

厚生労働科学研究費補助金

(分担) 研究報告書

病原体ゲノム配列データベース・ガバナンスに関する構造分析——国際ガバナンス諸枠組みを支える共通基盤の断片化、追跡可能性、相互運用性

武見綾子（東京大学先端科学技術研究センター・准教授）

本分担研究は、AI・データ時代のグローバルヘルス研究開発体制を支えるデータ・ガバナンス基盤として、病原体ゲノム配列データ（DSI）のデータベース・ガバナンスを、PABS、CBD の DSI 多国間メカニズム、WHO IPSN 下のサーベイランス体制等、複数の国際ガバナンス枠組みが共通して依拠する基盤として構造的に分析する。本年度の作業から、(1)既存プラットフォーム3種類の構造的限界、(2)データベース断片化によるフリーライダー問題、(3)技術的統合の試みによる ABS とオープンサイエンスの両立可能性、(4)デカップリングと拘束的契約要請との根本的対立、(5)AI・合成生物学による追跡可能性の根本的困難、の5つの構造的論点を抽出した。これらは、データベース・ガバナンスを単なる技術問題ではなく、複数の国際枠組みを支える実装ガバナンスの中核問題として位置づけ直すべきことを示唆する。

研究要旨

A. 研究目的

A.1 研究全体の問題設定

新型コロナウイルス感染症は、グローバルヘルス・アーキテクチャーが個別保健課題への対応の集合ではなく、データ・技術・財政・人材・制度の相互接続性をいかに構築するかという問題であることを露呈させた。今後のグローバルヘルス国際協調は、特定の疾病領域や財政枠組みの設計を超え、研究開発、データガバナンス、技術標準、専門家ネットワークを横断的に接続する制度的基盤の構築を要求すると整理し得る。

病原体ゲノム配列データ（DSI）のデータベース・ガバナンスは、WHO パンデミック協定下の PABS（Pathogen Access and Benefit-Sharing）システム、生物多様性条約（CBD）COP-16 決定 16/2 が確立した DSI 多国間メカニズム、WHO IPSN（国際病原体サーベイランスネットワーク）下のサーベイランス体制、各国のバイオセーフテ

ィ・バイオセキュリティ規制等、複数の国際的ガバナンス枠組みが共通して依拠する技術的・制度的基盤である。これらの諸枠組みにおいて、データへのアクセスと、それから生み出される医薬品・診断・ワクチン等の便益の公平な配分、ならびにサーベイランス連動・規制間の相互運用性を、いかなる技術的・法的・制度的設計のもとで両立させるかは——医薬品アクセス・配分の問題であると同時に、データ共有基盤の設計、追跡可能性技術の整備、各国規制間の相互運用性の確保という、研究開発体制論の中核に位置する問題群を内包している。

A.2 本分担研究の視座

本分担研究は、PABS をはじめとする複数の国際ガバナンス枠組みの制度的実行可能性が、共通の技術的基盤としての病原体ゲノム配列データベースの設計に深く依存している点に注目する。データベースの構造、ガバナンス、追跡可能性機能、相互運用性の各層は、これらの諸枠組みが法的・運用的に機能するか否かを左右する。データベ

ス設計を単なる技術選択の問題ではなく、研究開発成果を実装に接続する「実装ガバナンス」の中核的な制度設計問題として捉え直す視座をとる。

病原体ゲノム配列共有のプラットフォームは複数並存しており、各プラットフォームは固有のガバナンス構造、データアクセス・ポリシー、利用追跡機能を有している。この断片化の状況下では、各国際枠組みが要請する追跡可能性、利益配分、サーベイランス連動、相互運用性等の機能は、いずれかのプラットフォームの選択あるいは新規構築なしには制度的に担保され得ない。一方、データの自由な流通と研究のオープン性を重視する科学コミュニティの規範との緊張も大きい。両者の間に存在する非対称性が、データベース・ガバナンス設計の中心的課題を構成する。

この非対称性のもとでは、複数のガバナンス枠組みを支える共通基盤としてのデータベース体制は、単一データベースへの統合でも各プラットフォーム独立的併存の容認でもなく、相互運用性（interoperability）の設計原理に基づく第三の領域として構想される必要があると考えられる。

