

ミレニアム・ゲノム・プロジェクト平成13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、来るべき新世紀を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13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、生物の発生等の機能の解明に基づく、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業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cDNA³）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(SNPs⁴））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、イネの遺伝子（完全長cDNA約3万個）を解析する。
- ・ 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、国立医療機関、大学等）
 - (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13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な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、研究で得られた結果の生物学的意義の解明など、研究成果の実用化に向けた努力が必要である。

一方、研究成果のデータベースを共有化するなど、プロジェクト及び研究相互の連携の緊密化、国際的な研究協力はいっそう重要となっている。また、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、我が国の優位性を生かしつつ、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

cDNA解析、SNPsのデータベース、実用化のテストなど、全ての面において目標を達成。特に、完全長cDNA3万種以上の取得を完了したこと、世界的に疑問を持たれていたSNP解析の実用化に目途をつけたこと等は高く評価できる。今後は、取得した完全長cDNAの実際の発現パターンやその後のプロテオミクスのデータベース化へと繋げること等が課題である。プロジェクトの方向を、医療や創薬研究へ研究成果を利用することにシフトしていく必要があり、疾患遺伝子プロジェクト等のプロジェクトとの連携をさらに強化していくことが重要である。

2．疾患遺伝子プロジェクト

6つの疾患サブチームの中で、達成度にばらつきが見られる。マイクロサテライトマーカーの応用や、全ゲノム解析、遺伝子領域決定などでは、研究の取組方法が確立された。他方、ゲノム網羅的SNPタイピングでは、今後プロジェクトの後半に解析作業が集中することになる。

プロジェクト全体で決定手法を整理し、データを共有化すべき。また、世界的潮流がプロテオームの時代に入りつつあるなかで、戦略を柔軟に転換していくことが重要である。欧米の研究に伍していくには、他のプロジェクトの進展を利用することにより新しい方法論を打ち立てることも必要である。

3．バイオ・インフォマティクスプロジェクト

概ね順調に推移している。データベースの蓄積が積極的に行われており、我が国のDDBJは米国・欧州と並ぶ3大拠点のひとつとして、情報収集、分析、評価ともに成果を上げ、国際間の協調も進められている。

今後は、複雑な遺伝子発現の解析、疾病とゲノムの相関、蛋白質間の相互作用の解析、薬のデザイン等の分野において、バイオインフォマティクスの研究が重要になると思われる。各チームの成果を共通のベースで使用できるよう、標準化に向けた検討を期待する。また、世界的にデータベースは膨大であり、今後は世界との具体的な連携が不可欠となる。

4．発生・分化・再生プロジェクト

発生学を中心とした基礎研究から、分化・再生を中心とした前臨床研究まで、研究機関が有機的に連携して総合的な研究体制が整備されている。特に、体性幹細胞の分化などの分野における成果や、再生医学に必要なガイドラインなどソフト面での進展があった。

研究内容が多岐にわたり総花的になりがちなため、今後はプロジェクト・リーダーを中心に目標を明確化していく必要がある。本来ボトムアップ型の研究の集積が必要な分野であるため、基礎研究は依然として重要である。また、臨床応用のためのガイドライン作成も必要である。

5．イネゲノムプロジェクト

国内及び国際コンソーシアムでの塩基配列解読の進展や、シンジェンタ社からのゲノム情報の提供など、状況の変化に応じた対応を進めている。全塩基配列の解明では我が国は既に160Mbを解析し、完全長cDNAライブラリーは最終目標の3万

種の約 80%にあたる 24500 種を構築するなど、順調に目標が達成されている。

今後は、早期に cDNA の機能解析を行うと共に、ポストゲノムシーケンスに重点を置いた研究をすすめるべき。特許取得や企業化に繋げる努力が重要であり、費用対効果を検討の上、集中化を図ることも必要である。また、参加機関が多く研究グループの数が膨大であるため、共通の意思を持ち続ける意思が必要。

