

報 告 書

平成20年7月30日

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

先導的生命科学研究戦略作業部会

目 次

○ はじめに	
I 我が国の生命科学研究の基本方針	2
1. 基本方針	2
2. 生命科学研究に関連する国家プロジェクト	2
II 我が国の研究状況及び海外の状況	3
1. 我が国の研究状況	3
2. 海外の状況	3
III これまでのゲノム関連研究の取組	5
1. ゲノム・遺伝子発現	5
(1) ゲノムネットワークプロジェクト	6
(2) エピジェネティクス	6
2. RNA研究	7
3. 糖鎖研究	8
4. 植物科学	8
5. 合成生物学・構成生物学	9
IV 将来への展望	10
1. 細胞レベルの体系的機能研究	10
2. 生命科学研究における情報科学	11
V 今後の研究戦略等	12
1. 当面の課題	12
2. 生命科学研究の推進戦略	13
3. プラットフォームの構成	14
(1) 次世代シーケンサー等による大規模データ解析拠点	14
(2) 超大量中核データベース（情報解析を含む）	15
(3) 共同研究者グループ	15
(4) プログラム全体を指導する推進委員会	15
先導的生命科学研究戦略作業部会委員等名簿	16
先導的生命科学研究戦略作業部会における審議の過程	18

○ はじめに

生命科学は、人類共通の問いである生命機能の根源を理解することを目指すものであるが、その成果を通じて、老い、疾病の解明、治療法の開発などに対して、その時代における研究者の英知と最先端の技術によって多くの困難な課題を克服してきた。

21世紀初頭におけるヒトゲノム解読計画プロジェクト（国際ヒトゲノム計画）の完了により、生命の基本設計図を人類は手にすることができた。これを活用して、基礎研究はもとより疾患の原因解明や治療法の開発に重要な役割を果たすものとして研究開発が進められているが、その設計図からいかにして生命ができるのかを読み解くことには至っていない。むしろ、従来の概念を大きく揺るがすRNAiやmiRNAなどRNAの新たな働きやゲノムDNAの修飾による機能制御機構が次々に明らかになり、生命機能の複雑さが一層明らかになってきた。したがって、生命の設計図解読に当たっては生命をシステムとしてとらえ、統合的な研究がますます必要である。

我が国では、第2期科学技術基本計画期間中に、各種遺伝子の機能解析、タンパク質解析、ゲノムネットワーク解析などのポストゲノム研究を積極的に推進した結果、ゲノム個々の分子機能の解明、分子間の相互機能、機能集合体の物質的理解が進んできた。

さらに、第3期科学技術基本計画下においては、個々の機能分子や機能集合体の物質的理解にとどまらず、ゲノムから細胞や生体機能を含めた、生命の統合的全体像の理解を深める研究の積極的な強化がうたわれ、研究の進展が期待されている。

平成18年6月の科学技術・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作業部会報告では、ゲノムネットワークプロジェクトをはじめ、メタゲノム解析を含む比較ゲノム、RNA新機能の解明、システムバイオロジー、ケミカルバイオロジー等の研究を推進すべきと提言している。

同報告書でも予想されていたことであるが、同報告以降のライフサイエンス分野の技術的進展はすさまじい。特に、従来型と比べて桁外れの処理速度をもつ超高性能次世代型シーケンサーが現実化し、ゲノム、RNAなど細胞内情報の網羅的計測に極めて有効であることが判明したことや、第2、第3世代のさらに高出力のシーケンサーが予定されていることから、今後の生命科学は大きく変貌することが明らかである。特にゲノムの情報量が飛躍的に増大し、インフォマティクスが今後の生命科学研究の鍵を握るといっても過言ではない。

米国をはじめ、各国では、ゲノム研究の成果がヒトの健康・福祉の向上、食料生産技術、バイオエネルギー開発などの広範な発展につながることから、このような次世代型のゲノム研究へ積極的かつ継続的な支援が行われている。

このような現状において、本作業部会では、同報告以降の急速な技術的進展を受け、生命科学研究の動向、我が国の研究状況、今後の研究戦略について再度検討を行ったものである。ポストゲノム研究の国際動向等、植物科学、エピジェネティクス、RNA、糖鎖、情報科学、合成・構成生物学、細胞研究について、基礎的な生命科学研究の動向や我が国の研究水準を分析し、生命の統合的全体像理解に向けた今後の具体的な方向性や将来の社会基盤や技術革新の創出を先導するための基盤整備について検討を行い、本報告として取りまとめたものである。

I 我が国の生命科学研究の基本方針

1. 基本方針

生命科学は、複雑な生命現象を解明するための科学であり、医薬品の開発、食料生産、新たな産業創出など我が国の産業競争力強化の鍵となる重要な研究分野である。特に、少子高齢社会、人口減少社会を迎える我が国にとって、疾病の増大やエネルギー問題、人口・食糧問題、地球規模での環境問題などの困難な課題の解決手段として、大きく期待されている。

我が国では、平成18年3月に閣議決定された第3期科学技術基本計画（2006年度～2010年度）において、ライフサイエンスの研究開発を重点的に推進すべき分野の一つとし、「人類の英知を生む」、「国力の源泉を創る」、「健康と安全を守る」3つの基本理念への寄与度、各国の科学技術戦略の趨勢、戦略の継続性、研究現場への定着性等の観点から、優先的な資源配分が行われている。

戦略理念としては、生命の統合的全体像の理解を深める研究強化がうたわれ、イノベーションの源泉となり、高い波及効果や我が国のライフサイエンス研究の国際的な優位性の確保が期待できる技術の研究を推進することとしている。

また、ライフサイエンス分野の推進戦略としては、RNA、解析困難なタンパク質、糖鎖、代謝産物などの構造や機能解析による、生命システムの要素の相互関係を解明する研究が例示され、以下の国家プロジェクトにより、重点的な支援が行われている。

2. 生命科学研究に関連する国家プロジェクト

我が国の具体的な取り組みとしては、国際ヒトゲノム計画による解読完了を受け、ヒト遺伝子同士が描く複雑な相互作用、すなわちネットワークを明らかにすることを目的とした「ゲノム機能解析等の推進（ゲノムネットワークプロジェクト）」（平成16年度～20年度）を推進するとともに、複雑な生命現象をつかさどるタンパク質の構造及び機能を解析する「タンパク3000プロジェクト」（平成14年度～18年度）、「ターゲットタンパク研究プログラム」（平成19年度～23年度）などが進められてきた。これらのプロジェクトと平行して、ゲノム解析、情報解析、計算機科学、バイオインフォマティクス等の進展に伴い、膨大なデータを活用する「細胞・生体機能シミュレーションプロジェクト」（平成15年度～19年度）が実施され、生体からの実験データとコンピュータ上でのシミュレーションの研究開発基盤が整ってきたところである。

また、これまでのライフサイエンス研究の成果を次世代の研究に活用できるよう各プロジェクトで網羅的に解析されたゲノムやタンパク質の配列、機能等の基礎データを統合的に利用する「統合データベースプロジェクト」（平成18年度～22年度）が実施されている。

