

研究評価委員会
「細胞アレイ等による遺伝子機能の解析技術開発」(事後評価) 分科会
議事要旨

日 時：平成22年8月6日(金) 13:00～18:10

場 所：WTC コンファレンスセンター 3階 Room A

出席者(敬称略、順不同)

<分科会委員>

分科会長	辻本 豪三	京都大学 薬学研究科	教授
分科会長代理	秋山 徹	東京大学 分子細胞生物学研究所	所長/教授
委員	倉田 博之	九州工業大学 情報工学研究院	教授
委員	民谷 栄一	大阪大学 工学研究科	教授
委員	永野 恵嗣	株式会社 スリー・ディー・マトリックス	代表取締役会長
委員	松田 秀雄	大阪大学 情報科学研究科	教授
委員	水口 裕之	大阪大学 薬学研究科/独立行政法人 医薬基盤研究所 創薬基盤的研究部 幹細胞制御プロジェクト	教授/チーフプロジ ェクトリーダー

<実施者>

杉山 雄一 (PL)	東京大学大学院 薬学系研究科	教授
三宅 淳 (SPL)	大阪大学大学院 基礎工学研究科	教授
堀本 勝久	(独)産業技術総合研究所 生命情報工学研究センター	生体ネットワークチー ム長
三宅 正人	(独)産業技術総合研究所 細胞情報工学連携研究体	連携研究体長
藤田 聡史	(独)産業技術総合研究所 バイオメディカル研究部門	主任研究員
ワダワ レヌー	(独)産業技術総合研究所 バイオメディカル研究部門-	研究グループ長
カウル スニル	(独)産業技術総合研究所 バイオメディカル研究部門-	主任研究員
中村 吉宏	(独)産業技術総合研究所 幹細胞工学研究センター	招聘研究員
長棟 輝行	東京大学大学院 工学系研究科化学生命工学専攻	教授
袴田 和巳	大阪大学大学院 基礎工学研究科	助教
阿久津 達也	京都大学 化学研究所 バイオインフォマティクスセンター	教授
三木 義男	(財)癌研究会 ゲノムセンター	部門長
長崎 光一	(財)癌研究会 ゲノムセンター	
日下 英昭	協和発酵キリン(株) 研究本部 富士リサーチパーク	安全性研究所長
杉山 義宣	(株)カネボウ化粧品 価値創成研究所 皮膚科学研究グループ	主任研究員
山崎 恒平	(株)カネボウ化粧品 価値創成研究所	研究員
塚本 芳昭	(財)バイオインダストリー協会	専務理事
市川 茂彰	(財)バイオインダストリー協会	部長
村山 仁美	(財)バイオインダストリー協会	
(研究推進委員会委員として参加)		
菅野 純夫	東京大学大学院新領域創成科学研究科	教授

<推進者>

森田 弘一	NEDO バイオテクノロジー・医療技術部	部長
古川 善規	NEDO バイオテクノロジー・医療技術部	主任研究員
上村 研一	NEDO バイオテクノロジー・医療技術部	主査
林 智佳子	NEDO バイオテクノロジー・医療技術部	職員

<オブザーバ>

川崎 浩明	経済産業省製造産業局生物化学産業課	職員
-------	-------------------	----

<NEDO 調整>

水谷 善弘	NEDO 総務企画部	課長代理
-------	------------	------

<事務局>

竹下 満	NEDO 評価部	部長
寺門 守	NEDO 評価部	主幹
吉崎 真由美	NEDO 評価部	主査
松下 智子	NEDO 評価部	職員
橋山 富樹	NEDO 評価部	主査

