

ミニウムゲノムプロジェクト/ プロジェクト前半の中間評価を踏まえた対応方針

| 事業名 | 評価報告書における指摘 (改善すべき点) | 評価を踏まえた対応方針 |
|-------------------------|---|--|
| ヒトゲノム多様性解析プロジェクト | | |
| ヒトゲノム多様性解析 | 3つのサブプロジェクトについて計画を順調に進行させ、計画以上の成果を上げている。今後いくつかの疾患関連遺伝子が見つかる可能性が高いので、そのための研究体制、その知的所有権などについて早急に整備すべきである。 | 今後、疾患遺伝子プロジェクトや理化学研究所遺伝子多型研究センターを中心に国内の産学研究組織と密接に連携をはかることによって疾患関連遺伝子研究を推進する。知的所有権に関しては各研究機関での特許対策が重要であると考える。 |
| | 疾患遺伝子の多様性解析も自ら進めるに至っており、全般的に十分な成果を挙げている。特に、心筋梗塞に関係のあるリノフォキシン遺伝子を見出し、ゲノムワイドSNPで疾患遺伝子を初めて見出した意義は極めて大きい。 | |
| | 日本人の標準ゲノム多型 (SNPs) の解明は、疾患遺伝子の解明にも、また日本人の起源を知る上でも不可欠であるが、検出手法の改変によるスピードアップで当初の目標以上の20万のSNPsを発見してデータ化し、アレル頻度等を明らかにしている。遺伝子領域をSNPs対象とした戦略が成功し、早く実用化に持っていくことができた。SNPsで初めての体系的解析の成功例が出てきてSNPs有用性が裏付けられた。SNPデータベースは、解析上重要なパラメータとなる頻度情報を含み、疾患遺伝子探索マーカーとして使用する際に有用な情報となっている。今後は、ハプロタイプ情報としてどれだけ発展させることができるかがキーとなる。 | 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に参加し、全体に25%という大きな分担をすることになっている。これは、これまでの成果を高く評価されたことが反映されたものと考える。今後はこの成果として得られる情報をもとに、より効率的に疾患関連遺伝子解析研究を推進していくように努めたい。 |
| | 我が国のSNPs検出技術の開発は、現時点においては世界的にみて最高速度、最高精度を達成していることは、米仏などの外部評価委員も認めているところであり、使用DNA量も非常に少量で費用も抑制されており、実用化目的を達成している。SNPを使用して新しい疾患関連遺伝子を同定し、Nature Geneticsに報告された。この手法による同定としては世界で初めてと考えられる。 | |
| | SNPsのデータは疾患遺伝子グループのプロジェクト進行にも寄与している。データの交流は当初に比べスムーズに進展し、全体にまとまって活動していることは評価できる。また、国立がんセンター研究所に対する技術移転を完了している。 | |
| | SNPs検出は全体として国際的にも貢献しており、今後も更に集中して行うべきである。ただし、現在までの成果は成果として、今後基盤的データがどんどん蓄積するなかで、1つでも2つでもできるところから疾患治療への足掛かりとなると判断できるような内容への発展を期待したい。 | |

| | | |
|--|--|--|
| | <p>疾患遺伝子の探索に関しては、SNPに基づくアプローチの実現性など不明確な点がある。SNPに基づくアプローチだけでは不十分で、生化学的研究と併行して実施する必要がある。本プロジェクトによるデータ開示の国際的なレベルでの位置付けと評価もより明確にすることが望ましい。</p> | <p>評価・助言会議において、心筋梗塞関連遺伝子を例に、SNP解析は第1段階であり分子生物学的解析によって疾患との関連を証明していくことが重要であると説明しており、この点には十分配慮している。また、SNPを利用した疾患関連遺伝子研究は世界の潮流であり、どの点をもって不明確であるのか理解できないので対応方針を示しようがない。さらに、本プロジェクトに関して、遺伝子領域のSNPの密度の高さ、データベースへのアクセス件数の多さ、国際ハプロタイプ計画へ多大な貢献をするに至った経緯などを例に国際的なレベルでの自己評価をおこなったはずである。本評価委員はこれらの点を誤解しているのではないか？</p> |
| | <p>cDNAプロジェクトは予定通り進捗し、有用な結果を得ている。本プロジェクトは世界的に見ても日本の優位性がある分野であり、今後権利確保に留意しながら推進することが必要。完全長cDNA構造解析については、約3万個という十分な数の構造解析を実施したが、PCRを使った方法は質的な面で懸念される。今後は、cDNAの機能解析に重点を置いて続</p> | <p>平成13年度で事業終了。</p> |

ミニウムゲノムプロジェクト/ プロジェクト前半の中間評価を踏まえた対応方針

| 事業名 | 評価報告書における指摘 (改善すべき点) | 評価を踏まえた対応方針 |
|--------------------|--|--|
| 疾患遺伝子プロジェクト | | |
| プロジェクト全体 | <p>最初1年余りは成果が少なかったが、リーダーの統括の下に研究体制が整備され、遺伝子探索の基盤的データが整いつつあり、最近漸く軌道に乗ってきている。但しサブチーム間でのばらつきがあり、進行しているサブチームの体制を考慮して進展させる必要がある。</p> <p>特に、がんサブチームに関しては順調と思われ、今後が期待できる。</p> | <p>実施会議議長の御指導、御協力もいただき、随時開催しているサブチームリーダー会合等を通して、各疾患の特質を良く把握しながら、遺伝子チーム全体としてさらなる成果を生み出せるよう引き続き努める。</p> |
| | <p>糖尿病、高血圧及び喘息のサブチームに関しては、疾患の性質から患者の選択に手間取り、研究の開始が遅れたこともあると思うが、スタートに時間がかかり、研究の基盤が整備されたところと思われる。成果は今後徐々に出てくると思われるが、病院等現場とよく関係を構築して、前向きに進展を図ってほしい。これらの疾患は国民にとって重要なものであり、関心も高いので、大いに期待されていることを認識して強力に研究推進を進め、2次スクリーニングで結論を得てほしい。必要であれば、更に多くの施設を組み入れて、総合的に研究すべき。</p> | <p>サブチーム組織の拡充について、積極的に検討を進める。</p> |
| | <p>国立がんセンター研究所のSNP解析準備も整い、引き続き理研の協力を得ることも可能と考えられるので、日本が世界に先駆けて準備した遺伝子領域SNPを利用し、系統的に各疾患の解析を進めるべきである。</p> | <p>御指摘の通り、理研等との連携を維持して、現在順調にタイピングが進行中の疾患の解析を予定通り推進する。また、今後さらにハプロタイプブロックの情報を追加する等により、JSNPを核にした疾患遺伝子探索法は引き続き強化される。適切な対象疾患を選択、収集する体制を整備して、系統的な疾患解析を展開する研究にも着手したい。</p> |
| | <p>疾患が多岐に渡っているが、ヒトゲノム多様性解析プロジェクトと全く同じ方法で情報を交換しつつ1次スクリーニングを始め、医療情報、材料の質の確保、倫理的問題も殆ど解決した。方法論を確立し、計画通り2次スクリーニングを終えられると思われる。</p> | |
| | <p>成果はまだこれからというプロジェクトが多く先行している「ヒトゲノム多様性解析プロジェクト」とのよ、緊密な連携が必要である。科学研究費補助金や未来開拓学術研究推進事業における研究との協調は、診断や症状の分類等にも有意に働くと思われるので、十分な協力体制で一層進めるべきである。基礎データが整いつつありその成果が一般に使われるための公表の体制を早急に確立することが望まれる。</p> | <p>疾患遺伝子チームとしては、JSNPによるゲノムスキャンを中心に、引き続き「ヒトゲノム多様性解析プロジェクト」との緊密な連携を維持していく。科研費補助金や未来開拓事業については、主としてサブチーム毎、研究毎に具体的な有機的な連携を進めていく。国立がんセンターに設置することになっている疾患データベース構築を急ぎ、個人情報保護に十分な配慮しつつ、基礎データ公表の体制を整備する。</p> |
| | <p>また、生活習慣病などの多因子疾患では、個々の遺伝子によるオッズ比が低いことが予想されるため、SNPベースでの全ゲノムアプローチでは検出力が根本的に不足する場合もあり、そのあたりどこまで研究が可能か明確にすべき。</p> | <p>検出力のシミュレーションを行い、現在進行中のデザインでオッズ比1.7のSNPの約半数が検出できる計算である。実際に、JSNPを用いた同様の多段階スクリーニングデザインで2002年11月に理研を中心とするグループからオッズ比1.78の心筋梗塞関連遺伝子が報告されており、手法としての根本的な検出力の不足は無いと考えている。しかし、実際にこの水準のオッズ比のSNPが、選択した疾患群中に存在するかどうかは、疾患毎に異なる可能性がある。</p> |

| | | |
|----------|---|---|
| | <p>今後は、疾患遺伝子の探索をどう治療法の開発につなげるかに焦点を絞って進めることがプロジェクト後半の一つのポイントとなる。遺伝子間の相互関係の問題をどのように解決するかなど次を見据えた計画も必要である。</p> <p>各グループ間の方法論の差が依然として見られるが、その科学的理由が必ずしも明らかでない。薬剤反応性グループを除いて、ある時点で最も効率的な方法に統一すべきではないか。各サブチームは診断基準をより正確に統一し、従来のマイクロサテライト等での分析データの整理につとめ、SNP検索に生かすべきである。</p> <p>この研究は研究成果が上がっても実用段階で社会的認知がなければ遺伝子診断が不可能であることを考慮して、その面の実行可能な施策を考える必要がある。</p> | <p>御指摘の通りで、遺伝子間の相互作用については、現在は主として特定の分子・分子経路の解析を深く掘り下げる個別研究として推進されているが、遺伝統計学、バイオインフォマティクスによる分子経路解析、ゲノム・プロテオミクス技術による高速大量機能解析等を組み合わせた、より網羅的な解析の基盤的研究にも着手する。</p> <p>疾患の多様性から候補遺伝子アプローチ、ゲノム網羅的アプローチ、発現解析、遺伝子構造解析などの異なる方法論を組み合わせることで総合的に疾患の解明とオーダーメイド医療・創薬への展開を図っている。ゲノムスキャンにおけるマーカーとして、マイクロサテライトとSNPが混在している点については、どちらの手法も技術革新が続いており疾患遺伝子探索において相補的な効果も期待できると考えている。</p> <p>御指摘の通りで、様々なメディア機会を通して研究者から国民への正確でわかりやすいゲノム研究に関する情報発信を積極的に進めていく。加えて、遺伝情報に基づく不当な差別を禁ずるための法的整備についても是非、行政側に検討をお願いしたい。</p> |
| 痴呆」サブチーム | <p>ゲノムワイドの研究は軌道に乗っており、今後積極的に進めるべきである。</p> <p>サンプル数がまだ少なく(特に発現解析)、まだ十分なデータが出てないと思われ、他と比べてやや進捗が遅れが見られる。国際的なレベルで考えると、特徴のある研究の進め方も考える必要がある。</p> <p>発見された関連遺伝子の数が意味すること、今後発見される関連遺伝子について、研究の方向性が必ずしもはっきりしない。また、候補遺伝子の研究に関しては、関連が見られなかった場合でもどれだけ網羅的に行われたか等の十分なデータの裏付けを提示し、信頼できる結論を出すような努力が必要である。疾患との相関があるとされるFe65L2について示されたデータからは、統計上の関係以上の疾患との関連を見出しがたい。</p> <p>今後の研究のスピードアップが望まれるが、痴呆の遺伝子レベルの研究は世界中で行われており、方法論に特徴がなければ世界に先駆けて成果を上げることは難しいであろう。候補遺伝子アプローチには限界があり、SNPsとマイクロサテライトの力を入れるべきである。発現解析からの分析は興味深く、この点に集中して研究するの一案であるが、脳の部位を慎重に選ぶべきである。マイクロサテライトを使用して本当にうまくスクリーニングができるかどうか、ゲノムワイドのスキャンから絞っていくことまで考えて、十分計画を練ってほしい。発現のスクリーニング、それに伴う候補の検索も十分に議論のうえ進めてほしい。</p> <p>バイオインフォマティクスの研究と協力して有用な研究成果を上げてほしい。</p> | <p>脳での発現解析も平行して推進することとしている。</p> <p>コメントの主旨は了解した。</p> <p>候補遺伝子のアプローチは、当初は必要であったが、ほぼその方向は終了したと考えている。コメントのようにゲノムワイドスキャン及び発現解析を推進することとしている。</p> <p>コメントに沿うようにしたい。</p> |
| がん」サブチーム | <p>いくつかの興味深い候補遺伝子が発見されており、順調に成果を上げている。</p> | |

| | | | |
|-----------|--|---|--|
| | | <p>対象とするがんの種類も多く全体として研究が多岐にわたっているなかで、がんの種類毎に方針、手法がバラバラという印象を受ける。SNPs、候補遺伝子、ファーマコゲノミクスの研究のいずれも具体的な成果には至っていない。今後、治療に向かう具体的なステップのロードマップを描くよう進捗しているところから焦点を絞っていく必要がある。</p> <p>がんにおける遺伝子発現と予防や治療効果との関係についてもっと力を入れるべきである。</p> <p>ファーマコゲノミクスは今後のがん研究で極めて重要であり、強力に進めるべきである。食道がんの治療戦略の成果や、プロトセプトによる症例分類は、有効性が期待される。</p> <p>がんは、今まで100を越す関連遺伝子が見つかった中で、また見つかるべき遺伝子は多いと思われるが、どうしても個々のがん特有な関連遺伝子の探索になるのはやむを得ない。当然色々の遺伝子変異が見つかるであろうが、どれが最も重要なものを明確に示す必要がある。ただ、現在の世界の情勢は、既に見つけられた遺伝子の情報をもとに、どのように創薬に結びつけるかという段階に入ってきており、この点では本研究は必ずしも十分とはいえない。</p> <p>SNPs研究との連携はすごく重要。ヒトゲノム多様性解析チームとの連携が図られ、今後急速にデータが出てくることが予想されるため、発現の解析も含めて個人情報の保護など倫理的問題への対応を常に厳格に行うべき。</p> | <p>肺がんの易罹患性に関わる候補遺伝子のSNPsについては論文を投稿し、審査中である。ファーマコゲノミクス領域のSNP解析についても薬剤反応性サブチームと共同で報告をしたが、引き続き症例登録に努めている。また、主として予防に関わるSNPに対して、がんの治療という点では「がんの個性」(発現プロファイル、がんゲノムの構造異常)の解析が重要なので、御指摘に従い、この領域の研究を引き続き強化していく。</p> <p>がん組織における遺伝子発現や構造異常の網羅的検索が、治療効果や三次予防(再発の早期発見)において重要であり、抗がん剤等の臨床治験(治療研究)との連携プロジェクトの追加を検討する。</p> <p>ファーマコゲノミクス研究に必須の臨床研究支援体制の整備・拡充にさらに注力する。</p> <p>御指摘の通り、がん研究においては、遺伝子変異が検出された段階で、その意義を(1)変異の頻度など統計学的意味づけ、(2)機能解析に基づくがんの発生・進展との関係づけ、等を通して評価していく事が必須であり、今後ともこの原則に従って研究を進める。また、当プロジェクトでは、大量高速塩基配列解析・多型タイピング、マイクロアレイによる発現プロファイリングなど、ゲノム解析技術によるスクリーニング技術に基づくがん関連遺伝子・薬剤反応性関連遺伝子の「発見」に重点をおいて進めてきており、既知の個別のがん関連遺伝子産物及びその分子経路を標的に具体的な創薬を推進する研究は企画していなかった。プロジェクト後半の課題としての対応の可能性について検討する。</p> <p>引き続き「ヒトゲノム・遺伝子解析研究に関する倫理指針」を厳格に遵守し、研究とその成果の公表を進める。</p> |
| 糖尿病」サブチーム | | <p>本チームでも興味深い候補遺伝子が発見されており、さらに研究を継続すべき。候補遺伝子とSNPsとの関与も見つかっている(アポネクチン遺伝子、UCP-1等)。</p> <p>候補遺伝子は、成果が上がっているものの、決定的な成果には至っておらず、遺伝子を増やして判断すべきであり、SNPとマイクロサテライトの発展に期待する。</p> <p>人種的にも様々なタイプがあるが、患者の分類方法など工夫すべき点があるのではないかと、既知の遺伝情報をもとに、患者の更なる分類は出来ないかと、またそれに基づいた更なるマーカーの評価は可能にならないかと検討すべき。また、10年後20年後の発病の解析も必要と考えられるので、その点をどうするかも考えるべきである。</p> <p>今後は候補遺伝子から候補ゲノム領域の検索へステップアップすべきであり、2次スクリーニングを含め、DNA量等を十分に検討の上、よき計画を進めてほしい。</p> | <p>遺伝情報と臨床情報を高度に統合した知的データベースを構築し、データマイニングなどにより両者の関係を詳細に解析する予定である。これにより、遺伝情報による分類が可能となることを期待される。10年後20年後の発病の解析は必要であり、そのためにはコホートを用いた前向き研究が適当と考えられる。</p> <p>今後は候補ゲノム領域の検索を中心に行う予定である。</p> |