B . 評価の詳細

1 . ヒトゲノム多様性解析

(1) 現状分析

- ・ヒト全長 cDNA 解析から SNP 検出、アレル頻度データベースの作成、体系的疾患関連 SNPs 研究への実用テストについては、実用化の目途を立てた推進体制が確立している。これを支える Multiplex PCR とインベーター法によるタイピングの開発・実用化も評価できる。
- ・ヒト cDNA 解析は、プロテオミクス時代を迎えて蒐集の方法論にやや問題があったが、数の上では世界的に注目されるレベルにある。特に完全長 cDNA 3 万種以上の取得を完了したことは、完全に近い取得数であり、全てのヒト cDNA を完全分析したに等しい業績と考えられる。
- ・また、標準多型データベース 5 万種に及ぶ解析は短期間の解析結果としては驚くスピードである。
- ・Invader assay を用いた日本人 SNP 解析は、既に 20 万を見出しその内の 8 万余りのアレル頻度を明らかにしており、今後の疾病感受性、薬剤に対する反応等にとって重要な基盤データである。既に糖尿病腎症の解析に当てはめ成果を上げている。

(2) 実施目標の達成度

- ・cDNA 解析から、SNPs のデータベース、さらに実用化のテストなど、全ての面において目標を達成。本プロジェクトは最終段階に到達したと考えられ、今後は、プロジェクトの方向を徐々に本来の目的である医療や創薬研究へ研究結果を利用することにシフトする必要がある。
- ・SNP 解析は十分に目標を達成。特に、糖尿病性腎症に関連する 34SNPs($p < 0.01$)、IgA 腎症の 5SNPs($p < 0.0001$)の追い込みは成果である。また、世界的に疑問を持たれていた SNP 解析の実用化に目途をつけたことは高く評価。
- ・cDNA 解析も数値的には目標値に達している。今後、機能解析を行うことにより、特許取得などの効果が期待される。

(3) 具体的改善点

- ・多因子解析のソフト開発に情報チームとの協力が必要。
- ・標準 SNP の結果を実際の感受性の追求に用いる際、疾病ゲノムグループとのより密接な協力が必要。
- ・得られた SNPs の生物学的意義の解明に関して、どのような方策を考えているのか。特にリスク診断又は治療にどのように役立つのか。またその経済効果はどの

程度見込めるのか。

- ・ rSNP 又は gSNP に関してどのような戦略を考えているのか明らかにすべき。
- ・ 腎臓以外の心筋梗塞、慢性関節リウマチ、変形性関節炎の進行具合はどの程度なのか。慢性関節リウマチ、変形性関節炎よりも医療に大きなインパクトを与える疾患があると思うが、これらが解析対象として選択されたのはどのような理由からか。
- ・ cDNA については、クオリティについて十分に検討すべき。機能解析には多くの全国の研究者との協力が必要であり、ネットワーク形成が大切。
- ・ 取得した完全長 cDNA 3万種の利用については、民間企業の研究所も含め、実際の発現を動物細胞で検討するプロジェクトを展開し、実際の発現パターンやその後のプロテオミクスのデータベース化へと繋げるべき。それによって SNPs のデータについても発現変化やプロテオーム変動の検討が可能となり、疾患との関連も容易に解析することができる。

(4) その他

- ・ 我が国の研究は SNPs の重要部分をカバーした実績はあるものの、SNPs の数の観点からは全体の一部にすぎない。今後の研究面、実用化面でのリードを持続することが、日本の貢献度の認識を高める上で重要。発現プロファイルも、日本の cDNA に基づいて統一すべき。
- ・ SNP 解析については、今後重要になるハプロタイプ地図の完成を期待。cDNA については、チップ化など次の段階に進むべき。
- ・ SNP、cDNA とともに世界的に群を抜いているが、医学的・生物学的な意味づけはこれからであり、如何に他の研究者と協力関係を構築するかが問題。SNP は既に疾病ゲノムチームが存在するが、cDNA は SNP のようなグループがないことから意図的に作っていく必要がある。

2. 疾患遺伝子プロジェクト

(1) 現状分析

- ・ SNP 検出等のサポート体制整備に遅れが見られる。各疾患についてもう少しサンプル収集体制や基準の説明が必要。倫理委員会の効率化やサンプルの各プロジェクトでの共有化を進め、合理的な取り組みを急ぐ必要がある。
- ・ いくつかのグループにおいて研究推進の方法論が異なっている。**薬の副作用プロジェクト**を除いて、疾患の種類によって方法論が異なる理由が明白でないので、その理由を明示すべき。
- ・ 本来、マイクロサテライト解析及び発現解析の情報も含めた総括的プロジェクトだが、それぞれの疾患における戦略に統一性がなく、現状では欧米に対して優位に展開するのは難しい。

