

「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

1. 研究の成果と目標の達成状況、その活用状況

(1) 資料・データ提供依頼

①論文、書籍、学会・シンポジウム講演、関連特許数の5つの研究プログラム毎の内訳。

【回答】

区 分	論文	書籍	学会・ シンポジウ ム講演	関連特許数
ゲノム機能情報の解析	191	14	231	4
	191	14	237	5
ヒトゲノムプラットフォームの構築	11	2	59	1
	11	2	59	1
次世代ゲノム解析技術の開発	41	1	24	4
	41	1	24	4
個別生命現象の解析	234	3	415	11
	238	3	438	13
動的ネットワーク解析技術開発	40	12	121	0
	40	12	121	0
合 計（20年3月末現在）	517	32	850	20
（22年3月現在）	521	32	879	23
増加分	4	0	29	3

上段：平成21年3月末現在

下段：平成22年3月現在

②本プロジェクトで支援されたことが明記された発表論文のうち主要なものについて、被引用件数のデータ。

【回答】

論文の被引用度についてインパクトファクターの高い主な雑誌に掲載された論文の被引用件数は以下のとおり。

雑誌名	インパクトファクター (IF)	論文数	被引用件数 (合計)
Nature	31.2	4	318
Cell	31.2	1	29
Science	28.1	4	989
Nat Genet	30.259	4	339

(平成 22 年 3 月 19 日現在)

③ 5 つの研究プログラムごとの上記の数値的研究成果以外の主要な成果についての一覧。

【回答】

- ① ゲノム機能情報の解析
- ② ヒトゲノムプラットフォームの構築
- ③ 次世代ゲノム解析技術の開発
- ④ 個別生命現象の解析
- ⑤ 動的ネットワーク解析技術開発

上記、5 プログラムで事後評価において優れた成果をあげているとの評価を得た課題は以下のとおり。

なお、動的ネットワーク解析技術開発については、「2 年間弱（実質的にほぼ 1 年間）という短期間の成果のみを対象とせざるを得なかったが、事後評価では十分な成果をあげている。」と評価されている。

「非常に優れた成果」または「優れた成果」があがっていると評価された課題

プログラム	課題名	研究者名	所属
①	ゲノム機能情報の集中的解析	林崎良英	理化学研究所
①	ゲノムタイリングアレイを用いたヒト転写レギュロームの解明	白髭克彦	東京工業大学
①	In vitro Virus法による転写因子複合体の大規模解析	柳川弘志	慶應義塾大学
②	ヒトゲノムネットワーク情報システムの構築	五條堀孝	国立遺伝学研究所
③	新技術を基盤とした革新的遺伝子解析システムの開発	関根光雄	東京工業大学
③	精子幹細胞の遺伝子改変によるがん疾患モデルラットの作成	篠原隆司	京都大学
④	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	井上聡	東京大学
④	脳の時間的・空間的発現制御機構のシステム生物学	上田泰己	理化学研究所
④	脂肪・骨芽細胞分化のネットワークのクロストークと冗長性の解明	岡崎康司	埼玉医科大学
④	ノンコーディングRNAによるゲノム情報発現制御機構の解明	塩見春彦	慶應義塾大学
④	個別生命機能における転写因子の機能ネットワークと疾患	高橋智	筑波大学
④	運動器の形成・維持・老化に関わる遺伝子ネットワークの解明	高柳広	東京医科歯科大学
④	自己-非自己識別に関わる免疫系遺伝子制御ネットワークの解明	井上純一郎	東京大学
④	免疫系細胞高次機能を司るDOCK2シグナルネットワークの解明	福井宣規	九州大学
④	蛋白の可視化と機能的複合体解析で解くゲノム安定性ネットワーク	安井明	東北大学

④ライブラリ、リソース整備(cDNA クローン等)のうち達成目標を具体的に設定していたものについて、目標と達成状況の比較表。

【回答】

ライブラリ、リソース整備の目標と達成状況は以下のとおり。

クローン	開始時目標	平成20年度末
cDNAクローン	22,237遺伝子	20,415遺伝子 ^(注1)
Gatewayエントリークローン	できるだけ多く	15,004遺伝子 ^(注2)
siRNA	15,000遺伝子	19,000遺伝子(レトロウイルス型) 5,000遺伝子(レンチウイルス型) 3,000遺伝子(pol II型)

(注1) cDNA クローンの整備

いわゆるヒトが有するタンパク遺伝子として、プロジェクト開始時に知られており世界標準となっていた ENSEMBL 遺伝子 (22,237 遺伝子) を、究極の目標として設定した。わが国独自の完全長 cDNA 技術 (オリゴキャッピング法やキヤップトラッパー法) により整備を進めた。倫理的な観点から入手できなかったヒト胎児など非常に限定した組織のみで発現している遺伝子や、超長鎖の cDNA はクローンとして得られなかった。

(注2) Gateway エントリークローンの整備

さまざまな宿主細胞 (動物細胞や微生物など) で遺伝子を発現させるために便利な Gateway エントリークローンを、cDNA クローンを材料に、可能な範囲で、なるべく多く整備した。つまり、整備された cDNA クローン ; 20,415 遺伝子 (上述) を出発材料とし、PCR によりタンパクコーディング領域を取り出し Gateway ベクターに挿入した。合計で 15,004 遺伝子の Gateway エントリークローンを得た。PCR によりタンパクコーディング領域の増幅が困難な遺伝子や、PCR による変異の発生により Gateway 化にいたらなかった遺伝子もある。米国 Mammalian Gene Collection プロジェクトは、Gateway 化されなかった遺伝子については特別に予算を組み、完全な化学合成による Gateway エントリークローンの整備を進めているが容易に進んでいない状況である。

⑤ヒトゲノムネットワークプラットフォームの利活用について、各利用システム(統合 DB 利用システム、知的財産公開等)毎のデータ提供状況、アクセス状況の年次別推移。

【回答】

(1) 統合DB利用システム

	平成16年度	平成17年度	平成18年度	平成19年度	平成20年度
データ提供	-	2,992	45,348	31,276	31,715
アクセス状況	-	13,331	79,298	78,233	99,570

(年度末)

(2) 知的財産公開システム

	平成16年度	平成17年度	平成18年度	平成19年度	平成20年度
データ提供	-	111	87	491	675
アクセス状況	-	310	2,474	4,421	2,766

(年度末)

