

総合科学技術会議 評価専門調査会
「ゲノムネットワークプロジェクト」
評価検討会（第1回）
議事概要（案）

日 時：平成22年3月26日（金）13：00～15：00
場 所：中央合同庁舎4号館 第4会議室（4階）

出席者：阿部委員（座長）、奥村委員、本庶委員、田淵委員、廣橋委員、
審良委員、岡田委員、金久委員、中村委員、宮田委員

事務局：岩瀬審議官、川本参事官

説明者： 文部科学省ライフサイエンス課
ライフサイエンス課長 石井康彦
文部科学省ライフサイエンス課
生命科学専門官 河野広幸
理化学研究所
オミックス基盤研究領域長 林崎良英
国立遺伝学研究所
副所長 五條堀孝
東京医科歯科大学
教授 高柳広
理化学研究所システムバイオロジー研究チーム
チームリーダー 上田泰己

- 議 事： 1. 開 会
2. 評価検討会の調査・検討の進め方について
3. 研究開発内容の説明と質疑応答
4. 討議
5. 閉 会

（配布資料）

- 資料1 総合科学技術会議が事前評価を実施した国家的に重要な
研究開発「ゲノムネットワーク研究」（文部科学省）
資料2 評価検討会運営要領（案）

- 資料 3 「ゲノムネットワーク研究」の調査検討の進め方（案）
[事前送付資料 6（追記あり）]
- 資料 4 - 1 ゲノムネットワークプロジェクトの概要について（文部科学省）
- 資料 4 - 2 「ゲノムネットワーク研究」事後評価に係わる文部科学省への質問事項と回答 [事前送付資料 7（回答追記）]

（参考資料）

- 参考資料 1 総合科学技術会議が実施する国家的に重要な研究開発の評価について（平成 17 年 10 月 18 日 総合科学技術会議決定）
- 参考資料 2 総合科学技術会議が事前評価を実施した研究開発の事後評価の進め方について（平成 21 年 1 月 19 日 評価専門調査会）
- 参考資料 3 総合科学技術会議 評価専門調査会 名簿
- 参考資料 4 総合科学技術会議議員名簿
〈平成 15 年事前評価関連資料〉
- 参考資料 5 総合科学技術会議が実施する国家的に重要な研究開発の評価「ゲノムネットワーク研究」について（平成 15 年 11 月 25 日） [事前送付資料 参考 1]

〈平成 17 年フォローアップ関連資料〉

- 参考資料 6 大規模新規研究開発の評価のフォローアップ結果（平成 17 年 8 月 4 日） [事前送付資料 参考 2]
- 参考資料 7 ゲノムネットワーク研究の戦略的推進（ゲノムネットワークプロジェクト）の概要（平成 17 年 5 月 19 日 文部科学省）
- 参考資料 8 ゲノムネットワーク研究 指摘事項への対応状況について（平成 17 年 5 月 19 日 文部科学省）
- 参考資料 9 「ゲノムネットワーク研究」追加説明依頼事項・回答（平成 17 年 7 月 7 日）

〈第 82 回評価専門調査会（平成 22 年 1 月 25 日）資料〉

- 参考資料 10 ゲノムネットワークプロジェクトの概要について（平成 22 年 1 月 25 日 文部科学省） [事前送付資料 資料 3 - 1]

- 参考資料11 「ゲノムネットワーク研究」に係る総合科学技術会議の
事前評価及び評価専門調査会のフォローアップの概要
(平成22年1月25日) [事前送付資料 資料4]
- 参考資料12 議事概要(抜粋) [事前送付資料 資料5]
(文部科学省提供参考資料)
- 参考資料13 「ゲノムネットワークプロジェクト」評価報告書(平成
21年4月「ゲノムネットワークプロジェクト」評価委員
会) [事前送付資料3-2] (冊子)
- 参考資料14 「ゲノムネットワークプロジェクト」(平成20年8月)
- 参考資料15 革新的細胞解析研究プログラム(セルイノベーション)
(平成21年8月)
- (机上資料)
- ・分野別技術基本計画 (平成18年3月29日)
 - ・分野別推進戦略 (平成18年3月28日)
 - ・国の研究開発評価に関する大綱的指針 (平成20年10月31日)

議事概要：

1. 評価検討会の調査・検討の進め方について

検討のスケジュール及び検討会の運営要領については、資料2の案のとおりとすることとされた。

また、運営要領に基づき、座長より、審議内容の公表について提案、本検討会を評価者の自由な発言を確保するために非公開とすること、説明者が必要部分にのみ出席すること、会議資料と議事要旨を会合終了後に公表することについて提案がなされ、委員の合意が得られた。

事後評価に係る調査検討の具体的な進め方については、資料3の案を基本に進めることとし、文部科学省からの説明の聴取を行いつつ、調査検討項目に沿って順に検討することで委員の合意が得られた。

2. 研究開発内容の説明と質疑応答

○研究開発の概要等の説明

プロジェクトの目的、研究推進体制、予算の推移、当初計画からの見直しの経緯、具体的なプロジェクトの内容、実施機関、本プロジェクトの評価について、資料4-1及び資料4-2に基づき、文部科学省より説明があった。

