

総合科学技術会議 評価専門調査会
第1回「イネゲノム機能解析研究」評価検討会議事概要

日 時：平成14年9月24日（火）12：30～14：30
場 所：経済産業省別館 10階 共用1038会議室

出席者：大島美恵子座長、井村裕夫議員、黒田玲子議員
招聘者：加藤 郁之進 タカラバイオ株式会社社長
佐野 芳雄 北海道大学農学部教授
藤村 達人 筑波大学農林工学系教授
宮田 満 日経BP社 バイオセンター長
和田 昭允 理研ゲノム科学総合研究センター所長

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．研究開発概要の説明と質疑応答
4．議論
5．閉 会

（配布資料）

- 資料1 平成15年度 新規の大規模研究開発の評価について
- 資料2 評価検討会運営要領（案）
- 資料3 評価スケジュールについて（案）
- 資料4 イネゲノム機能解析研究
- イネゲノム解読成果を活用した画期的新作物作出のための
基盤研究の開発 -

（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）

説明者：岩元 睦夫 農林水産省農林水産技術会議事務局長
大川 安信 農林水産省農林水産技術会議事務局研究開発企画官
肥後 健一 プロジェクト副主査
独立行政法人生物資源研究所分子遺伝研究グループ長
佐々木 卓治 独立行政法人生物資源研究所ゲノム研究グループ長

河合 純 理化学研究所ゲノム科学総合研究センター
遺伝子構造・機能研究グループチームリーダー

議事概要：

(大島座長) ただいまから、総合科学技術会議の評価専門委員会のイネゲノム機能解析研究の評価検討会(第1回)を開催させていただきたいと思います。

私、座長を僭越ながらお引き受けいたしました大島でございます。

この会議は、検討会の設立というのは総合科学会議が科学技術に関する大規模な研究開発、その他国家的に重要な研究開発について評価を実施するということが本年4月の本会議において決められまして、例えばその設備規模が300億円以上のもの、または設備費及び運用費の総額が500億円以上のものというものに関しては、総合科学技術会議みずからが評価を行うということを決めたしまして、それに基づきまして評価検討会をいたすことになりました。

皆様にこのイネゲノム機能解析研究という研究プロジェクトの評価をするための委員としてお引き受けいただきまして、本当にありがとうございます。大変急なお願いでございましたけれども、ご出席いただきありがとうございます。厚く御礼申し上げます。

それで、本日は初めての会ということで、まずお顔見せというか、簡単に自己紹介をということでございますので、していただきたいと思います。

まず、座長の私から僭越ながら。私は、3年前まで国立国際医療センターの研究所というところで代謝疾患研究部という部屋を持っておりまして、脂質生化学の専門でございます。イネゲノムとはちょっと違うんですけども、そういうことの研究者でございまして、現在は山形県の酒田市に新設されました東北公益文科大学という大学の副学長を引き受けております。

その大学では学際領域として本当にいい、ためになるということはどういうことかという大きな公益学というのを打ち出しておりまして、そういうことを新しい私のプロジェクトとして研究し始めたというところでございます。

こんなようなところでございますけれども、井村先生、それから黒田先生。(井村議員)井村でございます。私はもともと内科学、特に内分泌代謝病学が専門でございますが、11年前から現場を離れてしまいまして、大学の行政、それから現在は科学技術行政に携わっております。

イネゲノムにつきましては、この解析が日本の国家的なプロジェクトとして進んでまいりまして、本年中に当初の目標が達成するということへ来ておりますが、いよいよこれからポストゲノム研究をどのように展開するのかというのが非常に大きな課題になっておりますので、この機会に識者の方々のご意見を伺って、今後の方針を決めるのが非常に重要ではないかなというふうに思っ

ております。どうぞよろしくお願いいたします。

(黒田議員) 総合科学技術会議、非常勤議員の黒田でございます。私はもともとは化学(ケミストリー)が専門で、物理化学から始めたんですが、結構分子生物学までかじって、クローニングとかまでやっている。

私はまだ現役で研究室も持っていますし、本当はこういうところでこういう話をするのは何か違うんじゃないかなと思いつつも二足のわらじを履くことになりましたので、頑張っけて務めていきたいと思っています。

特に、井村先生が発言されたように、イネというのは非常に重要な問題であるし、非常に多くのお金もこれまで投じてきています。そういうことで、これからどうしたらいいか、やはり主食ということでもあるし、よい税金の使い方、よい成果が得られるように、本当に皆様方のお知恵を聞かせていただきたい、私もいろいろ努めたいというふうに思っております。よろしくお願いいたします。

(大島座長) どうぞ、そちらから。

(和田委員) 理化学研究所ゲノム科学総合センター所長の和田でございます。専門は生物物理でございます。よろしくお願いいたします。

(宮田委員) 日経BP社のバイオセンターの宮田です。専門はと言われて、昔植物学、今はジャーナリストをやっています。イネゲノムに関しては、我が国がイニシアチブをとって進めたゲノムの、しかも植物のひよっとしたらモデルゲノムになる可能性のあるプロジェクトですので、これはちょっと大切に考えたいと思っています。どうぞよろしくお願ひします。

(藤村委員) 筑波大学の藤村です。ちょっとこれ、ご訂正を名簿の方、願ひたいんですが、バイオシステム研究科では教えておりますけれども、農林工学系というのが所属ですので、そこに。農林工学というのは土木屋さんの集団ですけれども、私は遺伝子組換えとかそういうことをやっています。もともとというか、かつて若干過去形ですけれども、イネゲノムの開発などにも少し関係がありますが、現在は主にそういった情報のユーザーということで、それから実際に佐野先生ともダブるところがありますが、イネ研究所というか使えるものを作ろうという意味で、どちらかという情報ユーザー絡みでやっております。よろしくお願ひします。

(佐野委員) 北海道大学農学部の佐野と申します。現在は、植物育種学教室というところにおりまして、ここは昔からイネの基礎的な遺伝学的な研究と応用、育種教室なものですから、応用を見据えた研究ということで、北海道の稲作なんかの問題をかなり昔から扱っております。

現在の私のおりますところでは7年前に、それまで私は三島の国立遺伝学研究所ですとその間もイネの遺伝学研究ということで、現在はもう少し応用と

基礎をにらみながら研究を続けているというのが現状です。よろしくお願いたします。

(加藤委員) タカラバイオの加藤と申します。私がここに呼ばれたのは非常にうれしいんですけども、本当においていいのかなという気がしております。なぜならば、ゲノム解析すべて商売にしておりますので。ドラゴンジェノミックスでもシーケンサーは日本一ありますし、昼夜動いています。

それから、ポストゲノムの方はあんまりジャーナリストさんは書いてくれないうんですけども、世界最先端グループと事業提携しております、一番能力を持っているつもりです。どうも今日はありがとうございます。

(大島座長) どうもありがとうございました。

もう1人メンバーで広島経済大学の犬塚教授がおられますけれども、本日はご欠席だそうでございます。

それから、事務方の方々も一応。

(和田審議官) 内閣府の審議官の和田でございます。評価の担当です。よろしくお願いたします。

(鶴戸口参事官) 同じく内閣府で評価の担当参事官をしております鶴戸口と申します。よろしくお願います。

(大島座長) ありがとうございます。

それでは、早速会議の方に入りたいと思いますけれども、まず事務局から資料の説明をお願いいたします。

(事務局) それでは、事務局の方から資料のご説明をいたしたいと思いますが、まず資料のご確認をお願いしたいと思います。

お手元に配付資料といたしまして、議事次第がまずございます。それから、評価検討会のメンバー表がございます。

資料に入ります、資料1というのがございます。

資料2として運営要領(案)というのがございます。

次に、資料3といたしまして、1枚紙でスケジュールの紙がございます。

それから、その次に1枚紙で、今日は農水省サイドからご説明いただく方のメンバー表がございます。同じく農水省の方から提出いただきました資料がございまして、資料の4といたしましてイネゲノム機能解析研究という横長の資料。同様に、イネゲノム機能解析研究の評価という横長の資料。3番目に完全長cDNAバンク整備事業という横長の資料がございます。

それから、最後にイネゲノム解析研究評価検討会追加意見書という1枚紙がございます。

資料といたしましては以上でございます。

それでは順次、資料1から3についてご説明いたしたいと思っております。

資料1をごらんいただきたいと思います。

先ほど、座長の方からこの検討を行うことになった経緯についてはご説明があったところでございます。資料1の1枚目はその簡単なご説明でございますが、ご承知かと思いますが、資料1の5ページをごらんいただきたいと存じます。

資料1の5ページ、横長の資料で総合科学技術会議の組織図ということがございます。ご承知のように、総合科学技術会議がございまして、科学技術に関する基本的な政策の調査審議。それから、予算・人材等の資源配分方針等の調査審議というようなことを行っているわけでございます。

3番目の使命といたしまして、国家的に重要な研究開発の評価ということをやることになっております。

本日は、その関係で評価に実際に携わっていただくという位置づけになってございます。

この表の下の方、左から2番目に評価専門調査会というのがございまして、ここが総合科学技術会議の評価に関するいろいろな仕事をしていくところでございます。目的としましては、そこに書いてあるとおりです。

一番下のところに重要研究開発の評価等を行うということで、実質的な作業はこの専門調査会が行っていくということでございます。

今回、本検討会につきましては、この評価専門調査会の委員であります井村議員、それから黒田議員にも出ていただきまして、それから大島座長もこの評価専門調査会の専門委員ということでございます。この3名の方を中心にいたしまして、専門家、有識者の方に加わっていただいてこの検討会を運営していくということにいたしております。

それで、2枚ほど戻っていただきまして、3ページ目に本年4月に総合科学技術会議で決定をしたペーパーが、2枚紙がございます。国家的に重要な研究開発の評価についてということでございますが、本日の関係は新規、新たに始まります大規模な研究開発についてということでございまして、ここに書いてございますが、4ページ目の上の方でございます。

これは、総合科学技術会議自らが行う評価ということで、4ページ目のアのところに書いてございます。新たに実施が予定されている大規模な研究開発。内容は、先ほどご説明があったように、設備整備費で見ますと約300億円以上のもの。それから、設備整備費と運用費を合わせて見ますと約500億円以上の新規の課題については、総合科学技術会議が自ら評価を行うということになっております。このイネゲノム研究につきましては今年再編をされまして、新たな課題という形になりまして、今後5年間ぐらい続けていくというふうに伺っておりますが、総額が国費ベースで見まして450億ということでござい

ますけれども、非常に大規模かつ重要な研究開発であるということで、ここで取り上げさせていただくということになったものでございます。

それで、資料1の1ページに戻っていただきたいと存じます。

ただいま申し上げましたような課題が、本年の3課題でございます。再生医療の実現化プロジェクト、準天頂衛星システム、それからこのイネゲノム機能解析研究ということでございます。本年はこの3つについてやっていくということになるかと存じます。

今後の進め方でございますが、先ほどご説明しました評価専門調査会におきまして有識者議員・専門委員数名が中心となり、さらに外部より専門家・有識者を招き、課題別の評価検討会を設置して調査・検討を行う。

2番目に、中間取りまとめを行いまして、10月中旬ぐらいには一応の方向性を明らかにした上で15年度予算の優先順位づけ作業に反映させる。最終的な結論といたしましては、11月までに総合科学技術会議本会議におきまして最終結論を得まして、その結果は推進体制の改善、予算配分に反映していくということで、先ほどの4月23日の総合科学技術会議で決定で出たとおりに活用をしていくということを考えています。

資料1については、ご説明は以上でございます。

それから、資料2につきましては、これは本検討会の運営要領の(案)ということでございます。第1条には総合科学技術会議並びに評価専門調査会の運営規則以外の事項をここで定めます。