⑥後継として実施されている革新的細胞解析研究プログラムの中での本プロジェクトの成果や基盤(機器・設備、人材、ネットワーク等)の具体的な位置付けや役割がわかる資料。

【回答】

ゲノムネットワークプロジェクトの以下の成果を活用。

・中核機関(理化学研究所)

ゲノムネットワークプロジェクトでは、ゲノムワイドで、システムティックにデータを取ることで細胞機能を解明しようとする先駆的なプロジェクトであった。次世代シーケンサーが初めて登場した時期であり、積極的に次世代シーケンサーを活用しCAGE解析が行われ、まったく新しいインフォマティクス技術(モチーフアクティビティ)が生み出された。『データドリブンの細胞機能解析という基本概念』、『次世代シーケンサーをオペレーションする人材とノウハウ』、『大量データを処理するインフォマティクス技術』など、革新的細胞解析研究プログラム(セルイノベーション)に受け継がれた基盤は多い。

理化学研究所では、現在、次世代シーケンサーを保有し、引き続き、革新的細胞解析研究プログラム(セルイノベーション)の「シーケンス拠点」として、これまでに蓄積した技術とノウハウをさらに高度化し、医療や創薬にもつながる生命科学研究の基盤の構築に向けて、データ解析拠点や先導研究の各グループと協力して活動を進めている。

・ゲノムネットワークプラットフォーム

(情報・システム研究機構国立遺伝学研究所)

ゲノムネットワークプロジェクトの成果として、大規模シーケンシングによる遺伝子発現解析データやタンパク質間相互作用データを中心に、プロジェクトの成果を一元的に統合したヒトゲノムネットワークプラットフォームを構築した。

ヒト転写制御ネットワークに関するデータベースおよび解析ツールを構築し公開した。これらの活動を通じて、遺伝子発現制御ネットワークの予測に必要な各種のアルゴリズムやソフトウェア、サブデータベースの構築が進んだ。

革新的細胞解析研究プログラム（セルイノベーション）では、「データ解析拠点」として、これまでに蓄積した技術とノウハウをさらに高度化し、医療や創薬にもつながる生命科学研究の基盤の構築に向けて、シーケンス拠点や先導研究の各グループと協力して活動を進めている。

参考資料

- ・ 理化学研究所の解析技術等の技術開発の成果【参考資料 1】
- ・ ゲノムネットワークプラットフォーム【参考資料 2】

(2) 質問事項

＜目標達成状況に関して＞

①文科省の評価において、「全体的には、日本のゲノムサイエンスの発展に十分以上に貢献したことは間違いなく、所期の目標は十分に達成したといえる」（評価報告書 p.6）とされていることに関し、当初の目標「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」という観点から、個別の知見に留まらず、ネットワークの解明として具体的にどのような新しい知見が得られたのか。

【回答】

ゲノムネットワークプロジェクトにおいて、以下の新しい知見を得られたことにより、「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」へ向けた大きな基盤が構築された。

1) 「ネットワーク解明の基盤となる世界最高精度のヒトゲノム転写単位マップの構築」

中核機関である理化学研究所において転写開始点決定技術（CAGE法）を一層高度化させ、50種以上の細胞を対象に細胞内RNAの末端配列構造を網羅的かつ高精度に決定して、世界で最

も高精度のヒトゲノム転写単位マップをその発現頻度情報も含めて作製した。そこではゲノムの大半の領域が何らかの形で転写されているという“RNA大陸”という概念を打ち出すとともに、多様なRNAによる転写制御機構の存在を示唆した。その一部は証明された。

CAGE法を次世代シーケンサーに適用することにより、サンプルあたり100万タグを超える情報を得て、解析するシステムを構築した。このシステムでは、800細胞に1分子しか発現していない転写物(RNA)を99.9955%の確率で検出することができる。CAGE法によって得られるタグの出現頻度は転写物の近位プロモータの活性を反映している。これをベースとして、モチーフアクティビティ解析(各サンプルで、どの転写因子結合モチーフがどの程度転写制御に寄与しているかを示す解析)の概念を確立した。さらに、細胞分化をモデルとしたタイムコースサンプルを用いることにより、動的な転写制御ネットワークを構築する手法を開発した。この手法により、細胞分化モデルにおいて、転写因子結合モチーフがわかっている転写因子について、全てのプロモータに対する転写制御の関係(エッジ)を解明することができた。

- 2) 「ヒトゲノム上の転写単位群をブロック化して制御するインシュレーター(区切り壁)の実体を捉え、ゲノム上にマップすることに成功」

遺伝子を仕切るインシュレーター(区切り壁)の概念は存在したが分子の実態には不明な点が多かった。そこで白髭グループは、ヒトゲノム上のタンパク質の動きを網羅的に解析するゲノム学的方法(高精度のCHIP-Chip法)を確立し、それをもとにDNA結合タンパク質であるコヒーシングがインシュレーター(区切り壁)の重要構成単位であることを発見した。その発見を契機としてヒトゲノム中にインシュレーター(区切り壁)をマップすることに成功した。これによって、転写制御をゲノム上でブロック化して考える基盤を与えた。

- 3) 「1000を超える転写制御関連因子間の相互作用マップを構築」

理化学研究所(M2H)^{※1}、日立製作所中央研究所(Y2H)^{※2}、慶應義塾大学(IVV)^{※3}が各々に独自のタンパク相互作用の網羅的解析技術を高度化し、互いに協力して主要な転写制御関連因子間の相互作用を解析し、相互作用マップを構築した。

タンパク相互作用のデータは偽陽性、偽陰性が多いと世界的に言われていることから、各々の研究課題で精度を上げる技術的改良を進めた。しかし、偽陽性、偽陰性なしの完全データを取得することは困難であり、本データは研究の展開を考えるうえで、貴

重要なデータである。

高柳グループ、裏出グループ、井上グループは、これらを参考に新しい知見を生み出している。

※1 M2H：哺乳類細胞を用いたツーハイブリッド法 (mammalian two hybrid)

※2 Y2H：酵母を用いたツーハイブリッド法 (Yeast two hybrid)

※3 I V V：ウィルス型対応付け分子を利用した in vitro スクリーニング法
(In vitro virus)

4) 「転写制御にかかわる種々の情報を統合した情報プラットフォームの構築」

本プロジェクトで生産されたデータやリソースなどに加え、公開されている関連情報、転写制御、そのネットワークにかかわる情報を統合し、それらを検索、取得、解析できるプラットフォームを構築した。これらは今後の生命科学研究を進めるうえで貴重な基盤である。

