

ミレニアム・ゲノム・プロジェクト平成14年度評価報告書

ミレニアム・プロジェクト（新しい千年紀プロジェクト）は、平成11年12月、新しいミレニアム（千年紀）の始まりを目前に控え、人類の直面する課題に応え、新しい産業を生み出す大胆な技術革新に取り組むこととして始まった。具体的には、夢と活力に満ちた次世紀を迎えるために、今後の我が国経済社会にとって重要性や緊要性の高い情報化、高齢化、環境対応の三分野について、技術革新を中心とした産学官共同プロジェクトを構築し、明るい未来を切り開く核を作り上げるものである。

ミレニアム・プロジェクトの高齢化分野に該当する「高齢化社会に対応し個人の特徴に応じた革新的医療の実現」（ヒトゲノム）、「豊かで健康な食生活と安心して暮らせる生活環境の実現」（イネゲノム）においては、ゲノムに係る研究開発を、国家のイニシアティブの下に、研究者を結集して強力に推し進めることにより、来るべき新世紀に高齢者にとって活気ある社会への道を切り拓き、安全性の確保と国民の理解の増進を図りつつ、バイオテクノロジーの応用によって幅広い分野における新しい産業の創出を図っていくことを目指すとともに、新世紀の人類社会の発展に、大きく貢献していくこととしている。

具体的な事業内容の構築に当たっては、府省横断的な取り組みと官民の十分な連携を図ることはもとより、明確な実現目標の設定、複数年度にわたる実施のための年次計画の明示や有識者による評価・助言体制の確立を図るとの新たな試みを取り入れている。

本評価・助言会議は、「高齢化社会に対応し個人の特徴に応じた革新的医療の実現」（ヒトゲノム）、「豊かで健康な食生活と安心して暮らせる生活環境の実現」（イネゲノム）の両プロジェクトについて評価・助言を行うために設置されているが、平成14年度が終了したことに伴い、各評価・助言委員からの意見に基づき、今般中間評価として以下のとおり取りまとめた。

本評価・助言会議の構成員及び開催経緯については、別紙参照。

・ミレニアム・ゲノム・プロジェクトの概要

1. 目標

2004年度を目標に、

- ・ 痴呆、がん、糖尿病、高血圧等の高齢者の主要な疾患の遺伝子の解明に基づくテーラーメイド医療を実現し、画期的な新薬の開発に着手するとともに、生物の発生等の解明に基づく、拒絶反応のない自己修復機能を利用した骨、血管等の再生医療を実現する。
- ・ 疾患予防、健康維持のための植物の高品質化によるアレルギーフリー等高機能食物及び農薬使用の少ない稲作を実現する。

2. プロジェクトの概要

【実現目標】

< ヒトゲノム解析を突破口とした 5 大疾患の克服 >

2001 年度までに、

- ・ ヒトゲノム約 10 万個のうち、ヒトの体内で発現頻度が高い約 3 万個（完全長 cDNA）について解析を実施する。
- ・ ヒトゲノムの中で個人間で異なる部分（一塩基多型 (SNPs)）15 万個を目標に、遺伝子部分に焦点をあてて探索、解析するとともに、SNPs の発現頻度の解析を実施する。また、上記の内容とともに、痴呆、がん、糖尿病、高血圧、アレルギー等の疾患を対象に、疾患遺伝子の解明に基づき、疾患対策、テーラーメイド医療の実現、画期的新薬の開発に着手する。

< イネゲノムの解析による高機能作物及び低農薬作物の実現 >

- ・ 2004 年度までの間のできるだけ早い時期に、イネゲノムの最終稿の解析と遺伝子（完全長 cDNA 約 3 万個）を研究する。
- ・ 2004 年度までに、機能性物質生成関連遺伝子や病虫害抵抗性遺伝子などの有用遺伝子を 100 個以上発見する。

【個別プロジェクト】

関係省間の強固な連携体制の下、プロジェクトの円滑かつ効率的な実施のため、各個別事業の研究代表者から構成されるプロジェクト・チーム（ヒトゲノム多様性、疾患遺伝子、バイオ・インフォマティクス、発生・分化・再生、イネゲノム）を部門毎に設け、プロジェクトを推進する。

