視野に入っています。

ただ、どういうアプローチで解析することが最もいいかということについては、まだ技術的な問題があると思います。多分出だしは、ゲノムのある特定領域について、そこでわかっているそういった因子について、それをつぶすとか置きかえるとかいろいろな方法で、まず解析していくことで、その部分は、アメリカのENCODE型のプロジェクトになると思いますが、そういったプロジェクトを公募というか横軸型の提案公募で入れたいと思っているし、そういうことをやりたいとおっしゃっている先生も既におられます。

(座長)私の不手際がありまして、それから議論が非常にまだまだあると思いますけれども、一応今日は、この段階で、あとは我々の中でまた議論を交換して整理しようと思います。今日はどうもありがとうございました。

(説明者退場)

(座長)予定を大幅に、実は4時10分ぐらいから我々の議論ということだったんですけれども、皆さん方が非常に活発な議論をしたので、まだまだ尽きないと思うんですけれども、論点留意事項の整理ということだと思います。

それで、皆さん方のご意見に基づいて、事務局の方で評価の論点の整理案を用意していますので、これに沿って議論をおねがいします。

(事務局)今日は、さらに議論がありましたので、これは、1回目の議論をもとにしてつくったものですので状況が変わっているかと思いますが、簡単にご紹介いたしたいと思います。

大きく3つに分けておりまして、1番目は、網羅性に関する問題でございます。網羅性というものをそもそも追求するのかどうかという問題提起もあったわけですが、現在の技術で可能なものをやりながら解析手法を改良して、網羅性を上げていくと、そういうアプローチをとることが適切なのではないかということと、それから、横軸、縦軸の関係で、網羅データの活用によって個別生命現象機能を解明するという説明になっているわけですが、そうであれば、最初から平行してやるのかどうか、タイムラグがあるのかどうかといった問題、あるいは網羅性の追求と個別生命機能からのアプローチ、両方併用すると何かメリットがあるのかどうかといったことを挙げさせていただいております。

それから、2番目に、体制、進め方あるいは資源配分の問題でして、理研を中心にやっていくのか、これだけの資源が必要なのかどうかといった問題、それとあわせて、提案公募の部分との関係をどういうふうに整理して戦略的に進めていくのかといった問題があるかと思っています。

あわせて、運営の柔軟性といったことも若干議論がありまして、予算で

すとか、あるいは遂行グループ等を中央推進機関が柔軟かつ適切にアレンジ、マネージしていけるのかどうか。あるいはバイオベンチャー、それから研究グループ外といったところとの適切な関係といった問題があるのかと思います。

3番目に、到達目標をどのように立てるのか。非常に際限がないというか目標を立てにくい状況にあるような感じですが、具体的な目標をどのように立てて進めていくことができるのか。そのための具体的なやり方はどうなのか。

それから、最後に、公開の問題、あるいは日本の国益、先ほど国際的なリーダーシップという話もありましたが、どのような形で国益につなげるのかと、こういった問題が大きくあるのではないかとということでございます。

(座長) なかなかこれは難しい問題で、いろいろこれについて、皆さん方の非常に活発なご議論があってコメントがあると思うんですけども、できれば今日じゅうに、後で訂正ということは可能だと思うんですけども、大幅な考え方としてのフレームですね。それを何らかの結論をもうあと15分ぐらいしかないんですけども、ちょっと出していただきたい。細かいことにつきましては、もう一日、これは予備日というのかよくわからないんですけども、11月6日にとっていますので、そこで細部を詰めると。皆さん方、本当にお忙しいところ、また来ていただくことになるかもしれないけれども、全般的な形で、どういう形でこれを持っていくべきなのかということについて、フレームについてちょっとお話をさせていただいて、そうしますと、事務局の方でも、これをどういう形でこれから具体化していくかということについては、ある程度めどがないと大変だと思いますが、いかがでしょうか。

(委員) 一番単純には、ヒトしかやりませんと。それから、先ほど申したように、トランスクリプションにかかるシスエレメントをきちんと同定します。そこに結合するコンプレックスをきちんと記載します。それがまずコアになると思うんですね。それですと、到達目標も明確ですし、フィージビリティから見ても可能でしょう。そして、それがもたらす個別研究に与えるインパクトというのは非常に大きいと思うので、まずそれがミニマムのフレームワークになるかと思います。