A.3 本年度の範囲

本年度（令和 7 年度）は 3 年計画の最終年度にあたり、3 年間の研究で蓄積してきた分析基盤を踏まえつつ、2025 年 10 月以降の GISAID サービス中断問題、WHO ベルリンハブをめぐる議論、LISTEN 原則等の新たな国際的動向を組み込んで、データベース・ガバナンスをめぐる構造的論点を抽出する。本報告書は本研究の集約として位置づけ、より詳細な分析は今後論文等で公表する。

B. 研究方法

主たる方法は、政策文書および関連学術文献のレビュー、ならびに既存プラットフォームの構造的限界の類型分析である。

対象とする政策文書群は、WHO パンデミック協定交渉文書、PABS 関連の政府間交渉文書、WHO Berlin Hub（パンデミック・疫病情報ハブ）および国際病原体サーベイランスネットワーク

（IPSN）の公開資料、生物多様性条約（CBD）COP-16 決定 16/2 および DSI 多国間メカニズム関連文書、ならびに GISAID、INSDC、Pathoplexus 等の各プラットフォームのガバナンス文書とする。学術文献は、Nature Genetics、Science、The Lancet Microbe、Data Science Journal、Clinical and Translational Medicine、International and Comparative Law Quarterly 等に掲載された関連論文を対象とする。

分析は初期的・暫定的なものを含み、間接的な情報等も使用している。本報告はあくまでも初期的な検討にすぎず、最終的な公表物としては論文等での共有を予定している。

（倫理面への配慮）

本分担研究は文献および公開政策資料に基づく分析を主とするものであり、人を対象とする生命科学・医学系研究には該当しない。専門家ヒアリング等を実施する場合は、所属機関の規定に従い適切に対応した。

C. 研究結果

本年度の作業から、データベース・ガバナンスをめぐる近年の国際的動向として、以下の 5 つの論点が抽出された。

C.1 既存プラットフォーム 3 類型の構造的限界と WHO ベルリンハブ案

Poisot & Carlson (2025)は、病原体ゲノム配列データを共有する既存プラットフォームの構造的限界を 3 類型に分けて分析し、WHO が新たな PABS 対応データベースを設立すべきだと主張する論説を Think Global Health に発表した。論説の出発点は、2025 年 10 月に GISAID が Nextstrain、covSPECTRUM、outbreak.info への COVID-19 データセットの定期更新を予告なく停止したことである。著者らはこの決定が新たな COVID-19 変異体を監視・対応する世界の能力を著しく減退させたと述べ、次のパンデミックの急性期に同様のサービス中断が発生すれば壊滅的であると警告している。

この事態を踏まえ、著者らは、多国間システムは、データへのアクセスを一方的に制限できる独立した、説明責任のない非政府主体を中心に構築することはできないと結論づけ、GISAID が PABS の基盤となることに明確に反対している。Bedford & Neher (2025) は Nextstrain ブログにおいて、GISAID から 2025 年 10 月 1 日にプラットフォーム更新の即時終了を通知された経緯を公開し、Nextstrain 側が継続アクセスを求めたものの拒否されたと報告している。Poisot & Carlson (2025) はあわせて、covSPECTRUM と outbreak.info も同時期に GISAID からの定期更新が停止された経緯を指摘しており、Kupferschmidt (2026) の Science 誌でも関連の紛争が報じられている。

著者らは、代替候補を含む 3 種類のプラットフォームそれぞれに固有の限界があると論じる。第一に、GISAID については、不透明なガバナンス、データアクセス・再利用に関する恣意的なルール運用、リーダーシップの問題が長年批判されてきたことを指摘する。特に、一部ユーザーのアクセスを気まぐれに遮断してきた実績が信頼を損なっていると述べている。Enserink & Cohen (2023) の Science 誌調査報道は、創設者の偽名使用やデータアクセスの恣意的制限を詳細に報じている。第二に、INSDC (NCBI/ENA/DDBJ) については、3 機関間でデータを効率的に共有しているものの、ガバナンスがほぼ完全に欠如しており、匿名ダウンロードのような問題のある機能を含むと評価する。すなわち、誰がどの配列をダウンロードし利用したかを追跡する仕組みがなく、PABS 文脈での利益配分には対応できない。第三に、政府運営データベースについては、海外の潜在的提出者との相互信頼が欠如している場合や、政府が資金を制限し、データを操作し、政治的紛争に応じてアクセスを遮断する可能性がある場合に、固有の限界を持つと指摘する。

