

「ゲノムネットワークプロジェクト」第1回評価検討会後の
文部科学省への追加質問・資料要求と回答

＜追加質問事項＞

1. 研究開発の成果と目標の達成状況、その活用状況

1-(1) 国際的視点からの本プロジェクトの優位性、オリジナリティに関して、事前目標と事後成果について、米国エンコード計画や諸外国のゲノムネットワーク事業との具体的な比較表を示されたい。

【回答】

	GNP (2004~2008)	ENCODE 計画 (2003~2007)	新 ENCODE Production phase (2007~2010)
ヒトゲノムの 解析対象	遺伝子、発現調節領域等ゲノムネットワークに直接関係する機能に限定	全機能 左の機能に加え、動原体、テロメア、複製開始点、メチル化サイト等	全機能
解析の規模	特定機能についてゲノム全体について解析	44領域について解析 (ゲノム全体の1%)	全領域について解析
進め方	ネットワーク研究をプロジェクトの一部として推進し、相互の連携関係を構築しながら推進	ネットワーク研究とは独立したプロジェクトとして推進	スケールアップ 7 課題 パイロットスケール 2 課題 データセンター 1 課題 技術開発 7 課題
対象領域	ヒトゲノム領域(3000Mb)	ヒトゲノム 1%(30Mb)	ヒトゲノム全領域 (3000Mb)
転写単位	~180,000(TSS)	~7150(TSS)	
発現プロフィール	68 組織、31 細胞株 (CAGE 解析:4300 万タグ)	11 細胞株 (チップ解析:数量不明)	
転写のネットワーク	描いた	描いていない	描いていない

1-(2) プログラムおよび課題毎の目標と、これに対する達成状況の一覧表を示されたい(SABCのような定量評価があればそれを含めて)。

【回答】

参考資料 1 参照

1-(3) 縦軸研究として実施した 19 課題のうち、第 1 回検討会資料 4-1 p17 記載以外の課題についても、横軸研究の成果の活用内容と横軸研究へのフィードバック内容があるものがあれば同様に示されたい。

【回答】

参考資料 2 参照

1-(4) 文科省評価で「公開が待たれる」等とされているものの、現在の状況についての一覧表を示されたい。(前回の質問事項 1-(2)-④の関連)

【回答】

参考資料 3 参照

1-(5) 本プロジェクトで整備されたリソース、データベースに関して、細胞毎に作成されたネットワークは、今後どのように使われていくと思われるか。研究者自身が今後どのように活用するのかと、他の研究者が使用しうる可能性としてどのように活用されるのか、具体的な内容を知りたい。

【回答】

汎用性の高い cDNA、siRNA クローンなどのリソースは、我が国のライフサイエンス研究に大いに活用が可能である。データベースとしては、タンパクタンパク相互作用のデータベースは、2010 年 3 月 5 日に Cell に発表されたばかりであるが、その利用は拡大すると予想される。プロモーター (転写開始点 TSS: Transcriptional Starting Site) は、新規かつ独自性のあるデータで、GNP の TSS データベースを用いて、世界中で研究に利用されている。たとえば、Dyslexia の研究などでは、GNP データベースの言語障害の原因の転写因子遺伝子の TSS が、転写活性解析を行う元の情報として活用された。また、遺伝子発現制御ネットワークは、細胞の機能を調べ、細胞のフェノタイプを規定している重要な転写因子を同定することで、再生医療を推進するために重要な情報となる。

1-(6) プロジェクト終了後の実施課題に係る研究成果の把握、研究成果の活用・管理（特許の出願、データ公開等）など、本プロジェクトのフォローは誰がどのように行っているのか。

【回答】

プロジェクト終了後についても、引き続き、革新的細胞解析研究プログラムを立ち上げ、積極的にゲノムネットワークプロジェクトの研究成果の活用等について、フォローに努めているところである。実際の研究成果の活用・管理の面では、特許等については、出願を行った大学・研究機関が行い、解析データの公開等については、プラットフォームを担当している国立遺伝学研究所により、特許の出願、論文発表等の知的財産に配慮し、公開が行われているところである。

1-(7) 次世代シーケンサーの出現で、ゲノムや転写解析の量子的飛躍が起こったが、ゲノムネットワークの研究では、この技術突破にどう対応したのか。対応不十分とするならばその理由は何か。