5) 理化学研究所では、ヒトとマウスそれぞれの系統について、遺伝子の発現制御に重要な役割を果たす転写因子間の相互作用の有無をすべての組み合わせで調べ、転写因子間相互作用マップを作成することに世界で初めて成功した。

すなわち、ゲノムネットワークプロジェクトとマウスエンサイクロペディアプロジェクトで収集したヒトとマウスの転写因子の完全長 cDNA (ヒト 1,222 種類とマウス 1,112 種類) のそれぞれについて、2つの転写因子間の相互作用を、すべての組み合わせについて M2H 法で調べた。さらに、ヒト 34 種類、マウス 20 種類の組織 (細胞) について各転写因子の正確な発現量を定量 RT-PCR 法によって調べた。この発現データを相互作用マップと組み合わせで解析した結果、各細胞の形状や機能などの決定には、特定の転写因子の存在と、それらの相互作用が必須の役割をしていること、例えば、わずか 15 個の転写因子からなる相互作用サブネットワークによって、発生過程のさまざまな細胞が特徴付けられること (つまり、このサブネットワークが発生過程での細胞分化に重要な役割を果たしていること) を突き止めた。

また、ヒトとマウスでは相互作用ネットワークが非常に似ていることもわかった。さらに、新規の転写因子間相互作用によって、単芽球が老廃物の処理などを行う単球・マクロファージ (白血球の一種) へと分化することを妨げる「負の制御」を引き起こすことが判った。獲得したデータは、プラットフォーム (<http://genomenetwork.nig.ac.jp/>) で一般に公開した。

②縦軸研究として実施した19課題についての選定に当たって、ゲノムネットワークの解明という観点からの具体的な判断基準は設定されていたのか。

【回答】

縦軸研究課題については、課題選考委員会において、平成16年度に10課題（平成16年度～平成20年度）、平成18年度に9課題（平成18年度～平成20年度）を採択した。

○課題選考委員会の審査の観点

- ・ 新規性が高く国際的な競争力のある研究分野であること。
- ・ 学問的・社会的なニーズの高い分野の解析を行っていること。
- ・ 疾患又は創薬及び薬効に関するネットワークについては、将来的に医療及び創薬に対して高い貢献が見込まれること。
- ・ 研究プログラム「ゲノム機能情報の解析」に参加する機関との連携が見込まれること。

上記観点に従い、課題選考委員会においてゲノムネットワークの解明に資する課題の選考を厳正かつ公正に行った。

<成果の活用に関して>

③総合科学技術会議のフォローアップにおいて、「知的財産権の保護に関してはより組織的かつ専門的なマネジメントによる留意が必要である」と指摘されていることに関し、具体的にどのような対応をしたのか。

【回答】

推進委員会の下部組織として、「データ公開・知的財産権に関するWG」を設置し、同WGにおいて、原則参加機関へのデータ開示後6か月を目処として一般公開する一方、同時に、論文投稿、特許出願の双方に配慮するという情報公開と知財保護ルールを定めた「ゲノムネットワークコンソーシアム規約」を策定し、参加機関に周知した。

また、特許出願については、特に法人化後の国立大学等においては特許権が原則機関帰属となり、各機関の特許戦略に任されることとなっていたが、総合科学技術会議のフォローアップでの指摘も受け、実施会議では、弁理士に依頼し、個別機関毎に特許化の可能性等について相談・指導を行った。特許化の可能性のある課題について、実施会議事務局は弁理士と課題担当者とは個別面談し、具体的な特許出願の促進を図った。

さらに、知的財産権の確保と先端研究の解析データの公開という双方に配慮し、実施機関・研究者間でのコンソーシアムの形成のみならず、プロジェクト外部から資金を得て参加する「協力機関」の参画を認めて、参加機関間の連携を高めた。

④成果の活用に関する文科省の評価での指摘に対する取組状況はどうか。具体的には以下の点：

・ cDNA クローンの整備について、「cDNA クローン群に含まれる塩基置換、不完全クローンの存在が、今後のライブラリの有効活用に影響を与える懸念があるが、これら事故クローンを含めたリソース全体を早期に公開し、幅広いユーザーの利用に資することが望まれる」（評価報告書 p. 12）とされていることに関し、どのような改善措置をとっているのか。

【回答】

東京大学が整備した cDNA クローン群、理化学研究所が整備した cDNA クローン群ともに、本年3月15日にプラットフォームから公開した。利用者に対しては、理化学研究所バイオリソースセンター（小幡裕一同センター長）の協力を得て、ヒト完全長 cDNA クローン8万個の提供を開始し、ゲノムネットワークプロジェクトで確立したゲノム研究基盤が全国の研究者の利用に供されることとなった。

・ siRNA ライブラリについて、「プロジェクト終了後のライブラリの一般公開について課題を残しており、早期の対応が望まれる」（評価報告書 p. 15）とされていることに関し、どのような改善措置をとっているのか。

【回答】

レトロウイルス型ライブラリのベクターは、プロジェクト期間中は、東京大学から配布・提供が行われたが、プロジェクト終了後も広く活用できるため、東京大学とライセンスを持つ企業と交渉が行われていた。コンソーシアムメンバーに配付済みのライブラリについては、ゲノムネットワークプロジェクト終了後も継続的な使用が許諾されたが、昨年の評価委員会の評価時には、第三者への配付は認められていなかった。このため、プロジェクト終了後の国内の研究者へのリソースの配付については、東京大学で構築した部分を含め、民間企業への委託

により、一般へ提供することについて検討がなされてきたが、平成 22 年 4 月 1 日より一般に販売されることとなった。

・ヒトゲノムネットワークプラットフォームの構築について「投じられた費用に対して、本データベースがプロジェクト内はもとより、一般研究者や企業等に広く活用されているのか、真に実用性があるのかは現時点で不明確な点もあり、成果の妥当性、達成度の評価のためには、今後も長期のフォローが必要であると考えられる」（評価報告書 p. 8）とされていることに関し、文科省は一般研究者や企業等に広く活用を促進するために、また実用性の有無を見極めるためにどのような取り組みをしているのか。

【回答】

ゲノムネットワークプラットフォームは、「コンソーシアム規約」に基づき、実施全課題のデータを取り込み、ネットワークの解明に必要な外部データも収集し、ヒト転写制御ネットワークに関するデータベースおよび解析プラットフォームを構築した。