| | | |
|---------------------|--|--|
| <p>「高血圧」サブチーム</p> | <p>高血圧発症には、環境因子に比べ遺伝因子の影響する割合が少なく解析は困難であると思いが、全体的に他の研究と比べるとやや遅れ気味。</p> <p>個別研究については、独自研究の要素が強くなり多岐にわたっているため、組織としての統括が行われる必要がある。今後焦点を絞るべきで、例えば、発現解析には限界があるのではないかと、病態に多様性があるため、患者群をグループングするような解析手法が必要と思われる。</p> <p>共同研究については、SNPsの2次スクリーニング力を入れるべき。環境因子の遺伝因子への影響や相互作用は関心があるが、進め方が、まひとつ分かりにくい。</p> <p>重要な分野だが成果は未だあまり見られず、組織がプロジェクトとして一体化されていない傾向があるのではないかと、網羅的な研究はこれからであるが、他のサブチームのプロジェクトを参考にして強いリーダーシップの下にプロジェクトを遂行する必要がある。</p> <p>患者を中心とした解析は、多施設で行ってこそ意味があるため、更に対象となる施設を増やすことが望ましい。</p> | <p>遺伝子タイピング技術は、正確で高速で安価になると予想されるため、これまでは表現型の整ったサンプルの収集に全力をあげていた。成果発表は遅れているが、重要な研究成果は、一年以内に期待できると考えている。</p> <p>高血圧の病因は、御指摘のように多様性があるため、あらゆるサブグループを各施設に特異性をもたせて収集し研究を進めている。JSNPやマイクロサテライト多型で陽性となった遺伝子については、強い影響を持つものであるため、サブグループ(女性群、若年発症群、塩分感受性群など)での再検討を行う予定である。</p> <p>多因子病の病因因子の検出方法は適当な方法がなく、遺伝因子の影響の少ない高血圧の解析方法は、欧米の研究グループでも試行錯誤中である。環境と遺伝、遺伝と遺伝の相互作用を考えるのは一つの解析法と考えている。</p> <p>御指摘のように、強いリーダーシップを発揮するように努力する。これまでに、高血圧チームの会合は12回開催しているが、情報交換、共同研究をさらに積極的に進める予定である。</p> <p>患者一健康者研究、地域・職域集団については、共同研究施設を拡大し、多くの集団で解析し、陽性の結果を再確認できるような体制を組んで行く。</p> |
| <p>「喘息」サブチーム</p> | <p>マイクロサテライトによるアプローチは、それなりに疾患と関連がある結果を得ている。他方、SNPによるアプローチの進捗は報告の中には示されなかったが、恐らくあまり進んでいないと思われる。</p> <p>末梢血での発現と疾患との関係についても少し突っ込んだ検討が必要。</p> <p>喘息遺伝子の研究は激しい国際競争下であり、外国に先を越される可能性が高いため、何らかの新機軸が必要。ゲノム全域での連鎖解析が最もよく行われているため、本チームにおいてもゲノムワイドの研究を一層進めるべきである。</p> <p>発現解析でどこまで意味のあるデータが得られるか疑問であり、SNPs解析が期待される。</p> <p>網羅的研究と個別研究がよく組織化されている。免疫細胞の特異性も含まれており期待できる。異なったプロジェクト間でも情報交換を行い、異なったアプローチをもつことは非常に有益なので、是非進めるべき。教科書を書き換えるような成果を期待している。</p> | <p>SNP解析による成果に関してはデータは出そろっているため、来年度は論文等で目に見える成果が出るように努力したい。</p> <p>患者由来末梢血発現解析は、SNP解析等のための一次スクリーニングとして考えている。また、タンパク質機能解析検討も必須であると考えている。</p> <p>詳細な臨床情報と対応させゲノムワイドなスクリーニングを実施している。このことより喘息をサブタイプに分類しなおして検討することができると期待される。</p> <p>患者由来末梢血発現解析は、SNP解析等のための一次スクリーニングとして考えている。</p> <p>最後の2年間で、目に見える成果を出し、期待に応えたいと考えている。</p> |
| <p>「薬剤反応性」サブチーム</p> | <p>興味深い候補遺伝子が得られつつある。薬剤反応性に関する遺伝子の同定とSNPsの研究は、まさにテーラーメード医療の原点となる研究であり、人種差も予想されるので、日本人のSNPsの検索が進んでいることを踏まえて、良い協力関係で進展を図ってほしい。</p> | <p>日本人の薬剤反応性に関する遺伝子の同定とSNPsの研究を、一層進め、テーラーメード投薬の基盤となる情報をさらに蓄積していきたい。</p> |

| | |
|--|--|
| <p>包括的なデータは極めて重要であるが、今までのところ成果がやや期待はずれであり、より強力なグループを組む必要がある。サンプル数(被験者数)が少ないため、十分な結果が出せるか疑問。</p> | <p>臨床検体の収集の開始が時期的に遅れたが、サンプル数は、現在順調に増え続けており、相関解析に十分な検体数を収集できると考えている。研究推進体制に関しては、関連省庁と協議の上、強化したい。</p> |
| <p>候補遺伝子のSNPsは進展しているが、得られた多型が臨床への応用に対して信頼度をもって提示できるかはなお不明であり、多型データの臨床応用へ向けた検討が十分なされる時期に来ている。薬物代謝酵素などの遺伝子多型の基本的な分類を十分にすべきであり、それによって多型データの使用価値が上がると思われる。</p> | <p>臨床検体の収集が順調に進んでおり、臨床応用に向け、遺伝子多型と臨床情報との相関の検討例を増やしている。遺伝子多型の分類(ハプロタイプ分類)は、さらに継続して利用価値のあるものとしていく。</p> |
| <p>候補遺伝子アプローチが有用な分野と考えられるが、ゲノムワイドのアプローチも必要と思われる。研究グループを再編し、SNPsを中心にゲノムワイドアプローチとともに、PK、PDとの関係に集中することも考えるべきであろう。</p> | <p>候補遺伝子の情報が少ない薬剤については、ゲノムワイドアプローチも必要と考え、薬剤反応性に関与する遺伝子の同定を行う予定である。候補遺伝子の遺伝子多型によって個人差の十分な説明ができない場合にも、ゲノムワイドアプローチによる検討を開始する予定である。</p> |
| <p>特定遺伝子を同定することはよいが、よりプラクティカルな方法として、多くの遺伝子のexpression patternから推定する方法はないのか。</p> | <p>薬剤の標的部位及び主要代謝部位などの組織検体を投薬患者より得ることは、末梢血白血球を除いて、非常に困難であり、血漿等のタンパク及び代謝物等の網羅的解析による情報を併用する方法がより実用的と考えて、検討を開始している。なお、抗癌剤に関しては、「がん」のサブチームで発現解析を担当している。</p> |

ミニウムゲムプロジェクト/プロジェクト前半の中間評価を踏まえた対応方針

| 事業名 | 評価報告書における指摘(改善すべき点) | 評価を踏まえた対応方針 |
|---------------------------|--|--|
| バイオインフォマティクスプロジェクト | | |
| プロジェクト全体 | <p>一般的に独創的な思考方法で良い成果を上げており、技術開発として見るべきものも出始めている。今後も国際的な競争を視野に入れて展開すべき。</p> | <p>昨年12月、小泉総理の下で取りまとめられた「バイオテクノロジー戦略大綱」においてもバイオインフォマティクスの競争力強化等が重要だと指摘されており、今後とも、国際競争力強化を視野に入れ、積極的に技術開発を進めるとともに、研究成果の実用化を進めていくこととした。</p> |
| | <p>前回の評価・助言を受けて、全体の情報交換や具体的ゲムプロジェクトとの連動などについてはそれを生かし統合されており、特にcDNAやSNPsの統合データベースの構築がイネゲムプロジェクトへのサポートとなっている。</p> | <p>既に「統合データベース」の成果を疾患ゲムグループにおける「疾患データベース」に活用するべく情報交換の推進や成果の提供を進めていることなど、引き続き効果的なプロジェクト間の連携を図ってきたい。</p> <p>また、バイオインフォマティクスの各プロジェクトリーダーとはメール等での意見交換により連携を図っているが、引き続き密接な連携に努めたい。</p> |
| | <p>現在のcDNAの質にばらつきがあり、必ずしも満足とはいえない。</p> | <p>cDNAの質的な面については、個々のクローンごとに、H-invitational等でゲム情報等を駆使しその質を検討中である。cDNAの質的な面に問題がある可能性に留意しつつ機能解析を進めていきたい。</p> |
| | <p>データベースの拡大の一方で、新しいソフトウェアの開発も検討対象にすべき。例えば3種以上の遺伝子の相互作用を近似的にでも解明するソフトウェアの開発への挑戦など。データベースは国際化し全世界の共通財産になるので、その中から新しい意味を抽出できる能力が国際競争の上で今後益々重要になると考えられる。国際標準化への提言も視野に入れて今後さらに集中して展開すべき。</p> | <p>タンパク質の立体構造予測や分子動力学シミュレーションソフト等優れたソフトウェアを開発してきているが、今後更に有用なソフトウェアの開発に取り組みたい。また、開発したソフトについては特許の取得や事業化への展開を進めていきたい。</p> <p>激しい国際競争の中で、アノテーション等により独自の特徴あるデータベースをいかに構築するかが鍵となると考えられるが、統合データベースはH-Invitationalで行われたヒトcDNAのアノテーション情報を持つなど、そういった特徴あるデータベースの一つになろうとしていると考える。</p> <p>標準化については、4省共管の社団法人バイオ産業情報化コンソーシアムにおいて、省間横断的な標準化委員会を設置し、DDBJ等とともにバイオインフォマティクス全体の標準化の議論及びSNPsを対象とした標準化に向けた取り組みを行っており、2003年3月に、データの表現形式をXML化する標準案PML(Polymorphism Markup Language)を国際標準化団体であるOMG(The Object Management Group)に提案する予定。</p> <p>以上を踏まえ、データベース事業については引き続き集中して展開していきたい。</p> |
| | <p>技術的に新しい分野であるため、生物サイドの研究と密に融合させるかという視点で常にアプリケーションを見直すことが必要。</p> | <p>産業技術総合研究所とバイオ産業情報化コンソーシアム(JBIC)が共同で設立した生物情報解析研究センター(JBIRC)において、バイオインフォマティクスと生物サイドの融合による研究を既に展開してきているところであり、今後とも双方の視点を踏まえて、アプリケーションの開発を進めていきたい。</p> <p>その他、遺伝研、理研、東大・医科研、国立ガンセンターなどにおいても、生物サイドや実験サイドとの連携を深めている。</p> |
| | | |

| | | |
|-----------------|--|--|
| | <p>研究の裾野を広げることも課題であり、特に異分野の研究者を引き込む仕組み作りをどうするか検討すべき。新人の教育と発掘を進めてほしい。</p> | <p>大学等に関しては、科学技術振興事業団「バイオインフォマティクス推進センターや科学技術振興調整費「振興分野人材育成」において本プロジェクトとの十分な連携の下、必要な施策が進められている。さらに、科学研究費の特定研究などにおいても、異分野研究者がバイオインフォマティクスの分野に参入しやすい研究計画を実施しているところである。</p> <p>産業界に関しては、JBIC及びJBIRCにおいてバイオインフォマティクス人材養成のための講義やトレーニングを実施してきた。さらには、経済産業省の平成14年度補正予算「バイオ人材育成システム開発事業」において、幅広い分野の視点とともに異分野の研究者の参入を加速させることも考慮して、バイオインフォマティクス人材の育成に取り組むこととしている。</p> |
| | <p>遺伝子資源データベースは、他省庁との連携を一層推進すべき。</p> | <p>現在、生物遺伝資源委員会の各生物種の小委員会に他省庁からのバイオリソース担当者を委員又はオブザーバーとして参加いただき、それをデータベースに反映しているところであるが、今後さらなる連携について検討しているところである。</p> |
| | <p>ミトコンドリアや老年病多型は、それほど成果が上がっていないのではないか。</p> | <p>ミトコンドリアについては、576人(96人×6群)の塩基配列決定を行い、ヒトミトコンドリアゲノム多型に関する世界最大のデータベースを構築している。最近の研究成果としては、認知能(男性についてのみ)に関連する2種の多型(mtSNP)、肥満に関連する2種のmtSNP、やせ形に関連する1種のmtSNP、糖尿病感受性に関連する1種のmtSNP、糖尿病抵抗性に関連する1種のmtSNP、パーキンソン病発症の危険因子となる1種のmtSNPを同定した。老年病多型では、東京都老人医療センター(解剖実績全国2位)における連続剖検1,074体の詳細な病理データ(約800項目)をもとに、信頼度の高い臨床診断・病理所見とSNPとの関係について日本最大のデータベースを構築している。最近の研究成果としては、パーキンソン病とパラオキソネース1遺伝子(PON1)の転写調節領域にあるSNPとの関連を明らかにするとともに、心重量に対する高血圧およびアンギオテンシン変換酵素遺伝子多型の影響を検討し、この多型の関与は高血圧および機械的刺激のもとで二次的に起こることを示した。また、平成15年度よりデータベースを公開する予定としており、成果は着実に上がっていると認識している。</p> |
| <p>統合データベース</p> | <p>新しい分野であるバイオインフォマティクスの研究が、我が国でcDNAやSNPs等を含めた統合データベースの作成、H-invitationalの開催などかなり大きな成果を上げたと考え、expressionやSNPマッピング等、日本の特徴あるcDNAを中心にアナーションを主催しているのは時期的にも良く、国際的なイニシアティブを握れている。</p> | <p>我が国が強みを持つヒトcDNAやSNP情報を生かして、基礎研究はもちろんのこと、応用研究や産業用に高度に活用できる効果的なデータベースを構築しつつあり、これまでの成果は2002年よりJBICホームページ上で公開している(http://jbic1.jbic.or.jp/ec3/index.html)。なお、H-invitationalの成果は広く公開される予定である。</p> <p>平成15年には疾患データベースグループの協力も得てH-Invitationalの疾</p> |

