

自己検証結果報告書

令和2年8月

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構

国立遺伝学研究所

目次

全体概要	1
Ⅰ. 運営面	4
Ⅱ. 中核拠点性	6
Ⅲ. 国際性	10
Ⅳ. 研究資源	13
Ⅴ. 新分野の創出	20
Ⅵ. 人材育成	23
Ⅶ. 社会との関わり	26
自由記述	30

全体概要

I. 運営面

国立遺伝学研究所(以下、遺伝研)では、共同利用・共同研究の実施等に関する重要事項を審議する組織体として「運営会議」を設置している。運営会議の外部構成員の数は、2020年度現在、半数を超えている。運営会議の委員は、遺伝学及びその関連分野において先導的な研究活動を展開し、且つ研究コミュニティへ深く貢献した研究者を任命している。

研究活動における不正行為及び研究費の不正使用への対応に関する体制には、機構長を最高管理責任者とする適切な管理・運営体制を構築している。また、遺伝研においては、「研究活動不正防止のための研究倫理教育研修」及び「公的研究費にかかるコンプライアンス教育研修」を毎年度実施している(研究事業申請資格のある本務教職員の受講率 100%)。

公募型共同研究・研究会(NIG-JOINT)、国際シンポジウムの採択決定については、上述の運営会議(外部委員が全委員の2分の1以上)において最終的な審議が図られる体制となり、公正な審査を行うという点で必要な条件を十分に満たしている。

II. 中核拠点性

遺伝研は、我が国唯一の遺伝学の総合的研究所として、遺伝情報と多様な生体物質が階層性を持つ複雑な生命システムの全体像解明を目指した国際水準の研究を展開している。また大学共同利用機関としてゲノム・生命情報や生物遺伝資源の基盤整備を行い、これらの研究リソースを背景とした共同利用・共同研究の機会を全国の大学・研究機関に提供している。

これら研究活動の結果、遺伝研の第3期中期目標期間の論文成果は、2019年度までに査読付き国際学術誌に618報を発表した。これら論文の中で分野別の被引用数Top10%にランクする論文の占める割合は16.7%に達し、第2期中期目標期間(15.8%)を超えて高い水準を示した。上記定量的な指標により、遺伝研は、第3期2019年度までに先端的な研究活動を高いレベルで推進したと言える。

特に第3期中期目標・中期計画として掲げた研究手法の開発や生物遺伝資源の活用により、個別のメカニズムと普遍的な基本原理の解明のための研究において国際的にも評価の高い研究成果を挙げた。さらに複雑な生命現象についての独自のデータ生産と生命情報の収集・整備を進めたことにより、多くのオープンデータを生命科学コミュニティに発表・提供した。また遺伝研の公募型共同研究・研究集会「NIG-JOINT」を推進した結果、延べ452機関(国内361機関、国外91機関)からの研究者を受け入れ、第3期中期目標機関における公募型共同研究の成果論文数が120報を超えた。

上記の研究成果とコミュニティへの貢献により、遺伝研は遺伝学の中核拠点として十分に機能したと言える。※根拠となる定量データは、本文を参照すること

III. 国際性

遺伝研は、日本のみならず世界の遺伝学の分野を牽引する役割を担っている。国際的な共同研究を推進するため、「国際シンポジウムの開催」、「海外限定枠の公募型共同研究」、「バイオリソース・ゲノム関連事業」、「海外研究機関との包括連携協定」を強力に進めた。ま

た、遺伝学とその関連分野の国際的な動向を把握するために、「アドバイザーボード」、「国際戦略アドバイザー」、「客員教員」制度を設置し、遺伝学諸分野を牽引する海外の研究者を任命している。さらに、外国人研究者の受入れ状況や総研大遺伝学専攻の留学生比率(40%強)に鑑みても遺伝研の国際性が際立っていると判断できる。このような国際的な中核拠点としての機能を発揮するには、上記の取り組みだけでなく、英語による情報提供の徹底や来所者へのヘルプデスクの設置など、研究活動の基礎となる支援も重要であった。※根拠となる定量データは、本文を参照すること

IV. 研究資源

遺伝研では、研究資源の提供を目的として、3種類の共同利用センターが事業を展開している。これら3センターは、遺伝学の研究分野に不可欠な一連の研究基盤を提供している。それは(1)ゲノムの解読(先端ゲノミクス推進センター)、(2)ゲノム情報の保存・解析環境の提供(生命情報・DDBJセンター)、(3)生物実験のためのバイオリソースの提供(生物遺伝資源センター)である。これらセンターの活動・利用状況については、本文の定量データが示す通り卓越した実績をあげており、研究コミュニティにとって必須な存在となっている。またこれらセンターは、国内外の研究機関と事業連携に取り組んでいる。特に、国際的なゲノムデータベースの運用では、遺伝研の生命情報・DDBJセンターが米国・欧州との3極体制で共同運用している。近年では、アジア地域でのゲノム・生命情報の収集のための国際連携構築も試みている。バイオリソース事業は、全国の大学・研究機関のリソース事業を統括する役割を担っている。これら遺伝研の研究コミュニティへ向けた研究資源に対する諸活動は、その需要から大きな期待が寄せられている。※根拠となる定量データは、本文を参照すること

V. 新分野の創出

遺伝研は、「新しい研究人材」と「新しい研究分野」を同時に育成するため、「新分野創造センター」を推進している。この制度は、本文で示す通り、支援プログラム、テニユア取得率、研究費獲得、研究成果の面から成功していることは明らかで、研究コミュニティからの評価も高い。また当該センターだけでなく、個別の研究室からも学際的な研究が進行している。例えば、日本列島人のルーツを探ることを目的に、考古学、言語学、ゲノム科学が文理融合分野を形成し、学際研究を展開している。

遺伝研では、現代の遺伝学を先導するに相応しい研究系に組織再編するため 2019 年に改組を行い、5つの研究系、5つの研究センター等を廃止して、新たに4つの研究系(情報研究系、ゲノム・進化研究系、遺伝形質研究系、遺伝メカニズム研究系)を創設した。新しい研究体制のもと、従来の分子・細胞・個体・集団・総合という生命の階層を超えた新しい統合的な生命科学の進展を図ると共に、コミュニティの需要に合わせた研究資源の開発や提供を進めることで共同利用・共同研究を推進している。※根拠となる定量データは、本文を参照すること

VI. 人材育成

総合研究大学院大学の基盤機関として遺伝学専攻を組織している。遺伝学専攻は、遺伝研の環境を活かした「複数教員が一人の院生を指導するプログレス制度」、「科学英語教育

プログラム(遺伝研メソッド)」、「高い留学生比率(40%強)」等に特徴がある。

他大学・研究機関に対しては、「特別共同利用研究員制度」を設置し、大学院の教育研究に協力している。また海外の大学生等が遺伝学研究の基礎を学ぶ機会としてインターンシップ事業を展開し、その知名度の上昇によって直近では各国より 800 人以上の応募があった。大学院生による公募型共同研究への参加も可能である。2019 年度の実績だけでも他機関を中心とする大学院生参加が 160 名を超え、共同研究を介した大学院生の教育支援という点からも機能していると言える。

遺伝研は、未来の研究室主宰者(PI)を目指す若手研究者の育成にも力を入れている。独自の「遺伝研博士研究員」制度を設置し、採用された博士研究員が所属研究室と関連を持ちながらもある程度独立して研究を遂行できる制度として運用している。採用者の科研費取得やキャリアアップの状況に鑑みると本制度が効果的であると言える。また女性研究者等の支援事業も充実していることから、遺伝研における女性研究者の割合が中期目標数値 20%を超えて推移している。※根拠となる定量データは、本文を参照すること

VII. 社会との関わり

遺伝研では、産業界・一般社会へ向けたアウトリーチ活動を積極的に推進している。展示会、一般公開、講演会、出前授業、ウェブサイト、メディア等を介して、研究成果や事業活動を公開した。一般社会へ向けた発信では、発見の価値だけでなく発見の過程が伝わることに重きを置いている。産業界には、遺伝研シーズの積極的なライセンス契約、有償 MTA、共同研究契約の推進を図り、大幅な収入増を達成した。静岡県を主とした地域連携では、農産物・海洋産業・製薬企業との共同研究等に向けた連携を推進している。

遺伝研は、国全体の課題解決へ向けた取り組みも強力に進めている。生命情報・DDBJ センターでは、遺伝病や創薬等の基礎となるヒトゲノム配列とそれに付随する個人の病歴等に関する情報について、科学技術振興機構バイオサイエンスデータベースセンターとの協力体制を作り、利活用を目的としたデータベースを構築・運用している。また、全世界において脅威となっている新型コロナウイルス感染症についても、遺伝研の特徴的な技術を活用した基礎的研究がスタートしている。※根拠となる定量データは、本文を参照すること

自由記述

【概要】

遺伝研は、大学共同利用機関として、遺伝学に関する共同利用・共同研究のための基盤整備を進め、全国の大学・研究機関にとって最先端の研究設備・生物遺伝資源・生命情報を提供するべく運営に努めている。本項目では、第3期中期目標期間中に直面している課題や第4期を見据えた発展の方向性について記述する。

I. 運営面

開かれた運営体制の下、各研究分野における国内外の研究者コミュニティの意見を踏まえて運営されていること

【主な観点】

- ◎① 共同利用・共同研究の実施に関する重要事項であって、機関の長が必要と認めるものについて、当該機関の長の諮問に応じる会議体として、①当該機関の職員、②①以外の関連研究者及び①②以外でその他機関の長が必要と認める者の委員で組織する運営委員会等を置き、①の委員の数が全委員の2分の1以下であること
- ◎② 上記の体制が、国内外の研究者コミュニティの意向を把握し、適切に反映できる人数・構成となっていること
- ◎③ 研究活動における不正行為及び研究費の不正使用への対応に関する体制が整備される等、適切なコンプライアンスが確保されるための体制が実施されていること
- ◎④ 共同利用・共同研究の課題等を広く国内外の関連研究者から募集し、関連研究者その他の当該機関の職員以外の者の委員の数が全委員の数の2分の1以上である組織の議を経て採択が行われていること

