

# 組換えウイルス・コアバンクの創設とその高度利用のための 基盤技術に関する研究

## I 試験研究の全体計画

### 1. 研究の趣旨

組換え遺伝子工学の進歩発展に伴い、2003年にはヒトの全遺伝子構造が明らかになり、この情報をターゲットにしたポストゲノムの学問に興味が集中することが予想される。高発現能力を有し、広範囲な宿主に対して遺伝子導入が可能なウイルスベクターの研究開発もその代表プロジェクトのひとつである。そして、将来のより改善された遺伝子治療のための遺伝子組換えウイルスベクターの開発研究は大いに推進されてしかるべきプロジェクトといえる。近年この組換えウイルスベクターを基盤とする組換え個体及び組換え体マテリアルの総算出数は年々増大の傾向を示し、現在までに膨大な数にのぼっている。しかしながら、その安全性、生産性に関する審査規定は現在のところ皆無に等しい。更に、病原性、非病原性ウイルスの迅速な検出法の開発と対策は、医療分野では常時整備されていなければならない不可欠の技術であるにもかかわらずこの分野は極めて遅れている。

また、農林水産分野では、高い生産性を維持するため、動植物のウイルス感染を防ぐことは必須技術となってくる。これらの遺伝子組換えウイルスの検出に関する比例対照となる「標準ウイルス」材料は生命科学の各分野で必要とされている。そこで、ウイルス粒子の収集、品質管理、保存、供給ができる「公的」なバンクを設立し、分子生物学、遺伝子工学を基盤とした組換えウイルス遺伝子の体系的な検出法を開発してゆく事が急務である。

特に、遺伝子組換えウイルス作成のための親株としての野生型ウイルス、遺伝子組換えウイルスDNA、それらの感染細胞、遺伝子組換えウイルス導入細胞の収集・品質管理・保存・供給システムの構築、標準株の蓄積と安全管理体制の構築、インターネットの利用による遠隔地統合型バンク運営体制の構築をIのテーマとし、予想外に変異する組換えウイルス遺伝子の変異法則性の研究、組換え個体及び組換えマテリアル内での新規体系的検出システムの開発をIIのテーマとして研究を推進する。

### 2. 研究概要

現在、多種多様な遺伝子組換えウイルスの開発は、バイオテクノロジー産業ではもはや必須の基礎技術として認知されている。それらを利用して算出された大量の組換え生物は、すでに官民を問わず斯界の研究室に広範囲に分布している状況にある。しかしながら、これら組換えウイルス

個体、マテリアル内での変異組換え、再構成の規則性、及び体系的検出法の創出とそれを利用した組換えウイルスの多様性等に関する情報は全く整理されていない。遺伝子治療においては、使用したウイルスベクターに関する安全性試験は必須である。しかし、わが国で初めて実施された遺伝子治療の症例では、わが国における法的バックアップ体制が不整備のため、ウイルスベクターの安全性試験は100%米国の技術に頼らざるを得なかった。わが国には安全性試験の技術蓄積の基盤となる標準化参照材料コレクションがないことも、その重要な原因である。更に、国内独自の技術によらず、外国の技術を用いる際に、高額な特許料を外国に支払うことになり、国内産業の推進を考慮すると、懸念すべき状況である。第一例が成功したため遺伝子治療が普及し始めている現在、それらの整備は焦眉の急である。遺伝子治療の場合に限らず、広く普及してしまった遺伝子組換え技術の産物の膨大さを考慮すれば、少なくとも参照コレクションのコアとなる「標準」及び遺伝子組換えウイルス材料の整備は緊急に必要である。これが本プロジェクトでいう、組換えウイルス・コアバンクの創設である。

以上のように本研究開発では1. 遺伝子組換えウイルス・コアバンク創設を目指し、その整備技術に関する研究とそれをバックアップするための2. 遺伝子組換えウイルス・コアバンクの高度利用に関する研究より構成される。

#### [大項目]

「組換えウイルス・コアバンクの創設とその高度利用のための基盤技術に関する研究」

#### [中項目]

1. 組換えウイルス・コアバンク創設のための整備技術に関する研究

遺伝子組換えウイルス、遺伝子組換え細胞、遺伝子組換え個体、遺伝子組換えマテリアル及びそれらの遺伝子断片同定のためのSTS (Sequense Tagged Sites)/ETS (Expression Tagged Sites) マーカーの収集と保管、遺伝子組換えウイルス・データベースの作成及び品質管理の技術に関する研究を行う。