| | | |
|-------------------------|--|--|
| タンパク質機能解析 | 概ね順調に進行していると考えられる。cDNAを用いたタンパク質の構造と機能解析は、我が国が世界をリードすべき得意分野と考えられ、積極的に進めるべきである。 | 我が国の強みであるヒト完全長cDNAにコードされるタンパク質の大量発現、発現頻度解析及び相互作用解析等を行い、これらの解析による大量のデータから有用情報を抽出すべくバイオインフォマティクス技術を駆使している。これまでに、大量発現条件の検討、ハイスループットの発現頻度解析、相互作用解析技術の開発等を行い、一定の成果をあげてきている。今後とも、積極的に研究を行い、我が国の強みであるヒト完全長cDNAの活用を推進し、産業化へつなげていきたい。 |
| | 全体として研究のプロジェクトが多様で、個々の進捗状況の質が評価し難い。プロジェクト全体でどのような戦略をもって機能解明にあたるのか見えづらい。 | 上記のように、約3万のヒト完全長cDNAの配列情報をもとにタンパク質の機能解析による有用情報の獲得、それを受けた特許取得を進めることにより産業化を促進する戦略で取り組んでいる。 タンパク質の大量発現系の構築、検出効率の高い発現頻度解析、ハイスループットな相互作用解析等、我が国が強みを有する技術開発を進めている。得られた成果については統合データベースを通じて提供し、研究・産業の発展につなげていきたい。 |
| | 対象タンパク質を絞って深耕する方法が望ましい。 | 上記のような網羅的な解析による情報の取得に加えて、その過程で興味深い挙動等を示すタンパク質を得た場合には、各プロジェクト間の連携を図り、深耕した機能解析を重点的に進めることとしている。 |
| KEGG (生命システム情報統合データベース) | 個々のツールとしては独創的であり改良途上のももあるが良くてきている。 | |
| | 成果はまだこれからであるが、グループの育成は重要である。 | バイオインフォマティクス人材養成プログラムを実施し、より多くの若手研究者をKEGGプロジェクトに参加させる。 |
| | ネットワークデータの信頼性はあるか、その生命体としての検証はどうかを明らかにすべき。 | 以下の3つの方策をとることを考えている。1つ目は個々の専門分野の研究者コミュニティと連携し、その知識を集約してデータの信頼性の向上を図る。2つ目は下記のような「レシピ」を整備して、実験での検証を行うことができるようにする。3つ目は代謝ネットワークに限定されるが、遺伝子・タンパク質のネットワークと化合物・化学反応のネットワークの整合性を検証する情報技術を開発する。 |
| | 実際の研究者(バイオインフォマティクスの専門家以外)が、ツールやデータベース群をどのように組み合わせて研究を進めるかという道筋が見えにくい。研究の流れの中でそういったツール類をどう活用するかという「レシピ」を整備していくことが必要。 | KEGGは幅広い研究のための基盤的なデータベースとして位置づけていたので、「レシピ」整備は積極的には行っていなかった。今後は、他の研究グループや民間企業等と連携して、個々の研究目的に対応したレシピを整備する。同時にSOAPサーバー等の運用により、KEGGを他のアプリケーションプログラムに容易に組み込めるようにする。 |
| | 代謝(パスウェイ)は既にかなり国際標準化しており、今後は遺伝子・タンパク質と化合物・化学反応の国際標準化を狙うべき。 | 遺伝子・タンパク質についてはKO (KEGG Orthology) という機能分類体系を、化合物・化学反応についてもEC番号に変わるRO (Reaction Ontology) という新しい分類体系を作成中であり、本プロジェクト終了までに国際標準化を目指す。 |
| | 「バイオインフォマティクス技術の開発」グループと研究協力をするのが望ましい。 | 上記「レシピ」整備の観点からも、研究協力を開始したい。 |

| | | |
|--------------------------|--|---|
| <p>バイオインフォマティクス技術の開発</p> | <p>開発研究は順調に進んでおり、地味だが着実な成果を上げているが、直接生物学研究に貢献する成果は現時点ではまだ少ないように思われる。シミュレーションは夢があり興味深いが、どれくらい生物学的価値があるのかは疑問。</p> | <p>生化学文献データベース (PubMed) からのタンパク質間相互作用情報抽出及び分子動力学シミュレーションと表面プラズモン共鳴解析によるタンパク質結合解析に関してはそれぞれ有名ジャーナル誌への採録がこのほど決まった。徐々にではあるが、実際に生物学に貢献できるバイオインフォマティクス技術が結実しつつある。細胞シミュレーションに関しては、実際の生命現象とのギャップが大きく解決すべき問題は多々残されているが、生命理解のためには不可欠な技術と認識しており、今度ともチャレンジしてゆきたいと考えている。</p> |
| | <p>目標をもっと明確化し、特に最終の成果の姿をはっきりイメージする必要がある。</p> | <p>研究プロジェクトの最終目標としては、ゲノム情報とフェノーム情報を結び、バイオインフォマティクス技術の開発を掲げている。このために、異種データベース群の情報統合技術と生命現象のダイナミクスを解析するためのシミュレーション技術に注力している。これまでは個別技術の育成に注力してきたが、今後は、各研究間の連携を深め、研究の方向性を揃えてゆきたいと考えている。</p> |
| | <p>最終的には統合されるものではあるが、現時点では各種のシステムが独自に研究されているという印象を受ける。「KEGG」グループ等と連携をとり、グループでの討議を進めるべき。</p> | <p>開発された個々のバイオインフォマティクス技術は最終的にはバイオインフォマティクスプログラミング環境として統合化することを考えている。このための仕組みとしてオープンバイオインフォマティクスグリッド (OBIGrid) の開発を進めている。グリッド技術を用いれば、理化学研究所ゲノム科学総合研究センターだけでなく、「KEGG」グループを始めとして国内外のバイオインフォマティクス拠点を接続し、データベース、アプリケーションを共有できる環境を構築することが可能となる。すでに、DDBJおよび北陸先端科学技術大学院大学との共同でXML、DDBJのグリッドサービス環境を試験構築した。統合バイオインフォマティクス環境の実現に向けてグリッド環境構築をさらに推進したいと考えている。</p> |
| <p>生体高分子構造情報利用技術開発</p> | <p>タンパク質の構造解析に膜タンパク質を選んだ点の一つの戦略であり、例えば化学物質 (医薬等) との結合や情報伝達の解析上極めて有用。レセプターなど薬物形状のターゲットとしても重要である。</p> | <p>本プロジェクトは、生体高分子のうちでも、産業活用上有益であるものの構造解析が困難な膜タンパク質にターゲットを絞り、高精度・高効率な構造解析技術を開発してきたもの。本年度で事業を終了する予定であるが、これまでの研究成果を受け、ハイスループットで精度の高い構造解析技術を駆使して、実際に膜タンパク質の構造解析を促進するために、平成14年度より「生体高分子立体構造情報解析」事業を推進。</p> |

| | |
|--|---|
| <p>バイオインフォマティクスという分野ではシミュレーション等の技術に重点を置くべきである。</p> | <p>本プロジェクトは、電子顕微鏡、X線、核磁気共鳴法(NMR)を用いて、従来と比べて高精度・高効率に、膜タンパク質等の構造や相互作用を解析する手法の開発を推進している。これは、シミュレーションを構造の基礎データなしに行うことは困難であると考えられること、また、創薬の重要な対象であるがこれまで解析が困難であった膜蛋白質の構造研究を推進することは、バイオインフォマティクスの推進には不可欠であると考えられるためである。</p> <p>得られたデータを用いた高精度モデリングやシミュレーションを可能にするため、バイオインフォマティクス分野の研究について、構造解析手法の開発と並んで重点をおいて進めてきた。この結果、水溶液中での膜タンパク質等の挙動をシミュレートするソフトウェアを開発し、平成15年度から事業ベースでの提供を開始する予定である。新たな「生体高分子立体構造情報解析」事業においても、これら高精度モデリング技術やシミュレーション等の技</p> |
| <p>日本の特徴をよく生かしたプロジェクトとなっており、そのために着実な成果が上がっているが、今後はゲノムとの関連をつけていく方向に展開する必要があるように思う</p> | <p>本プロジェクトの構造ゲノムサブチーム内に、膜タンパク質等の機能及び構造間の相関関係を解析する研究テーマを設定し、タンパク質の機能に着目してそのタンパク質と相互作用するタンパク質の構造解析を行うなど、構造と機能ゲノム相関に関する研究を進めている。</p> <p>また、タンパク質機能解析で機能解明が行われた興味深いタンパク質については、特許申請した後、構造解析を連携して行うことを想定しているところである。</p> |
| <p>計測技術そのものをインフォマティクスによって高度化する視点があってもよいのではないか。</p> | <p>電子顕微鏡については第4世代において既に、ボタンを押すだけで自動的に凍結試料を挿入・取り出しができるシステムに加えバックグラウンドノイズを除去フィルターや高分解能の情報を減衰することなく収集できる電子銃を備えることに成功。今後、第5世代においては、CCDカメラを組み込んだシステムを開発し、電顕像をコンピュータへ直接デジタル入力しハイスループット解析を可能とすることにより、インフォマティクスに対応できるシステムとしたい。さらに、ニューラルネットワークを活用した単粒子解析法の一層の改善による高速化を進めていきたい。NMRにおける相互作用解析においても、インフォマティクスによる高度な測定手法を開発していくこととしたい。</p> |
| <p>本研究の国際レベルでの位置付けはどうかを明らかにすべき。</p> | <p>電子線を用いた膜蛋白質の原子モデルを作製できる分解能での解析は4種類の膜蛋白質について行われているが、すべて本プロジェクトで開発しているタイプの電子顕微鏡を用いて行われている。さらに分解能についても、電子線を用いた解析では世界最高の2.5 分解能での解析を可能にした。NMRではイオンチャネル阻害ペプチドの立体構造を決定。構造モデリング及び相互作用を解析するシミュレーションでは膜タンパク質等の動的な立体構造変化を考慮したシステムを開発するなど、世界的に見て高い技術を有している。</p> |

| | | |
|--------------------------|--|--|
| <p>バイオコンピューティングの研究開発</p> | <p>技術レベルは高く立体構造予測はかなり進んでおり興味深い。これまではデータベース作成が主であったが、タンパク研究のための基盤技術開発へと進んでおりそれぞれすばらしい成果を上げているが、相互に関連させていく必要がある。</p> <p>ヒトゲノム上網羅的にGPCR遺伝子の配列探索を進めているが、この方向は今後とも推進すべきである。どのくらい確かさで検出されるのか。検出確率を更に向上させるための工夫、そして他遺伝子への横展開を期待したい。</p> <p>後半の課題として挙げられている、アプリケーションの充実、開発された技術が医学生物学の研究に貢献できるかのキーとなるので、しっかりした戦略を持って臨む必要がある。</p> | <p>立体構造予測および機能解析の研究を今後も強化して国際的な競争力を確保したい。また御指摘のように、それらの基盤的なコンピューティング技術を活かして、現状のデータベースに予測結果を付加価値として追加するアイデアは重要であり、これらを相互に関連させていく作業に対応していきたい。</p> <p>GPCR遺伝子については、医学系研究者との連携だけでなく、臭覚レセプターに関連して基礎系研究者や企業など応用研究を展開している。また糖転移酵素の網羅的発見などの横展開も行っている。検出精度を上げ、それを明示することへの努力も、今後とも力を入れていきたい。</p> <p>ミネアムプロジェクトも後半に入り、当項目でも医学生物学分野へのアプリケーションに徐々に比重を移しつつある。課題各技術のブラッシュアップを進めつつも、むしろ応用先の探索および実証評価に時間をかけていきたい。</p> |
| <p>ゲノム情報科学の新展開</p> | <p>ゲノム解析ソフトウェアについて大分進歩しており、優れた成果をあげつつある。</p> <p>開発されたデータベース、解析ツールがリアルタイムにオンライン上で公開され、利用者からのフィードバックを受けている点は好ましい。データ解析コンテストは興味深い。</p> <p>分子間相互作用などに重点を置くべきである。</p> <p>データベースやツールは使われてこそ意味があるものなので、生物系の研究者へのアピールに力を入れておくことが重要である。</p> | <p>今後世界をリードする解析ソフトウェアの開発、データベースの構築に取り組む。例えば、我国独自の whole genome shotgun assembler の研究開発に取り組む。これが完成すればメガゲノム解読などに大いに貢献することが期待される。</p> <p>公開したデータベースや解析ツールに関してはアクセス数などの統計をとるなどして、その結果を開発にフィードバックし、さらによりよいデータベースやツールの開発を目指す。また、データ解析の国内コンテストを開催することで、我国の技術水準の押し上げを図る。2003年のコンテストの審査はまた終了してしまっているが、約60件の応募があった。今後このような活動を続けていきたい。さらに国際コンテストにも積極的に参加し、我が国からの情報発信を活発にしたい。</p> <p>今後、ツールハイブリッドデータなどの蓄積が進み分子間相互作用を解析するソフトウェア技術の需要が高まる。それに向けた新しい取り組みを始める計画である。</p> <p>ツールを使うための日本語の紹介記事を多く執筆することが大切である。既に国内の出版社を通じてこのような本は1つ出版されており、また公開シンポジウムでのデモも行っている。今後より一層のアピールを継続する予定である。</p> |

ミニウム・ゲルム・プロジェクト/ プロジェクト前半の中間評価を踏まえた対応方針

| 事業名 | 評価報告書における指摘 (改善すべき点) | 評価を踏まえた対応方針 |
|-----------------------|---|---|
| 発生・分化・再生プロジェクト | | |
| プロジェクト全体 | 研究はほぼ順調に進展している。全体的に非常に良い連携システムが形成されている。今後は、臨床応用への展開を図っていくべき。 | |
| | 極めて多数の研究が進められているので評価は難しいが、全体としてはほぼ順調な研究の進展が見られている。臓器幹細胞の研究も明確な進展が見られている。特に理化学研究所のセンターがほぼ完成し、研究に弾みがついている。 | |
| | カバーする範囲が広くかつ基礎から臨床までを視野に入れたプロジェクトであるが、リーダーを中心に全体を総括しながら非常に良い連携システムが形成されている。総合的にはトップレベルの業績が上がっているが、問題点もあり、評価すべきところは厳しく評価がなされている。リーダーが問題点をよく認識しているのも心強い。 | |
| | 自家幹細胞由来の分化転換細胞の応用は、各施設の倫理委員会に任されているようだが、せつかの組織なので最小限のコンセンサスは作った方がよいのではないか。 | GM P基準を満たす細胞プロセッシングセンターが数ヶ所完成してきている。今後、これらの施設で作成した細胞と従来の簡便な方法で作成された細胞を医療統計学的に比較することを通して、本プロジェクトにおけるご指摘のコンセンサスを作りたいと考えている。 |
| | 各分野について、研究推進の方策と評価の姿勢が明確でよい。一般にプロジェクト発足時に比べて方向性が明らかになっており、前回の報告に比較して「再生医療」にフォーカスした内容の進捗が見られる。しかしながら、基礎研究領域の中には、国費を投入して国益を得るべきミニウムプロジェクトの研究にふさわしいものも未だあるように思う。 | 今回の評価をもとに、より重点的に推進すべきものを明らかにして適切な対応を取りたいと考えている。 |
| | 国際的動向にも十分留意すべき。国際的に極めて競争の激しい分野であり、その中で位置付けを常に行っていく必要があるため、産業化・実用化に向けた特許の成果も併せて報告が必要である。 | さまざまな会議への積極的な参加や海外の組織とコンソーシアムを組むなどして情報収集を行っている。今後は、産業化や実用化の観点からの国際状況についても把握するよう努めていきたい。 |
| | 基礎研究から応用研究への転換をどのように進めるかも検討していく必要がある。研究の進んだところから、臨床テストに向けてのステップアップを図るべき。基礎的知見の集積はベースとして極めて大切だが、見えやすい成果は具体的な臨床への展開である。これに向けてのスケジュール込みのロードマップの作成を期待したい。また、臨床に向けた安全性について基礎的ステージの研究の役割は大きい。安全性のチェックを十分に併行して行う必要がある。 | 現在、ES細胞については、社会の理解が得られていない状況であり、臨床応用にはまだ時間がかかると思われる。それ以外の自家細胞については、多くの臨床応用が計画されており、適切な助言等を行う所存である。 |
| | 多くのFunding Agentsから研究費が出ているので、誰がどの機関で研究を行っているのか仕分けが十分注意すべき。設備や研究費を益々充実させ、この次世代に重要な地位を占められると思われる医療技術を我が国の御家芸としてほしい。 | 研究費の重複申請については、分かつた時点で適宜指導するなど注意を払っている。また、臨床応用に入ったプロジェクトについては、費用のかかる臨床研究も十分に行えるよう配慮している。 |