（ヒトゲノム多様性解析プロジェクト）

- ・ ヒト完全長 cDNA 構造・機能解析（12・13 年度、経済産業省）
- ・ 標準 SNPs 解析（12・13 年度、文部科学省、経済産業省）
- ・ 体系的疾患 SNPs 研究（12～16 年度、文部科学省）

（疾患遺伝子プロジェクト）

- ・ 疾患・薬剤反応性遺伝子の解析と治療応用（12～16 年度、文部科学省、厚生労働省）
 - (1) 痴呆（アルツハイマー病等）等神経疾患
 - (2) がん（悪性新生物）
 - (3) 糖尿病・高脂血症等代謝性疾患
 - (4) 高血圧等循環器疾患
 - (5) 気管支喘息等免疫・アレルギー性疾患
 - (6) 薬剤反応性

（バイオ・インフォマティクス・プロジェクト）

- ・ バイオ・インフォマティクス技術による遺伝子情報の分析・活用（12～16 年度、

文部科学省、厚生労働省、経済産業省)

(1) ヒトゲノム関連データベース整備

統合データベース

標準多型データベース

遺伝資源データベース

生命システム情報統合データベース

日本 DNA データバンク

疾患データベース

(2) バイオ・インフォマティクス技術の開発

(発生・分化・再生プロジェクト)

- ・ 自己修復能力を用いた治療法の実現 (12～16 年度、厚生労働省)

(1) 骨・軟骨

(2) 血管

(3) 神経

(4) 皮膚・角膜

(5) 血液・骨髄

(6) 移植技術・品質確保技術

- ・ 発生・分化・再生科学総合研究 (12～16 年度、文部科学省)

(イネゲノムプロジェクト)

- ・ イネゲノムの有用遺伝子解析 (12～16 年度、農林水産省)
- ・ 実用化に向けた技術開発 (12～16 年度、農林水産省、厚生労働省)

その他関連する事業として、「微生物ゲノム解析」、「ヒトモデル動物(マウス)ゲノム解析」、「植物ゲノム解析」「生物遺伝資源の供給体制の整備」、「バイオテクノロジー安全確保対策」もあわせて実施。(12～16 年度、文部科学省、経済産業省)

・ 平成 14 年度評価・助言

プロジェクト全体及び各プロジェクトについて、現状分析、実施目標の達成度、具体的改善点を中心に検討を行ったところ、その概要は以下(詳細は別紙)のとおり。

A. 総括的評価

1. プロジェクト全般

プロジェクトはヒトゲノム関係、発生・再生関係、イネゲノム関係に大別できるが、それぞれにおいて全体の目標を設定するとともに、リーダー(分野によってはサブリーダー)を決めて研究の連携を図っている。一部のチームでは実現目標を上回る成果が上がるな

ど、概ね順調にプロジェクトが進展している。今後は、プロジェクトの最終的な出口である、医療、食品など、実用化に向け、プロジェクト及び研究相互の連携を緊密にしたロードマップを描く必要がある。

一方、ヒトゲノム SNPs 解析、ヒトゲノムアノテーションや完全長 cDNA を中心としたデータベース、イネゲノム完全長 cDNA ライブラリー等、我が国が国際的にリードしている成果を生かすために欧米諸国における進捗状況など国際的な研究開発動向を把握し、共同研究を推進するなど、プロジェクトの目標や体制を柔軟に見直していく必要がある。

2．個別プロジェクト

本プロジェクトは、プロジェクト・チーム（ヒトゲノム多様性、疾患遺伝子、バイオ・インフォマティクス、発生・分化・再生、イネゲノム）を構成し、事業を実施していることから、個別プロジェクトはプロジェクト・チームを単位として評価をする。

1．ヒトゲノム多様性解析プロジェクト

世界最大規模の 150,000 を上回る SNPs 発見とアレル頻度情報を伴うデータベース化、体系的疾患遺伝子同定の達成と、100%を超える目標達成。これらの成果を医療や創薬につなげるために、SNPs 研究の成果からのアプローチが進展している疾患遺伝子プロジェクトチーム等との連携をさらに強化する必要がある。