【自己検証結果】

【検証する観点】※①～④の項目については必ず検証してください。

①②③④

【設定した指標】

- ・ 当該機関の長の諮問に応じる会議体の外部構成員の数・全委員に占める割合、開催実績・関連する学術コミュニティの要請を実現する所内組織の具体的整備状況
- ・ 研究活動における不正行為等への対応等適切なコンプライアンス確保に向けた必要な体制の整備状況

◎① 遺伝研では共同利用・共同研究の実施等に関する重要事項を審議する組織体として「運営会議」を設置している。その委員構成は、2015年度～2019年度まで全委員（21名）中、②の外部構成員の数が10名となり外部構成員の割合が約48%であったが、2019年度に見直しを行い、委員①の数を全委員の2分の1以下となるよう改善した。2020年度では①の当該機関の職員が10名、②①以外の関連研究者11名である。副議長には慣例として外部構成員から指名されている。また運営会議の開催実績については、会議形式、メール審議も含め下記の回数実施した。2015年度（8回）、2016年度（9回）、2017年度（7回）、2018年度（8回）、2019年度（7回）、2020年度7月現在（3回）

◎②運営会議の委員には、遺伝学及びその関連分野において先導的な研究活動を展開し、且つ研究コミュニティへ深く貢献した研究者を任命している。現在、所外委員として、発生生物学、構造生物学、システム医科学、バイオインフォマティクス、病理医科学、進化生物学、老化メカニズム、幹細胞分化、ノンコーディング RNA、DNA トランスアクションの各分野からエキスパートが就任し、所内委員には、共同利用センターの構成教員や新分野創造センター長に加えて、エピジェネティクス、トランスポゾン、集団遺伝学、神経発生学、多細胞構築、クロマチン構造、医学情報整理技術の各分野の教員が就任している。これら構成員の参画により先端的な遺伝学の領域がほぼ網羅されることになり、研究者コミュニティの意向が反映できる体制となっている。

◎③研究活動における不正行為及び研究費の不正使用に対応するため、情報・システム研究機構では、機構長を最高管理責任者、理事を統括責任者、各研究所長を研究倫理教育責任者（研究不正）及びコンプライアンス推進責任者（研究費不正）とする研究不正等に対する管理・運営体制を構築している。また機構では、公的研究費の不正防止計画を定め、コンプライアンス推進責任者が、納品・検収、物品管理、出張、予算執行などが適切に実施されているかを定期的にモニタリングし、機構が内部監査を行うチェック体制を構築している。遺伝研では、所員の研究倫理の意識向上を図るため、機構主催の「研究活動不正防止のための研究倫理教育研修」及び「公的研究費にかかるコンプライアンス教育研修」（研究事業申請資格のある本務教職員の受講率 100%）を実施すると共に、研究所独自の「ライフサイエンス分野」に特化した法令研修についても毎年実施している。これまでのところ、遺伝研では研究不正などは無く、所として研究不正等に対する管理・運営体制が機能している状況にある。

◎④公募型共同研究・研究会（NIG-JOINT）、国際シンポジウム等の採択を行うにあたっては、遺伝研共同利用委員会にて1次審査を行っている。同委員会は、所内委員4名、所外委員として運営会議の外部構成員から3名を選出した計7名から構成される。採択決定については、運営会議（外部委員が全委員の2分の1以上となっている）において最終的な審議が図られる体制となっており、公正な審査を行うという点において必要な条件を十分に満たしている。

Ⅱ. 中核拠点性

各研究分野に関わる大学や研究者コミュニティを先導し、長期的かつ多様な視点から、基盤となる学術研究や最先端の学術研究等を行う中核的な学術研究拠点であること

【主な観点】

- ◎① 当該機関の研究実績、研究水準、研究環境、研究者の在籍状況等に照らし、法令で規定する機関の目的である研究分野において中核的な研究施設であること
- ◎② 対象となる当該研究分野において先導的な学術研究の基盤として、国内外の研究者コミュニティに必要不可欠であり、学術コミュニティ全体への総合的な発展に寄与していること
- ◎③ 当該機関に属さない関連研究者が当該機関を利用して行った共同利用・共同研究等による研究実績やその水準について、研究分野の特性に応じ、当該研究分野において高い成果を挙げていること
- ◎④ 研究者コミュニティの規模や施設の規模等に対応して、共同利用・共同研究に国内外から多数の関連研究者が参加していること

【自己検証結果】

【検証する観点】※①～④の項目については必ず検証してください。

①②③④

【設定した指標】

- ・ 当該機関の研究活動の状況(論文数、国際共著論文の数・割合、TOP10%論文の数・割合、国際共同研究の内容と実施件数、国際研究プロジェクトの実施状況 等)
- ・ 当該機関に属さない関連研究者が当該機関を利用して行った研究活動の状況(論文数、国際共著論文の数・割合、TOP10%論文の数・割合、国際共同研究の内容と実施件数、国際研究プロジェクトの実施状況 等)
- ・ 共同利用・共同研究の実施状況(受入共同研究者数 等)

◎① 遺伝研は、我が国唯一の遺伝学の総合的研究所として、遺伝情報と多様な生体物質が階層性を持つ複雑な生命システムの全体像解明を目指した国際水準の研究を展開している。また大学共同利用機関としてゲノム・生命情報や生物資源の基盤整備を行い、これらの研究リソースを背景とした共同利用・共同研究を推進している。これらを踏まえ、「分子遺伝学、細胞生物学、発生学、脳科学など生命システムの個別メカニズム解明を深化させた先端的研究」、「研究手法の開発」、あるいは「ゲノム情報など大量の生命情報を取得しそれらを進化学、医科学、生命情報科学に適用した研究」、「これまでの概念に縛られない新分野創造研究」において、31 研究室を中核に所内のセンター等 12 部門、2 支援ユニット、1 施設の協力を得て進めている。

その結果、遺伝研の第3期中期目標期間の論文成果は、2019年度までに査読付き国際学術誌に618報を発表した。分野別の被引用数Top10%にランクする論文の占める割合は、第3期中期目標期間において110報(16.7%, クラリベイト社年別データによる657報のうち)に達し、第2期中期目標期間の15.8%を超えて高い水準を示した(2020.5調べ)。上記定量的な指標により、遺伝研は、第3期も先端的な研究活動を高いレベルで推進したと言える。

当該計画において得られた成果論文の中でも、「物理学の視点から細胞内微小動態」を解析した研究では、核の弾性や染色体分配装置の力学的な特性を突き止め、細胞生物学等の分野で著名な国際学術誌に発表した。また「クロマチン構造が不規則な塊を作る」ことを明らかにした研究成果は、これまでの定説を覆すクロマチン構造を生きている細胞内において発見したことで、国際的にも評価の高い研究成果となった。「環境への適応戦略の鍵となった遺伝的基盤」を突き止める研究では、「魚類における淡水環境への適応進化」においてドコサヘキサエン酸(DHA)が海から淡水域へ進出する際の鍵となっていることをゲノムから発見した(Science誌発表)。「好酸性緑藻の酸性環境への適応進化」に重要な役割を果たした遺伝子を同定し、米国アカデミア紀要に発表した。「植物細胞壁の形成制御因子」の研究では、「細胞壁の増産」や「道管の水の通り穴のサイズ」を制御する新規遺伝子群を多数発見し、パルプ資源やエネルギー資源にも応用の可能性が期待できる成果となった。上記の研究成果は全て遺伝学の新しい概念や研究分野を切り開く成果であった。

その他の研究活動として「独自のゲノム解読技術を駆使したゲノムデータの生産と提供」、「大規模ゲノムデータ等の情報解析を支えるツールの開発」、「分子遺伝学を基盤とする新技術の開発」、「ゲノム配列から推定する日本人の起源」、「高次神経活動を支える脳神経回路の制御基盤」、「生殖細胞における性分化の制御基盤」、「DNA複製における慎重な制御機構を発見」、「エピゲノム動態を制御する新しい分子機構」、「子宮内膜症の発症機序など医科学発展の基礎となる研究」などにおいて複数の研究成果を発表し、遺伝学の中核機関としての活動を推進できた。

◎② 遺伝研の各事業センターは、共同利用の中核拠点として学術コミュニティに「ゲノム・生命情報」や「多様な生物資源」の基盤整備・提供を強力に進めることで生命科学の発展に不可欠な遺伝学的研究を支援している。さらに、遺伝研はナショナルバイオリソースプロジェクトや情報・システム研究機構データサイエンス共同利用基盤施設など国際水準の基盤整備事業と密接に連携することで、国内外の共同利用・共同研究を実施している。これら共同利用に基づく研究活動への貢献は③で記述する。

遺伝研の各研究グループにおいても生命科学の発展に貢献する「遺伝学的な解析手法」の開発を独自に展開し、まさに必要とされる学術コミュニティに提供している。例えば、現代の遺伝学研究において、次世代シーケンサーの登場により、ゲノム配列に関する1次情報の生産能力が飛躍的に向上したが、データ取得後の解析方法には多くの改善が求められていた。これらの課題克服に貢献するため、大規模ゲノムデータ等の情報解析を支えるツールを複数開発した。その一つとして、次世代シーケンサーによるデータ取得後の解析に不慣れな初心者でも扱える「ゲノム解析ツール：MASER」を開発した。MASER

の解析数は、2018 年度に 1 万件を超えた。その他の例として、微生物の大量のゲノムデータを高速にアノテーションし、且つ、公共塩基配列データベースへの登録を支援するためのツールとして「微生物ゲノムの遺伝子アノテーションツール：DFAST」を開発した。本ツールを報告した論文は、被引用回数が Biology & Biochemistry の分野で Top1% にランクするほどの注目を集めている。また、微生物群集の大規模データから微生物と生息環境の繋がりを可視化するメタゲノム解析ツールとして「LEA」を開発し、2019 年 7 月時点でのユニークユーザ数が 800 名を超え、解析件数が 4 千件に達している。

情報解析ツールの開発のみならず、分子遺伝学を基盤とする実験系の新技術も開発した。例えば、細胞内に多量に存在するが役割不明の「マグネシウムイオン」の機能推定に必要な生体内蛍光センサー MARIO を開発した。この技術を活用することでマグネシウムイオンが細胞内において「染色体の凝縮」に関わっていることを世界で初めて証明し、その論文は被引用回数が Top 2% にランクするほど注目を集めている。また、分子生物学研究に必須な新しい DNA クローニング技術として、複数の DNA 断片を同時にクローニングする革新的な DNA クローニングシステム iVEC を開発し提供している。iVEC システムを紹介した成果論文は、掲載誌において spotlight 論文に選出されたことに加えて、Faculty of 1000 にも選出された。