このような国家プロジェクトから得られた研究成果を生かしつつ、「生命現象の統合的全体像の理解」を目指した研究により、真の生命の神秘に迫っていくとともに、「研究成果の実用化のための橋渡し」を重視し、国民への成果還元を抜本的に強化していく必要がある。

また、革新的な食料・生物の生産技術の実現については、安全な食料を低コストで

安定的に生産・供給する科学技術、生物機能を活用した有用物質生産・環境改善技術を強化することも求められている。この領域の強化は、我が国の食糧自給率の向上等により、国民の生活の質を確保し、農林水産業、食品産業等の競争力強化につながるとともに地球環境問題にも貢献することを念頭に強化を図る必要がある。

II 我が国の研究状況及び海外の状況

1. 我が国の研究状況

ライフサイエンス研究は、世界的な大競争時代を迎えており、欧米をはじめアジア各国はそれぞれ積極的な支援により、急速に発展している。我が国においても、ライフサイエンス研究の基礎となるゲノム配列やゲノム機能の解析について、国家プロジェクトとして取り組み、「生命現象の統合的全体像の理解」の研究基盤が整いつつある。このような研究基盤の活用により、昨年、人工多能性幹細胞の開発に成功するなど、世界をリードする成果をあげている。

我が国の研究状況について、個別に見ると、メタボロームやオミックスの解析技術等、生命機能化合物分野では、ハイスループットスクリーニング相互作用の解析、構成生物学等、X線、電子顕微鏡、NMR等を利用した構造生物学などでは、欧米と同等、あるいは先行する領域が出てきている。また、我が国の研究が上昇基調にある研究領域としては、比較ゲノム・メタゲノムや分子、細胞、個体等のイメージングが見うけられ、イメージングは技術開発が欧米と同等水準と見られている。シミュレーション、制御工学、統計モデル、ハイスループット定量化技術等のシステム生物学などは進んでいるが現状維持の状態である。ゲノム配列データベースや配列解析アルゴリズム、立体構造解析等のバイオインフォマティクスについては、研究水準の高まりが期待される領域であるが、若手人材の不足などにより、遅れが目立ち始めている。また、プロテオミクス、バイオマーカー、糖タンパク解析、タンパク質構造解析等のプロテオーム解析などは、世界的な競争状態にあり、創薬等の成果にも直結することから、バイオマーカー、ケミカルバイオロジーなどは、応用まで見すえた研究が必要である。

ライフサイエンス研究の国際的な流れとしては、研究開発が個別的・要素的なものから統合的・総合的なものへと展開していることがあげられる。欧米では、異なる研究領域間の連携を促進し、また、ライフサイエンス分野以外から概念や技術を積極的に取り入れることにより、包括的な研究開発の基盤整備、人材の育成、融合を実現する新規技術開発を念頭においた総合的で継続的な戦略が実施されている。我が国は、個別的・要素的な研究開発では欧米に比肩しているものの将来の科学技術力確保の観点から総合的・継続的な戦略の展開が望まれる。

2. 海外の状況

欧米では、大規模融合研究施設、研究プラットフォームの構築など新しい研究システム導入が進められている。また、国際ヒトゲノム計画以降、ライフサイエンスを持続的に発展させるための基盤となるゲノム、バイオリソース、幹細胞などの分野では国際的なコンソーシアムが米国、欧州共同体それぞれによって戦略的に構築され、参加国が個

別の研究開発を競い合う動きが見られる。

米国では、NIH（国立衛生研究所）のロードマップやDOE（エネルギー省）のゲノム・トゥ・ライフなど基礎研究から技術開発まで総合的に支援するプログラムがあり、ゲノム解読の継続、遺伝子機能の解明（ENCODE計画、Hap Map計画）、疾患関連解析（Cancer Genome）、先端技術開発（ATP/シーケンサー、イメージングなど）、ベンチャー支援（SBIR）、トランスレーショナルリサーチ、融合領域研究センター設立（Systems Biology, Bioengineeringなど）、人材育成その他多くの手厚い施策が実施されている。

さらに、米国では、米国競争力イニシアティブを支持する法律（Public Law）を通じ、技術革新をもたらす研究への資金を今後10年間で倍増する計画を遂行している。

欧州共同体の政策動向としては、第6次枠組計画（2002年～2006年）に引き続き、第7次枠組計画（2007年～2013年）が実施されている。同計画では、「ヒトゲノム配列解明と、昨今におけるポストゲノム研究の進歩が、人類の健康・疾病を対象とする研究を刷新した。大量のデータを一元的に運用し、根底にある生体内作用を理解するには、一つの国レベルでは利用できない高度専門知識と人材・資金を動員しなければ所期の効果を実現できない」と提言している。

その提案の中には、

- ① ハイスループット・リサーチデータの生成、標準化、取得、分析を強化することで、生物医学研究における実験の進展を促す。
- ② 治療の妥当性、安全性、有効性の予測—生体内・生体外の手法・モデルで生物学的検証法を開発・検証する（例：シミュレーション、動物実験に変わる手法）。
- ③ 生物学関連のデータやプロセスの統合（大規模データ収集、システム生物学）生体内作用の原因となる遺伝子・遺伝子産物の複雑な相互関係について理解を深めることを目的として、必要となるデータの生成・分析をする。

ことが示されている。

このように欧米と我が国の研究水準は、現状では同等の領域もあるが、米国は今後とも上昇傾向となることが予想される。

海外の研究動向としては、上述のとおり、欧米が先行している状況ではあるが、アジアにおいても、中国では第11次5か年計画（2006年～2010年）により、「バイオ・ナノ及び未来有望パイオニア事業等の基礎科学遺伝子組み換え生物の新品種の育成」や「重大新薬のイノベーション」等を重大科学技術特別プロジェクトに指定し推進している。さらに、中英米3か国による高精度でヒトゲノムをカバーし、遺伝子変異図鑑を作成する「1000人ヒトゲノム計画」が開始されるなど、中国のライフサイエンス研究水準は上昇傾向が著しい。

韓国では、2008年度研究開発事業実施計画の重点分野として、バイオ・ナノ及び未来有望パイオニア事業等の基礎科学の推進を図っている。また、シンガポールも同様にライフサイエンスを中心に研究が進展している。

欧米のみならず中国、韓国、シンガポールなどのアジア各国においても、生命科学分野の研究開発に対して、多くの支援を行い、知的資産の増大、経済的効果、社会的効果、国際競争力確保を目指し、重点的投資が行われている。我が国の生命科学を高水準で維持し、医療や臨床研究への応用を含めた将来の国際競争力を強化していくためには、引き続き、生命科学研究における基礎研究への支援強化が期待される。