| | | |
|---------------|--|--|
| <p>「血管分野」</p> | <p>新しい治療法にいくつかの貢献がみられ、全体としてほぼ順調に研究が進んでいると考えられる。</p> <p>同種弁移植における生体組織由来Scaffoldの利用は実用化を念頭においた意義深い研究であり、またその進捗も認められる。</p> <p>血管分野では成功例はHGFのみであり、途上や未解決の分野が多いが、色々な試みがなされており、これからの進展も期待できる。</p> <p>国際競争が激しい本分野においてHGFのように日本がリーダーシップをとるプロジェクトを強化することを常に考えるべきである。</p> <p>自己細胞由来のヒトへの応用は現時点では各施設の倫理委員会に任されているようだが、最小限のコンセンサスは作った方がよいのではないか。</p> | <p>成果が著しく臨床応用の可能なプロジェクトについては、より重点的に研究費を配分する。</p> <p>「ヒト幹細胞を用いた臨床研究の在り方に関する専門委員会」において現在審議されている内容を参考に、班としてコンセンサスを作っていく方針である。</p> |
| <p>「皮膚分野」</p> | <p>皮膚移植の臨床応用は国際的に随分試みが行われており、新規性は必ずしも高くない。実際に製薬会社によって販売されている製品も存在するが、それら先行技術に対する優位性が成果の中に感じられない。</p> <p>臨床の立場にたつた皮膚再生の試みに焦点が当てられているが、臨床と直結した移植分野であり、新しいオリジナルな研究の発掘も考えていく必要がある。</p> <p>stem cell研究は未だ初期段階にあり、これからが期待される。応用が近いというものの外国に比べるとレベルはやや低いのではないか。</p> | <p>我が国においては、欧米で臨床使用が進む中、今まで製薬会社では全販売される予定が立っていない。この理由として、基礎技術自体が米国の3T 3feeder layer法を用いているからである。我々の複合培養皮膚は日本オリジナルの特許を受けているもので、世界に互しにくい唯一のメイドインジャパン製品である。一方、同種物に対しては、米国からの輸入が難しい中、国内での自給生着をめざすものでオリジナルには富んでいるものである。</p> <p>ご指摘の通り、基礎分野ではすでに完成したエリアである。しかし、そもそもこれらの物は臨床的な評価をつけても、臨床の成績は未確定の部分がある。そういった意味で、未だ完成したものとは言えないと思うが、新しい分野の開発も又必要であると考えられる。</p> <p>今回の研究成果は皮膚にさまざまなstem cellが存在することを明らかにした。単に皮膚の角化細胞や毛に分化するのみならず、神経細胞や平滑筋細胞にも分化できる細胞の存在は、学術的に細胞の可塑性や未分化維持機構という観点から、再生医学全般に対して重要なテーマとなる。皮膚を幹細胞ソースにできれば、臨床的なメリットは大きい。皮膚のstem cell研究は最近急速に進歩している分野である。また初期段階にあることは確かであるが、ES細胞から角化細胞の誘導や皮膚のSP細胞の検出に成功しており、これらは国際的にも十分競争力をもつ研究である。昨今の狂牛病を考慮すれば、細胞培養において牛由来あるいは動物由来の材料を極力使わないことが望ましい。特にES細胞に対して無血清培地を使用し、かつfeeder細胞を用いない角化細胞の培養系をほぼ開発できたので、今後安全性を加味した独創的な研究が展開できると考えている。</p> |

実用化に力を入れるなど今後の目標を明確化し、他の研究機関とのネットワークを進めるべき。

黒柳を主任研究者とするプロジェクト(細胞組織工学を応用した培養皮膚の開発に関する研究)は、同種培養真皮の実用化のために多臨床研究を推進することに重点をおいている。再生医療製品の実用化において最も重要な課題は、独創的な技術の確立と多施設臨床研究による再生医療の啓蒙活動である。当該プロジェクトでは、独創的な技術(黒柳能光:組織再生用基材、移植用材料及びそれらの製法。特願2000-373116(日本)国際公開番号WO 02/45767 A 1)により製造した3200枚におよぶ同種培養真皮を全国30の病院に供給して、既に256症例の臨床結果を蓄積した。

臨床研究は下記の医療機関で行った。北海道大学形成外科(15症例)、秋田大学皮膚科(13症例)、東京女子医科大学形成外科(16症例)、慶応義塾大学形成外科(7症例)、日本医科大学形成外科(7症例)、順天堂大学皮膚科(11例)、聖マリアナ医科大学形成外科(20症例)、北里大学形成外科(5症例)、北里大学皮膚科(4症例)、横浜市立大学形成外科(11症例)、横浜市立大学皮膚科(6症例)、名古屋大学形成外科(9症例)、愛知医科大学形成外科(12症例)、金沢医科大学形成外科(17症例)、京都大学皮膚科(13症例)、和歌山県立医科大学皮膚科(2症例)、近畿大学形成外科(11症例)、大阪医科大学形成外科(10症例)、川崎医科大学形成外科(13症例)、岡山大学皮膚科(3症例)、鳥取大学皮膚科(2症例)、香川医科大学形成外科(3症例)、福岡大学形成外科(6症例)、九州大学皮膚科(15症例)、湘南鎌倉総合病院形成外科(4症例)、国立京都病院皮膚科(1症例)、香川県立中央病院形成外科(13症例)、北九州総合病院形成外科(6症例)。

合計256症例の臨床研究記録書を北里大学医療衛生学部人工皮膚研究開発センターで保管してある。厚生労働省からの指示があれば臨床研究記録書の全てを開示することを各医療機関の共同研究責任者に周知してある。

臨床研究の評価は、研究班でプロトコルを作成し、有効性と安全性の双方の結果を加味して総合評価を行った。「極めて有用」、「有用である」、「普通」、「有用でない」の4段階の総合評価において、「極めて有用」と「有用である」の合計が約90%であった。

今後、さらに臨床研究成果を蓄積して、学会発表、論文発表をとおして、再生医療の啓蒙活動を展開し、実用化の為に基盤整備を進める。国産初の再生医療製品の実用化を円滑に進めるために平成12年からベンチャー企業への技術指導を行っている。

| | | |
|--------------------------------|---|---|
| 骨 軟骨分野」 | 臨床応用の段階に入ってきており評価できる。一部成功例が見られるようになったのは評価すべき。両分野とも実用化に向けて臨床研究を展開すべきである。 | 注入型人工骨については、これまでに臨床応用された人工歯根埋入時の骨再生治療のほか、より患者数の多い歯周疾患（歯槽膿漏）患者へ適応を広げていく予定である。また、培養骨膜を用いた骨再生治療については、本年1例目が口蓋裂患者に施行されており、今後歯周疾患患者への応用を進めるべく現在症例の選定を行っている。これまでの研究成果を生かして臨床応用を加速させていきたいと考えている。 |
| | 歯根関係の治療法、特に骨髄細胞を使った骨形成に進歩が見られた。 | |
| | メカニカル・ストレスによる骨誘導は1990年初頭から試みられている研究であり新規性は認められない。 | 間葉系幹細胞のメカニカルストレスによる分化誘導研究は平成14年度で終了とし、今後は臍帯血や末梢血からの間葉系幹細胞の効率的分離培養技術の開発に重点を置きたい。特に、表面マーカーとマグネタイトカチオンックボソムの併用によって、少量の幹細胞から増殖を行う技術を開発中であり、今後さらに発展させていきたい。 |
| | 基礎的な研究展開のためのアイデアが不足しているように思う。 | 今後骨、および軟骨の再生医療は間葉系幹細胞の利用が中心となるものと考えており、分化の制御は重要な課題である。現在これまでに得られた分化促進刺激の作用点と細胞内シグナルについての解析を進めており、この成果を効率的な分化制御方法の開発に役立てたい。また、糖鎖を応用した新たなマトリックスや新素材による流動型マトリックスの開発により一層効率的な骨および軟骨の再生を目指す。 |
| 個別的な研究の要素があり、全体の進行や連携に十分配慮すべき。 | 定期的な合同ミーティングの開催により、各分野の機能的な連携をはかるとともに、研究員の相互派遣を行い一層の連携推進をはかるものとする。 | |
| 角膜分野」 | 羊膜を用いた角膜移植で成果を上げており、有望な技術になることを望む。 | |
| | 応用研究が進展しており、今後人工産物へ進むなど、臨床研究への展開を真剣に考えるべきである。 | 共同研究施設間での多施設臨床研究(マルチセンタースタディー)による培養上皮シートの有用性の検討を計画しており、これによってより客観的な臨床データが得られると期待される。また、文部科学省バイオベンチャー研究での成果を踏まえ、バイオポリマーに羊膜上皮シートを接着させた人工角膜片の作成に取り掛かっている。 |
| | 研究のオリジナリティは疑問。今回のプロジェクトのみを今後も継続して支援していくのかどうかは要検討。 | この1年間で、Hoechst dyeとflow cytometryを用いた角膜上皮幹細胞(SP細胞)の分離に成功しており、現在その効率の良い分離と培養法を研究している。組織特異的幹細胞が同在しているという角膜上皮の特殊性を生かした、再生医療への幹細胞の利用につながるものと期待している。また、人工角膜作成においても羊膜を利用した上皮シートとの組み合わせを検討中であり、生体材料とバイオポリマーの融合というオリジナリティのある研究への発展が望める。さらに、従来臨床的に大きな問題となっていた、両眼性眼表面疾患での上皮移植による治療におけるアロ免疫反応の回避のため、患者の口腔粘膜上皮の羊膜上への培養・移植も試みており、少数例ながら臨床応用に進んでいる。これらの点より、本分野においてもオリジナリティのある研究の発展が期待できると考えている。 |

| | | |
|-------|---|--|
| 神経分野」 | 基礎研究が進展しており、研究面ではかなり高いレベルである。オランダでも認められ、ミレニアムプロジェクトに相応し、研究成果を上げている。将来の産業化を目指して企業との密接な連携を始めるべきだと考える。 | 今後ヒトや霊長類の神経幹細胞の特性をより詳細に検討する必要がある。これら細胞の供与を細胞エンジニアリングセンター等施設から受けることも考慮する必要がある。さらに霊長類を用いたパーキンソン病モデルへの神経幹細胞の脳内移植による機能改善の検討など、これを専門とする製薬企業との共同研究を推進する体制作り先考慮する。 |
| | パーキンソン病の治療に焦点が絞られており、一定の基礎的成果を上げつつあるが、治療に向けた方向性の検討も必要である。 | 齧歯類あるいは霊長類を用いた疾患モデル動物へ神経幹細胞を移植し、機能改善を検討する等治療へ向けた応用研究を推進する。一方、前期3年間の研究により明らかになったこととして内在性神経幹細胞の賦活化による治療の可能性が上げられる。今後はこの点に注目し、神経幹細胞の賦活化および神経細胞への分化を惹起する因子の探索を通じ治療に直結すると考えられる創薬の研究分野にも力を注ぎたいと考えている。 |
| | ドーパミン細胞の分野は難しく、更に検討が必要であろう | 前期3年間の研究を通じ、中脳腹側部位からの神経幹細胞が効率よくドーパミンニューロンに分化すること、またES細胞からドーパミンニューロンを効率よく産生する培養条件が明らかになった。これらの成果を突破口にドーパミンニューロンへの分化を支える分子基盤の検討をさらに進めたいと考えている。 |
| | 研究班の人員が多すぎるのではないかと、どれが誰の仕事か、報告を聞いた限りではよく分からなかったが、少数だが極めてレベルの高い仕事をしている人がいるのは高く評価できる。もっとリソースを重点配分すべき。 | 今後の研究では霊長類を用いた研究、並びに内在性神経幹細胞の賦活化に関する研究を特に推進したいと考えており、班員の人数もこれに対応し少数精鋭化する予定である。また年次毎の研究成果に応じ次年度の研究配分額を見直し、より重点配分するよう考慮したい。 |
| 血液分野」 | 血管分野と同じか、やや遅れているイメージ。この研究の出口(アウトプット)が何か見えにくい。目新しい情報がなく、成果のインパクトが低い。血液幹細胞移植は現行技術であり、プロジェクトのフォーカスをもっと明確にしてから再スタートすべきと考える。 | 造血細胞移植は現行技術であると同時に、細胞のソース、移植法、ドナーの安全確保と負担の軽減などの点において発展途上技術でもあり、これらを進歩させることにより対象疾患や対象年齢が飛躍的に拡張するとともに高い社会回復帰率に基づく良好な医療経済効果をもたらす。プロジェクトは1)HLAのバリアを越えた移植を可能にする、2)幹細胞トランスルンパ球による細胞治療を様々な疾病状態において可能にする、3)膠原病を移植で治す、4)新しい幹細胞移植法-骨髄内移植-を有用域にまで高める、5)これらを保健医療にするために必要な臨床試験のあり方、症例登録のあり方などに関するシステムを構築すること、にフォーカスを絞って新年度からの研究を進めたい。 |
| | 組織化されており、更なる進展を期待する。 | |
| | 造血幹細胞の体外増幅はこれからの重要な課題である。 | 造血幹細胞の対外増幅を、骨髄、末梢血、さ、帯血それぞれの幹細胞を用いて、いずれが最も効率がよく、かつ臨床上有用であるかは未だ明らかではないので更に研究を続けたい。 |
| | 膠原病への幹細胞移植の効果も確認すべきである。 | 膠原病に対する自家末梢血幹細胞移植は成人3例、小児3例において有用性が確認されたので、対象疾患の拡張及び今後の臨床試験のあり方を考える上でのモデルとして捉えつつ症例を重ねたい。 |