これらの開発・提供事例は、本研究所の遺伝学における研究開発力の高さと研究コミュニティへの貢献力の高さを示すものであり、いくつかの技術については事業センターから国内外の大学および民間の研究者に提供されるに至った。

◎③ 遺伝研では、「先端ゲノミクス推進センター」と「生命情報・DDBJセンター」が中核となって、高度なゲノム解読技術とアーカイブ基盤を国内外の生命科学コミュニティに提供している。この特色について当該機関に属さない関連研究者が活用した共同利用・共同研究の成果として、生命科学の発展に極めて重要なモデル生物等のゲノム解読・データベース開発が挙げられる。「アフリカツメガエルのゲノム研究」では、発生学等の分野で古くから研究に利用されてきたアフリカツメガエルの全ゲノム配列を解読し、学術誌として極めて評価の高い Nature 誌に発表した。本研究における遺伝研の貢献は、BAC・fosmid ライブラリというゲノム解析の材料の構築、DNA 配列決定、遺伝子発現のプロファイル、これら情報を収録したゲノムブラウザソフトの開発・提供等、多岐にわたり、研究の推進全般に渡って不可欠な取り組みを行った。アフリカツメガエルのゲノム配列情報は、本論文の被引用数が Top 1% にランクすることからもわかる通り、研究コミュニティへの影響力が高い。「ゼニゴケのゲノム研究」では、陸上植物において最も早期に分岐した苔類・ゼニゴケの全ゲノム配列の決定に貢献した。本成果は、生命科学分野のトップジャーナル Cell 誌に発表し、被引用数 Top 1% にも入った。本ゲノム解析からゼニゴケが植物の基本的な分子メカニズムを研究するための新たなモデル生物となる可能性が示唆された。本研究における遺伝研の貢献は、完全長 cDNA 配列の解析、ゲノムアノテーションの基盤情報提供にとどまらず、ゲノムデータベースの開発・提供を担った。「藻類シャジクモの研究」では遺伝研が全ゲノム配列決定の中核となることで、シャジクモが最古の陸上植物の出現よりも前に、陸上植物の特徴を獲得していたことが明らかとなった。本成果は、植物の陸上進出を考察する上で重要な知見となり Cell

誌に掲載され、被引用数 Top 2%に入った。遺伝研の高度なゲノム解析基盤は、その他にも「バフンウニ」「クマムシ」「チンパンジー親子トリオ」「カンキツ類」など、生命科学の発展や品種改良に役立つ動植物のゲノム解読に決定的な役割を果たし、共同研究を協力を押し進め、国内の研究グループの国際学術誌への発表に貢献した。

また、遺伝研の公募型共同研究（NIG-JOINT）を推進した結果、2016年度～2019年度の成果論文が128報に達した。これら成果の中でも、「キンギョ」のゲノム配列を明らかにした共同研究からは、全ゲノム重複が生じた時期や遺伝子の消失・進化の様子が明らかになり、キンギョの形態の多様性と発生機構を結びつけるための基礎となる成果になった。

◎④ 遺伝研では、全国の研究者に共同利用の機会を提供するため、研究所の研究教育職員と研究所以外の研究者による公募型の「共同研究」及び「研究会」を「NIG-JOINT」と称して毎年度実施している。その歴史は長く、第2期に引き続き第3期中期目標期間においても外部機関から多数の応募がある。2015年度からは、国外の研究機関との共同研究の促進を図るため、国外研究者のみに限定した応募枠「国際共同研究（2015年度～2016年度までの名称は共同研究A2）」を新設（以降、毎年度5件程度を採択）するなど、国内外を問わず積極的な共同利用の機会提供を進めた。第3期中期目標期間の実績値として、各種共同研究・研究会の採択件数は、計453件となり、受入機関数で見ると延べ452機関、受入者数においては延べ約5000名に達している。

また第3期中期目標期間における国際共同研究実施件数の目標値を30件と設定しているが、2019年度時点において、上記国外研究者限定応募枠に加え、これまでも実績を積み重ねてきた国内外共通で応募が可能な共同研究（所謂、非限定枠）における国外機関との実施件数（2019年度だけで19件の採択実績あり）を含めれば、優に目標値を越える結果となっており、上記の実績値からも大学共同利用機関の使命としての役割を十分に果たしていると言える。公募型共同研究を継続する上での問題は、減少する運営費交付金に対応するため、採択件数を維持する一方で配分金額を減少せざるを得ないことである。

Ⅲ. 国際性

国際共同研究を先導するなど、各研究分野における国際的な学術研究拠点としての機能を果たしていること

【主な観点】

- ◎① 国際的な調査・研究活動について、当該研究分野における国際的な中核的研究施設であると認められること
- ◎② 海外の研究機関に在籍する研究者をアドバイザーや外部評価委員、運営委員会等の委員に任命するなど、当該研究分野の国際的な動向を把握し、運営に反映するために必要な体制が整備されていること
- ③ 研究者の在籍状況や外国人の共同研究者数・割合等について、当該研究分野において、国際的に中核的な研究施設であると認められること
- ④ 国際的な学術研究拠点として多様で優秀な人材を獲得するため、外国人研究者など人材の多様性や流動性の確保のための支援・取組が行われていること
- ⑤ 外国人研究者に向けた共同利用・共同研究体制の整備が十分に行われていること

【自己検証結果】

【検証する観点】※①～②の項目については必ず検証してください。③～⑤の項目については、少なくとも1つ選択し検証してください。

①②③⑤

【設定した指標】

- ・ 国際的な調査・研究活動の状況(国際共著論文の数・割合、国際共同研究の内容と実施件数、国際研究プロジェクトや学術の大型研究プロジェクトの実施状況、海外との研究者の派遣・受入れの状況、国際協定の締結状況、海外への協力・貢献の状況、国際シンポジウム等の開催状況、国際共同展示、海外活動拠点の整備・維持・利用状況、和文業績の外国語訳およびその公開 等)
- ・ 国際的な動向の把握に必要な体制の整備状況、当該体制の構成 等
- ・ 海外の研究機関に在籍する研究者をアドバイザーや外部評価委員、運営委員会等の委員として任命している数・割合等
- ・ 国際的な研究者の在籍状況(国際学会の長、国際研究プロジェクトの長、国際的な賞の受賞等の経験や科学研究費補助金の採択状況 等)
- ・ 人材の多様性・流動性の状況(外国人研究者数、クロスアポイントメント制度や年俸制の活用による外国人研究者の数・割合、所属教員の当該機関における平均所属年数 等)
- ・ 外国人研究者のため、英語又は英語以外の外国語による職務遂行が可能な職員(教員、技術職員、事務職員 等)の配置状況
- ・ 共同利用・共同研究に参加する外国人研究者に対し、申請施設の利用に関する技術的支援、必要な情報の提供その他の支援を行うために必要な体制の整備状況

◎① 遺伝研は、日本及び世界の遺伝学の分野を牽引する役割を担っている。共同研究の一環として、国際的な学術交流を推進し多様な分野の研究者と連携を図ることを目的として、2006年度より国際シンポジウムを開催している。第3期中期目標期間中においては、2016～2018年度の三年間で3回開催し、計416名もの参加があり、海外から多数の招待講演者等と積極的な学術交流が図られた。遺伝研が主催の本シンポジウムの認知度、及び重要度という観点から見ても、本シンポジウムが果たす役割は年々大きなものとなっている。2019年度はガードナー国際賞受賞者2名を招聘したが、残念ながら新型コロナウイルス感染症の影響により開催が中止となった。

公募型の国際共同研究については、第3期中期目標期間中、計75件（国際限定枠、非限定枠を含む）もの研究課題を実施した。その間、受入機関数は約90機関、受入研究者は約180名にも上っている。このことから遺伝研が国際的な遺伝学の研究基盤施設であることが十分に伺える。

遺伝研は、バイオリソースの保存・提供においても国際的な貢献度が際立っている。提供実績は後述するが、これら事業を支えるナショナルバイオリソース事業（NBRP）において、複数のバイオリソースが補助金の採択（総額約3億円）を受けており、提供したリソースを使用した研究成果論文にも遺伝研リソース使用の旨の謝辞が多数掲載されるなど国内外において大きな成果を上げている。バイオリソースの提供が鍵となった国際共同研究の成果例として、「ゼブラフィッシュにおけるレム睡眠とノンレム睡眠の発見」が挙げられる。本研究では、遺伝研が脳神経活動をリアルタイムで可視化するために必須なトランスジェニックゼブラフィッシュを開発・提供し、その研究成果がNature誌に掲載された。また、遺伝研のゲノム解読技術を駆使した国際共同研究の成果例には、「アフリカツメガエル、ゼニゴケ、シャジクモ」といった生命科学の発展に極めて重要なモデル生物のゲノム解読・データベース開発が挙げられる。これら生物のゲノム解読の研究成果は、先導的な学術誌であるNature誌、Cell誌、Cell誌にそれぞれ掲載された。上記の研究成果は、遺伝研の生物遺伝資源事業と先端ゲノミクス推進事業が国際的な共同研究の中核となった成果である。

遺伝研の研究成果は、ほぼ全て「査読付き国際学術誌」に発表している。その数は、第3期中期目標期間において618報に達し、分野別の被引用数Top10%にランクする論文の割合が16.7%と高い水準を示している。これら618報の論文のうち約40%が「国際共著論文」であり、遺伝学関連分野における国際共同研究が活発に行われた結果である。

◎② 研究所の重要事項について助言を得るため、「アドバイザリーボード」を設置し、国内外において高い識見を有する学識経験者を委員として任命している。2020年度においては、5名のうち、3名が当該分野で著名な研究業績を有する海外の研究者となっている。また、遺伝研では、「国際戦略アドバイザー」を設け、毎年2名程度任命している。アドバイザーは年に1度来日した際に、研究所の執行部や教員と面談し、運営面及び研究面の指導助言の機会を設けている。他に、遺伝研では、海外研究機関に所属し、且つ、その分野において世界的に知られる研究者8名に「客員教員」として2年任期で任命し、遺伝学の先端研究についての動向を所内教員、学生向けにセミナーや講義を行う機会を得ている。このように遺伝研では、国際的な研究の動向などを運営・研究に反