著者らの核心的提案は、WHO ベルリンハブ（パンデミック・疫病情報ハブ）が国際病原体サーベイランスネットワーク（IPSN）の中心拠点として、Pathoplexus のオープンソースソフトウ

ェア「Loculus」を用いて PABS 対応 DSI データベースを設立するというものである。ガバナンスには LISTEN 原則——Carlson, Granados, Phelan, Ramakrishnan, & Poisot (2025) が Nature Genetics 誌で提案した、オープンだが追跡可能な DSI アクセスのための 6 原則——を適用すべきだとする。著者らは、WHO が、特に 2011 年の PIP フレームワークにおいて配列データベースの開発という同様の機会を逃してきたと批判しつつも、GISRS（73 年の歴史を持つ世界インフルエンザサーベイランス・対応システム）の運営実績を踏まえ、WHO には配列共有プラットフォームを設立する能力と正統性があると論じている。

Pathoplexus について著者らは、有望な代替と評価しつつも PABS システムへの参加が現時点で保証されていない点を重要な障害として指摘する。Pathoplexus のガバナンス文書は PABS に関する議論を認識しているが、ガバナンス側の合意が得られるまで PABS 対応のコード変更は延期されている。Kupferschmidt (2024) が報じるによれば、Pathoplexus 共同創設者の Hodcroft は PABS 対応について、世界で最も優れた頭脳が数か月取り組んでも解決できていない問題を小さなデータベースである我々が答えを出せるかと言えば、正直に言えば答えはノーだとしつつ、解決策が見つかった暁にはその一部になりたいと述べている。

ここで観察される構造は、研究開発体制論の観点から重要な含意を持つ。既存プラットフォームの 3 類型がいずれも PABS の基盤として固有の限界を持つという認識は、データベース設計が単に技術選択の問題ではなく、ガバナンス、信頼性、説明責任、追跡可能性を統合する高解像度の制度設計問題であることを示唆する。

C.2 データベース断片化が PABS にもたらす法的・制度的リスク

データベース断片化が PABS 交渉に直接的な影響を及ぼすことは、Jon (2025a) が明示的に論じている。同論文は、追跡可能性システムがどの配列が PABS システムの一部であるかをタグ付けし監

視できない限り、製造業者は非 PABS ソースから配列を入手したと主張し、利益配分義務がないと主張できると指摘し、データベースの並存自体がフリーライダー問題を構造的に増幅させると警告している。Jon (2025b)はさらに、WHO の PABS システムと CBD の間の管轄権重複という法的障壁に加え、見落とされている政治経済的障壁が PABS の実行可能性を脅かすと論じている。

Bezruki (2025)のブリーフィングペーパー (Pandemic Action Network 刊) も、PABS の管轄権が CBD 決定 16/2 と重複する問題を核心的な構造的課題として取り上げ、病原体配列がオープンデータベースにアップロードされるため、製造業者が非 PABS 情報源から配列を取得したと主張し得る点を指摘している。Eccleston-Turner, Rourke, & Switzer (2025)も同様の論点を取り上げ、PABS 配列情報が PABS 専用データベースにのみホストされるか、PABS ラベル・識別子の体系的な利用・監視がデータベース基盤の大幅な改修を伴って実装されない限り、利用者が意図せず PABS DSI にアクセス・利用し得る点、ならびにそれが異なる法的枠組み間で利益配分義務の相互衝突を生む可能性を指摘している。

INSDC の追跡可能性の限界については、Arita (2021)が、INSDC は配列の著者と所在地を追跡するスキームを持つものの、データの利用範囲や取得された利益を現行システムで完全に追跡することはできないと指摘し、利益配分には別のスキームが必要だと論じている。Sheehan, Botta, & Leonelli (2024)は SARS-CoV-2 配列データベースの計量書誌学的比較を通じ、GISAID の制限的アクセスモデルと INSDC の無制限オープンアクセスモデルの間にデータ利用パターンの顕著な差異があることを実証している。さらに、米国や EU 諸国が INSDC と GISAID の双方に配列を登録する一方、日本を含む一部の国は GISAID にのみ寄託しており、このような非対称的な寄託パターンは、データベース統合を困難にする要因の一つと解釈し得る。