| | | |
|--------------|--|---|
| <p>移植分野」</p> | <p>着実な進歩がみられ、評価すべき。基礎研究が進展している。臨床問題点を対象によく焦点が合った研究がなされている。共同研究を進め、色々の試みがなされているが、トランスレーショナルリサーチへ発展させるための検討を必要とする。</p> <p>ICOSlg+CTLA4lgによる寛容導入は新しい移植技術を予感させるオリジナルの成果だと思ふ。また、免疫隔離膜による異種皮下移植も実用化にインパクトのある成果だと評価する。</p> <p>HGFの移植免疫への影響は興味深く今後作用のメカニズムを更に明らかにすべきであろう</p> <p>移植免疫の研究と臓器移植のコーディネートという2つの異なる面が同居しているが、ともに再生医療には馴染まないのではなか。か。</p> | <p>今後ますます共同研究を深化させる。臨床に近いと考えられるHGF、慢性拒絶の予防、膵島細胞移植などに焦点を絞って研究を進展させる。HGFについては、腎移植症例の臨床応用への前段階にある。倫理委員会への申請について検討している段階である。</p> <p>HGFの多様な作用についてin vivoを中心に臓器主任研究者、中村、澤各分担研究者が研究をしてきた。免疫学的機能の側面について、T細胞機能への作用、アポトーシスの役割、細胞浸潤の抑制、線維化の抑制などに焦点をあて、それぞれ、細胞、小動物のレベルで検討を進めていく</p> <p>本班では同種細胞の拒絶のない生着や遺伝子操作による移植臓器の改変とその機能解析を行っており、いずれも近い将来の再生医療における基盤技術の開発において必須の研究テーマであろうと考えられる。</p> |
| <p>品質分野」</p> | <p>必ずしも新規性が高い研究かどうかは明らかでないが、地道な研究がなされている。縁の下の支え的だが極めて大事な仕事である。品質管理の手法は手堅く評価すべき。</p> <p>技術は良いがもっと拡がりが欲しい。</p> <p>ウイルスの検出は国際的に承認されるような方法の確立を目指すべきである。</p> <p>細胞癌化の研究は、癌研究者と協力すべきである。</p> <p>小型幹細胞の特性指標の探索は何を目的にした研究なのか明らかにすべき。</p> <p>個々の再生、移植系の問題を取り扱わずに将来有効な規準ができるのかは疑問。</p> <p>得られた成果の今後の広がり、基準化、国際協力など組織化に向けた試みがなされる必要がある。この分野での国際的協力や国際レベルでの標準化を目指す方向への取組を行うべき。</p> | <p>下記の項目の対応とも関係すると思われるが、拡がるよう努力する。</p> <p>現在確立しつつある高感度検出法は国際的に最も進んでいると思われるが、各国でも活用してもらうべく、国際誌や国際会議でもアピールしていく。</p> <p>協力体制を構築する。</p> <p>小型肝細胞を用いた再生医療に際して、細胞の特性・品質管理規格の一つとするためである。</p> <p>個々の事例は多種多様であり、今後その傾向はさらに拡大すると思われる。それに対して、一律に基準を設けるとかえって個々の特徴をそく規制要因にもなると思われる。一般的、標準的な方法や基準を示し、個々の事例に応じた適切な活用をしていただくのが合理的であると考えている。しかし、本プロジェクトの他の分野の研究者から個々の問題についての基準を設定するための共同研究や連携が必要であるとの要請があれば、積極的に対応したい。</p> <p>国際的協力や国際レベルでの標準化を目指す方向への取組を行う必要があると考えている。一方、細胞・組織加工医薬品等の規制のシステムが日欧米で異なっていることや、欧米では、本問題についてわが国のように、必ずしも組織的、系統的に国レベルでの研究取組を行っていないという事情があるので、細胞・組織加工医薬品等の全般にわたる基準作成や国際協力の組織化の今後の展開、進捗予測については立て難いところもある。いずれにしても国際調和については、欧米の品質・安全性分野での研究の進展と歩調を合わせながら対応していきたい。</p> |

| | | |
|--------------------------|---|---|
| | <p>実用化上重要な分野であるため、他プロジェクトとの連携をいち早く行い、ターゲットを絞った一連の研究が必要。厚生労働省の担当部署とよく相談しながら、適切な検討を行うべき。実用化が目前で頓挫することのないようにしてほしい。</p> | <p>関係者の協力を得て、ご指摘の趣旨に沿うようにしたい。</p> |
| <p>「三次元細胞組織モジュールの開発」</p> | <p>計画通り研究が進行し、実用化一歩手前まで来ている印象。軟骨細胞の培養の実用化は期待できる。培養条件の検討が大きな課題である。</p> | <p>骨再生は、疾患が限られているが、臨床応用レベルに到達している。また、軟骨も順調に進みつつあり、現在骨と軟骨の同時再生の研究を開始できるレベルにまで来ている。</p> |
| | <p>従来の医療工学の研究、医療への応用と比較してオリジナリティを明確にする必要がある。</p> | <p>上記の対応と重なるが、3次元のモジュール開発の概念をもとに、骨再生と軟骨再生を3次元マトリックス内でおこなう研究を開始している。このような新規の概念による医療への応用研究を開始できたことは、従来の医療工学研究の延長ではなしえない成果である。</p> |
| | <p>トランスフェクショナルレーチップ、リアルタイム遺伝子発現プロファイリング解析システムの開発意義が、このプロジェクトにおいて不明確である。</p> | <p>トランスフェクショナルレイを用いたリアルタイム遺伝子発現プロファイル解析技術を用いて、骨細胞への分化誘導に関わる遺伝子群の同定と機能評価が可能になりつつある。幹細胞の目的組織への精密且つ安全な分化誘導技術の実用化のために、今後必須の技術になると考えている。</p> |

ミニウムゲムプロジェクト/ プロジェクト前半の中間評価を踏まえた対応方針

| 事業名 | 評価報告書における指摘 (改善すべき点) | 評価を踏まえた対応方針 |
|-------------------|--|--|
| イネゲムプロジェクト | | |
| 研究評価の状況 | <p>評価体制は整備されている。いかに過剰な時間を使わずに有効な評価をするかが重要であるが、システム的な評価がなされている。</p> <p>評価基準については、個々の研究者の評価も出すこと、また費用対効果を評価に導入することか望ましい。グループによっては評価基準が少々甘いところがあるので、最も厳しいグループに見習うようにすべきである。</p> <p>評価に際しては、農林水産省としての評価にとどまらず、世界の中での位置付け、他のゲムプロジェクトとの関係にも目配りしたうえで評価も必要である。</p> | <p>より効率的な評価体制めざして改善して参りたい。</p> <p>内部では毎年度に個々の研究の評価を行っているので、次回は提出致したい。次回から個々の研究の評価においても、費用対効果に関する項目を含めることを検討して参りたい。また評価基準を最も厳しいプロジェクトグループのそれに合わせて参りたい。</p> <p>外部評価委員にはそのような視点からのプロジェクト全体評価、グループ評価、個別課題の評価もお願いしてきたところあるが、今後はご指摘の視点をより一層強めた評価を行うように努めて参りたい。</p> |
| プロジェクト全体 | <p>イネゲムの主要部分の解読終了は、ミニウムプロジェクトの大きな成果として高く評価してよい。今後は機能解明の研究に重点を移すとの方針も明確である。研究費の更なる効率的な配分が必要である。</p> <p>Draft sequencingでスイスや中国に一步遅れをとったが、その精度において断然優れている点、及び今回2つの染色体とはいえ、精密なsequencingが完成する目処が立ったのは評価できる。精度の違いを外に向けてきちんと表明する必要がある。この精度の高い成果をベースに、これからの遺伝子機能やタンパク質の構造と機能の解明というポストゲノミクスの本番で世界をリードすることを期待したい。</p> <p>全塩基配列の解明を受けて、今後は機能解明の研究に重点を移すとの方針が出されており、プロジェクト後半の計画も妥当であると思われる。</p> <p>セントロメア、テロメアといったSequencing困難部は、あわてずにゆっくりに技術開発と共に進むのが良いと考える。</p> <p>残りのギャップ部分のsequencingの完了のために適切な予算がつけられるべきである。</p> <p>当面は日本の特徴である完全長cDNAの解析とその利用を中心に展開した方が得策ではないか。目指す重要形質について国内向けと海外向けを選別し、優先順位をつけて、今後更に集中してプロジェクトを展開すべきであり、その場合スピードが勝負である。</p> <p>多くの研究室が参加しているので、予算配分を重点化する必要がある。莫大な資金を投下しているが、より効果的な資金の使用法の検討が必要である。現在までのところかなり高価についており、また時間的にもより効率化が望まれる。</p> | <p>そのようにご高配賜りたい。</p> <p>わが国が主導する国際コンソーシアムの配列データの優位性については機会あるごとに解説につとめている。今後の機能解析面での利用頻度で、スイスや北京のグループとは差がつくことは確実に信じているが、機能解析の研究者からの支持を声高に述べて欲しいと望んでいる。</p> <p>その方向で研究を推進する。</p> <p>イネのセントロメアは、全体的にサイズが小さく、研究には優れた素材があるので、確実に、しかし世界に負けないように解読を進めたい。</p> <p>そのようにご高配を賜りたい。</p> <p>完全長cDNAの利用を促進するために、ゲムリソースセンターを平成15年度から立ち上げる予定である。「重要形質」プロジェクトを始め他のプロジェクトでも利用が進むと期待している。イネゲムリソースに関連する情報のデータベース整備も進めて参りたい。</p> <p>平成15年度からは各プロジェクトとも大幅な見直しを行う予定である。関連するデータベースの構築と統合化、およびゲムリソースセンターの設置により効率的に研究を進めて参りたい。</p> |

| | | |
|------------------|---|--|
| | <p>特に「有用遺伝子の単離・機能解析」以下のプロジェクトでは、研究組織が複雑で極めて多くの班員から構成され、少額の研究費が分散的に配分されているが、費用対効果を再検討し、人員、テーマをもう少し絞り込んで研究費を重点的に配分した方がよい。研究担当者の交代が多い研究は、研究実施主体による推進・評価をもっと徹底すべきである。</p> <p>他の機関との連携については、農水省以外の大学、特に理学系との情報交換や共同研究がもっとあっても良かったと思われる。外国との共同研究も再考すべきである。</p> <p>イネゲノムリソースセンターの整備が必要である。</p> | <p>「有用遺伝子の単離・機能解析」以下のプロジェクトにおいては、平成15年度から大幅な見直しを行って課題数の絞り込みを行い、重点的な配分を行う予定である。また、平成15年度から開始する「重要形質」プロジェクトにおいては、計画班を設けるなどして重点的な推進を行う計画である。</p> <p>平成15年度から開始する「重要形質」プロジェクトでは多くの理学系の研究者が参加する予定である。今後とも専門分野を越えた協力を進めて参りたい。</p> <p>国際イネ研究所（IRRI）との共同研究も開始する。</p> <p>平成15年度からゲノムリソースセンターを開始する。次年度以降に順次体制を強化して行く予定である。</p> <p>今後できるだけ早期に完全解読を終えるように努めたい。</p> |
| イネゲノム全塩基配列の解明 | <p>予定より2年前倒して進んでおり、順調である。</p> | <p>今後できるだけ早期に完全解読を終えるように努めたい。</p> |
| | <p>企業によるDraft sequenceの発表などで混乱があったが、最終的に高精度解読ができたことは良かったと思う。少なくとも第1（第4）染色体の完全配列が終了したことは評価される。</p> | <p>今後できるだけ限りの努力を傾けて、残りの染色体の完全解読をめざす所存である。</p> |
| | <p>他の国との関係、特に中国とのデータ比較で日本の正確さを強調・宣伝することが必要。</p> | <p>出版等の機会を捕らえて宣伝に努めたい。</p> |
| | <p>残りのギャップ部分のsequencingの完了のために適切な予算がつけられるべきである。今後は、ギャップ領域をどれだけ埋められるかが問題で、そのための効率のよいストラテジーが必要となる。スピードが勝負であり、精度の違いが今後の遺伝子機能解析やタンパクの構造と機能の解析へプラスになるよう展開することが必要である。</p> | <p>高配を賜りたい。物理地図上のギャップを埋めるために国際コンソーシアムで未使用資源を共用する予定である。配列上のギャップを埋めるために、更に研鑽に努める。</p> |
| | <p>ミレニアム・プロジェクトに相応しく植物ゲノム研究のゴールドスタンダードとなるよう完全解読まで手をゆるめずに国際共同研究を進めるべきである。</p> | <p>その計画である。</p> |
| 完全長cDNAライブラリーの整備 | <p>完全長cDNAは短時間に完成して評価できる。日本の特徴とするところなので、強気に進めていくのが得策と考えられる。</p> | <p>全塩基配列の解明研究グループや有用遺伝子の単離・機能解析グループと連携して一層の発展を目指しているところである。</p> |
| | <p>cDNAのクオリティを高める一層の努力が必要。</p> | <p>タンパク質大量発現系によるタンパク質合成の確認や、インフォーマティクスによるゲノム塩基配列アノテーションとの比較等により、どの程度が完全長であるかを確認して参りたい。</p> |
| | <p>ほぼ予定の3万種を整備しつつあるが、最近の論文ではイネの遺伝子は3万種以上あるとわれている。このようなことから、今後は可能な限りその数を増やすとともに、同様にゲノムワイドな研究である全塩基配列の解明研究グループと共同で、ゲノム上の位置付けや機能の推定などを早急に進める必要がある。</p> | <p>収集を終えた3万種以外にも、新たなサンプルから可能な限りのクローン収集を行っているところであり、更に全塩基配列の解明研究グループとの連携した研究も進めているところであるが、今後一層の発展を目指して参りたい。</p> |

| | | |
|----------------------|--|--|
| <p>有用遺伝子の単離・機能解明</p> | <p>遺伝子機能について正統法で解析を進め、新たな情報がいくつも明らかにされつつあり、全体としてのactivityは高いと評価される。アノテーションを進めると共に、今後は応用研究を進めるべきである。この項目がこれからの勝負の核になる。今後はこの研究を生かすためにも、ミュータントパネルの研究を急ぐべきである。</p> <p>既に得られた5万系統について破壊された機能を確認することで有用な遺伝子を同定し、それを活用するよう研究の計画を立てるべきである。</p> <p>染色体置換系統、遺伝子破壊系統は、イネの特長を生かした我が国独自のゲノム解析素材であり、今後は、完全長cDNAも含め、これらゲノムリソースを有効に利用して機能解明を進めていくべきである。</p> <p>民間企業との連携について、どのように実用面が開かれているのか見通しを明らかにすべきである。</p> <p>タンパク研究は、これからの発展が期待される分野であり、この種の基礎研究は強くサポートすべきである。国際競争をリードするにはスピードが最も大切である。プロテオームの解析、特にハイスループットで行うには相当な労力と費用が必要である。また、重要遺伝子に集中する何らかの戦略を考えるべきである。</p> <p>品種改良についての実験で進展が認められる。プロテオーム17,900独立スポットを同定しており将来が期待される。部分アミノ酸配列により遺伝子の特定を進めており、ストレス等の変化も含め順調である。イネタンパク質に関してはまだ包括的なプロテオミクスには至っておらず、今後は期待される。</p> <p>タンパク質の構造生物学については生物学上重要なものと構造解析の難易度とをどのように折り合いをつけるかがこれからの課題。有用遺伝子の選別と単離、機能解明をスピードを上げて進めることが必要。タンパク質の分子同士の相互作用をよりよく解明する研究が今後重要度を増すと考えられる。</p> <p>生物の持つ機能は、多数の遺伝子が直接的・間接的に関わって発現するものであり、ターゲット形質を絞った機能解明研究を重点的に行うことが必要ではないか。</p> | <p>単離された遺伝子の評価については、組換え温室がまだ不足などの制約があるが、効率的に進めて参りたい。ミュータントパネルを利用した研究を加速するために突然変異体の表現形質の大規模解析とデータベース化、レトロトランスポゾン隣接塩基配列の解析とデータベース化等を進めて参りたい。</p> <p>ミュータントパネルの突然変異体の大規模な形質評価とそのデータベース化を開始した。また、挿入されたレトロトランスポゾンの隣接塩基配列の解析もさらに押し進め、そのデータベース化を進めて参りたい。さらに、Tos17ではカバーされない突然変異体を得るために、別の変異源による突然変異体作出も開始する計画である。</p> <p>染色体置換系統、遺伝子破壊系統、完全長cDNAなどのリソースを有効に活用するためにリソースセンターを平成15年度から開始し、そこから研究者に提供する予定である。</p> <p>現状では、イネゲノム各プロジェクトに参画している民間企業は、実用化に関しては中長期的な展望で応用基礎的な研究課題を担当している。しかし、バイオ分野では基礎研究の成果が直ちに実用につながる可能性が高いため、オリジナリティーの高い技術や商品の開発には基礎的な研究も重要である。</p> <p>ご指摘の通りであり、解析のハイスループット化のためにプロテオーム解析センターを設置して集中的な解析を行ってきている。また、立体構造解析に関しても大量発現・精製を一元的に行うチームを設置してハイスループット化を目指す。当初は対象を幅広くとらえてきたが、後期には生物学的あるいは産業的に重要度が高いと想定されるものに集中した解析を進める。</p> <p>組織・時期特異的タンパク質や細胞内オルガネラ構成タンパク質などに関する基盤的情報はデータベースの公開を行う。予算的制約から基盤的プロテオーム解析は前期で一応の区切りとし、後期においてはプロテオーム解析から機能的な重要性が示唆された遺伝子の機能解明、相互作用解析からの新規ターゲットの発掘に重点を移す。</p> <p>生物学的あるいは産業利用上重要と想定されるものを中心に構造の新規性を加味しながら解析対象を選定する。大量発現や可溶性タンパクの精製が困難なものについては特別の事情が無ければ後回しにせざるを得ない。かなり効率的にタンパク供給できる体制が出来てきたので、なるべく多くのターゲットをもって構造解析が効率的に行えるようにしたい。2年目以降においては分子間相互作用解析とネットワーク解明の研究を強化する予定である。</p> <p>平成15年度から5つの重要形質にターゲットを絞ったプロジェクトを開始する。また複雑な遺伝をする形質の解析には、いわゆるQTL解析の手法を取り入れた研究を中心としたプロジェクトを平成16年度から立ち上げるべく検討している。</p> |
|----------------------|--|--|