2．疾患遺伝子プロジェクト

倫理面、国民理解の問題等が解決し、研究の進展が認められる。特に、SNPs の研究進展に伴い、糖尿病、肥満、喘息、高血圧、痴呆、関節炎等の疾患関連遺伝子については一次スクリーニングをほぼ終え、成果が挙がりつつある。一方、がん、高血圧、痴呆に関する体細胞遺伝子の発現異常については研究の効率化を進めている。

今後、ピックアップした遺伝子が疾患の発症にどのような意味を持つのかについての方法論をゲノムワイド解析も含めて検討する必要がある。

3．バイオ・インフォマティクス・プロジェクト

アノテーションや完全長 cDNA を中心とした統合データベースの構築は欧米を先んじている。特に、non-coding RNA を対照とした解析や、Grid Computing の試みなどが評価できる。

今後は、データベースについて日本発の国際標準化を目指す取り組み、新規の融合領域としての生物学と情報学を融合した学問領域の構築なども必要である。

4．発生・分化・再生プロジェクト

発生・分化・再生の機構の学術的研究は進展している。ES 細胞の実用化はまだ困難なものの、ES 細胞からの分化研究と成体幹細胞の研究がバランスよく進められている。

しかし、臨床応用には多くの基本的問題を含んでいる。純度の高い ES 分化細胞を得るための研究、ヒト培養細胞の安全性の評価体系、細胞治療臨床実験に使える CPC の整備など、問題解決に向けた具体的取り組みが必要である。

5．イネゲノムプロジェクト

イネ全ゲノムの92%に相当する重要部分の塩基配列解読を終了し、我が国は55%の貢献と世界をリードした。また、完全長 cDNA ライブラリーの整備もほぼ構築され、実用化研究に向けて大きなツールとなるものと期待でき、ポストゲノム研究に向けた体制がほぼ整いつつあると判断される。

ポストゲノム研究においても我が国の優位性を保つため、遺伝子の同定・機能解明・プロテオーム等の基礎的研究を深化させると同時に、研究成果の実用化に向けて国民理解を深めることも必要である。

B．評価の詳細

1．ヒトゲノム多様性解析

(1) 現状分析

- ・よりギャップの少ないゲノム全体にほぼ一定の間隔で存在する SNPs の確立が期待されているとはいえ、日本人の標準 SNPs 解析は 150,000 を上回る SNPs を獲得、その内 110,000 SNPs についてはアレル頻度算出も行っており、世界で最大規模である。設定された目標を上回る速度で、しかも正確な解析が行われている。

- ・喘息、肥満、糖尿病性腎症、関節症等の SNP 解析においても高い成果を挙げており、世界中の研究者に順次公表していることは、ゲノム研究における我が国の大きな貢献。

- ・SNP タイピングとこれらの情報解析等について高速な収集、解析システムを構築し、全体として順調に進展している。

(2) 実施目標の達成度

- ・150,000 SNPs を上回る発見と、頻度情報を伴うデータベース化、体系的疾患遺伝子同定の達成と 100%を超える目標の達成度を示している。

- ・SNP のタイピング及びこれに基づく生活習慣病に関わる情報や遺伝子解析は順調に推移している。また、具体的な疾患関連でも、心筋梗塞や関節リュウマチに関する遺伝子の同定など成果を挙げた。

- ・技術移転についても国立がんセンターへの移転を順調に進めている。

(3) 具体的改善点

- ・標準 SNPs を改良し、ギャップ部分を埋める努力を期待する。

- ・今後、疾病ゲノムグループのより密接な共同研究が望まれる。また、社会との関係がより求められるため、慎重な取り扱いが重要。とくに、臨床医との関係を密接にし、理解を求めていくことが重要。

(4) その他

- ・国際的にも日本の有用 SNPs の発見に刺激され、SNP 技術の開発と SNP 解析研究が活発

化されている。日本の SNP システムも現状に満足せず、更なる前進が望まれる。

- ・日本の完全長 cDNA に基づく SNPs 発見がなされてきたが、それ以外の遺伝子領域や遺伝子領域外の有用 SNP についても日本人についてのデータベースの充実が求められる。

