

評価を踏まえた対応方針

分野名：ヒトゲノム多様性解析プロジェクト

項目	評価・助言	評価を踏まえた対応方針
1. 現状分析	大量の質の高いSNPデータを出すシステムを確立し、プロジェクトの実施目標を上回る23万個以上のSNPを明らかにし、18万個のSNPのアレル頻度を既に算出するなど、SNP解析としては世界をリードしていることを評価する。	
	日本人SNPのデータベース作成、ハプロタイプマップの国際協力などへも十分な貢献をしている。	
	推進体制は、よく統合されている。	
2. 実施目標の達成度	基本的には全ての点において目標を達成しており、国際的に見てもトップレベルの成果をあげていると評価できる。	
	SNPデータが各疾患遺伝子プロジェクトチームに渡され、各疾患と遺伝子機能との関連、又遺伝子機能とSNPとの関係について順次知見が増加し、この面でSNPデータは発展に貢献していると考えられる。	
3. 具体的改善点	自身で疾患遺伝子を扱うよりも、全体を支え、全体としてより効率よく、成果をあげるシステムを作ることにより、全体の存在感を出す役割が望まれる。	すでに、国立がんセンターに技術移転を行い、疾患遺伝子プロジェクトの支援を行っている。また、理化学研究所遺伝子多型研究センターにおいて、疾患遺伝子プロジェクト5疾患のうち、3疾患に関しては約200人の患者DNAに関して10万カ所のSNPタイピングを実施して、疾患遺伝子研究グループにデータを提供するなど、十分な支援活動を行っております。
	今後このレベルを維持していくために必要な計画を早期に提出する必要があるが、30万人プロジェクトはそのゲノム解析部分に相当するが、疾患解析部分の強化が必要。	国家プロジェクトとして、30万人プロジェクト（個人の遺伝情報に応じた医療の実現プロジェクト）で収集した試料を有効に活用し、疾患遺伝子や蛋白解析に応用していく戦略が必要と考えております。
	SNPデータから疾患遺伝子機能と疾患との関連に至る一連の流れが、疾患ごとに明示されると、プロジェクトとしての位置づけが、より明確に認識されると考える。	本プロジェクトでは、疾患遺伝子プロジェクトに対して、基盤情報の提供・技術移転・タイピングデータを提供する位置づけとなっております。同定された遺伝子の機能をあらかじめ予測することは難しく、現実的には遺伝子ごとに個別の対応が必要です。全体の戦略については、プロジェクト開始の際に紹介しており、その戦略に沿って解析を進めております。
	薬剤副作用についても順調にデータを出しており、早期の実用化が望まれる。	
	出てきたデータがどのように使われるのかということが重要。資料収集とその利用、疾患遺伝子プロジェクトとの関連などを明確にし、研究当初から主張しているオーダーメイド医療へのつながりをそろそろ出す必要がある。	ご指摘の通りです。本プロジェクトでは医療のオーダーメイド化の可能性を示唆するデータを示すことができたものと考えております。さらに、過去4年間にわたって整備した基盤情報、開発したSNPタイピング技術を利用し、膨大な情報を収集することによって、わが国で世界に先駆けた患者本位の医療を実現することができると考えております。
	研究者自身はその気がなくても周りがオーバープロミスすることになる。国民に目的を丁寧に説明する必要があると考える。	目的は明確に示しておりますが、その実現時期などに誤解があるようですので、十分な説明に努めます。
4. その他	ミレニアム・ゲノム・プロジェクト全体として、プロジェクトとしての出口に向けて、SNPを活用する疾患遺伝子等、他プロジェクトチームとの連携が一段と大事になる時期と考える。	国立がんセンターに技術移転を行い、疾患遺伝子プロジェクトの支援を行っています。また、理化学研究所遺伝子多型研究センターにおいて、疾患遺伝子プロジェクト5疾患のうち、3疾患に関しては約200人の患者DNAに関して10万カ所のSNPタイピングを実施して、疾患遺伝子研究グループにデータを提供するなど、十分な支援活動を行っております。今後とも連携を密にして、可能な限りの支援をしていきたいと考えております。
	困難な問題であるが、多遺伝子多要因疾患である生活習慣病で、例えば複数のサイトのSNPではじめて疾患の易罹患性が決定されるもの、環境や民族によりある疾病に対しての易罹患性を決定するSNPが異なることがあるのは当然とも考えられ、逆におもしろく、環境因子の差や人種の差など他の要因を浮かび上がらせられないか。	今後の課題として重要なものであると認識しております。現在、理化学研究所遺伝子多型研究センターは国際ハプロタイプ計画の一員として、アジア人（日本人・中国人）、アフリカ人、白人のSNPデータベース化に貢献しております。これらの情報や環境要因を含めた疾患等の解析には、さらに膨大な情報の整備が必要ですので、その取り組み方も含めたオールJapan体制の構築が不可欠と考えます。
	国際的なレベルは世界最高であり、現在、米英が追尾中。この成果をいかに生かすかがミレニアムの成否の大きい部分を握ることになると考える。	ご指摘の通りであり、ミレニアムの成果を次にどうつなげていくかによって、本プロジェクトの成否が問われるものと考えております。
	本プロジェクトチームの役割は基礎資料としてのSNP獲得を増加させることにあると認識するので、解析力の向上を工夫し、実用化しながら、今の路線を進め、世界トップの位置を保って欲しい。	全染色体を60万箇所のSNPでカバーするハプロタイプ地図を国際ハプロタイプ計画によって本年度中に完成します（理化学研究所遺伝子多型研究センターは25%の解析分）。今後は、技術開発によってさらに解析スピードを高めて疾患遺伝子研究や薬剤応答性研究を加速すると共に、SNPを臨床の現場で利用するための機器開発などにも取り組んでいきたいと考えております。

<p>データは今後、オーダーメイド医療に利用されなければ意味がないが、疫学や個人情報問題なども含めて、試料などその体制から整っているかどうか、明確な形で示すことが重要。</p>	<p>本プロジェクトの対象ではありませんので紹介致しませんが、研究レベルでの個人情報保護対策に関しては世界的に誇ることができる体制がすでに構築されております。疫学研究に関しては、個人の生活調査などに関しての情報を、どのように収集し、管理するかなどの課題に取り組んでいるところです。</p>
<p>ゲノムプロジェクトで得られる情報は、今後飛躍的に集積していくことが期待され、プロジェクトの終了とともに散逸する危険を防ぐため、国家的な集積・保存システムの構築が必要である。同時に遺伝子アノテーションに必要なスーパーコンピュータ等のハード面を確保することが国として必要。</p>	<p>ご指摘の通りであり、省庁の枠を超えた国としての戦略が急務です。</p>