これらの諸点は、データベース断片化を単なる技術的非効率の問題ではなく、PABS 制度の根幹

を揺るがし得る法的・制度的リスク要因として再定式化する必要があることを示唆する。追跡可能性の不在はフリーライダーを構造的に許容し、結果として利益配分メカニズムそのものの正統性を弱体化させ得る。

C.3 技術的統合の試みと相互運用性の設計原理

データベース断片化に対する技術的解決策はいくつか提案されている。

Carlson, Granados, Phelan, Ramakrishnan, & Poisot (2025)が Nature Genetics で提案した LISTEN 原則は、Licensed (明確なライセンス)、Identified (ユーザー本人確認)、Supervised (利用監視)、Transparent (ガバナンスの透明性)、Enforced (違反への制裁を含む執行性)、Non-exclusive (排他的管理の排除) の 6 要素から成り、ABS (アクセスと利益配分) がオープンサイエンスと本質的に矛盾しないという立場を理論的に基礎づけている。LISTEN 原則は既存の FAIR 原則を補完するものとして位置づけられている。

Pathoplexus は、この方向性を技術的に具現化する試みの一つである。Dalla Vecchia (2024)の報告によれば、Pathoplexus はデータ提出者が「オープン」または「制限付き」(最長 1 年)を選択でき、オープンデータは INSDC に即時共有され、逆に INSDC の公開配列も Pathoplexus に取り込まれる双方向的なデータフローを実現している。これは、データの独立性とアクセス可能性を二律背反としてではなく、提出者の選択と双方向接続を媒介として同時成立可能なものとして再定式化する技術的経路の一例と整理し得る。

より広い文脈では、PHA4GE が提案する Pathogen Data Object Model (DOM)が、INSDC への病原体データ提出の標準化構造として GISAID を含む他のリポジトリとの単一リンクエッジポイントの確立を目指している (Timme et al., 2023)。また、WHO は 2025 年 1 月に IPSN の枠組みでゲノムデータ共有プラットフォームの属性と原則に関する公開協議を実施し (WHO, 2025a)、相互運用性のための API 要件や共通デ

ータ標準の必要性を提示している。IPSN のゲノミクスデータに関する実践コミュニティ (CoP on genomics data) は、全 WHO 地域から 60 名の専門家を集め、スケーラブルで相互接続された持続可能なバイオインフォマティクスエコシステムの構想を進めている (WHO, 2025b)。

これらの技術的統合の試みに共通する設計原理は、各プラットフォームの独立性を前提としつつ、それらが共通の接続基盤・データ標準・API を介して機能し合うことを可能にする相互運用性 (interoperability) である。統合を強要せず、しかし独立的併存にとどまらない、第三の設計領域の指定として位置づけ得る。同様の設計思想は、AI ガバナンスの広島 AI プロセスにおいても採用されており、データガバナンス領域を超えた共通の構造として観察される。

C.4 政策設計上の根本的対立——デカップリング論争

データベース統合の議論は、より広い政策設計上の対立に埋め込まれている。Muñoz-García, DSI Scientific Network, & Scholz (2025)は、CBD COP-16 決定 16/2 が確立した多国間メカニズム (カリ基金) の核心的設計原則として、アクセスと利益配分の意図的な分離 (デカップリング) を説明し、バリューチェーン全体を通じてどの DSI がどの国から使用されているかを追跡・追尾することは非実用的かつ非効率であると述べている。

一方、LMIC 側および公平性を重視する立場からは、拘束力のある契約メカニズムと強力な追跡可能性要件を求める主張がなされており (Bezruki, 2025)、先進国が自発的で柔軟なコミットメントを優先する立場との間に根本的な溝があると整理し得る。データベース設計はこの政策設計上の対立の技術的接面となっており、追跡可能性機能の実装如何が、いずれの陣営の政策的立場を実質化するかを左右する。

Eccleston-Turner, Rourke, & Switzer (2025)は、Think Global Health 誌の論考において、PABS が「病原体・データの共有」と「医薬品の供給・配布」という二つの別個の公衆衛生資源配分問題を