映できる体制を整備している。

③ 遺伝研には長期、短期様々な形で国外出身の教員・研究員や留学生（総研大・遺伝学専攻学生）が滞在し、研究活動を行っている。その総数は、2020年2月現在で35名（内留学生が19名）にのぼり、出身地別では多い順にインド（7名）、カザフスタン（5名）、中国（4名）で、続いてマレーシア、英国、ベトナム、韓国、パキスタン、メキシコから各2名ずつ、さらにフランス、スペイン、米国、台湾、フィリピン、ガーナ、スリランカから各1名ずつ滞在している。

また、公募型共同研究「NIG-JOINT」等を通じて、国外から共同研究者の受け入れも積極的に行っており、第3期中期目標期間中における受入者数は約180名となり、これは国内外の受入共同研究者総数の約15%を占めている。このように、国内のみならず国外に対しても広く共同利用・共同施設としての役割を果たすべくその取り組みを推進してきた結果、遺伝研の国際的な認知度は大きく上昇しているものと考えられる。

⑤ 外国人研究者に向けた共同利用・共同研究体制を強化するため様々な活動を行っている。公募型共同研究「NIG-JOINT」の制度では、公募要領はすべて英語版を準備し、国際公募している。生物遺伝資源事業においても、提供しているリソースの申請ウェブサイトは英語を基本とし、提供先の約40%が国外の研究機関となっている。近年では情報・システム研究機構の国際ネットワーク形成・MOU推進プロジェクトを活用して、将来有望な国際共同研究に向けた交流支援を行ってきた。その成果として、過去5年間に9件の国際交流協定が締結された。

外国人研究者・留学生が遺伝研で研究活動を行うために、管理部において英語が堪能な職員3名を研究推進係、総務・企画係、大学院担当にそれぞれ配置している。加えて、国際化推進委員会を設置し様々な活動を行っている。例えば、言語の壁を感じることなく研究に専念できるよう国際化推進ヘルプデスクを設置し、来日前のビザ申請から、来日後の事務手続き、住居探しや三島エリアの生活情報の提供に至るまで、幅広いサポートを提供している。また、日本での生活に慣れ親しんでもらうため、日本語の無料レッスン（月2コマのグループレッスン）も行っている。さらに、研究所の所内通知文は全て日英併記を徹底すると共に、共通機器やセミナー室を容易に利用できるようにするため、これらの予約管理システムも全て英語化している。外国人研究者・留学生が滞在するための宿泊施設の整備状況についても遺伝研ゲストハウスを適切に利用出来るように英訳の案内をリニューアルするとともに共有部分でのネットワークの利用案内等の掲示を改善した。また、利用者から要望のあった寝具、厨房機器、ユニットバス等の更新を行い、外国人滞在者に応じた施設に改善している。

IV. 研究資源

最先端の大型装置や貴重な学術資料・データ等、個々の大学では整備・運用が困難な卓越した学術研究基盤を保有・拡充し、これらを国内外の研究者コミュニティの視点から、持続的かつ発展的に共同利用・共同研究に供していること

【主な観点】

- ◎① 共同利用及び共同研究のために保有している施設、設備、学術資料、データベース等の研究資源が、仕様、稼働状況、利用状況等に鑑み、当該研究分野における国際的な水準に照らして、卓越したものと認められること
- ◎② 施設、設備、学術資料、データベース等の研究資源を保有し、学術研究基盤として外国人研究者を含め、共同利用・共同研究に活発に利用されていること
- ③ 国内外の大学（共同利用・共同研究拠点を含む。）や研究機関等と連携してネットワークを形成し、施設、設備、学術資料、データベース等の研究資源の整備や共同運用に取り組んでいること
- ④ 共同利用・共同研究に参加する関連研究者に対する支援業務に従事する専任職員（教員、技術職員、事務職員等）が十分に配置されていること

【自己検証結果】

【検証する観点】※①～②の項目については必ず検証してください。③～④の項目については、少なくとも1つ選択し検証してください。

①②③④

【設定した指標】

- ・ 保有している施設、設備、学術資料、データベース等の研究資源による共同利用・共同研究の状況（当該機関に属さない関連研究者による利用回数 等）
- ・ 他の大学（共同利用・共同研究拠点を含む。）や研究機関等との連携による施設、設備、学術資料、データベース等の研究資源の整備や共同運用の状況
- ・ 共同利用・共同研究支援体制の整備状況（教員、技術職員、事務職員等の配置、研究の場の提供 等）

◎① 遺伝研では、共同利用センターとして、「先端ゲノミクス推進センター」、「生命情報・DDBJセンター」、「生物遺伝資源センター」が全世界の研究コミュニティにとって必須の事業を展開している。昨今の運営費交付金が減少する中で、世界の遺伝学研究を先導するためにこれら事業センターの機能をどのように維持・発展していくのか今後の課題である。以下、それぞれのセンターについて記述する。

<先端ゲノミクス推進センター>

ゲノム科学研究の国内・国際拠点の一つとして、我が国の生命科学研究の国際プレゼ

ンスを高めるための基盤形成を目指し 2011 年 10 月に設立した。2018 年度にシーケンシング部門と情報解析部門を設置し、最先端のシーケンシング技術と情報解析技術をシームレスに統合した包括的な解析を提供する体制を整えた。本センターでは、研究コミュニティからの強い要請の下、国内外の大学・研究機関や民間企業との連携により動物、植物、微生物など生物学的に重要な種についての実験系統、栽培系統、野生由来種などのゲノム配列解読や遺伝子発現解析を実施する「先端ゲノミクス推進事業」を進めている。また、2018 年度から新たに「マイクロバイーム研究支援基盤強化促進事業」を開始し、急展開するマイクロバイーム研究の基盤となる、大規模かつ高精度なメタゲノム解析を支援するための機能強化を図り、ヒト腸内や水、土壌、大気など環境中の微生物叢のゲノム・メタゲノム配列を解読することで大学・研究機関の国際競争力増強に貢献した。これら解析の基盤となる超高速シーケンサーについては、各機種種のアップデートやまた近年の急速な世代交代の波を確実にフォローアップし、国内トップクラスの設備を研究コミュニティに提供する体制を整えた（下表：本センターにて稼働中のシーケンサー）。

機種名	台数	タイプ	性能		
			解読長	データ量	ラン時間
ABI 3730xl	2	キャピラリー型	~800bp	~77kb	2時間
NovaSeq 6000	1	蛍光逐次DNA合成	~250bp	~3Tb	45時間
HiSeq 2500	3	蛍光逐次DNA合成	~250bp	~300Gb	60時間
MiSeq	1	蛍光逐次DNA合成	~300bp	~15Gb	56時間
PacBio Sequel2	1	1分子鋳型	~100kbp	~100Gb	20時間
PacBio Sequel	1	1分子鋳型	~100kbp	~10Gb	20時間
GirdION/MinION	1	ナノポア	~500kbp	~10Gb	48時間

超高速シーケンサーが生産する大規模データから生物学的知識を得るために、新規解析手法の開発、統合データベース構築、高性能計算機の整備など、情報解析システムの構築も進め、シーケンシングから情報解析に至るシームレスな共同研究体制を構築した。またシーケンサーおよび計算機群を入室制限区域内に設置し、個人ゲノム解読に必要とされる高度なセキュリティ対策も実施した。

上述したように、本センターではシーケンシング技術と情報解析技術を統合した解析技術を提供することで、我が国のゲノム科学研究の中核拠点として機能している。最先端技術を提供し続けるためには設備更新が必須である。現在も工夫して新規機器の導入やアップグレードを進めているが、今後は十分な予算措置が必要となる。また、情報解析の専門家が圧倒的に不足しており、優先的な研究者の配置や、高度人材育成の実施が必須である。

<生命情報・DDBJ センター (DDBJ)>

研究論文に記載する DNA やアミノ酸配列は、国際 DNA 塩基配列データベース (INSD) に登録しないと論文が受理されないという国際合意がある。したがって INSD は生命科学に必須の公共リポジトリとなっている。この INSD は、日本 (DDBJ)、米国 (NCBI)、欧州 (EBI) の三極体制によって 1986 年から共同運用されている。連携する NCBI や EBI は、INSD の他にも機能ゲノミクスやヒトゲノム向けの公共リポジトリを運用する。そ

のため、以下の設備及びサービスの拡充を実施した。

2016 年度：スーパーコンピュータ（スパコン）を格納する電子計算機棟の物理セキュリティ工事を実施し、入退室を生体二重認証制、24 時間有人監視体制に変更。

2017 年度：機能ゲノミクスのリポジトリを新規公開し、一般ユーザからの登録受付を開始した。データ量増大に対応するため、高速のファイルシステム 3.8 ペタバイトとアーカイブ用ストレージ 30 ペタバイトを追加導入。

2018 年度：スパコンの総入れ替えを実施し、5 ペタバイトを超える DNA 配列情報と 800 を超えるユーザ情報の移行・公開を、遅滞なく実施。

新スパコンは CPU コア数で見ると旧スパコンとほぼ同等だが、消費電力は 2/3 に抑えた。また OS レベルから全て仮想化（コンテナ化）し、計算資源の配分を需要に応じて組み替え可能である。この技術を用いて、従来 200 程度用意してきた解析ソフトウェア数を 2000 以上に拡張でき、同時に維持管理のコストを低減できた。また、異なる OS バージョンやライブラリにも対応できるため、処理結果の再現性向上につながった。さらに原核生物向けの新しいアノテーション（注釈）ツール、真核生物向けの解析パイプラインシステムも導入し、解析環境は一新された。

ヒトゲノム向けには、物理およびソフトウェア・セキュリティを完備した「個人ゲノム解析環境」を構築し、2018 年度より有償サービスとして開始した。この解析環境はヒトゲノム等大規模データのリポジトリに隣接するため、データを手元にダウンロードしなくても解析を実施できる。本システムはセキュアなデータ・ビジット型解析環境として全国随一のサービスであり、2019 年度以降に東北メディカル・メガバンク機構や国立がん研究センターと合同で実施するスパコン連携事業の礎となった。

現在の課題は、計算資源の不足である。新スパコンは 2019 年度に計算ノードを増強したが、過去 5 年で 5 倍、今後 5 年で 5 倍に増えるデータ量に比して 2012 年比で 1.5 倍の計算能力しかない。商用クラウドとの連携等で有償化に踏み込まないと全国のユーザを支えきれない状況に至っている。