| | | |
|-------------------------|---|---|
| DNAマーカーを用いた効率的選抜育種技術の開発 | <p>これからの発展が期待される分野であり、この種の基礎研究は強くサポートしなければならない。実用化に向かってこの手法の進展が期待される。効率的な育種の上で重要なツールと考える。具体的に育種のできる研究として、社会への貢献が早くできるプロジェクトとして有意義である。焦点を絞って進めるべき。</p> | <p>収量性、栽培適性、食味、耐病虫性など育種上重要な形質に絞って研究を進める。</p> |
| | <p>デザイン育種は実用に向かえば非常に面白いプロジェクトである。</p> | <p>デザイン育種の基本となる育種ユニットとして準同質遺伝子系統の作出を重視する。</p> |
| | <p>DNAマーカーは育種上極めて重要であるが、現在はまだ不十分であり、より多くのマーカーが必要である。そのためにはマーカーをどのようにして集めるのが大切である。</p> | <p>約2400のイネの単純反復配列(SSR)マーカーが利用可能となったが、今後日本品種内の近縁品種間での利用を図っていく。また、一塩基多型(SNP)マーカーの開発を早急に進める。</p> |
| | <p>マーカー開発が進み、いくつかの育成品種がではしめていることは、注目に値する。イネゲノム研究の応用面の大きな部分を占めるDNAマーカー育種が、今後実用育種の中で大きな位置を占めることになると思うが、そのためには遺伝子そのものをトレースできる手法の開発を全塩基配列解明研究や遺伝子単離・機能解明研究と連携して進めることが大事である。</p> | <p>解明された塩基配列に基づいてSNPマーカーを作出するとともに、遺伝子の単離された形質についてはSNPマーカーとして選抜に利用する。</p> |
| 実用化に向けた技術開発 | <p>この点に関しては多くの研究があるが、果たしてどこまで実用化できるかは今後の大きな課題であり、実用性を早い段階で評価すべき。大学・独立法人と企業が参画したコンソーシアム形式の研究は、実用化を目指す上で評価できる研究体制である。</p> | <p>研究期間の後半に入りつつあることを踏まえ、外部の専門家やプログラム・オフィサーによる評価・指導等を通して、研究成果の早期の実用化を念頭においた研究開発の管理や推進を図っていく所存。</p> |
| | <p>組換え体は、よほどの成果がない限りなかなか一般に受け入れられないのではないかと懸念もある。特に、環境ストレス耐性、環境浄化、オリゴ糖等は有用と思われ、遺伝子導入技術の開発も重要である。健康機能性ペプチド導入は食品として扱うかなど実用化に当たっての問題を十分念頭に置いて進めるべきである。</p> | <p>遺伝子組換え作物については、安全性評価など遺伝子組換え食品を取り巻く情勢等を十分勘案しつつ、推進していく所存。</p> |
| | <p>後半の2年半には実用化の基礎となる部分に重点を置くべきである。DNAマーカー育種とともに、イネゲノム研究の出口として位置づけられるものであり、組換え体の安全性確保研究とも連携しつつ、進行しているもの見通しの得られるものから実用化のロードマップ(タイムスケジュールを含め)を示すことが必要である。我が国の基礎的な重要な知見を外国に先に利用されて実用化を先んじられないよう、積極的に特許権などを確保しつつ、進んだものからどんどん実用化すべきである。</p> | <p>研究期間の後半に入りつつあることを踏まえ、外部の専門家やプログラム・オフィサーによる評価や指導等を通して、研究成果の早期の実用化を念頭においた研究開発の管理・推進を図るとともに、特許等知的財産権の積極的な確保に努める所存。また、安全性の確保や国民理解の促進に関する研究等の成果を踏まえつつ、実用化の方向の具体化に努める所存。</p> |
| | <p>日本においては植物関係の民間の研究機関が少ないので、コンソーシアムを形成して研究を推進している当研究プロジェクトは別としても、実用化に向けた研究の前途にやや不安があり、これをどう解決するかがこれからの重要課題である。</p> | <p>当研究プロジェクトのようなコンソーシアム形式を活用して、今後とも実用化に向けた研究に努める所存。</p> |

| | | |
|---|---|--|
| <p>安全性の確保と国民理解の促進のうち遺伝子組換え体の産業利用における安全性確保総合研究</p> | <p>社会的に非常に重要なプロジェクトである。遺伝子組換え体の実用化にあたっては、安全性確保が不可欠。具体的に実用化できるようにするための戦略がないと、社会に受け入れられず研究成果が生かされなくなる危険性がある。この危険性を回避するには、科学的研究と社会的コンセンサスを得るための努力を重動させる必要がある。研究側と一般消費者との間のtwo-way communicationが必須である。そのために安全性に関する研究内容は早い段階から公開し、また問題があればそれを改善し、その成果をオープンにしていくための覚悟を持つ必要がある。</p> <p>花粉の飛距離の測定など重要な知見が蓄えられているが、今後は、外部の種々のグループとの情報・意見等の交換・交流を活発にすべき。また、班員を絞り、重要な点を計画的に実施すべきである。</p> <p>今後は、従来とは異なり積極的に環境に影響を及ぼす可能性のある組換え体など新しいタイプの組換え体に対する評価の考え方や評価手法の開発にも取り組む必要がある。</p> | <p>本総合研究プロジェクトは、組換え体の安全・安心の確保と研究成果を社会に迅速に受容・還元することを目的としており、その課題構成は、科学的知見の集積、情報整備、社会動向の把握の3つに大区分される。その知見の集積はもちろん、これに既往の研究情報収集・整理、DB化を加えて、その動向把握では国内外の実態や意識調査を実施し、市民とのコンセンサス会議を定期的開催している。この会議での研究成果や関連する情報の報告や市民との対話を通じて出された要請や指摘事項を受け、これをプロジェクトの新規課題として組み込む体制が確立している。今後とも研究内容の公開やtwo-way communicationに引き続き努力</p> <p>上記の3つの構成課題間の連携とともに、科学的知見の集積に関わる多数の研究課題間においても、共通した考え方や手法等毎に意見の交換や交流を図るよう努力したい。また、今後は課題構成を大幅に再編して課題の重点化を図る計画である。</p> <p>組換え体の対象が従来の植物や微生物に範囲を超えて、食用大型菌類(キノコ)やカイコ等の安全性評価にも取り組む計画である。また、今後は新規組換え植物に対応した評価手法の開発や屋外における長期モニタリング手法の考え方の整理など関係者間での研究会等を開催して、その安全性評価に取り組む計画である。</p> |
| <p>安全性の確保と国民理解の促進のうちバイオテクノロジー応用食品の安全性確保及び高機能食品の開発に関する研究</p> | <p>国民理解をどのように進めるのか、本格的な研究と施策が必要である。今後は消費者メリットを目指して積極的に食品成分を改変した組換え体が開発されてくると思われ、そのような組換え体の食品安全性評価の考え方を明確にする必要がある。</p> <p>ミネアムというむしろ厚生労働省のプロジェクトとして常に動いていなければならない課題と考える。</p> <p>組み換え食品のみでなく天然のものの調査も必要と思われる。</p> <p>安全性に関しては、ある実験で「ない」といって答えが出て、それを以て安全と結論づけることが困難であるということがあるので、この点に関しては安全性試験の評価方法を早期に確立しておくべきである。もちろん科学的データは必要であり、特に慢性毒性は地道に行うことでデータを出すことが大事である。</p> | <p>方向として、その通りであり、それをめざして研究を進めている。科学的におこる具体的なデータを得て、そのデータをもとに国民理解を得るための施策を考えてゆく必要がある。</p> <p>ミネアムの中で、遺伝子組換え植物としての応用を考えた時、安全性の問題として、環境への影響と食品への影響の両側面からとらえなければならぬ。本研究は、食品の安全性確保のための研究であり、ミネアムの中で行うべき課題の一つであると考え。</p> <p>組換え食品に導入された遺伝子の後代における安定性について、点突然変異の頻度を、内生遺伝子の突然変異の頻度と比較し、導入遺伝子であるから変異が起こりやすいことなどは、ことを明らかにしている。</p> <p>現在も、安全性審査においては、複数のチェック項目を設けた評価を行っているが、新しい科学的知見が得られれば、安全性審査において考慮されるべきである。</p> |

| | | |
|---------|--|---|
| | <p>農業環境技術研など外部の様々な団体・グループ等との研究交流を深める中で、必要な情報収集に努力してほしい。</p> | <p>すでに、遺伝子組換え食品の検出法では、食品総合研究所とまた、リスクコミュニケーションについては、京都大学、三菱化学安全科学研究所、保健所等と研究交流を行っているが、さらに、検出法で、農業環境技術研との研究交流を行ってゆきたい。</p> |
| 植物ゲノム解析 | <p>イネゲノムプロジェクト中では恐らく唯一のボトムアップ的基礎研究であり、このスタイルを重視すべきである。基礎研究としてこのグループの研究レベルは高い。「環境」プロジェクトの推進は重要だが、基礎的な研究の推進の方がより重要ではないか。</p> <p>現状テーマの種類が多いが、基礎的研究が中心なのでこの形でよいと考える。但し、プロジェクトとしてのまとめりとして、このプロジェクト終了時に全体として何らかの成果をあげたという形になるように持っていくことが必要である。</p> <p>今後の課題として二つのことが考えられるが、その一つは、応用・開発のステージに向けてどのテーマをピックアップするか、そしてどこと連携するかである。いま一つは、このチーム内の連携を図って、全体の総合力を十分に発揮できるようにすることである。例えば、高機能作物、低農薬作物の開発に資する」というところに絞るべきであろう。</p> <p>シロイヌナズナとイネの間の連携は今のところ十分とは言えないので、今後は応用・開発にステップアップしていく過程で、情報交換などの相互連携をより緊密にすべきである。</p> | <p>基礎研究に力点を置き今後一層研究を推進する。</p> <p>植物の機能植物の開発に向けて、モデル植物を中心にして基盤研究の成果をあげ、特許取得やデータベース公表によりプロジェクトとしてのまとめりをつけるように努力する。</p> <p>応用開発のステージに向け、「高機能植物」に焦点を合わせてイネゲノムプロジェクト参画の研究機関、理化学研究所ゲノム科学総合研究センター、かずさDNA研究所および大学等と連携を深めることにより、総合力を出すように努力する。</p> <p>イネゲノムプロジェクトに参画している研究者等と定期的な情報交換を緊密に行い、応用開発のステップアップに努力する。</p> |

ミレニアム・ゲノム・プロジェクト/ プロジェクト前半の中間評価を踏まえた対応方針

| 事業名 | 評価報告書における指摘(改善すべき点) | 評価を踏まえた対応方針 |
|------------------|--|--|
| 科学研究費補助金 | | |
| 研究評価の状況 | 科学研究費の中での特定領域としての評価システムは的確にできており、厳格な評価がなされている。ただし、ミレニアムプロジェクトとして評価した時に難しい面がある。 | |
| | 研究者の自由な発想に基づくボトムアップ型研究である科学研究費補助金が、ミレニアムプロジェクトの一部となっていることは、議論のあるところだが、創造的な研究の育成こそが我が国における将来の科学研究につながるため、プロジェクトの趣旨から見ると少し遠いものもある程度容認できる。既定の目標達成型のプロジェクト研究への偏った投資は、独創性を重視する研究活動の疲弊を招くおそれがあり、両者へのバランスよい投資が重要である。 | |
| | 基本的には、ミッション・オリエンテッドの研究費であっても、その中にボトムアップ型も明確に組み込んだ方がよいが、その際はミッションとの関わり方を明確にすることが必要である。他方、科学研究費補助金の研究の中にもタスクフォース型の研究の必要な部分はあるはずで、それについては明確にミッション型をとる方がよい。本来はボトムアップ型だったものが進展してその先の展開に移るような場合には、ミッション型に入りやすいのではないかと思われる。 | |
| | 大学の研究が基礎研究を進展させる上で重要であることを考えると、ミレニアムプロジェクトの中でそのような研究を支援せざるを得ない要素も十分に考慮し、評価していく必要があり、そうした基礎研究の成果が結果としてはプロジェクト・オリエンテッドな研究を進展させる上でも重要であると考えられる。 | |
| | 参加研究者にこのグループの研究課題がミレニアムプロジェクトの一環であるという考えが殆ど見られず、通常の科学研究費補助金による研究と全く変わらないのは残念である。ミレニアムプロジェクトを効率良く推進するためには、科学研究費補助金枠と他のプロジェクトの間で無駄な重複がないよう、研究課題に関する適切な調整が必要である。 | 本事業は、研究者の自由な発想に基づく独創的な研究を実施している。疾患遺伝子プロジェクト、バイオインフォマティクスプロジェクトにおいては、本事業に参画している研究者により多くの成果が得られている。今後はボトムアップ型研究のメリットを生かしつつ、プロジェクトとしての趣旨を踏まえた研究を一層推進するとともに、重複に配慮しつつ、疾患遺伝子プロジェクト等との連携を強めていく。 |
| | ゲノム関連についてはゲノム情報の蓄積、ゲノム解析及び情報検索システムの三大研究領域に概ねバランス良く配分されている。 | |
| | ミレニアムの中で大きい位置を占める科学研究費補助金の役割は大変重要であり、今後2年間にその方向の研究を伸ばすよう努めるべきである。 | 今後2年間でミレニアムプロジェクトの趣旨に添った研究成果が出せるよう努めたい。 |
| がん研究の総合的推進に関する研究 | 研究目標が明確でありよく組織されている。トランスレーショナルサーチに重点を置いたこと、プロジェクト研究の大切さを認識している点は評価できる。 | トランスレーショナルサーチのワークショップを再度行うとともに、疾患遺伝子に関するプロジェクト研究を更に推進する。 |