結びつけており、両者を分離して扱う方がより効果的に対処し得ると論じている。同様の枠組みは、Switzer, Strobeyko, Eccleston-Turner, Aubry, & Rourke (2025)の PABS 交渉に関する勧告・優先論点に関する討議文書、ならびに Hampton, Eccleston-Turner, Rourke, & Switzer (2023)による、ABS が「衡平性」の実現手段として掲げられることの「偽りの希望」を批判的に分析する論文にも示されている。これらは、データベースの技術的統合とは別次元の制度設計上の再考を促すものとして整理し得る。

ここに観察される構造は、技術的解決主義 (technological solutionism) の限界である。データベース設計はデカップリング論争の決定的解決を技術側から与えるものではなく、各陣営の政策的立場を実質化する制度的接面として位置づけ直す必要があると整理し得る。

C.5 AI・合成生物学による追跡可能性の根本的困難と比較制度モデル

仮にデータベースの統合が技術的に実現したとしても、追跡可能性には別次元の構造的障害が存在する。Eccleston-Turner, Rourke, & Switzer (2025)は、医薬品研究開発における AI/ML の増加的活用が、PABS 下の DSI 追跡可能性をさらに複雑化させると指摘している。AI モデルが大量の配列で訓練される場合、結果として生まれる製品を特定の入力配列に帰属させることがより困難になる可能性が考えられる。

Arita (2025)は、mRNA ワクチンが物理的ウイルス粒子を必要とせずゲノム情報のみから製造された事実を DSI からの利益の典型例として挙げ、合成生物学による「脱物質化」が遺伝配列の「起源」概念を根本的に揺るがしていることを論じている。これらの知見は、追跡可能性のための技術的工夫だけでは制度設計上の課題を解消し得ないこと、ならびに利益配分メカニズムの設計自体が脱物質化時代の現実に適合する形で再構成される必要があることを示唆する。

他の国際制度の経験も、統合の困難さを示唆している。Rourke (2019)は PIP フレームワークの

SMTA（標準素材移転契約）を分析し、設計上はアクセスが確保されているにもかかわらず利益配分は限定的にとどまる可能性を指摘し、これを「設計上のアクセス、都合が良ければの利益（Access by Design, Benefits if Convenient）」と表現している。すなわち、契約ベースの追跡可能性・利益配分メカニズムは設計図としては存在しても、運用上は十分に機能しない可能性が高いことを示唆する。

Sett et al. (2024)は、CBD、WHO、BBNJ、ITPGRFA にまたがる DSI 利益配分ルールの調和化を提唱し、複数の国際枠組みが並行して DSI 利益配分を扱う現状の非効率性を横断的に分析している。Lawson, Humphries, & Rourke (2024)は、無形の情報を効率的に規制するには適切な物質的代理——データベースアクセス手数料、サブスクリプション料、課徴金等——を特定する必要があると論じ、データベースのアクセス設計そのものが利益配分メカニズムの成否を左右することを示唆している。

これらの諸点は、データベース・ガバナンス体制の設計が、データベース技術、契約設計、複数フレームワークの調和化、脱物質化への対応を横断する高解像度の制度設計問題であることを補強する。

D. 考察

D.1 5層を統合する設計原理

C.1 から C.5 までの 5 つの論点は、それぞれ独立した観察ではなく、データベース・ガバナンスを構成する設計原理として相互に接続している。第一に、既存プラットフォーム 3 種類の構造的限界と WHO ベルリンハブ案。第二に、データベース断片化が PABS にもたらす法的・制度的リスク。第三に、技術的統合の試みと相互運用性の設計原理。第四に、政策設計上の根本的対立とデータベースの制度的接面性。第五に、AI・合成生物学による追跡可能性の根本的困難と比較制度モデルからの示唆。これらは別々の論点ではなく、複数の国際ガバナンス枠組みが法的・運用的に機能するための統合的設計の構成要素である。

データベース・ガバナンス体制は、データベースという技術的基盤の設計、ガバナンス（LISTEN 原則等）の制定、追跡可能性の技術的実装、各国規制間の相互運用性、AI・合成生物学への適応的設計の各層を統合する実装志向型の体制として構築される必要があると整理し得る。

D.2 制度的配置の非移転可能性と国際協調の様式

データベースおよびそのソフトウェア（Loculus 等）は国境を越えて流通可能性が高い一方、それらを機能させる制度的配置——ガバナンス機構、アクセス審査、利益配分の運用、各国の規制管轄との接続——は各国・各機関固有性が強いという非対称性は、データベース・ガバナンス体制の様式に重要な含意を持つ。