○質疑応答

(委員) この研究費の予算が約3分の1で実施されたということで、集中が必要だったわけですが、その中で公募研究を絞らなければいけなかったということがありましたよね。これはある意味では広い研究者の参画を得るという意味において、ちょっとダメージじゃなかったのかなというふうに思ったんですけれども、どうだったんでしょうか。

(文部科学省) 絞るという方針の中でやらざるを得なかったということもありますので、ある意味やむを得ないというふうに考えてございますが、もちろん資源があればさまざまなことがやって、多くの研究者が参加できたということはそのとおりかと思えます。

(文部科学省) 情報のほうから補足させていただきますと、約20ぐらい公募チームの縦軸がありまして、これは個別にそれぞれの研究機関に行って、そこで情報に関してかなりのやりとりをやりました。そういった意味からしますと、これが例えば40や50も縦軸研究があるとそのようなキメの細かい対応があまりできなかったのではないかと思います。したがって、若干広く公募がとれなかったという面は確かにありましたけれども、逆に密接な連携がより深まったという面もあったと思っております。

(委員) ちょっと関連してもう一つ続けてよろしいですか。

その縦軸と横軸の研究の関係なんですけれども、この研究の一番大きいところは横軸の研究であって、こういうゲノムの情報をつくり出すというところだったと思うんですね。縦軸のいろいろな研究は、この研究のチームの中だけじゃなくて、ほかのファンディングでもサポートされているのもありますよね。きっとがんならがんで文部科学省でがんの研究をサポートしている。ほかの免疫なら免疫もサポートしていると。

そういった組織と事業と連携をとって、特定のそういう個別の縦軸研究を推進するんじゃなくて、もっともっと広く多くの方に参画していただいて、国を挙げてのプロジェクトにするというようなことができなかったのかなというのをちょっと思うんですけれども、いかがでしょうか。

(文部科学省) ただいまの質問の件でございます。

このプロジェクトを当初立ち上げるときに、1点事前評価のときにいただきましたコメントとして特許、知財を確保せよというようなところでご指摘を受けてございます。そういった場合に、広く例えば横軸研究、網羅的なデータをデータ取得後すぐ即時公開するというよりは、それを使って新たな知財、そういったものをもっていくのも一つの考えではないかと、

そういったことで今回はコンソーシアムということで、ある程度限られた中で公開し、そこで知財を確保した後にも一般の研究者の利用に供すると、そういった体制で臨んでいたところでございます。

(委員) そろそろ私失礼しなければいけないので、質問をさせていただきます。

事前評価にかかわった立場でもありますので、予算削減の元凶でもありますから、ちょっと私は質問させていただきたいんですが、要するに横軸と縦軸というのは非常にいい概念で整理なさっていると思いますが、遺伝子発現ネットワークの場合、観察する事象が無限か有限かというのが実は事前評価のときの最大のテーマになったと思います。ゲノムというのは有限の研究でございます。終わりがありますけれども、この場合の転写調節の遺伝子発現の組み合わせというのは、環境のパラメータ、それからそれぞれの組織の場所、それから分化の時間軸、それによって実は異なるんですね。

それが本当に有限か無限かで大論争をやってしまったことが覚えておりますけれども、これは私の立場で言えば無限なんですね。ですから、横軸をどこまで進めればいいのかという議論というのは、鶏と卵の議論でありまして、そうすると両方やらざるを得ない。ですから、公募研究といわゆる横軸研究のバランスというものがすごく重要になっていると思います。その意味では、予算削減という予想外の事態もありましたけれども、皆さんはよくやったというふうに私は考えています。

ただし、一番重要なのは、それぞれ今の横軸の到達度で今後のライフサイエンスの基盤を形成し得ているのかというのをぜひ皆さんに伺いたいですね。もうイナフなのか、あるいはそれから今別の委員もお尋ねになったように、国内のライフサイエンスの本当の意味のプラットフォームでやるためには、これは走り続けなきゃいけない。あるいはもっと費用対効果をよくして、パブリックなデータベースをどうやって取り組んでいくのか、あるいはどうやってcDNAとか、さまざまなものをダウンロードしていただいたものをcDNAは物を配るんでしょうけれども、そのデータを回収し、知財をシェアリングするところのシステム構想に対して、何かご提言があればお話を伺いたいです。それが多分このすべてが終わってしまった後、つまり死んだ子のよわいを数えるような評価にとって一番重要なことだろうと私は思います。

(文部科学省) ちょっと情報が入りましたので、私がお答えいたします。非常に大事な点を今ご指摘になったというふうに思います。

まずお答えできるのは、セルイノベーションというプロジェクトがこの後続いておりまして、これも公募によって始まりました。その公募の募集要件としてはゲノムネットワーク等の資産を継承して、今おっしゃったことができるようにということでありました。したがって、そういった意味での発展性というのは少し担保されてきたのではないかと思います。ただし、「無限」と「有限」のお話をされましたが、「無限」のところはどうしていくのかと考えますと、次世代シーケンサーはこのプロジェクトでは本当の最後の数カ月で使えた状況ですけれども、まさに大量なデータが出てきたと思います。例えば、低発現で今まで見えなかったRNAも見えてきたと思います。