一般傍聴者 1名

議事次第

【公開の部】

1. 開会、分科会の設置について、資料の確認
 - ・開会宣言（事務局）
 - ・事務局橋山主査より、分科会の設置について資料 1-1 及び 1-2 に基づき説明があった。
 - ・辻本分科会長挨拶
 - ・出席者（委員、推進者、実施者、事務局）の紹介（事務局、推進者）
 - ・配付資料の確認（事務局）
2. 分科会の公開について
事務局より資料 2-1 に基づき説明し、今回の議題は全て公開とすることが了承された。
3. 評価の実施方法
4. 評価報告書の構成について
評価の手順を事務局より資料 3-1～3-5 及び資料 4 に基づき説明し、事務局案どおり了承された。
5. プロジェクトの概要説明（公開）
 - 5-1 事業の位置付け・必要性、研究開発マネジメントについて
 - 5-2 研究開発成果、実用化の見通しについて
推進者（NEDO 上村主査）及び実施者杉山 PL 及び三宅 SPL より資料 6-1 及び 6-2 に基づき説明が行われた。説明に対し以下の質疑応答が行われた。

主な質疑応答

【質問】分子標的を絞り込むということではなく、パスウェイとして捉えることが本プロジェクトとのコンセプトということであるが、パスウェイを同定出来たときに、創薬へのヒントとしては、パスウェイの全体をとらえるのか、あるいはパスウェイのハブなどをターゲットとするアプローチなのか？【回答】全体を捉えたほうが効率的であるが、パスウェイのサイズにもよるので両方のケースがある。

【質問】本プロジェクトの最終目標は「動的なパスウェイ構造を簡易に抽出できる方式を確立する」ことであるが、説明ではかなり大規模な装置や高度な情報科学技術の組み合わせにより達成出来るもののように思われる。簡単に使えるパッケージのようなものとして完成されたのか？【回答】ソフト部分はパッケージ化され、世界で最も売れている市販ソフトに組み込まれ安価に供給される。一方、データ処理装置は大容量を必要とし、細胞計測装置もかなり高価である。しかし、細胞計測装置は2~3年のうちには低価格化することが期待され、その時には、簡易に使えるものになると思う。

【質問】本事業は、ターゲット遺伝子を網羅的に調べた後の絞り込みを行うために必要な技術開発を行うことを目的としている。ラボの現場でアレイ解析などで得られる多くの遺伝子を、具体的にどのように解析するのか？【回答】絞り込みを行う候補は、実際には種々の方法で得られている。時系列的な分析データがある場合は、本プロジェクトで開発したソフトで解析が可能であるが、時系列的なデータがない場合には時系列解析データをとってから解析する必要がある。【質問】時系列解析の時間のオーダーはどの程度か？【回答】解析のオーダーは分で、10分~15分間隔で測定をしている。現在は、主に画像データで1回の測定で数テラバイトのデータとなるという問題を抱えている。

【質問】得られたパスウェイは、既存のデータベースのデータのパスウェイと比較出来るものなのか？また、文献に報告されていないような新規の場合には、使っていけるのか？

【回答】データベース化されているパスウェイの情報には様々のレベルで捉えたものがある。ここでは実際測ったものだけが、実験・処理に使えるものと考えている。既存のデータベースのパスウェイをはじめに考えているわけではない。

【質問】インフォマテックスによるパスウェイ解析では、解析結果は既存の知識の中に落とし込まれる。パスウェイ解析からは、本質的に新しいものは出てこないのでは？【回答】これまでのパスウェイ解析はそれぞれの目的から行われ、パスウェイ解析は完全なものではなく一つの参考である。今後パスウェイ解析が有効なものであるということになれば、そういう目でパスウェイ解析の一般的なデータベースが出来ていくのではないかと。そこで、日本が音頭をとれば、日本の製薬メーカーにとって有利な状況が生まれるのではないかと。思う。

【質問】パスウェイ解析でネットワークの線を引くことは比較的容易に出来ると思うが、定量性も評価することは可能なのか？【回答】時間の情報をフルに生かすことにより、重みの部分まで考慮できるようにした。

【回答】時間の情報をフルに生かすことにより、重みの部分のまで考慮できるようにした。

【質問】先ほど特許出願が少ないことについての説明があったが、その他の潜在的な理由、あるいは今後の特許出願の見通し、企業の事業展開への知財的な貢献などはどうか？

【回答】東京大学の場合、学内での特許出願の内部審査で特許出願・維持は出来ないとの判断になった。

【質問】学内での内部審査での判断は、技術の将来の市場性なのか、あるいは特許性自体が低いと認識されたのか？【回答】市場性が重要視されたと思う。学内審査における企業ヒアリングで直接のレスポンスがなければ特許出願は難しい。【回答】技術自体での権利化は難しいのではないかと。今後、見つけた遺伝子についての出願の可能性はある。ただし、企業としては、具体的な物質特許として権利化したいとの考え方があり、概念としての出願は難しい。【回答】本プロジェクトの中で有効な遺伝子を見出しているが、その遺伝子の機能を生かすことのできる素材を見つけてからの特許出願を考えている。ただし、権利行使の観点からは、効果的な特許にならないケースも想定され検討要因である。