分野名：疾患遺伝子プロジェクト

項目	評価・助言	評価を踏まえた対応方針
1. 現状分析	6つのサブチームを全国的に組織し、疾患遺伝子を主として、SNPを用いて、ゲノム・遺伝子網羅的手法で体系的に分析していく体制・方法をとっており、個々の疾患の試料採取や分析体制のみならず、このプロジェクトのため、倫理面での制度整備、統一した診断基準が作られ、疾患研究の基盤はできてきたと思われる。	
	一方、それぞれの疾患での問題点もかなり明らかになってきており、疾患関係全体としてのプロジェクトの進め方、個別の進め方をそれぞれ明確にする必要がある。	プロジェクト当初からの方針である、疾患遺伝子チーム全体としてのJSNPによるゲノム網羅的解析と、それぞれの疾患の専門家集団であるサブチーム主導の個別研究とを並行して進めていく予定である。それぞれの疾患の特性を十分考慮して、効率よく疾患遺伝子を同定するためには、疾患個別研究において複数の方法論を組み合わせる必要があるが、その内容については各サブチームで研究成果の出方を良く検討し、明確にしていきたい。
	疾患ごとに、各々関連する遺伝子或いは候補遺伝子は順調に増加中と判断する。但し一つの疾患に複数の遺伝子の働きが係っている以上、どこまで候補遺伝子を増やせば、次のステップへ進めるのか、この辺の見通しはどう考えるか。	いわゆるcommon diseaseにおいて、どの程度リスク比及びアレル頻度の遺伝因子がいくつ存在するかの全貌を明らかにした例は無く、現在の技術では稀な多型でかつリスク比の小さい遺伝因子の同定は不可能とされている。このような疾患において、比較的頻度の高い、低・中程度以上のリスク比の遺伝因子を探索する意義としては、同定した遺伝子の機能解析等から、その疾患の本態解明に貢献し、分子標的診断・治療・予防の基盤となる、寄与危険度の高い遺伝因子を持つ集団に対して、介入性の高い予防研究企画の基盤となる、最終的にその疾患の発症に関する遺伝因子の大半が同定できた場合は、個人の発症リスクを臨床上有用な水準で予測できるようになる。 については、関連解析が検証された段階で、もしくはその検証作業と一部並行して、随時「次のステップ」である機能解析に進められる。その後、TL0等を介して、その遺伝子の創薬化に最も適切なノウハウを持つ企業等との連携に進む。についても、たとえ少数の遺伝因子であっても、その意義が確定できれば、「次のステップ」である予防介入試験の検討に進めると考えられる。一方、の研究の完成は、今世紀にようやく本格的に幕を開けたポストシークエンス時代の疾患研究の大きな課題として、まだまだ多くの技術革新を含めた世界的な研究の積み重ねが必要である。さらに、「次のステップ」である個人を対象にした臨床における生活習慣病の遺伝子診断については、社会の広い階層を含めた倫理面の議論や指針の策定、不当な差別等を防止する法律の策定など、十分時間をかけた検討が必要であると思われる。
	現在、プロジェクトの多くは、まだ候補遺伝子のリスト・アップのレベルに留まっているものが多く、疾患遺伝子の同定に至っていない。あと1年間の成果に期待するが、現状を見る限り、当初の目標であったこれらの主要疾患遺伝子の同定に至るのはいかなり困難ではないかと思われる。	「疾患遺伝子の同定」の定義を、海外を含めて、本プロジェクト外の研究者による追試・検証、並びに関連解析で抽出された多型の、動物モデルを含めた機能解析による生物学的意義の証明、とした場合は、本プロジェクトの期間内にはその基準を達成できない遺伝子も多いと予想される。一方、本プロジェクトで初めて見出された候補遺伝子も数多く、我々としてはそれらの遺伝子のリスト・アップが持つ価値も極めて重く見ている。
	標的遺伝子の検索、国外で報告された遺伝子の検索についても十分な数を用い、個々に決着をつけるべき。	いわゆる「候補遺伝子アプローチ」として、御指摘の研究を展開してきた。その結果については、有意・非有意を含めて、論文や疾患データベース等で報告して行く予定である。
	全体の進め方として、SNPスクリーニングに方向を変え、ゲノムワイドのスクラン、二次スクリーニングに移ったことは正しい選択と考える。マイクロサテライトによるスクリーニングは、家系等のよほど確実なもの以外は無駄ではないか。	御指摘のように、マイクロサテライトは主として単一遺伝子病の連鎖解析に多大な威力を発揮してきた。本プロジェクトでは、評価・助言会議の御指導を受けて、早くからSNPによるゲノムワイドのスクランをプロジェクトの中核として推進してきた。しかし生活習慣病の関連解析における多型マーカーとしての、SNPとマイクロサテライトの優劣については未だ多くの議論があるところであり、一部の疾患ではサブチーム主導の個別研究として、両者を並行して進めている。
	残された1年間の研究の方向として、既に外国で同定された遺伝子が日本人においても、同様に当該疾患の遺伝子であるか検定することは、同様な技術を用いるだけで良いので、成果が間違いなく得られる一つの現実的な方策ではないか。日本人に当てはまらない場合がわかれば、それだけでも貴重な情報である。	いわゆる「候補遺伝子アプローチ」として、御指摘の研究を展開してきた。その結果については、有意・非有意を含めて、論文や疾患データベース等で報告して行く予定である。
	研究方針の一定性、即ちSNP解析か、候補遺伝子か、発現変化の遺伝子か等の方針のぶれが見られ、各サブプロジェクト内においても確固とした方針の欠如が見られる。何故異なった方針を用いたのか、その科学的な根拠が明白でない。	ヒト疾患、特に多因子疾患の複雑さから、現在の科学では、単一の全能的アプローチが存在しない。遺伝子チーム全体としてのJSNPによるゲノム網羅的解析に加えて、サブチームを構成するそれぞれの疾患の専門家集団が、その疾患研究に現時点で必須であると判断した解析方法を組み合わせることで研究を展開している。その妥当性については引き続き各サブチーム内で検討を重ねるとともに、その疾患の専門外の方々にも了解していただけるよう、努力を続ける。