ただし、「RNA大陸」という概念というのは、それでも普遍であろうと思います。それから、例えばデータベースで言わせていただきますと、そのフレームワークというのはかなりかっちりして、今後とも発展は十分にできると思います。ただし、2けた以上も違ってきてますので、そういった方向性としてはもちろん非常にいいんだけど、データベースの再構築ということはあるのではないかとこのように考えております。

(委員) これで終わりで去りたいと思っておりますけれども、要するにこの間に我々ゲノムの解析能力においては、中国にあっさり抜かれたわけですね。中国のBJIというセンターがありますが、そこが継続投資を今やっております、セカンドジェネレーションのシーケンサーをがばっと買っておるわけです。ですから、そういう意味では今後の我々の国策を考える点でも、このプロジェクトがやったファインな解析、つまり日本人的な科学的なアプローチともう一つはスケールメリットを追求するようなアプローチ、我々は国策としてどっちをとるのかというのをどのタイミングでとるのかも含めてですけれども、いつかこの評価書か何かで議論をすることができればいいかなというふうに思っています。

それから、あえて言えば、ぜひお願いしたいのは、先ほどそのプラットフォームのホームページを拝見させていただきましたけれども、必ずしもセルイノベーションとの連携が明確ではございません。むしろあれを見ている限りでは、今年の3月25日のデータランチで終わろうという逃げ腰の姿勢がありまして、それをセルイノベーションとどうやってシェアしていくかということは、ぜひご配慮いただきたいと悪口だけ言って失礼させていただきます。

(座長) これは実際は研究の内容につきましては、1年前に事後評価を受けております。今回のこの1年後のこの検討会というのは、今のよう到大

所、高所に立って、この研究の方向性をご検討いただきたいというのが趣旨でございますので、その辺の視点からご意見がございましたらよろしく願いたします。

(委員) これはまず大前提としまして、これが最初に設定された目標に対してすばらしい成果を上げておられるということは、まず言わせていただきたいと思います。

それと同時に、これは一番最初にこのプロジェクトを始められたときに、国際ヒトゲノム解析が終わって、ゲノム研究の機能解析を中心とした本格的な国際競争の時代に入るといふ大前提で出発されたわけですね。

ただ、私が見る限り、ゲノムの構造解析といいますか、シーケンシングというのは、今でも国際協力で続いているわけですね。もちろん一部もちろんパーソナルゲノムとか、そういうところはかなり競争的なところもありますけれども、例えば腸内細菌みたいなメタゲノムの話でありますとか、あるいはほかの病原微生物とか、それから一万の動物ゲノムとか、そういうプロジェクトが進んでいるわけで、そういう意味の、ですからもっと広い観点から、つまり生物学研究の基盤構築という観点から見た場合に、今どういう観点でこれはおられる、どういう見方をされておられるのか、それからそれは今度はセルイノベーションでありますとか、その次のほうにどういうふうにつながっていくと思われておられるのかをちょっとお聞きしたいと思います。

(文部科学省) 国際競争か国際協力かということなんですけれども、これはスタートしたときは世の中のこれは国際的なゲノムプロジェクトの終了と同時に、フランシス・コリンズ、当時NIHのゲノムセンター長だったのですが、このENCOD E計画というのを発表しました。そのENCOD E計画の論調というのが、それまではヒトゲノムは世界全体の人類の共有の資産をつくるということで、本当に国際協力という側面で一本で押してきたんですけれども、ENCOD E計画はアメリカのプロジェクトであるという触れ込みで、スタートしました。確かに、国際競争という側面があったと思います。

しかしながら、その後ENCOD E計画もだんだん進展してきまして、本当に我々も協力させられるというような立場にもなり国際協力の側面も出てきます。常にこういう基盤構築を目指すプロジェクトは、国際協力という側面を本当に無視できないと思います。

さらに、先ほど中国の話も出ましたが、これらの基盤構築プロジェクトの目的においては機能的なデータ解析を網羅的にやることは不可能です。

それよりももっと大切なことは、最先端ゲノム解析技術をシステムティックな解析に用いることができるシステムそのものをつくる、一般研究者ユーザーが技術を利用できるシステムそのものを国レベルでつくることです。当時合い言葉に使っていたんですけれども、各個別研究を実施する研究室の中にあたかもゲノムセンターがあるかのように、日常の研究ができるような、協力体制を日本の国内につくろうというのがもともとの基本的な考え方でありました。