Ⅲ これまでのゲノム関連研究の取組

1. ゲノム・遺伝子発現

ゲノムには生命活動を支える基本要素である遺伝子・タンパク質の情報とともにそれらを適切に作動させ複雑な生命現象を生み出す情報も書き込まれている。ヒトゲノム解読完了（平成15年4月）後のゲノム研究は基本要素の全容を明らかにするとともに、それらを動かす作動原理の解明に向かっている。これらは発生・分化や免疫・生体防御など複雑な生命現象の理解への強力な基盤を与えるものである。

ヒトゲノム配列の解読はゲノムの個人差（特にSNP）の存在とその重要性を認識させ、SNPをベースとした多因子病など疾病のゲノム解析を大きく進展させた。ゲノムは生命の歴史書とも言われるように、ヒトの進化と多様性の理解への新しい道を拓きつつある。

今後のゲノム研究の推進については、ゲノム・遺伝子発現研究戦略作業部会報告（平成18年6月）においてまとめられ、

- (1)ゲノムという設計図をもとに生命の本質の深い理解を目指す学術的研究
- (2)ゲノム研究の成果を医療・産業を通して社会に還元しようとする応用指向型研究の2つの方向性が求められている。

(1)の学術的研究の流れには、生命の設計図であるゲノムをもとに様々な生命現象の分子メカニズムを体系的・網羅的に解明し、生物をシステムとして理解しようとする研究や、多様な生物ゲノムの比較解析から生物の多様性や生物進化の分子基盤の解明を目指すものなどがある。(2)応用指向型研究の流れの中には、遺伝子と疾患との関係に基づく病態の解明とそれを通じた治療戦略や治療薬の開発、個人の遺伝情報に基づいた医療の確立を目指す研究、植物や環境微生物等の多様な生物のもつ機能の解明を通して育種、食料・食品の質的向上や有用物質の生産、環境問題への貢献を目指す研究などがある。言うまでもなく、この両者は独立したものではなく、車の両輪のように互いに補完的なものであり、両者のバランスのとれた推進が必要である。

また、複雑な生命現象の理解や多様な生物の解析においては最近の超高速シーケンス法や分子イメージングなど新しい計測技術の進歩が画期的な変化をもたらしている。これらの新しい技術に基づく新しい方法論の開発が強く求められている。特に、ゲノム研究の広がりや計測技術の進歩による多様かつ大量のデータ生産時代を迎え、情報科学的手法の重要性がますます増大しつつある。しかし、我が国では、超高速シーケンサー法やそれに対応する情報科学などは欧米に比べて後れをとっている。

現在のゲノム科学分野は、我が国のゲノムネットワークプロジェクトや米国のENCODEプロジェクトの本格化にみるようにゲノムに書かれた機能情報の体系的解明の強化が求められる。特に、クロマチン修飾によるゲノム機能の制御は、ゲノム科学の重要な分野となっている。これと同時に、ゲノム科学が生み出す体系的情報をもとに生命、特に現在では細胞を一つの分子システムとして理解しようとするシステム生物学へと展開しつつある。これらゲノム科学の展開は、より複雑な系についてより定量的な情報を得ようとする現在の医学生物学にとって、必要不可欠のものとなっている。

ゲノムの機能解析や機能分子の解析では、我が国は、欧米に伍する力があり、糖ゲノム、遺伝子発現解析、メタボロームなど部分的には日本がリードしている分野もある。しかしながら、トレンドとしては、米国がさらに上昇傾向であるのに対し、日本では上

昇が鈍り引き離される部分が出てきている。特に次世代シーケンサーを基盤とするリシーケンシングやメタゲノム解析など生物多様性の研究では大きな差が生まれつつあり、早急な対応が求められる。

(1) ゲノムネットワークプロジェクト

ゲノムネットワークプロジェクト (GNP) (平成16年度～20年度)は、ポストシーケンス時代のヒトゲノム研究の中核と位置づけられるものである。ヒトの転写制御ネットワークの解明を目標とし、研究に必要なリソース、要素技術の整備を行い、発現プロファイル、転写開始点、転写因子間相互作用、クロマチン構造などに関する基本データの取得に成功しており、その一部はヒトゲノムネットワークプラットフォームを通じて公開している。このプロジェクトでは、集中的なゲノム解析を行いネットワークの基本構造を明らかにする中核機関、情報を体系化して提供する中核機関、各種疾患等の個別ネットワーク研究等が有機的連携を確保しながら研究を推進する体制を構築している。

また、このプロジェクトでは、転写制御の分子ネットワークに焦点をあて、その成果を活用しつつ、転写から細胞システムの解明へと研究を推進・発展させている。大量、多様なデータや知識から生命現象をより体系的にとらえるための新しい方法論や技術の開発が不可欠であり、バイオインフォマティクスやシステムバイオロジーの方法論を活用したネットワークの動的特性の解明を試みている。

ゲノムネットワークプロジェクトにおける、これまでの研究成果としては、

- ①ゲノムワイドにデータを収集・解析する基盤技術の開発及び高度化
CAGE法, deep CAGE法, Chip-chip法, IVV法
- ②転写制御因子間相互作用マップ
- ③大量のノンコーディング RNAの発見 (RNA大陸の発見)
- ④インシュレーター機能因子の発見
- ⑤肥満細胞・骨芽細胞分化制御因子の発見
- ⑥遺伝子発現プロファイル解析
- ⑦エストロゲン受容体の遺伝子ネットワークの解明
- ⑧ゲノムワイドな解析により、破骨細胞分化の新たな分子制御機構の解明

などの成果が順調に得られている。

(2) エピジェネティクス

高等生物のゲノム・遺伝子の機能発現ではゲノムの配列情報とともにゲノムの修飾が重要な役割を担っている。このゲノムの修飾を対象とするエピジェネティクスでは、生物の発生や分化だけではなく、がんなどの疾患や老化との関連も明らかになってきている。近年、研究が急激に成長している分野である。ゲノム全体を解析する技術の進歩を背景に、これから研究の山場を迎える分野である。

エピジェネティクスにおいて、新たな修飾酵素・脱修飾酵素・調節因子の発見、ゲノム刷り込みメカニズムの解明などについては我が国の研究者が貢献しているところである。エピジェネティクス全体像の理解に向けて、今後、基本的な機構解明を見すえた基礎研究の推進が重要である。

米国では、エピジェネティクスをNIHのロードマップにも取り上げ、エピゲノミク

ス・マッピング・センター、エピゲノミクスデータ解析と調整、テクノロジー開発、ほ乳動物における新たなエピジェネティックマークの発見などの研究が行われている。

NIHがエピゲノムに期待しているゴールとしては、レファレンスエピゲノムマップの作成と公開、老化や発生、物理的環境、社会的環境、ストレスとエピジェネティクスの関連評価、あるいは単一細胞や生細胞におけるエピジェネティクス解析技術の開発、プラットフォームの確立と抗体等のツールの開発をあげている。

欧州では、2000年から2006年までHuman Epigenome Projectとして、ヒトの染色体の遺伝子プロモーター領域のDNAメチル化状態が、バイサルファイトシーケンス法で網羅的に調べられた。また、2004年からはEpigenome Network of Excellenceが開始され、研究者間のコミュニケーションや社会への啓発活動に対する支援を行っている。