	<p>個々の疾患について、進捗状況はまちまちである。痴呆についてはカバーできている遺伝子が少なすぎるように思う。がんについて、本プロジェクト独自の貢献があるのかどうか不明。</p>	<p>痴呆の候補遺伝子解析については、現時点において80以上の遺伝子について解析を終了している。解析が終了したSNP中、痴呆への関連が高いと思われる2 SNPが同定された。これらはそれぞれ、アミロイドベータタンパク質の生産調節を行なう遺伝子と、tau遺伝子に存在する。解析中のSNPにも、いくつかの痴呆と高い関連性が予想されるものが存在している。また、外国からの報告で、痴呆との関連が高いとされているSNPでも日本人では関連が認められないSNPもいくつか明らかにすることができた。</p> <p>一方、体細胞（がん細胞）における遺伝子・ゲノム異常を本態とするがんにおいては、内外の多くの遺伝子解析の積み重ねがあり、本プロジェクトもそれら従来の研究の発展上にある。しかしその中でも、マイクロアレイによる遺伝子網羅的発現解析や、ゲノム網羅的構造異常の解析においては、本プロジェクトにより初めて強力に推進できた部分が大い。一方、生殖細胞系列の多型の大規模解析を我が国において本格的に展開できたのは、症例収集を含めて、本プロジェクト独自の貢献と言える。すなわち、JSNPによる生殖細胞系列のゲノムスキャンは本プロジェクトで初めて可能になった研究であり、候補遺伝子の多型解析も本プロジェクトにより、まとまった規模で推進できた。</p>
<p>2. 実施目標の達成度</p>	<p>疾患関連遺伝子の数や機能など、学術的な意味での研究は進んでいると判断するが、当初の目標（診断や治療への道筋）をどの程度達成できるか不明。例えば、痴呆、糖尿病、高血圧等の解析において既存の疾患関連遺伝子以外に新たな成果が上げられているとは評価できない。</p> <p>現在のままで推移すると、その評価は患者さんのサンプルの蒐集に留まり、かなり厳しいものになるのではないかと。</p> <p>成果の報告の際、プロジェクトにおける問題点や困難さも指摘していただければ納得がいくかも知れない。数値目標の達成より、それぞれの目指した点について決着をつけるか、現実的な目標と計画を定め、今後の解析方向の指針を出すか明確にすべきと考える。</p> <p>プロジェクト開始当時の倫理の問題、診断基準の統一などにより、試料の採取に手間取ったため、期待より進展が遅れているサブチームもあるが、SNPによるゲノムスキャン以外に、がんでは発現プロファイルや体細胞遺伝子変化解析等、網羅的解析で成果を出している。</p> <p>チーム全体としての取り組みにおいてもセンター方式でのJSNP解析体制がよく稼働し、二次スクリーニングも年内には終わるとのことであるから、上記の経緯を勘案すれば、プロジェクトは一定の目的を達成し、後に続くべきポストシーケンス時代のゲノム・疾患研究の礎を作ったと評価できる。</p>	<p>当初設定された目標は 疾患等関連遺伝子の発見、 オーダーメイド医療による治療成績の向上、 画期的新薬開発に着手、の3種類に集約できる。このうち御指摘のように、 については数年間をかけた前向き臨床試験での検証が必要であり、本プロジェクトでは十分に達成できない可能性が高い。 については、革新的な分子標的診断薬・治療薬が開発され、最終的に市販されるまでの創薬過程の中で、政府主導で医療施設・アカデミアが行うミレニアムプロジェクトが分担すべき部分と、ベンチャー・キャピタルを含めた企業が分担すべき部分を区別して、両者の最も効率の良い連携の在り方を考える必要がある。ミレニアムプロジェクトの目標 における主要研究項目は予防・診断・治療の分子標的発掘であると考えており、その段階に達する例は複数出てくることが見込まれる。</p> <p>今回のプロジェクトでは、いわゆる生活習慣病に関して、国として初めて疾患や省を越えた全国的組織を構築し、SNPによるゲノムスキャンや疾患データベース等の共同作業を推進することができた。そのために三省が倫理指針を策定し、それを受けて各施設が倫理審査委員会や個人情報管理者、外部監査、試料等提供者一人一人への十分な説明と同意の体制、研究のための膨大な病理・診療情報の正確な収集などの体制を整備してきた。「サンプル集め」は多数の臨床検体の解析に基づくゲノム・プロテオーム時代の疾患研究において、最も労力がかかる部分であり、一朝一夕にして意味のある蓄積を達成できるものではない。今回の5年間のプロジェクトの具体的な研究成果そのものについて担当した研究者を厳しく評価していただくことはもちろんであるが、一方では、ミレニアムでようやく生まれかけた、近未来のゲノム・プロテオーム医学の絶対必要条件となる研究用試料等の収集体制を少なくとも基幹医療・研究施設において根付かせ、我が国の今後の疾患研究の基盤として維持発展させることを是非、御検討いただきたい。</p> <p>御指摘に従い、平成11年12月の総理大臣決定の総合的な数値目標を厳粛に受け止めながらも、それぞれの具体的な研究課題の目標と計画を定め、プロジェクト終了時には達成できた地点を明確にし、次に続く研究として発展させるべき課題と、我が国においてはとりあえず決着をつけてよいとする課題とを明確に提言する予定である。</p>
<p>3. 具体的改善点</p>	<p>ミレニアム・ゲノム・プロジェクトの最終年度であることを踏まえ、内部評価を十分に行い、過去4年間の経験のもとに今後の方向性を明らかにし、組織の構築、体制のあり方を十分検討し、次年度以降の疾患遺伝子のゲノム解析プロジェクトの進め方を検討することが望まれる。</p> <p>SNPなどの基礎的データと疾患遺伝子との関係、疾患遺伝子と細胞や臓器組織の変化との関係、複数の疾患遺伝子間や、産物である蛋白質の相互作用など、遺伝子を核に置いた全体像を描き、今後行うべきポイントが浮き彫りにされるようなマップを描いて欲しい。</p> <p>SNPのゲノムワイドスキャンについても、二次スクリーニング終了分について解析対象を絞り、協力して解析を進める方がよいと考える。</p> <p>目標には発見すべき遺伝子の数が書いてあるが、そのようなものではないものを出す方がよい。入手した試料が現在どのようになっているか、将来発見された遺伝子を個人の医療に返す事ができるシステムを作るには、そのあたりを明確にしておく必要がある。</p>	<p>御指摘の点はいずれも極めて重要であると認識しており、引き続きチーム内の様々なレベルで議論を深めるとともに、行政側担当部局等も交えた検討を続けていく。</p> <p>ポストシーケンス時代の疾患ゲノム研究においては御指摘のようなマップ（全体像）を常に念頭に置きつつ、研究を進め、企画していくことが肝要である。それぞれの疾患について描かれるそのようなマップは、適切な機会があるたびにサブチーム外にも示し、御意見をいただくようにしたい。</p> <p>二次スクリーニング終了後は、別のサンプルセットでの検証（三次以降のスクリーニング）や機能解析が考えられ、その疾患や遺伝子の特性に応じてサブチーム内で協力して研究が進められる。さらに、サブチーム間の連携や協力、拠点的な解析が適切である場合は、積極的に対応していきたい。</p> <p>御指摘に従い、平成11年12月の総理大臣決定の総合的な数値目標を厳粛に受け止めながらも、プロジェクトが生み出した個々の研究成果の他に、全国的な組織を作って整備した試料と臨床・病理情報、生活習慣情報の収集・保管・共同利用体制なども重要な資産として、次に続く研究の礎として活かす方策を明確に提言して行きたい。</p>