そういった意味では、先ほど言われましたように基盤構築という側面といますか、それが一番大きく前面に押し出されているプロジェクトであったというふうに考えております。

(委員) つまり基盤構築と言われるのは、技術のほうで、データでは余りないということですか。

(文部科学省) そうではありませんで、データもある一つの生命現象に絞った縦軸研究に関しましては、非常に網羅的にできております。

例えば、RNAのプロモーター、RNAを見ましたCAGE法と名付けましたけれども、これにしましても、今やこの次世代シーケンサーが1年に50倍の容量が出てくるような状況になっています。ものすごい速度で進化しておりますが、昨今のシーケンサーを使いますと、本当に800個の細胞がありましたら、その中に1分子のRNAをほとんど99.99ぐらいのパーセンテージで検出できるような、そういう網羅性というのは、今の技術の開発とともに出てきたものであります。一番重要なことは、こういったものをいかに日本全体のベースとして使えるような国レベルのシステムをつくるかということが非常に重要なポイントでないかと考えております。

(委員) これは文部科学省のほうにお聞きしたいんですけれども、この事後評価書を拝見すると、最もシンプルステイトメントとして日本の生命科学を大きく飛躍させたので、このプロジェクトはよかったという1行か2行のまとめがあるんですけれども、評価というのは目標が達成されたかどうかということが原点であって、何百億使って何も起こらなかったらむしろ困るので、ですからこの目標というのが私の理解では、この我々がいただいている参考資料5というのの28ページ以下に、具体的な数値目標も入れてまとめてありますよね。

例えば、転写開始点においては、これは100万のタグをやるとか、ユニークな転写調節因子を1,000個やるとか、ですからこういうかなり具体的な目標がそれぞれどのくらい達成されたのかと、そういうふうな評価軸というのは、この参考資料13の評価委員会では、一覧表か何かあるのかどう

か、もしないんだとしたら、ぜひそれをつくって次回に持ってきていただきたい。それが一番重要な評価であって、ここで書いてあるのは個々の研究者が非常にやっているとか、非常に問題があるとか、個々の研究者の評価はあります。しかし、それはそれとして、それもどういう基準かというのは記述的に書いてあるのであって、ちょっとそこがわかりにくい。

こういうものでも、例えばそうしたら全体として一覧表にさせていただいて、A、B、CかDか何かにしてもらって、全体としてどのくらいの分布であるのかどうかとか、そういうふうな評価軸を示していただかないと、プロジェクト全体として成功だったのか、どうだったのかということの評価が非常に難しいと、それが第1点。

それから、第2点としては、この評価委員会の中でもしばしば公開が待たれているという表現が非常に多いんですね。1年前ですから、現在2年後ですから、それがどうなっているのか、つまりどれぐらいデータが公開され、一般アクセスができているのか、それに関してもきちんともう一遍データをお示しいただきたい。

それから、これはちょっとお聞きするんですが、このアクセスの数を見ますと、ちょっと私はやや心配なのは、一般からのアクセスの数とコンソーシアムの中のアクセスの数が余り変わらないですね。コンソーシアムの人というのは、極めて限られた人、そこからのアクセスの数と全世界からのアクセスの数が変わらないというのは、これは一体どういう意味なのかと、これに関して何か原因があるのか、分析をしていただく必要があるんじゃないか。

それから、もう一つはこういうさっき言った評価軸ともう一つこの成果として、目標と違う予想外のことがある。例えば、とてつもない原理的な発見があったとか、あるいは明確な応用へ出たとか、そういうことを書いていただかないと、これは目標と違っていいわけですよ、ポジティブな方向で。そういうことがないと、評価としては非常に一般的に論文がよく出たとか、そんなものは何百億を使って論文が出なかったら問題なんですから、それは余り我々としては評価軸にはならないと思うんですよ。

それから、これは非常にスペシフィックなことで、先ほど転写開始点のことを言われたんですけども、これは僕自身の経験から言って、転写開始点というのは、ヌクレオソームの条件によってめっちゃめっちゃ変わるんですよ。エピジェネティックを壊してやったら、とんでもないところから山のように転写が始まる。だから、転写開始点を見るというのは、その与えられた環境でということですから、そこはちょっと注意しないと、幾らそこが旗を立てたとしても、本当にそれは意味があるのか、意味があるとし

たらどういう条件下で意味があるのかと、これが重要なのであって、転写開始点全部網羅しても、余りひょっとしたら意味がないかもしれない。

(座長) 恐らく資料の提出を求められる件とここでコメントというか、ご回答をいただける件とがあると思いますが、ご回答についてお願いいたします。

(文部科学省) 一番最後の件につき、私ご指名いただきましたので、お答えいたします。

おっしゃるとおりでございまして、エピジェノムというぐらいですから、転写とか、そういうゲノムの機能に後生的に機能を加える機構でございしますので、当然転写の開始点にも影響を与えます。ただ、これは後でわかったことなんですけど、一般的に確かにエピジェノムが変わると転写も変わるんですけども、エピジェノムの効果は転写開始点を変えずに転写開始点のオン、オフを司っていることが知られてきました。もし転写がスタートするとするとここですよという候補地を挙げるという意味では非常に意味があります。