【回答】

大量のデータを取得することは、網羅性と、定量性を含めた精度を高めるうえで重要である。理化学研究所では、いち早く次世代シーケンサーを導入した。次世代シーケンサーは、単にシーケンスをする機械ではなく、生体分子に関するデジタル情報を、超高速に引き出すシステムへと進化している。ゲノム配列を解読するのみならず、RNA を見るトランスクリプトーム、転写活性を全ゲノムレベルで解析する CAGE (Cap Analysis of Gene Expression)、転写因子や DNA 結合タンパク質がゲノム DNA のどの部分に結合しているかを調べる ChIP-Seq、核内におけるゲノム DNA の 3 次元的な位置情報を調べる 3C-5C など、様々な種類の生体分子デジタル情報を引き出すシステムとなっている。さらに、これらの様々な種類の大量データを解析して、次の知識形態に変換する情報処理技術（バイオインフォマティクス技術）を開発した。たとえば、プロモトームをゲノムワイドに解析する CAGE 技術、CAGE データから、転写因子のネットワーク情報に変換する Motif Activity 解析は、GNP で開発された理化学研究所独自の技術である。

1-(8) ①DB アクセス数が減少しており、②また、コンソーシアム内からのアクセスと、外からのアクセスが同じレベルだが、各々の要因についてどのように分析しているか。

【回答】

コンソーシアム内の利用は、プロジェクト前半、FTPによるファイル転送が中心となっている。一方、一般公開後の利用は、FTPもあるが、多くはwebインターフェースを用いた検索や解析ツールの利用が中心となっている。

この要因としては、プロジェクト参加メンバーは、プロジェクト内で頻りにデータファイルの開示、共有、受け渡し等を行ったことから、ファイルのダウンロード(FTP)アクセスが増加したと考えられる。また、プラットフォーム登録後、自身のサンプルに対する大規模スクリーニングの生データを主に利用したのに対して、一般公開後の利用は、大規模スクリーニングの解析結果を用いた個別の遺伝子に対する詳細情報が利用される傾向にあることが要因ではないかと考えられる。

1-(9) 本プロジェクトは国際協力で行われたヒトゲノム計画（ゲノムの構造解析）が終了し、ゲノム研究は機能解明を中心とした本格的国際競争の時代に突入したとの前提で行われたが、果たしてその見方が正しかったのかに対する現状分析と自己評価はどうなっているのか。（国際的にはゲノムの構造解析は少なくとも3つの方向で飛躍的な進歩が続いている。第1は当初のヒトゲノムがよせ集めの配列であったことから個人のゲノムを解読する方向、第2はヒトを腸内細菌などを含めたエコシステムとしてとらえる方向で、国際ヒトメタゲノム計画が日本は不参加のまま行われている。そして第3はゲノムの多様性を調べるために近縁種を多数調べる方向で、病原微生物ゲノムや脊椎動物ゲノムなどで実践されている。このように国際的な横軸研究（基盤整備）が当初のヒトゲノムには含まれない新しい情報を探索する方向であるのに対し、本プロジェクトの横軸研究は当初のヒトゲノム情報の精密化に過ぎない。我が国の得意分野としてヒトとマウスのcDNAに特化したプロジェクトを推進すること自体は妥当であろうが、ENCODEとの比較だけでなく、構造解析を中心とした国際的な横軸研究と比較して、本プロジェクトの意義・効果を示すべきである。）

【回答】

2003年時点での展望として、ヒトゲノムと言う基本設計図を手にしたことにより、その設計図をもとに遺伝情報全体がどのように動いているのか、ゲノムワイドで理解することは、妥当であったと考えている。また、この方向性については、ゲノムネットワークプロジェクトの事前評価を行った、科学技術・学術審議会のライフサイエンス委員会や総合科学技術会議においても了承いただいたと考えている。

ヒトゲノムの多様性（個人ゲノム解析）について2003年時点では、SNP解析を中心とした大型プロジェクトが、主体として進められ、HapMapプロジェクトで大きな貢献をした。個人ゲノム配列決定は2005年の454、2006年のSolexaなどの高性能シーケンサーの開発以降の状況であり、2003年時点では国際的にも実行上困難であったと認識している。

「当初のヒトゲノムがよせ集めの配列であったことから」の記述については、国際チームのデータの90%強は同一のボランティアの検体DNAから作られたBACライブラリによるもの、残りの大半ももうひとりのボランティアのDNAによるもので「寄せ集め」との表現は、必ずしも適切とは思えない。