- ・できれば SNP に関する新しい方法の開発を希望したい。

- ・SNPs 解析のデータがどのような形でデータベース化されており、どのような形で他の人々に使われているのかが見えてこない。特に SNPs はミレニアム・プロジェクトの中の中心であり、今後の医療のあり方を変えるものと期待されているので、日本全体の疾患遺伝子研究とつながる必要がある。問題点は3点、ハプロタイプの分析についての見通し、

疾患関連遺伝子を SNPs プロジェクトの中で独自にやっているために他の研究と競合する形になり、全体へのデータ提供につながらないおそれがある、広がりを持って後進を養成し、日本全体のレベルを上げることが大事。

- ・今後、これらの大きな成果を実際に産業や医療に、世界に先駆けて有効に利用されるための制度や体制を早急に整備するための、産学官から適当な人選を行い、新プロジェクトを立ち上げ、方法を含めて検討を開始すべき時期にきていると思われる。また、疾患関連遺伝子の研究も SNPs 研究の成果からのアプローチが進んでいることから、両プロジェクトをある時点で合同し、より集中的にテーラーメイド医療への研究効率を高めることも必要かと考える。

- ・一つの生活習慣病の発症に何種類の遺伝子機能の変化が関わっているのか未だ明示できるまでに至っていないと思われるので、現状は SNPs 等を通じてゲノムワイドに関連遺伝子をピックアップしていくことが中心になる。但し、できる可能性のある疾患から医療に向かったのステップアップ（ロードマップを描く）を試みる時期にきていると考える。残りの期間に一つでもその芽が出てくることを期待したい。

2. 疾患遺伝子プロジェクト

(1) 現状分析

- ・各々のグループで SNP, Microsatellite Analysis, 候補遺伝子 approach など様々な方法論を使っている。何故、各々のグループ、またはある病気についてその方法論を採用したのか理由がはっきりしない。さらに、多くの成果は挙がっているものの、決定的な成果があまり出ておらず、グループ間での成果には相当な差がある。リーダーによる強い指導力が発揮されることが望まれる。

- ・倫理問題、診断基準の統一など軌道に乗ってきて、研究の進展が認められる。本ミレニアム・ゲノム・プロジェクトにとり最も重要、且つ困難な問題点が解決され、仕事が進みはじめた。

- ・一次タイピングから二次タイピングに進められており、また発現プロファイル解析も積極的に進められているが、今後残された時間で二次タイピング以降の研究ができるだけ効率的に推進できるよう体制の整備が必要。

- ・プロジェクトとしては「疾患と遺伝子の関係」についてどのような見方が出てきたかという視点を出すことが重要だと思う。

- ・SNPs の研究進展に伴い、糖尿病、喘息、肥満、関節炎等の疾患関連遺伝子に関しては多くの成果が挙がることを期待している。

・ SNPs を中心に各疾患に関わる遺伝子の同定の結果、関連遺伝子のリストはどんどん増加する。どの位の数の遺伝子をピックアップすれば、次のステップに進めるのか。学術研究面では順調と思えるが、プロジェクト研究面では未だ不十分の印象が強い。特に、環境因子の影響をどう解析するか、民族間の違いをどう説明するか等、課題は多い。

（２） 実施目標の達成度

・ 倫理の問題や社会の理解の問題などが解決し、この１年間にやっと成果が出始めたが、目標達成はかなり遅れている。多様性解析のグループと今まで通り密接な連携の下に重要な成果がこれから得られると期待している。なお、日本全体における疾病の診断基準統一や研究体制の整備が出来、国民のこのような健康に関する大規模研究に対する理解・体制の整備が出来たことも高く評価できる。

・ 一応候補遺伝子に関する研究はかなり進展したと考えられる。しかし、明快なゴールが見えていないプロジェクトが多い。多施設が関与することによるマイナス面を十分に配慮し、先行しているプロジェクトを参考にして全体としても目標の達成がなされることを期待する。

・ ゲノムワイド解析についてはまだこれからという段階と考えられる。

・ 痴呆については遺伝子の数（２０の目標に対して８）で目標達成するのでなく、痴呆への対処としてどういうアプローチが必要かというところを考えることが必要。遺伝子と疾患は、１か０かの答えが出るものではないので、検索した遺伝子が疾患全体の中でどのような意味を持つのかということを出さないと研究集団の外には理解してもらえないのではないか。