エピゲノム研究の方向性としては、①マイクロアレイやハイスループットの次世代シーケンサーを活用した解析、②少量サンプルを可能とする解析ツール開発、③膨大データを処理するインフォマティクス、④データベースの整備を行った大規模解析などが必要と考えられる。

また、中期的には、マウスなどを含めたモデル生物においてメカニズム解明を行うことが非常に重要である。ヒトやモデル生物のレファレンスエピゲノムとしては、例えば、胃の粘膜や人工多能性幹細胞など我が国の研究が先行している分野を重点的に調べることで国際的な貢献が期待できる。

2. RNA研究

従来のRNA研究の流れを大きく変えた最近のRNA研究成果は、「RNAiの発見」と「生体内転写産物の網羅的解析」である。20~30塩基長という小さなRNAが遺伝子発現制御・生体防御に働いていることや、ゲノム上広領域がRNAへと転写されており、その中にはノンコーディングRNAが大量に含まれることなどが明確となった。

siRNAに類似する小分子RNAの同定が進められ、単細胞からヒトに至る多くの生物において、発生・分化、細胞極性、代謝、がん抑制、細胞死など生命に不可欠な生理現象を制御する数多くのmiRNAが同定された。siRNA、miRNAの分子作用機序の解析も進展し、その多岐にわたる潜在力が強く示された。実際、RNAiは、遺伝子機能探索のための簡便な手法として各研究分野で用いられているのみならず、特に米国では、RNAiを薬剤として用いる試行が精力的に進められている。

同時に小分子RNAを効率よく検出・同定し、生体内発現を網羅的に解析するための技術開発が進んだ。これら技術及び超高速シーケンス法が基盤となり、piRNAなどの生体防御・ゲノム品質管理を担う新規小分子RNA群が発見された。これら新規小分子RNAを新薬として用いる医薬研究の展開が期待される。

小分子RNAの発現解析や標的遺伝子探索を目的としたバイオインフォマティクスの進展により、新規ノンコーディングRNAの探索も進んでいる。ノンコーディングRNAの機能には共通項を見出しにくく、その機能解析は小分子RNAに比較して遅々としているものの、最近の研究により、多くのノンコーディングRNAがエピジェネティクス、ゲノムダイナミクス、発生プログラミングなどに直接かかわることが次第に明らかになった。

このようにノンコーディングRNAの分子作用機序の解析は今後の重要課題である。また、非機能性ノンコーディングRNAの分別法の開発も待たれるところである。

タンパク質発現の鋳型となるmRNAの局在や代謝機構については分子レベルの研究が

進んでいる。また、RNAの塩基配列や高次構造を認識し特異的に結合するRNA結合タンパク質の機能解析はRNA研究の重要課題の一つであるが、実験上のRNAの扱いにくさが反映し、DNA-タンパク質複合体解析に比べ遅れているのが現状である。今後、RNA-タンパク質複合体を高純度かつ高効率で精製する技術の開発が望まれる。さらに、疾患に関係するRNA結合タンパク質の存在が明らかになってきており、このような技術開発からRNA研究の大きな進展が期待される。

3. 糖鎖研究

糖鎖は、感染、免疫、がん、脳、神経、発生、分化、再生などに密接にかかわっている。特に、インフルエンザの治療薬は糖鎖分解酵素の阻害剤であり、また、がんなどの抗体医薬の活性に糖鎖がかかわるなど医薬分野に対して重要な役割を果たしている。

これまで糖鎖研究に重要な糖鎖遺伝子（糖転移酵素遺伝子）の単離には、多くの日本人研究者が貢献するなど、ノックアウトマウス、糖鎖解析、糖鎖合成などの先端技術を有する我が国がトップランナーとして先導している。

米国では、NIHのグラント支援により、糖鎖とタンパク質の相互作用を中心に7か所の研究拠点を形成している。また、CCRC (Complex Carbohydrate Research Center) において、ヒト幹細胞とマウス幹細胞について、糖鎖の役割解明、分化の制御、糖鎖解析基盤技術の開発、バイオインフォマティクス研究を実施している。

欧州ではハイデルブルグのがんセンターを中心にバイオインフォマティクスへの支援が行われており、新たにグラントも立ち上げている。

我が国が中心となっているHUPO（国際ヒトプロテオーム機構）のHGPI (Human Disease Glycomics/Proteome Initiative) では、糖鎖解析も国際的なパイロットスタディやバイオマーカーを中心にNIHと合同会議の開催や白書を作成するなど、国際的な活動を行っている。これらの活動により、NIHでは、糖鎖によるがんマーカー研究のための5年間の助成を行うなど速やかな対応が図られている。

糖鎖研究の今後の方向性としては、糖鎖の分化、がん化の制御、組織、細胞特異的発現の制御機構の解明、感染症、神経系、免疫系における糖鎖の役割の解明や分化、がん、疾患などのバイオマーカーなどの解明を目指している。これらの課題について、糖鎖に関する知識や情報の集約と学際的な協力体制の構築により、分野を超えた研究者との共同研究や新たな研究の展開を目指すことが期待される。

4. 植物科学

我が国の植物科学は、植物ホルモンの研究、環境応答や耐病性研究、成長促進の研究、個体レベルでの有用植物の作出など優れた成果をあげている。ゲノム研究においては、シロイヌナズナ（モデル植物）、イネ（モデル穀物）を中心にシーケンス情報が公開され、これらのデータを活用した、各種の変異体やモデルとなる植物、主要穀物のリソースが国際コンソーシアムとの連携のもと整備されている。

諸外国の研究目的の多くは、将来の国家戦略として食糧生産、植物有用物質、石油代替エネルギー問題に対応したバイオマスとしての植物生産を明確に意図しており、米国では、国家プロジェクトとしてPlant Genome Initiativeを立ち上げている。また、モデル植物、作物、樹木のゲノム解読と応用展開を図るなど、最近では、Bioenergy

Projectにより、バイオエタノール研究を推進している。欧州においても、バイオエネルギーを一つの大きな目標としたThe Plant for the Future計画により、ゲノムをもとにした重要な育種形質、物質生産の研究を推進している。

我が国では、2005年からグリーンテクノ計画によるプロジェクトが進められ、本年度からイネゲノムの解読、重要遺伝子機能の解明等これまでのイネゲノム研究の成果を活用した国内外の食料、環境、エネルギー問題の解決に貢献する「新農業展開ゲノムプロジェクト」が行われている。

植物科学の方向性としては、発生・分化、代謝、光合成、エピジェネティックな変異が後代に継承される現象、オルガネラと核の相互作用など植物固有の現象を解明することが必要である。

また、生命体共通の原理を理解するため、植物の栽培化・作物化プロセス理解のための比較ゲノム解析、二次代謝の多様性を理解するためのメタボローム解析、ゲノムとRNAをつなぐエピゲノム情報の解析などの技術を強化し研究を進めることが重要である。