【質問】医薬品認可には作用メカニズムも重要と思うが、副作用の観点からもパスウェイ解析は有用なのではないか？【回答】パスウェイ解析は、治療薬の多剤併用の観点からも有用性があると考えている。

6. プロジェクトの詳細説明

6-1 デバイス関連技術開発

長棟東大教授より資料 7-1 に基づき説明が行われた。説明に対し以下の質疑応答が行われた。

主な質疑応答

【質問】ここで開発された運動性評価チップの再現性はどうか？また、1細胞レベルの運動性が見えているか？【回答】再現性は高い。1細胞レベルで見えている。

【質問】Hela 細胞等、通常レベルの細胞の運動性でも評価可能か？【回答】統計的な有意差が出る範囲であれば評価可能である。個別の研究に使用できるレベルである。

【質問】細胞の運動性と浸潤性の相関関係はあったか？浸潤能のアッセイをすればここで取れた遺伝子が取れるか？【回答】相関関係を見たことはないが、運動のみを見た場合はアッセイ法により取れる遺伝子が異なる。ここでは単独遊走を見ており、wound-healing assay で見る集団遊走とは取れる遺伝子は異なる。

【質問】チップ上で足場物質を変えたり、環境や栄養条件を変えると取れる遺伝子は変わるか？【回答】いろいろな条件で変わりうるが、それが直接運動性に関与するかはしっかり解析する必要がある。

【質問】がん細胞の個性を見て行くようなことを考えているのか？【回答】考えている。ここでは1種類の細胞で遺伝子の方を変えているが、逆に同じ遺伝子で細胞の種類を変えて評価することも出来る。

【質問】アッセイに使う細胞数は？【回答】現状は数 10 個/well で評価している。1個と細胞同士の相互作用がある 100 個で評価するのでは全く異なる。

【質問】遺伝子導入の実験で、導入率数 10%という値を満足出来る値と見るのか？また、この技術により従来より向上したのか、この要素技術と他の技術との比較について聞きたい。【回答】この micro electroporation の特徴は細胞を選ばないことである。導入率数 10%という値は、条件を検討すればもっと向上する可能性はある。従来の transfection では細胞の種類により結果が異なること、これまで導入が難しいとされた筋肉細胞にも 20%程度の率で導入することが出来た。

【質問】遺伝子発現・抑制の同期化技術において、JACS に掲載された技術とどう関連するのか？【回答】JACS に掲載された技術は、遺伝子ではなくタンパク質のレベルで光のケージでタンパク質の機能を制御するという技術であり、今回の技術の前段階である。遺伝子のみではなく転写因子等の機能を直接制御したいような時に生きてくると思う。

【質問】細胞の運動性を評価するのにラット細胞を使用した理由は？ヒトやマウスの方が良いと思う。【回答】短時間でアッセイし易い細胞、早く直線的運動をする細胞を選んだためでラットということに意味はない。今後ヒト細胞も検討する。

【質問】reverse transfection はいろいろなところで研究されているが、この研究のオリジナリティーは何か？【回答】MIT の方法はゲル中に遺伝子を包埋して、その上に細胞を接着させたが、効率が悪かった。この方法は基盤の上に両方をスポットしてフィブロネクチンがファイバーを誘導し核を基盤に近づけ、短時間に核に到達するので効率が高いということである。

【質問】electroporation で遺伝子導入率数 10%という値は高くはない。試薬で導入出来ない、例えば樹状細胞等で検討してほしい。浮遊細胞での導入率は？【回答】細胞が穴の上にくるように配置できないので正確には評価できない。他の細胞では数%、ウイルスベクターではもっと高い値が出る。