それから、それよりも何よりももっと重要なことは、ある研究者が細胞などのサンプルを得たとき、そしてサンプルについて調べたいといったときに、それを本当にRNAを、一分子レベルできちんと調べられるシステムを手中にでき、それらの研究手法がアベラブルになっている状況というのは、非常に大切であると思います。

先ほど中国の話も出ましたけれども、中国のセンターの意義はゲノムのシーケンスをいつでも産出することができる能力を持っていると、こういう状況が非常に大切なのではないかというふうにも考えます。

(文部科学省) 利用件数については、ちょっと分析をして、また後でご報告をいたします。

(文部科学省) 初めにご質問いただいた目標の達成度につきましても、後ほどご回答いたします。

あとこのプロジェクトで構築されたリソースなりデータなり、公開されているかということですが、これもあわせてご回答したいと思います。簡単にご紹介だけでございますが、このプロジェクトで構築されましたリソース、cDNA、siRNAのこういったリソースにつきましては、それぞれcDNAについては3月15日に一般に公開されてございます。それについては、理化学研究所のバイオリソースセンター、そこから先生方がご入手できます。それと、siRNAにつきましては、これはもともとライセンスが民間の企業が持っております。そこは東京大学がその企業との

協議を行ないまして、4月1日以降にその s i R N A についても提供が可能な状況という形になってございます。

ご参考でございます。

(座長) 今の点はとても重要で、何らかの形で表なり文書なりでお示しただきたいと思います。

(委員) 今までもご意見出ているところなんですけれども、この研究に対しての評価というのは非常によくまとめられていると思うんですけれども、研究自体が国の政策上どこに位置づけられていて、それは昨年終わりましたと、そこで残された課題が何だったのか、その課題に対して今1年たっていますから、文部科学省としてどういう対応をされたのか、それがわかる資料をお示しただきたいと、今わかるのであればお答えいただいてもいいんですが、それがわかる形で資料をいただきたいというのが1点目と。

もう1点なんですけれども、事前の指摘の4番、社会還元のところ、知的財産の保護、活用を戦略を立てて推進していくという、すべきだということが指摘されていたかと思うんですが、これに対してどういう戦略を立てて推進をされたのかといったところを資料として次回お示しただければと思います。

以上です。

(座長) 何か簡単なコメントがございましたら。

(文部科学省) このゲノムネットワークプロジェクトにつきましては、国の第3期基本計画、その中でライフサイエンス分野の中では生命現象の統合的理解、そういったものでゲノム情報、ゲノム解析等、こちらのプロジェクトで担当し、情報公開に努めているというような結果かと思えます。あわせて、そういった位置づけについても資料でお知らせしたいと思いません。

(委員) 今ご議論になっている点で、先生のお仕事に私は比較的近いものですから、先生のお仕事をずっと拝見させていただいていて、RNAの転写開始点や転写物を、新しい方法で次々と発見され、さらに次世代シーケンサーが出てくると、ますますその数は膨大にふえ続け、このプロセスは無限に続きそうだなという状況があらうかと思えます。

そういうときに、先生の今のご提言は、それをきちっと国のレベルで運用できるような、そういう制度をシステムとして整えるべきであるというご提言かと伺ったわけですが、もう一つの重要な視点はそれだけ膨大なデータベース、情報をどういうふうに本当の意味での活用できる体制につく

り上げるかということだろうと考えます。そういう意味で機能研究をどうそこにカップルさせるかということを実際に考えていかなければいけないでしょう。

その意味で、私たちは勿論、国としても、RNA新大陸という新しいリソースの中から、多くの活用できる知的財産が生まれてくるということを期待しているわけですね。だから、それにどうやって近づける工夫がなされるべきなのかということを実施された方々がぜひ積極的に提言していただかないといけないと思います。

そういう意味で、非常に限りなく拡張すればいいというものでは決してないと思うので、どういうふうにもここまで進めてこられた横軸の研究の中から、優先されるべき縦軸の次の研究を提言するかが、次のステージに重要であろうというふうに思っています。単に情報を限りなく重ねることは、私は何も意味ないと思います。

それから、もう一つは知財という点で私もいろいろ報告書を拝見させていただいて、非常に気になったのは、本数が非常に少ないですね。私はちょっとびっくりいたしました。

例えば、RNA大陸の情報たるや莫大な情報であって、これがどういう形で知財化されてきているのか、あるいはこれからどういう形で担保されるのかという戦略が物すごく大事で、そういう意味で実際の報告を拝見すると、特許申請という形には反映されていないなというふうにお見受けしました。その辺も実施体制、マネジメントでは極めて重要であるし、今後ともますます重要であるだろうというふうに思います。

それで、文部科学省の方に伺いたい点は、この特許の資料がアップデートしているのかどうかということが気になりました。国内の優先出願だけが書いてあって、それから数年たってますから、重要な特許があればPCTに移行を当然しているはずのものであって、そのフォローアップがなされていないということは、国内の優先出願だけで済んでいるものは、これは知財としては全く活用価値がないというふうに我々は思いますので、その辺はきちっと、もしそれがデータとして欠けているのであれば、きちんとフォローアップされたほうが絶対によろしいと思います。