腸内細菌などメタゲノム解析については、2003年時点ではまだ萌芽期であり、我が国が国際有利性を持つとは判断されなかった。2007年に文科省として、メタゲノムを含む「次世代ゲノム領域融合プログラム」の提案を行ったが総合科学技術会議における優先順位付けで「C」の評価を受け、国家プロジェクトに採用されなかった。しかし、当該研究の重要性にかんがみ、理化学研究所では科研費特定領域研究などとも連携して独自に研究を進め、国内のコンソーシアムも形成し、2008年にはDNA Researchに大規模解析を発表している。また、Metageneと名付けた解析ソフトは国際的に利用されているところである。

このようにメタゲノム解析については、国家プロジェクトとして予算措置等を行っていないが、国内コンソーシアムの代表の服部正平教授は当初から国際ヒトメタゲノムコンソーシアムの推進委員会のメンバーであり、データの共有などを進めており「国際ヒトメタゲノム計画が日本は不参加のまま行われている」との表現は必ずしも妥当でないと考える。今後、このような研究計画についても総合科学技術会議としての支援をいただきたいと考えている。

1-(10) 後継プロジェクトであるセルイノベーションとの連携の実態について、データベースのデータ・ソフトの継承、共通する研究者・研究機関、研究資産の継承などに関し具体的に示していただきたい。(前回の質問事項 1-(1)-⑥の関連)

【回答】

「ゲノム機能情報の集中的解析」（理化学研究所）では、次世代シーケンサーを整備し、シーケンスの解析を行うパイプラインを構築し、遺伝子発現制御ネットワークを描くことができた。その際に設備されたシーケンサーや得られたノウハウ、解析に取り組んだ研究者は、すべて革新的細胞解析研究プログラム（セルイノベーション）に継承されている。具体的には、次世代シーケンサーやシーケンス解析技術としてCAGEやshort RNAの解析パイプラインをセルイノベーションの先導研究の解析に提供している。

「ヒトゲノムネットワーク情報システムの構築」（国立遺伝学研究所）では、本プロジェクトで構築された、実験データ、公共データの自動統合解析パイプラインを構築することができた。セルイノベーションでは、データ解析拠点におけるシーケンス拠点からのデータ処理のため、マッピング等の技術開発の成果とともに、パイプラインの基礎として利用されており、先導研究のために大量データの解析とデータ注釈を進めている。また、ゲノムネットワークで作成された利用システム（ゲノムブラウザ、PPIビューワー、発現情報ビューワー、ゲノム比較ビューワー）およびプラットフォーム（統合データベース）は、セルイノベーションにおいて、各先導研究のデータ解析に用いられるとともに、セルイノベーションの成果を統合する基盤技術として展開し、活用が図られている。

1-(11) 当初目標として、「ヒトゲノムの発現調節領域の解析、遺伝子発現に係る生体分子間の相互作用の解明等といった、ゲノム機能に関するネットワークの基礎データについて網羅的解析を図る」としていたことについては達成できたと判断しているのか。その場合、何をもちいて網羅的な解析ができたかと判断しているのか。

【回答】

個別遺伝子を対象とするのではなく、大規模データ収集に基づく解析を行ったことから網羅的解析を達成できたと判断している。

モチーフアクティビティ解析を用いた動的な転写制御ネットワークを構築するシステムは、

- 1) 全ゲノムレベルで、全遺伝子(全転写物を)対象としてネットワーク解析を行なうシステムであること(全ての遺伝子発現の制御を予測。)
- 2) 転写因子結合部位が明らかな全ての転写因子を対象とした解析であることから、網羅的解析を図ることは達成した。

ゲノムネットワークプロジェクトでは、ヒトとマウスの 168 の組織や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。

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ー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、全てのプロモーター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。

1-(12) 次世代ゲノム解析技術の開発に係る各課題について、①ゲノム機能上の解析(横軸研究)と個別生命機能の解明(縦軸研究)のそれぞれに対し、具体的にどのように貢献したのか(活用されたのか)、また、②昨年文部科学省が行った評価以降の研究の進展について、一覧表に整理して示されたい(前回の質問事項 1-(2)-④及び 3-(2)-⑪関連)