第2条には、座長を置きますということ。座長が出席できないときには、座長の指名する者が代理をする。

第3条におきましては、構成員が欠席をする場合には、代理人の出席はできないということでございます。しかしながら、欠席のときには書面により意見を提出することができる。

第4条といたしましては、構成員の過半数の出席で成立をするということでございます。

それから、第5条に公表の関係がございます。座長が適当と認めるときは、評価検討会の会合を非公開とすることができる。それから、審議の内容等、会議資料及び議事録の公表その他適当な方法により公表をするということを原則といたします。ただし、座長が審議の内容等、公表しないことが適当であるとしたときには、その前後または一部を非公表とすることができる。理由を付して非公表とするということでございます。

以上が、運営要領の(案)でございます。

それから、資料3の本検討会の検討スケジュールでございます。本日9月24日ということで、第1回の評価検討会。本日は、検討の進め方、それから農

水省の方からの概要のご説明とそれに対する質疑応答ということで、最後に農水省の関係の方にはご退席いただいた上で、評価の視点、調査・検討すべき項目等についての議論をしていただくという点でございます。

評価専門調査会、全く同じ日で本日午後でございますが、評価専門調査会におきましてもこの検討、3課題についての検討をするということについての報告、議論をいただくという予定にしております。

第2回の評価検討会でございますが、10月の上・中旬ぐらいで考えておりますが、府省の追加説明。それから、論点・問題点の明確化、考え方の整理とご議論いただきまして、この段階で各メンバーの方には意見といいますか、評価コメントという形で中間取りまとめを念頭に置きましたコメントを提出していただきまして、それをもとに評価専門調査会、総合科学技術会議本会議に中間的な取りまとめの報告をしていくということが第一段階でございます。

そこでの議論を踏まえまして、第3回を11月上・中旬ぐらいで考えておりました、ここで最終報告案を作成し、11月下旬までには結論を送るという予定にしております。

ご説明は以上でございます。

(座長) どうもありがとうございました。

資料1、2、3に関して何かご質問とかございますでしょうか。

どうぞ。

(委員) 今の資料3のところですが、評価検討会と。専門調査会との関係は。

(事務局) 専門調査会は、この評価検討会の要は親に当たるものでございます。井村先生、黒田先生、それから大島先生はこの専門調査会のメンバーでありまして、このお三方が所属されている総合科学技術会議の評価のことを議論するための専門の会議。

(委員) これが終わったらそっちが。

(事務局) はい。ここでの具体的な検討をしていただいた結果は、その専門調査会で検討され、最終的には本会議に上げていくということでございます。

(座長) どうぞ。

(委員) 資料2の運営要領ですけれども、5条の座長が適当と認めるときは評価委員会の会合を非公開とすることができるとありますが、それがない限りこれは公開ですね。

(事務局) 原則公開ということではありますが、後ほど座長の方からご提案をいただこうかと思っておりますが、本日の取り扱いについてですね。

(座長) 本日、実は非公開にしようということでご提案させていただきたいと。それは、皆様の評価の委員の方々に自由にまず第1回ですからご発言いただいて、忌憚のないご意見をまずいただきたいということで非公開。でも、非公開

なんですけれども、終了後検討いたしまして別に問題がなければ発言者名を伏して議事録を公開するという形でいきたいというふうに思っております。（この議事録には名前が付されていないが...）

そういうわけで、本日は総合科学技術会議の事務局のみ傍聴ということでマスコミなどは入っておりませんので、ご自由に、好きなようにいかようにもご発言いただきたいというふうに思っております。

（委員）私は、公開、非公開にかかわらず自由にやっています。

（座長）ありがとうございます。ということで、本日は非公開ということによるしゅうございましょうか。それで進めさせていただきたいと思います。

それでは、農水省の方から概要を説明していただくということで、どうぞよろしく願いいたします。

（農林水産省説明者）農林水産技術会議事務局長を務めております岩元でございます。

まず、本日この次年度から新たに開始する予定で、予算要求中のイネゲノム機能解析研究。副題としましてイネゲノム解読成果を活用した画期的新作物作出のための基盤技術の開発ということに関しまして、事前評価をいただく機会を得ましたことに対しまして、心より感謝を申し上げたいと思います。

研究の詳細な内容に先駆けまして、私の方からは1ページの資料をもとに概要を説明させていただきたいと思います。申しわけございません、座って説明させていただきます。

科学技術基本計画にも示されておりますように、科学技術の力によりまして地球環境あるいは食糧問題といった地球規模でのさまざまな問題というものを解決するということが喫緊の課題になっているわけでございまして、その1つの方策といたしまして植物の持つ機能を最大限に活用するというのがございまして、そのための画期的な作物の開発があるわけでございます。右側の絵をごらんになっていただきたいと思います。

これまで取り組んでまいりましたイネゲノム研究は、こうした長期目標に、ひいては新たな植物産業創出を目指しまして、その基盤でありますイネゲノムの塩基配列の解明等について取り組んできたわけでございます。

骨格となる研究の多くは、平成12年度より開始されましたミレニアム・プロジェクトの1つに位置づけられておりまして、世界的に誇れる画期的な成果を上げてきたものと考えております。この中で、イネゲノム塩基配列の解明につきましては、精度の上では課題があるものの、外国企業等に先を越されたということを深刻に受けとめ、また昨年来、総合科学技術会議の指摘もございまして、当初計画の大幅な変更に取り組んでまいりました。

幸い、国際コンソーシアムに参加している各国の理解も得られたことに加え

まして、民間からのデータを全面的に提供を受けるというようなことができまして、データの一本化のもとに全塩基配列の主要部分のPhase 2レベルでの解読が今年の12月上旬までに、当初計画より2年余り前倒しにより終了することができるようになりました。

また、今後の遺伝子機能の利用の場面では不可欠な完全長cDNAに関しましても、イネに関しましては本年度中にこれまで解読した3万種について塩基配列等の情報が整う段階になってございます。

本日、ご評価をお願いする新たなイネゲノム研究は、ただいま申し上げましたように、イネゲノムに関します基盤的情報が整えられるとともに、これまでの研究の過程で作出されました5万種に及ぶミュータントパネル等の研究材料が整備されたことを踏まえ、いわゆるポストイネゲノム研究として植物機能の最大活用に向けたイネ有用遺伝子の機能解明をターゲットとしております。その際には、イネはもとよりコムギあるいはトウモロコシといった世界の主要穀物のことも視野に入れて基礎的研究に取り組むこととしております。

イネゲノム研究の究極の目標は、これまでどおり、先ほど申しました長期目標にございます目的とする機能を有した画期的な作物を自由自在に作出し、それをもとに新たな植物産業の創出を目指すということにございますが、本研究ではその基礎となるイネの重要形質に関連して有用遺伝子の単離・機能解明を行うことにあります。

一方で、機能が明らかになった遺伝子につきましては、絵の中の短・中期目標に示しました、例えばマイクロアレイなどのデバイスの開発や機能性物質の工場生産での場面での活用を図るなど、研究成果の産業化を強く意識した研究を進めることとしております。このためには民間企業との連携を積極的に進めるということも計画をしてございます。

ところで、イネゲノムに関しまして、各種の知的財産が整ってきたわけでございますが、この分野での国際競争も視野に入れた知的財産の戦略的な管理と配備ということを行うため、農業生物資源研究所にイネゲノムリソースセンターを整備するということを計画しておりまして、来年この研究の中でこの部門にも取り組むということにしてございます。

いずれにしましても、イネゲノムに関しましては新たな段階を迎えたとの認識のもと農水省は基礎から応用、開発に至る一連の研究に対しまして、今後とも責任を持って予算の確保を図っていきいたいというふうに考えているわけございまして、産学官オールジャパンの体制で研究を進める所存でございます。

そうした目的のもと、このたび農業生物資源研究所の理事長に新たに京都大学の名誉教授でおられます岩淵先生を招聘いたしましたし、また農林水産技術会議事務局におきまして実施する研究の企画段階で、我が国の主要な植物科学

者の参加による研究会をこれまでも何度も設け、さらに民間企業との意見交換を行うなど、これまでの体制の改善に万全を期すよう努めているところでございます。これまで以上のご支援、ご指導のほどをよろしくお願いを申し上げます。

この後、詳細につきましては、農林水産技術会議事務局でイネゲノムプロジェクトのプロジェクトマネジャー担当でございます大川研究開発企画官を中心に説明させますが、一部詳細なところにわたりましては生物資源研究所の肥後、佐々木、両研究員にご出席いただいておりますので、応援をいただくという体制で今日は臨みたいと思っております。よろしくお願い申し上げます。

(座長) どうもありがとうございます。それでは、続いてご説明をいただく。大体、全部で30分をお願いいたします。

(農林水産省説明者) それでは、私、大川の方から内容の詳細についてご説明いたしたいと思っております。2ページを開いていただきたいと思います。

そこにイネゲノム機能解析研究予算の構成というところがありますが、これまでイネゲノム研究ではゲノムの塩基配列解読に力を入れてまいりました。下から2番目のところにありますPhase 2の解読を進めてまいったわけです。その結果、本年12月にPhase 2レベルでの解読が終了する、そういう見込みとなってきました。

そこで、平成15年度からはポストゲノムシーケンス研究ということで、遺伝子の単離あるいは機能解明といったことに集中することに課題を組み替えるということにいたしました。このために、右側のグリーンで書いてある枠のところなんです、新たにターゲットを絞った有用遺伝子を探索するという、重要形質関連遺伝子の機能解明、それから種間・属間比較研究による遺伝子の機能解明、こういう2つのものを課題を立てました。

それから、従来手法別の研究に関しましては、一部モニタリングの手法のところはある程度研究が進んだということで、それを終了しまして、これを原資にターゲットを絞った重要形質の有用遺伝子探索というのに力を入れていきたいというふうに組み替えております。

それから、もう一つ大きな変更点は、これまでにさまざまなゲノムリソースが蓄積してまいっております。例えば完全長cDNAとか、あるいは実験材料としてのミュータントパネル、あるいは染色体の置換系統といったものが充実してきております。これらは、これからのイネの遺伝子の単離・機能解明にとって非常に重要なものでありますし、植物生命科学の発展にも非常に寄与できるということで、右下にありますようにゲノムリソースセンターの整備という課題を立てております。

これはポストゲノム研究必須の素材をこのイネゲノム研究の中に限らず、広

く世界あるいは日本、世界に供給していくという目的でこの課題を立てております。

なお、ここに書いてあります課題構成というのは、イネゲノムの機能解析研究を行う上で必須の課題のみを集めております。これらの研究をサポートし、また成果の受け手となる、そういった育種や栽培等のグループの課題については入っておりません。これらは別途独法の交付金でイネゲノムの成果を受けながら研究を行っていくというふうに定義しております。

では、次をめくっていただきます。次の3ページですが、ここに資金計画が書いてあります。

ここは、有用遺伝子探索のところに集中して投資をするということでこういう資金計画を立てております。それから、地方自治体あるいは民間の資金負担の考え方としましては、特にDNAマーカー開発については国の資金によってマーカーの開発までは都道府県も参加するけれども、それ以後、開発されたマーカーを使って品種を育成するということはみずからの資金で行っていただく。

それから、民間企業との関係ですが、これにつきましてはリソースセンターから提供される研究資料を用いて、みずからの資金によって有用遺伝子の探索・品種開発を行っていただくというような負担の考え方をしております。

次に4ページです。

ここでは、全体の課題構成を図示しております。全塩基配列の解読及びイネゲノムリソースセンターの整備というものを研究基盤の整備ということに位置づけまして、これを利用して機能解明の手法の高度化。さらに、ターゲットを絞った有用遺伝子の探索を行っていきます。そこでは、新規に重要形質関連遺伝子の機能解明あるいは種間・属間比較研究といったものを行っていきます。これらの成果を利用しまして、あるいは直接配列データを使って育種システムの高度化、相互化を行っていきます。