特にこの領域では、各国の生物多様性条約上の義務、医療規制、研究倫理規定、データ保護法制が大きく異なるため、単一の統合システムを目指すことは現実的ではないと考えられる。むしろ、各プラットフォーム・各国の制度的独立性を前提としつつ、データ標準、アクセス・ポリシー、追跡可能性技術、説明責任機構を通じて相互運用性を確保することが重要になると整理し得る。

データベース技術それ自体ではなく、それを機能させる制度的配置が決定的に重要であるという命題は、国際協力を不要にするものではない。むしろ逆に、制度的配置こそが各国・各機関固有性を持つために、各主体の実装経験の相互参照こそが、国際協力の中核的機能となり得る。

D.3 国際協力の二重機能と外部参照点としての国際枠組み

データベース・ガバナンスをめぐる国際協力は、対外的ルール形成と各国・各プラットフォームの内部ガバナンス改革の外部参照点という二重機能を併せ持つ可能性がある。WHO ベルリンハブによる新規データベースの設立提案は、既存プラットフォームの統一を強要するものではなく、信頼性・透明性・追跡可能性の基準を外部参照点として提示する装置として機能し得る。

同型の構造は、HL7 FHIR のような医療データ標準が日本国内の医療 DX の外部参照点として機能してきた経緯、ならびに広島 AI プロセスにおいて各国規制間の相互運用性を確保するための国際ガイディング・プリンシプルが外部参照点として機能してきた経緯にも観察される。データベース・ガバナンスにおいても、国際的合意による信頼性基準と追跡可能性原則の確立が、各プラットフォーム・各国の内部改革を加速する装置として機能し得る可能性が示唆される。

この二重機能の認識は、データベース・ガバナンス体制の設計を、対外的合意形成のための場としてだけでなく、データベース・ガバナンス、追跡可能性技術、各国規制制度の改革を駆動する経路として位置づけ直す視座に通じる。

D.4 追跡可能性技術の共同開発による国際協力の再構成

追跡可能性技術、ガバナンス・ソフトウェア（Loculus 等）、Privacy-Enhancing Technology 等は、それ自体が新たな研究開発の対象である。これらの技術の共同開発を国際協調の対象として位置づけることで、国際協力の性格が変容する。それは単なる知識共有や合意形成ではなく、データ・モデル・評価・監査の各局面における詳細な技術的調整を含む実装協調へと、国際協力が再構成される。

2030 年 G7 に向けた研究開発体制の検討においては、医薬品・診断技術・AI モデル等の研究開発と並行して、データベース・ガバナンス技術、追跡可能性技術、安全性技術等の研究開発を、独立した国際協調の対象として位置づける視座が一つの論点となり得る。WHO ベルリンハブによる Loculus の活用提案は、ガバナンス・ソフトウェアの国際共同開発を国際協力の中核に位置づける一つの具体例として整理し得る。

E. 結論

本年度（令和 7 年度）の分担研究では、AI・データ時代のグローバルヘルス研究開発体制を支えるデータ・ガバナンス基盤として、病原体ゲノム

配列データベース・ガバナンスを、個別プラットフォームの技術的問題ではなく、データの独立性と相互運用性の両立、追跡可能性の構造的不在に伴うフリーライダー問題、政策設計上のデカップリング論争、AI・合成生物学による追跡可能性の根本的困難、これらを統合する実装ガバナンスの問題として捉え直す視座を提示し、その下で 5 つの論点を抽出した。本データベース・ガバナンスは、PABS システム、CBD の DSI 多国間メカニズム、WHO IPSN 下のサーベイランス体制等、複数の国際枠組みが依拠する共通基盤として位置づけられる。

データベース技術およびソフトウェアが国境を越えて流通可能である一方、それらを機能させるガバナンス・制度的配置は各国・各機関固有性が強いという非対称性のもとでは、複数の国際枠組みを支える共通基盤としてのデータベース体制は、同一プラットフォームへの統合でも、各プラットフォーム独立的併存の容認でもなく、複数層における相互運用性条件の整備として再定式化される必要があると整理し得る。