以上です。

(文部科学省) ただいまいただいた質問で1点だけお答えいたしたいと思えます。

特許につきましては、今回参加いただいた先生方にまた問い合わせしまして、こういった資料の形になりました。

かなり年数がたっているものということで、現在特許審査請求中のものは3件というデータはございます。その件だけお知らせしたいと思います。

(座長) では、その辺の資料も正確な資料をよろしくお願いいたします。ほかにございますか。

(委員) 研究成果は物すごくいいと思います。よくできていると思うんですけども、今私たちもいつもこれとよく似た研究をやっているとか、システムバイオとかバイオマティクスをやっているんですけども、これはいつも思うのは、何かこの一つ一つのテーマは各論になってしまうような気がしているんですね。昔のゲノムのプロジェクトとかcDNAとか、DNAブックなんかも物すごく利用させてもらっているんですけども、最近そういうシステムになってきたのをこういうネットワークになってくると、論文上出ていたり、特に論文に出ているんですけども、それを見ることがないんですよ、出されていても。

おまけにそういうDNAチップのアナリシスなんかもいろいろデータベースに出ているんですけども、結局何でしか僕は見ないんですよ。同じようなテーマであっても、結局は自分たちがやってみないとだめだということ、そのデータベース自体が見てもそこから論文に書けないというか、新しいものがわかり切ったことのネットワークになっているんですよ。

だから、いつも困るのは、僕らの何かバイオマスを使うんだけど、いつも言うのは何かそこから新しいものを見つけないといけないからといって苦勞している。だから、そこが問題で、そこが本当にこういう形で続けていって、データベースになって多くの人がシェアするようなものになるのかなというのがちょっと疑問があるんですけども、自分たちがやっていてそう思うので、何となくいつも思うのは各論、自分の専門のところだけが興味がいつてしまって、また一つ一つの細胞ごとになってしまうということで、そこから何か新しいものを見つけていくしかないのかなという感じなので、だから先生なんかのいろいろな各グループでやっているのは、先生らにとっては物すごくそのデータは多分重宝になるんですけども、それが何か一般の人にはそれに対して興味を示さないんじゃないかなという印象を自分たちがやっていてそう思うんですけども。

(座長) 今のご意見もとても貴重で、つまりこれは1年たった事後評価でございますので、こういった研究をベースにして、もし今後今の先生方のご意見のようなことをやろうとしたら、どういうことが提唱できるのかといったような将来に向けての提言も少し入れていただけたらと思います。

どうぞ。

(文部科学省) 私もそういうことをずっと考えています。

多分、答えは2つあるんだろうと思っています。

1つは、個々に焦点をあてた個別研究をどのように推進するかです。今言われたように特定の研究対象だけを研究している研究者がほかの研究者のデータは興味ないといわれるのは、それはそのとおりです。その方々のニーズを満たすには、これまた2つ方法がありまして、1つは今までゲノムセンターでしかできなかった系統的な解析を個別研究で実現化する技術、DNA Chip、つまりDNAマイクロアレイなどがそれにあたります。私はこれを見たいという人がそのマイクロアレイをご購入されて、ご自分でやっていただくというプロセスにより、今までとれてなかったたくさんの情報がその技術でシステムティックにとれるわけですね。それで個別研究者のニーズの満足が実現されます。

もう一つは、そういうような技術をサービスの形で提供することです。次世代シーケンサーなどがそれに当たります。今先ほどから言っていますように、1年に50倍になるんですね。そうすると、我々でもそれに追いつけなくてせいぜい言っているぐらいですので、それを実際個別の研究をやられている方が次世代シーケンサーを使いこなすのは無理だと思います。そのような先端技術にキャッチアップしてその解析能力を本当に使いこなして日本のライフサイエンスの基礎体力として還元していくためには、これらの技術をサービス化しないといけないと考えます。こういう2つの方策で個々の研究者の方々をご満足いただける戦略というのが存在すると思います。

先ほど2つあると言いましたけれども、もう一つの側面は(個別の研究をやっている人は、それはほかの人にご興味ないかもしれないけれども)全体のデータを俯瞰して、そこからある有用な知識を抽出して新しい発見を創出する研究を推進することです。こういった新しいタイプの学問スタイルが出現してきました。

例えば、すぐに思いつく例をあげます。データベースに入っているノンコーディングRNAから、例えばヒトのみで発現しており前頭葉のしかもある特定の部位で発現しているノンコーディングRNAを抽出して、高等生物の特徴づけをやるというような活動などがそれに当たります。そういったタイプのトップダウン的なアプローチという活動が出てきたことから、実際広がってきたアプローチのうちの一つなんですね。

ですから個別の研究をサポートするのはものすごく重要で、それはイの一番に上がらないといけないんですけども、それとともに全データベースができてきて、それでナローダウンしていくようなトップダウン的アプ