プロジェクト終了後も、一般研究者や企業等に広く活用を促進するため、継続的に公開し、研究者の利用に供している。

国立遺伝学研究所は、後継事業であるセルイノベーションのデータ解析拠点に採択されており、今後、理化学研究所を中心とした大規模シーケンシングによる発現解析データを基盤とし、タンパク質間相互作用やゲノム配列などのさまざまな付加情報を加えてデータを統合し、同時に、情報プラットフォームとして解析手法や研究成果を広く研究者の利用に資するよう提供を進めていくこととしている。

同時に、コンソーシアム外の一般研究者や企業の利用促進、実用化の有無の見極めについては、プロジェクト終了後の研究成果についても参加研究機関の了解を得て、情報プラットフォームへのデータ提供を文部科学省から依頼している。

・次世代ゲノム解析技術の開発について、「縦軸研究等に対して実際にどのように活用されるのかが、今回の評価にかかる期間中では必ずしも明らかではなく、今後の実用化及び技術の波及効果に期待したい」（評価報告書 p. 7）とされていることに関し、その後実用化に係る成果や技術の波及効果はあったのか。

【回答】

- (1) 「新技術を基盤とした革新的遺伝子解析システムの開発」
(東京工業大学 関根光雄教授)
- ・当該課題においては、核酸塩基部の塩基対形成能と塩基識別能を飛躍的に向上させた人工核酸を合成することに成功した。この解析技術については、現在、企業と共同で、DNA チップの実用化に向けた研究が行われている。
 - ・当該技術は、遺伝子治療に用いる人工核酸の改善にも応用できるため、海外企業との共同研究により、新規 siRNA 分子の開発研究が行われている。
 - ・開発した修飾塩基を導入した RNA オリゴマーの幾つかは、筋ジストロフィー病の遺伝子治療剤として、動物実験に用いられ、遺伝子治療として有望な研究結果が得られている。
- (2) 「メチル化ボディマップと蛋白質 DNA 相互作用情報の統合」
(平成 16～17 年度)
「ショットガン戦略による高分解能メチル化ボディマッピング」
(平成 18～20 年度)
(東京大学 伊藤隆司教授)
- ・ゲノムネットワークプロジェクトで開発されたバイサルファイトショットガンシーケンス法 (BSS) は、次世代シーケンサーを用いて DNA メチル化を単一塩基解像度でゲノムワイドに解析する技術であり、革新的細胞解析研究プログラム (セルイノベーション) において、さらに大きく発展している。
現行法が材料として数マイクログラムの DNA を必要とするうえ、集団構成比を歪める危険性の高いグローバル増幅操作を必要とするのに対して、BSS では、わずか 1 ナノグラムの DNA からグローバル増幅なしの解析が可能であり、1000 倍以上の高感度化と増幅回避による高精度化の双方に成功しているのは国際的に見てもこれだけである。そのため、医学生物学的に重要でありながら量的問題がネックであった稀少試料の解析に突破口を開く世界最先端の技術として大いに注目を集めている。既に、様々な分野の研究者からの解析の依頼があるのみならず、理化学研究所、企業等への技術移転による実用化の段階である。
- (3) 「精子幹細胞の遺伝子改変によるがん疾患モデルラットの作成」
(京都大学 篠原隆司教授)
- ・遺伝子トラップの課題については、予定とおりの成果を納めた。
組み換えプロジェクトは、技術的課題をほぼ解決でき、継続的に本課題の成果を発展させる基盤が確立された。
 - ・ラット精子幹細胞の薬剤選択技術は、現在、約 3 倍の薬剤耐性

クローンを取得可能とした。世界的にも相同組み替えによるノックアウトは完成していないため、今後の研究動向としては、ES細胞と精子幹細胞が研究の中心になると予想される。

(4)「転写因子に対する抗体の遺伝子免疫による迅速作成システムの開発」(東京理科大学 千葉 丈教授)

- ・抗Hes1モノクローナル抗体を縦軸の研究課題に提供し、世界で初めて、ラット脳の免疫組織で明瞭な染色画像が得られるなど、活用されている。
- ・これまで高品質の抗体が作られていなかった転写因子やDicerの抗体など、免疫沈降に使用できる高品質のモノクローナル抗体を6個作成した。理化学研究所では、RNAi関連遺伝子の組み換えタンパク質を過剰発現させ、そのタンパク質に結合する新規のタンパク質および核酸の同定を試みるなど、複数の研究が進展している。

2. 研究開発の成果等による科学的・社会的・国際的な効果>

(1) 資料・データ提供依頼

①特許の出願、登録状況(日本、海外それぞれの区分)。

【回答】

	日本	外国 (PCT 出願を含む) (うち米国)
特許出願	20	8 (2)
特許登録	0	0

※審査中3件

(参考資料)

- ・特許出願済リスト【参考資料3】

(2) 質問事項

②文科省の評価において「本プロジェクトにより、今後の生物学研究に必要な基盤が構築されたことは高く評価されるべきである」(評価報告書 p.6)とされていることに関し、本プロジェクトで整備されたリソース(cDNA、siRNA、抗体)及び基盤的データ(転写因子の相互作用等)の国際的な位置付けや戦略はどうなっているのか。また、これ

により得られた国際的に評価される新しい知見として具体的にどのようなものがあるか。

【回答】

(1) shRNA ライブラリ

本プロジェクトにおいて、我が国独自の技術を活かし、国内初のヒト全遺伝子に対する shRNA ライブラリが構築された意義は大きい。

shRNA ライブラリは、RNAi 効率が高いことから、少ない実験量で、効率的スクリーニングが可能である。ゲノムワイドな実験では効率性は、研究成果に結びつく重要なメリットであるため、世界的にも高品質な本ライブラリは、今後の生物学研究利用を促進するとともに医療等にも大きく貢献できると考えられる。併せて、学術的知見については、論文等での発表が期待される。

現在行われている革新的細胞解析研究プログラム（セルイノベーション）では、がん化シグナルネットワークに関わる重要な遺伝子のスクリーニング解析において、ゲノムネットワークで構築された shRNA ライブラリ等のリソース基盤が積極的に利用されている。