<生物遺伝資源センター>

バイオリソース部門では、モデル生物の開発や新たな系統の収集を行い、国内外の研究者の要求に応じて分与している。本事業部が扱うリソースは、イネ、原核生物、酵母、マウス、ショウジョウバエ、ゼブラフィッシュ、ヒドラと多岐に渡り、それらリソースの収集、保存、開発、分譲を行っている。これらリソースの総保存数は 2016 年度の 101,625 点から 2019 年度の 111,528 点まで約 1 万点増加した。イネリソースでは、栽培種ではなくアジア各地から収集した野生種を保存、分譲している。マウスも 10 系統と少ないながら世界各地で捕獲された 4 亜種に属する野生マウスから近交系統を樹立した貴重な系統で「ミシマバッテリー」として知られている。さらにヒドラも国内唯一の野生系統のコレクションを有する。他方、ショウジョウバエ、ゼブラフィッシュ、原核生物の大腸菌と枯草菌は基礎研究用に開発されてきた実験系統である。枯草菌の全遺伝子破壊コレクションは米国で開発され、米国以外に寄託、分譲された唯一の機関となっている。独自に開発した代表的なリソースとしては、ゼブラフィッシュの遺伝子トラップ系統とエンハンサートラップ系統、ショウジョウバエのガイド RNA 発現系統を新規

に開発した。また、DNA クローニング用の宿主株を開発した（特許申請中）。加えて、ナショナルバイオリソースプロジェクト（NBRP）に参画し、イネ、原核生物、ショウジョウバエは中核機関、ゼブラフィッシュは分担機関として国内外の研究者にも提供を行うことで国際的リソースセンターの機能を果たしている。施設の面ではイネの遺伝子組換え実験用温室を新設し、イネの専用圃場と共に共同利用施設として整備することでイネ研究の拠点化を進めている。

バイオリソース情報部門は、生物遺伝資源センターバイオリソースのリソース情報をデータベース化し公開している。さらに、NBRP の情報センター整備プログラムの代表機関として全国のバイオリソース機関と連携し、26 生物種の生物情報のデータベース化とウェブサイトやゲノム情報の公開を担当している。また、NBRP ポータルサイト（nbrp.jp）、リソース総合検索（BRW）、NBRP 成果論文データベース（RRC）を運用し、研究成果情報の取集と発信も行っている。さらに地球規模生物多様性情報日本ノード（JBIF）と大型類人猿情報ネットワーク（GAIN）のデータベースを担当している。

当該センターは、上述の通り、これまでの精力的な活動によって提供可能なリソースが 11 万点を超えている。また、遺伝研の研究系は、これらリソースを活用して「表現型解析」を行ってきた。これら豊富なリソースを活用した表現型解析に対する外部機関からの需要が高まっており、今後、表現型解析を事業として提供可能か課題として検討している。

◎②

<先端ゲノミクス推進センター>

研究目的に応じた配列精度を達成するために、原理の異なる複数のプラットフォームを用いた効率的な手法の開発及びその評価を実施している。また、ロングリードシーケンサーを用いた効率的かつ高精度なゲノム解読を目指して、実験プロセスを見直し、コストや条件の最適化などにより解析の効率化を図った。その結果、各機種ともに最大効率で運用している状況にあるが、中でもロングリードシーケンサー（PacBio）のデータ生産量が 2015 年度比で約 13.8 倍（約 7.2 兆塩基）に達した（下左表）。

年度	機種	リード数	総塩基数(bp)	年度	生物種数	サンプル数
2016	HiSeq	77,063,096,973	11,887,631,559,310	2016	57	2,521
	PacBio	89,291,617	690,166,205,800	2017	61	3,514
	Sanger	90,642	80,796,547	2018	76	3,715
	Nanopore	0	0	2019	110	4,111
2017	HiSeq	76,864,060,113	12,113,625,321,215	計	304	13,861
	PacBio	159,752,569	1,083,333,312,857			
	Sanger	123,164	106,572,565			
	Nanopore	0	0			
2018	HiSeq+NovaSeq	113,714,103,708	16,491,104,775,427			
	PacBio	473,987,423	2,273,158,595,884			
	Sanger	94,752	64,533,252			
	Nanopore	44,922,754	151,063,484,327			
2019	HiSeq+NovaSeq	383,852,517,882	53,488,912,275,228			
	PacBio	895,083,329	7,210,021,827,738			
	Sanger	3,532	690,504			
	Nanopore	56,610,448	273,727,913,142			

国内外の大学・研究機関との連携により、第3期中期目標期間中では 304 生物種

13,861 サンプルについてゲノム・メタゲノム配列解読や遺伝子発現解析を実施し（下右表）、研究成果として77報の共同研究論文が国際的にも評価の高い学術誌から出版されている。また大規模生命情報を生産するのみならず、DDBJ 事業と連携したデータベース化を積極的に推進することにより、全ての情報を公開することができている。また企業との共同研究も積極的に進めており、当該期間中に合計11社と共同研究契約を締結し研究を進めている。

<生命情報・DDBJセンター>

スパコンを国内研究者に公開している。2016-2018年度は全国120以上の機関からそれぞれ842, 912, 1074名（所内ユーザは含みエンジニアは除く）の利用登録があった。アカウントは毎年度末に自動解約し、ユーザ氏名・所属・利用目的・実績報告も公開する。そのため当該利用者数は公的研究において真にスパコンを必要とする研究者数にあたる。スパコン利用の謝辞は、2016-2018年にそれぞれ83, 95, 119報の論文に記載された。これはスパコン京の一般利用における論文実績数とほぼ同じ数字を達成している。スパコンはメンテナンスに必要な1週間を除いて常時安定稼働し、CPU利用率は常に7割を超える。混雑度はリアルタイム公開しており、ユーザはそれを見つつ計算ジョブを投入する。質問受付も実施しており、毎年200件程度の技術的トラブルにエンジニアが対応する。

国際塩基配列データベースの利用度はインターネットのユニークIPアドレス数を安定指標として公開している。2016-2018年度のアクセスはホームページがそれぞれ2万2206, 2万3958, 2万1643アドレス、サービス全体でそれぞれ3万6051, 3万9118, 3万3806アドレスである（いずれも月平均数）。ドメイン名で見るとアクセスの半数が企業アドレス(.com)で、国内(.jp)は2割程度になる。多くは匿名または不明である。INSDへのデータ登録依頼の多くは国内研究者で、DDBJへの登録件数は2016-2018年度にそれぞれ5091, 4965, 6695件である。

<生物遺伝資源センター>

バイオリソースの分譲件数、分譲依頼数などを表で示す。年間800件を超える依頼件数があり、分譲する系統数は19万を超える。1件の当たりの分譲依頼株数は200を超えるが、これは原核細胞リソースで、全遺伝子の破壊株コレクション（約4000株）の一括分譲を実施しているためである。このような大規模な分譲依頼に対応しているのも本センターの特徴である。国内の生物遺伝資源の特性データ・ゲノム情報のデータバンク整備を進めた結果、2016年度から2019年度までに、リソースデータ数は29,000件、成果論文数では8,000件を新たに収集することができた。また10生物種のゲノム情報公開を達成した。データベースの利用者数は2016年度の月別ユーザ数10万人を維持している（2016年度：102,016人、2017年度：124,403人、2018年度：132,582人、2019年度：128,943人）。

バイオリソース提供件数 (依頼件数)				
実施年度	2016	2017	2018	2019
総計	1,220	982	866	867

バイオリソース分譲数 (提供した株、系統数)				
実施年度	2016	2017	2018	2019
総計	191,771	165,251	197,599	192,206

バイオリソース提供機関数				
実施年度	2016	2017	2018	2019
国内機関	529	350	255	265
国外機関	241	267	240	214
合計	825	633	502	490

バイオリソース保存数 (系統、株、クローン数など)				
実施年度	2016	2017	2018	2019
総計	101,625	109,666	112,514	111,528

③ 生物遺伝資源センターでは全国の大学・研究機関等との連携協力のもとにバイオリソースの収集・保存・供給等に関する調整、意見交換するため「生物遺伝資源委員会」を組織し、毎年11月に文科省など関連機関も招き委員会を開催している。2019年度は、29機関44種類のリソースから生物遺伝資源に関わる研究者55名が委員として学術研究用生物遺伝資源ネットワークに参加した。本委員会には省庁を超えて、関係機関が参画しており、ある意味では「生物遺伝資源事業」の国会として国内関連事業の立案や調整を実施している。

生命情報・DDBJセンターは、日本のノードとして国内からの塩基配列情報の収集と利活用促進だけでなく、アジア地域での生命情報の収集や推進にも積極的に寄与することを試みている。その例としては、中国科学院・微生物研究所により推進されている微生物基準株10K(一万株)ゲノム配列決定プロジェクトと連携し、生命情報・DDBJセンターで開発した微生物配列解析パイプラインであるDFASTを活用することで高速かつ簡便にINSDCに登録することで合意し、連携体制を構築している。また、アジア地域での国際的教育活動・共同研究推進基盤を構築するため、アジア地域での生命情報科学の最新情報を交換する国際研究会(<http://cjk-bioinfo.org/>)を、中国Shanghai Center for Bioinformation Technologyならびに韓国Korean Bioinformation Centerとの共同主催で17年間毎年一回の開催を続けてきている。

上記の共同利用事業以外にも、遺伝研では研究室が主体となって他機関のグループと連携し、バイオリソースやゲノム解析、データベースの共同整備・運用に取り組んでいる。例えば、真核藻類シゾン、サクラ、縄文人などのバイオリソース(5件)の活用やゲノム解析を目的に国内外の44機関(延べ数)と研究ネットワークを現在形成している。これらの中でも、「縄文人ゲノムの解析プロジェクト」は、日本列島人の起源を探ることを目的にゲノム科学・考古学・言語学などの研究者が参画する科研費新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」として採択され、文理融合による新たな研究領域の確立に発展した。ゲノムデータベースやメタボロームなどの生命情報データベース(8件)の開