【回答】

参考資料 4 参照

2. 研究開発の成果等による科学技術的・社会経済的・国際的な効果

2-(1) 特許出願が少なく、プロジェクトの成果としての知財が確保されているのか疑問があるが、文部科学省、推進会議としては各機関(研究者)の特許出願状況の把握やこれに基づく推進策の検討・指導は行ったのか。

【回答】

文部科学省としては、総合科学技術会議の事前評価等を踏まえ、知的財産の取得について真摯に検討し、対応したところである。

具体的な対応としては、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ところである。

2-(2) 出願された特許、とくに方法特許について、侵害の検証が可能な形で出願されているのか。

【回答】

本プロジェクトにおいては、知的財産権の確保を図る一方、ゲノムネットワークに関する様々な成果をプロジェクト内外の研究者に広く公開していくこととしている。データベースに取り込むデータに関しては、コンソーシアム内の公開に際しては守秘義務を課した上で行っており、また、一般公開については、プロジェクト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公開することとし、知的財産の確保と研究成果の情報公開を両立しつつ、成果の社会還元を図ることとしている。

本プロジェクトにおける研究成果の特許化に当たり、実施会議では、関係する技術移転機関（TLO）や知的財産本部等との連携を密にして、研究成果の特許化およびその取り扱いの支援をしてきたところである。個別の特許の取り扱いの最終的な判断は、「コンソーシアム規約」に則り大学等や理化学研究所で行われたところであるが、各特許とも機関の知財関係部署を通して出願されたものであり相応の権利確保が図られているものと考えられる。

2-(3) 縦軸研究、横軸研究の協調によって創出された特許はあるか。

【回答】

本プロジェクトは、ゲノム機能情報の解析（横軸研究）の網羅的な解析データを個別生命機能解析（縦軸研究）が積極的に連携・活用し、研究成果を創出する体制としている。

このため、縦軸研究課題から出願された特許については、すべて横軸研究との協調により創出された特許と思われる。

参考資料5参照

2-(4) 本プロジェクトの実施の結果、施策上の残された課題は何か、またこれへの対応策はどうなっているのか、他府省の取組みとの関係も含めた整理表を示して欲しい。

【回答】

平成16年度から20年度まで、ゲノムネットワークプロジェクトの実施の結果、ヒトの遺伝子やタンパク質のネットワークを解明し、得られた成果はデータベースとして整備して、発生、免疫など生命現象の解明に資する研究が行われた。特に、本プロジェクトでは、ヒトの転写制御ネットワークの解明、研究に必要なリソース、解析技術の整備、発現プロファイル、転写開始点等の基本データの取得に成功し、優れた研究成果の創出が図られた。

文部科学省では、生命科学研究の次の施策上の課題を検討するため、科学技術・学術審議会ライフサイエンス委員会の作業部会で議論を行い、細胞を中心とした生命プログラムの解明を目指すべきとの報告がまとめられた。

この報告を踏まえ、ゲノムネットワークプロジェクトなどの成果や基盤を活用し、高速シーケンサーや細胞イメージング等の手法を駆使して、細胞・生命プログラムの解読を目指す「革新的細胞解析研究プログラム（セルイノベーション）」が平成21年度から開始されたものである。

文部科学省としては、このような基礎的研究を中心としたプロジェクトを実施しているところである。他府省では、基礎研究の成果を活用しつつ、応用開発に向けた研究が行われており、農林水産省や経済産業省では、それぞれ、品種改良に向けた遺伝子解析や創薬を目指した標的遺伝子の探索等の応用研究に特化した事業が展開されていると承知している。

2-(5) 参加した若手研究者のキャリアパスについて、何人のポスドクが参画し現在どのようなポストに就いているのか、プロジェクト遂行中に若手研究員の出入りはどの程度であったのかについて、具体的な数値を示されたい。また、ポスドクの支援はどのように行っていたのか。担当した支援組織の有無などを含めて示されたい。（前回質問の3-(2)-⑧の関連）

【回答】

本プロジェクト全体としては、5年間で、のべ166人のポスドクが参画した。

具体例として、「ゲノム情報の集中的解析」（理化学研究所）においては、5年間で40人のポスドクがプロジェクトに参画し、終了後は海外を含み、大学等の教員等として6名、独立行政法人研究機関に6名、さらに民間企業へは4名が転出している。その他（結婚、不明等）5名である。なお、理化学研究所では、ポスドク等研究者のキャリアアップのための組織（キャリアサポート室）を設置するなど人材養成にも取り組んでいる。