ローチで実際非常によい成果が上がっている実例が幾つもあります。

(委員) そういう状況になってくると、かえって今度はパブリックのすることが逆に難しくなるということはないですか。

(文部科学省) そうじゃありません。それは多分Hypothetic Drivenの科学をずっとおやりになってきておられるので、そういうふうにお考えになることは良くわかります。そういう個別の研究をやられている方はご自分の出たデータが絶対に機密なんですね。論文公開したり、特許取るまで絶対機密です。それがぱっと漏れると、競争相手にやられちゃうんですね。

けれども、それとは逆に、ゲノム科学のような世界はある程度データが出た後はどんどん公開していくわけですね。そうすると、公開するとそれをみんな使うわけです。使ってくれたら、このデータはこうだよとか、ああだよとか、逆に情報が返ってきます。それでそういうデータのフィードバックで逆にブラッシュアップされていくというようなことをゲノム科学で働く人たちは常に経験します。それはデータドリブンサイエンスというある一つの側面で、結構日本が苦手な部分なんですね。こういう今後の21世紀のライフサイエンスを推進していくためには、両方の両輪をちゃんと持ってやらないと、バランス感覚の欠けた方向に行くんじゃないかと思っています。

(文部科学省) そのために今こういった非常に無限に思えるような機能解析を一方ではカッティングエッジな技術を使ってどういうふうに推進していくかというのは、非常に難しいたぐいの問題で、恐らくビジョンというのはなかなかまだ出てきてないと思うんですね。それを吸い上げる仕組みというのは多分日本としても持たないと、恐らくいけなくて、今のような形で巨大な拠点があって、そこに縦軸が参加する仕組みがいいのか、もっとミドル、中規模のレベルのものが幾つか点在している仕組みがいいのか、もっと別の仕組みがいいのか、これは現場に参加してみて、どういった体制がいいのかというのは、多分かなり試行錯誤しないといけないというふうに思います。コメントです。

(委員) 私は今回、前回といいますか、前のところは参加しておりませんでしたので、これまでの出されているものを読んでという感じの感想になるんですけども、非常によくなさっているということに関しては私も異論はございません。ただ、今回のこういう結果は、ゲノムを中心にした研究というのは、これはどんどん世界的に物すごく加速しているというのはおっしゃっているとおりで、しかもその中で日本がどんどん常に先頭を走っていけるかどうかというのが非常に大きな問題になってきますね。

先ほどの話しの中に中国のほうとか、いろいろなところである部分に関しては非常に特化してというのはありますけれども、日本のことを考えましたときに、若手の人たち、あるいは学生の教育の問題を今までのとおりでいいのかとか、こういう新たな生命科学におけるアプローチをどんどん進めていくためのそういう問題についても、現在の大学教育のやり方がそれでいいのか、それに関してはいろいろな意見もありますし、それからアメリカとかドイツとか、いろいろなヨーロッパとか見ますと、別な仕方のそういう教育システムを取り入れてやっている、それが非常に成功している面もあるし、そういうアプローチがどんどんいろいろなされているんだけれども、日本でなかなかそういうところが行われて、トライアルはなさっていると思いますけれども、表に出てきにくい面もありますね。

そういうところに関して、特に具体的にこのゲノムネットで作られて、それぞれの成果を出されて、しかしその次の世代を育てていくとか、あるいは新しい人をどんどんリクルートして考えていったときに、こういう人が今足りないから、もっとそういうことをやっていきたい。あるいはそういうふうなことについても提案ができるものがあるんじゃないかと思うんですけれども、その辺のところをぜひ何か、ここでコメントをいただくのも結構でございますし、あるいはそういうことを提言の中にといいますか、次の中に書いていただくことが必要なんじゃないかなと。

(文部科学省) 一言だけ非常に大事なコメントに少し言わせていただきますと、全く同じようなことを考えながらやってきたと、つまり恐らく今北京のゲノムインスティテュートで、非常に短いシークエンスでゲノムの新しいシークエンスをつなげるのは、何か二十何歳の女子学生が1人やったといった、そういう人たちがいると。

一方で、なかなかそういう人材が、かなり努力しておられますけれども、そういった人たちがまだまだ少ない。我々は講習会も年に一、二回、共同でやらさせていただいたんですけれども、研究開発プロジェクトが主な中で、そういう人材育成も含めてどうしていくのかというのは非常に大きな問題であり、何かこのプロジェクトから全く同じ問題を共有しているという以外は、もう少し何かこのプロジェクトの上のレベルでのもう一つ個別の動きだけじゃないものが要るように思っております。特に日本のポストドクの問題は非常に深刻な問題で、40超えてもなかなかステイブルなところに行けないというキャリアパスの問題ともつながっているというふうに理解しています。

(委員) 文部科学省にお尋ねしたいんですが、この体制表がありますよね。

推進体制、実施体制という中で、文部科学省はゲノムネットワーク推進委員会に委嘱とされてますよね。このときにこの委員会、この委員長は文部科学省が指名すると、そういうことですよ。委嘱されるときに、この委員会にどういうことを委嘱するのかということの何か文書があれば、それを次回ご提出いただきたい。委嘱した内容、これを次回までにご提出いただきたい。