ですから、あとは、それに対して、彼らの言うゲノムネットワークというものをどう解釈し、どこまでそれを広げるかということだろうと思いますけれども。

(委員) 全く私も同じで、さっきは逆の聞き方をしたんですけども、集中的解析のところですね、理研でやると言ったところですね。そこで、シグナルを入れるんですかと言ったら、シグナルも入れるというふうなことを言われたんですけども、どちらかという先生が言われたみたいに、トランスクリプトームに限って、いろいろな状況で変化するようなシグナルは個別研究に回すと

いうことにした方がわかりやすいと私は思います。

そうすねと、ちょっと細かい話になりますけれども、もうちょっと公募型の規模を大きくして集中型をちょっと小さくするとか、そういうことをして、公募型である程度シグナル系も含めた転写を横軸もやるというような形にした方がわかりやすいと思います。

(委員) 主要メンバーが得意なところは、シスエレメントをきちんと明確にするということ、それからプロテインコンプレックスを明確にするということであって、シグナル伝達系というと、また少し研究者の分野のカテゴリーがちょっと違ってくるので、それはそれで別に束ねて、これとどうドッキングさせるか。

(委員) やはり一番の問題は、実は、理研でマウスをやっている、だから、どうしてもマウスが今前面に出てきているわけですよ。だけれども、マウスではやはり説得性がないということでヒトということになって、今の場合も、理研の中でも意見が分かれているわけですね。だから、両方やろうということを持ってきたために非常に膨大になってきて、おそらく、ヒトをやるといったら、ヒトはcDNAがあまりいいのがないとか何とかという形で、まずマウスで全部やるべきだということだと、おそらく結果は同じようなものが出てくると思うんですね、少なくともインタラクションに関してはほとんど同じですし、病態はまた別ですけどもね。

(座長) ですから、ここで我々の提案として、ヒトに絞るべきだということを入れるかどうかですね、はっきり言って。私は、その点でちょっと追求したわけではないんですけども、その点については、やはり少なくとも文部科学省は明快にヒトですということと言ったんだけど、マウスをそこに入れるためには、それなりのちゃんとしたロジックがなければだめなんだけれども、少なくとも今の段階では、私の印象では見当たらなかった。それはいろいろな理由がつけられますけれどもね。その辺がやはり問題、ポイントですね、違いませんか。

(委員) マウスを使うことを禁じているわけではないけれどもね。遺伝子に関して検出するということには、やはりマウスが必要になってくるので、だから、ヒトを重点的にやるけれども、マウスを禁じてしまうと、ちょっと後で手が出なくなってしまうので、テーマとしては、私はヒトでいいと思いますけれども、ちゃんとマウスで、例えばさっき言われたものに関しても、マウスで検出することがやはりどうしても必要になってくるので。同時に2つするのはおかしいと思います。

(委員) ただね、ステージとしては、やはりマウスは必ずその局面に応じてヒトができない場合にマウスを使うというのがやり方なんですよ、いろいろな

理由で。

ただ、大枠として、こういうような大体話はわかったんですけども、一応認めるか認めないかということについて、皆さんあれがあったと思うんですけども、どうなんでしょうか。

(委員) いや、別に今の整理については、ゲノムネットワークとおっしゃらなければ全然問題はないと思います。

ただ、そのときに、あえてこれだけの額で、しかも総合科学技術会議のリコメンデーションであって、ヒトにこだわっていますけれども、生物学的に言えば、実はマウスでやった方が、非常にクリアカットでいい例、その基盤ができると。ちょっと議論を戻して申しわけありませんけれども、私は感じてしまいます。

(委員) ただ、今ね、こういうレベルになると、マウスもヒトも実験的にはほとんど同じなんですよ。

(委員) 一番重要なのは、フルレングスの cDNA のクオリティーの差がどれだけあるか。

(委員) cDNA のクオリティーが高いと言い切ったけれども、私はいろいろなところから聞いていますし、結構雑であることも、あちこちからコメントは聞いています。だから、そうってはあれなんだけれども、裏を勘ぐれば、理研のあの仕事の延長として、どうしてもやはりこういうようなプロジェクトを立てないと、そこでおしまいになってしまうという形の理研なりのロジックがここにあるんです。