「ヒトゲノムプラットフォームの構築」（国立遺伝学研究所）においては、5年間で、20人のポスドクがプロジェクトに参画し、終了後は海外を含み、大学等の教員等として6名、プラットフォームでの経験を活かし、他のDBのアノテーターが4名、ポスドク2名、民間等へは2名、セルイノベーションへは6名が参加している。なお、プロジェクト全体としても講習会を開催するなど若手研究者の育成に努めたところである。

2-(6) 学術面への貢献(学会や研究コミュニティへの貢献等を含めて)および社会面の貢献について具体例があれば明示していただきたい。

【回答】

本プロジェクトの学術面への貢献としては、理化学研究所の開発した技術として、現在では一般的な解析手法である CAGE 解析技術の確立や「RNA 新大陸の発見」により生命科学に新たな展望を開拓した。理化学研究所と東京大学における cDNA クローンの整備に関しては、世界最大規模を誇る cDNA クローン群を整備し、広く、我が国の研究者コミュニティが利用できるよう整備が図られた。東京大学の siRNA ライブラリについても、ヒト全遺伝子に相当する約 2 万種類の遺伝子に対する、抑制効率の高い siRNA ライブラリを完成させ、現在では、研究者の要望に応じて企業から入手できる体制を整えた。東京工業大学等により、高精度 ChIP-chip 技術が確立されるとともに、インシュレータータンパク質を発見するなど、学術面において先進的な研究成果をあげ、生命科学研究分野に大きな貢献をしている。

また、社会への貢献としても、破骨細胞分化制御機構の解明により、関節リュウマチの治療薬につながる研究成果や脂肪細胞のネットワーク解析から肥満の新しい創薬ターゲットとして、脂肪酸の β 酸化を制御する新しいプロテアーゼ Tysnd1 の発見、乳がんの予後に関する新しいマーカーの発見など臨床医学に結び付く可能性の高い成果が大きく進展した。

3. 研究開発の実施状況

3-(1) 予算削減の結果として公募研究を絞り込んだことは、広い参画を確保するという意味でダメージだったのではないか。縦軸研究は他の資金でも支援されている。科研費特定領域等、他の事業との連携をとって All Japan 体制にすることはできなかったのか。

【回答】

当初計画では、細胞内の転写制御等を広く階層的に捉え、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が、限られた予算の範囲において転写産物(RNA)の動態解析や転写制御因子間の相互作用に関係の解析に特化することにより、最大限の成果を創出するべくプロジェクトの推進を図ってきたところである。

また、縦軸研究は、横軸研究から創出されたリソース、解析データをコンソーシアム内で優先的に活用し、研究を促進することで知的財産等に配慮し、研究が行われたところである。例として、縦軸研究の高柳グループでは、横軸研究機関との連携・協力により、PPI解析情報、破骨細胞における遺伝子発現情報、抗体、cDNAの分与により研究の効率化が図られ、飛躍的な成果が創出された。また、縦軸研究機関間の共同研究も同時に行われ、ゲノムネットワークを中心とした、我が国を代表とする研究者との連携・協力が行われた。

他のプロジェクトとの連携・協力については、国内外のゲノムに関するネットワーク解析に対して相当の実績を持つ研究グループ、高い技術力を有する研究グループを結集するため、「協力機関」を公募し、研究資金や機関を問わず、厳正な審査により54機関を採択し、日本全体としての体制強化を図ったところである。なお、協力機関のうち、一機関は、京都大学の山中伸弥教授が「人工多能性幹(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。

3-(2) 本プロジェクトを実施するに当たり、研究チーム間の協力を円滑に行うため、例えば、横軸研究チームと縦軸研究チーム、指定機関のチームと公募研究チームなどのチームワークやリーダーシップの発揮のために、具体的にどのような工夫が行われたか。

【回答】

本プロジェクトは、「ゲノム機能情報の解析(横軸研究)」、「個別生命機能の解析(縦軸研究)」の連携を図るため、文部科学省のみならず、推進委員会及び実施会議において検討し、推進してきたところである。

特に、実施会議では、横軸研究、縦軸研究の全課題代表者からなる全体会議を年間に2回、成果発表会を年1回の割合で開催し、各課題の紹介、具体的な実施方法等について報告を行い、理解を深めた。プロジェクト当初には、個別のテーマごとに、横軸機関と縦軸研究ごとに協力を話し合うミーティングを開催し、連携を深めた。