#### [小項目]

(1) 組換えウイルス感染細胞の収集と保管に関する研究 (理化学研究所)

ウイルス組換え体細胞 (細胞染色体内に組換えウイルス遺伝子が組み込まれたもの) と組換えウイルス感染細胞 (感染後も安定な細胞形態を維持しながら細胞染色体内に組換えウイルス遺伝子が組み込まれていないもの) の収集、受入検査を行い、生産、品質管理検査、保存、分譲の各ス

トップで必要なバンク運営の標準手順書 (SOP) を整備し、班内に向けて組み換えウイルス・コアバンクの仮開設を目指す。また、データベースの整備をする。

(2) 組換えウイルス親株、組換えウイルス粒子及び組換えウイルス DNA の収集と保管に関する研究 (理化学研究所)

動植物の DNA 組換え体の原料となる組換えウイルス親株、組換えウイルス粒子及び組換えウイルス DNA の保存、検出や品質管理の標準化と普及に資するため、収集・受入検査・生産・品質管理検査・保存・分譲の各段階に関わる技術の開発・改良に関する研究を行う。また、班内に向けた遺伝子材料の提供のために組換えウイルス親株、組換えウイルス粒子、組換えウイルス DNA およびそれらの遺伝子断片同定のための STS/ETS マーカーの収集、保管および分譲を行う。組換えウイルス保存技術の向上のために、保存薬剤、保存温度、凍結融解頻度等の保存条件を検討し、最適な保存条件を決定する。引き続き組み換えウイルス等の検出に関する比較対象となるウイルス材料の収集、保存を行い班員からの要請に応じて分譲する。様々な条件下で凍結保存した組換えウイルスを再び宿主細胞に感染させ、感染効率および遺伝子発現効率を算出し、得られた結果を検討して保存に最も適した保存条件を決定する。組換えウイルスを保存した結果、感染効率が特に影響を受けやすいと思われるので、感染効率と保存条件の相関を検討する。データ入力中の組換えウイルス・データフォーマットを用い、遺伝子材料の保存および分譲に際して想定されるいくつかの場合を設定して対応を検討し、それに基づきデータフォーマットの改良を行う。組換えウイルス・コアバンクの仮開設に備え、バンキングに関わる SOP の準備を進める。

(3) STS/ETS マーカーの検索と組換えウイルス改変技術に関する研究 (理化学研究所)

組換えコアバンク創設のために各系統ウイルス親株、変異株及び遺伝子組換えウイルス株の DNA に対応した STS/ETS マーカーの検索と収集を行うと同時にこの情報をデータベース化する。STS/ETS マーカーの同定のための連続的プライマースキャンニング法の研究開発、及び各遺伝子組換えウイルス株の変異、組換え点の同定のためのシーケンスキャンニング法の研究開発を行う。その他、理化学研究所・ジーンバンク室・DNA 開発銀行に寄託された完全長、cDNA クローン化断片をアデノウイルス、レトロウイルス、アデノアソシエートウイルスベクターに組み込み、新規組換えウイルスベクターを作成する。昨年度に cDNA は終了したので、本年度はげっ歯類の cDNA を対象にウイルス化する。更に、汎用の多い癌、発生、老化、分化、アポトーシス、細胞周期、免疫、神経の各分野で、代表される遺伝子クローンの遺伝子組換えウイルス化を行う。各ウイルス遺伝子断片の変異及び組換え、置換による多様性を検索する SNPs 法を開発する。組換えウイルスの変異検出法の開発のために、p53 遺伝子をモデルシステムとし、

現在 2 つの変異株を同定した。これを用いて変異点の定量化と変異同定法を開発する。p53 変異の生物活性、p21 mdm2 プロモーター、G1 休止、アポトーシス (Turnel & DNA ラダーアッセイ)、DNA 結合に焦点をあて解析する。

(4) 組換えウイルス・データベースの作成 (農林水産省生物資源研究所) (宮城教育大学)