(2) cDNA リソース

完全長 cDNA 作製技術では、プロジェクト開始当初から日本が世界をリードしていたが、cDNA クローンの収集では米国の MAMMALIAN GENE COLLECTION プロジェクトに対し、開始がやや遅れた。しかし、わが国オリジナルの複数の技術（オリゴキャップ法、キャップとラッパー法）を活用し、経済産業省プロジェクトと連携の下、収集数を増やし、現在、我が国は、世界最大の cDNA クローン、ORF エントリークローンのコレクションを保有している。

なお、cDNA クローンは、プラットフォームを通じて理化学研究所バイオリソースセンターから配布・提供が行われ、広く研究に利用可能となっている。

(3) 基盤的データ（転写因子の相互作用）

本プロジェクトにおいて、3種類のタンパク相互作用解析法（M2H、Y2H、IVV）によって、より精度の高い、世界で初めての転写因子間相互作用マップが、プラットフォーム上に構築された。3種の手法のデータが統一されたインターフェースで研究コミュニティに提供されるのは他に例を見ず、この相互作用の解析には、本プロジェクトの cDNA クローンを最大限活用して得られたものである。

たとえば、わずか 15 個の転写因子で構成する相互作用サブネットワークが、生命の発生過程における細胞分化に重要な役割をしていること、新規の転写因子間の相互作用により、血液の単芽球が白

血球の一種（単球・マクロファージ）へ分化することを妨げる「負の制御」を引き起こすことなど多くの知見が得られた。

③特許出願 19 件はプロジェクトの規模から見て少ないように思われるが、文部科学省としてはどういう評価か。

【回答】

本プロジェクトの開始に当たり、総合科学技術会議による事前評価では、「研究成果を関係研究者等の活用に供し、あるいは情報公開することによって、その社会還元を図るべきであるが、一方で多額の国費を投じて行う研究であることから、知的財産の保護・活用についての戦略を定めたいうえで、適切に進めていく必要がある。」とされたところである。

このことから、文部科学省では、同プロジェクトの運営に当たり、「推進委員会」及び「実施会議」を設置し、特許の取得についても、知的財産の専門家として、弁護士・弁理士の参加を得て、各研究者が相談できる体制を整え、参加研究者に対し、説明を行うなど積極的に支援を行った。

そのうえで、個別の研究成果については、特許出願を行うかどうか、費用対効果の面で各機関が個別に判断した結果、上記の特許出願件数となったと思われる。

なお、プロジェクト終了後も、参加研究者及び機関において特許取得が検討されているところもあり、引き続き状況把握に努めたい。

また、ゲノムネットワークプロジェクトは、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目的とした基礎研究である。このことから、文部科学省としては、本プロジェクトで取得されたゲノム情報のみならず、全国の研究者が利用可能なリソース等については、広く公開することとした。本プロジェクトにより、産出されたデータは、そのような観点から特許等に配慮しつつ、情報プラットフォームに集約し、コンソーシアム内の研究者に公開し、利用を促進した。プロジェクト終了後も、特許や論文発表を予定しているものについては、情報プラットフォームを運営している国立遺伝学研究所において、機関等と確認の後、公開している。

文部科学省としては、知的財産の確保を優先しつつも、このような基礎研究の成果について、速やかなデータの公開を促進しており、引き続き、知的財産の取得と、成果公開のバランスに配慮した対応を行う必要があると認識している。

④文科省として特許等知財の活用戦略(対象地域、想定する活用の出口)はどのように考えているか。

【回答】

本プロジェクトの成果によって、取得された特許は、生命現象の根源的な段階を描写する転写ネットワークに関するもの、先進的な技術開発に関するものであるため、疾病発症メカニズムの解明や医薬品の開発等へ応用可能なものと考えている。

すでに、ネットワーク解析の新たな技術、がん等の治療、医薬につながる分子や抑制剤などの特許が出願されており、今後、取得機関がその実用化に向けて、企業等と連携を図っていくものと思われる。

特許出願の対象地域としては、我が国のみならず、広く諸外国での出願が望まれるところであるが、特許の維持や、実用化に至るまでの費用対効果等も考慮し、各機関が対応する必要があると思われる。

⑤本プロジェクトの人材育成への貢献はどうであったか。具体的には以下の点：

・文部科学省の評価において「従来の生物学と異なる知識を持った人が生物学に興味を持つきっかけになり、研究分野の裾野を広げた点でも評価すべきである」(文部科学省事後評価 p.6)とされていることの根拠となる事実は何か。

【回答】

平成19年度から、新たに「動的ネットワーク解析技術開発」が加わり、動的データを解析する数理科学的方法論を駆使する研究者と生物学の研究者が連携し、従来の静的ネットワークから動的ネットワーク解析へ発展する新しい研究体制が構築されたことを評価していただいたものと思われる。

・本プロジェクトに参加した若手研究者のその後の活動状況はどうか。

【回答】

本プロジェクトに採択された若手研究者の代表的な例としては、

- ・高柳広 東京医科歯科大学大学院医歯学総合研究科・教授
「破骨細胞分化に必須なシグナルネットワークを解明」

- ・白髭克彦 東京工業大学院生命理工学研究科・教授
「秩序だった遺伝子発現を保證するインシュレーターの発見」
- ・上田泰己 理化学研究所 発生・再生科学総合研究センター
システムバイオロジー研究チーム・チームリーダー
「概日時計の転写制御を担う因子の同定に成功」

このように本プロジェクトにおいて、採択された若手研究者については、優れた研究成果を創出し、我が国を代表する研究者として活躍している。

- ・バイオインフォマティクス分野の人材育成への貢献はどうかであったか。

【回答】

本プロジェクトは、平成19年度から動的ネットワーク解析技術開発プログラムを開始し、これまで得られた転写制御の静的な分子間相互関係マップの成果を土台として、ネットワークの動的な特質を解明するための技術開発を目指すこととした。

そのため、体系的データ取得を行う研究者と数理科学、制御理論、バイオインフォマティクスの研究者が密接に連携・協力した研究体制が構築され、個別課題においてもシステムバイオロジーの観点から研究が進展し、若手研究者等の人材育成が図られたものと考えられる。

- ⑥総合科学技術会議の事前評価において「将来国際コンソーシアム等による共同研究が実施される場合には、国際的リーダーシップが発揮できるよう、本研究開発による優れた成果の創出に努めるとともに、参加のための戦略を検討しておくことが適当である」とされていることに対し、文科省としてはどう考えているのか。

【回答】

ゲノムネットワークプロジェクトについては、ゲノム機能情報の解析(横軸研究)、個別生命機能の解析(横軸研究)、次世代ゲノム解析技術開発、これらのデータを集約したプラットフォームによって