ただ、それがサイエンティフィックかどうか、あるいはプラクティカルかどうか、あるいは国民の税金を使った面でいいかどうかということが今の問題だと思うんですよ。

(委員) また一番最初の問題に戻してしまうんですけども、要するに、このプロジェクトは転写のところから始めるというのは、要するに現在やろうとしている人たちが持っている技術の優位性から見ると、一番フィージビリティが高いというのは、それは当然のことだと思いますけれども、一番最後に先生が質問されたように、スモールRNA とかそういうようなもので、今の転写の調節という概念がもっともっとエクスパンドして、今やろうとしていることだけでは全然カバーできないよという事態というのは、一応想定できないような状況にあるのかどうかというところが、私は意見が違っていますよ。そうすると、何かそういう研究はほかの生物を使ってポンと出てきたときに、今までやったことは何だ、全然意味がないぞということになりかねないような状況というのは、まだ何%とか何10%かはあると思うので、そういうときにそういうのをやるんだったら、確かにステディーかもしれないけれども、着々とシスエ

レメント解析し、それに結合する因子をずっととっていくというのは、ある成果は出るかもしれないけれども、それをほとんど意味がなくなる可能性もあるので、もうちょっと幅を持っている方が私はいいような気がするんだけど。(委員)というのはいね、ただ、彼らの幅を持たずということは無理なんです。だから、私は、その面はもう少しほかの縦軸と横軸、縦糸と横糸と言ったけれども、どちらかの方でそういうような可能性をいつもピックアップするようなシステムに置いておくというようなことがプラクティカルな結論だと思うんです。

だから、我々は時間もないのでコンセンサスとして細かいことはいろいろ言うけれども、基本的にはいいでしょう。ただ、問題は、やはりヒトをきちっと明確に前面に持ってきて、それがどうしてもマウスを使わなければいけないときは、その理由づけをはっきりさせていくということ。

それからもう一つは、やはり今言ったような将来の局面のいろいろな転換に応じる、対応する柔軟性を少し一般向けの予算をふやすことで対応していくというようなこと、その2つが何となく我々のコンセンサスのような気がするんですけれども、いかがですか。

(委員)もう1点ね、中央推進機関という言葉がよくありますけれども、それが非常に大事だと思うんですよ。

ただ、一般的に文部科学省で中央推進機関をつくと、非常に頻度の低い委員会になったりするんで、そこはよほどよく考えて、その公募をどうするかにしる、先ほどおっしゃったRNAをどうするかにしる、よほどちゃんとつくっていただかないと、結局はきめ細かいというんですか、試料ができないので、そこは十分考えていただきたいというのが希望です。

(委員)我々としては、実は、10月の中ごろまでに、基本的にこれがどのぐらいのレベルの研究であって、ある程度のことを決めなければいけないのです。細かいことはいいんです。だから、これは推進すると。この前、ライフサイエンス系の人でちょっと聞いてもらったときに、皆さんいい点をつけてくれた。それで、これはかなり強く推進すべきかどうかとか、そういうことをまず決めなければいけない。

それから大きな注釈ですね。こういうことに配慮してくれというのは、できるだけ今日決めておいた方がいいんですけれども、これは11月になってからでもできる。というのは、最終的に予算が決まるのは12月ですから、だから、その辺の点をご配慮いただいてこれをやるか、強く推進するかどうかということをもまずひとつ考えていただきたいと思います。

それから、先ほど座長が言われたように、私もやはりヒトを中心にするというのでいいと思いますけれども、研究ですから、あまり縛り過ぎない方がいい

だろう。だから、そこをどういうふうに、どの程度の余裕を持たせるのかというのは、やはり考えておかないといけないのではないか。これは今日でなくてもいいと思うんですけれどもね。

それから、病気は大事ですけれども、今のところ、例えば糖尿病のが出ていますけれども、これはいわゆるインシュリンの作用機構がこうなっているだけであって、これで糖尿病がわかるかどうか、それはわからないわけです。だから、病気となると極めて複雑になるので、それほどメインとして病気を大きく取り上げなくてもいいのではないかと。それは、一般の人が公募でやる中には病気もあっても結構ですけれども、この中核でやるのは、ちょっと病気はそんなに……。大体病気に向かないところがあると思います。

(座長) 病気とか何かに対する基礎的な情報を提供すると、こういうことだと思うんですよね。

(委員) その中核機関というか、中核機関は別として、このプロジェクトの推進の責任者、それはできるだけ決めてほしいと思うんです。そうでないと、中核機関と公募がばらばらになってしまうということになって困るので、できるだけ責任体制はつくってほしいということを考えます。