組換えウイルス及びウイルスベクター作成に使用される遺伝子断片を整理しその性状、変異箇所多様性、変異頻度、高感度検出法等の情報に関してデータベースを作成し入力フォーマットの設計を完了し、既存のインハウスデータを用いて試験データの入力と、入力プログラムの動作確認を行う。既存の関連データベースを参照しデータベースに必要な、閲覧、検索システムについて調査を行い、それに基づき、データ構築部ソフトウェアの設計をシステムエンジニアを使って行う。構築したデータベースをインターネットから閲覧できる様にデータベース・サーバーソフトウェアの設計をシステムエンジニアを使って行う。更に、インハウスデータ以外の組換えウイルス・コアバンク関連研究の成果のデータベースを入力できるシステムを構築する。

[ 中項目 ]

2. 組換えウイルス・コアバンクの高度利用に関する研究

遺伝子組換えウイルス、更に遺伝子組換えウイルスを用いて作成された組換え細胞や組換え動植物個体における変異株の体系的検出法の技術開発を行う。また、汎用されつつあるウイルスベクターを基盤として、簡便・迅速・高感度・低コスト化を図るウイルス遺伝子検出法の技術開発を展開し、新規手法の構築を行う。また、新しい新規組換えウイルスベクターの構築と宿主、臓器特異性を有する新規ウイルスベクターの開発を行うと同時にウイルスベクター遺伝子断片の変異の多様性を検索するシステムを開発する。

[ 小項目 ]

(1) 組換えウイルス遺伝子の挿入、欠失、変異、組換え部位の高感度検出法に関する研究

組換えウイルス遺伝子の高感度検出法の研究開発及び変異弛緩の検定に関する新規手法を考案し、遺伝子治療のためのベクターの改変と新規ベクターの構築に関する研究開発を行う。

① アデノ、レトロ組換えウイルスの改変と変異検出法に関する研究 (札幌医科大学)

遺伝子発現能力が高く、最近、頻繁に遺伝子導入に使用されているアデノウイルス、レトロウイルスのベクターの改変とその標的細胞に対する生物活性、及び変異同定の検出法に関する研究開発を行う。細胞増殖、腫瘍抑制、アポトーシス、細胞周期などに関連した遺伝子ならびにその変異体遺伝子を発現する組換えアデノウイルスまたは、レトロウイルスを作成する。アデノウイルスに関しては、ヒトアデノ 5 型のキャプシド、ファイバー変異型、ヘキソン変

異型、ペントン変異型、制限増殖型などの変異株を作成する。また、これらの免疫原性について検討すると予期不可能な変更の高感度検出法に関してもその開発を行う。ウイルスを高力価、安定して増やすため最適宿主細胞株を樹立する。更に、高い力価のウイルスを効率よく得る手法のシステムを確立する。

## ② DNA および RNA 組換えウイルス遺伝子の新規検出法に関する研究（厚生省国立感染症研究所）

ヒトパルボウイルス、ヘルペス群ウイルス（単純ヘルペスウイルス）、水痘帯状疱疹ウイルス、サイトメガロウイルス、エプシュタインバルウイルス、ヒトヘルペスウイルス 6, 7, 8 型、ワクシニアウイルス、アデノウイルス、ポリオーマウイルス、パピローマウイルス、ヒトおよびサル免疫不全ウイルス等の組換えウイルス検出のための新規検出技術の開発を行う。そのための STS/ETS マーカーの同定と情報のデータベース化を行う。本年度は、ヘルペス群ウイルス、ワクシニアウイルス、ポリオーマウイルス、パピローマウイルス、ヒト及びサル免疫不全ウイルス等のウイルス及びウイルスベクターを高感度に PCR 法で検出するための適切なプライマーの設計を行う。こらら PCR 法の感度を検討するために、対象となる標準ウイルス感染を製作し検出感度を測定する方法を確立する。更に、AT-tailing 法を用いた高感度検出法の樹立を行う。

## ③ アデノ随伴組換えウイルスの改変とその組み込み機構に関する研究（自治医科大学）

アデノアソシエートウイルス（AAV）ベクターの発現効率・存在様式に及ぼす因子の解析を行うと同時に組み込み機構の解析を行う。AAV ベクターで組み込まれた遺伝子の PCR 法による高感度検出を ITR（inverted terminal repeat）領域に設定した primer を用いた long PCR や nested PCR を利用して行う。得られた DNA 断片はダイレクトシーケンスを行い、変異等の有無の解析する。AAVSI 特異的外来遺伝子組み込み法（TVI 法）による外来性遺伝子導入部位の解析を FLSH によりマッピングする。アデノウイルス部位を組み込んだ AAV ベクターの作製及びその AAV ベクターの作用の検討、E4orf6 及び E1b は協調して、2 本鎖合成を促進すると考えられるので、これらを組み込んだ AAV ベクターを作製する。ITR 領域の Primer 設定では検出できない組み込み細胞株が沢山存在した事より、遺伝子 CMV プロモーター領域に primer を設定する方法に切り替える。293 細胞や K562 細胞では AAVS1 以外の部位に組み込まれたクローンの FISH 解析により部位の mapping を行う。3'-側についても組み込まれた DNA 周辺の構造を解析する。