日本は、INSDC（DDBJ）の運営、医療 DX・電子カルテ情報共有サービスの構築、DFFT・広島 AI プロセスにおけるデータガバナンス国際協調の経験を有しており、これらをデータベース・ガバナンス体制の設計に資する形で再構成することで、日本からの政策提言、例えば 2030 年 G7 に向けた政策提言の基盤としても提示し得ると整理できる。

本報告書で抽出した 5 つの構造的論点は、PABS 交渉、WHO IPSN、CBD 決定 16/2 の運用、各プラットフォームのガバナンス改革等の動向に応じて継続的に検証・更新が必要である。本稿はごく初期的な整理に留まるが、今後ポリシーペーパーや論文の形で、日本の政策提言の基礎として、本研究班の他の分担研究との統合的検討に資する形で提示することが考えられる。

（参考文献）

- Arita, M. (2021). Open access and data sharing of nucleotide sequence data. *Data Science Journal*, 20, 28. <https://doi.org/10.5334/dsj-2021-028>
- Arita, M. (2025). Data sovereignty and open sharing: Reconceiving benefit-sharing and governance of digital sequence information. *Data Science Journal*, 24, 9. <https://doi.org/10.5334/dsj-2025-009>
- Bedford, T., & Neher, R. (2025, November 6). Interruption to GISAID-based SARS-CoV-2 sequence analyses. *Nextstrain Blog*. <https://nextstrain.org/blog/2025-11-06-gisaid-based-ncov-analyses>
- Bezruki, A. (2025, September 10). Briefing paper on pathogen access and benefit sharing (PABS). *Pandemic Action Network*. <https://www.pandemicactionnetwork.org/news/briefing-paper-on-pathogen-access-and-benefit-sharing-pabs/>
- Carlson, C. J., Granados, M., Phelan, A. L., Ramakrishnan, N., & Poisot, T. (2025). The LISTEN principles for genetic sequence data governance and database engineering. *Nature Genetics*, 57, 2099–2105. <https://doi.org/10.1038/s41588-025-02270-7>
- Dalla Vecchia, E. (2024). Pathoplexus: Towards fair and transparent sequence sharing. *The Lancet Microbe*, 5(12), 100995. <https://doi.org/10.1016/j.lanmic.2024.100995>
- Eccleston-Turner, M., Rourke, M., & Switzer, S. (2025, May 20). Fate unknown: The Pandemic Agreement's pathogen access and benefit sharing. *Think Global Health*. <https://www.thinkglobalhealth.org/article/fate-unknown-pandemic-agreements-pathogen-access-and-benefit-sharing>
- Enserink, M., & Cohen, J. (2023). The 'invented persona' behind a key pandemic database. *Science*, 380(6643), 332–339. <https://doi.org/10.1126/science.adi4114>
- Hampton, A.-R., Eccleston-Turner, M., Rourke, M., & Switzer, S. (2023). 'Equity' in the Pandemic Treaty: The false hope of 'Access and Benefit-Sharing'. *International and Comparative Law Quarterly*, 72(4), 909–943. <https://doi.org/10.1017/S0020589323000350>
- Jon, W. (2025a). Pathogen sharing in the digital age: The unfinished agenda of the WHO pandemic agreement. *Clinical and Translational Medicine*, 15(9), e70473. <https://doi.org/10.1002/ctm2.70473>
- Jon, W. (2025b). World Health Organization's Pathogen Access and Benefit-Sharing system for digital sequence information and the Convention on Biological Diversity. *Clinical and Translational Discovery*, 5(6), e70106. <https://doi.org/10.1002/ctd2.70106>
- Kupferschmidt, K. (2024, August 29). New, scientist-run virus database vows to be transparently run and simple to use. *Science*. <https://www.science.org/content/article/new-scientist-run-virus-database-vows-be-transparently-run-and-simple-use>
- Kupferschmidt, K. (2026, January 6). Fresh conflicts erupt around giant database for flu and COVID-19 sequences. *Science*. <https://www.science.org/content/article/fresh-conflicts-erupt-around-giant-database-flu-and-covid-19-sequences>
- Lawson, C., Humphries, F., & Rourke, M. (2024). Challenging the existing order of knowledge sharing governance with digital sequence information on genetic resources. *Journal of Intellectual Property Law & Practice*, 19(4), 337–357. <https://doi.org/10.1093/jiplp/jpad129>
- Muñoz-García, M., DSI Scientific Network, & Scholz, A. H. (2025). Navigating COP16's digital sequence information outcomes: What researchers need to do in practice. *Patterns*, 6(3), 101208. <https://doi.org/10.1016/j.patter.2025.101208>