研究の推進に当たりますには、下の黄色の枠に書いてありますようにオールジャパン体制で強いリーダーシップを発揮できるようにするということを考えております。具体的には、独立行政法人以外に大学の研究者を総括リーダーとして、その責任と権限のもとで研究を強力に推進していくということ。それから、公募により産業界・大学等の優秀な研究者を結集するという。これは既に9月19日から公募を開始しております。

それからまた、海外の研究機関との連携を強化する、あるいは研究成果の産業界への移転を促進する、こういった考え方でこの研究を進めていきたいというふうに考えております。

研究の推進体制につきましては、5ページに書いております。こういった各

項目について研究リーダー、総括リーダーを置いて予算配分とか、あるいは指導といった強いリーダーシップを発揮していただくという予定にしております。また、この研究全体の推進あるいはアドバイスといったことで、評価委員の先生方をお願いしております。

そこに書いてありますように、大石先生を初め、植物に限らずライフサイエンス関係の非常に造詣の深い方に評価、助言をお願いして進めていくということにしております。

6ページはその方々のプロフィールを書いてありますので、ここは後で見ていただきたいというふうに思います。

7ページの方にいきます。ここからは具体的な内容に入っていきます。

以上、プロジェクトの構成等あるいは研究の推進体制についてご紹介してきたわけですが、まずここでは研究の背景についてご説明したいと思います。

研究の背景としましては、皆様よくご存じのように2000年から2050年にかけて人口が急激に増加するということが予測されております。61億人から93億人、2050年にはなるという予測があります。それから、現在でも栄養不足の人口というのは7.9億人おり、それは減らないというような状況になっております。

それから、耕作、環境の悪化あるいは異常気象、温暖化、砂漠化といったことから耕作不能面積が増えてきております。年間500万ヘクタール以上というような数です。こういったことから、食糧不足というのが非常に深刻な問題に将来はなってくるだろうということが予測されます。

イネというのは、世界最大の食糧資源であるということと同時に、我が国の基幹作物でもあります。穀類の中で最少のゲノムサイズを持っているということから、単子葉植物の最良のモデルとしても、科学的にも重要な作物であります。

それから、我が国が世界に先駆けて研究基盤を作成してきた、例えば高密度遺伝地図あるいは物理地図、部分長cDNA、こういったものをコアにして国際的な協力関係で塩基配列の解読といったことが進められているということから、我が国としましてはイネゲノム研究を今後さらに積極的に行うということに利点があるというふうに考えております。

このイネゲノム機能解析研究の目的・目標ですが、目的は大きく分けて2つございます。1つは、イネゲノム塩基配列を解読し、すべての遺伝子を含むゲノムの構造を明らかにして、植物生命科学研究の基盤をつくるという目的が1つあります。

それからもう一つは、有用遺伝子を単離・機能解析し、そしてゲノム機能を明らかにするということから、イネの各種形質の改良あるいは植物工場など産

業利用につなげるというような目的があります。こういう、いわゆる科学的な、学術的な面と、それから産業に向けての面と2つの目的を持ってこの研究を進めております。

具体的にはどういうことを目標にするかということで、そこに5つの目標を掲げております。

1つは、これまでに行ってきましたイネゲノムの塩基配列ですが、Phase 2が本年12月に終了する予定です。これを可能な限り早く完全解読にもっていききたいということです。これによって単子葉植物のゲノムのゴールドンリファレンスを完成するという事。そして、ひいてはそれが植物生命科学研究の基盤をつくるということにつながっていくというふうに考えております。

それから、2番目としましては塩基配列情報あるいは完全長cDNA、あるいはミュータントパネルと、こういったゲノムリソースを整備しつつ、これらを用いた遺伝子の単離・機能解明する手法を高度化して、そして有用遺伝子の機能を解明するという事。

それから、ターゲットを絞って重要形質にかかわる多数の遺伝子を明らかにし、関与する遺伝子の機能や相互関係等を解析することにより、重要形質を発現するトータルとしてのメカニズムの全容を明らかにしていくという、こういう機能解明の研究を目標としております。

それから、ゲノム情報とかあるいは育種情報等を統合したデータベースを構築するとともに、イネゲノム機能のシミュレーターを開発するという事。

そして最後に、これは機能解明研究になりますが、品種間あるいは属間ゲノム比較を行って、そしてイネでは認められないような形質にかかわる遺伝情報を解明するという事を目標としております。

次のページはちょっと時間の関係もありますので飛ばしていただいて、10ページに移っていただきたいと思います。

ここからは、個々の課題、項目について詳しくご説明したいと思います。

最初の10ページ、11ページ、12ページは従来から行われている課題です。これらについて、まず最初にこれまでの成果、そして今後の目標、それからそれによってどういうことがわかるのかということをご説明したいと思います。

全塩基配列の解明につきましては、イネのゲノムの塩基配列の効率的な解明を行うために精密な物理地図と発現遺伝子地図を作成して、それらをもとに塩基配列を解読するという事を目的としております。これまでに、左下のグラフにありますように、延べで399Mbの塩基配列を解読しています。そのうち、我が国の貢献度というのは53%というふうになってきております。

平成14年度中には、右の図を見ていただきたいんですが、Phase 2レ

ベルの解読を終了すると。すなわち、ここの図の白とブルーのところは最低緑になるというような状況になっています。

それから、第1番染色体については既に完全解読を終了しておりまして、近々、ネイチャーの方に発表されるというような状況になっています。

こういった成果を今後、植物生命科学に応用していくためには、やはりPhase 2レベルからPhase 3、つまり完全解読に移すということ必要になります。この研究ではそのところをやっていくということです。こういったことから、今も言いましたように、植物生命科学の発展に寄与するという、非常に学術的な重要度が高い研究であります。

それから次のページ、11ページですが、こちらは遺伝子の単離及び機能解明研究。これは手法別に4つの柱が立っております。1つはマップベースクローニング、遺伝子地図法。それからミュータントパネル。それからタンパクの立体構造解析による遺伝子の単離と機能解明。そして、大規模機能解析の4つがあります。

これらにつきましては、そのグリーンのところはこれまでの成果を載せてあります。今後もこれらの手法というのは、順調に成果が出つつあるということと、それぞれの遺伝子、個々の遺伝子を取るためには非常によい方法であるというようなことから、さらに手法のブラッシュアップを図りながら研究を続けていくということにしております。

次に、12ページです。

こちらは、これらの機能解明の情報あるいはゲノムの塩基配列情報を利用して育種システムを高度化するという研究です。ここには2つの研究が入っております。この2つも継続の研究です。1つはDNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発。もう一つはイネゲノムシミュレーターの開発であります。

これらは既にかなり研究が進んでおりまして、例えばDNAマーカーを用いた育種システムの開発では、右にありますようにコシヒカリの早生化水稻系統が育成されてきております。あるいは、「まなむすめ」いもち病の抵抗性遺伝子を導入したそういう系統が育成されてきております。

従来からの継続の部分はこれで簡単にご説明を終わりにしまして、新規の部分について少し詳しく説明していきたいと思っております。

新規には、ターゲットを絞った機能解明研究、そして重要形質関連遺伝子の機能解明というのがあります。これは、ゲノム研究のアウトプットとして生産性・品質の向上あるいは新機能付与、そして環境保全といったことに貢献が期待されているわけですが、あらゆるゲノム情報とか、あるいは手法を用いて単独では成り立っていない、非常に複雑に遺伝子の機能が絡み合っている、

そういう重要形質の機能解明に取り組んでいくということです。

これによって、関連する遺伝子の単離のみならず、応用につなげられるだけのメカニズム全容の高度な理解やその応用を目指していきたいというふうに考えております。

重要形質として何をターゲットにするかということで、農業上の重要性あるいは学問的な重要性を考慮して、そこにある5つの課題を重要形質を規定しております。1つは、高品質なお米をつくる遺伝子の解明。

それから、2つ目として機能性物質をつくる遺伝子の解明。

3つ目として、光合成能を高める遺伝子の解明。

4つ目として、不良環境に強い遺伝子の解明。

5つ目として、病害虫に強い遺伝子の解明といったものです。

これらの、実際にどういう遺伝子が関与しているのか、あるいはどんなことをするのかというところは、そこに書いてありますように、例えば高品質なお米をつくるという場合には、目的とする遺伝子としては左側にありますように穎化数を決める遺伝子とか、あるいは葉の形を決める遺伝子、茎の形を決める遺伝子とか、さまざまなものが考えられます。

こういった草型制御とか直播とかに求められる形質あるいは穂の形や穀粒の形の制御、発育、生長に関わる遺伝子といったものを単離解明して、これらを利用して右側にあるような高収量品種あるいは高品質品種の開発につなげていくというようなためのその必要な遺伝子の単離・機能解明を行っていくということです。

あと、ほかのものについてはそこにざっと書いてありますので、ちょっと時間がなくて、ここは後で見ていただくということで次に移りたいと思います。

機能解明の中でもう一つ、塩基配列の解読が進んできたことのできるようになってきたものがあります。それが種間・属間比較研究というものです。

これは、イネ、トウモロコシ、コムギなどの穀物の中でイネは最も小さいゲノムを持ち、トウモロコシの6分の1あるいはコムギの40分の1に当たります。そのために穀物のモデル植物としてイネの集中的なゲノム研究を行ってきたことが背景にあります。今言いましたように、今年12月にPhase 2レベルですが、イネゲノムシーケンスの解読が終了するということから、モデル植物としてのイネの研究をイネの品種間あるいはインディカ種あるいはアフリカイネ、そして野生イネとの比較、さらには、属を超えてイネ科植物であるコムギとの比較研究を展開していきたいというふうに考えています。

例えば、属間の比較ですが、そこでは実はコムギを考えております。皆さんもご存じのように、イネ科植物では染色体レベルでの遺伝子の並び方、方向性に類似性があります。これをシンテニーといっているわけですが、そういった

ものがあるということから、ある程度イネから単離された有用遺伝子からそのシンテニーを利用してコムギでも同じような機能を持っている部分というのはわかります。そういったことから、イネとコムギの遺伝子を比較して機能の高い遺伝子を解明してくるということになります。これによってイネの持つ優良な形質をコムギに、あるいはコムギの持つ優良な形質をイネにというような品種改良に将来は利用していきたいというふうに考えております。

例えば、どういう形質があるかということ、コムギの最大の育種目標である例えば穂発芽耐性あるいはコムギに特有な形質として耐冷性といったものがあります。これらの遺伝子を明らかにし、例えばコムギの耐冷性を将来的にイネに入れていきたいというふうに考えております。

次に、15ページを見ていただきたいと思います。

最後に、これら機能解析研究必須の材料、素材を提供するものとして、ゲノムリソースセンターを整備していきたいというふうに考えております。このセンターでは、全塩基配列とともにイネゲノム研究の基盤と考えられるリソース、これはリソースセンターという箱の中に書いてある完全長cDNAクローンあるいはマイクロアレイ、そしてマップベースクロニングなどに非常に役に立つ染色体置換系統群、あるいはロックアウトラインですが、ミュータントパネルあるいはイオンビーム処理した系統、そういったものを開発し配布するというようなことを行っていきます。

これらは、上にあるイネゲノムプロジェクトに提供していくというだけでなく、下にもありますように広く国内外の研究者に配布して、それぞれの研究の支援を行うというようなことを考えております。

つまり、イネゲノムリソースセンターを中核にして左にあるような国内のリソースセンターあるいは海外のリソースセンターと提携して、世界的なリソースネットワークを構築しながら、さらに企業との共同開発による完全長cDNAをベースとしたマイクロアレイの開発、事業化を目指していきます。そして、今言いましたように、広く研究支援を行っていくというようなゲノムリソースセンターの整備を考えております。