## ④ 組換えウイルスの細胞内動態に関する研究（日本医科大学）

組換えウイルスの挿入部位の同定、及びベクターの安定性、変異、組換えをはじめとする細胞内動態を明らかにす

るための高度検出法の研究を行う。病原性ウイルスの出現しない組換え HIV ベクターが CD4<sup>+</sup>細胞に特異的に高率で感染する事を明らかにすると共に HIV ベクターにより非分裂期のリンパ球、マクロファージへの遺伝子導入の可能性について検討する。HIV ベクターが感染体に組み込まれた細胞株を樹立し、その挿入部位の構造解析を行う。更に、ベクターの宿主染色体への挿入に伴いどのような形の遺伝子の組換えがどの位の頻度で起こるかを解析する。

## (2) 組換えウイルス感染細胞、感染個体の分子診断学的研究と体系的検出法の実証試験に関する研究

2- (1) で開発された各種の体系的検出法をもとに、研究最先端のいわば現場材料である標準化されていない組換えウイルス感染細胞、感染個体等から、高感度の遺伝子検出を試みる。組換えウイルスの中には宿主の染色体 DNA の中に挿入されずに保持されつづけるものもあるが、挿入され再編成をおこすものも多く、これら突然変異体をも検出する手法として、in situ hybridization 法や連鎖分析マーカーの研究開発を行いつつ、宿主染色体レベルでの挿入部位の座位の決定等も行い、体系的検出法の妥当性の検証（実証試験）を行う。その結果は随時、2- (1) の開発元にフィードバックされ、また SOP 作成過程にもフィードバックされる。

## ① 組換えウイルス臨床検体の新規分子診断法に関する研究（京都大学）

組換えウイルス臨床検体の新規分子診断法として自ら開発した RNA 診断の新規手法、インターカレーションモニタリング、PCR（IM-PCR 法）法を更に開発し、高感度の分子診断法を発展させる。又、特異的配列へのインターカレーションで、蛍光強度が増強する蛍光色素の選定とプローブ内の標識位置が発蛍光に及ぼす影響を解析する。生体試料からの直接 PCR 法、In situ PCR 法、PNA による遺伝子検査の手法を開発する。PNA（ペプチド核酸）による常温ハイブリッド法の開発も行う。

## ② FISH 法と高精度バンディング法による組換えウイルスの分子診断法に関する研究（東京医科歯科大学）

各種組換えウイルス感染細胞において、ウイルス DNA 断片の宿主染色体 DNA への挿入部位の検索を行うため、高精度バンディング法と FISH 法の改良（ファイバー FIAH）と新規開発研究を行う。アデノ随伴ウイルス（AAV）感染細胞や AAV をベクターとして外来遺伝子が導入されたヒト細胞を試料に、ウイルス DNA の宿主染色体への挿入部位を FISH と高精度バンディングとの併用法により同定すると同時に宿主細胞の遺伝的不均一性についても解析する。

## ③ 組換え SIV 感染個体を利用した組換えウイルスの分子診断法に関する研究（厚生省国立感染症研究所）

SIV 感染及び組換え SIV ウイルス感染個体内での組換えウイルスの同定、検出を血液、各種臓器より行い、生体内

での変異，組換えの法則性を明らかにする。アジア産マカク属サル，特にカニクイザル，アカゲザル，ブタオザルはオンコウイルス亜科に属する TypeD レトロウイルスに自然感染しており，SIV と同様の免疫不全状態を引き起こす。血清学的に陰性でも潜伏感染している個体が存在する事，同じレトロウイルスである SIV と組換え体ウイルスを体内で形成する可能性がある。サルエイズウイルス感染初期，中期，末期，長期感染生存ザルの血液，各臓器から SIV ウイルス遺伝子を RT-PCR 法，PCR 法を用いて検出し，その Quasi-species の解析を通じて感染個体内での組換え体の検出を行う。