基盤技術として重要な点は、ゲノム情報を迅速かつ正確な解析を可能とする超高速シーケンス、データを的確に処理するバイオインフォマティクスシステム、メタボローム情報のデータベース化、代謝系のシミュレーションなどがあげられる。このような技術基盤は分散型で行えるものではなく、研究拠点において集中的に行われることが適当である。

5. 合成生物学・構成生物学

生命現象を解明する研究の飛躍的な進展により、世界規模での遺伝子情報の蓄積と共有が図られ、さらに、生命から機能、物質、情報という流れは加速しつつあるが、情報から生命への流れはこれからである。このような分子生物学的知識（遺伝子情報）を基盤として、物理学・工学・化学等の視点から、生命機能を制御・再現する合成生物学・構成生物学の試みがはじめられている。

生命現象を担う細胞の再現については、細胞膜の合成・操作技術、ゲノムの化学合成・複製技術、タンパク質合成など多方面の技術を集約するとともに、個々の技術段階の課題を解決することが必要である。

欧米では、細胞再現の萌芽的な研究にすでに取り組んでおり、例えば、遺伝子の情報から物質（遺伝子）の化学合成・複製技術研究が加速しており、遺伝子合成技術を中核とするベンチャーが急速に立ち上がっている。

技術的なチャレンジとしてゲノムの人工合成が試みられ、マイコプラズマゲノムの全合成の成功を本年1月に発表するなど、米国が合成生物学の分野において進んでいるところであるが、我が国においても、タンパク質合成技術について試験管内完全合成システムが作られているなど、強みをもっている分野であり、今後の進展が期待される。

生命現象を担う細胞の計算機能の定量的な予測・制御を行うには、細胞記憶・細胞学習のメカニズムを解明し、理解することが重要である。

我が国においても、近年のゲノム解析、ゲノムネットワークプロジェクトの進展により、生物が進化的に獲得した遺伝子ネットワークの解明が急速に進んでいる。細胞のもつ記憶・学習メカニズムの解明は、今後発展が期待される分野であり、制御RNAやエピジェネティクスによる関与因子の同定を基盤とした、定量的な測定や摂動技術開発の一層の推進が必要である。

IV 将来への展望

この10年間のライフサイエンスはゲノムに代表される網羅的解析が著しく進んだ時代であったと総括される。将来への展望としては、生物の階層性、いわゆる分子、遺伝子、細胞、組織・臓器、個体、集団の全体理解がこれからの生物学研究に求められているところである。

特に、ゲノムネットワークプロジェクトによって遺伝子情報の流れが明らかになりつつあるなか、生命の理解を目指すライフサイエンスが次に焦点をあてるべき階層は「細胞」である。従来の細胞生物学を越え、オミックスやネットワークなどの統合的理解の対象として「細胞」を取り上げ、様々な分野の研究を集約することが望まれるが、このためにも、特にオミックス分野を支えるバイオインフォマティクスについては重要性が一層増すとともに積極的な推進が必須である。

1. 細胞レベルの体系的機能研究

生命科学は、ゲノム、プロテオーム、グライコームなどの網羅的解析を通して、個々の分子機能の解明や分子間相互作用の理解が急速に進み、生命をシステムとして理解しようとする試みが進められている。しかし、現在の解析は、主として、静的な分子ネットワークのレベル構築にとどまっている。一方で、遺伝子ノックアウトマウスなどを用いて、個々の遺伝子機能を個体レベルで解析する研究も精力的に進められ、遺伝病、免疫、個体発生などの研究に大きく貢献してきた。このように、ゲノム、分子、個体のレベルの研究は大規模に進められてきたが、生命を理解するためには、それだけでは十分ではないことも明確になってきた。

生命の階層性を考えれば、生命の基本単位は細胞である。細胞が生き、機能を発揮するシステムメカニズム（細胞・生命プログラム）はまだ謎である。ゲノムネットワークプロジェクトによって遺伝子情報の流れが明らかになりつつあるなか、生命の基本単位である細胞に真正面から取り組み、遺伝子発現制御系、シグナル伝達系、代謝制御系など、細胞の機能を構成する諸システムが相互にどのように関連し、細胞を生命活動の基本単位システムとして制御しているかを理解することが重要である。

このためには従来の細胞生物学を越え、オミックスやネットワークなどの統合的理解の対象として「細胞」を取り上げ、発生・分化・幹細胞、がん、免疫、神経系など重要な生命現象における細胞レベルでの体系的な機能解明が望まれる。細胞は、多くの場合、単独で存在するものではなく、他の細胞や内外環境との相互作用のもとに生体の中に微小環境を構成して機能している。これらの相互作用も含めた動的な細胞機能を測定・解析するために、オミックスはもとより、最先端の分子イメージング技術、バイオインフォマティクス、システムバイオロジーなどの技法も取り入れ、様々な方向からの研究を集約することが望まれる。オミックスのさらなる高度化とともに、一細胞での様々な測定技術など多様な技術開発が必要である。

細胞は複雑であり、細胞を構成する分子機能の集合体であるオルガネラ間のコミュニケーション、つまり、オルガネラをネットワークとして理解することも必要である。細胞を構成する諸システムの制御機構の理解に基づき、次のステップとして、細胞システムをオペレーションする技術開発に向かうことができる。例えば、細胞のがん化は細胞

制御システムの破綻であり、また細胞死には、小胞体や核、ミトコンドリアなどのオルガネラが深く関係している。細胞システムの制御の修復や細胞死の制御技術が可能となれば、がんの克服や老化を防ぐことなどにもつながり、高齢化社会において安心して生きる社会の実現につながるなどが考えられる。これは、より良いライフスタイルを自ら創造するための医学・生命科学の大きな挑戦となるものである。

このように「細胞」レベルに焦点をあて、これまでの膨大な研究成果、ナノバイオロジーなどの革新的技術、情報科学の技術力、データを生かしつつ、生命をシステムとして理解することにより、その破綻として起こる様々な病態の本質を解明して、疾患の予防、診断、治療に結び付けていくことが望まれる。

2. 生命科学研究における情報科学

ゲノム解析、計測技術、バイオインフォマティクス等の進展に伴い、膨大かつ多様な種類のデータが蓄積されている。これらのデータを効果的に活用し、実測実験で精緻化されたバイオシミュレーションで生命機能の新規制御機構や薬物の副作用の予測を実施し、その検証を行う「細胞・生体機能シミュレーションプロジェクト」（平成15年度～19年度）や各プロジェクトで網羅的に解析されたゲノムやタンパク質の配列、機能等の基礎データを横断的に利用する「統合データベースプロジェクト」（平成18年度～22年度）が実施され、基盤的な研究として成果をあげている。

今後、次世代シーケンサー（高速シーケンシング技術）の開発が進み、ゲノム配列、メタゲノム配列などのデータ量が指数関数的に増大するとともに、ヒト多型配列、転写調節配列、トランスクリプトーム、エピゲノムなどの関連データも大量に産出される。