以上、内容について細かくご説明してまいりました。以上のことをまとめて、イネゲノムの機能解析研究の意義はどういうところにあるのかということころを少しまとめてご説明したいと思います。

最初に、目的のところでも申し上げましたように、イネゲノム機能解析研究の意義としましては、1つは科学的な、学問的な視点があります。その中でも、1つは穀物ゲノム研究の基準を策定するということがあります。

これは右側の図にもありますように、双子葉植物の代表としてアラビドプシスが挙げられており、これの全ゲノムシーケンスが解明されてきています。も

う一方の単子葉植物の代表として、我々はイネの全ゲノムシーケンスが解読をしつつあります。

こういったことで、いわゆるイネは穀物ゲノムの完全な辞書、つまりゴールデンリファレンスという位置を占めるようになれると思います。これによって高等植物すべてのゲノム研究が加速されるだろうというふうに考えております。

それからもう一つ、この研究の大事な点ですが、これまで開発してきましたさまざまなゲノムリソースを広く我が国あるいは世界に供給していくことで植物生命科学の全体の急速な進展を支援していきたいというふうに考えております。また、バイオインフォマティクスにもありますように、この中で異分野融合の研究の促進を図っていきたいというふうに考えております。こういったようなサイエンティフィックな意味をこの研究は持っております。

それからもう一つ、17ページですが、社会的・経済的な視点からいいますと、1つは遺伝子の単離・機能解明研究ということから多くの遺伝子の機能がわかってきます。そして、これを特許化するというのを企画しておりますので、これによって我が国の知的な財産権が評価されるということが期待されます。

先ほどリソースを広く世界に供給すると言いましたけれども、この点を押さえておけばリソースを供給した後でそれなりに知的財産権によって、日本に対する、次の国際のところでお見せしますが、日本に対するマイナスの影響をかわすことができるだろうというふうに考えております。

それから、もちろん農業への貢献が考えられます。これは、イネゲノムの機能がわかってきますと、育種時間とか期間とか、あるいは労力の大幅な短縮が実現されます。例えばDNAマーカーの例で言いますと、従来10年以上かかっていたものが半分ぐらいの、5年ぐらいの期間で品種育成ができるというようなことがあります。もちろん画期的な新品種を作出するというような意味もあります。

それから、産業への貢献ですが、このところはまだまだこれから、それこそ産業界の方と個別に話をしながら詰めていかななくてはいけない部分がたくさんありますけれども、それにしましてもイネゲノム情報をコンテンツとしたマイクロアレイによる研究支援業務による創出によるバイオベンチャーの育成とか、あるいは医薬品、健康維持食品の開発。そして、トレーサビリティとかの安全性の確保。そしてまた、環境修復植物あるいはバイオマス原料作物を開発するといった環境ビジネスとかいったことが産業への貢献として考えられております。

最後に、世界における日本のイネゲノム機能解析研究の位置づけとしては、そこにありますように既に国際コンソーシアムの中心として約6割を日本が解

読んできているということで世界をリードしています。

また、シーケンス情報だけでなく、遺伝地図情報とかを公開して世界の植物ゲノム科学の発展に大きく貢献しています。これからもこういった研究リソースのもとにCIMMYTとか、あるいはIRRIといった国際研究機関とともにチャレンジプログラムを提唱して国際的に研究を推進していくという予定にしております。

また、下記のロックフェラー財団声明にもありますように、あるいはこれら国際機関からも言われておりますけれども、日本のこれまでのアドバンテージをさらに伸ばして世界の農業あるいは植物ゲノム科学の発展に寄与して、強く貢献してくれということをご期待されております。

我が国の戦略としましては、今ありましたように、それまでの世界の中心的役割プラス、イネの関連研究が総合的に世界のトップレベルであると、こういったアドバンテージを生かして問題解決のかぎを握ることにより、アジア諸国をはじめとした世界における日本の求心力を向上させるといったことをねらっていききたいと思います。

そしてまた、世界の食糧供給の安定を通じて我が国の食糧安全保障も確保するというようなこと、さらには、さまざまな遺伝子技術の特許化して、その許諾権を握ることにより生産力ではなくて、むしろ技術力とか、あるいは知的財産により世界をリードしていきたいというふうに考えております。

最後に19ページですが、ここにこれまでの平成15年からのイネゲノム機能解析研究を立ち上げるに当たりまして、従来のイネゲノム研究をどう組み替えていくかといったことについて、イネゲノム研究有識者懇談会あるいは植物ポストゲノムシーケンス研究のあり方検討会といった外部の有識者をお招きして、そちらで十分討議していただきながら平成15年度のこの予算をつくってきております。

最後に、この説明の中では予算のことに触れませんでしたけれども、今後のリソースとして非常に重要になってきます完全長cDNAの整備状況について、共同研究をしていただいております理研のゲノム科学総合センターの河合さんの方から数分ですが、現在の進捗状況についてご紹介したいと思います。

(理化学研究所説明者) 理化学研究所の河合です。よろしく申し上げます。お手元の完全長cDNAバンク整備事業の資料をごらんいただきたいと思っております。

まず、理化学研究所には植物センターなどありますが、私自身は植物研究の専門家ではありません。私はゲノム科学の専門家です。この完全長cDNA整備事業に参加する立場としましては、ゲノム科学の技術、自分たちが持っているゲノム科学の技術で貢献をさせていただくという立場で参加させていただきました。

研究室はゲノムセンター遺伝子グループに所属し、プロジェクトディレクターは林崎でございます。

内容についてですけれども、完全長 cDNA バンク整備事業の目的として、3万種の完全長 cDNA を集める。そのシーケンスを精密に決める。そしてリソースバンクをつくるというのが目的であります。その実施の体制を2枚目にしております。

今回の予算としましては、生研機構からいただくという形になりました。プロジェクトに参加しましたのは農水系の研究所である生物資源研究所、私たち理化学研究所、さらに国際科学財団、ここには松原謙一先生とか村上和雄先生が参加されています。この三者が共同して行くと。つまり、生物資源研究所がイネの組織や、試料を作成し、理化学研究所と国際科学財団はそれぞれが持っているゲノム科学技術を利用してデータとクローンをつくる。それらは、生物資源研究所に集められて解析されるとともにリソースとして整備されるという形です。

プロジェクトを進めるに当たり、年に2回以上の評価委員会が開かれました。評価委員会には東大の榊先生、それから奈良先端大の小笠原先生、かずさ研究所の田畑先生が評価委員となられまして、半年に一遍ぐらいのペースでその時点の成果を評価し、目標の見直し、さらに途中で計画を前倒しすることもこの評価委員会で決定していただきました。また、予算配分額も評価委員会の席で決定されております。

年2回の評価委員会、やる方にとっては非常に厳しいものがあったわけですが、この研究体制がスムーズにうまく働いて次のページに示すように cDNA バンク整備事業が進捗しました。

当初は、平成16年の完成を目標としていましたが、その途中で先ほども話がありましたが、諸外国の研究状況の進展あるいは国際コンソーシアムの研究の加速という状況を見まして、cDNA 事業の方も加速しましょう、前倒ししましょうということで、生研機構や事務方の予算面の苦労もあったかと思いますが、前倒しを実施して今年度の9月、先月ですね、クローンを集めシーケンスを決定するという部分については目標を達成しました。1年以上の前倒しを達成することができました。プロジェクトとしては、今後そのデータを解析し、リソースを整備するという最終段階に入っております。

私たち理研としましては、理研が持っている技術、CAPトラッパー法と呼んでいますが、その技術の特徴を生かして、長いcDNAも収集するという部分で独自の貢献ができたと自負しております。

成果としましては次にまとめてありますが、目標どおりの3万以上のcDNAバンクをつくりました。また、特許を申請しております。これによって、現

在日本は現時点においては世界最大の植物の完全長 cDNA バンクを持っており、中国やアメリカが完全長 cDNA プロジェクトを開始するということを考えているというふうに聞いていますが、まだ実施したものが出ている状態ではないと思いますので、非常にアドバンテージがあると思います。

これらの cDNA のリソースを使えば、先ほどから大川さんが述べられているようなさまざまな研究が可能であると思います。最後にその可能性を列挙いたしました。

ポジショナルキャンディデートアプローチにより、日本が蓄積してきたさまざまな形質を持つ品種を利用して、有用形質を担う遺伝子を見つけることができる。

また、大規模な cDNA リソースを活用する技術が使える。例えば、マイクロアレイや包括的なタンパク相互作用が可能になっていきます。

完全長 cDNA を直接導入することにより、新品種をつくることも技術的に可能です。

また、植物固有のタンパクが持つ 3 次元構造を解析する。つまり、タンパクをつくるのが可能です。

また、ゲノムのデータと組み合わせれば遺伝子発現を制御しているプロモーターの解析も可能になるだろうと思います。これらを通して不良環境に強い遺伝子、病害虫に対する遺伝子、そういう機能性植物としての研究が可能になるであろうと考えています。

(座長) 質疑応答にはいります。

(委員) 大川さんが説明された 2 ページのイネゲノムシミュレーターというのがよくわからない。

(農林水産省説明者) まず、これは、2 つの柱からなっていて、1 つがデータベースの統合化を目指しています。というのは、ゲノムシーケンスあるいは cDNA の配列がいろいろわかって、いわゆるアノテーションといって機能を予測できる情報を付加してバイオロジストにデータ公開していますが、これは現在のやり方ですと、例えば酵母の何とかという酵素に似ていますとか、ヒトの何とかというタンパクに似ていますというところまでなんです。そこから先に行かないんです。

そこから先に行かせるために、例えば今までのデータの蓄積があるので、それをデータベース化して、それに何とか結びつきたいとか、あるいは植物生理学のデータベースをつくって、そこに結びつきたい。つまり、ゲノムの分子レベルから飛び石で何とか実際の植物個体での機能に結びつきたいというので、まずデータベースがないならばデータベースを作りましょ

うというのと、それからそのデータベース間を統合化しようということで、一例ですと例えばXMLによるインターフェースをつくってデータベースとデータベースの間を連携して関連する情報をいろいろなデータベースから一気に引き出せるようにしようとかという、そこが1つの柱です。

もう一つが、いわゆるゲノム解析というのはDNAレベル、cDNA、タンパクレベルというふうに、ばらばらにして全部解析してきたんです。ところが、例えばマイクロアレイでの発現データとプロテオームのデータで実は違いがあるよという話もあったりして、結局、我々は本当にどこまで理解しているのかなという不安がある。

そこで、アナリシス(分析)の逆でシンセシス(合成)をぜひやりたい。そのシンセシスをするによって我々が実際に植物をどこまで理解しているか、何が抜けているかというのが見えてくるだろうと。

そのシンセシスをするに当たってバーチャルイネをいっそ作ろうと。そこでいろいろなシステムごとの理解を深めて、それを組み合わせて、何がやりたいかということ、例えば、今先ほどミュータントパネルという遺伝子破壊系統の話がありましたけれども、実はあれである遺伝子がやられても、見た目が全然かわらないのがたくさんあるんです。

一体何が変わっているのかというときに調べるのに、例えばある遺伝子がやられたら中の代謝系がこう変わりますよとか、何かが溜まってきますよという、そういう情報が得られれば、そこを見ればいいだろうと。そうすると、ある遺伝子を壊した場合はこうなりますよというシミュレーションをやる。例えば、代謝のシミュレーションとか、あるいはシグナル伝達の途中をロックアウトすると、そこからどこか脇道へ行ってどうなるかとか、そのシミュレーションをやって仮説をコンピュータに出させたいんですよね。そうすると、研究者はその仮説を見て検証するということです。

それで、やってみて実はその仮説がとんでもなければ、今コンピュータに入れているモデルが正しくないんですよ。だから、ドライの実験とウェットな実験が多分行ったり来たりをすることによって我々は割と効率的に生き物をトータルで理解できるだろうと思っています。