また、実施者会議では、目標・実施計画に対する進捗状況並びに、本プロジェクトへの貢献に対する評価基準として、「縦軸研究(または横軸研究)との積極的な連携を図り、研究を遂行したか。」を設定し、自己点検評価を

実施し、さらなる連携の強化を図った。実施会議事務局では定期的に縦軸研究者の横軸機関への解析依頼の調査を行い、縦・横の連携状況を把握し、本プロジェクトの円滑な運営を行った。

3-(3) 文部科学省あるいは推進会議において、ENCODE計画の推進状況の把握や連携方策等について検討されたことはあるのか。あるとすれば、その具体的な内容やそれによる方針決定等の結果について示されたい。

【回答】

文部科学省においては、実施会議事務局のある理化学研究所横浜研究所ゲノム科学総合研究センターに対し、「ゲノムネットワークプロジェクトにおける国際協力調査及び知的財産権・データ公開等に関する動向調査業務並びに研究推進業務」を委託。ENCODE計画などの知的財産・データ公開に関する事項など調査・報告が行われた。

米国 ENCODE プロジェクトについては、本プロジェクトに1年先立ち開始されており、ゲノムの構造と機能アノテーションに特化していた。遺伝子の機能とネットワークに焦点を絞る本プロジェクトとは、ゲノムや遺伝子という共通の基盤に立脚しながらも、別の方向性を指向した点で補完的な関係にあった。このENCODEプロジェクトとの戦略的な連携も知財WGなどで議論されたものの、本プロジェクトが知財の確保と学術成果の達成のバランスを求めた点は、基本的にデータを速やかに公開する ENCODEとは異なる戦略を採用し、連携は具体化しなかった。しかし、本プロジェクトのメンバーである理化学研究所は、本プロジェクトを離れた立場で ENCODE に参加し、関係を維持した。ゲノムネットワークの解析技術を進化させた理化学研究所は、現在もわが国から唯一の参加機関として ENCODE に参加しており確固たる国際的な発言権を確立している。

3-(4) 推進会議あるいは実施会議において、タンパク3000、HiCEP等の関連プロジェクト、科研費、他府省、独法等による関係研究の推進状況の把握や連携方策等について検討されたことはあるのか。あるとすれば、その具体的な内容やそれによる方針決定等について示されたい。

【回答】

他のプロジェクトとの連携・協力については、総合科学技術会議との指摘等に対応し、文部科学省としては、推進委員会や実施会議の場において「外部資金参加者の整理と募集」について検討し、「協力機関」の公募としてとして取り組んだところである。

このように、他のプロジェクトとの連携・協力については、国内外のゲノムに関するネットワーク解析に対して相当の実績を持つ研究グループ、高い技術力を有する研究グループを結集するため、「協力機関」を公募し、研究資金や機関を問わず、厳正な審査により54機関を採択し、日本全体としての体制強化を図ったところである。なお、協力機関のうち、一機関は、京都大学の山中伸弥教授が「人工多能性幹(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。

また、文部科学省の他のプログラムとして、タンパク3000とゲノムネットワークとの合同フォーラムの開催や他のライフサイエンス研究プロジェクトとの合同シンポジウムを開催し、我が国全体としてのプロジェクト間の連携の重要性を研究コミュニティ、マスコミ、産業界等にアピールするとともに、協力の視点、方策、研究テーマ等の共有を図ったところである。

3-(5) 本事業と科研費「特定領域研究ゲノム」4領域の関係について、文部科学省としてはどのように整理しているのか、各々の目的、目標、研究内容、研究期間、予算額、参画研究機関数、参画研究者数(課題責任者数)の比較表をもって示されたい。

【回答】

別紙資料6参照

＜文部科学省への資料請求＞

(1) 林崎氏の次世代シーケンサーの発展と生命科学に与える影響の最近の講演資料

【回答】

参考資料7参照

(2) プロジェクトの知財戦略に関する資料(データ公開・知的財産権に関するWGが作成したもの)

【回答】

参考資料 8 参照

(3) 知財取得状況の最新リスト(中村委員の検討会での指摘も踏まえて)

【回答】

参考資料 9 参照

(4) 文部科学省が推進委員会に委嘱した内容のわかる文書

【回答】

参考資料 10 参照

(5) マイルストーンの設定及び計画の見直しに関し、推進会議が作成した毎年度の実施計画

【回答】

参考資料 11 参照