【質問】標準化やハイスループット化の立場から、例えば運動性の評価では、1チップでどのくらいの数の細胞を評価できるのか？【回答】例示したように 1476 サンプル/基板である。

【質問】この方法でいくつかのキナーゼが見つかったが、wound-healing 法と異なるものが見つかった原因は何か？【回答】1番大きな理由は用いた細胞種が異なること、また運動の誘導法が異なることであ

る。

【質問】見つかったキナーゼの確認はしたか？【回答】現在実施中である。

【質問】ケージド核酸による発現・抑制で効率の悪い理由は何か？【回答】転写因子の立体障害を利用した制御を狙っているが、十分にブロックできていないことであると思われる。

6-2 時系列測定技術開発

堀本産総研生体ネットワーク長より資料 7-2 に基づき説明が行われた。説明に対し以下の質疑応答が行われた。

主な質疑応答

【質問】方程式に変換した後のパラメーターの推定はどのようにするのか？【回答】既存の最適化法の適用が可能である。しかし相性の問題があり、あまりローカルミニマムに落ち込まない方法が向いている。

【質問】式に変換する場合、グローバルオプチマを探すのが主流であるが、拘束条件が増えて範囲が狭まると考えてよいのか？【回答】その通りである。

【質問】生物のデータはエラーが多く、ネットワーク自身も不確かなので、動的パラメータを求めることが重要であるとは思わない。グローバルオプチマよりは、ある生物条件に近づいているものはすべて解の候補になると考えた方がよく、その中から解を求める方が良いのではないかと思うが？【回答】その通りである。ネットワークスクリーニングとは、いろいろな候補の中で一番データにフィットするものを見積もる方法である。1つの方法ですべて満足ということはない。ここではまずモデルを精密化し限定する努力をした。一方それに基づく正確な時系列データがあるので、その前提に立って、いろいろなパラメーターで見た目だけフィットしているということにならないように努力した。いろいろな方法を組み合わせてゆくための1つの要素技術として開発した。

【質問】まずグローバルオプチマを求めたと思うが、いくつかの候補があった場合どうするのか？最適化関数が最小のものを選んだのか？【回答】最適化関数の設定は行った。その後の解析は候補の中で最終に近づける方が効率的であると思う。

【質問】オリジナリティーの高い研究と思うが、全体の戦略は、制御理論の状態方程式を作り、それに基づいて制御してゆくという考えに立っていると考えてよいのか？【回答】意識はしていなかったが、課題が、生きた細胞で *perturbation* を少なくという前提であり、数理の方で変数が限られている状況だったので、そこに行き着いた。工学的な応用の汎用性を認めてもらったので Maple 社も導入しようということになったと思う。

【質問】多くのパラメーターを導入して最適化を行っているが、その妥当性について。【回答】新しいパラメーターは1つも使っていない。1次微分の空間での現象を現した式をもとに4次微分まで許した式を使っているので、束縛を加えてはいない。

【質問】simulation 結果の定量値は、数値として他の条件での値との比較にも使えるか？

【回答】定量値は得られているが、相互作用をしている物質の本質的な値なのか、環境に依存して変わる値なのかは今後さらに検討しないとわからない。

【質問】106 ページで *d1Venus* を使用した理由は？input のみの観察ならば酵素反応によるより感度の良い系を使うべきではないか？【回答】反応の素過程を見る必要があったのでこの系を用いた。今後は改良した系でやってみたい。

【質問】2次や3次微分の微分方程式の微係数は測定データから求められるのか？微分方程式は冪乗のついたものにも使えるのか？

【回答】微係数は差分法で求められる。次数が整数なら可能である。線形、非線形等も問題ない。

【質問】生物学に real time に定量性を入れる Quantitative Biology が進んでおり、数学的手法はいろいろ出て来ている。この研究はケースに合わせて、それらをうまく選択して組み上げたという印象を持っている

る。この研究のオリジナリティーはどこにあるか？【回答】個人的な意見であるが大規模なデータでは変化を追うのは難しい。Time series では一番 fine な解析は微分方程式であり、そこに大きなデータを入れる場合はいろいろな工夫がなされている。自分達の課題はローカルな問題であり、そこでは正確なデータが得られているので、fine な手法を使ったということである。