発・運用では、国内外の 19 機関（延べ数）と研究ネットワークを形成している。特に、ヒトの個人ゲノムデータに関するプロジェクトが複数開始している。これらは「ゲノム解析データのクラウド等利用に係る倫理的・技術的調査」や「ゲノム医療研究支援サービスを支える研究開発基盤の整備」において、遺伝研のスパコンやデータベース基盤、情報解析能力を活用している。また、遺伝研が中核機関となって、希少・未診断疾患の原因遺伝子のモデル生物を作成することで、それら遺伝子の生物学的意義を検討するプロジェクト（J-RDMM）を展開している。

さらに遺伝研では、将来有望な国際共同研究等の実現に向けた国際研究ネットワークの構築を目指している。その成果として海外の大学・研究機関との国際交流協定を締結してきた。第 3 期中期目標期間においては、これまでに 9 件の協定が締結された。また、2019 年度には、ガーナ大学との国際交流協定において、当該大学の総長を含めた研究者等を遺伝研に招き協定締結式を実現させたほか、両機関における研究成果を発表するワークショップを開催するなど、研究教育における交流強化を意識した取り組みを進めている。その他、タイ、台湾、マレーシア等の近隣アジアだけでなく、イタリアやフィンランド等のヨーロッパ圏の機関との協定締結を実現させた。このように遺伝研は、研究開発への協力体制を整えるなど、国際性を強く意識した取り組みを進めているところである。

④ 遺伝研では、12 名の技術職員が研究支援業務に従事している。技術職員の多くは共同利用事業を担う生物遺伝資源センターに優先的に配属され、バイオリソースに関する技術的な支援業務を行っている。2019 年度現在での配属先と人数は、バイオリソース部門に 4 名、植物育成・開発支援部門に 2 名、ゲノム変異マウス開発支援部門に 2 名と、殆どの部門とリソースに技術職員が配置されていることから、専任職員による十分な支援体制が図られている。

それらの配属先では、各種遺伝子改変生物系統の開発、系統維持・管理、国内外の研究機関への分譲、栽培・飼育法の改良や系統の特性等についての問い合わせ対応、栽培・飼育施設の管理運営等に従事している。これら多岐にわたる技術的専門業務を通じて、共同研究の推進にも貢献している。さらに、X 線マイクロ CT 装置による 3 次元データ解析支援に従事している技術職員は、その専門技術によって他機関との共同研究の推進に貢献しており、公募型共同研究「NIG-JOINT」にも 2016 年度 1 件、2017 年度 3 件、2018 年度 1 件、2019 年度 4 件に採用された。また、2020 年度は新型コロナウイルスによる緊急事態対応事業として、研究コミュニティに向けた「マウス胚及び精子凍結保存」の緊急支援を実施した。

V. 新分野の創出

社会の変化や学術研究の動向に対応して、新たな学問分野の創出や展開に戦略的に取り組んでいること

【主な観点】

- ◎① 学際的・融合的領域における当該機関の研究実績やその水準について、研究分野の特性に応じ、著しく高い成果を挙げていると認められること
- ◎② 学際的・融合的領域において当該機関に属さない関連研究者が当該機関を利用して行った共同利用・共同研究による研究実績やその水準について、研究分野の特性に応じ、著しく高い成果を挙げていると認められること
- ◎③ 研究の進展に応じた異分野の融合と新分野の創出のため、他の大学（共同利用・共同研究拠点を含む。）や研究機関等との連携について、研究組織の再編等の必要性を含め定期的に検討を行っていること

【自己検証結果】

【検証する観点】※①～③の項目については必ず検証してください。

①②③

【設定した指標】

- ・ 学際的・融合的領域における当該機関の研究活動の状況※（共同研究の内容と実施件数、関連する学術分野間のネットワークの構築状況、論文数、共著論文の数・割合、国際共同研究の内容と実施件数、国際研究プロジェクトの実施状況 等）
- ・ 学際的・融合的領域における当該機関に属さない関連研究者による研究実績※（共同研究の内容と実施件数、関連する学術分野間のネットワークの構築状況、論文数、共著論文の数・割合、国際共同研究の内容と実施件数、国際研究プロジェクトの実施状況 等）
- ・ 他の大学（共同利用・共同研究拠点を含む。）や研究機関等との連携についての検討体制の整備状況

◎①生命科学の新分野創造のポテンシャルを持つ若手研究者を採用し育成するという明確な目標の下、遺伝研は2002年に新分野創造独立助教授の制度を作り研究支援を行ってきた。2006年からは「新分野創造センター」を発足し、ここに所属する任期付き教員として採用した。センターでは外部委員を3名含めて総勢約10名からなる運営委員会を発足させて若手PIのサポートを続けている。これまでに6回の公募で計13人を採用し、このうち10名は所独自の経費で採用し、3名は科学技術人材育成費補助金「テニュアトラック普及・定着事業」を利用した。

2009年からは、テニュアトラック制度を取り入れている。本育成制度は、研究所からの研究費や人員などによる優先的な支援体制と「新しい分野の創成につながる成果」を

掲げるテニユア基準が特色である。採用時の選考では過去の業績の多寡にとらわれずに「新しい分野を開拓する意欲」を重視することが特徴であり、新たな手法や理論によってこれまでの概念を打ち破ることができる可能性を秘めた若手を積極的に採用してきた。研究支援の額はポスドク・支援員の人件費を含んで、5年間で一人当たり6,800万円程度となっている。また採用研究者にはメンター2名を配置し、研究、教育、研究室運営等のアドバイスをを行っている。これまでテニユアトラック制度で採用した8人中6人がテニユアを獲得して遺伝研に新しい部門や研究室を開設した。また2人は任期中に教授や特任教授として転出し研究室を持った。

第3期中期目標期間においては、2014年度に採用した2名が2019年度にテニユア審査に合格して、新たな研究室を創設した。また2017年度には、新規に2名のテニユアトラック准教授を採用した。そのうち1名は子育て中の女性研究者であり、遺伝研における女性研究者支援制度でサポートされている。これら4名は、全員採用後に文部科学大臣表彰若手科学者賞を受賞した。さらに、JST・文科省等の競争的外部資金も獲得しており、非常に高い研究活動実績を示している。

◎②

<日本列島人の起源と成立を探るプロジェクト>

本学際プロジェクトは遺伝研と外部研究機関の研究者が連携し、ゲノム学だけでなく、考古学や言語学も加わった文理融合型の研究を進めている。本プロジェクトは、情報・システム研究機構の機構間連携・異分野連携研究プロジェクト「日本列島における人間・文化の起源とその発展に関する総合的研究」(2018-2021年度)に採択され、本機構に属する遺伝研と、人間文化研究機構に属する国立歴史民俗博物館と国立国語研究所の3研究所に所属する合計9名の研究者による文理融合型の研究を展開した。炭素14年代測定をおこなう研究者を雇用しているほか、ゲノム研究者の得意とする数量分析の手法を日本語の方言や日本の遺跡地図といった言語学や考古学のビッグデータに応用することをめざしている。また、文部科学省新学術領域「ヤポネシアゲノム」(2018-2022年度)として支援を受け、遺伝研からは領域代表と3名の教員が、多研究機関からは50名近い研究者が参画している。本プロジェクトは、企業との共同研究(2019-2021年度)「日本列島人を中心とした現代人のゲノムデータ解析」にも発展している。共同研究として2名の研究者を雇用し、企業から提供をうけた日本人のゲノムデータの解析やゲノムデータ自動解析システムの開発をおこなっている。本プロジェクトの成果として縄文人ゲノムを解読した論文は、広くメディアにとりあげられたほか、書籍も既に4冊が刊行されている。

<桜ゲノムプロジェクト>

1950年代に竹中要博士らは、ソメイヨシノの起源を探索することを目的に全国から桜の品種を収集し、交配実験と比較観察を行うことによってソメイヨシノ起源をオオシマザクラとエドヒガンの交配種であることを発表した。遺伝研には、これらの過程で得られた品種が約200種類現存する。長らく、桜の研究は途絶えていたが、これらサクラのゲノム解析からサクラの系統の起源を明らかにする研究を所内研究者と森林総合研

究所で開始した。遺伝研が保有する桜遺伝資源を中心に、全国の主要な桜保存系統 100 系統の「全ゲノム解読」を進めている。さらに、人文学オープンデータ共同利用センターとの学際的共同研究により、江戸時代の絵画等の情報から明らかにされる日本人が目にしてきた桜の形態変化と桜ゲノムの進化を対応させ、日本人による桜育種の道筋をゲノム科学的手法で明らかにするという学際的な研究の展開を目指している。

◎③ 遺伝研では、中期目標中期計画も含め研究所の重要事項について検討するため、将来計画委員会を設置している。研究組織の再編を行うため、2016 年度から、将来計画委員会 7 回、教授会議での議論 8 回、運営会議での議論 4 回を経て、2019 年 1 月 1 日に改組を実施した。

この改組においては、大学共同利用機関の責務である、共同利用・共同研究、人材育成を効果的に推進するために、研究系、研究センター、研究支援センターの抜本的な組織改変を実施した。5 つの研究系（分子遺伝研究系、細胞遺伝研究系、個体遺伝研究系、集団遺伝研究系、総合遺伝研究系）、5 つの研究センター等（系統生物研究センター、構造遺伝学研究センター、生命情報研究センター、放射線・アイソトープセンター、実験圃場）を廃止して、新たに 4 つの研究系（情報研究系、ゲノム・進化研究系、遺伝形質研究系、遺伝メカニズム研究系）を創設し新しい遺伝学に合った研究体制に改組した。また研究支援センターの内部組織の移管と名称変更を実施し、増加する外部機関への支援業務を強化した。新しい研究体制のもと、従来分子・細胞・個体・集団・総合という生命の階層を超えた新しい統合的な生命科学の進展を図ると共に、コミュニティの需要に合わせたリソースの開発や提供を進めることで共同利用・共同研究を推進していく。

共同利用事業の発展においては、大阪大学蛋白質研究所（蛋白質共同利用・共同研究拠点）、東京農業大学生物資源ゲノム解析センター（生物資源ゲノム解析拠点）等の機関と連携協定を締結している。