- ・疾患遺伝子チーム全体としてのまとまった取り組みとして、ゲノム網羅的 SNP タイピングの一次スクリーニングが多くの問題を解決して、実際に各サブチームで必要な試料等を収集し、タイピングもセンター方式で動き出したのは評価できる。また、二次スクリーニングの計画を前倒しして、平成 15 年度から一次スクリーニングと並行して同じくセンター方式で開始したいとする計画案も適切であり、その方向で進めるべき。一方、サブチーム個別の研究についても候補遺伝子アプローチでいくつかの具体的成果が出始めている。

(2) 目標の達成度

- ・6つの疾患サブチームの中で、研究体制を比較的確立している所と現在なお進行中の所が見られ、達成度にばらつきが見られる。
- ・マイクロサテライトマーカーの応用や、全ゲノム解析、遺伝子領域決定など、研究の取り組み方法が確立された。(ゲノムワイド検定のための DNA は残してあるか。)
- ・ゲノム網羅的 SNP タイピングについては、今後、プロジェクトの後半に解析作業が集中することになるが、当初の目的を達成できるよう遅滞なく作業を進めるべき。個別研究については候補遺伝子もほぼ絞り込まれてきている。疾患等との関与の相関の有無については、プロジェクトの後半で結論が出ると見込まれる。
- ・喘息チームについては、その戦略及び疾患基礎データの整備結果が明確にされている点が評価できる。

(3) 具体的改善点

- ・全体としての決定手法を整理して、全てのデータが共有財産として活用できるようにすべき。例えば発現プロファイルには日本の cDNA 由来のチップを用いれば、シクエンスも既知、共有になる。
- ・ゲノム網羅的 SNP タイピングについては、二次スクリーニングを来年度早々から速やかに動かす必要があるが、そのための予算と速やかな執行体制の確保が重要。また、二次タイピングについては各サブチームとも、短期間に 2000 人規模の適切な症例・対照の収集をしなければならぬが、他施設共同研究や倫理審査を効率よく行うことが必要。また、タイピングデータや限定された診療情報等を「疾患データベース」として共有できるよう、工夫する必要がある。また、最終的な「オーダーメイド医療」を目指した臨床研究への展開の準備が必要。
- ・SNP の二次スクリーニング体制構築や、候補遺伝子の効果的な成果実現のため、プロジェクトリーダー及びサブリーダーは、強いリーダーシップを示すべき。

(4) その他

- ・現在、世界のポストゲノム研究は、トランスクリプトームの網羅的発現解析の反省期にあり、プロテオームの時代に入りつつあるように思われるが、疾患遺伝子

プロジェクトとして、このような転換期に、その戦略をどのように柔軟に転換していくのか明らかにすべきである。

- ・他のプロジェクトの進展を利用することにより、完全長 cDNA や日本人の SNPs などの解析データと候補遺伝子との関連を cDNA の発現状況の検討からリバースに考察する等の新しい方法論を打ち立てることが可能だと思われる。新しい方法論の展開なしには、欧米の研究に勝つことは難しいと思われる。
- ・分野を問わず、データを共有できるようにすることが今後のゲノム医学上非常に重要になるため、将来の多因子解析に備えて、ここの新発見と同様に、データの共有化にも重点的に取り組むべき。
- ・ゲノム網羅的 SNP タイピングのデータ解析については、米国 NIH を中心に、世界的な SNP のハプロタイプ構築の動きがあり、また、ミレニアム・ゲノム・プロジェクトでは、完全長 cDNA を中心にしたヒト遺伝子のアノテーション作業も進んでいる。それらのバイオインフォマティクス研究グループやデータベース等との効率の良い連携を具体化することが必要。

