

国際ヒト エピゲノム コンソーシアム

Time for the epigenome

2010年2月4日号 Vol. 463 (587)

自然界の驚異の1つ、それが、遺伝子が発現する際になされている複雑な「調節」の機構だ。
この気の遠くなるような課題の解明に向けて、国際プロジェクトが始まった。

それは2004年のことだった。ハーバード大学（米国マサチューセッツ州ボストン）の腫瘍学者 Ronald DePinho は、急成長を始めた「がんエピジェネティクス」の学会に出席して何気なく質問した。「これから5年後、この分野はどれくらい発展して欲しいと思いますか」。この質問が、その後、大きな波紋を広げていった。

ゲノムの塩基配列は、同じ生物種内でも異なる生物種間でも、あまりにも似すぎていて「生物がもつ多様性」を説明することはできない。この事実、2004年の時点で、既に大規模ゲノム計画によって明らかにされていた。いったい、類似性の高い遺伝コードは、どんな仕組みによって、異なる時点、環境条件、細胞において、それぞれ一意的に発現するのか。少なくとも、その謎の多くは「エピジェネティクス」によって説明できる可能性があると考えられた。エピジェネティクスとは、DNAとその関連タンパク質の化学修飾が原因で生じる「遺伝子発現の変化」のことである。

エピジェネティクス研究者は、爆発的に増加する新データに圧倒されていた。しかし何人かが、考えをまとめて行動に出た。翌2005年、米国癌学会の後援によるワークショップを開催したのだ。参加者たちは「ゲノム全域でのエピジェネティック修飾のマップ」、すなわち「エピゲノム」というコンセプトに焦点をしばった。そして、それを解明するプロジェクトの青写真を作成した。対象はがんエピジェネティクスの範囲を

超え、また、すべての生物学関連分野を巻き込む国際的活動に発展すると想定された。そもそも遺伝子の発現調節という仕組みは、すべての生物や細胞に共通する基本原理であり、生物学者は、最初から共通言語で議論する必要があったからだ。

この青写真が練り上げられて国際ヒトエピゲノムコンソーシアム (IHEC) となり、2010年1月に始動した (*Nature* 2010年2月4日号 596 ページ参照)。6年前の DePinho の質問に対して、今ならどんな答えが返ってくるだろうか。おそらく、「数年以内に、数百点の信頼性の高い標準（参照）エピゲノムを、パソコン上で自由に利用できるようになる」であろう。

エピジェネティクスは不確実性の多い複雑な分野であるため、エピゲノムの解明をめざす IHEC のような巨大プロジェクトが、このタイミングで新たに始動することに二の足を踏む人がいるかもしれない。しかし、この複雑な分野に一定の道筋をつける、という目標を考えれば、ちょうどよいタイミングでのスタートだといえる。「時機を逸している」との批判は、ある面では当たっている。米国では、国立衛生研究所 (NIH) が既に複数の標準エピゲノム解析センターを設置し、欧州委員会もまもなく同様の施設を開設する計画になっているからだ。しかし、ビッグサイエンス対スモールサイエンスという陳腐な論争は、再燃させるべきではない。スモールサイエンスは確実に続行され、IHEC の標準エピ

ゲノムにとって、多くの貢献が期待できるからだ。むしろ、資金提供機関、できれば産業界も、この十分に価値のある研究に資金を提供すべきである。

IHEC の熱心な支持者は、これを「生物学版のハドロン衝突型加速器 (LHC)」とよぶ。ヨーロッパ素粒子物理学研究所 (CERN) の国際プロジェクト LHC は、宇宙を支配する物理学の標準モデルが正しければ存在するはずの、最も基本的な素粒子の発見をめざしている。もし生物学者が、これに相当する「生物の多様性の根拠となる生物学的コードの標準モデル」を考えているのであれば、遺伝コード自体は、ほんの一部にすぎない。残りのかなりの部分に寄与しているのが、エピジェネティクスである可能性は高い。

機械設備だけを比較すれば、IHEC は LHC に大きく見劣りする。費用の点でも LHC ほどの規模はない。しかし、IHEC の科学的ビジョンには、LHC と同じくらいの説得力がある。また、エピジェネティックなコードは、遺伝コードよりも桁違いに複雑になると予想され、データの解読には、LHC 並みの情報解析が必要となる可能性もある。そして何より、IHEC による研究が進めば、健康と病気、特に治療の困難ながんのような病気に関する情報が得られるはずだ。以上のすべての理由から、ヒトエピゲノムプロジェクトは、LHC と同様、取り組む時機が到来した課題といえる。 ■

(翻訳：菊川要)