優れた研究成果の創出に努めてきたところである。

このような成果を踏まえ、科学技術・学術審議会研究計画・評価分科会ライフサイエンス委員会のもとに先導的生命科学研究戦略作業部会が設置され、平成20年度には報告書が提出された。当該報告書に基づき、文部科学省としては、革新的細胞解析研究プログラム(セルイノベーション)を平成21年度から立ち上げ、ライフサイエンス研究の推進を図っている。

今後、様々な研究分野をテーマとした国際コンソーシアム等が各国や研究者間で検討されることと思うが、引き続き、文部科学省としても研究者コミュニティの提言等を踏まえつつ、新たな我が国の戦略等検討してまいりたい。

3. 研究開発の実施状況

(1) 資料・データ提供依頼

①予算削減に伴うプロジェクト全体及び5つの研究プログラム毎の年次別実行予算額の推移および目標についての概算要求時点と実施時の比較表。

【回答】

プロジェクト全体及び5つの研究プログラム毎の予算額の推移は以下のとおり。

また、目標についての概算要求時点と実施時の比較については、3.(2)③の回答と同旨。

(単位:百万円)

		平成16年度	平成17年度	平成18年度	平成19年度	平成20年度	合計
当初計画	ゲノム機能情報集中的解析	3,500	3,500	3,500	3,500	3,500	17,500
	ゲノム機能解析等の推進	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	5,000
	次世代ゲノム解析技術開発	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	5,000
	個別生命機能解析	1,500	1,500	1,500	1,500	1,500	7,500
	統合データベースの構築	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	5,000
	合計	8,000	8,000	8,000	8,000	8,000	40,000
実行予算	(理研運営費交付金分)	(1,000)	(1,000)	(1,000)	(1,000)	(1,000)	(5,000)
	ゲノム機能情報の解析	1,843	1,861	1,535	1,641	1,330	8,210
	ヒトゲノムネットワークプラットフォーム	410	441	413	455	350	2,069
	次世代ゲノム解析技術の開発	38	48	137	117	89	429
	個別生命機能の解析	269	249	553	624	481	2,176
	動的ネットワーク解析技術開発				168	168	336
	計	2,560	2,599	2,638	3,005	2,418	13,220
	プロジェクト事務局	79	75	77	55	39	325
	実施会議事務局		54	55	50	41	200
	事務局計	79	129	132	105	80	525
	合計	2,639	2,728	2,770	3,110	2,498	13,745

- ②推進会議、実施会議の審議、決定内容について
- ・開催実績と主要な審議・決定事項がわかる資料。
 - ・推進委員会が設定したとされるマイルストーンの具体的な内容がわかる資料。

【回答】

(1) 推進会議、実施会議の開催実績 別紙

推進会議は年2～4回程度開催。実施計画や公募の方針について審議。実施会議は年2回開催。

(2) 推進委員会が設定したマイルストーン

3. (2)⑤と同旨。

中期的には、プロジェクトの共通基盤構築を図る「ゲノム機能情報の解析」では、平成16年度～18年度に「コアネットワークの確立」を図り、平成19年度～20年度では「ネットワークの動的解析」を行うという方針が示された。

短期的には、毎年実施会議からの進捗状況の報告や、総合科学技術会議の留意事項に基づき、当該年度の実施計画を策定した。例えば、リソースの配布方法、動的ネットワークの数理解析担当者の充実、縦軸研究課題を延長する際の4年目以降の留意点などを決定した。

(2) 質問事項

<プロジェクトの運営について>

③予算削減に伴い取組内容を絞り込んだことは、当初提案時の政策目的の実現に対しどのような影響があったと認識しているか。具体的に、「リガンドとレセプタのシグナル伝達」、「レセプタから細胞内へのシグナル伝達（特に核内へのシグナル伝達）」、「細胞間のシグナル伝達」等の実施を断念したことは、当初提案時の政策目的の実現に対しどのような影響があった

【回答】

当初計画では、細胞内の転写制御のポジティブフィードバック、ネガティブフィードバックなどダイナミックな応答のネットワークを描き出すために「リガンドとレセプタのシグナル伝達」、「レセプタから細胞内へのシグナル伝達（特に核内へのシグナル伝達）」など転写系を階層的に捉え、医療・創薬に資する基本的理解と技術を確立するために細胞全体の動態を分子レベルで解析することを目標とした。

平成15年の総合科学技術会議の大規模事前評価、優先順位付けにおいて、転写開始点や転写調節因子等の解明を優先的・集中的に進める

べきであると評価されたこと、また、それにともない予算が大幅に縮小されたことを受け、種々の細胞での転写産物（RNA）の動態解析や転写制御因子間の相互作用関係の解析などに特化することとした。従って、取得するデータ、構築するネットワークは種々の細胞で取得したものを重ねた静的なものとなり、それらを上位で制御するシグナル系を介しての細胞内転写制御の階層性を理解すること、それに基づく細胞内のダイナミックな応答を描き出すところまでは至らなかった。

しかしながら、本プロジェクトの最後の2年間では、それまで得られた転写制御の静的な分子間相互関係マップの成果を土台として、ネットワークの動的な特質を解析する技術開発のパイロット的プロジェクトを試み、理化学研究所を中心にTHP1細胞の分化過程におけるRNAなどの量的変化を高度に磨いたCAGE法などを駆使して時系列的に、極めて詳細に解析することにより、転写因子のネットワークは、解析技術を完成することができた。

④総合科学技術会議のフォローアップにおいて、「プロジェクトの推進や知的財産権の保護と研究成果の発信の効率的なマネジメントのため、両組織（推進会議と実施会議）の運営の権限分担、任務、機能の明確化を図るとともに、より一層の連携を図る必要がある」と指摘されていることに関し、具体的にどのような対応をしたのか。

【回答】

本プロジェクトでは、ゲノムネットワーク推進委員会と実施会議を設置し、連携・調整を積極的に進めることとした。

推進委員会は、プロジェクト全体の基本方針・基本計画の策定、実施計画の承認、事業計画等への助言を行った。

実施会議は、①プロジェクト内で自己点検・評価の実施、②ゲノムネットワークプロジェクト参加機関間の研究成果の相互利用、③シンポジウム等の対外的な活動の企画、実施など具体的実施計画を策定し、各研究課題を実施した。