3. バイオインフォマティクス

(1) 現状分析

- ・概ね順調に推移。個々のデータベースの構築と積極的な情報公開がなされ、また国内外のデータベースの情報交換がなされている。我が国の貢献度を世界的にアピールすべき。
- ・データベースの整備という観点からは、現在、表現形式等の重複がある中で、これらを地盤に網羅的研究を行うことはほぼ不可能であると思われる。
- ・DDBJ は我が国における唯一の公的なゲノムのデータベースの中核的な機関であり、米国・欧州と並ぶ世界の 3 大拠点の 1 つとなっている。情報収集、分析、評価とともに研究者育成も成果をあげており、他の研究分野との協力も行われている。

(2) 実施目標の達成度

- ・データベースの蓄積が積極的に行われており、国際間の協調も進められている。但し、全世界的にはデータベースは膨大であり、日本単独ではそれらを統一し使いやすいものにするのは困難ではないか。
- ・今後は、複雑な遺伝子発現の解析、疾病とゲノムの相関、蛋白質間の相互作用の解析、薬のデザイン等の分野において、バイオインフォマティクス研究が極めて重要となる。
- ・各研究チーム（ウエット）グループとの連携が十分読みとれない。例えば、我が国はヒトもマウスも cDNA 解析では世界の最先端を行っており、シーケンスも終わっているはずなので、発現プロファイルの最適チップを設計するなど、ミレ

ニアムグループのデータの統一を図るべき。

(3) 具体的改善点

- ・ ウエットを利用した多因子ソフトを開発すべき。
- ・ 各チームの成果を共通のベースで使用できるよう標準化のアドバイスをを行うべき。
- ・ データ形式、標準化、統合化を促進するための方針が進展することを期待する。
- ・ 多量のデータ蓄積の面が強調されているが、ヒト疾患解析のためのデータ解析について明確化すべき。
- ・ 研究者は主に、米国やスイスのデータベースを用いており、現在のネット社会において、データベースは世界の共有資産であるとの認識が強くある。世界との連携について明確な説明が必要である。
- ・ SNP 解析、疾病ゲノム、イネゲノムなど他の分野への援助、協力が望まれる。

(4) その他

- ・ データベースを作成する上では、データの質の検証も大切。

4 . 発生・分化・再生

(1) 現状分析

- ・ 基礎研究から応用的な開発までうまく連携が組まれているものの、多岐にわたり、総花的でやや焦点が定まらない感がある。この分野は流動的かつ競争が激しく、また基礎的研究の重要性が無視できないので、プロジェクト・リーダーを中心に今後の目標を明確化していくべき。
- ・ 発生学を中心とした、基礎研究、分化、再生を中心にした前臨床研究では多くの新しい知見を得ている。
- ・ 理研、先端医療センターなど新しい体制の研究機関が有機的に連携して、総合的な研究体制が整備されている。
- ・ 再生医学に必要なガイドラインなどソフト面での進展があった。その他にも、体性幹細胞の分化、特に唾液腺からの分化、ES 細胞よりの神経細胞への分化、ES 細胞培養に必要な LIF 以外の因子の発見などで成果があった。

(2) 実施目標の達成度

- ・ 基礎的研究面において順調に展開している。ソフト面や組織作り、個々の研究でも成果があり、評価できる。
- ・ 理化学研究所発生・再生科学総合研究センターにおける研究体制が整ったばかりであり、今後の成果に期待したい。
- ・ 直ちに医療産業に結びつくものではなく、我が国の細胞シグナル伝達の研究を踏まえて、医学、生命科学の幅広い分野の発展と支えが必要である。

(3) 具体的改善点

- ・敢えて目先の応用的成果を追求するよりも、ここしばらくは基礎研究にもっと注力して良いのではないかと思われる。特に trans differentiation については応用のみではなく、基礎研究が重要である。
- ・細胞治療は新しい分野であり、臨床応用は慎重に行うべき。ES 細胞はもちろんのこと、体性幹細胞を用いる場合でも、細胞が 100%ある方向に分化することはまだ困難と考えられる。臨床サイドのガイドライン作成が必要である。
- ・国内外の細胞医療の状況を常に検討し多面的な研究の中から選択と集中をどのように進めるかを決定する評価検討体制の構築が必要。

(4) その他

- ・マスメディアも関心を持っている領域なので、倫理指針を忠実に守りながら、近未来的に ES 細胞を早急に樹立し、治療に成果を出せるように努力すべき。
- ・本来ボトムアップ型の研究の集積が必要であり、あまり応用を急ぎすぎないように注意深く進めるべき。
- ・ヒト ES 細胞の基礎的研究も是非必要。
- ・発生、分化の expression profile もみるとのことであったが、ヒトやマウスの cDNA については、シーケンスも終了している日本グループの財産をもとに、統一した、共有しうるデータを出すべき。