(座長) よろしくお願ひいたします。

3. 討議

(座長) これからご議論いただくのは、先ほどの文部科学省からのご説明に対しまして、先生方からこういった点はぜひご回答をお願いしたいとか、あるいは資料を提出していただきたいと、先ほどのご質疑の間にもう出尽くしたような感がございますが、追加でそういったご意見があったら。

(委員) あの場で聞けばよかったですけれども、先ほど先生がおっしゃった目標に対してどうであったのかというのは非常に大事だと思いますし、それから同じようなプロジェクトが僕はちょっとこの面はそんなに詳しくないのでわからないですけれども、国際的にも諸外国でも同じようなプロジェクト、ENCODE計画とか、行われているならば、それと比較できるような形で成果をお示しいただくと、わかりやすいんじゃないかなと、それを考えると国家戦略としての次へのことが議論ができるんじゃないかなと思いました。

(委員) 先ほどお願いした国の政策上での位置づけなんですけれども、恐らく今の状況ですと、自分の置かれたところがぼんとしてくるだけなんだろうと思うんですね。そうじゃなくて、ほかにも各府省でいろいろな同じような観点はないかもしれないですけれども、ゴールに向かって取り組みが行われているはずなんですね。その重複ですとか、そういったものもわかるような形で整理をいただきたいということをつけ加えていただきたいと思います。

(委員) 先ほど知財の問題で文部科学省の担当の方がお答えになった内容では、答えになってないなと思います。

それから、国内の優先出願をすればそれで義務が終わりという感覚で考えている人は非常に多いので、本当のイノベティブな知財をどう担保していくかということが研究者サイドではなかなか難しいと思います。その

意味から、運営側と研究者との協議ということが多分盛り込まれていると思うんですね。

確かに、報告を拝見すると、相談し、協議し、指導したと書かれてありますが、報告書からは、その具体的な指導はどの程度のものであったのかはわかりません。これだけ巨額な公的資金を使った実績、状況というのは、記録に残しておかなければ次のステージのイノベーティブな知財にはつながらないだろうと思います。

それから、もう一つ先生がおっしゃったような大きなディスカバリー、予想を超えたディスカバリーというのがあったのかどうか、これは大事なことで、かつわかりやすいことなので、報告の中にアピールすべきだろうと思います。IPSの先生のようなヒーローは大きなインパクトがあるので、これだけの大きなプロジェクトですから、その中で推進側が、これはと考える研究者と成果をきちっとアピールすべきだろうと思います。

(委員) ちょっとデータのことについて一つだけなんですけど、新しい技術をつくって、それで大量のシステムとかデータを出して、それを他解析するインフォマティクスをつくってという、そういう道筋をつくったということは、もちろん非常に評価できるわけなんですけど、出てきたデータがこれはデータベースとしてずっと残るような価値のあるものであるかというのは、それは非常に疑問があるところなんです。

このプラットフォームにアクセス件数とありますけれども、これは5年間で1,200ぐらいのサイトからアクセスがあったということなんですけれども、NCBIですと、これは1日に200万サイトから来るわけですよ。けたが全く違うわけです。でも、それはですからそういうデータベースとしての価値というのは、そんなに僕はないんじゃないかと思います。

けれども、そういう技術をつくって、そういう道筋をつくったと、だからそういうことのほうを強調していただいたほうが多分データベースをつくりましたというようなことよりはいいんじゃないかという気がします。

(委員) 全く同じことを考えていたのです。だからcDNAライブラリのデータベースというんだけれども、それはどれぐらい本当にアクセスされて、活用されているのかということがないと、そこへ登録しましたというのは、一種の自己満足なんです。だから、全然評価にならないので、そこはきちっとしてもらわないといけない。

(座長) それから、奇しくも今日出されたデータは、やっぺらっしやる当時よりもやめられたときの1年のほうがアクセス数がぐっと減っているんですね。これは逆でして、もし本当にそういうデータベースが有効なら、

終わってからのほうが伸びるはずでございますし、それから知財のことに
関してもインセンティブがどうかというところだけが問題にされるので、
自分のメモリのために知財を取ったというのは、これは違いますね。その
辺のところも、また先生方も恐らくこの研究をやられて、いろいろなこと
を考えられたと思いますので、それを少し盛り込んでいただくほうが今後
のこういった大型プロジェクトに生きるんじゃないかと思いますので、先
生方がおっしゃったような今のようなご質問に回答いただくと同時に、今
後の自分たちの展望というんですか、そういったところも少しお書きいた
だければと思っておりますが、いかがでしょうか。

よろしゅうございますか。

では、今日はどうもありがとうございました。

先ほど申し上げましたように、次回が4月13日、火曜日で間もなくでござ
いまして、先生方にはまたお忙しい中、お集まり間いただこうと思っ
ております。どうぞよろしくお願いいたします。それまでに全部ではないん
ですけれども、逐次いただいたデータに関しまして、あるいは回答書に対
応に関しましては、またメール等で送らせていただきますので、どうぞよ
ろしくお願いいたします。

本日はお忙しい中、ありがとうございました。

—了—