また、推進委員会の下に「データ公開・知的財産権に関するWG」を設置し、cDNA等の研究リソースの配付方針を決定し、実施会議の場において配付希望の受付や配付を行った。

⑤総合科学技術会議の事前評価において「研究の管理においては、この分野は技術の進展が著しいことから、研究内容に応じて期間ごとに具体的なマイルストーンを設定し、達成度を判定し、必要に応じて計

画等の機動的な変更を促すべきである」と指摘されていることに対し、どのような対応を行ったのか。

【回答】

実施会議において毎年度自己点検・評価を実施し、進捗状況を推進委員会へ報告を行った。それを受け、推進委員会において、目標に対する進捗状況を確認し、毎年度の実施計画（マイルストーン）を策定し、機動的な推進を行った。

(参考)

〔1～3年目〕

大目標 転写制御に関する分子相互作用の静的ネットワークの構築

○基盤の整備（1，2年目）

- ・ 技術基盤の確立
タンパク間の相互作用、タンパクとDNAの相互作用、発現プロファイリング等
- ・ リソースの整備
完全長cDNA、siRNA、細胞株等
- ・ 情報プラットフォームの構築

○基盤データの生産（横軸データの整備）（1～3年目）

- ・ 転写開始点の網羅的同定
- ・ 発現プロファイル
- ・ 転写制御因子を中心としたタンパク間相互作用
- ・ タンパク-DNA相互作用

○縦軸横軸データのマージ

各テーマごとに個別に進行

○全データの集積と解析（静的ネットワークの構築）

全データの統合化
統合後に大規模データ解析ジャンボリーを行うことを検討中

〔4～5年目〕

大目標 動的ネットワークの構造

※ 横軸データとは横軸研究（本プロジェクトの研究プログラム「ゲノム機能情報の解析」に係る研究）から産出されるデータ、縦軸データとは縦軸研究（本プロジェクトの研究プログラム「個別生命機能の解析」に係る研究）から産出されるデータを指します。

⑥文科省と推進委員会との関係に関し、推進委員会からはどのような頻度で報告が出され、これに対し文科省からはどのような指導・勧告がなされたのか。

【回答】

推進委員会は、年2回程度開催され、基本方針等の策定、実施会議の報告等について議論を行った。同委員会へは、文部科学省からも出席し、随時、プロジェクトへの指導・助言を行ってきたところである。

具体的には、

- ・ プロジェクト全体の基本方針・基本計画
- ・ 毎年度のプロジェクトの進捗状況および実施計画
- ・ WGの審議・決定結果

等について、推進委員会の審議を経て定期的に文部科学省に報告がなされたところである。

⑦ベンチャー企業の参加を促すためにどのような措置を講じ、また結果はどうであったか。

【回答】

ゲノムネットワークプロジェクトの募集は、民間企業（ベンチャー企業のみならず、法人格を有する民間の研究機関）からの申請を認め、さらに、大学等と産学連携による申請も可能としたところ、その結果、民間企業からは3件の採択となった。

また、平成17年～19年には、本プロジェクトで創出された解析データを、一層知的財産等の創出に活用するため、協力機関の募集を行い、最終的には54機関を採択した。うち、一機関は、京都大学の山中伸弥教授が「人工多能性（iPS）細胞における遺伝子ネットワーク解析」（平成19年度）の課題で、参加している。

⑧若手研究者の登用のためにどのような措置を講じ、また結果はどうであったか。

【回答】

本プロジェクトについては、あえて若手枠といったような形を設けてはいなかったが、学術的見地から専門家による厳正かつ公正な審査の結果、当時、20代及び30代の若手研究者がプロジェクトの責任者として参加した。

- ・高柳広 東京医科歯科大学大学院医歯学総合研究科・教授
「骨細胞分化に必須なシグナルネットワークを解明」
- ・白髭克彦 東京工業大学大学院生命理工学研究科・教授
「秩序だった遺伝子発現を保證するインシュレーターの発見」
- ・上田泰己 理化学研究所 発生・再生科学総合研究センター
システムバイオロジー研究チーム・チームリーダー
「概日時計の転写制御を担う因子の同定に成功」

このように本プロジェクトにおいて、採択された若手研究者については、優れた研究成果を創出し、我が国を代表する研究者として活躍している。

- ⑨他のプロジェクト、他府省、独法との連携のためにどのような措置を講じ、また結果はどうであったか。具体的には以下の点：
・タンパク 3000 プロジェクトとは具体的にどのような連携協力をを行い、その成果としてどのようなものが挙げられるのか。

【回答】

生命システム全体の分子構成の解明を目指すゲノムネットワークプロジェクトとシステムを構成するタンパク質の構造を解明するタンパク 3000 は互いに相補的な関係にあることから、両プロジェクトが協力、連携することによって生命現象への理解がより促進、深化することを期待し、平成18年度に両プロジェクトの合同シンポジウムを開催した。

特に、同シンポジウムでは、例として、がん遺伝子やその産物に関する、ゲノム情報とタンパク質の機能・構造解析研究の議論が行われ、がんの理解と新たな診断・治療の開発に向けた連携が図られた。

- ・科研費による研究、理研の交付金による研究、経産省(NEDO、AIST)の研究、厚労省による研究とはどのような連携協力をを行い、その成果としてどのようなものが挙げられるのか。

【回答】

本プロジェクトのゲノム機能情報の集中的解析については、理化学研究所ゲノム科学総合研究センター（現オミックス研究基盤領域）が中核機関として参加し、大規模解析技術、設備、人材等を用いて、プロジェクトの基盤データを産出した。

また、経産省（NEDO）との連携としては、「完全長 cDNA 構造解析プロジェクト」及び「タンパク質機能解析・活用プロジェクト」と文部科学省のゲノムネットワークプロジェクトでは、ともにヒトの完全長 cDNA の収集を目的としていたが、実施に当たっては、積極的に重複を排して収集が行われた。結果、日本全体として、両者のクローンを合わせると理論的にヒトのほぼ全ての遺伝子がカバーされることとなった。収集された完全長 cDNA は理化学研究所バイオリソースセンターから提供が行われ、広く研究者の利用が可能となっている。

<プロジェクトの組立てについて>

⑩文科省の評価において、「個々の縦軸研究の成果が本当にネットワークに貢献する成果であったかという点では、研究成果の質的な面、横軸研究との有機的な連携を図るといった体制の面で、それぞれ十分とは言い難い研究課題があった」（評価報告書 p. 7）と指摘されていることに関し、その要因はどこにあり、今後どのような改善が必要と考えているか。