| | | |
|-----------------|--|---|
| | <p>ミネアムとの関係は少ないものの、連携を図りバランスと新しい方向性を考えながら進めている。</p> <p>疾患遺伝子プロジェクトに関しては報告があった限りでは3年終了時点の現在でわずかしかなく、今後1~2年でマイクロアレイの実用に応用できるかは考えにくい。</p> <p>疾患遺伝子薬剤反応性(有効性と副作用)は、創薬が注目されている中で新しい薬を的確に使っていくために重要なので、このテーマはよい。具体化の促進が必要と思う。</p> <p>分子標的治療委員会に関しては薬物耐性及び細胞生存に関連する遺伝子は重要な問題でありこれに焦点を絞るのは重要な意味を持つと考えられるので成果を明らかにしてほしい。</p> <p>国際学術交流は、その目的と得られた情報について明確にすべき。</p> | <p>今後がん研究全体の連携を念頭にバランスと新しい方向性を考えて研究推進する。</p> <p>各施設で腫瘍バンク等の基盤が整いつつあるので、今後は特定の腫瘍に興味を絞りマイクロアレイの解析を進める。</p> <p>グロバックに関する遺伝子発現解析研究を終えたが、副作用研究のためにSNP解析を進める。またイレッサに関する遺伝子発現解析研究を進める。</p> <p>既に見出されているプロテアソーム、グロキサーゼ、PDK1に関する遺伝子及びタンパク解析研究と分子標的治療研究を進める。</p> <p>国際交流の内容とその成果については、現在がん研究組織のホームページ(http://www.jfcr.or.jp/gantoku)で公開し、明確にしている。今後その努力を続ける。</p> |
| 発がんと発がん防御の基礎的研究 | <p>遺伝子修復に関連するタンパク質の機能解析、細胞増殖抑制分子の機能解析、胃がんに関する遺伝子の調査、腫瘍免疫など全ての研究課題において良好に進展しており、今後の進展が期待できる。がん好発家系の研究などはミネアムと関係深く、研究成果も上がっている。</p> <p>IL-12のようにmultifunctionが想定されるものは、いろいろな作用の複合効果もあるのではないかと。また実用の場合は副作用への考慮も大事である。</p> <p>遺伝子の変化が認められないのにp-27分解により発がんが誘導される新知見を得る成果も上げている。</p> <p>全体としての運営、promotionが分かりにくい。評価と推進方式等につき全体像を明らかにすべき。部分的にゲノム等との関係が明確に分かるところがあった。</p> <p>がんの遺伝子発現と臨床病像との関係、発がん防御など力を入れるべきである。</p> | <p>IL-12による発現が影響を受ける全ての分子について、多面的に研究結果を総合判断し、作用機序を解明していく。また、実用化に関しては、この理解に立脚した安全性の考慮も行いながら研究を進める。</p> <p>全体の運営は各分野長を中心とする総括班員により運営され、より質の高い研究を目指して推進している。総括班にはモデル動物を病理学的に解析し班員に研究を支援する専門の委員会が設置され発がん防御領域のみならず、その他のがん特定研究者の支援も行っている。また、胃がん試料収集委員会は全国の胃がん症例を効率よく迅速に収集することを行い、胃がん感受性遺伝子解明に多大な貢献をしている。評価については、本領域評価委員および本領域総括班員によって行われているが、今後はこのシステムをより有効に活用し、より厳密に進める。ゲノム研究領域との関わりについては、ゲノム領域との関係をより明確にし、研究を進行させ</p> <p>発がん防御および遺伝子発現と臨床像との関係は、免疫システムを中心に今後より一層研究を進める。</p> |
| がんの生物学的特性に関する研究 | <p>転移メカニズム中心の研究を組んでいることは高く評価できる。がん細胞の浸潤(転移)に関して細胞間接着の破壊との関連に着目した研究は興味深い。どういったメカニズムで接着が壊れるのかは今後の課題として解決が注目される。</p> <p>研究のレベルは高いが、プロジェクトに相應しいものに力を入れるべき。先端研究班との連携に力を入れる必要がある。</p> | <p>がんの浸潤、転移メカニズムを理解するために今後より一層努力する。</p> <p>がんの診断・治療・予防に役立つようながん生物の研究成果が今後出せるよう努力する。また、先端研究班との連携をこれまで以上に力を入れ</p> |

| | | |
|-----------------------|---|--|
| | <p>がん細胞の増殖応答、細胞分化、細胞機能の制御異常、浸潤と転移の機構及び組織形成異常とがんの関連が研究課題に挙げられているが、具体的な進捗状況を明確にすべき。</p> | <p>具体的な進捗状況については、すでに報告しているが、今後は具体的な成果をよりわかりやすく報告する。</p> |
| がんの診断と治療 | <p>がん診断の研究ではDNAアレイを用いてがん特異的に発現している遺伝子を探そうとしているが、実際のがんとの関連を論証するところまで至っておらず、3年間の進捗としては不十分である。</p> | <p>DNAアレイの結果を出発点として、がんとの機能的関連を証明した成果は上がっている。数的に不十分だという指摘だと思うが、アレイ解析を行っている研究は、診断分野の一部、全体的には数パーセントに過ぎない点を理解されたい。</p> |
| | <p>がん治療では培養細胞を用いた実験と動物を用いた実験を行っているが、この研究課題で行っている様々な実験に関してはがん細胞の増殖抑制が認められている。</p> | |
| | <p>がんの治療研究、特にゲノムベースの研究は重要である。治療法の開発、早期診断の開発の方針が明確で戦略的に進められてよい。</p> | |
| | <p>IL-2遺伝子ベクター複合体の導入でメラノーマ抑制を図るといふ研究の目的は明確に理解できる。この研究の世界レベルでのオリジナリティーの高さはどうなのか明らかにすべき。</p> | <p>世界的には種々のサイトカインを導入した免疫療法は非常に活発に行われており、わが国はこの分野で後れをとっていると言わざるを得ない。しかし、日本発のオリジナリティーの高い成果も出つつあり、今後臨床応用に向けて支援する方向で臨みたい。</p> |
| | <p>臨床応用の可能性の高いものに重点化すべきである。</p> | <p>できる限り臨床応用可能な研究を重点的に支援する方針だが、裾野を広くしたい。ゆえに先細りになりかねないので、バランスを十分に考えながら研究を進めたい。</p> |
| | <p>国際的な位置付けはどうか。</p> | <p>多くの世界的レベルで評価できる成果はあがっているが、わが国における臨床研究の困難さが、世界に対する発信力を弱めていると考えている。今後、トランスレーショナル研究を推進することによって、わが国の成果を世界に向けて発信することができるように努めたい。</p> |
| ヒトがんの環境・宿主要因に関する疫学的研究 | <p>長期的にわたり忍耐を要する研究であり、地道な研究が求められる重要な分野だが、ミレニアムプロジェクトとの関連は薄い印象がある。焦点を絞って進めるべき。</p> | <p>ヒトがん、特に日本文化に即したがん予防対策のため、日本独自の疫学研究は不可欠であり、時間と人的労力のかかる研究を領域全体でチームワークを組みながら進めている。分子疫学分野においては、今後とも特定臓器のがんに焦点を当てながら短期間に一定の研究成果が上がるよう工夫して進めたい。</p> |
| | <p>疫学研究であるため結果は概ね予測された内容である。基礎データとして必要なことが多く、論文は出にくい。サポートは必要。明確なタスクフォースを打ち出した方がよい。</p> | <p>食生活習慣、喫煙、飲酒習慣、感染症など発がん関連要因の一般的評価に止まらず、遺伝子多型や生体指標により特定した易罹患集団の暴露影響を評価し、効率的な予防対策への情報構築に一層努めたい。</p> |
| | <p>生活習慣、ウイルス感染との関連に注目し、方針が明確でよい。宿主要因の解明はミレニアムプロジェクトの立場から見ても重要。</p> | <p>生活環境や感染症への暴露影響を修飾する宿主側要因として遺伝子多型の影響を包括的に評価するための大規模ゲノムコホートを設立するため、数課題のモデル研究を計画し、すでに2課題は実施・継続している。</p> |
| がんの戦略的先端研究 | <p>優れた研究が多く十分な実績が出ている。細胞増殖、接着分子に関連したがん転移機構、血管形成、がん抑制因子、がん抑制機構及び腫瘍免疫など、がんに関連する全ての範囲を網羅する研究を行っており、得られた結果は一流の雑誌に報告されている。評価方法も明らかである。</p> | |

| | | |
|-----------------------------|---|--|
| | <p>研究のレベルは極めて高いが、ミレニアムプロジェクトの趣旨とどこまで合致しているか判断は難しい。包括的な研究課題であり他の特定領域と重複している課題も多いため、今後このような生産性の高い領域に重点を置くべきである。がん生物の研究と重複がないよう留意すべき。</p> <p>全体のバランスから感じることで、成果が非常によく上がっているため、研究者自身が努力して自ら、或いは他の企業や研究組織に、成果を引き継ぐことが必要かもしれない。</p> | <p>よりミレニアムプロジェクトの趣旨に沿った研究を推進するよう、研究者に一層の周知を図る。本領域は常に他の特定領域との情報交換を行っており、生産性の高い領域を推進させるため外部評価に基づいた計画研究者の交代を行ってきた。特にがん生物とは不必要な重複を避けながらもお互いに連携を深めるよう一層努力していく。</p> <p>本領域では既に30におよぶ特許出願をしており、研究成果を広く社会に還元するため、企業との共同研究やライセンスなどを活発に行っている。今後、残された期間中には、成果の引継ぎについて一層の努力を払ってきたい。</p> |
| 生命システムの解明に向けた統合的ゲノム研究 | <p>基礎的な研究でありミレニアムにはあまり馴染まないが、ヒト以外の生物のゲノム研究（特に線虫、ショジョウバエなどのモデル生物）を行うことは必要であり、その役割をする大事なグループである。</p> <p>ゲノム関連医学はデータベース無くして成り立たない。研究期間中に解読された遺伝子情報がいかなるものであると全ても全ての遺伝子情報の蓄積が完成するまでこの分野の研究は必要である。</p> <p>ボトムアップの研究をうまく統合して進めている。ゲノムシクエンスセンターを開いたことにより、ヒト以外の生物のゲノム解析のスピードアップが達成されている。</p> <p>研究の成果は大いに評価できる。ミレニアムプロジェクトの視点から、ヒトゲノムとの比較ゲノム学に引き続き力を入れてほしい。</p> | <p>ヒトゲノム配列の意味を明らかにするためにはヒト以外の生物のゲノム研究が必須であり、ミレニアムの究極目標には十分合致する。今後も研究コミュニティの総力が結集できる形で進めていきたい。</p> <p>進化上の位置やヒト・生命システム解明への有用性で順位をつけ、機動的・効率的に進めていきたい。</p> <p>ヒトと他の生物の研究はボーダレスになっており、今後とも常にヒトとの関係を念頭に研究を進めていく。そのためもあり、ゲノム情報科学領域から計画研究1班を移籍した。比較ゲノム研究で大いに研究を進めたい。</p> |
| ヒト疾患における遺伝的要因のゲノム解析と分子病態の解明 | <p>疾患遺伝子プロジェクトを補完するものとして重要である。糖尿病、気管支喘息、自己免疫性甲状腺疾患のSNPを解析している。糖尿病及び気管支喘息に関しては関連遺伝子の同定のみであるが、数個の遺伝子の同定まで達成されている。ことに自己免疫性甲状腺疾患に関しては遺伝子の機能まで検討し、疾患発症における遺伝子の作用機序と結びつけて考察しており、この点でゲノム解析の研究としてレベルが高い。</p> <p>日本では困難である患者からの試料の採取システムを作り、研究を進めているのは評価できる。</p> <p>方法論が多様で、つながりが分かりにくく、とあえず出た成果の直接比較が必要。</p> <p>内容が雑然としており、人員の規模が大きすぎるので、評価を行い、研究費の配分を重点化すべき。「がんの診断と治療」の研究との関係を明らかにすべき。</p> | <p>プロジェクト前半には、方法論の評価という意味も含め、多様な方法を使用してきた。今後は、出た成果の比較を進め、様々な方法の評価を行ってきたい。成果を上げるためには2つの異なる方法を組み合わせることが有効である場合もあるので、その点にも留意していきたい。</p> <p>特定領域研究ということで、プロジェクト研究と個別的研究が入り交じり、雑然とした印象を与える事は否めない。今後は、研究費配分の重点化などを通じて、プロジェクト研究が一層進むようしていきたい。方法論の評価にヒト手術サンプルの豊富ながんを使用する機会が多く、「がんの診断と治療」との区別が付きにくかった。この点は、留意したい。</p> |

| | | |
|------------------------|---|---|
| 細胞システム解明に向けたゲノム生物学の新展開 | <p>様々な生物のゲノム解析から興味深い成果が出ており、生物学の進展として興味深い。これからヒトに対する情報も出ることが期待される。</p> | <p>前半の研究成果を踏まえ、後半では、生物種ごとの研究にとどまらず、比較ゲノム研究により生物の普遍性と多様性を明らかにしていくという観点からの研究を強化する。また、各種細菌での研究成果をデータベースに統合することにより、ヒトを含めた生物のゲノム機能の解明に貢献することを目指す。</p> |
| | <p>遺伝子情報から効率よく機能解析を行うための実験手法の開発を行っており、cDNAからタンパク質レベルまで幅広く展開して結果を出している。遺伝子情報が蓄積されたあかつきにはハイスループット機能解析技術が必要となることは明らかであり、今後さらに展開が必要な分野である。</p> | <p>後半でも、ゲノム機能のシステムチックな解明のための、新たな実験手法の開発とその評価を進める。</p> |
| | <p>メタボロームの研究は進展が期待される。</p> | <p>同定できる代謝物質の数を増やすための技術開発を進めると同時に、開発した技術をゲノム研究へ実際に適用し、細菌細胞の代謝ネットワークのモデル化を目指す。</p> |
| | <p>病原菌ゲノム研究の最終目的が、ほとんど分かりにくい。</p> | <p>独自に開発した全ゲノムPCRスキャンング法による病原細菌のゲノム多様性の実態の解明とDNAアレー解析による病原性遺伝子の発現制御ネットワークの解明を中心として、焦点を明確にした研究を進める。</p> |
| | <p>ミレニアムプロジェクトと少し違い領域であり、ゲノム科学の基盤としては重要であるが病原菌の研究が望ましい。ミレニアム・ゲノムの中にも、領域設定のみで完全なボトムアップ公募があれば最高の場と考えられる。</p> | <p>前半に引き続き、優れた公募研究を幅広く採択し、我国のゲノム研究の力量の底上げを図る。</p> |
| | <p>研究のオリジナリテイにやや乏しい。各個研究的な感が否めず、統合ゲノムまたはゲノム情報科学の一環と考えた方がよいかもしれない。パイオニアフォーamatixグループとの連携を深めるべきである。</p> | <p>後半2年間の研究を、遺伝子と蛋白質のネットワークの解明にもとづき細胞という階層のシステムとしての理解という段先の目標に焦点をあて、実験的・情報学的グループの共同研究として推進するために、「ゲノム情報科学」において基礎的な研究が行われ、実験系との緊密な交流によりさらなる発展が期待できるものを本領域に移管する。</p> |
| ゲノム情報科学の新展開 | <p>研究成果、今後の計画、過去2年半の反省が適切になされている。内容的には見事な成果を上げており高く評価できる。</p> | <p>今後も世界をリードする解析ソフトウェアの開発・データベースの構築に取り組む。</p> |
| | <p>ヒト遺伝子の機能に関連した情報を簡単な方法で抽出できるデータベースとその検索ソフトウェアの開発を行っている。このソフトウェアで抽出できる情報は立体構造の予測およびホモロジーなどである。今後ゲノム情報が蓄積整備されるとその有効利用には高機能の解析ソフトウェアが必須となるためこのような研究の重要性は益々高まるものと考えられる。</p> | <p>これまで公開したデータベースや解析ツールに関しては利用者の声を反映するなどしてさらなる改良を図りたい。また、相互作用やパスウェイなどの新しい種類のデータの解析技術の研究開発にも取り組む予定である。なお、データ解析の国内コンテストを開催することで我国の技術水準の押し上げと人材養成を図る。</p> |
| | <p>今後遺伝子の相互作用の研究への挑戦はどうか。</p> | <p>今後、ツーハイブリッドデータなどの蓄積が進み分子間相互作用を解析するソフトウェア技術の需要が高まる。このような状況に対応して研究計画を練り直したい。具体的にはゲノム情報科学の班構成を平成15年度より変更し、相互作用やその集まりであるパスウェイに関する情報処理技術の開発により焦点を当てた研究を展開する計画である。</p> |
| 脳科学の先端的研究 | <p>部分部分では研究が進んでいるようだが、全体像が分かりにくい。この研究自体は先端的で重要であるため、ミレニアムプロジェクトに相応しいものに重点を移すべきである。</p> | <p>アルツハイマー病の研究に関しては、昨年に、発症機序解明および治療法開発のための重点領域を定め、サブグループをつくって活動を開始したところである。この活動を基盤としてさらに研究の推進を図りたい。</p> |

| | | |
|--|--|---|
| | <p>脳内には分化の中間段階の神経細胞が存在し、虚血による神経細胞死した神経細胞を薬物で刺激すると未分化細胞が分化し死滅した細胞の代償をする다고述べているが、生理的に応用可能かは不明である。</p> | <p>一般に、神経疾患の治療に関しては、その試みが始まったばかりであり、まだまだ模索が続いている。その中で、内在性の基幹細胞を活性化して神経細胞の脱落を補うという考えは、もし実現すればその効果ははかりしれない。現に虚血モデルラットでは、神経細胞が補われ、LTPの回復、迷路テストの向上が観察されている。</p> |
| | <p>トランスジェニックマウスを用いて神経細胞死を軽減させるタンパク質を同定しているが臨床応用するためにはこれらのタンパク質を脳内に行き渡らせる必要がある。実際に治療薬として利用可能にするには薬物動態などの重大な問題が未解決である。</p> | <p>同上</p> |