・ 現状は各々の疾患に関わる遺伝子のピックアップがもっと必要のステージと考える。その点では順調な進展といえよう。

（３） 具体的改善点

・ J-SNP による研究を急ぐとともに、他の方法と照合し、可能性の高い SNPs を選ぶべきである。

・ 国民との対話を通じ、また一方では医療従事者の理解を強め、本プロジェクトの中核課題である本研究を推進すべきである。一方、新しい SNP の方法の関連も求められるが、データ、材料の蓄積が強く望まれる。

・ プロジェクトの中には SNP 解析から網羅的発現プロファイルの解析に移行している傾向も見られるが、これのみでは疾患の解析に十分でない点を考慮されたい。

・ 一つの疾患に対して複数の遺伝子の機能の変化が関わっているデータについて、その遺伝子の機能変化が疾患の真の原因なのか、他遺伝子の変化に由来して起こる結果なのか。この見極めへのチャレンジが必要ではないか。

（４） その他

・ 外国での SNPs の報告はまだなく、このまま続けるべきである。

・ 当初たてた数値目標に縛られてこだわりの研究を続けるより、長期目標に向けていかに DNA を使い、いかに遺伝子研究を進めるかの戦略を立てるべきと考える。

- ・薬剤に関する研究は現在の方向で進めるのがよいと考えるが、発現解析用チップの標準化を行うことが望ましい。
- ・折角集めた DNA サンプルは、他の研究者が今後利用するようにすべきである。そのためデータベースと遺伝子の保管の問題（informed consent も含め）を解決する必要がある。
- ・がんプロジェクトの場合、従来のがん研究による膨大な蓄積があるが、それを超えるようなミレニアム・プロジェクトとして独自性ある成果を期待したい。
- ・倫理の問題、体制の整備に時間がかかった感じがするが、本プロジェクトのような大規模な個人情報保護などを伴う臨床研究は我が国で始めてであり、仕方がないと思う。この問題がほぼ解決し、これからいよいよ成果が出てくると期待できる。
- ・例えばがんでは染色体の異常など様々な問題が出てきており、“がん”という“疾患”を追うにはどうしたらいいかということを考えるときになっている。遺伝子も多数のものが関わり合うので、得られた遺伝子の整理が必要となる。また、疾患遺伝子というテーマなのだが、外部からはやはり疾患を追っていると期待されている。この辺りをどう処理するのか考える必要がある。その他の疾患についても同じ問題がある。
- ・糖尿病、喘息、関節炎等の SNPs からの遺伝子関与の研究進展は誠に素晴らしいものがある。その点から考えると、今後の研究の困難が予想されるがんと痴呆に関しては、より集中して研究を推進して欲しい。重要な研究だけに、これを独立のプロジェクトとして、ヒトゲノム多様性解析グループと一体化して、集中して研究し、早急な成果の達成に努力しては如何かと思うので、検討を願いたい。
- ・がんについてトランスレーショナル・リサーチの機運が高まりつつある由、また高血圧症で SNPs とマイクロサテライト多型の三次スクリーニングにステップアップする段取りの由、残りの期間を通して今迄の、そしてこれからも続く、基礎的（学術的）研究の成果を踏まえて、一つでも、どうプロジェクト研究へ向かって進捗させるか、重要な時期にさしかかっていると認識している。

3. バイオ・インフォマティクス・プロジェクト

(1) 現状分析

- ・責任別体制をとりながら、メンバー間の連携をとる努力をしており、ほぼ適切な体制がとられている。データベースの構築、アノテーションの推進等に優れた成果を挙げていること、ミレニアム・ゲノム・プロジェクト全体の統一に貢献していることなど、順調な進行状況と判断できる。
- ・特に non-coding cDNA を対照とした解析や Grid Computing の試みなどが評価できる。
- ・H-invitational の開催など、cDNA を中心としたインフォマティクスを整理・統合している努力は評価できる。
- ・欧米の研究グループがゲノム配列のデータベース化に注力している中で、本プロジェクトでは、完全長 cDNA を中心とした統合データベースの構築で欧米を一步先んじていることは、実用化の面からも十分に評価できる。
- ・次期に向けての方向性にもう少し目を向けてもよいのではないか。