(委員) ほかにも研究対象がヒトだと、疾患が関係してくるわけで厚生労働省のプロジェクトとか、そういうものとの関連も出てきます。やはりこれは基盤をやるということが重要なので、あまりヒトの疾患をやりなさいということでは、まずいのではないかと思うんです。

それから、トランスクリプトームですとHiCEPというのがありまして、それとの関係もちょっと考えなければいけないと思います。

(座長) HiCEPについては、ちょっとまた別のことで技術的なことで検討していますので。

(委員) ちょっとこちらの議論とは別かもしれないけれども、私たちはそういうことを……。

(委員) 私が一番気にするのは、結局いろいろなヒトのcDNAのクオリティーが悪い何だかんだと、結局マウスでやる。マウスでやって、また同じことをヒトでやるというふうなことになる、批判が相当厳しくなると思いますよ。こういうことで年間何十億円のお金を何で同じようなことを2つ並べてやるのか。だから、そこはやはりきちっとしなければいけないと思うんです。その辺をどう縛りをするか。やはり、私は、彼は、非常に一生懸命情熱を持っていいと思うんだけど、自分のあれにすべて動かす傾向があるから、そう言っただけで悪いんだけれどもね。だから、それはやはりきちっと、理由があるなら私はいいと思う。ただ、その理由がもう既に理研の中で、おそらく方法論で問題になっている。おそらく片方が負けるんじゃないかと思うん

です。

(委員) これは記者発表のことを考えると、ゲノムネットワークという述語がそもそも学問的に成り立っているんですか。中身のことを考えて、トランスクリプトームとシグナルトランスダクションとシミュレーションバイオロジーみたいなものが、ごちゃまぜになっていますよね。

(座長) だけれども、そこはまあね、あまりサイエンティフィックな議論ではないし……。

(委員) それが実はプロジェクトの5年後の目標設定のときのあいまい性を残すことになりますよ。

(座長) よく見ると、かなりあいまいなんだね。

(委員) いや、相当あいまいですよ。

(事務局) 10月の半ばというか、実質的に来週の半ばぐらいまでなんですけど、そこに対して感覚をお聞きしたいんですけども、これは全体で80億円、今出ているようないろいろなことを勘案して、80億円初年度から投入するという計画になっているというのが1つです。

あと、さっき委員が言われました国民の目から見た場合に、80億円を使って、創薬というのに当面は、それはちょっとわからないということで、80億円を使うつもりなのかどうかというところの感触を少しお聞きしたいんですが。

(委員) このプロジェクト自体に創薬を結びつけるのは確かに難しいと思うんです。そういう点では、先生が言われたように、厚生労働省等でも疾患と正常、そういうデータが次々出てるし、それから経済産業省も同じようなことをやろうとしているんですよね。そういう点で、ほかの省庁のプロジェクトと何らかのつながりが将来出てこないか。そのときに、運営委員会が文部科学省でいいのかどうか、できれば内閣府みたいなところに、いろいろな省庁のプロジェクトも入れるところに置いた方がいいんじゃないかということをごちゃまぜに思いました。その辺、いかがでしょうか。

(委員) 実は今がんの第3次10か年計画が出て、昨日ヒアリングしたんですが、そのときもそういう意見が出ているんですよね。だから、やはりどっかの省にするよりも、ということなんです。

ただ、我々のキャパシティーもかなり限られておりまして、何もかも引き受けてやれますということはなかなか難しい。それで、がんについては、例えば実施委員会や評価助言委員会をつくってもらって、委員長をきちっと決めてもらって、定期的に見る。そういうことでどうだろうかということをごちゃまぜに考えております。

だから、もちろん我々も、そこでお世話すべきことがあればやらせていただきます。事務局も例えばライフサイエンス系数名ですし、限られたスタッフで

すから、何かも我々がやるということは非常に難しい。

もう一つは、今のところ、なかなか簡単にできる見通しはないんですが、やはりイギリスのメディカルリサーチカウンスルみたいなものをつくれという意見が前から出ているんです。NIHまで大きくはとてできないけれども、イギリス並みのもので、それも、厚生労働省と文部科学省と両方にまたがったものをつくって、そして、そういうところが全部見たらどうかと。そういうものだ、ある程度常勤の人を雇うことができるわけですね。