(3) 組換えウイルスの分子進化の数学的解析に関する研究 (文部省国立遺伝学研究所)

ウイルスは元来，体内で増殖するが，その過程で遺伝子変異をおこす。この様な予想外の突然変異に起因するウイルスの性質の変化はウイルスの感染予防，ワクチン開発によって重要な問題となる。突然変異の起こるパターンの予測をウイルス遺伝子変異データベースをもとに作成し，そのデータを分子進化的に解析する事によってウイルスの

進化パターンを明らかにする。進化パターンデータベースの開発もあわせて行う。不測の感染などの自己の防止を目指すと共に，ワクチンの開発を支援する事を目的としたシステムの開発を目指す。各種ウイルス遺伝子の多重整列データベースを作成し，分子系統樹その作成する。そして，ウイルス遺伝子の変異速度を数学的に解析し，生物の進化過程を明らかにする。

(4) 組換えウイルス遺伝子の高感度検出法のバリデーション (評価試験) とその標準化 (SOP) に関する研究 (㈱ジャパンエナジー)

技術的成熟化を促進するため，発売元とは異なる研究施設による，組換え体ウイルス遺伝子の新高感度検出法のバリデーション (評価試験) を行う。その結果は随時開発元にフィードバックされ，確定し，標準化されたプロトコール (Standard Operation Procedure, SOP) の作成に関する研究を行う。モデル実験をして，①ヒト AAV 感染細胞を対象として，SOP を作成する。次に，②MFG 組換えレトロウイルスの検出法のバリデーションとその標準化の検討を実施する。

3. 年次計画

研究項目	10年度	11年度	12年度	13年度	14年度
1. 組換えウイルス・コアバンク創設のための整備技術に関する研究					
(1) 組換えウイルス感染細胞の収集と保管に関する研究	ウイルス，標準株及び組換え細胞の収集と品質管理		ウイルスコアバンクの仮設置		
(2) 組換えウイルス親株，組換えウイルス粒子及び組換えウイルス DNA の収集と保管に関する研究	組換えウイルス株の収集と STS/ETS マーカーの収集と情報の整理			組換えウイルス・データベースの公開と情報交換	
(3) STS/ETS マーカーの検索と組換えウイルス改変技術に関する研究	完全長寄託 cDNA を利用した新規ウイルスベクターの作成				データベース化
	新規組換えウイルス作成，発現特異的ベクターの構築				データベース化
	汎用ウイルスベクターの STS/ETS 化の評価研究		STS/ETS の多様性検定のため SNP 法の開発		データベース化
(4) 組換えウイルス・データベースの作成と品質管理に関する研究	組換えウイルス・データベースの基本設計と管理保管に関する研究 (変異置換，性状等)			ネットワーク構築	
					(1, 2 の成果の取りまとめのデータベース化及びネットワーク構築)
2. 組換えウイルス・コアバンクの高度利用に関する研究					
(1) 組換えウイルス遺伝子の挿入，欠失，変異，組換え部位の高感度検出法に関する研究	各種アデノ組換えウイルスの作成 (細胞増殖，癌アポトーシス etc)				データベース化
① アデノ，レトロ組換えウイルスの改変と変異検出法に関する研究	アデノキャプシドタンパクの変異同定		制限増殖型アデノウイルス変異体の作成		左記ウイルスの生物活性 データベース化
② DNA 及び RNA 組換えウイルス遺伝子の新規検出法に関する研究	各種ウイルスの高感度同定法のための新規技術の開発		各種ウイルスの変異点の同定		変異検出法のデータベース化