Pathoplexus. (2024, August 27). Introducing Pathoplexus. <https://pathoplexus.org/news/2024-08-27-hello-world>

Poisot, T., & Carlson, C. J. (2025, November 5). To finish the Pandemic Agreement, WHO needs a trustworthy viral database. Think Global Health. <https://www.thinkglobalhealth.org/article/to-finish-the-pandemic-agreement-who-needs-a-trustworthy-viral-database>

Rourke, M. F. (2019). Access by design, benefits if convenient: A closer look at the Pandemic Influenza Preparedness Framework's Standard Material Transfer Agreements. *The Milbank Quarterly*, 97(1), 91–112. <https://doi.org/10.1111/1468-0009.12364>

Sett, S., Kress, W. J., Halewood, M., Nicholson, D., Nuñez-Vega, G., et al. (2024). Harmonize rules for digital sequence information benefit-sharing across UN frameworks. *Nature Communications*, 15, 8745. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-52994-z>

Sheehan, N., Botta, F., & Leonelli, S. (2024). Unrestricted versus regulated open data governance: A bibliometric comparison of SARS-CoV-2 nucleotide sequence databases. *Data Science Journal*, 23, 29. <https://doi.org/10.5334/dsj-2024-029>

Switzer, S., Strobeyko, A., Eccleston-Turner, M., Aubry, S., & Rourke, M. (2025). Negotiating Pathogen Access and Benefit-Sharing (PABS): Recommendations and priority issues (SSRN Working Paper No. 5383869). <https://doi.org/10.2139/ssrn.5383869>

Timme, R. E., Karsch-Mizrachi, I., Waheed, Z., Arita, M., MacCannell, D., Maguire, F., et al. (2023). Putting everything in its place: Using the INSDC compliant Pathogen Data Object Model to better structure genomic data submitted for public health applications. *Microbial Genomics*, 9(12), 001145. <https://doi.org/10.1099/mgen.0.001145>

World Health Organization. (2025a, January 15). Online public consultation: Attributes and principles for genomic data sharing platforms supporting surveillance of pathogens with epidemic and pandemic potential. <https://www.who.int/news-room/articles-detail/online-public-consultation-attributes-and-principles-for-genomic-data-sharing-platforms-supporting-surveillance-of-pathogens-with-epidemic-and-pandemic-potential>

World Health Organization. (2025b, July 11). WHO establishes communities of practice for pathogen genomics surveillance. <https://www.who.int/news/item/11-07-2025-who-establishes-communities-of-practice-for-pathogen-genomics-surveillance>

F. 健康危険情報

(分担研究報告書には記入せずに、総括研究報告書にまとめて記入)

G. 研究発表

1. 論文発表

Takemi, A. (2026). Bridge-weaving diplomacy: Japan's strategy for AI governance in navigating geopolitical fragmentation. *Journal of Digital Media & Policy*, 17(1), 151–170. https://doi.org/10.1386/jdmp_00203_1

Takemi, A. (2026). Managerial imperatives for health–security information sharing: Balancing confidentiality and utility amid a deepening interface. *Politics and the Life Sciences*, 1–22.

Takemi, A., & Minamitani, K. (2026). Climate change, health security, and regional stability in the Indo-Pacific: Japan's potential role in addressing interconnected challenges. In *Climate Change, Public Health, and Regional Security in the Indo-Pacific* (pp. 163–171). Academic Press.

2. 学会発表

Takemi, A. (2026 年 2 月 25 日). Safeguarding and Responsibly Advancing Critical Emerging Technologies: Southeast Asia–Japan Cooperation. Conference on Southeast Asia–Japan Partnership in Strengthening Regional Economic Security, Lee Kuan Yew School of Public Policy, National University of Singapore, Singapore.

H. 知的財産権の出願・登録状況（予定を含む。）

1. 特許取得

該当なし。

2. 実用新案登録

該当なし。

3. その他

該当なし。