<p>4. その他</p>	<p>極めて貴重な臨床情報を伴ったサンプルについては、きちんと保存、管理を行い、無駄遣いのない用、今後は十分に方法論を検討した上で使用する必要がある。</p>	<p>御指摘に従い、各サブチームで研究のために提供を受けた試料の残余分と付随する診療情報等については、提供者の同意の範囲で、当プロジェクトの知見と経験を十分に活かし、無駄の無いように適切な研究計画に使用していく。</p>
	<p>是非、これらのサンプルを生かすため、疾病遺伝子のグループには引き続き仕事を発展させて欲しい。これから多くの成果が収穫される時と考えている。その際は、これまでの結果から進展が十分ではない研究チームは、その研究戦略の吟味、あるいは研究課題の廃止も含めて考える。</p>	
	<p>疾患遺伝子の獲得やその機能変化の解明など、基礎的、学術的成果と、それらの成果のどれがトランスレーショナル・リサーチの対象になり、更に臨床やゲノム創薬の候補になるのか、そのつながり方をあと1年の間に出来るだけ明らかにすることが求められる時期に来ていると判断する。</p>	<p>最終的にプロジェクトの成果をまとめる際には、御指摘のように 遺伝子の発見の成果と、 オーダーメイド医療の実現及び 創薬への着手という目的との間のつながり・発展の可能性についても十分検討して報告していく。</p>
	<p>疾患と対照による検定のためには、統計的な計画性を十分に考慮することが必要で、この点、生活習慣病の解析について、手軽に考えすぎではないか。</p>	<p>いわゆる"common disease"の遺伝子探索にはゲノムワイドな関連解析が現時点では最も有力であると考えられているが、必要症例数算出等の統計的計画は、マーカー及び目的とする疾患アレルの頻度や連鎖不平衡、目的とする遺伝子のリスク比などにより大きく影響を受ける。その上で、現実的な予算と与えられた期間、利用可能な解析技術という枠組みの中で、その時点でベストの選択をする必要がある。 当プロジェクトが開始された後も、ヒトゲノムとその多様性に関する基礎的情報と理解の蓄積は世界的に精力的に進められている。ゲノム網羅的関連解析のデータ処理法についても新しい方法が提案されるようになった。それらの最新の知見を導入することで、研究の統計的検出力を可能な限り高める努力を継続する所存である。なお、ゲノム網羅的アプローチに関しては、当プロジェクトの現行の解析と同様のデザインで行われた心筋梗塞の研究が、世界で最初のSNPによるゲノムスキャンの成功例として「ヒトゲノム多様性」チームから2002年に報告されており、この方法の実用性が証明されている。</p>
	<p>国家的プロジェクトなので、外の眼が「オーダーメイド医療」として見ている。個別の研究はそれぞれ意味のあることとして進められていても、社会にとっての医療として、この方向にどのような意味があるのか（例えば高血圧では環境因子が大きく、多数の遺伝子が少しずつ関わっているということがわかった時、疾患へのアプローチとして何が適切かという問いが生まれると思う）という基本に対しても、返答ができるようにしておかなければならない。疾患によって異なる検討が必要ではないか。</p>	<p>最終的にプロジェクトの成果をまとめる際には、御指摘のように 遺伝子の発見の成果と、 オーダーメイド医療の実現及び 創薬への着手という目的との間のつながり・発展の可能性についても十分検討して報告していく所存である。</p>
	<p>ゲノムプロジェクトで得られる情報は、今後飛躍的に集積していくことが期待され、プロジェクトの終了とともに散逸する危険を防ぐため、国家的な集積・保存システムの構築が必要である。同時に遺伝子アノテーションに必要なスーパーコンピューター等のハード面を確保することが国として必要。</p>	<p>御指摘の点は非常に重要な点であると認識している。チーム全体としては、すでに着手している疾患データベース構想を強力に推進して、プロジェクト終了後のデータの散逸やデータベースの老朽化を防ぐ。さらに、バイオインフォマティクスチーム等との連携を継続し、疾患ゲノム研究に資する遺伝子アノテーション等の情報へのアクセスを構築していく。また、疾患ゲノム研究においては試料及び付随する臨床・病理・生活習慣情報等の収集にはもともと労力ががかかっている部分であり、試料等そのもののみならず、その収集・とりまとめに当たったサブチーム組織についても、次のプロジェクトに向けてさらなる強化と整理を図っていきたい。</p>