ミネアム・ゲム・プロジェクト/ プロジェクト前半の中間評価を踏まえた対応方針

| 事業名 | 評価報告書における指摘 (改善すべき点) | 評価を踏まえた対応方針 |
|---------------------|--|---|
| 未来開拓学術研究推進事業 | | |
| 研究評価の状況 | <p>未来開拓学術研究推進事業 (以下「未来開拓」という)は、トップダウン型の研究事業で、第一線の研究者による厳しい評価で成果を上げてきており、独創的な研究成果も生まれつつある。</p> <p>ミネアムプロジェクトが、大学の行う事業の観点及び人材育成や分野のバランスも考慮したことなどから、第一線とは言えない研究者が入っているという指摘もある。今後、ミネアムプロジェクトを推進していくうえで、研究の評価や助言を適切に行うことにより、よりよい方向で対処されることが望まれる。</p> <p>未来開拓が生命科学分野の幅広い重要な分野を取り上げているため、これらとミネアムプロジェクトが一部重複しているように見受けられる。今後、関連するプロジェクトについては、ミネアムプロジェクトと未来開拓を有機的に連携させるなど、それぞれのプロジェクトが次への将来展開が期待できるよう十分な研究推進が行われていくことが望ましく、他省庁との連携や整合性を図っていくことも言うまでもない。</p> <p>研究費については、個々の研究者に対してあまり低すぎない金額が配分されること望まれる。</p> | <p>未来開拓学術研究推進事業は、アカデミア選抜といふ新しい試みにより実施されてきており、これまで試行錯誤を繰り返してその都度改善を図ってきたところである。</p> <p>今後もミネアムプロジェクトを推進していくうえで、本評価による指摘を真摯に受け止め、未来開拓学術研究推進事業の研究推進委員会において各研究プロジェクトの進捗状況を常に把握し、適切な研究評価及び指導、助言を行なうことが本プロジェクトの目的を十分に達成するものであると考えており、ご指摘の趣旨を踏まえた対応を図っていくこととしたい。</p> |
| ゲム研究 | <p>本プロジェクトは、候補遺伝子を中心に研究を推進しているが、ホーログゲムとの連携を図るなど、特にヒトゲム多様性解析プロジェクトと疾患遺伝子プロジェクトとの融合性を検討し、その目的を明確にする必要がある。</p> <p>本プロジェクトそのもののレベルは非常に高いので、貴重なヒトのサンプルの共同利用やソフトプログラムの利用なども含め他のミネアムプロジェクトとのグループ連携を強めて欲しい。</p> <p>新しいゲム解析技術の開発やバイオインフォマティクスの一部などに重点化が望まれる。</p> | <p>既に進行しているゲムワイドな多型解析による遺伝子発見プロジェクトを一層推進するため全体を見直し、統廃合を行い、効率的な取り組みができるようにした。評価にもとづくこれらの新方針を全体に徹底するため、研究推進委員会の際に、プロジェクトリーダー全員を集めて、今後の方針について検討し、方向性を明確にしていく。</p> <p>今まで公式に行なわれていなかったため、今後連携を強めていくことに努力していきたい。</p> <p>ゲム情報の機能解析については、日進月歩のマイクロアレイ技術の改良、開発が急務である。これらの技術開発には実践的な課題を解決することが重要であることを認識し、重点的に推進していきたい。バイオインフォマティクスについては、理論研究者と実験研究者が連携して、実用に耐えるプログラム作りを推進する方法を検討している。</p> |
| 発生・分化・再生 | <p>本プロジェクトは、基礎的なものもあるが興味ある成果が非常に多い。妥当な進捗状況であることから、他のミネアムプロジェクトとのグループ連携を図ることを期待したい。</p> | <p>他のミネアムプロジェクトの中では、理研発生・再生科学総合研究センターにおける研究内容が一番近いので、研究報告会を当センター内で公開するなどして、相互の連携を図りたい。</p> |

| | | |
|-------|---|---|
| | <p>本プロジェクトにおいては、特色を出すためにより基礎的な成果を目指すべきであり、色々な分野において研究者個人の能力で研究が進められている印象がある。今後は、共通性を抽出して全体的な方向性を明確にすることを望む。</p> | <p>個人の独創性を重視した研究がすでに進行中であり、また、本分野では研究の多様性はやむをえない面があるので、現在の推進方式そのものは残したい。その中でも、プロジェクト全体の共通性をまとめる努力は行う予定である。</p> |
| 植物遺伝子 | <p>本プロジェクトは、他のミレニアムプロジェクトとの関連も視野に入れた研究の推進が見受けられ、研究推進委員長のリーダーシップが十分に発揮されている。</p> <p>今後の成果の進展に大いに期待するが、本プロジェクトにおける焦点が絞りきれておらず、今後は焦点を絞った研究の推進を期待する。</p> <p>他のミレニアムプロジェクトでは、ほとんどがイネのみに注力しているので、シロイヌナズナなど他の植物を扱っている点は戦略的にも評価に値する。植物の多様性を考慮するとき、本プロジェクトによって基礎研究の方向性を明確にすることも視野に入れてより大きな効果を期待したい。</p> <p>イネゲノムの全貌が明らかになった現在、より多くの国家戦略として価値のある植物ゲノムは今後も解析していく必要がある。我が国では、比較的軽視されやすい傾向にある本分野であることから、是非とも農水省とも連携して戦略的に研究を推進していくべきである。</p> | <p>指摘の通りであり、平成15年度より各プロジェクトについて焦点を明確に設定しなおした。それに伴い、各テーマを再編成、メンバーの入れ替えを行った。</p> <p>当初より目的設定型のプロジェクトであった。しかし、目的を達成するためには基礎研究の必要性を痛感した。評価もその点を十分に理解されたことは大変ありがたい。残る2年間で高い成果を得よう指導したい。</p> <p>農水省の研究体制もイネ集中型から、より多方面へ移行しているように見受けられる。本プロジェクトで扱う材料も多様であり、植物全般にわたる研究として多様な連携ができると思う。人間が生きていなければ医療もないわけで、食糧を始め人間の生存そのものを支えている植物の重要性を再認識し、今後の研究体制をより充実していきたい。</p> |

ミニウム・ゲルム・プロジェクト/ プロジェクト前半の中間評価を踏まえた対応方針

| 事業名 | 評価報告書における指摘 (改善すべき点) | 評価を踏まえた対応方針 |
|---------------------|--|---|
| 厚生労働科学研究費補助金 | | |
| 研究評価の状況 | 適正な評価方法がとられている。事業全体を統括する組織化が必要である。 | 厚生労働省の「科学研究開発評価に関する指針」を踏まえ、適切に対処したいと考えている。 |
| | 厚生労働省の研究であるので、病気の視点が何より先大切である。一部にはやや基礎的に過ぎると考えられるものもある。 | 厚生労働科学研究の目的は、厚生労働科学研究の振興を促し、もって、国民の保健医療、福祉、生活衛生、労働安全衛生等に関し、行政施策の科学的な推進を確保し、技術水準の向上を図ることであることから、今後とも、目的達成に向け、努力していきたいと考えている。 |
| | 個別プロジェクトは殆どがミニウムで取り上げられているテーマと重複するため、どのような協力体制がとられているかが問題であり、例えば基礎面と応用面とを区別して実施する等の工夫が必要。厚生労働科学研究費補助金は、もっとミッションオリエンテッドな性格を打ち出して、文部科学省型と明確に線を引いた方が良いのではないかと。 | 厚生労働科学研究の目的は、厚生労働科学研究の振興を促し、もって、国民の保健医療、福祉、生活衛生、労働安全衛生等に関し、行政施策の科学的な推進を確保し、技術水準の向上を図ることであることから、今後とも、目的達成に向け、努力していきたいと考えている。 |
| | 評価方法は適正であると考えられる。かなり実用化を意識しているもので、他のプロジェクトとは大きく異なり、目標が明確なので、評価はしやすいと思われるが、厳しなりすぎる恐れがある。 | 厚生労働省の「科学研究開発評価に関する指針」を踏まえ、適切に対処したいと考えている。 |
| | 事業の性質上、全体を統括するリーダーがいけないため、どのようなスタンスで研究組織が生まれ、各班がどのような研究者によって構成されているか、内部でどのように評価が行われているか等が掴みにくく、全体としての評価が難しい。組織全体の明確な意志、方向、目的がはっきりしないため、何かばらばらな印象を受ける。全体を統括する組織化が必要とされる。時代の変化に応じてこの点を思い切って変えるべきではないかと。 | 全体としての評価のみならず、各分野ごとの評価を実施し、各分野ごとの意志、方向、目的がより明確化するよう、平成14年度に改正した「厚生労働省の科学研究開発評価に関する指針」を踏まえ、適切に対処したいと考えている。 |
| | 3年の期間限定の研究で目標を明確に定めて邁進できるが、逆に短期のプロジェクトというものがどこまでプロジェクト研究として成り立ち得るのかどうか今後十分検討されるべきであろう。特に臨床応用に向けたプロジェクトであり、しっかりと統括と評価の下に長期的な視点に立った支援がなされるべきものであると考える。 | 厚生労働科学研究は、原則3年間を研究期間としているが、本事業における全体の効果が大きくなるように、研究課題の発展性を考慮し、研究の継続も含めて、十分検討することとしている。 |
| 心不全の病態解明と原因遺伝子の同定 | <p>遺伝子、分子、組織の各レベルを全体的に関連づけながら進める方式は良いやり方と考える。遺伝子改変マウスの作製に成功しており、ノックアウトマウスという方法に集中したグループの形成は一貫性がある。</p> <p>心不全の病態との関連が明確でない。ヒトと心不全の発症との関連をより深く追求すべきであり、目的をはっきりさせる必要がある。</p> <p>欠陥遺伝子を導入したモデルマウスについて、その表現型をみると、異常が見られるものはいくつかあるが、それらが実際の心不全と関係あるかどうか分からない。これらの研究から心不全の薬の開発が可能なのか疑問。遺伝子と心不全の因果関係を調べるアソシエーション・スタディが重要ではないかと。</p> | <p>本年度にて研究終了予定であるが、研究成果の発表等において、ご指摘の点をふまえて検討したいと考えている。</p> <p>本年度にて研究終了予定であるが、研究成果の発表等において、ご指摘の点をふまえて検討したいと考えている。</p> |

| | | |
|------------------------------------|--|---|
| ゲノム技術を用いた不応性貧血の病態解明 | 遺伝子側からのアプローチは順調に進捗しているものと判断する。組織立つ計画がなされており、発展が期待できる。特に、Blast Bank 350ケースの作製は高く評価できる。 | |
| | 臨床への応用をどうするのか、より一層の明確な戦略が必要である。 | 本年度にて研究終了予定であるが、研究成果の発表等において、ご指摘の点をふまえて検討したいと考えている。 |
| | MDS leukemiaとde novo AMLとの関係を調べるのは良い。 | |
| 新規遺伝子導入技術を用いた難治性循環器疾患遺伝子治療の臨床研究 | HGFの利用は順調であり、新しい遺伝子delivery systemの開発も進んでいる。但し効果の持続性はあるのか。 | 本年度にて研究終了予定であるが、研究成果の発表等において、ご指摘の点をふまえて検討したいと考えている。 |
| | 新しいベクターの発見、利用は進歩しているので、もっと上のベクター開発へ進むべき。遺伝子導入による効果が一時的なものではないか、DNAを入れた時の効果の持続が必要。 | 本年度にて研究終了予定であるが、研究成果の発表等において、ご指摘の点をふまえて検討したいと考えている。 |
| | HVJの遺伝子導入効率などについて一層の研究が必要。また、臨床へのステップの際に何かネックになるのかを明らかにすべき。 | 本年度にて研究終了予定であるが、研究成果の発表等において、ご指摘の点をふまえて検討したいと考えている。 |
| | 成果は挙げられているが、臨床応用につながるかどうかによって本プロジェクトは今後評価されるべきものとする。 | 本年度にて研究終了予定であるが、研究成果の発表等において、ご指摘の点をふまえて検討したいと考えている。 |
| | HGF遺伝子導入等は企業化が進んでおり、企業がスポンサーとなっている。これに関わっている企業との明確な線引きが必要。 | 本年度にて研究終了予定であるが、研究成果の発表等において、ご指摘の点をふまえて検討したいと考えている。 |
| 生命科学研究に必要な培養細胞研究資源管理基盤の整備に関する総合的研究 | コンスタントに事業を進めている。リソースセンターは大変に必要な研究資源であり、国際競争力の視点からも、国家事業として整備していくことは極めて重要。特に今後の生命科学を考える時、培養細胞の資源整備は不可欠である。可能であれば将来は医薬に関係のある植物細胞にも拡大すると良い。良質なライブラリーの作製が必要。 | 植物については国立医薬品食品衛生研究所筑波薬用植物栽培試験場において薬用植物研究資源の整備を推進している。またライブラリーについては国立感染症研究所遺伝子バンク事業において様々なライブラリーの作成に取り組んでいるところである。また、細胞バンクと遺伝子バンクの連携において重要な細胞からのライブラリー作成の共同作業も考えている。 |
| | 無限に近い細胞株について、何をするための何を指向して細胞株を保存するのか、リソースに加入すべき株等の検討に合理性を持たせる必要がある。基盤に組み込む培養細胞は、正当な評価を経て選択すべき。また、リソースの維持と維持のために必要な研究の区分を明確にすべき。 | 合理的な理由のもとでのリソースの収集を進めるために、次期研究班の構成においては細胞株収集委員会の設置を指導する。本研究班はリソースの維持のための研究を目的としていることは明確である。しかし、維持のための研究そのものが大変に幅が広いものであることを考慮する必要がある。現場が考えているリソース維持のための研究とは、ヒト細胞の研究資源化ならびに収集に関する研究。収集した細胞の品質管理にかかわる研究。細胞を管理するためのバンクシステムの構築に関する研究（情報システムの構築を含む）。ヒト細胞の研究資源化に関連する倫理問題の検討に関する研究。の4点である。 |
| | 委員会の組織、公開の方法、国内外の他の細胞バンクとの連携のあり方等、Cell Bankとしての将来像や経費面の方向性について検討されるべき課題が残されている。 | ご指摘の点について、今後検討していきたいと考えている。 |

研究より事業として取り扱うのが適切ではないか。完全なタスクフォース型にするべき研究費であり、競争的資金からは外し、代わりに十分な評価を行いつつ安定資金で運営するべき。

ご指摘のとおり、今年度より競争的資金による研究ではなく、行政的に重要な研究として、重点的資金等の安定資金にて運営できるような形にするよう検討したい。