シミュレーターのシステムができたなら何ができるかということ、先ほど話したように、破壊系統で何が起こるか、あるいは外からある遺伝子を入れて、それを過剰に発現させたら何が起こるかとか、あるいはある形質のある品種に入れたいのに、どの組み合わせでやったら一番よさそうかとか、そういうゲノムが持つ機能のいろいろな側面をシミュレートさせたい。

遺伝子が転写されてタンパク質が合成されて、そのタンパク質がこういう構造になっているというのを全部やっているとしたらスパコンが何台あっても

足りない。そのため、今可能なのは自分たちが興味あるところだけを詳しく行ない、その前後はブラックボックスによるというのが多分一番現実的です。

そのため、例えば代謝のシミュレーションは今できつつある。しかし、他の場合は、データがないところが多い。例えば、転写プロセスのモデルは非常に難しい。ファージの系ぐらいしかない。そうすると、それじゃ真核生物の転写調節の簡単なやつでもいいから定量的なデータを集めたいというので、そういうインビトロバイラス系というのをつくった慶応の柳川先生に少しそういう実験をやっていただくとか、それからシミュレーションをやる上でやはり組織細胞内で代謝中間体がどうダイナミックに変わっているかという情報も非常に重要になる。というのはマイクロアレイによる、トランスクリプトームその後プロテオームがあって、そこまでしか今止まっていますけれども、実はそのできたタンパク質が何か酵素反応をやっているから形質が出るわけです。だから、メタローム解析もやはり必要になるだろう。

ところが、今その技術はまだ確立されたとは言いがたい。そうすると、技術開発もお願いしたいということでそういうのもあります。

そのため、シミュレーターの開発という名前なんですが、実は技術開発も含んでいます。それで、目的とするのは今お話ししたようにコンピュータの中に植物を再現して、そこでいろいろなドライでの実験をやって、そして仮説を出させて、それがいろいろな研究者の役に立つようにしたいというのがねらいです。

(委員) そうすると、シミュレーターという部分は全体の主な手法としてはコンピュータだが、そこに入れるデータもここに入っているわけですか、シミュレーターの開発で。

(農林水産省説明者) データを集める部分も入っています。つまり、ゲノムのデータとしては実は記述的なものが多いんです。定性的なものです。シミュレーションをやるためにはかなり定量性が求められるので、そうすると改めてデータづくりをし直さなきゃならない部分も生じるので、その部分は入れます。今までのデータで使えるものは使います。

(委員) 15ページのイネゲノムリソースセンターの整備。ここでね、マイクロアレイの配布と解析サポート、オープンラボ、これはどういう意味ですか。

(農林水産省説明者) これは、外に対してということではなくて、イネゲノムプロジェクトの中で重要形質なりいろいろな遺伝子の機能解明を行なう。そういうときに、マイクロアレイを使うという場面が必ず生じてきますので、そこ

についてサポートをしていくという意味です。

外に関しては、実は我々まだこれは考えている段階ですけども、できましたら完全長 cDNA のコンテンツを使って企業とタイアップしてマイクロアレイを開発して、それは外に向けて販売なり使っていただくようにしていきたいというふうに考えております。

(委員) それと関連しますが、結局特許を取るとおっしゃっていますね。だれがどのように取るんですか。公表した後でいずれやると言っていたら、どんどん取られますよ。

(農林水産省説明者) 完全長 cDNA に関しては、公開前に申請しております。

(委員) 配列そのものをですか。

(農林水産省説明者) 完全長 cDNA は 3 万種類のうちですね、まず 1 万 5 千がそろった段階で論文発表しようということで準備を始めていまして、そのときに論文が出てしまうといろいろなデータベースに入っているデータもオープンになる。そこで完全長 cDNA をどんどん利用する研究を進めるにしても、やはり数が数ですので、そこで完全長 cDNA、その時点でわかっているアノテーションをつけて、そして出願をしようということになりまして、その後さらに 1 万 5 千でなくてもう 1 万 3 千を加えて、2 万 8 千で論文まとめようという話になりましたので、その時点でのアノテーションをつけて出願を一応しております。

これはアノテーションをつけるというのは、ある程度機能が推測できるという状況証拠なわけですね。ですから、後になって例えば実際にいろいろな組換え技術を使って別の人が出願をしたときに、私たちは既に出願をしている時点でこの機能についてはここまで推測していたと。したがって、後になって出願した人の利用法というのは当然予測し得る範囲であるということで押さえることができるんじゃないかと期待している。

もちろんそれだけではなくて、個別に研究者にクローンを提供しますので、そこで実際にもっと詳細な機能解析はやって、その成果として個別にまた利用法として出願します。

(委員) 僕ら部外者によくわからないような、いろいろなところからデータもらっていますよね。

(農林水産省説明者) この場合ですか。

(委員) いえ、ゲノム解析のシンジェンタとか、そういうのも絡んでいるのに特許を取得することができるんですか。

(農林水産省説明者) コード領域がどの部分かというのは、実際に完全長 cDNA が一番正確です。ゲノムシーケンスの場合は、いろいろなインフ

オマティクスを使えば予測はし得るが、とにかく完全長 c D N A の情報そのものが一番正確です。

(委員) それから、ゲノム情報を企業からもらってあとで問題にならないのですか。

(農林水産省説明者) 塩基配列のみですから、普通 c D N A の特許は引っかかりません。

(委員) ちょっとそれに関連して、シンジェンタのゲノム情報とモンサントの情報とかいろいろある。結局、いかにも農水省がやったように言っていますけれども、結局継ぎはぎですよ。そのデータベースの現状、それから知的財産権。それから、それに基づいて何らかの研究成果を出したときの取り扱いの規定などを教えていただけませんか。

(農林水産省説明者) モンサントデータに関しては、国際コンソーシアムのデータに貼り付けた後、国際コンソーシアムガイドラインのレベルに到達すれば公開してよいとの契約になっています。

(委員) それは P h a s e 2 のレベルをお考えですか。

(農林水産省説明者) P h a s e 2 以上です。我々のガイドラインでは 9 9 . 9 9 % の精度です。

ゲノム塩基配列ということでは、パテントの申請はしませんので。

(委員) ですよ。

(農林水産省説明者) 機能解明段階でそのことについては自由です。

それから、シンジェンタ社についても全く同様です。シンジェンタ社はモンサント社と我々の契約条件に従って契約条件を作成したのです。ですから、モンサントあるいはシンジェンタのデータを受け入れたことで我々が不利を被ることは一切ありません。

(委員) シンジェンタにこっちから見返り何かあるんですか。

(農林水産省説明者) 何もありません。

(委員) 一方的にもらうんですか。

(農林水産省説明者) 何もありません。モンサントも同様です。この内容で契約をしています。

(委員) データの内容についてちょっとご紹介していただけないですか。

(農林水産省説明者) モンサント社は、バックバイバック法でやっていますので、3, 0 0 0 幾つかの彼らがイネゲノム上に並べたと称する B A C すべての、いわゆるトレースファイルと B A C クローンそのものをもらっています。

これは、モンサント社と個別に契約を交わした国際コンソーシアムメンバーについて私ども日本が責任を持って配布するということです。

ただ、クローンにつきましては、モンサント社が管理しておりまして、情報は我々、クローンはモンサント社が配布しています。

シンジェンタ社につきましては、彼らはホールゲノムショットガン法なので、クローンといったものはありません。情報のみです。情報のトレースファイルが来ております。これは相当莫大な量です。

(委員) 今どこまでインテグレートされていますか。シンジェンタ社がやったデータがありますよね。それで片一方、Phase 2 が年内に終わると言っていますよね。

(農林水産省説明者) 実際には、現段階では、ある意味では必要ないです。我々はすべて独自でやれます。

(委員) 今回のデータベースは独自のデータで。

(農林水産省説明者) もちろんそうです。シンジェンタ社については当然我々が全くやっていないところをそのままシンジェンタ社のデータを公開するわけにはいきませんから、それについては最低50%我々のデータを付け足した後で出していくという条件になっています。

実際の話を上申しますと、我々の仕事は進んでいますので、データを現在ほとんど使っていません。内容について申し上げますと、世間ではシンジェンタ社が完成した、あるいはBGIが完成したとっておりますが、あれは実際に詳細に検討しますと、シンジェンタのデータのうち、正しく染色体に貼り付けられているのは60%しかありません。ある染色体では40%です。我々は正しいマーカーをすべて持っているので、調べると、世間とはちょっと評価が違ってきます。

それから、BGIについてはこれ以下の品質です。ゲノム上での配列データは穴だらけでして、我々はちょっと利用することもできないような状態です。

モンサント社及びシンジェンタ社との権利関係につきましては、先ほど申し上げましたようにゲノムシーケンスに限れば何もありません。

(委員) アノテーションだけで特許は出ますか。

(農林水産省説明者) 完全長のですか。

(農林水産省説明者) まず第一に、私たちがねらったのは、まず新規物質としての権利。これは今まで先ほどお話ししたように、予測はできても実際にそういうものが存在するという証拠がないので、したがってその約3万弱のクローンについては新規物質としての権利を主張できると。

これはいかなる利用法がその後見つかるうとも、我々の権利が及ぶわけですね。もちろん産業上の有用性を出さないと意味がないので、そこでは例えば植物に組み込んで新たな形質を付与するとか、いろいろなことを書

き込んであるんですが、利用法の主たるものはアノテーションです。おっしゃるとおり。

それで取れるかどうかというのは、実は日本では多分取れないと思っています。ただ、アメリカではインフォマティクスの状況証拠で取れている例も幾つか出始めていますので、可能性はあると思います。

(委員) 日本とヨーロッパは。

(農林水産省説明者) 日本とヨーロッパは無理だろうと思っています。

(委員) アメリカの場合にはどこまで取れるのか。

(農林水産省説明者) 我々も全部は難しいと思っています。ですから、実際に審査に入るところで多分分割をせよと来た場合に、こちらとしては一番状況証拠、つまりそのころまでに例えばマイクロアレイのデータとかプロテオームのデータとかがそろってくれば、それを選んでそっちから審査をしてもらうということも考えたいと思いますが、おっしゃるとおり今の段階では非常に厳しい。

(委員) 公募と非公募の割合が予算上ではどれぐらいになるのでしょうか。

(農林水産省説明者) それは5ページのところを見ていただきたいんですが……。

(委員) 5ですか、6ですか。

(農林水産省説明者) 5です。5ページのところの重要形質関連遺伝子の機能解明と、それから種間・属間比較研究、この2つを新たに公募ということを考えております。その金額に関しましては、3ページにありますように、合計で34億円という金額です。

(委員) 合計で34億円ですね。

(農林水産省説明者) はい。全体の3分の1です。

(委員) それから、先ほどの特許の関係もあるんですが、例えば出願とかいう費用はこの中に織り込まれているわけですが、かなりの額が必要だろうと思うんですけども。

(農林水産省説明者) これは生物研に来た交付金でやっています。

(委員) 別にあるんですか。

(農林水産省説明者) はい、別です。それから、あと完全長cDNAにつきましては、これは生研機構と理研とそれから国際科学振興財団と生物研の負担でやっています。

(委員) それから、17ページの右上に特許出願50件とありますが、この中でライセンスが成立しているのはどれぐらいあるのでしょうか。

最近、総合科学技術会議の議論でも、もう特許では問題にならんと。それが大事だということが随時に話が出ているので、ちょっと伺いたい。

(農林水産省説明者)これはちょっと古い、まだ7月の時点のデータなんですけど、特許として成立しているのは今のところまだ3件。

(委員)3件、ライセンス。

(農林水産省説明者)はい、3件です。

(委員)特許として成立でしょ。

(農林水産省説明者)ライセンスの方は実施はまだない。

(委員)それからですね、もう一つ、18ページに国際戦略というようなことが書いてありますが、中国がインディカで相当なことをやりそうなことは当然見えているわけですけども、対中国戦略はどういうふうにお考えですか。