分野名：バイオ・インフォマティクスプロジェクト

項目	評価・助言	評価を踏まえた対応方針
1. 現状分析	データベースの構築は、着実に体系的に進められている。	
	一般的な研究の成果はアメリカには及ばないにしろ、国際的には非常に高いレベルでの成果を上げていると思われる。特に、ヒト全長cDNAのバイオ・インフォマティクスは、世界で最も高いレベルにある。また、KEGGデータベースの進捗も評価に値する。プロジェクト・リーダーのリーダーシップの下に、バランスのとれた進展が見られる。	
	多くの協力関係をスムーズに動かし、我が国におけるゲノムに関する情報分析、発信に関して優れた推進体制を作り、バイオ・インフォマティクスを進めた努力は十分に認められる。	
	ヒトゲノム関連データベースは6本の柱のもとで行われているが、外から見たときのそれぞれの役割がわかりにくい点がある。今後は、より統合した形で研究を推進することができないか。	「H-invitational」というヒト遺伝子の統合データベースでは、これらの関連データベースが内容的に統合されている。これらのデータベースの貢献が明示されるよう努めるとともに、引き続き内容の統合を図って参りたい。
	データはどんどん増えており、また、バイオ・インフォマティクスに求められることが単なるデータベース作成を超えたものになってきていることを考えると、過去と未来を見通した作戦を立てて、5年終了後の方向を見せる時になっていると思う。	このミレニアムゲノムプロジェクトの終了年にあたり、今後の方向性について検討して参りたい。
	本プロジェクトに問題があるとすれば、従来の焦点は主としてヒトなどに偏っていたことにある。今後は植物（イネ）など、より広汎な、かつ重要な生物種にも、その対象を広げるべきである。	本年12月にイネゲノムプロジェクトに協力して、イネの国際アノテーションジャンボリーをつくばで開催予定。
2. 実施目標の達成度	データベースが国際レベル以上に到達し、利用度も順調に増加していることは高く評価でき、実施目標を期待以上に達成。	
	例えばGene Bankの利用度と比較したときに日本発の国際標準化はなお後れており、この面の目標達成に向っての進展を期待したい。どの分野で国際的に貢献するべきかは常に検討されることを望む。	今回、日本が優位性を有する完全長ヒトcDNAを中心とした統合データベースの構築を主導した。今後はこの実績をもとに、関連分野での国際貢献も検討する。なお、世界12カ国、44機関の協力を得て、アノテーションジャンボリー大会を10日間にわたって開催し、その成果を、本年4月に世界に向けて発信したところ。
	新種のゲノム解析以外は、他のグループのデータ収録と解析になるのだから、早く多様性解析や疾患解析の分野にバイオ・インフォマティクスの人材を送り込めるようにして欲しい。	現在、「H-invitational」統合データベースの疾患解析版であるDisease Editionの構築に全力を注いでいる。その中でバイオ・インフォマティクスのいい人材が育っているため、これらの人材が各分野に広がっていくことが十分に予想される。
3. 具体的改善点	今後の生命科学の中心的な課題であるsystem biologyの発展のためには日本でのバイオ・インフォマティクスの発展が不可欠であり、この方向性をもったプロジェクトを積極的に支援するとともに人材の育成も不可欠である。	本プロジェクトの終了年にあたり、バイオ・インフォマティクスの人材育成の方向性や発展性を加味した検討を進めて参りたい。
	データの集積はこれからもどんどん続くが、集積されたデータの中にいそむ真理をどう発見するか。遺伝子から細胞、そして生体への運動、遺伝子や蛋白質の相互作用の解明など、基盤技術の進化をどう進めるか、目標やステップが明示されると有難い。	データ集積の中で個別的な知的発見をどう行うのかという問題は、現在のバイオ・インフォマティクスにおける大きな課題である。個別分野で特定の問題解決を目指す研究者との密接な連携が必須と考える。特に、進化、発生、生理代謝、神経、免疫、疾患といった高次の機能や表現型とゲノムやその関連情報をどう結びつけて知的発見に導くかは、これらのなかで個別課題を選定して、その課題における実験研究者との有機的な共同研究が必要と考える。そのなかで遺伝子やタンパク質などの相互作用の解明や基盤技術の進化がしっかり進められると考える。
	世界的にも、最近の全ゲノムの再構築など、新しい開拓が行われている。この点も十分踏まえ、次の発展にも後れないようにお願いしたい。	ゲノム構造の解析や比較ゲノム学の発展は、非常に重要である。特に、アルゴリズム開発研究はもちろん膨大な計算力を必要とするので、ハイテク分野との共同研究も視野に入れて積極的に取り組むことを考える。
	バイオ・インフォマティクスは、国際ネットワークが最も重要な分野である。そのようなネットワークの中で、日本発の提言を積極的に行う等、このプロジェクトが国際的リーダーシップをとれるほどに成長していくことが望ましい。	国際的リーダーシップをさらに取れるよう努力して参りたい。
	多型情報、疾患データベース、イネゲノムなどとの協力・連携をより強めるべき。	現在、疾患データベースでの連携としてH-InvitationalデータベースでのDisease Editionを構築していくとともに、本年12月開催予定のイネゲノム国際アノテーションジャンボリーを通して、さらに協力・連携を進める。
	疾患遺伝子、生命科学研究所のバイオ・インフォマティクス、新しい学問としてのバイオ・インフォマティクスという、大別しても二つの側面があり、それぞれ性質の違うものである。それぞれの今後を見通した方向付けが欲しい。	本プロジェクトの終了年にあたり、バイオインフォマティクスの2つの側面を踏まえつつ検討して参りたい。

<p>4. その他</p>	<p>我が国が欧米に比べ人数的に劣勢にあるバイオ・インフォマティクスの専門性の高い人材について、プロジェクトを展開しながら育成を進める役割も期待感の一つとしてある。人材育成面で大学や他研究機関との連携や役割分担など、今後継続して進めるべき重要課題と考える。バイオのいろいろな面での国際競争力の根源の一つとしてのバイオ・インフォマティクスの基礎的な技術開発と併せて、ぜひ今後の発展を期待したい。</p>	<p>バイオインフォマティクス分野の人材育成は、さまざまな機会を生かして今後も取り組んで参りたい。</p>
	<p>プロジェクトがスムーズに進んでおり、システムバイオロジー、あるいはVirtual Cellを用いた情報伝達学等の解析、多因子疾患の統計学的解析法の開発等の領域に研究が進めばよいと考える。</p>	<p>ご指摘のシステムバイオロジーや多因子疾患の統計学的解析法の開発などは、すでに取り組みが行われているが、さらにそれらの進展に一層の努力を行って参りたい。</p>
	<p>バイオ・インフォマティクスは今後の生命科学研究の基盤になるであろう。そのような意識で多くの研究との連携を取り、生命科学全体の推進役となると同時に、バイオ・インフォマティクスという新しい学問を作るための基礎を作って欲しい。</p>	<p>今後もバイオインフォマティクスの基盤づくりに一層の努力をして参りたい。</p>
	<p>ゲノムプロジェクトで得られる情報は、今後飛躍的に集積していくことが期待され、プロジェクトの終了とともに散逸する危険を防ぐため、国家的な集積・保存システムの構築が必要である。同時に遺伝子アノテーションに必要なスーパーコンピュータ等のハード面を確保することが国として必要。</p>	<p>ご指摘を踏まえ、今後の方向性について検討して参りたい。</p>