(2) 実施目標の達成度

- ・明確な目標を設定して、これをクリアーしており、成果も十分に挙がっている。また、他のプロジェクトに支援も行われている。今後疾病ゲノムとのより密接な連携も期待される。
- ・cDNA のアノテーションをはじめ、データベースの蓄積は国際レベル以上に到達しており、順調に進んでいることは高く評価できる。
- ・個々のデータベースの集積等は順調だが、国際標準化へのプロセスはどうか。cDNA ベースの統合データベースやパスウェイ・データベースなどを候補として日本発の国際スタンダード化すべき段取りを描くべきであろう。
- ・世界の人種的な SNP の比較などもデータとして作っていただきたい。
- ・10 本の柱がそれぞれの体制の基に進められているが、ミレニアム・プロジェクトの終了期限も考えて、これらプロジェクトの統合や新たな全日本的な体制なども考える時期にきている。

(3) 具体的改善点

- ・ヒトゲノムプロジェクトが終了し、機能の解明、miniRNA の役割、ネットワークなど機能面へのシフトが起こりつつある。それに向けて新しい体制を構築して欲しい。
- ・ミレニアム・ゲノム・プロジェクト全体への直接貢献も視野に入れる時期にきている。
- ・学問としてのバイオ・インフォマティクスの推進はまだまだである。ゲノム情報を基盤とした新しい生物学が創出されるよう努力していただきたい。
- ・現状のままで推進すべきかも知れないが、出来ればイネゲノムを中心として、植物のゲノムと動物、ヒトゲノムとの関連も明らかにしていただきたい。
- ・バーチャルな細胞の情報伝達を含めたもう少し幅広な面でのバイオ・インフォマティクスを期待したい。
- ・新規で独創的なソフトウェアの開発は国際競争力上ますます重要な鍵になる。よって研究開発すべきテーマの中身の吟味と選択および推進が求められる(例えば3個以上の遺伝子機能の相互作用の解析など)。

(4) その他

- ・synonymous - non-synonymous SNPs や DNA チップ標準化等について他チームの支援を考えた開発研究も重要。
- ・今後の解析量の増加に向けて情報解析担当者の教育、増加の努力も望まれる。
- ・色々なところから蒐集された cDNA の quality control が必要。
- ・RNAi などの特許申請は重要であるが、基本特許が抑えられているかどうか、もっと検討すべき。
- ・統合データベースとしては、特色あるものを着実に作っていける基盤は出来ているように思うし、また次の展開の仕方も見えている。
- ・欲を言うなら、データベースも実験生物学者、更には社会の人にもわかる形のものにしていけることができると、生物学としての広がりが出来ると思う。本プロジェクトの成果をどのように企業その他のユーザーに示していくのかについて、この辺りで工夫をしておく

必要がある。

・バイオサイエンスやバイオテクノロジーの進歩のためのツールとしての役割は極めて重要で、今後ともこの面の期待は変わることはない。一方バイオ・インフォマティクス自体の学術的研究、すなわち新規の融合領域としての生物情報学、さらには情報生物学といった学問体系の構築が必要なのではないか。それが、主張されているように作業仮説型サイエンスの位置づけを可能にする知的基盤の構成につながるのではないかと期待している。これがバイオ・インフォマティクスの真の国際競争力涵養に資すると思う。

4. 発生・分化・再生プロジェクト

(1) 現状分析

・全体としては多くの成果が挙がっており、一部は実用化が進んでいる。ただし、多くの研究者が含まれていることもあり、応用的な研究における基礎的知見の裏付けや、逆に基礎的研究における応用への展開の方向性が弱いことが懸念される。但し、これはプロジェクトリーダーの責任ではない。

・本プロジェクトは、基礎研究、トランスレーショナルリサーチ、臨床応用研究、の上流から下流にわたる研究を総合的に統括して進めなければならないプロジェクトであり、しかも新しい治療法等の法的な整備の必要もあることからリーダーは苦労も多いと考えられる。現状では各個別プロジェクトの独立性を基本に、明確な方向性を保ちながら、充分によく進展を図っている。ただし、臨床に中心をおいて何をすべきかを考える必要のあるところもある。

・発生・分化・再生の機構の基本原理の解明（学術的研究）は相当に進んできていると考えるが、もう一つの目的の細胞治療、組織再生などの医学実用面への展開（プロジェクト的研究）は、進捗している分野もあるが全体としてやや遅れ気味の印象が強い。