【質問】この課題はプロジェクトの readout に当たる重要な部分であり、理論に基づきもっとも近いパスウェイを示唆することであるが、逆にそのモデルがウェットで検証されたケースはあるか？実証と違いが出た場合どう説明するのか？【回答】モデル作成からの時間が少なく検証例は未だない。両者に差がある時は実証が正しくモデルが間違っていると思う。最近のシステムバイオロジーでやられているように、データ解析をして候補を出し、それを実証してゆくというようにキャッチボールをして詰めて行くことになると思う。

【コメント】装置作成は難しく、生物的な計測器は加工技術に強い日本が殆ど作っているといつてよい。我々は解析システムを組み込んだ装置を売ってほしいと願っており、それをこのプロジェクトで進めてほしい。また細胞の状態を出来るだけ natural に保つことが重要で、いろいろな物を加えることにより別なパスウェイを作ってしまうことになる。かなり抑えた条件でぎりぎりのところで測ることをやっている。いろいろな条件を統合的に見て 1 つの測定系にまとめることを目標とした。創薬に応用する時間はなかったが、今後パスウェイに興味を持つ企業もある。作った技術を提供するので利用してほしい。

【コメント】ここでの数学的なアプローチを始めてわずか1年で、モデルによる予測結果が正しいかどうかについては、未だ十分な確認ができていない。複数の経路をブロックした時の outcome が、このモデルで予測できるかどうかなど繰り返し確認しながら数理的モデルをリファインしていくことがバイオロジーと一体化するために必要であると思う。

【回答】そのためにしっかりした数値データを返せるような要素技術は出来たと思っている。

【質問】DNA チップなどでのパスウェイ解析ではグローバルなネットワーク中でどのあたりが抑えられているかがある程度見えるだけでもヒントを与えてくれる。この解析であるパスウェイ中での薬物の関与などを simulation 出来る可能性はあるか？【回答】その方法をプロポーズしているし、別なプロジェクトでもやっている。かなり精度高く出来ると思う。

6-3 応用研究（臨床応用、創薬、機能性化粧品等）

癌研究会長崎氏、協和発酵キリン日下安全性研究所長及びカネボウ化粧品杉山主任研究員より資料 7-3 に基づき説明が行われた。説明に対し以下の質疑応答が行われた。

主な質疑応答

【質問】パクリタキセルの研究で細胞のアッセイはどのように行ったか？【回答】ターゲットを細胞の生死としたので細胞の生死の判定で行なった。

【質問】siRNA でパスウェイをノックダウンしているが siRNA は医薬にはならない。その知見を医薬にするときはどうするのか？【回答】siRNA のターゲットを3つ取っているので、その阻害剤のカクテルを利用することを考えている。siRNA 自体はベンチャーが医薬化に注力しているがデリバリーの問題で、現在はハードルが高い。

【質問】紫外線感受性候補遺伝子の探索でセルアレイは使ったのか？【回答】最初の KB1 と KB2 を見出す段階で使用した。アッセイ系は 96 穴ウエルを用い Cell Viability で評価した。

【質問】パクリタキセルのアレイで使用した細胞は何か？【回答】既存の乳がんのセルラインを5種類、複数の中から同じ動きをしたものを選んで使用した。

【質問】患者の組織から取った細胞とセルラインでは全く違うということがあると聞くが？【回答】それを前提として考えた。セルラインを複数株使ったこと及び自分達で樹立したセルラインでも同じ動きをした。発現パターンも臨床検体にも近かったなのでそれを使った。初代培養細胞を使いたかったが間に合わなかつ

た。培養系は血清等を添加したオリジナルなものを用いた。

【質問】化粧品開発で動物代替試験法が広まっているが、この開発ではどう考えているのか？【回答】KB2の産生を促進する素材が見出された場合、効果の検証には動物は使用しない。最近3次元モデル皮膚が開発されておりこれを使う方針。なお、動物を使わずに研究開発を進めることが今後ますます重要になることもあり、細胞レベルで遺伝子パスウェイ解析の技術開発を行うこのプロジェクトに参加した。