分野名：発生・分化・再生プロジェクト

項目	評価・助言	評価を踏まえた対応方針
1. 現状分析	<p>体制としては組織化されており、再生医療に向けてインフラ整備も積極的に進められている。研究も個々のレベルでは優れた成果が上げられている。世界的に見ても基礎研究としては最高のレベルに達している。</p>	<p>評価いただき感謝している。今後も期待に沿うよう努力したい。</p>
	<p>このプロジェクトのおかげで、幹細胞、胚細胞の研究や再生医学は進歩したが、ミレニアム・ゲノム・プロジェクトに入れるのに少々無理があった。どちらかというと基礎研究の集合体。再生医学への応用に対する社会的受け入れへの努力は多とする。</p>	<p>幹細胞や再生医学の研究は世界中で大きな動きになっている。たとえば、アメリカでは各地に国立の幹細胞研究センターが林立し、カリフォルニア州に至っては国とは独立で3億円の再生医学支出が行われ、加えて同額で州立の研究所が作られ、実際多くの日本人がリクルートされている。その中にミレニアムの中心と期待した研究者もいたのは残念であるが、しかしこのプロジェクトでこの領域の日本の存在を示せたのではないかと考えている。また、世界の情勢から考えても個人研究をまとめるプロジェクトとして進めるのは重要であると考え。さて、ゲノムプロジェクトかどうかについては、第一段階のゲノムを読むという目的にはほとんど寄与する事はなかった。しかし、ゲノムプロジェクト自体が読んだ情報の意味を調べる、解読と言う段階に入った今は、この方向を進展させるための必須の分野が発生再生であるといえ、このプロジェクトがゲノムプロジェクトに加えられた事は、今から考えると極めて先見性の高い判断であったと感服している。実際、cDNA全長プロジェクトをとっても、抜け落ちていたもの多くは発生初期に一部の細胞のみに発現する遺伝子で、ES細胞研究が進むことで新たな追加が始まっており、Archiveを作ることさえ貢献できることが明らかになっている。発生過程での遺伝子発現の網羅的解析はfunctional genomicsの最も重要な基礎であり、また、SNP解析情報を細胞レベルで利用するには、ES細胞技術を含め発生工学的技術が重要であると考え。いずれにせよ、ミレニアムゲノムプロジェクトで助成するとしての意義は高かったと考える。</p>
	<p>再生医療に関わる様々な研究の集まりとして行うことは研究の性質上理解できる。しかし、このプロジェクトの性質上、基礎-トランスレーショナル・リサーチ-臨床をどのようにつなぐかというモデルが示せると良いと思う。それには治療の指針など、現実的なシステムとしての対応も含めると良い。</p>	<p>臨床への移行が遅れるのは、決して研究者の意識のみではなく、多くの規制(これは安全性や人権を守るための必要な規制)の存在と、日本の臨床研究のあり方の未熟性もあることを痛感している。現在厚生労働省に、幾つかの再生医学治療を選ん、新しい指針や法律の下に、これらをどのように進めればよいのかのパイロット研究を進めるようお願いしている。また、臨床研究の結果を正しく評価するEBMを導入したプロジェクトも進めるべきである。</p>
2. 実施目標の達成度	<p>本プロジェクトの科学的、実用的な重要性は認めるにしても、ゲノム研究と一体化する、又は、その間のギャップを埋めるという当初の目標にはほど遠い。その原因はミレニアム・ゲノム・プロジェクトに本プロジェクトを取り入れた時の科学的に見た論理性、正当性が十分に議論されなかったところにあると思われる。これから1年の中で、遺伝子レベルとの関係についてどう展開するのか。</p>	<p>私自身がリーダーをお受けした時点で、どのようにゲノムと連携するのが見えていたわけではない。しかし、今となってみると、発生や再生現象はゲノム情報が刻々変化して進められる究極の過程であり、現在多くのゲノム研究者がそれまでの成果をこのプラットフォームでfunctional genomicsとして展開しようとしているのを見ると、発生・分化・再生がゲノムプロジェクトとして位置づけられたのは極めて先見性の高い判断でなかったかと感服している。実際、ゲノムプロジェクトの一環として始まったシステムバイオロジーと共同で、多くの成果を挙げたし、発生・再生研究センターでもfunctional genomicsの研究者が採用され、研究を展開している。また、地域結集事業も、世界に類を見ない発生プロセスで出現する分化の中間段階細胞のDNAアレータベースができ、例えば千葉でのゲノムプロジェクトと共同で特許を申請していることを考えると、ゲノムプロジェクトの最も重要なパートナーとして今後も発展していくと考えている。</p>
	<p>本プロジェクトは、他のプロジェクトと異なり、ほとんどの研究が個人を中心として行われており、プロジェクト全体としての評価はなかなか難しい。更に、倫理性、社会性など他のプロジェクトにはない問題を抱えており、これも評価を困難にしている。</p>	<p>実際プロジェクトリーダーとして苦労した点を指摘していただいている。とはいえ、幹細胞研究センターが世界各地に林立し始めている状況を見ると、このエネルギーを維持するにはどうすればよいのかを考へる時期に来ていると認識している。</p>
	<p>個々の研究によって進捗度が違い、一概には言えないが、研究は着実に進んでいる。しかし、新しい医療を始めるにあたって必要な方針とシステム作り(パブリック・アクセプタンスをどのようにするかなど)が遅れていると、プロジェクトとしての成果が見えないこととなる。</p>	<p>指摘のとおりである。行われた研究の多様性についてはリーダーとしても最も頭を悩ますところであった。さて、システム作りについての指摘であるが、倫理や指針作成についての日本の意思決定のあり方についてぼやきたいところではあるが、ぼやいても仕方がない。自分自身の中に積極的に参加し、ミレニアムで生まれたエネルギーが生かされるよう努力するのが勤めであると認識している。</p>
	<p>GMP基準を考慮に入れた計画は着実に進められている。</p>	<p>GMP施設は進んだが、運用にはもっと努力が必要であると認識している。幾つかの施設ではようやく手順書等が整備され始めたところであり、現在全国に向けた講習会を計画している。</p>
	<p>再生医学の進展という問題に関しては、国際的に見ても基礎データの蓄積を必要とする時期を迎えており、また、なんらかのブレイクスルーを必要とすると考えられ、新たな観点からの研究の推進も重要と考えられる。</p>	<p>日本では、トランスレーショナル研究としての初期化の研究等が遅れていると思う。少なくとも、発生・再生研究センターではES細胞の分化誘導等についてブレイクスルーを目指した目先にとらわれない研究が行われている。</p>
3. 具体的改善点	<p>ゲノムからトランスレーショナル・リサーチ、そして臨床実験への流れを考えると、何が一番ネックになっているのか。学術的には進捗しているとするれば、制度改革について、研究データを糧にどうアピールするか、あと1年の中で、出来ることの焦点を絞るべき時期と考える。</p>	<p>倫理や指針の問題が全くないとしても、医療として例えばES細胞テクノロジーが定着するには最低10年かかるかと認識している。あと一年の方向としては、指摘のとおり、まず何ができて、何ができなかったかを明らかにすることが必要と考えている。その上で、日本と取れる方策について提言したいと考えている。特に、諸外国ではヒトES細胞を用いた臨床試験が今年ぐらいから始まると予想しており、比較を行って何が日本の問題であるのかを掘り出して行きたいと思う。</p>