(農林水産省説明者)そこはつい最近、中国に先週まで行ってこられた佐々木さんの方から現状をまとめて報告します。

(農林水産省説明者)私も会議で見聞したり、あるいは個人的なコネクションで状況を見ているんですが、中国も多分今年度というか、最近、近々ですね、イネファンクショナル・ジェノミックスをスタートさせたということなんです。

その中ではもちろんインディカをターゲットにするんですが、あくまでもスタンダードとしては正確なゲノム配列が完成した「日本晴」のシーケンスを使うということはアナウンスして、93-11のインディカ種のデータは基準としては使わない。BGIのデータは穴が多過ぎて使えないので、あくまでも国際コンソーシアムのデータを基準に利用します。

その他は、いわゆる遺伝子破壊系とかをそろえる計画のようですが、まだ多分今週そのミーティングを1週間、武漢でやっているんだと思いますが、そういう状況です。

(委員)思い切って徹底的に組むという戦略はどうですか。

(農林水産省説明者)それは可能だと思いますけれども、それは中国に限らず、我が国のイネのゲノムリソースはあらゆるところから実はねらわれていまして、どういう戦略でやるかというのは技術会議を中心としてもうちょっときちんとやらないといけない、個人の研究者レベルでやるということではないと思います。

(委員)要するに、そういう方向で考えようということは。

(農林水産省説明者)それは可能、ここに書いてあるとおりですね。ですから、イネの食糧としての重要性を考えれば、開発国への一種の貢献ですね。その部分とそれからもっと別の、いわゆるシーケンスも絡んでの共同研究だと思います。この2つを容易に合わせることができず、なかなかその仕分けが難しいなと思います。

(委員) それに関連して、そのBGIのヤン先生にインタビューを先月やっていて、要するに彼らのインディカのゲノムデータとジャポニカを比べると60%ぐらいしか、要するにインディカとジャポニカは共通していないと。彼らのデータですよ。だから、それを今、肥後さんおっしゃったように、あるいは佐々木さんがおっしゃったようにデータそのものが怪しければしょうがないです。

(農林水産省説明者) それは彼らも認めています。彼らも中国今話が出たファンクショナルジェノミクスと同じ年度に予算獲得のための申請をしまして、インディカ種「93-11」のデータをリファインしていきたいということは提案している。BGIに今回の段階でいろいろな人が見学に行ったんですけれども、シーケンサー全部休憩中であると聞いています。

(委員) 僕も見てきました。それで、彼らが今やっているのは抗州の方の研究所の方に拡充をして、そこに70台そろえています。BGIの方は30台。

(農林水産省説明者) 動かすあてがないというのが事実です。ですから、先ほど申し上げましたように、いずれにしてもきちんとした下敷きの塩基配列がないと、それがありさえすれば93-11のシーケンスだって、それから中国がもう一つ上海のグループがやっている別のデータもかぶせていって、本当に今おっしゃったように何%似ているかということがわかると思います。

先ほどちょっと紹介ありましたが、我々の第一染色体の論文と同時に4番染色体の論文が出ます。近々出ると思いますけれども、そこではしっかり比較しておりますので、それをごらんになればもっと正確な情報が得られると思います。

(委員) その正確性について、ちょっとお尋ねしたいんですけれども、例えば応用研究を考えたときに、どこまで正確にゲノムをやるのが真なのかというのが、実はよくわからない。

例えば、文部科学省がやれば、今おっしゃったように学術的な意味で押し通すことはできるだろうと思いますけれども、農水省ってやはりアプライドサイエンスだと僕はちょっと勝手に思っている、期待しているところがあって、それではどこまで雑にやってと言っちゃ申しわけないんですけれども、Phase 1、Phase 2、Phase 3のデータで、Phase 2のデータでもうやめてPhase 3はやらないという考え方もできると思うんですけども。

(農林水産省説明者) お言葉返すようですが、我々は独立行政法人になり

ましたので、必ずしも農水省の方針だけでやるんじゃないくて、ここにも書いてありますが、あくまでも植物科学に貢献するというポイントも非常に高く考えていますので、Phase 2でやめてしまいますと、これはある意味で虫食いで終わってしまうんです。だれもその次やれないんです。そうすると、文部科学省の方がやるかどうか知りませんが、だれもできない。世界でだれもできない。ですから、世界から完全解読に向けてぜひ日本中心にさらに行ってくださいと言われていたわけなんです。そうすることによって世界に広く多く存在している多くの品種あるいは元になった野生種、その中の遺伝情報がすべてわかっていくことになっていきます。それらが非常に期待されているわけで、我々はあくまでもゴールドスタンダードは完成していく予定です。

それによって、その次のステップの正確性、それは育種について言えば、今までは目で見る育種であったのが、そこにゲノムが入ってきてある程度正確性と再現性ができるわけです。さらにその上にもう少し正確なシーケンスを持って本当に間違いのない育種をやりたいというのが基本認識としてあります。

(農林水産省説明者) ちょっと1つだけ、済みません。誤解があるかと思うんですけども、イネゲノムプロジェクトといいますのは、確かに農水省が予算を取ってきてやっていますけれども、これはあくまで国家プロジェクトという位置づけです。

ですから、今言われましたようにアプライドだけではなくて、今回重要形質について、実は総括リーダーを名古屋大の松岡先生にお願いするというような話を進めていますけれども、実はこれは文科省とも話をしながら、文科省ではこの部分どうしても予算取れないんで、農水省として予算は出すと。

ただし、そこは学問的にもきちっとやると。

(委員) わかりました。ただ、松岡さんは農水省出身ではありますよね。

(農林水産省説明者) それは確かにそうです。

(委員) それよりも、ちゃんとやりたいのはPhase 2からPhase 3に関して必要だとおっしゃることは、もうちょっとお話を伺いたいんですね。要するに、Phase 3にそのレベルを上げることによってPhase 2のレベルを使って、例えばファンクショナルジェノミクスをすることとは何が違う、質的な何が違う。

(農林水産省説明者) Phase 2というのは明らかにまだ抜けている部分があるんです。ですから、Phase 2でつかみ切れない遺伝子というのは相当存在する。

(委員) どれくらい存在するんですか。

(農林水産省説明者) それはわかりません。Phase 2 というのは穴が幾つあるかによって違ってきます。Phase 2 というのは、あくまで定義としては、ギャップは幾つあってもいいんです。そのギャップを埋めるクローンが存在しさえすればいいわけです。ギャップを埋めるクローンの解析は現在、まだ終わっていませんので最終的にどのくらいギャップに遺伝子があるのかわかりません。

ただ、我々の、担当部分を見ますと平均ギャップが3つから4つぐらい。ですから、そこには数キロベース掛ける幾つという形で残っているイネの遺伝子が存在するわけです。

(委員) そうすると、99.99%で驚いちゃいけない。

(農林水産省説明者) それは精度です。

(委員) 国際コンソーシアムのデータは結構まだまだであるということですか。

(農林水産省説明者) いや、どういうふうに言えばいいんでしょうか。例えば1番染色体について言いますと、まず物理地図のレベルの完成度を考えなければなりません。これについてはセントロメア含めて、現在ギャップが8つあります。そのギャップの長さはすべてFISH法ではかっておりますけれども、ここについては我々手持ちのライブラリの中から今のところ見つけることできません。

ウォーキング法で探させていますけれども、なかなか見つからない。それに加えて、並べられている個々のBACのクローンで読めていない部分がおっしゃられたように平均3つから4つあるというのが現実です。

ですから、そこには読め切れていない遺伝子が存在することは事実です。それはやっぱり読みたいと。

(委員) わかりました。

(委員) セントロメアとテロメアにもあると考えるんですか。

(農林水産省説明者) セントロメアはそのものに遺伝子があるかどうか別問題として、イネの場合にセントロメアのサイズを12本にわたって最近FISH法で測定したデータが出ました。それによりますと、最長の染色体が第11番、これが1.9メガベース、最短の染色体が第8番染色体、これは80キロベース、非常に幅がございます。これはアラビドプシスでの場合と非常に違ってきます。アラビドプシスで非常に大きくて2から3メガベースです。

染色体の役割というのは当然ご存じでしょうけれども、遺伝子が存在するかというのは別として、実際細胞維持の基本要素になっていますね。複

製とか、そういうところで非常に重要な役割を果たしているわけですが、これまであらゆる生物でセントロメアの構造そのものを完全に読んだ話というのはないわけで、これについてはイネは非常に有利な材料だと思います。

テロメアにつきましては、我々が配列解析をやっております「日本晴」では、これもFISH法での推定ですが、平均100キロベースだというふうに使われています。インディカ種はこれより長いというふうに使われています。

ですから、「日本晴」の場合はセントロメアやテロメアの研究に適しています。テロメアについては、役割とか構造を調べた人はいないので、これについてもぜひチャレンジしたいと思っています。

(委員) もう一つだけ確認させてもらいたい。シンジェンタのデータと比べても。

(農林水産省説明者) ありません。我々のデータが穴のところはシンジェンタのデータもありません。当たり前といえば当たり前です。

(委員) それはそうです。

(座長) 時間が短くなってきましたので、育種の佐野先生。

(委員) 1つわからないところで、1つお聞きしたいんですけども、時間もありませんから簡単に。

ゲノムリソースの中にはバイオリソースも入るんですか、将来的には。

(農林水産省説明者) バイオリソースのどういうイメージですか。

(委員) 実験系統としての生き物です。

(農林水産省説明者) 生き物と申しますと種子ですか。

(委員) 生物。DNA等の物質ではなく、生物の系統のことです

(農林水産省説明者) イネゲノムリソースセンターは、我々がかかわっているイネゲノムの成果物とかあるいはそのために開発されたが研究材料を考えています。

(委員) 生き物としての実験生物系統も入ってですか。

(農林水産省説明者) 生物というのはイネの種子という意味ならば。

(農林水産省説明者) ちょっとイメージが違うような気がするんですけども、例えば遺伝研で集めておられるような野生種をイメージしておられるのでしょうか。

(委員) それはちょっとバイオリソースの方のミュータントパネルの実験系統だとか。

(農林水産省説明者) それは入ります。

(委員) いろいろな突然変異系統だとか。

(農林水産省説明者)入ります。

(委員)それではちょっとバイオリソースの方と完全にダブってしまうのではないのでしょうか。

(農林水産省)それについては、ちょっとご説明いたしますけれども、農水省のDNAバンクと事業と、それから今までの種子のバンクとそれから今度ゲノムリソースセンターとあります。

ゲノムリソースセンターで扱うのは、あくまでMTA契約を結んで、そして使っていただくといったものです。ほかのいわゆるジーンバンクとしての遺伝子源としての種子あるいはシーケンスのBAC/PACのクローン、これについてはここには含まれません。そういう仕分けをしております。

ですから、ここで扱うのは完全長cDNAあるいはミュータントパネル、そして置換系統とか、こういったものを扱うということです。

(委員)生物が入ってくると生物の大きな別のセクションがあるので、その辺の境目が。今後問題とはなりませんか

(農林水産省説明者)生物のセクションというのはどういう意味でしょう。

(委員)生物の実験系統の保存のいわゆるナショナルバイオリソースだとか、そういうようなところでイネ関連グループ官の調整が不明瞭な気がいたしますが。

(委員)ちょっといいですか。総合科学技術会議としては、バイオリソースをどういうふうに検討していくのかというのは議論をしているところなんです。各省がそれぞれの省の目的でいろいろなバイオリソースを持っておられる。その間の連絡会議がやっとできたということで、まだまだ問題点は多いので、これからどういうふうにして国のバイオリソース全体を統括していった情報を公開するか、そういうことの議論をこれからはしないといけないところです。