【回答】

ゲノムネットワークプロジェクトへの貢献という観点からは十分な評価がされなかったとされた課題についても、他機関との共同研究や共通リソースの活用は行われていたところである。

本プロジェクトは、基礎研究であり、特にプロジェクトの後半に採択された課題は、論文として成果を公表するまでには相当な期間がかかっており、評価時点では明確な成果があげられておらず、プロジェクトとの関連・貢献が評価できないとされたものもあった。

しかし、プロジェクト終了後に、細胞内のゲノム（全遺伝情報）の上を動き回って遺伝子を破壊し、機能を変化させるウィルスの動き（転移）を抑える酵素を発見した論文が公表されるなど、優れた研究成果が出ている。

こうした課題については、実施会議において研究実施グループ間の研究成果の相互交換や連携を強化し研究の加速を図るなどの取り組みが必要であったと考えられる。

⑪次世代ゲノム解析技術の開発で実施した5課題については、どのような関係付け、あるいは相互の役割分担があったのか。

【回答】

次世代ゲノム解析技術の開発については、現在のゲノム解析技術を遥かに凌駕するような解析技術又はそれらの要素技術の開発を行い、開発された技術については、「ゲノム機能情報の解析」等、ゲノムネットワークプロジェクトの推進に資することを期待し、開始したもの。

【評価結果から抜粋】

・「メチル化ボディマップと蛋白質 DNA 相互作用情報の統合」

(東京大学 伊藤隆司教授)

本課題では、新規メチル化 DNA 結合タンパク質の同定を行い、理化学研究所開示のヒト転写因子プロモータに関する HM-PCR アッセイ系の確立に貢献した。日立製作所の Y2H ライブラリ等、ゲノムネットワークプロジェクトの情報リソースも活用し十分な成果をあげた。

・「新技術を基盤とした革新的遺伝子解析システムの開発」

(東京工業大学 関根光雄教授)

本課題では、短鎖 miRNA の検出法の開発、SMAP 法の改良研究などの様々な研究グループとの連携を持つ新たな研究に発展し、プロジェクトとの関連、貢献が認められる。

・「ショットガン戦略による高分解能メチル化ボディマッピング」

(東京大学 伊藤隆司教授)

バイサルファイトシーケンスの解析結果などの研究成果の発表・公開が必要とされることはもとより、ヒトサブゲノム領域の解析への応用による今後の発展と新たな展開が期待される。

・「精子幹細胞の遺伝子改変によるがん疾患モデルラットの作成」

(京都大学 篠原隆司教授)

本課題は、ヒト疾患モデルラット、あるいは薬剤の有効性、毒性の解析に広く利用されるラットの有用性をさらに大きく拡大するものであり、プロジェクトを超えた波及効果も期待される。

・「転写因子に対する抗体の遺伝子免疫による迅速作製システムの開発」

(東京理科大学 千葉丈教授)

本課題の転写因子に対する有効な抗体は、遺伝子発現の機構やゲノム上の転写ユニットの解析研究に重要なツールである。

⑫文科省の評価において、平成 19 年度に着手した動的ネットワークについての本プロジェクトで実施したことの意義付けに対する評価は必ずしも明確ではないが、この点(成果)についてはどう考えているか。また、同研究の成果を今後具体的にどのように活用していこうとしているのか。

【回答】

大量、多様なデータを取り扱うバイオインフォマティクスの強化と数学、制御工学を駆使した新しい方法論との連携、推進を目指し、新たな課題として「動的ネットワーク」(平成 19 年～20 年)を実施した。

○動的ネットワーク 3 課題の主な研究成果

- ・北野 宏明 特定非営利活動法人システム・バイオロジー研究機構
「乳がん細胞の薬剤抵抗性に関するネットワークの動態解析」
→タモキシフェン非感受性 MCF 7 細胞株の樹立に成功
- ・松田 秀雄 大阪大学大学院情報科学研究科
「脂肪細胞・骨芽細胞分化ネットワークの再構成と特性解析」
→転写制御ネットワーク推定の対象となる候補遺伝子を選定して、脂肪・骨芽細胞分化の各過程のネットワークを推定し、分化に関与する新規転写因子候補が得られた。
- ・宮野 悟 東京大学医科学研究所
「動的ネットワーク抽出のためのインシリコパイプラインの構築」
→ ヒトマクロファージデータベース及びライブラリを開発。Cell Illustrator 環境で利用可能な JAVA コード化を完了し CSML Pipeline に統合。インシリコパイプライン構築を達成した。

これらの研究成果を活用し、生命科学分野にシステムバイオロジーを積極的に導入することにより、生命システムの統合的理解へ向けた研究が一層発展することを期待している。

⑬文科省の評価において、「生物学研究において、このような大規模な基盤作りは今後も必要とされるものと考えられるが、本プロジェクトにおける縦軸研究と横軸研究のような研究の組み合わせは、本プロジェクトにおいて、研究データや研究リソースの外部の研究機関や企業等への流通が必ずしも迅速、十分なものではなかったという意見も踏まえ、緩やかな新しい連携の方法も模索すべきである」（評価報告書 p. 8）と指摘されていることに関し、後継プロジェクトとして実施されている「革新的細胞解析研究プログラム（セルイノベーション）」等においてどのような対応が図られているか。

【回答】

ゲノムネットワークのデータ公開及び知的財産権の取り扱いについては、総合科学技術会議の事前評価を踏まえ、弁護士・弁理士等専門家の意見をもとに「コンソーシアム規約」を作成し、成果の共有・公開が図られてきたところである。

この規約に基づき、参加機関による知的財産権の確保や論文発表がなされ次第速やかにプラットフォームから一般公開することとした。

cDNA リソースについては、本年3月15日より、理研バイオリソースセンターを通じて、ゲノムネットワークプロジェクトで整備したヒトの完全長 cDNA クローン 8 万個の提供を開始した。また、shRNA リソースについては、4月1日より、民間企業を通じ約2万種のヒト shRNA 発現ライブラリの提供が行われる予定である。

革新的細胞解析研究プログラム（セルイノベーション）では、ゲノムネットワークプロジェクトから得られた研究成果をはじめ、リソース、機器・設備、人材を積極的に活用し、大規模かつ多面的なゲノム関連情報の解析を行い、所期の目的を達成するとともに、シーケンス拠点等の外部開放を積極的に進めたいと考えている。

以上