<p>今後の実用化基準作りのため、発生・再生科学総合研究センターとそれ以外の研究グループの間に、より密接な情報交換と研究目標設定の協力があつた方がよいのではないかと。</p>	<p>これについては最初から重要な課題であると認識している。一つは、外部との人的交流を図ることであり、既に発生・再生研究センターのGD、TLが大学へ異動することが決まっている。さらに、現在5大学研究科と連携し、学生の交流は活発である。その上で、定期的なセミナー、学会活動への積極的支援などを通して、指摘された点に応えようと努力している。</p>
<p>最終年度を迎える中で、設定された目標の中から具体化できるものを積極的に支援するとともに、4年間の経験を踏まえ、発生・分化・再生の研究の中で重点化項目を明らかにし、本プロジェクトの方向性を明確にすることが望まれる。</p>	<p>指摘のとおり仕分けるための努力を行うつもりである。先にも述べたが、例えばアメリカではヒトES細胞の臨床試験が始まるようとしている。これらと比べて、日本の問題について整理したいと考えている。</p>
<p>全体として統一性に欠ける。基礎研究、臨床研究と全体としての総括がどうなっているのかわかりにくい。</p>	<p>全てを一つのネットワークで結びつけるのは今でも困難であると考えている。この指摘に答えるためには、プロジェクトメンバーを選択するための明確な基準を設けた上で、プロジェクトを始めることが必要であると考えている。</p>
<p>リーダーが問題点として明確に示されていることをどのように改善するか。具体的な計画が欲しい。</p>	<p>予算の再配分がプロジェクト期間内で自由に行うことが困難であるため、問題点をプロジェクトの統廃合や予算の増減を通じて解決する事は徹底できていない。勿論、プロジェクトリーダーが直接かかわる幾つかのプロジェクトでは具体的に行ってきた(CDB、地域結集、未来開拓等)。</p>
<p>4. その他 ゲノムプロジェクトの中にこの項目が入っていることの意味を明確にする必要がある。</p>	<p>既に述べたが、発生・分化・再生プロジェクトがミレニアムゲノムプロジェクトとして位置づけられた事は、時間が経つにつれてその意義が明確になってきたといえる。実際、発生・再生領域をプラットフォームにせず、functional genomicsが可能であると誰も考えていないのではないだろうか。勿論、ポストDNA配列解読としては最も連携が深い領域と認知されると考えている。多くのゲノム研究者もそのように考えておられると思っており、実際国内外を問わず新しいゲノムプロジェクトは発生現象を重要な過程としてどう組み込むかに腐心しているのではないだろうか。</p>
<p>基礎研究の分野で明らかになった研究成果を2つか3つ挙げ、臨床応用が実際に始まっているもの、臨床の治験にもついでに基礎研究として代表的なもの、さらにその医療への応用の環境整備等に分けて、データを示して整理する必要がある。種々の人の成果をただただで、このプロジェクトが他と異なっていることもあり、説得性に乏しいこととなる。</p>	<p>神経幹細胞による脊髄損傷治療、ES細胞によるパーキンソン病治療などは前臨床まで来ている。ただ、日本の状況では、環境整備が最重要課題になっており、説得性に欠けるという指摘から逃れられない事は認めざるを得ない。実際、これらは日本で最も前臨床がリードしていたにもかかわらず、臨床では既に今年他の国で始まるようになっている。わが国が先鞭をつけた血管新生治療も、心臓についての実施については大きく遅れたことは明らかである。</p>
<p>本プロジェクトにおいてはゲノム・プロジェクトの一環としての、個別・時・空間をキーワードとした発現プロファイルは再生医療への安全性をも含めた検討の基礎資料として不可欠のものであろう。報告書にもふれられているので期待はしているが、是非確立へ向けての努力を望みたい。</p>	<p>システムバイオロジーと協調して、プラナリアなどの動物では進んでいるが、例えば分化中間段階データベースで得られた遺伝子の発現を空間、時間にわたって調べる事はできていない。一方、時間と細胞と言う切り口では、極めて有用なデータベースができており、幹細胞研究者の間ではいつ公開されるのか話題になり始めている。</p>
<p>ES細胞の安全性他、今後の進捗をはかる上で、基礎固めとして何が重要か、順序つけて進める必要があるのではないかと。</p>	<p>これについては、既に国際的な組織で協調して対応しており、この定例会議には私も積極的に参加している。この会議から、円滑に臨床応用ができるようにするための計画が進もうとしており、それにも参加する予定である。ただ、この参加についてはミレニアムプロジェクトとしての予算対応はない。</p>
<p>最初に設定された目標が、どのような検討のもとに出されたのかをよく知らないが、最終年度に向けて現実性のある目標と、それへ向けてのステップを示さないと、プロジェクトとして進めた意味が見えてこない。</p>	<p>幾つかの対象疾患が明確に示されたことによる効果は十分あったと考えている。また、それぞれの疾患の細胞治療実施への距離はこの間十分縮まった。これについては明確に示せる。ただ、既に何度も述べたように、実施となると急に問題が出てくるので、それも含めて何が必要かについては最後の報告でまとめる予定。</p>
<p>ゲノムプロジェクトで得られる情報は、今後飛躍的に集積していくことが期待され、プロジェクトの終了とともに散逸する危険を防ぐため、国家的な集積・保存システムの構築が必要である。同時に遺伝子アノテーションに必要なスーパーコンピューター等のハード面を確保することが国として必要。</p>	<p>データベースのセキュリティも含めて考えなければならない最も重要な課題と考えている。ただ、そのために別にお金がかかる事は明確で、限られた予算内で行うためには、予算再配分等の権限をかなり集中し、提言に応じて使えるようにする必要があると思う。次に、例えば5年の歳月をかけて国費を投じて作成したデータベースをどの様に公開するかも重要な課題である。</p>