だから、いずれそうなってくると、今度のイネのリソースセンターもその一環としてどういう位置づけをするのか問題になってくると思うんですが、今のところはまだそれぞれの省がそれぞれのリソースを管理しているわけです。省庁間の連絡会議で必要があれば意見を交換するという段階しか出ておりません。

最近、文部科学省はバイオリソースプロジェクトを打ち出して、全国の主要な研究者を集めてプロジェクト会合を始めています。ここにはイネは多分入っていないと思います。植物はアラビドプシスは入っています。かなり広いバイオリソースのプロジェクトがスタートして、これは国としてはやっぱりきちっと守っていかないといけない遺伝資源で、非常に重要に

なってくると思いますので、そういう点でまたこちらの方の議論が進めば農水の方々とも相談をして、どういうふうにこのイネのバイオリソースを位置づけていくのか考えないといけないと思います。今の時点はそういうところです。

(農林水産省説明者) 農水省はこれまでも種子を、苗、動物、微生物、いわゆる遺伝子バンクというのを持っています。これ数十年の歴史を持っていて、日本でも相当大きな部署になっている。それとは別に、それは自由に配布するというのが基本になっているわけですがけれども、今回のこのリソースセンターは、研究の成果をそこに完全長cDNAというレベルについてMTA契約を結んでやるということでございますので、ちょっとどうでしょうか。

(座長) ありがとうございます。どうぞ。

(委員) 生産力だけでなく技術力、知的財産権で世界をリードする、本当にこうあってほしいと思っているんですが、特許が成立しないという可能性はどのくらいあって、その場合にはどういうふうにするとお考えになっていらっしゃるのかということを一言簡単に教えていただきたいのと、もう一つは13ページの重要形質が幾つか書いてあるんですが、この中のどれに一番力を入れてやっていかれるのかということをお教え下さい。

これは非常に政治的なことが絡んでくると思うので、なかなか研究所レベルだけではいかないことだと思います。ちょっとその辺を。

(農林水産省説明者) 特許につきましては、ご指摘のように成立しないということは非常に考えられることでございます。一つ、先ほど完全長cDNAでも非常に大量に出しているということがありましたけれども、ある意味では防衛特許的なところがあります。

要するに、海外にそここのところを押さえられて、そして我々が品種改良なりに使えなくなるということは最低限避けたい、そういう意味で出している部分もあります。

(委員) それを使って個別特許を出されてしまうということは。

(農林水産省説明者) 既にこちらが出しているということですから、もう公知の事実になりますので、そこで押さえられるという防衛的な意味があるということです。

(委員) やっぱりアノテーションの努力でということがかぎになるということですか。

(農林水産省説明者) かぎになるということです。

それから、もう1点の13ページの5つということですが、実は我々としてはすべてやっていきたいというふうには考えているんですが、実は公募

をかけますので、そしてどれくらいの力のある研究者が集まってくるかというところに逆に実はかかってきておるんです。ですから……。

(委員)なぜそういう質問をしたかということ、これは文部省のグラントと違って、戦略が必要です。cDNAは、林崎先生がやられたからこれだけ進んだのであって、幾らお金をつぎ込んでも人材がいなければうまくいかないのだと思いますね。

ですから、やっぱりそういう人材を見てお金を投じなくてはいけないプロジェクトだと思うのです。その辺、本当に日本に人材がいるのかということについてはどうなのでしょう。

(農林水産省説明者)ですから、今回広く公募したのは、アラビドプシスの研究者にもイネにきてほしいというところがあります。

要するに、この金をとってアラビドプシスの研究をされるんじゃないと思いますけれども、イネの機能解明の研究を本当にしっかりやってくれる研究者であればそういう人は取り込みたいと、そういう意気込みで我々は実は公募をかけています。

ですから、ちょっと答えになっていないのですが、どこに実際に資金が投入されるのかというのは、ある意味今後の結果次第です。

(事務局)じゃ、ちょっと時間もあれです。

(座長)それでは、どうもありがとうございました。これから少し私どもで検討させていただきます。どうもありがとうございます。

農水省他退出

(事務局)もう一度、資料3にリファしていただきまして、例えば問題点とか論点がどういうところにあるか。

それから、さらに追加で聞きたいこと、検討すべきことは何かというようなことをご議論いただければ。ご意見を出していただければ、あとまとめは事務局も働きますので。

(委員)ご意見をいただく前に、ちょっとご説明申し上げたいと思います。

実は、このイネゲノムを取り上げたのは、1つは金額が大きい。およそ年間100億、全部で500億に近いということがあるわけです。

もう一つは、経済活性化プロジェクトとして出てきているんですね。ところが、内容を見るとイネゲノムのすべてみたいな感じであって、シミュレーターからPhase3のシーケンス、全部あるんですね。だから、それで果たしていいのかどうなのか。これが、ベーシックサイエンスなら、それはすべてやった方がいいというのはよくわかるんですが、こういうプロジェクトとしてどうなのか、そういう視点もぜひご意見いただきたい。

それから、今までは種間・属間比較にはコムギは入っていなかったんで

すよ。インディカとそれからコシヒカリを比較するということがあったんですが、しかし、これからの世界の食糧問題考えると、せっかくここでどんどん遺伝子をつかまえてきたのなら、当然コムギとかトウモロコシとか他の穀物の方へ発展させる必要があるだろうと考えます。

その辺がこの計画で十分かどうかということも問題になると思うんです。そのあたり、ここで先生方にご議論いただくことにいたしましたので、そういうことも念頭に置きながら議論をいただければと思います。

(委員) さっきから聞いていますと、結局は研究をやるんだ。これが大事だと。だから、たくさんの資金を使うという意識は余りないみたいで、特許をきちんと取って、少しでも国民に還元しようという視点は見えませんね。その辺、非常に気になります。特許は、とにかく出しておけばブロックできる、そんな甘いものじゃないでしょ。海外のグループは日本側に本物のデータを教えたのかと疑う必要があるくらい彼らはしたたかですからね。

僕らも苦い経験があるのですよ、和田先生同様なんですけれども、昔制限酵素に関して、もう特許出すのはやめましょうと。うちはやめたんです。そしたら海外グループはごうごうと出していた。海外のグループの中に、そういうことを平気でやるところがあります。その辺余り正直な研究者だけの言うことを聞いていいのかなと思います。

(座長) なるほど。

(委員) 僕はちょっと逆で、かつて企業にいましたから遺伝子の特許をどうしようもないというところが一部であったりするわけで、もちろん制限酵素みたいなのがあれですけれども、イネの遺伝子の特許がどこまで役に立つかというのは結構いい加減なところがあるので、随分出しましたけどね、会社の金使って。

だから、例えば農水省の大川さんの使った絵でいうと、一番最後の方です、社会的とか18ページですか、この辺をどういうふうについているか、国益という意味で特許というか、非常に日本の立っている立場というのが、当然アメリカとかヨーロッパ、それから中国が台頭してきましたけれども、そういう権利を使ったり使われたりという、そういう戦いの中で戦っている部分と、それから、例えばベトナムの百姓が豊かになってくれたら日立のテレビがいっぱい売れると、そういう国益をどういうふうに見るかというあたりのね、微妙に揺れてくると思うのですね。

(委員) 中国製のテレビではないのですか。

(座長) そうですよ。

(委員) だけど、これはだからそういうグローアップしたおじさんたちだ

けの戦いの中で物を考えるか、それともそういうところまで含めて考えるかということについて、ただデータというのは流れていっちゃうので、特許みたいな形でがちがちになんぼといった世界を想定するかというあたりで結論がずれてくると思うのです。そこはちょっと私自身は結論がないんですけれども、農水省の人ともうちょっと議論をした方が。

農水だと半分以上が国民、農民省のところがあるので、国際視点というのをどのくらいまで考えているのか。

(委員) イネはやっぱり最大の作物でインパクトが世界に物すごく大きいですよ。それを競争に勝つというのが前提という考えも理解できますけれど、そのゲノム情報や成果は、やっぱり開発途上国に対して大きなインパクトがあり、国際貢献をどういう形で進められるか。

先進国に対する競争だけではなくて、開発途上国に対する貢献だとか、そのインパクトの方がはるかに、いずれは大きな問題になるだろうと予想できる、多分イネの場合は。

(座長) 私も同じようなことを思います。それで、やっぱり国家戦略として本当哲学ですよ。この日本はこれもやるのだというような、そういう視点を含めた形でこのプロジェクトを進めないと、何か非常にあいまいな形になってくるのじゃないかなというふうに。

どうぞ。

(委員) まさにおっしゃるように、日本がいわゆるイネカードをどう切っていくか、中国に対して。イネカードという私言葉を使ってもいいと思うんです、はっきりね。そこがはっきりしない。

それから、イネゲノムシミュレーターというのは、先ほどのご説明だといろいろな研究者から代謝のデータを集めてやる。これは言うは易く、絶対に無理です。これはもうばらまきになっちゃいます、完全に。これはちょっと気をつけてもらいたいと思います。

それから、やっぱりイネカードの基礎にあるのは日本が持っているイネのcDNAカードです。ですから、cDNAカード、イネカードというカードをいかにうまく切っていくかということですね、世界を相手に殴り合いをやっていらっしゃる加藤さんあたりにその辺の厳しさも伺いながら。

(委員) 先生のおっしゃるとおりで、開放すべきものですね。しかし、特許を押さえずに開放すればひどいことになるんですよ。例えばスタンフォードの遺伝子組み換えに関する基本的な特許に対して、日本の企業はロイヤルティを支払っていました。現在は、この特許権利の期間が終了しましたが。このように、基本的権利を日本で押さえなければ、人に使わせないという企業が、結構世界にあるんですよ。

だから、せっかく国費を投じてやる限り、網羅的なものはちょっと問題あると思うんですけども、ここここは押さえますというところがないと。

(委員) そういう意味では、黒田さんが質問した重点はどこかというあたりで、その辺で一番大事なところを。

(座長) 非常に大事ですよ。

(委員) それもそうですけれども、これの前にイネゲノムの評価委員をやっていたのでよくわかるのだけれども、全部ほとんど延長線上にあるのです。そのまま水膨れしているわけ。だから、シンジェンタに負けたあるいはモンサントショックみたいなことで焼け太りしているわけです。

これって、完全な公務員の法則で、何か失敗すると焼け太るんですよ。だから、もうちょっとこれ本当の意味のリストラクチャリングをやるべきで、そのためには皆さん議論しているような根本的な国家戦略に基づいてやるということが1つと、それから今日聞かなかったですけども、これ運営できないですよ、これ。

今おっしゃったように、特許の出願する、あるいはしないという判断をじゃどこがやるのかとか、そういうのって全くないし、それからもう一つ言えば、cDNAもそうですし、ゲノムも負けたら追いつけるじゃないですか。何なんですか、これは。だから、そういう意味ではもっと戦略的にこれはほかの競争条件がどういうのがあって、自分が今負けてしまうんじゃないかということをもっとあらかじめ知った上で予算措置を組めないかどうか。

だから、今のやり方をやっているのと過去の公共事業と同じで、堤防が決壊したから立派になっていくという。それでやっている、知的資本主義の競争では1番しか勝てないですから、どんなに2番目に堤防は大きく見えても、1番の特許にロイヤリティは払わなきゃいけないという、だからそもそもこのプロジェクトのマネジメントシステムそのものに重大な欠陥があると思います。

(委員) 同じ人がやっているというか、ゲノムに関しては井村先生も前におっしゃったけれども、海外でやるというのもうちは大丈夫、昔からやっていたというなかなか腰を上げてくれなかった。