・個別研究のレベルであり、発生・分化・再生という大きなプロジェクト研究に入れるのは少々無理があった。しかし、この重要な、しかもプロジェクト研究としては困難な部分をよくまとめて成果を挙げている。

・インフラ整備・規制や知的所有権の整備が進められており、また、臨床応用の試みも進んでおり、これらは本プロジェクトの成果と考えられる。

・ES細胞の確立を開示したのは今後の展開のためにもよいことである。

(2) 実施目標の達成度

・ほぼ目標が達成されつつある。ES細胞からの分化研究と、末梢幹細胞の研究がバランスよく進められているが、ES細胞については実用化はまだ困難である。

・当初設定のそれぞれの疾患の治療、治療法完成、細胞移植実施などの文言をそのまま受けとめれば、そこまでの達成はできていないし、完了時点まででも難しいと思うが、研究過程からみて現在までの成果を評価してよいのではないかと期待している。ただし、残りの期間での追い込みを期待する。1年半でどうするか方向性を絞ることが必要。

・もともと達成度が設定されるプロジェクトではない。この大切な研究分野を我が国で推進することでは大いに貢献した。

・多くの基礎的な成果が挙げられているが、臨床応用に適応できるかどうかとなると、な

お基本的な問題を含んでおり、よりいっそうの基礎的研究の推進を必要とすると考える。当分は個別のプロジェクトの成果を見守ることが最も必要であろう。楽しい成果もかなり出てきている。

- ・学術的な研究成果（基礎研究）は順調に推移していると判断する。医療へつながる研究へのステップアップに何がネックなのか、その原因解明の情報開示が十分ではないと考える。

（３） 具体的改善点

- ・実用化が進みつつある研究について一部では科学的な裏付けの足りないものもあり、今後研究が望まれる。また、ES 細胞では純度の高い分化細胞を得る研究を進めるべきである。

- ・ヒト ES 細胞樹立グループが増えてもいいのではないかな。

- ・本プロジェクトは個別研究が主であり、全体としてプロジェクト研究になじまない。臨床的な応用を盛んに気にしているところがみえるが、この分野はあせらず研究を推進していくことが重要。本プロジェクト研究の研究者は臨床への応用のための種々なガイドラインの作成に大いに貢献しているし、今後もこの研究に対する国民の理解を求めるための努力がより必要。

- ・特に system biology としての発生、分化、再生の基礎的な研究が支援されるべきであると考えます。

- ・平成 15 年度ヒト ES 細胞等使用の基礎研究の成果をベースに医療応用へ向かったの基盤研究に着手する由、具体的なプロセス、出口を見据えたロードマップを描いて欲しい。

（４） その他

- ・長期計画の下に焦らず進めて欲しい。

- ・ヒト ES 細胞の再生医療への応用はプロジェクト期間内では困難との展望が示されたが、研究の進捗状況、倫理問題の両視点から、当然のこととして受け入れられる。その（制度）障害の除去が必要。

- ・再生医療が実用化の段階に入っていることも確かであるが、将来の重要な治療法として確固たるものとするためには、基礎研究を相当に掘り下げて行い、予想しなかったアクシデントが決して無い様にすることが最も大事なことであろう。あらゆる面での基礎を固めるような、社会から見たときに評価される成果を挙げる方向への絞り込みがあってもよい。

- ・ヒト培養細胞の安全性の評価体系をどのように構築し、実用化につなげるのか。また、細胞治療臨床実験に使える CPC の整備の先進諸国に対する大幅な遅れをどう解消するか、など、解決のための具体的取り組みが求められる時期にきている。

５．イネゲノムプロジェクト

（１） 現状分析

- ・イネ全ゲノムの 92%に相当する重要部分の塩基配列解読を国際共同研究で行い、うち我が国が 55%を解読するなど、平成 14 年度は従来より一層研究が進んだ。また、理化学研

研究所、国際科学財団、農業生物資源研究所の3者による完全長 cDNA ライブラリーの整備など、農林水産省外の研究機関との共同研究が具体的な成果を挙げており、実用化研究に大きなツールとなるものと期待でき、ポストゲノム研究に向けた体制がほぼ整いつつあると判断される。有用遺伝子機能解析等、新しい研究の展開の時期を迎えており、研究方針の立て方が重要。