ただ、これは省の枠をかなり壊してしまうし、あるいは独立行政法人をそう簡単につくれるかどうか、いろいろな問題があります。私はやはりそういうものをつくらないと、日本もだめなんじゃないかなということは思っているんですよ。そういうものができると、そこが監督するのが一番いい。

(座長) 結局今、何というか、ちょうど過渡期になりまして、前だったらこういうプロジェクトは向こうで決めて、だれもチェックしなかったんですけども、今はそういうチェックを、こういう場で一応はコメントを言うんだけれども、向こうはそれなりのあれをやってきたんだから、一步前進だと思えますけれども、今、先生がおっしゃったように、もっときちとしたものをつくらなければいけない。一応法的には、ここはそういう形で進めているということです

それでですね、ちょっと時間もあって申しわけないんですけども、いかがでしょうか、一応、大筋でいろいろなさっき言った2つのコメントはあるにしろ、これは認めましょうということで、ただ、コメントを10月3日までにこれについて そのことについて説明していただけますか。

そのコメントを私が先生と相談しまして皆さんの意見は大体わかっていますので、あれしますけれども、どうしてもこれ認められないということだったら、また話は別だと思うんですけども、問題点はあるにしろ、この前、高久委員からは、私は基本的には認めていいんじゃないかということ聞いています。鈴木委員、金久委員については、まだ意見はわかりません。

(委員) もちろん国として認めるべき重要な課題だと私は思うんです。

ただ、今のままだと、ゲノムネットワーク、それからヒトもマウスも平行してやりますというと、これは何でもありで、アウトカムもあまり期待できないと思うので、やはりある程度コアをきっちりして、ヒトを中心にということを明確にして、これだけの投資をするからには期待できて、それは最終的には薬には期待できないと言われるけれども、私は本当にこの答えがきっちり出れば応用開発研究が活性されて、最終的には大いに期待できると思うんですね。我々もどこがシスエレメントなのか、そこにどれだけのタンパクと結合するのかわりたい遺伝子をたくさん持っているわけなんです。ですから、そういう

基本データがここから出てくるということは、私は国内の研究者にとっても非常に大きなプラスになりますし、インパクトを与えたいと思います。

(委員) そうでしたら、名前を変える方がいいかもしれないですね。

(委員) それは、私は先ほど申し上げたことで、百歩譲って同じ構えの名前でも、到達目標に関してはトランスクリプトームとか、シグナル伝達という形で明確に分けて記述されることを私はお勧めします。

それと、もう一つ、もしトランスクリプトームに集中することをファーストリコメンテーションで出すとすると、これは、ENCODEと正面衝突することとは避けられないということ意識していなければいけないので。

(座長) ただね、今のディフニションのトランスクリプトームとはちょっと違うんですよ、彼が言っているのはね。トランスクリプトームというのはmRNAの種類をね……。

(委員) わかります。だから、それをもうちょっと日本語にすべきで、要するに転写調節因子とそれのDNA上の結合。

(座長) 僕が一番心配するのは、一般の方がこういう巨大なお金が理研についたときに、結局理研のやりたいことをジャスティファイするためのこのプロジェクトでお金を請求したのではないかということについては非常に厳しく皆さん見ているので、やはり基本的にはサイエンティフィックで、しかも国益に、これが本当に乗っているかどうかということだと思っんですよね。だから、個人個人の自分の仕事を続けたいから、こういうのをでっち上げるというのは非常に悪いけれども、何かつくって、その中でやるというのは、そういうような印象を与えるということは非常にまずいと思っています。

私もここではある程度の責任がありますので、その点だけはきちっと釘を差しておかなければならないと、そういうふうに思っています。

(委員) もう一つ、決してこのプロジェクトからはターゲットが出ないのではなくて、きちんと基礎データが出て、それが公開されれば、それから創薬のところは製薬企業の自分たちで考えていくんじゃないかと思っんです。それをつけ加えさせてください。

(委員) 公開のところは、やはりちょっとあいまいになっていると思っんですよ。もちろん全部公開しろとは言いませんけれども、プロジェクトの内部であっても、これまで見ていると、どうもなかなか出てこないということがあるので、そこはちょっと釘を差していただきたいなと思っんです。