【質問】既存の抗がん剤の併用で本当にシナジーが出るのか？【回答】現在2-3剤の抗がん剤の併用は標準的に行なわれている。実験で行なったパクリタキセルの単剤使用は殆ど行なわれておらず、併用は臨床試験の効果を見て決められている。乳がんで使用される他の薬剤や乳がんの候補遺伝子は既に調べてあり、この方法は有効な薬剤の選定に役立つかもしれないと考えている。

【質問】医薬開発で抗がん剤の併用の場合にADMEで予想外の毒性が表われるようなことはないのか？【回答】抗がん剤はもともと細胞毒性を持っている。近年分子標的薬が出てきており、効果が特異的であり、ある意味で毒性も弱い、やはりキナーゼ阻害剤であり、多面的な阻害性を持っている。しかしいろいろなターゲットを阻害する方が効果は高いという面がある。ADMEの研究は進んでいるが、それではわからない併用による毒性が怖い。今後多剤併用では、成人病薬程度に毒性の弱い薬剤が求められる。

【質問】紫外線感受性遺伝子の探索に関し、未知のパスウェイについては取り組まなかったのか？【回答】文献情報をもとに構築された遺伝子間相互作用データベースからKB2などと相互作用する遺伝子を選抜し、同様のスキームでセルアレイ解析を行った。これについて今回説明は割愛した。

【質問】UVに関するパスウェイの遺伝子はある程度限定されていて、そこから選んだと考えてよいか？【回答】最初はUVに関係するパスウェイから約300強の遺伝子を選抜した。

【質問】KB1,KB2も同じようなグループの遺伝子と予測される。本PJで実験を行わなくても結果は予測できたのではないか。【回答】化粧品素材のマイクロアレイ解析のデータ等は持っていない。NER経路が紫外線によるDNA損傷を修復することは分かっていたが、ノックダウンして発現量を下げたら紫外線感受性が影響を受けるか、またその中でどの遺伝子が効いているのかなどは分かっておらず、新規であると思っている。

【質問】パクリタキセルの無効性に関するパスウェイが複数見つかったが、これらは別物と考えて良いか？もしそうなら、パクリタキセルの無効性にそれらパスウェイが関与しているという逆のエビデンスはあるのか？【回答】別物である。それらのパクリタキセル無効性についての報告はない。マイクロアレイではハブとなっている3遺伝子発現は無効な患者で上昇しているというデータがある。

【質問】トリプルネガティブをスキットに入れて検証していることに関して、移植や転移で原発とかなり変わるといわれていて、siRNA等の実験では原発の性格を持っているとは考えにくいと思われるが。【回答】本来は治療してその結果を照合することがベストだがそれは出来ない。原発とCGHやマイクロアレイで他のがん種と混ぜて発現の違いを見ても、よくペアリングできるので、遺伝子の状態は保っていることを確認している。

7. 全体を通しての質疑

主な質疑応答

【質問】本プロジェクトでは、グループ内外での連携あるいは推進においてどのような工夫が行われたか？

【回答】年2回の推進委員会、年2回以上のグループ内での推進委員会をはじめ、個別テーマレベルでの打ち合わせを入れると年間で100回以上となっている。プロジェクトの進捗に従い、プロジェクト全体として融合が進み、ウェットとドライのグループの間や開発と応用のグループ間での交流が進み、相互に文化を共有する状態になってきた。

【質問】国際的な競争の観点では、どのような位置付けになっているのか？【回答】時系列分析をここまで本格化しているところは他に聞いたことがないので、オンリーワンだと思っている。日本の突出した精密加工技術が背景にある。

【質問】時系列解析によって得られた成果の具体的なエビデンスを確認したい。【回答】ドライの立場からすると、変化する細胞を忠実に捉えるためのち密なデータを頂き、それをフィードバックすることが出来た。

【回答】時系列のデータを細胞レベルで取って、数理モデルで取り扱うことが出来るようになり、解析の要素技術を作り上げることが出来た。この予測結果が正しいかどうかについて、分子レベルでの実験的な実証を行うには、時間が足りなかった。【回答】すでにインドのアシユアガンダが何故抗がん作用を持つのかについての時系列による解析が始まっている。他にも、いくつかの例が遠からず出てくると思う。