VI. 人材育成

優れた研究環境を活かした若手研究者の育成やその活躍機会の創出に貢献していること

【主な観点】

- ① 総合研究大学院大学の基盤機関として、大学と協力し、大学共同利用機関の優れた研究環境を活用して主体的に当該分野の後継者の育成等に取り組んでいること
- ② 連携大学院制度等を活用し、国内外の大学院生を受け入れ、共同利用・共同研究に参加させるなど大学院教育に積極的に関与していること
- ③ ポストドクター等の時限付き職員の任期終了後のキャリア支援に取り組むなど、若手研究者の自立支援や登用を進め、研究に取り組みやすい環境を整備していること
- ④ 若手研究者（海外研究者を含む。）の採用や育成に積極的に取り組んでいること
- ⑤ 女性研究者を含めた人材の多様化に取り組んでいること
- ⑥ 先端的・国際的な共同研究等への大学院生の参画を通じた人材育成に取り組んでいること

【自己検証結果】

【検証する観点】※④～⑥の項目については必ず検証してください。①～③の項目については、少なくとも1つ選択し検証してください。

①④⑤⑥

【設定した指標】

- ・ 総合研究大学院大学の基盤機関としての取組状況(学生数、学位授与数等)、または連携大学院としての取組状況(受入学生数、学位授与数 等)
- ・ 「特別共同利用研究員」の受入状況(受入学生数、学位授与数 等)
- ・ 若手研究者の人数・割合
- ・ ポストドクターを含む若手研究者の採用・支援の取組状況
- ・ 女性研究者の人数・割合

① 学生数に比べ教員数が圧倒的に多い遺伝研の環境（大学院生1人あたりの教員数は1.4人）を活かして、学生ごとに所属研究室以外の複数教員（最大4名）からなるプログレス委員会を組織し、多角的かつ体系的な体制で研究指導を行なっている。遺伝研の国際的な知名度を活かして世界中から留学生を採用し、2019年度末現在で留学生比率は40%を超え、日本人学生と切磋琢磨しながらの共学体制により国際的な研究者を育成している。所内での研究発表の機会を年2回設け、様々な研究者から幅広いフィードバックを受けることで、学生自らが能動的に研究力を増強する環境を整備している。学生の研究発表の傾向を分析して開発した科学英語教育プログラム「遺伝研メソッド」を用いて、国際的な研究発表能力強化にも力をいれている。

学生をエンカレッジするために故森島啓子氏の寄付金を利用した褒賞制度をつくり、2016-2019年度の間には8名の学生に森島奨励賞を、22名に森島啓子プロGRESS賞を授与した。この期間中に、5名の在校生・修生が、6件の国内及び国際学会で優秀発表賞を受賞しており、優れた研究者の育成が裏づけられたと考えている。

経済的サポートとしては、総研大生全員（学振特別研究員と国費留学生を除く）をリサーチ・アシスタントとして雇用し、研究に専念できる環境を整えている。新型コロナウイルス感染拡大にいち早く対応して、リサーチ・アシスタントの在宅勤務制度を整え、学生の困窮化を防いだ。また、希望者には無線端末を供与して、インターネット環境下で自宅学習が十分にできるように配慮した。

2016-2019年度期間中に課程博士の学位を取得した28名のうち、現在8名が海外で博士研究員として、10名が国内の研究機関で博士研究員や助教として研究に従事している。企業等で研究職についたものもあり、広範な知識を備え様々な分野で活躍する若手研究者人材の輩出に貢献した。

◎④ 2014-2019年度期間中に、遺伝研博士研究員として20代・30代を中心とする若手研究者25名を採択した。当該博士研究員は、所属研究室と関連を持ちながらも一定程度独立して研究を遂行できるポジションとして、公募者のなかから優秀な若手研究者を書面審査と面接審査を経て選抜している。過去に遺伝研に在籍したことがある者の応募は認めないことから人材の流動化にも貢献している。採用者は、創造性・独創性のある研究を推進することが期待され、17名が基盤Bを筆頭にスタートアップや若手研究などの科研費を独自に獲得している。研究活動の成果として、筆頭著者論文を発表した者が12名、共著も入れると半数以上の者が論文成果をあげている。遺伝研博士研究員採用後のキャリアアップには、兵庫県立大学の教授を筆頭として、18名が国内大学の助教、テニストラック教員などへ栄転している。このように、本博士研究員制度は、学位取得後から教員になるまでのキャリアステージの若手研究者にトレーニングと飛躍の場を提供しており、効果的に機能している。

◎⑤ 遺伝研における女性研究者の割合は中期目標数値20%を超えて推移している(2015年度：23.0%、2016年度：21.5%、2017年度：21.5%、2018年度：22.0%、2019年度：25.8%)。人事採用については、「能力・業績が同等と認められた場合には、女性を積極的に採用する」と明記し、この方針に従って審査を行なっている。研究者人材のさらなる多様化を目指して、2016年度に2名の助教を女性限定で募集し、2018-2019年度にはROISの女性研究者採用推進支援制度を利用して8名の女性特任研究員を採用した。また、2017年にはROISの女性研究者スタートアップ支援により、新規に採用された女性教員3名に研究費をサポートした。これらの活動の効果もあり、2019年度には女性研究者割合が上昇している。

育児中の研究者の支援として、2016-2019年度の間には、遺伝研独自の制度により延べ15名の女性教員に研究支援推進員の配置を行い、ROISの制度を利用して男女含む延べ11名の研究者に研究支援員を配置した。遺伝研内に多目的保育室を作り、2016年から有志の寄付金を運用資金として、職員が必要に迫られた際に一次保育を提供している。

この一次保育制度は、コロナウイルス感染拡大による臨時一斉休校時には、男女問わず育児中の研究者の大きな助けとなった。またこれまで要望が多かった在宅勤務制度も、この機に導入されている。感染症や天候不順による緊急時には、男女共同参画推進室が中心となって全職員へ Web アンケート調査を速やかに実施し、その回答をもとに各部署に働きかけて丁寧に対処している。遺伝研という小さな組織単位だからこそ、このような柔軟なきめ細かな対応がとれると考えている。

2018 年より、遺伝研で開催される共同利用研究会に外部から子供連れで参加する研究者に対して、遺伝研内で一時保育を提供する制度を整備した。すでに 2 名の外部研究者が利用し、他にはみられない新しい試みとして高い評価を受けている。研究者にとって新たな知識や技術を得ることは不可欠であるが、育児のせいで出張がままならないケースは多い。このような広い意味での研究者支援は、広く研究コミュニティに寄与する大学共同利用機関に期待される機能だと考えられる。

◎⑥ 遺伝研は、海外の大学生等が遺伝学研究の基礎を学ぶ機会として、夏季インターンシップ事業 NIGINTERN(6 週間)と冬季短期インターンシップ事業 NIG-GS(1 週間)を継続的に実施している。これらプログラムの参加者は、各研究室に所属することで最先端の遺伝学研究を行うと同時に、研究所のセミナー・講義への参加、成果発表等を経験する。夏季インターンシップ事業 NIGINTERN は 2007 年にスタートし、これまでに 85 名(25 カ国)を受け入れた。本プログラムは、継続的な実施によって年々知名度が上昇し、2019 年度は世界各国より 800 人以上の応募があった。また、国立台湾大学とカザフスタンのナザルバエフ大学とは、協定を結ぶことで NIGINTERN に学生を受け入れている。参加者からは、複数名が総研大に入学しており、遺伝研・総研大遺伝学専攻の国際化にも寄与している。

他大学等の大学院生に対しては、大学院の教育研究に協力することを目的とした「特別共同利用研究員制度」を実施し、遺伝学又はこれに関連した幅広い学際分野で研究を行っている大学院生を受け入れ、遺伝研教員が特定の研究課題について、一定の期間研究指導を行っている。第 3 期中期目標期間中においては計 21 名の国内外の修士または博士課程の学生を受け入れ研究指導にあたっている。

公募型共同研究への大学院生の参画状況については、他大学からの参加を含めると 2019 年度だけでも 168 名(来所延べ人数 483 名)の参加があった。総研大遺伝学専攻生が関係した成果については、2016 年度-2019 年度の公募型共同研究の成果論文 128 報の内、総研大生の貢献による論文成果が 10 報に達した。

Ⅶ. 社会との関わり

広く成果等を発信して、社会と協働し、社会の多様な課題解決に向けて取り組んでいること

【主な観点】

- ① 産業界等にも開かれた研究機関として、利用可能な研究設備、研究成果、研究環境等の大学共同利用機関が持つ機能を社会へ提供し、また、分かりやすく発信していること
- ② 地域社会や国全体の課題の解決に向けて貢献できる分野や内容について、それらの課題解決に取り組み、情報発信していること
- ③ 研究成果を広く社会と共有し、社会との協働・共創を通じて、新たな研究の展開につなげるとともに、社会の諸活動の振興に寄与していること
- ④ 研究成果を公開し、研究者のみならず広く社会における利活用に積極的に取り組むとともに、論文及び論文のエビデンスとしての研究データ等を公開・保存していること

【自己検証結果】

【検証する観点】※③の項目については必ず検証してください。①、②、④の項目については、少なくとも1つ選択し検証してください。

① ②③④

【設定した指標】

- ・情報発信・情報公開状況(HP へのアクセス数、シンポジウム、講演会・セミナー、研究会・ワークショップ、一般公開・展示の実施状況、データベースの構築・利活用状況 等)
- ・国や地域社会との連携状況(交流協定の締結、イベント共催、共同開発等)
- ・産学連携状況(産学連携論文数、特許出願数、企業との共同研究数、企業からの相談件数、企業との研究者交流実績 等)
- ・オープンサイエンス・オープンデータに向けたガイドラインの有無等の整備状況

① 産学連携・知的財産室では、研究から生じた成果の技術移転先、共同研究先を探索するために、特許出願したシーズについて、企業をターゲットとしたシーズの概要、産業上の利用可能性と特許情報を纏めた宣伝用リーフレットを作成している。毎年、国内外の展示会に出展し、積極的なシーズの紹介、売り込みを行うとともに、市場調査を行うことによって各シーズに関心、関連のある企業に個別にシーズを紹介している。これらの活動の結果、有償 MTA、ライセンス契約、共同研究契約等、企業との契約・連携に発展している。また、「遺伝研理科教育ネットワーク」として、研究所見学・講義、職場体験、出前授業、課題研究への協力等を通して、教育機関等に対する啓蒙活動や教育支援を実施している。