また、研究対象や手法も多様化が進み、効果的・効率的な解析手法の研究開発やデータ、解析ツール共有のための制度整備も重要となっている。さらに、文献に書かれた知識とデータの統合も重要な課題である。これからの生命科学研究は、データ中心型、データ駆動型の研究へ大きな転換が図られようとしている。このような状況の中で、文献知識も含むさまざまなデータと解析ツールとを統合的に組み合わせることが求められている。

情報科学の視点としては、データベース、データ解析、計算機資源の3点が重要な要素であり、質、量ともに多様で膨大なデータを蓄積、検索、解析するためのデータベース、高性能解析ツールの開発は今後の生命科学研究の方向性を左右する重要な技術である。また、これらに膨大な計算機資源を必要とすることから、そのための計算機設備の整備も欠かせない。研究目的、方向性によってデータの種類や量、解析技術は異なるため、多面的で層の厚い取り組みが必要である。

とりわけ、各データベース間の円滑な連携、統合は、データ間の新たな規則性発見に、すなわち研究進展に大きな影響を及ぼすことから、一部データの公開にとどまることなく、すべてのデータを共有化することが不可欠である。データを統合し、多くの研究者が利用できるデータベース基盤を整備し、次代の研究開発や新たな発見の可能性拡大に資することが必要である。また、今後整備される計算機資源の効果的な活用の視点も重要である。このためには、生命科学研究において真に必要とされるテーマの抽出と効率的な解析手法の研究開発が必要である。

このような研究を展開するには、情報科学と生命科学の両方を身につけた研究者が今後ますます必要となることから、生命科学の将来を担う若手人材の育成のため、大学に

における情報科学の研究・教育をいかに充実させるかが重要な課題である。

このような研究者の育成には、研究機関と大学間のデータの共有のためのデータベース環境、その解析のための大規模かつ超高速な計算機設備の環境、様々な知見や経験を備えた優れた研究者のクラスター、の3点セットが不可欠であり、それらの条件を兼ね備えた拠点の形成が求められている。

V 今後の研究戦略等

1. 当面の課題

生命科学研究の方向性には生命の本質的理解を目指す基礎的研究の方向と医療や産業への応用開発の方向がある。本報告書の主な対象である基礎的研究ではゲノム配列の解読をもとに遺伝子、RNA、糖鎖、タンパク質などの生命現象の基本要素（因子）の全貌を明らかにするとともに、それらの基本要素（因子）の相関関係や因果関係を明らかにして、生命を多様な基本要素から構成される統合システムとして理解し、それを動かす作動原理についてのモデルの提案と検証がこれまでの重要課題であった。

その次のステップとして、遺伝子、RNA、糖鎖、タンパク質などの基本要素が互いに相互作用しながら機能する「場（空間）」である細胞を見すえ、時間的、空間的な要素を導入し、細胞さらには生体を統合的に理解する研究に進むべきである。特に細胞が生命活動の基本機能単位であることを考えると当面は細胞を対象として研究を展開していくことが適切である。さらには、提出されたモデルの妥当性を検証するために基本要素（因子）を人工的に効率よく合成して機能を検証する方向等も必要である。

○「大量情報からの価値創出」

これらの研究から生みだされる生命の本質に関する情報・知識は、幹細胞の制御、がん・代謝疾患・感染症などの治療、免疫応答、再生医療など医学・医療への応用研究を推進させる力となるものであり、生命科学全体の研究戦略上からも重要な位置を占めるものである。

このために必要となる大量かつ多種多様なデータを産出するゲノム研究では、データの解析・意味付けの自動化、高速化等の技術が基盤的・ロジスティックな役割を果たすが、特に最近の超高速の次世代シーケンシング装置等の出現に伴い、バイオインフォマティクス等の情報科学を専門とする研究者が協働して研究を推進することの重要性がこれまで以上に増している。そして従来は手にすることのできなかつ膨大な情報をもとに「大量情報からの価値創出」が求められる。

細胞システムの理解に当たっては、細胞種ごとに、また生理的条件ごとに顔つきを変えろという細胞の特質を念頭に計画立案することが重要である。また、このためにはこれまでの大規模解析技術とともに、細胞内のタンパク質の修飾や複合体形成を正確に定量化する計測技術、タンパク質の細胞内での相互作用や移動・局在などの動態を解析する各種のイメージング技術、代謝物質の変化を定量的に計測する技術などが必要である。これらは従来型の大規模解析にはなじまない、高度な経験とテクニックを要する定量計測技術である。また、抗体も今後の研究の鍵となるであろう。

この方向に沿った先行研究として、ゲノムネットワークプロジェクト、細胞・生体機

能シミュレーションプロジェクト、ターゲットタンパクプロジェクトがあり、またペタフロップスコンピュータによる生体シミュレーション、統合データベースプロジェクトなどの関連プロジェクトも動いている。新しい研究はこれらの先行研究の成果や人材、基盤を踏まえて進められるべきである。特に、従来の計算能力をはるかにしのぐ次世代スーパーコンピュータの開発も進んでおり、これまでの研究によって得られたデータや知見の集積をもとに、生命構成体についてのシミュレーション研究にも着手すべき時期である。

2. 生命科学研究の推進戦略

「細胞・生命」プログラム解明を目指し、ライフサイエンス分野の基礎研究へも大きく波及させ研究水準を向上させるためには、次の研究戦略を推進する必要がある。

○ 解析拠点整備とネットワーク体制の構築

次世代シーケンサーを中心として、ゲノム、RNA、エピゲノムなど細胞状態・機能の計測を大規模、体系的に遂行できる、研究コミュニティに開かれた解析拠点を整備することが必要である。細胞機能計測には多様な方法があることから、それぞれに得意分野をもつ複数の解析拠点からなるネットワークを構築し、適切なステアリング機能のもとに我が国の細胞・生命プログラム研究を推進する体制にすべきである。

○ 「細胞・生命プログラム」解明に挑戦

解析拠点は自ら高い研究能力をもち、発生・分化、がん、免疫、神経などにおいて適切な細胞系について解析を行う。これに加え、優れた細胞系をもつ大学等の研究者・技術者集団を構築し、共同で「細胞・生命プログラム」解明に挑戦する。ノンコーディングRNAの発見は、シーケンサー等による膨大なゲノム情報の解析によりもたらされた好例であり、一方でインシュレーター発見は大規模データと緻密な細胞機能研究の融合から生まれた成果の好例である。このような両方の成果が出ることを望まれる。また、細胞システム理解のためにはヒト多様性研究や生物種を越えた比較研究への展開が必要である。

○ データベース・情報処理拠点の構築

これらの共同研究による成果データはもとより、次世代シーケンサーの登場による膨大なデータの処理・共有・公開のために中核となるデータベース・情報処理拠点を構築する。この拠点では次世代シーケンサー等の大規模データの処理、そのための技術開発、細胞・生命プログラム解明のための情報科学研究、様々な情報・データの共有・横断利用の運用・技術開発を行う。