(座長) わかりました。公開のことですね。

(委員) 知財問題は配慮しながら、できるだけ早く公開する。

(座長) ちょっとそのことを私は忘れてしまうかもしれないので。

(委員) やはり私は、国民が納得する成果というものの概念を、やはりやる人

はもうちょっと考えた方がいいと思うんですよ。確かに、ゲノムがわかって、そのゲノムの発現がどうなってくるかということで生命のあり方が決まってくるよというような感じは、サイエンティストはわかるけれども一般の人は絶対わからないから、例えばヒトを形づくっている大元は遺伝子の集まりであるゲノムであると、それぐらいはわかるようになってきたと思うんですよ。しかし、国民がそういう同じような理解にこのネットワークプロジェクトをやったら到達するかというと、それは私はちょっと無理だと思います。この研究の本当の成果というのは、我々専門家であれば、基盤が整備されることによって、いずれ何らかの形ででてくることは理解できます。というのは、やはり仲間ですからね、それぞれが。そのぐらいの共有している価値観というのはあると思うんだけど、一般の国民というのは必ずしもそうではないと思います。学会の会長をやられている黒川先生がおっしゃるのは、いわゆるアカウンタビリティは説明責任と言われているけれども、実際には結果責任なんだよいつも言うわけですよ。だから、本当にどういう国民が納得するような成果が出てくるかどうかということが、私はあいまいだなという気がするんですけども。

(事務局) 先ほど私が申し上げたのも同じことで、要するに80億円と、今のこのことというのは、天秤をかけたら、やはり80億円が大分重いんじゃないかというような感覚でいいんでしょうか。

(座長) 私は、リーズナブルで、あれだったら、あまりお金の額はあれでないと。ただ、問題は、その額に見合ったというんですか、やはりきちっとしたことをやっていただかないと……。

(委員) そのためにあまりにも漠然とゲノムネットワークと言ってしまうと、いろいろなことを含んで、ソリッドな答えが出ないのではないか

(委員) だから、あまり名前をつけてしまうと、ちょっと窮屈になってしまうような気がするんですよ。

(座長) すみません、私の不手際でもう10分超過いたしました。それで、評価コメントの提出について、事務局の方からご説明いただけますでしょうか。

(事務局) それでは、ゲノムネットワーク研究の評価コメントの提出のための様式3枚紙がございまして、ちょっとごらんいただきたいんですが、今日ご論議いただきました。主に評価の視点ということで、1枚紙でもご説明いたしましたけれども、その関係あるいはそれ以外でも結構です。

1枚目に、一応1としまして、今日の主要論点的なものに関するご意見、2として、その他何でもご意見があればということで様式をつくっております。

それから、最終的な取りまとめをしていく上で、やはり評価項目として正式に上げていました科学技術上の意義だとか社会経済上の意義、その他が2ペー

ジ目、3ページ目に様式としてつくってありまして、一応このあたりにつきましても、お手数ですけれどもコメントを書き入れていただいて、ご返送いただきたいと思っております。

日程といたしましては、10月15日に、この親会の評価専門調査会がありまして、そこで大石座長から中間的なご報告をいただくという予定にしております、できればそれまでにまとめたいということで、大変時間がなくて、かつお忙しい先生方ばかりで恐縮なんです、この1枚目にありますように、10月3日、明後日でございますけれども、昼ごろまでにぜひFAXあるいは電子ファイルでご提出いただきたいと思います。

様式等もあまり細かいことは申しませんので、自由な様式でも結構です。大変恐縮ですが、よろしく願いいたします。

それから、先ほどちょっと話題に出ていましたけれども、あるいは3回目をやることになろうかと思いますが、その場合の日程といたしましては11月6日木曜日の午後3時から5時、この第3特別会議室、同じ部屋で開催するというのにいたしたいと思えます。

それから、中間的な取りまとめ状況につきましては、随時先生方にもお見せしながら進めるということにしたいと思えますので、よろしく願います。

(座長)それで、あとは第1回の議事録について、何か事務局の方からと書いてありますけれども。公開とか非公開のことでしょうか。

(事務局)前回の議事録につきましては、先生方に個別に見ていただいていると思えますが、修正状況を確認していただき、さらに何かあれば事務局までお申し出いただきたいと思います。

この関係につきましては、まとめ次第、発言者名を伏した状態で公開するというにしていきたいと思っております。発言者はわからない、内容は全部載るといことです。

(座長)ということでございます。今日は、私の不手際で15分ほど超過しまして申しわけございません。それでは、皆さん、本当にお忙しいところありがとうございました。

- 了 -