② <地域社会への取り組み>

静岡県が取り組む「A01（アグリオープンイノベーション）プロジェクト」における連携及び協力に関する協定の締結が進行中である。本プロジェクトが県内企業を交えた共同研究等へ発展することを期待し、関係する研究者の紹介・講演会・意見交換会等を計画している。同じく静岡県で海洋産業の振興と海洋環境保全を両立する世界的な拠点形成を目指す「Ma01（マリンオープンイノベーションプロジェクト）」がスタートし、遺伝研にも協力の依頼があった。今後、具体的な産業として、海洋微生物を活用した機能性食品や加工食品の開発、ブランド力のある水産物の開発や種苗生産、養殖ビジネス等の展開が期待される。また、ファルマバレーやフォトンバレーとも定期的に交流を持ち、情報交換を行っている。

<国全体の課題解決へ向けた取り組み>

ヒトゲノム塩基配列は、遺伝病や個人医療、創薬等のための重要な基盤情報であり、その安全な収集や必要とする研究者への配布は DDBJ 事業にとっても重要な業務である。精度の高いヒトゲノムの塩基配列情報とそれに付随する個人の病歴等に関する情報は、それ自体により個人が特定可能な個人情報であるため、その受付・格納・利用のそれぞれの点で、ヒト以外のオープンな情報とは異なる厳格な扱いが必要となる。生命情報・DDBJ センターでは、国立研究開発法人科学技術振興機構 (JST) バイオサイエンスデータベースセンター (NBDC) との協力体制のもと、個人情報の保護に配慮しつつヒトに関するデータの共有や利用を推進するために、ヒトに関する様々なデータを共有するためのデータベースである「Japanese Genotype-phenotype Archive (JGA)」を構築、運営しており、個人レベルの遺伝学的なデータと匿名化された表現型情報を暗号化して保存し、特定の研究目的に制限し提供している。

<新型コロナウイルス感染症をターゲットとした研究計画>

2020 年 1 月から認識された SARS-CoV-2 感染は国際的にも一向に収まる気配がない。SARS-CoV-2 は RNA ウイルスなので変異率が高く、変異しつつ感染している状況に鑑みるといずれ現行で用いられる PCR 検査のプライマーが働かなくなる可能性がある。そこで、SARS-CoV-2 ゲノム配列を決定することにより診断に用いることを計画している。ゲノム配列決定により感染経路を追跡することが可能となり、日本全体、世界全体での感染状況の把握に重要な情報を提供できる。また、進化学研究の伝統をもつ遺伝研において、進化速度が圧倒的に早い「ウイルス」は格好の研究材料であった。これまでの知識や経験を結集して、地球難ともいえるべき SARS-CoV-2 の比較ゲノム解析から、進化の方向性の予測を目指している。

予防策を目指した基礎研究としては、SARS-CoV-2 がターゲット細胞に感染するメカニズムの解明を目指す研究プロジェクトを立ち上げた。具体的には、SARS-CoV-2 が細胞表面に結合するときを使う Spike protein と呼ばれるタンパク質に着目し、これが細胞膜上の相互作用相手である「ACE2」タンパク質と結合する強さを定量的に解析・評価するアッセイ系を構築している。遺伝研新分野創造センター出身の物理細胞生物学研究室の持つ顕微操作技術と新分野創造センター染色体生化学研究室が持つ生化学分析技術

を融合した新規の手法開発によって、この重要な分子間相互作用をターゲットとした感染予防策の発案に必要な基礎知見と解析プラットフォームを提供することを目指している。

◎③ 毎年度実施する一般公開、公開講演会に加えて、要覧、ウェブサイト、インタビュー、SNS を活用し、遺伝研の研究成果、事業活動、人材育成活動の詳細を積極的に発信している。コンテンツを作成する際は、発見の価値だけでなく発見の過程が伝わることに重きを置き、さらに、分かりやすさや親しみやすさを追求している。一般公開、公開講演会については、特設ウェブサイトを設置し、当日の様子や講演動画、講演者インタビューなどを公開している。これまでの講演動画は遺伝研 YouTube チャンネルからも配信している。要覧については、遺伝研が設置された 1949 年からの全ての資料を遺伝研ウェブサイトから公開している。これら遺伝研の歴史的な資料は、科学史の研究分野にとっても貴重な研究資料となっている。

2019 年度は、遺伝研の創立 70 周年を記念した記念講演会・パネルディスカッションを実施し近隣の中高生 117 名を招待した。本講演会と中高生を交えたパネルディスカッションの全内容は、特設ウェブサイトから公開している。

第 3 期中期目標期間の研究成果の中で特に優れ且つ研究者の希望のあった研究成果の 76 件については国内プレスリリースを実施し（7 件は国際プレスリリースも実施）、そのうち 61 件の研究成果が新聞・TV・インターネット等のメディアに掲載された。遺伝研の諸活動がメディアに掲載された全件数は、903 件、うち TV が 37 件、新聞が 357 件に達し、積極的な情報発信の成果が現れたと言える。

遺伝研の代表的なシーズについては、Tol2 system（高効率な遺伝子導入を可能とする技術）、AID system（標的タンパク質を迅速に分解除去する技術）、マイクロバイオーーム分野の解析技術である LEA（微生物群集解析ウェブアプリ）等を保有している。最近では日本産の有用な新規微細藻類、水産ゲノム編集育種関連技術等、新たなシーズも生まれている。これら各シーズについて特許出願を行っており、過去出願件数は国内 92 件、国際 43 件、特許取得済件数は国内 33 件、国際 20 件である。また、積極的な産学連携活動を展開し、ライセンス契約、有償 MTA、共同研究契約等の実施件数、収入が順調に増加、2019 年度の総ライセンス・有償 MTA 契約件数は 33 件、共同研究契約は 20 件、総収入額は約 6,700 万円で過去最高を記録した。

また、近隣の製薬企業とバイオインフォマティクス分野における「包括連携協定」「共同研究部門設置契約」の締結に向けて協議を重ねており、2020 年度中に締結、開始予定である。今後も、人材育成、研究基盤の整備・発展、新たな技術開発を目指して、企業との「包括連携協定」「共同研究部門設置契約」を締結予定で、将来的に遺伝研を中心とした企業とのコンソーシアム、ネットワークの構築を目指している。

④ 遺伝研では、研究成果を論文等の形で公開することに加えて、付随して得られた塩基配列情報や解析に用いたバイオリソースを積極的に保管し、広く研究者が再利用できるように配列や材料に付随する情報とともにデータベース化して提供している。塩基配列情報については、1986 年から続く DDBJ 事業がその収集と公開を担当しており、前述し

たとおり欧米2機関とともに世界的に知名度が高く、広く活用されている INSDC を共同運営している。とくに 2008 年からはいわゆる次世代シーケンサー由来の生データの収集と再利用を促進するための大型データベースの運営と拡充に務めている。また、バイオリソースの収集・公開については、既出のとおり生物遺伝資源センターでの多様かつ大量のバイオリソースの収集と分譲を事業として実施している。これら塩基配列情報ならびに生体試料の保存と、そのオンラインでの検索システムの提供は、世界の生命科学研究者に利活用され、生命科学分野の基礎研究のみならず、医療・食料生産等の推進に寄与している。

上記の事業を基礎とする取り組みに並行して、研究室単位においても 2019 年 3 月 19 日付の所長裁定にて、研究データの論文等発表後の保存期間を資料 10 年間、試料 5 年間とした。また、論文作成に用いた画像や数値データ(塩基配列等の 1 次データを含む)については、公共のデータベースへ登録することを決めた。他方、論文作成に用いた生物試料に関しては、可能な限りストックセンター等に寄託することになっている。

自由記述

遺伝研は、大学共同利用機関として、遺伝学に関する共同利用・共同研究のための基盤整備を進め、全国の大学・研究機関にとって最先端の研究設備・生物遺伝資源・生命情報を提供するべく運営に努めている。本項目では、第3期中期目標期間中に直面している課題や第4期を見据えた発展の方向性について記述する。

<先端ゲノミクス推進センター>

当該センターはシーケンシング技術と情報解析技術を統合した解析技術を提供することで、我が国のゲノム科学研究の中核拠点として機能している。中核拠点として、シーケンシングの最先端技術をコミュニティに提供し続けるためには、日進月歩の技術進展を取り込むための継続的な設備更新が必須である。現在も工夫して新規機器の導入やアップグレードを進めているが、今後は十分な予算措置が必要となる。また、情報解析の専門家が圧倒的に不足しており、優先的な研究者の配置と高度人材育成の実施が必須である。

<生命情報・DDBJセンター>

当該センターは生命情報解析に特化したスパコンを提供している。第3期は、解析環境の改善を強力に進めたが、日本一とも言える混雑状況が続いている。したがって現在の課題は「計算資源の不足」である。新スパコンは2019年度に計算ノードを増強したが、過去5年で5倍、今後5年で5倍に増えるデータ量に比して2012年比で1.5倍の計算能力しかない。商用クラウドとの連携等で有償化に踏み込まないと全国のユーザを支えきれない状況に至っている。

<生物遺伝資源センター>

当該センターは、生命科学研究に必須なモデル生物の開発や新たな系統の収集を行い、国内外の研究者の要求に応じて分与している。これまでの精力的な活動によって、提供可能なリソースが11万点を超えている。また遺伝研の研究系は、これらリソースを活用して「表現型解析」を行ってきた。これら豊富なリソースを活用した表現型解析に対する外部機関からの需要が高まっており、今後、表現型解析を事業として提供可能な課題として検討している。

<ウィズコロナ時代の国際交流>

新型コロナウイルス感染症が世界的に流行するなかで、研究集会や国際交流の対応等が課題となっている。研究集会・シンポジウムでは、ウェビナーによる開催が模索されている。一方、国際共同研究の推進については不透明である。可能な限りインターネットを介した情報交換によって進めているが、実地における実験等が必要となった場合、どのような対応が可能か課題である。

遺伝研の研究系研究者は、これまで独創的かつ先端的な生命科学研究を推進してきた。その過程で生まれた先鋭的な研究技術や豊富なバイオリソースの蓄積がある。事業センターは、さらに研究系と緊密に連携しこれらを外部の研究者に迅速かつ効果的に利用できるよう提供することが遺伝研の使命であると考ええる。具体的には、益々複雑化する生物の表現型解析手段を各研究室と生物遺伝資源センターが協力して提供する「表現型解析センター」の展開が考えられる。また遺伝研は大学だけでは実現の難しい大型プロジェクトや異分野融合プロジェクトを推進するハブとして機能することが期待されていると感じている。