このため拠点では生命科学のみならず、バイオインフォマティクス等の情報科学の研究者が研究計画の立案段階から協働し、次世代スーパーコンピュータを始めとする計算機資源を有効に活用し、分子シミュレーション、ネットワーク解析、機能予測の研究を行う魅力ある研究基盤を創出することが重要である。

○ 細胞・組織イメージング技術等のリアルタイム細胞情報計測及び摂動技術の集約的開発とプラットフォーム化

細胞・生命情報の統合的理解を強力に推進するためには、ゲノム・オミックス情報の統合的データベース化に加えて、それと補完的な細胞・生命情報の統合技術の集約的な開発が併せて必要である。

特に、空間・時間・物理情報の統合に優れたライブ細胞・組織の多因子イメージングやそれに連動した摂動技術の開発プラットフォームの形成を、数理科学との融合を考慮した形で拠点化及びネットワーク化の両面から推し進めることが重要である。また、技術開発に加え、共同利用拠点・人材育成・トレーニングなどの基盤整備を行うことが肝要である。

このようなリアルタイム・アプローチとゲノム・オミックス情報の統合的データベース化研究が強く連携することにより、真の細胞・生命情報の統合的理解が大きく前進するとともに、幅広い医・生物学研究への貢献を生むと考えられる。

○ 治療、治療薬創出への基礎的知見・技術を提供

上述の研究戦略は基盤的な細胞プログラム解明を目指すものであるが、他の細胞機能研究にも活用できる体制にするべきである。例えば、疾患ゲノム医学から疾患原因遺伝子やリスク因子がわかり、それらが機能する細胞がわかれば、ただちにゲノム、RNA等の基本要素（因子）の同定やその動作原理から疾患の病態解明を追究することに活用できる。さらに将来的には、その基本要素（因子）がもっている機能を人工的に合成する合成生物学の技術を開発していくことにより疾患等への治療戦略の立案、治療薬の創出への基礎的な知見や技術を提供することにつながるであろう。

ポストゲノム研究として推進したゲノムネットワークプロジェクト（GNP）及び細胞・生体機能シミュレーションプロジェクト終了後、当面（平成21年度以降）の課題として、科学技術基本計画に定める「生命現象の統合的理解の促進」に向けた国家プロジェクトについては、上記の研究戦略を実現するべく新しい研究プラットフォームの構築及び整備が喫緊の課題である。なお、生命システムの統合的理解には多様な技術が求められること、また、技術の進歩も速いことを勘案すると、特色ある高度な研究者・技術者集団から構成されるフレキシブルな体制の構築が必要である。また、ゲノムシーケンス技術のように従来技術を凌駕するものが出現することから、利用する研究者側においても効果的な研究体制の構築が必要不可欠である。

以上の観点を兼ね備えた研究拠点を構築するには、基礎研究から技術開発までを視野に入れた特長ある細胞・生命プログラム解読プラットフォームの形成が求められる。

3. プラットフォームの構成

(1) 次世代シーケンサー等による大規模データ解析拠点

- ・ゲノム、トランスクリプトーム、エピゲノム、タンパク質結合、相互作用などのスケールメリットのある情報について大規模解析を行い、共同研究グループに提供する。また、この大規模解析のための開発研究を行う。
- ・次世代シーケンサー等を設置し、高効率で解析する体制を構築する。また、今後第2、第3世代の技術革新が続くことから、継続的に対応し、常に最先端の解析を提

供できる体制とする。

- ・本拠点は、すでに次世代シーケンサー等による大規模データ解析の実績があり、情報解析拠点と研究者コミュニティとともに共同研究体制を組めることが必要である。また複数の拠点はネットワーク化し、我が国の細胞・生命プログラム研究の推進体制を構築する。
- ・細胞プログラム解読のために必要な解析情報は多岐に渡るため、必要に応じそれぞれに特徴あるデータ解析拠点をネットワーク化し、我が国の総力を研究コミュニティが活用できるようにするべきである。イメージングや細胞機能解析などについても、体系的な情報が得られるような技術開発が進められる体制が必要である。
- ・細胞種等ターゲットを選定し、解析を進めるに当たり、推進委員会の方針に基づき実施する「計画解析」と各研究課題に基づく「公募解析」を実施することが考えられる。
- ・取得データについては、速やかに中核データベースに蓄積する。

(2) 超大量中核データベース（情報解析を含む）

- ・大規模データ解析拠点から生成されたゲノム、トランスクリプトーム、エピゲノム相互作用などのデータについて共同研究者グループとともに細胞機能・ネットワーク解析、遺伝子と細胞機能との関係解析を体系的に行い、その他の解析データも含めて細胞プログラムの解明を行う。このための解析手法の開発、共通データや解析ツール共有のための研究開発を行う。
- ・解析データについては、標準的記述に基づきデータベース化し、プロジェクト内の研究者で共有する。また、適切な時期に公開する。このための超大量データを扱える計算機資源を整備する。
- ・本プログラム終了後においても、データベース管理が容易に行えるよう国内外の研究者に広く利用可能なシステムとして構築する。
- ・以上の機能を果たすために、中核データベースは、すでに計算機運営、情報解析能力が充実していて関連分野での実績があり国際的発信能力を持つこと、研究者コミュニティに開かれた体制であることが望まれる。

(3) 共同研究者グループ

- ・細胞・生命プログラム解明のため、明確なターゲットをもつ研究テーマごとに的確な研究代表者を推進委員会で選考・決定し、中核拠点等の大学、研究機関の優れた研究者からなる研究グループを構成する。
- ・本グループは大規模解析拠点に試料等を提供し、解析データを中核データベースとともに解析し、それぞれの細胞プログラム解読を進める。解析結果は中核データベースに統合し、プロジェクト全体で共有し、適切な時期に公開する。

(4) プログラム全体を指導する推進委員会

- ・プログラムを有効に機能させるため、事業全体を統括する推進委員会の設置が必要である。組織の構成については、生物学を専門とする有識者のみならず、医学、理学、工学等他分野の有識者が参加した組織とすることが望ましい。
- ・各拠点の連携、調整を図るため、事業の参画者を中心とした「実施委員会」、課題選考等を行う「専門委員会」、外部研究者からなる「評価委員会」、委員会活動の支援等を行う「事務局」を設置する。

先導的生命科学研究戦略作業部会委員等名簿（敬称略：五十音順）

【委員】

- 磯貝 彰 奈良先端科学技術大学院大学特任教授
- 稲葉 カヨ 京都大学大学院生命科学研究科教授
- 甲斐知恵子 東京大学医科学研究所教授
- ◎ 小原 雄治 情報・システム研究機構理事・国立遺伝学研究所長
- 榊 佳之 豊橋技術科学大学長
- 塩見美喜子 慶應義塾大学総合医科学研究センター准教授
- 末松 誠 慶應義塾大学医学部長
- 高木 利久 情報・システム研究機構ライフサイエンス統合データベースセンター長／東京大学大学院新領域創成科学研究科教授
- 長洲 毅志 エーザイ株式会社理事・研究開発担当付担当部長
- 宮下 保司 東京大学大学院医学系研究科教授
- 山本 雅 東京大学医科学研究所教授
- 米田 悦啓 大阪大学大学院生命機能研究科教授