5. イネゲノム

(1) 現状分析

- ・全国の主要な大学、民間、公立の研究機関において、281 にわたる課題を、プロジェクト毎の推進・評価会議及び合同評価会議を行って推進しており、適切に進行管理がなされている。
- ・国内及び国際コンソーシアムでの塩基配列解読の進展や、シンジェンタ社との契約など、状況の変化に応じた対応を進めている。cDNA のプロジェクトも順調に進んでいる。あまりにも多くの研究機関が参加しているが、機能解析のためにはやむを得ない。
- ・モンサントからのクローン提供に続いてシンジェンタからのゲノム情報の提供は、プロジェクト完成への大きなプラスになると思われる。本プロジェクトのような精密なゲノム情報の必要性は言うまでもないが、今後は完成解読の後に如何に展開していくか戦略を立て、そのための体制を打ち出す必要がある。
- ・目的が「疾患予防・健康維持のための高機能食物及び農薬の少ない農業の実現等」となっているが、高機能食物が必要な理由、農薬自体の問題点が明らかになっていない。

(2) 実施目標の達成度

- ・全塩基配列の解明においては、我が国において既に 160Mb を解析し、国際コンソーシアムとしては 270Mb の解析を終了している。完全長 cDNA ライブラリーは、最終目標の 3 万種の約 80% に当たる 24500 種を構築した。さらに量的遺伝子座の遺伝子を単離・解析するなど、順調に目標が達成されている。
- ・ジャポニカ種について順調に進んでいる。
- ・ベンチャーに先を越されても完結を目標とするとのスタンスは妥当である。解読を早期に終了し、遺伝子機能大規模解明を加速させるべき。

(3) 具体的改善点

- ・本年 12 月には国際コンソーシアムによるフェーズ 2 レベルのゲノムシーケンスが終了する見込みであることから、今後はポストゲノムシーケンス研究に重点を置いた研究を進めるべきである。特に、これまでの手法別機能解明研究に加えて、ヒトゲノム研究のように、ターゲット形質を絞った遺伝子機能解明を進めることが必要である。また、機能解明研究を進める上でも、全イネゲノム塩基配列の完全解読を進め、これまで整備してきた完全長 cDNA などのゲノムリソースの品種改良などへの有効利用を図る必要がある。
- ・今後は、得意な分野の遺伝子の機能解析、有用なイネの作成を通じて、特許取得や企業化へと繋がるよう努力の焦点を変えていくべき。
- ・ヒトゲノムと同様、全長 cDNA 解析に力を入れるべき。
- ・参加機関が非常に多いので、共同プロジェクトとして推進していくためには、共通の意思を持ち続ける努力が必要。
- ・国際グループを作る際、今回の染色体別のゲノム解読のように、達成度の差が国によって著しい場合の対応について検討すべき。また、whole genome shotgun のような新しい方法論が出てきた際の体制も検討を要する。

(4) その他

- ・米国シンジェンタ社と中国北京ゲノム研究所がイネのゲノム塩基配列の概略を発表したが、協力できるところは協力し、精度の高い配列決定を行うべき。モンサント社に続き、シンジェンタ社も独自に解読した日本晴ゲノムデータを国際イネゲノムコンソーシアムに提供し、イネゲノム全塩基配列解読は国際コンソーシアムに一元化された。今後は提供されたデータを有効に利用して、全塩基配列解読を加速化し、高精度の完全解読を行うことが重要である。
- ・中国のグループのインディカ米のゲノム解析は、1 年以内に終了しており、総費用は 1015 億円といわれるが、税金を使う以上、費用対効果を真剣に検討すべき。予算の傾斜配分なども行われているが、競合的な本プロジェクトを考えると、状況に対応した集中化が必要である。

- ・ 早期に cDNA の機能解析に集中すべき。
- ・ 全国の膨大な研究グループとの共同研究の計画が示されたが、所期の研究成果を上げるためには、数の多さよりも一定の研究レベルの所に絞るべきと思われる。