分野名：イネゲノムプロジェクト

項目	評価・助言	評価を踏まえた対応方針
1. 現状分析	当初、その完成が危ぶまれた本プロジェクトは、研究体制の再編成、外国からのゲノム情報の導入、理研など外部からの協力などにより、着実にその成果が得られるようになったことは評価されて良い。また、全塩基配列解読、cDNAライブラリーの整備も最終年度で完了することが十分に期待される。有用遺伝子の単離、機能解明も良い成果をあげており、これらが実用化とつながることを期待する。	今後とも、着実に成果が得られるよう努力するとともに、得られた成果の実用化に向けた取組を加速化させて参りたい。
	懸案だったシロイヌナズナのゲノム解析結果との、より意識的な関連作業が始まったことも評価される。	
	今年12月開催予定のアノテーションジャンボリーによって未知の遺伝子発見が期待される。	
	連携している理化学研究所の植物ゲノム解析でもモデル双子葉植物であるシロイヌナズナの遺伝子機能解明が進展していることは評価できる。	
	地味であるが、本プロジェクトの成果の一つとして、第8染色体のセントロメアの塩基配列の完全解明は、その生物学的意義から見て、高く評価されて良い。	
2. 実施目標の達成度	実施目標の達成度が優れている。	
	イネゲノムの解読に関しては順調であり、本プロジェクト終了までに全染色体の完全解読へ向けての努力を期待したい。	
	有用遺伝子の単離、実用化に向けた技術開発においても一定の成果を上げている。	
	プロジェクトの出口である、従来よりも有用な機能をもったイネの実用化に向っての具体的なロードマップが、必ずしも明確とは言えない。残り1年でどこまで明示できるのか、期待したい。	DNAマーカー育種による新品種開発では、既に実用化段階に到達したものがあ。一方、遺伝子組換え作物については、社会的受容性の確立等の課題もあるが、パブリック・アクセプタンス活動を並行して行うこと等により、実用化に向けた取組を強化して参りたい。
	最終的実現目標に書いてあることを目標とするなら、ゲノム解析やcDNAライブラリーなどは着実に目標に向かってはいるが、その他は、それが見えない。むしろこの辺で、現実にあった目標と実態を描いた方が良いのではないかと思う。	ゲノムと遺伝子情報に基づくDNAマーカー育種及び組換え体の作出・利用を進めることにより、プロジェクト全体の目標達成に向けて努力して参りたい。
3. 具体的改善点	イネゲノムプロジェクトで得られた情報は今後、実用化する面と学術的に世界での優位性を保つ面との両面で生かしていかなくてはならない。実用化面では、農業上重要な形質の遺伝的ネットワークを解明して、DNAマーカー育種を通じた新品種の育種を進めるとともに、形質の発現制御を最適化することで有用作物を開発する必要がある。学術面では、知的財産権を確保する点からも、理化学研究所と農林水産省関係研究所を中心とした植物科学の基礎的研究分野の連携を密にし、更なる遺伝子機能の解明等を行うことによって世界をリードする必要がある。	実用化面ではDNAマーカー育種と組換え体育種を車輪の両輪として進めて参りたい。また、理化学研究所、大学、農林水産省関連研究機関が連携して、植物科学分野での遺伝子機能解析研究を強化していきたい。
	個々の成果に基づく成果は上がっているが、プロジェクト全体として今後どの方向性で研究を推進するのか、また、そのための体制はどうするのか最終年度に十分検討し、方向性を出すことを期待する。	ミレニアム・プロジェクトの後継プロジェクトについては、関係者を結集して検討を進めているところであるが、全体の方向性の中で、個々の成果が最大限に生かせるよう努力したい。
	イネの改良という視点で、理化学研究所植物センターの基礎的な知見をどう関連づけ、活かすのか。その他の機関の成果などももっと積極的に活用することが必要と判断する。	ブラシノリド等植物ホルモンによる植物形態形成の研究、アラビドプシP450遺伝子欠損による穂芽抑制等、理化学研究所植物センターの知見をイネ科植物へ応用する研究等も進めているところである。今後、解析手法面等での連携を深めて参りたい。
	プロジェクトとしては、やはり、各研究の連動があり、ゲノム解析が新事業創出までどのようにつながっていくのか（安全性の確保、社会的受容性の確立まで含めて）が見えてくるような成果の出し方が必要ではないか。	遺伝子組換え食品等の安全性の確保に関しては、関係諸機関の連携をとりつつ進めて参りたい。また、遺伝子組換え作物の社会的受容性確立に向け、パブリック・アクセプタンス活動についても重点的に取り組んで参りたい。
	4. その他	植物の環境や生育を考慮したGM植物の研究は重要と考える。
動物の遺伝子導入は、効率の問題を検討するのは賛成であるが、全般的な面から見て最重要課題とは考えにくい。		導入する遺伝子の種類に関しては、応用面での実現可能性まで考慮しつつ優先順位を熟慮したい。
プロジェクトの成果を基に、生物学、農産学、食品への応用が同時に進んでいくことを期待する。		
植物は二次代謝系の宝庫でありながら、資金面でも動物に比べて手薄であり、今後重点化していく必要がある。		メタボローム解析が今後重要になることは認識している。人材面、資金面で他のプロジェクトとのバランスを考えつつ重点化を検討したい。

<p>ゲノム解析で世界をリードしたと同様に、ポストゲノムの研究も、フロントランナーとしての役割を果たして欲しい。しかし、何といても一般国民の立場から見た成果は従来よりも実感できるレベルで優れた性質を備えたコメの出現にあることを、これがプロジェクトのゴールであることを常に目指して進んで欲しい。</p>	<p>国民が直接的なメリットを実感できるコメの作出を目指して進めて参りたい。</p>
<p>イネゲノムの配列決定の仕事が順調ではあるが、cDNA解析はともかく、タンパクなどの解析プロジェクトなどは未完成のものが多く。また、インフォマティクスは、今までは他の研究機関からの協力を求めていたが、そろそろ人材をそろえて完全に自立すべきであろう。</p>	<p>自立した研究開発が進められるよう、植物でのインフォマティクス分野の人材確保に、より一層努力して参りたい。</p>
<p>例えば、有用遺伝子100個以上の単離、解明という目標がある。現在19個であるという差を見るに、最終段階に向けていつまでも当初にあげた数をあげているのは好ましくないし、そもそも100という数にどのような意味があるのか。むしろ、本当に有用な遺伝子を具体的にどう生かすかを明らかにする方がプロジェクトとしては納得できる。</p>	<p>遺伝子地図を用いた単離手法で19個ということで、重要形質、ミュータントパネル等で23個の遺伝子が単離されている。遺伝子解析の掘り下げ方、生かし方の検討に注意を払いたい。</p>
<p>ゲノムプロジェクトで得られる情報は、今後飛躍的に集積していくことが期待され、プロジェクトの終了とともに散逸する危険を防ぐため、国家的な集積・保存システムの構築が必要である。同時に遺伝子アノテーションに必要なスーパーコンピュータ等のハード面を確保することが国として必要。</p>	<p>平成16年12月に開催予定のアノテーションジャンボリーで得られるデータ等、計画的に集積・保存・管理を行い、ハード面の確保を行いつつ、今後のゲノム解析研究へ有効利用できるような努力して参りたい。</p>