・ゲノム解析を中心にバイオインフォマティクス・グループの協力も得て、所期の目標はほぼ達成したと考える。ポストゲノミクスの厳しい競争場面で、高精度解析の成果などを武器に出口を見据えての展開が期待される。

(2) 実施目標の達成度

・遺伝子機能の解明が進みつつあり、おおむね目標は達成されつつあると考えられる。今後とも機能解析を世界に先駆けて行い、有用遺伝子の発見に努め、有用な農業生産物の開発に寄与していただきたい。

・ゲノム塩基配列解読、完全長 cDNA ライブラリー（約3万種）の整備など、当初計画を前倒しして研究が進んでいる。また、篩管輸送における硫酸イオントランスポーターなどイネやシロイヌナズナなどのゲノム情報を用いた植物機能の研究や農業への利用研究も進んでおり、全体として順調に研究が進んでいる。今後はミレニアム・プロジェクトの最終年に向かって、研究のターゲットを更に絞って研究を進め、国際的にも評価される具体的な成果を上げることが望まれる。

・研究の方向が明白になった。また、広く植物分子生物学の基礎的知見の導入にも積極的になったのは評価される。

(3) 具体的改善点

・イネゲノム解読後の目標設定は必ずしも明快ではない。今後はゲノム情報を駆使したシステムティックな研究体制の構築が課題である。

・これまで、イネゲノム塩基配列の解読において世界をリードしてきたが、今後もこれまで蓄積してきたリソースを活用し、ファンクショナルゲノミクスなどにおいて世界をリードするよう研究を進めて欲しい。

・遺伝子組換えに関する国民の理解を得ることが、このミレニアムイネゲノムの研究成果を産業に結びつける上で重要である。食品や環境の安全性を検討する研究機関の間のみに限らず、広く参加研究機関の間で情報の共有、協力を進めて欲しい。

・ゲノミクスの場合と同様に、ポストゲノミクスに於いても国際競争の中で、常に主役であり続けて欲しい。それにはまず、遺伝子の同定、機能解明、プロテオーム等の学術的研究（基礎研究）の拡大と深化に注力することが大事。また、応用についてもできることから着手することを求めたい。

・今後のゲノム機能の解明の進展は、これまでの我が国の掛け合わせなどによる育種技術や突然変異パネルの蓄積を基に大いに期待できる。

・医療応用を目指した食品については、今後医療研究者との連携を密にし、しっかりした臨床評価をして欲しい。

(4) その他

- ・植物の遺伝子の働き、改良と、改良した産物の安定性等、基本を大切に世界をリードして欲しい。
- ・国際特許など今後我が国の重要な産業になると考えられるので、人員・組織など特許獲得により一層の努力が必要。また、インフォマティクスのグループとのより密接な努力が望まれる。
- ・このような形で多くの遺伝子が単離されたり、タンパク質が解析されたりしたデータが並んだ結果、いつ、どのような実用化がなされるのかが見えてこない。一方、遺伝子組換え体の場合は、その個体は出来る見通しはあっても具体的にどう使われるのかが見えてこない。これはゲノムプロジェクトそのものの問題点といえるのかもしれないが、大きく網をかける形で進んでいるために大枠は理解できても、きめ細かな目標へ向けての着実なストラテジーが見えない。イネの場合特に実用化と直結するプロジェクトだけに、プロジェクト的な研究へのシフトも、残りの時間を考えれば重要な時期にある。
- ・国際競争力上、基礎研究への注力と成果が極めて大事なポイント。
- ・遺伝子側からの形質の変換を追求する中で、異種生物の有用形質発現に関わる遺伝子の導入（組換え）と共に、イネ自体の遺伝子機能の発現の強弱操作による改良も併せ検討するべきと考える。PA 上からは後者の方が先に実用化できる可能性が高いとみる。
- ・蛋白質の三次構造等の研究にも着手しているが、重要なことは理解できるものの、先ずは cDNA の機能解析に十分対応して欲しいと思う。あまり研究を分散することなく、重点化することもリーダーの責任と考える。