研究項目	10年度	11年度	12年度	13年度	14年度
③ アデノ随伴組換えウイルスの改変とその組み込み機構に関する研究	AVV ベクターの挿入部位の分子生物学的解析		AVV ベクターの遺伝子治療のための改変		AVV ベクターの有効性のデータベース化
④ 組換えウイルスの細胞内動態に関する研究	HIV ベクターの細胞株より挿入部位クローニングと解析		遺伝子治療のためのベクターの安定性の解析	ベクターの細胞内動態の解析	局在性、安定性、ベクターの保持に関するデータベース化
(2) 組換えウイルス感染細胞、感染個体の分子診断学的研究と体系的検出法に関する研究	IM-PCR の臨床検体への適用と蛍光プローブの開発	PNA 法と挿入特異配列の決定と蛍光プローブの開発	in situ LCR 法 クロマチン構造の解析	RNA 増幅法挿入配列の不安定要因の解析とその配列のデータベース化	in situ PCR 配列の不安定化を標的とするウイルス治療薬の開発
① 組換えウイルス臨床検体の新規分子診断に関する研究					
② FISH 法と高精度バンディング法による組換えウイルスの分子診断法に関する研究	FISH 法による宿主染色体への組み込み同定と安定性の研究	2色フロー FISH の開発	イバー FISH の開発を用いた応用法	各種組み込みウイルスの同定	分子診断染色体レベルのデータベース化
③ 組換え SIV 感染個体を利用した組換えウイルスの分子診断法に関する研究	SIV の分子診断法の研究開発	SIV 組換えウイルスの作成とその感染性の検証	高感度組換えウイルスの体系的検出法の開発		
(3) 組換えウイルスの分子進化の数学的解析に関する研究	各ウイルス遺伝子分子進化同定法の開発	モデル個体を利用した分子進化の実証と検定			データベース化とウイルス・データベースへの挿入
(4) 組換えウイルス遺伝子の高感度バリデーションとその SOP に関する研究	ウイルス検出のため新規手法の開発とその評価試験の実際		SOP による評価		SOP プロトコルの作成とデータベース化
所要経費(合計)	152 百万円	158 百万円	171 百万円		

## II 平成12年度における実施体制

研究項目	担当機関	研究担当者
1. 組換えウイルス・コアバンク創設のための整備技術に関する研究		
(1) 組換えウイルス感染細胞の収集と保管に関する研究	理化学研究所	大野 忠 夫
(2) 組換えウイルス親株、組換えウイルス粒子及び組換えウイルス DNA の収集と保管に関する研究	理化学研究所	村田 武 英
(3) STS/ETS マーカーの検索と組換えウイルス改変技術に関する研究	理化学研究所	横山 和 尚
(4) 組換えウイルス・データベースの作成	農林水産省農業生物資源研究所 宮城教育大学	長村 吉 晃 鷗川 義 弘
2. 組換えウイルス・コアバンクの高度利用に関する研究		
(1) 組換えウイルス遺伝子の高感度検出法に関する研究		

研究項目	担当機関	研究担当者
① アデノ、レトロ組換えウイルスの改変と変異検出法に関する研究	札幌医科大学	濱田洋文
② DNA および RNA 組換えウイルス遺伝子の新規検出法に関する研究	厚生省国立感染症研究所	小島朝人
③ アデノ随伴組換えウイルスの改変とその組み込み機構に関する研究	自治医科大学	小澤敬也
④ 組換えウイルスの細胞内動態に関する研究	日本医科大学	島田隆
(2) 組換えウイルス感染細胞感染個体の分子診断学的研究と体系的検出法の実証試験に関する研究		
① 組換えウイルス臨床検体の新規分子診断法に関する研究	京都大学	上田國寛
② FISH 法と高精度バンディング法による組換えウイルスの分子診断法に関する研究	東京医科歯科大学	池内達郎
③ 組換え SIV 感染個体を利用した組換えウイルスの分子診断法に関する研究	厚生省国立感染症研究所	向井鏡三郎
(3) 組換えウイルスの分子進化の数学的解析に関する研究	文部省国立遺伝学研究所	五條堀孝
(4) 組換えウイルス遺伝子の高感度検出法のバリデーション（評価試験）とその標準化（SOP）に関する研究	(株)ジャパンエナジー	三沢悟
3. 研究運営	理化学研究所	横山和尚

### III 運営委員会

委員	所 属
○横山和尚	理化学研究所 細胞材料室副主任研究員
天沼宏	理化学研究所 分子細胞生物学研究室主任研究員
池内達郎	東京医科歯科大学 助教授
上田國寛	京都大学 化学研究所教授
鷗川義弘	宮城教育大学 助教授
大野忠夫	理化学研究所 細胞材料室長
小澤敬也	自治医科大学 教授
小島朝人	厚生省 国立感染症研究所室長
五條堀孝	文部省 国立遺伝学研究所教授
島田隆	日本医科大学 教授
長村吉晃	農林水産省 農業生物資源研究所 DNA バンク科長
濱田洋文	札幌医科大学 教授
向井鏡三郎	厚生省 国立感染症研究所主任研究員
村田武英	理化学研究所 細胞材料室研究員
三沢悟	(株)ジャパンエナジー 研究員

(注：○は運営委員長)