

①事業名	【41】比較ゲノム解析プロジェクト	
②主管課及び関係課(課長名)	研究振興局ライフサイエンス課(課長:佐伯浩治)	
③施策目標及び達成目標	<p>施策目標4-2 ライフサイエンス分野の研究開発の重点的推進 達成目標4-2-1 生命現象の解明に必要な基礎的知見の蓄積を図る。</p>	
④事業の概要	<p>これまでゲノムの完全解読が行われた動物種はヒトをはじめ極めて限られており、これまで解析されていない動物種のゲノム解読を進めるとともに、既存のゲノム解析データを活用しながら、異なる種間のゲノムの構造と機能の比較解析を行うことにより、ゲノム機能の解析を進める。</p> <p>具体的には、進化上ヒトに至る動物種のうち、特に戦略的に取組むべきゲノムを解析し、他の種とのゲノム構造と機能の違いを探ることにより、ヒトの遺伝的特徴を解明するための基礎的知見を集積し、新たな遺伝子機能の発見や、生物の進化、さらには言語や脳の働きをはじめとするヒトの遺伝的特徴の解明を目指す基盤を形成する。</p> <p>このため、ゲノム解読と比較解析による遺伝的特徴抽出の研究提案を公募し、戦略的に取組むべきテーマを選定する。成果については、データベースに一元的に保管、提供できる環境を整備する。</p>	
⑤予算額及び事業開始年度	<p>平成18年度概算要求額:124百万円(新規) 事業開始年度:平成18年度</p>	
⑥事業開始時において得ようとした効果	〔拡充事業の場合のみ記入〕	
⑦得られた効果	〔拡充事業の場合のみ記入〕	
⑧得ようとする効果及び上位目標との関係	<p>【得ようとする効果】 比較ゲノム研究に必要な基盤となるデータの蓄積が図られることにより、ヒトの遺伝的特徴の解明が進展するとともに、病気の治療や脳機能の解明などに資する技術への貢献が期待される。</p> <p>また、ヒトゲノムの解析の際には、我が国は貢献度第3位であったものの、完全長 cDNA など遺伝子解析においては優位性を確保したところであり、これらの意味解明のためにも、ヒト以外の未解析のゲノムについても、優位性のある材料を用いて我が国のゲノム解析分野における地位を確保する。</p>	<p>⑨達成年度</p> <p>平成22年度</p>
		⑩必要性

*1 ゲノム解析を推進し、タンパク質、RNA、糖鎖、脂質などの構造・機能の解明をすすめるとともに、それらの相互作用を明らかにするネットワーク研究に取り組む。得られた膨大なデータを活用するバイオインフォマティクスを推進し、生命現象をシステムとして理解する研究に取り組む。また、ゲノム科学と既存の生命科学分野を密接に連携させ、生命現象の統合的理解を促進する。

⑪効率性	<p>【事業に投入されるインプット（資源量）】 本事業の予算規模は124百万円である。また、我が国にはヒトゲノムの解読の際に整備された設備と人的資源及びノウハウの蓄積があり、新たに多くの投資を必要としない。</p> <p>【事業から得られるアウトプット（活動量）】 本事業により、新たな動物種のゲノムデータの蓄積が進むとともに、比較解析によって、新たな遺伝子機能の発見や、生物の進化、さらには言語や脳の働きをはじめとするヒトの遺伝的特徴の解明に向けた研究が一層加速すると期待される。生物の進化の解明はライフサイエンス研究の大目標の1つであり、我が国の研究の優位性を確保する観点からも、これらの成果の創出に向けて、本事業に積極的に取り組む必要がある。</p>
⑫想定できる代替手段との比較考量	<p>ゲノムを解読するためには、例えばヒトの場合30億個の塩基対を解読する必要がある。その解析に必要な膨大なマンパワーや経費等を必要とする。また、ヒトの遺伝的特徴を明らかにするためには、単一種のゲノム情報だけではなく、原猿類等ヒトと近縁の多くの種の全領域の解析を行わなければならない。これらの観点から、本事業は、個別の研究者の興味を越え、戦略的に我が国として確保すべきゲノム情報を解析する国家プロジェクトとして取り組む必要がある。</p> <p>農林水産省においては、産肉性や肉質などが優れたブタの選抜育種への貢献等を目指し、家畜ゲノム解析を行っている。このように別途解析が行われている動物種については、データを活用することにより、効率化を図る。</p>
⑬指標・参考指標	論文等の状況（数、IF）、成果の情報提供、活用状況 等
効性	研究報告及びそれに対する評価等による。
得ようとする効果の達成見込み及びその判断根拠	<p>本分野の我が国の位置づけは、イネゲノムでは世界第1位（55%）、ヒトゲノムの解析に当たっても世界第3位（6%）であり、優位な状況である。また、米国においても動物ゲノムが重要視され始めるなど、本分野への関心の高まりも見られる。</p> <p>このような中、世界に先駆けて国家プロジェクト化し、ゲノム解読と比較解析による遺伝的特徴抽出の研究に取り組み、成果をデータベースに一元的に保管提供できる環境を整備することによって、ゲノムに基づく進化の解明等の分野で我が国が確固たる地位を確立することができる。</p>
⑭公平性、優先性	[政策の特性に応じて、必要により評価]
⑮評価に用いたデータ・情報・外部評価等	
⑯備考	

比較ゲノム解析プロジェクト

平成18年度概算要求額
124百万円(新規)

目的:進化上ヒトに至る動物のゲノムを解読、比較し、その構造と機能の違いを探ることにより、ヒトの遺伝的特徴を解明するための基礎的知見を集積する。

本分野を取り巻く背景:

ヒトゲノムの機能を明らかにするためには他種との比較解析が有効であり、ヒトに至る未解読の種の解読と解析が必要。
米国から我が国固有種の解析を提案されており、我が国固有種の遺伝情報を他国の管理下におかれかねない状況。

これまでに明らかになっているゲノム:ヒト、チンパンジー、ラット、マウス、ニワトリ、フグ、ショウジョウバエ 等

研究期間:平成18年度～平成22年度(5年間)

研究のイメージ

ヒトの遺伝的特徴を、進化の過程を踏まえつつ明らかにすることを目的に、

- ①これまでに解読が進んでいない動物のゲノム解読
- ②当該解読結果と既解読種のゲノム情報比較

を行い、ゲノム機能の解明を進める研究を公募により選定。

個別の課題は、2年程度の研究期間とし、5年間で8種程度を対象とすることを旨とする。