◎・・・主査

【科学官】

城石 俊彦 文部科学省科学官（情報・システム研究機構国立遺伝学研究所教授）

【協力者】

上田 泰己 理化学研究所発生・再生科学総合研究センターチームリーダー

佐々木裕之 情報・システム研究機構国立遺伝学研究所教授

篠崎 一雄 理化学研究所植物科学研究センター長

谷口 直之 大阪大学微生物病研究所寄附研究部門教授

中村 義一 東京大学医科学研究所教授

野田 正彦 科学技術振興機構研究開発戦略センターシニアフェロー

（理化学研究所横浜研究所）

小川 智也 理化学研究所横浜研究所長

船橋 英夫 理化学研究所横浜研究所副所長

林崎 良英 理化学研究所ゲノム科学総合研究センター
プロジェクトディレクター

豊田 哲郎 理化学研究所ゲノム科学総合研究センターチームリーダー

先導的生命科学研究戦略作業部会における審議の過程

第1回（平成20年1月11日）

- ・ゲノムネットワークプロジェクト終了後のポストゲノム研究の推進方策について

第2回（平成20年2月15日）

- ・ヒアリング
- 〔 ポストゲノム研究の国際動向
ゲノムネットワークプロジェクト 〕
- ・報告書骨子案についての検討

第3回（平成20年2月26日）

- ・ヒアリング
- 〔 植物科学研究の動向
エピジェネティクス研究の動向 〕
- ・報告書骨子案についての検討

第4回（平成20年3月3日）

- ・ヒアリング
- 〔 RNA研究の動向
糖鎖研究の動向
情報科学研究の動向
ゲノム科学総合研究センターの発展的再編と基盤研究の強化について 〕
- ・報告書骨子案についての検討

第5回（平成20年3月21日）

- ・ヒアリング
- 〔 合成/構成生物学的研究の動向 〕
- ・報告書骨子案についての検討

第6回（平成20年4月18日）

- ・報告書案について

第7回（平成20年5月20日）

- ・報告書案について

第8回（平成20年6月5日）

- ・報告書案について

先導的生命科学研究戦略作業部会報告書概要

I 我が国の生命科学研究の基本方針

(1)基本方針

- 第3期科学技術基本計画
- 生命の統合的全体像の理解
 - ・生命階層の動態解明
 - ・細胞や生命体をシステムとして理解
 - ・各種疾患、動植物の生命現象システムを解明

(2)国家プロジェクト

- ゲノムネットワークプロジェクト(H16-20年度)
 - ・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、要素技術の整備
 - ・発現プロファイル、転写開始点、転写因子間相互作用、クロマチン構造などに関する基本データの取得に成功

II 我が国の研究状況及び海外の状況

○ライフサイエンス研究は世界的な大競争時代

- ・我が国では、ゲノム解析等により研究基盤が整いつつあり、人工多能性幹細胞の開発成功により世界をリード
- ・メタボローム等の解析技術、生命機能化合物の解析、X線等を利用した構造生物学などについても、欧米に先行
- ・米国ではロードマップ計画等により、遺伝子機能解明等、基礎研究から技術開発まで総合的に支援
- ・アジア(中国、韓国他)においても知財、経済効果、国際競争力の確保を目指した支援を強化

ゲノム・遺伝子発現研究

細胞・生命プログラム解読

・生命現象の統合的理解
・医薬、食料生産、環境問題等への貢献

III これまでのゲノム関連研究の取組

○ゲノム・遺伝子発現研究

- ・計測技術の飛躍的進歩による超高速シーケンス法の出現
- ・大量のデータ生産時代を迎え情報科学の重要性が増大

○エピジェネティクス

- ・がん・老化・疾患との関連により、急激に研究が発展
- ・ヒトやモデル生物ゲノムの修飾メカニズムの解明が重要

○RNA研究

- ・発生・分化、代謝、がん、細胞死などの生理現象を制御
- ・ノンコーディングRNAの分子作用機序の解析が重要課題

○糖鎖研究

- ・糖鎖は感染、免疫、がん、インフルエンザなど密接に関連
- ・神経・免疫系の糖鎖の役割やバイオマーカー解明が重要

○植物科学

- ・イネゲノム解析、植物ホルモン、成長促進研究等の成果
- ・食糧生産、代替エネルギーに貢献するため、植物固有な現象の解明が重要

○合成生物学・構成生物学

- ・生命から機能、物質、情報へ流れが加速
- ・物理学・工学・化学等の視点を含めた技術の集約が必要

IV 将来への展望

(1)細胞レベルの体系的機能研究

- ・これまでの研究成果を踏まえ、情報科学の技術力、データを生かし、細胞・生命システムとしての理解が重要
- ・細胞プログラムが破綻して起こる様々な病態の本質を解明し、疾患の予防、診断、治療に結び付けていく
- ・生命の基本単位である細胞の遺伝子発現制御系、シグナル伝達系、代謝制御系などの研究を推進
- ・細胞機能の相互作用及び制御機構の理解が重要

(2)生命科学研究における情報科学

- ・次世代シーケンサの出現により、メタゲノム配列などの解析データが指数関数的に増大
- ・生命科学はデータ中心型、データ駆動型へ大きく転換
- ・情報科学の視点として、データベース、データ解析、計算機資源の3点が研究推進のため重要な要素
- ・生命科学の将来を担う若手人材育成のため、大学における情報科学の研究・教育の充実が課題
- ・様々な知見を備えた優れた研究者クラスターが不可欠
この条件を備えた拠点形成が必要

V 今後の研究戦略

1. 当面の課題

- 超高速次世代シーケンサから産出される大量データの解析・意味付自動化、高速化が必要
→「大量情報からの価値創出」

2. 生命科学研究の推進戦略

- 次世代シーケンサを中心とした複数の解析拠点を結び
→「解析拠点整備とネットワーク体制の構築」
- 高い研究能力を持った研究者集団を組織し、
→「細胞・生命プログラム」解明に挑戦
- 膨大なデータを処理・共有・公開する
→「データベース・情報処理拠点」構築
- 細胞・組織イメージング技術等のリアルタイム細胞情報計測及び摂動技術の集約的開発
→「プラットフォーム」の形成
- ゲノム、RNA等の動作原理から疾患を解明
→「治療、治療薬創出へ基礎的知見・技術を提供」

3. プラットフォームの構成

- 次世代シーケンサ等による大規模データ解析拠点
- 超大量中核データベース(情報解析を含む)
- 共同研究者グループ
- プログラム全体を指導する推進委員会