(委員) 僕なんか評価委員で高浪先生もずっとこのままじゃ負ける負けると言っていたのに、手づくりのようにシーケンス。

(委員) そうそう、で、慌てて三交替にしたのであそこまでできたわけですね。でも、できるのはやっぱり理研が入ったからなのですよ。

(委員) それもありますし。cDNAはよかったですよね。

(委員) cDNAはよかったですか。でも、シーケンス追いついたのも理研のヒューマン・ゲノムプロジェクトが終わったから、そのリソースで使ったからこれだけね。

(委員)ただ、モンサントのBACをもらったから。

(委員)もらったということもありますよね。

(委員)はっきり言ってそれですよ。

(委員)だから、自分たちが何とかとおっしゃるけれども、裏を知っていると同じことが起きないように願いますと言いたくなってしまうということなのです。

(委員) cDNAの報告が出ていますけれども、これぐらいになると理研と国際科学財団というのが両方入っていますが、国際科学財団というのは完全に農水省の息のかかったところで、余り立派なことをやっていません、はっきり言って。ですから、今度の、よほど使う先を締めないといろいろ。

(委員) 2つは要らんと私言ったんですよ。結局、両方が同じようにイネのcDNAをやるわけで。

(委員)全く無駄なのです。

(委員)だから、理研でいいじゃないのと言ったのだけれども、先ほどから議論にありますように、やっぱり今まで60億ぐらいだったものがまた今度それを100億に増やしてきた。そして、イネゲノムのすべてみたいな形で出てきているけれども、国家プロジェクトですし、しかも経済活性化という意味も含めるのなら、やっぱり重点は明確にしないといけないのじゃないだろうかというふうに思いますので、その辺をいろいろご意見いただいていかないと、広げても結局薄まってしまって、余りよくないのじゃないだろうかという気はするのです。

(委員)それで、遺伝子幾つとか特許幾つとかいうふうに書いてありますけれども、そうじゃなくて、さっき黒田さんがおっしゃったように、最後のやると言っている幾つかの機能がありますね。それをやるんだと言って1つでもいいから。明確にしてやる。

(委員)それで公募しているから待っていますなんて、そんなのないと思うのですよね。やっぱりこの人がいるからこの人に声をかけたいというぐらいのことがなければいけない、国家的に負けると思っているから。

(委員)もう一つ、これ大きな矛盾があるのは、彼ら本気で遺伝子組換えのイネが日本の農業を救うと思っていないのではないですか。少なくとも、もしやるとしたら遺伝子組換えのイネのほ場試験とか、あるいはそのモニタリングの方法とか、あるいは市民とどうやってそれを普及させていくかということに関して、もうちょっと5%か10%ぐらいの費用が必要だ

と思うけれども、余りないんですよ。

(座長) 視点がないんですよ。

(委員) となるとですよ、特許100件押さえてもクロッシングで移された場合には、その特許意味ないですよ。

(委員) これは出していたね、しかし。

(事務局) 農水省はGMOの国民理解を6つとか8つ、5億円。

(委員) これ自体は2つあって、遺伝子を取って何か使うと。例えば、それをコムギに入れたりというのと、遺伝子組換えじゃなくて、マーカーとして入れるという、それ両方にらんでいるわけですけども。ですから、マーカーとして入れて確保できたということになると、おめでとうで終わっちゃうのですね。

(委員) 将来の世界の食糧問題を解決するのならGMOは避けて通れないわけですね。だから、そこをもっとやらないといけない。

(委員) もっと正面切ってやるべき。だから、変な話だけどソーシャルな意味があるんですよ、イネゲノム。だから、1つの例でトマトじゃなくて、日本の場合、それを堂々とやるというのは意味があると思いますよ。そうじゃないと……

(委員) 両方やっぱり……

(委員) わかる。このまま行くと僕がわかっているのは、DNAマーカー育種でできましたとやるだけですよ。そうすると、飛躍的なものじゃなくて、10年だったのが5年に短縮されるというだけの、それに200億とか300億かけていいのかと。

(委員) これ、経済活性効果幾らとか出ていますか。普通の各省庁全部、経済活性プロジェクトには何年で何兆円とかすごいこれまたびっくりな数字出ていますよね。これはどうですか。

(事務局) 農水省は食糧の生産、国内での生産か何かが増えるということでは考えてございます。

(委員) 国内の。

(事務局) ええ。

(座長) 私のいる庄内地方なんて、もう減反減反で、農家はもう本当に悲惨な状況でございますよ。

(委員) 私聞いたらね、おいしいお米つくるんできると言われたんで、お米はもう十分においしいんじゃないですかとか言ってたから、怒られてしまったんですけども。

(委員) 唯一考えられるのは、ここにちょっと入っていましたけれども、医薬品原料とかそういったものの可能性はあります。というのは、イネの

花粉というのはほとんど飛ばないんですよ、自家受粉ですから。今、アメリカはちょうどガイドラインをつくっていて、グッド・アグリカルチュラル・プラクティス、GAPというのをいよいよこれから発表するんです。彼らは本当にそういう医薬品原料をつくるんです。

そのためには、例えばトウモロコシ畑だと2マイルだったかな、離れたところにつくらないと、要するにジーンフローという遺伝子拡散が一番嫌ですよね。だから、人間のタンパクをつくるトウモロコシをつくって、その近くのトウモロコシは人間のタンパクを食べるというのは、やっぱり嫌じゃないですか。そういうものを彼らは今、インダストリアル・プラクティスとしてつくろうとしている段階にもうあるのですよ。そういう意味では、これってやっぱりちょっと何か変だなという気がするのです。

(事務局) そういう意味では、今の資料の17ページに社会的・経済的視点というのが、ここにある程度お金の額は書いていないのですが、効果のようなものが。

(委員) わかります。ただ、そうじゃなくて、おいしいお米をつくるよりも日本はもう米が余っているんだから、国民の例えばエリスロポエチンなんて今医療費で1,200億円ぐらい使っているわけですよ。これをお米でつくると。そうすると1,000億円ぐらい安くなるというようなことは、ちょっとポンチ絵過ぎますけれども。

(委員) 抽出をしないといけないから。

(委員) それはちょっと言い過ぎましたけれども、ただ、そういうような絵をかいたときに、農水省にとって何が問われるかということ、経済活性化のあり方であんた方、農業ということをどう考えているのだと。これの有用遺伝子のリストというのは結局農民も大切ですと。そういうような圧力もあるから、ちょっとは医薬品原料もつくりますと、こういうような話です。

(委員) 減反の「げ」の字も出てこないですよ。

(事務局) 経済活性化という意味では、やっぱり今の資料の1ページ目の最初、岩元さんが話していたところの左側の囲みのところの有用遺伝子単離云々かんぬんという、育種・栽培技術、研究基盤の整備、そういうことと、今の17ページの左側、この2つぐらいでどういうことかなということを考えなくちゃいけないかなと。

(委員) このプロポーザルの文書自身が私ずっと、昨日送られてきたんで、おとといですか、拝見したんだけど、非常に引っかけますのは2ページに予算の構成というのがあって、ずっと後へ来て8ページに目標と目的がある。本来なら、目標と目的が最初にあって、これは予算の構成とそれを

どういうふうにまくかというのが3ページにありましてね。この精神構造は私おかしいと思うよ。

(座長) やっぱりどうしてもばらまきで、みんなにという。

(委員) いみじくも語るに落ちたという感じがしないでもない。

(委員) 先生、それよくわかるんですけれども、ただこれどうでしょう。これがうまくいったときに、先ほどライセンスと先生おっしゃった、これライセンス相手ってみんなモンサントとかシンジェンタとか。

(委員) だけど、出願だけでどうやってライセンス。

(委員) いやいや、それは仮に成立したときですよ。その後の産業イメージってあります。日本のベンチャーつくった。

(座長) ですから、哲学が必要です、開発途上国に提供するとか、そういう視点のもとに農水省がこうやってプロジェクトをやるというのは話がわかる。私は先生のようなところで企業が何かをするところまではいかないような。

(委員) 出口が書いてないんです。

(座長) そうです、出口がわからない。

(委員) 自分が企業をやるから言いにくいのですけれども、この重点項目を5社に指名し責任持てと、これだったら必ずできますよ。特許も自身とるようにして。このやり方はまずイネありきでしょ。

(委員) 辛いところで。

(委員) あれです。BGI、ペキンジェノミックスリサーチとかインシュートとか、あるいはシンジェンタと比べたときに何が違うかというのは、今までの農水省のイネゲノムというのは競争がないことを前提にしていますから、ちょっとずつやってみながら、これはある意味では科学研究という本来なら競争が存在するものなのに、競争なく組み立てられているためにちょっとずつ解明して、2007年に終わるとというのが一番美しかったです。

だけど、今バイオテクノロジーというのは企業が入ってきちゃったために、どうやって国民の税金を最も効率的に使うべきかということは、国家研究でも問われてきたので、今おっしゃったような形で、これ何もかも農水省とか大学が抱える必要ないと思います。

(事務局) これですね、時間もありませんので、出ておられることをちょっと、どういうことが今ここで語られたかといいますと、やっぱり研究のマネジメントがちゃんとしなくちゃいけないのではないかと。

それから、いっぱいあるのだけど重点分野というか、重点づけというのはどうなっているのだろうか。

それからあとは、特許を含めた戦略だとか、どうやって役立っているの
だろうとか、あとGMOについてどうするんだというふうに出たわけで
すが、どういたしましょうか。

(委員)もう1点、研究のマネジメントとおっしゃいましたけれども、
産業化のマネジメントが大きく抜けていますので。

(委員)国家戦略としてのというのが上になって。

(委員)国家戦略というか、利益というのをどう見るかね。それを国家戦
略として見れば、それはいいですし。遺伝子売るというやり方もあるだろ
うし。

(座長)会合3回でまとめるということになっているが、進め方については何
か意見がありますか。

(委員)今の問題点を一遍整理してそしてよければそれを農水に示して、
そして回答を得ると。そして、次回それをもとにして議論をするというこ
とにしたい。

(事務局)そうですね。もし回答はもう紙で出てくるんだったら、それで
もう事前にいただいて、それでお配りして、また見ていただくというよう
なこともやっていった方が効率的かなと思いますね。

(座長)そのようにしたいと思います。

(事務局)資料の最後に、追加意見書という1枚紙がございまして、今議
論していただいたことと同じですけれども、本検討会での評価の視点、問
題点、論点。それから、調査・検討すべき項目。それから、次回説明を求
めたい項目というようなことについて書いていただけるように用紙を用意
しています。足りなければ、足していただいて結構ですし、別様式でも結
構ですので、これを出していただいた上でまた我々で整理をして、農水省
にも提示をして進めていければと思っています。

(委員)書くのが面倒ですので、今のまとめたものでいいのではないです
か。

(事務局)今まとめたやつを書いてお送りしますので。

(座長)それを皆さんに送っていただいて。追加というような形で皆さん
に追加して。そうですね、それでよろしいですね。

(事務局)次回の2回目、3回目ということで大変お忙しい方々だという
ふうに承知していますので、できればこの場で大体のところを決めてしま
えればと思っております。

第2回につきましては、10月の皆さんのご都合をお聞きして、特に座
長、その他ですね、お聞きした結果、10月15日、月曜日の午前中の1
0時から12時くらいでいかがかと思いますが。

(事務局) 皆さん全員のご都合を満たすというのはなかなか難しく、第3回目といたしましては11月12日の火曜日、大変な時間で恐縮ですけれども、すき間を見つけるとすればということで午前11時から13時ということで。

(委員) 11時から13時。

(委員) 昼を挟んで。

(事務局) 比較的たくさんの方が出ただけの時間としては。

(事務局) それで、出られない場合には紙で書いたもので出していただくということでお願いしたいと思います。

(座長) それでは、大変長時間にわたりましてご討議ありがとうございました。また次回もよろしくお願いいたします。

- 了 -