【質問】プロジェクトの成果を広めるためにシンポジウムなどは企画してはどうか？【回答】是非やりたいと思っている。学会などでシンポジウムを開催出来ればありがたいと思う。

8. まとめ・講評

各評価委員から以下の講評があった。

【水口委員】

理論から応用例まで、多くの人に広く知っていただく機会を作って頂き、プロジェクトの成果を広めて頂きたい。

【松田委員】

非常に大きな仕事をされたと思う。要素技術から実験系、理論的インフォマティクスを組み込んだとてもいいプロジェクトであったと思う。成果を積極的に広げて欲しい。インフォマティクスの立場からすると、バックグラウンドのきちんと揃ったデータが出てくるのは非常に良い状況なので、今後とも努力いただきたい。

【永野委員】

野心的なテーマであり、短期間での達成は難しいと思う。早急な应用到こだわることなく、今後の息の長い研究を望む。

【民谷委員】

国プロとして適切なテーマであった。また、途中でパスウェイに踏み切ったことを評価する。細胞デバイスの専門家としての立場からみて、細胞デバイスの技術は素晴らしいものである。パスウェイ解析は、機能性食品などのような複合的な効果で効いている分野への展開が期待出来るのではないかと思う。また、成果をオープンにするとともに、プロジェクト途中の方針転換があったこともあり未成熟な部分もあることから、今後次に繋がるような大きな展開となることを期待する。

【倉田委員】

ゲノム創薬では、ゲノムから始まって、トランスクリプトームなど種々の研究がなされてきたが今一つ上手くいっていなかった。今回セルアレイが新たに提案され、改善されていると思う。ゲノムから始まってミックス的な部分をもちながらも、システムとして生物の細胞を理解するという観点で学問的にもいい筋道であったと思う。また、汎用的な技術であるので、国際的な競争力を高めることを考えて欲しい。

【秋山分科会長】

大変有意義なプロジェクトであった。創薬のための技術開発と銘打っているが、バイオロジ—一般にとってもキーとなる技術を捉えて、種々の開発が行われた。このような研究は、基礎研究の研究者は雑誌に出ても読まないことがあるので、ホームページを充実することなども含め、もっと宣伝をしていただくといいと思う。プロジェクト終了後もプロジェクトの皆さんが連携して、継続して良い仕事にしていきたい。

【辻本分科会長】

本プロジェクトは、総花的になることなく、規模的にもよくまとまって、セルアレイを中心にウェットとドライの方がよく噛み合っていた。出口を見据えてのマネージメントが機能していたように思う。残念な

のは、成果として特許出願などの具体的なものがもっと伸びるといいと思う。

9. 今後の予定、その他

事務局より資料8に基づき説明した。

10. 閉会

配布資料

資料 1-1	研究評価委員会分科会の設置について
資料 1-2	NEDO技術委員・技術委員会等規程
資料 2-1	研究評価委員会分科会の公開について（案）
資料 2-2	研究評価委員会関係の公開について
資料 2-3	研究評価委員会分科会における秘密情報の守秘について
資料 2-4	研究評価委員会分科会における非公開資料の取り扱いについて
資料 3-1	NEDOにおける研究評価について
資料 3-2	技術評価実施規程
資料 3-3	評価項目・評価基準
資料 3-4	評点法の実施について（案）
資料 3-5	評価コメント及び評点票（案）
資料 4	評価報告書の構成について（案）
資料 5	事業原簿（公開資料）
	資料 6-1～資料 6-2 プロジェクトの概要説明（公開資料）
資料 6-1	「事業の位置づけ・必要性について」、 「研究開発マネジメントについて」
資料 6-2	「研究開発成果について」、 「実用化の見通しについて」
	資料 7-1～資料 7-3 プロジェクトの詳細説明資料（公開資料）
資料 7-1	デバイス関連技術開発
資料 7-2	時系列測定技術開発
資料 7-3	応用研究（臨床応用、創薬、機能性化粧品等）
資料 8	今後の予定