



学会報告
“2019年 IHEC 年次総会”

牛島 俊和

(国立がん研究センター研究所エピゲノム解析分野)

2019年11月17日に、そびえるカナディアンロッキーに囲まれ、雪がうっすらと積もったバンフの町にて、国際ヒトエピゲノムコンソーシアム IHEC の年次総会が開催された。カナダから参加している Canadian Epigenetics and Environment Health Research Consortium (CEEHRC) の総会も 18-20 日に同時開催され、熱心な研究発表が行われた。

IHEC は国際的に協調してヒト各組織のエピゲノムを決定するために 2011 年に発足した組織である。2016 年には Cell 及びその姉妹誌に 41 編の論文を発表し、エピゲノムデータの公開も行った。データポータルも整備され

(<https://epigenomesportal.ca/ihec/index.html>)、2019年11月現在、6,459 個のエピゲノムデータが公開されている。うち 536 個は日本から参加した 3 チーム (金井、白髭、佐々木チーム) の貢献である。中でも貴重なのは、IHEC が完全エピゲノムと呼ぶ DNAm (whole genome bisulfite sequence), H3K4me1, H3K4me3, H3K27ac, H3K27me3, H3K36me3, H3K9me3 が揃った検体のデータである。こちら間もなく 500 検体に達するとのことであった。

IHEC の発足から 8 年経ち、米国の Roadmap が終了し 4D nucleome へ、EU の Blueprint が終了し MultipleMS と SYSCID へ、ドイツの DEEP が終了、シンガポールと香港が参加と、組織も大分変わった。日本も CREST「疾患エピゲノム」(山本雅之研究開発総括、牛島俊和副総括) が 2018 年度で終了し、今秋から CREST「早期ライフステージ」(佐々木裕之研究開発総括) の有馬隆博チームへと引き継がれた。総会中の各国アップデートのセッションにて佐々木総括と私とでこれらの報告を行った。他にも、有馬チームからは有馬教授、須山幹太教授、梶弘和准教授、ワーキンググループメンバーとして金井弥栄教授、木村宏教授も総会に出席された。

研究の動向はというと、標準エピゲノム決定に関しては血液細胞に偏りが大きいのではとの意見があった。日本からの消化器・胎盤・子宮・血管内皮の貢献は貴重である。有馬チームが引き続き胎盤関連のエピゲノムを登録することは大変に有り難い。次のステージとして、貴重なエピゲノムデータを丁寧に解析して新しいエピゲノム制御機構を発見するという integrative data analysis ワーキンググループも発足している。Bivalent 修飾のような新しい発見があれば素晴らしい。米国 4D nucleome も活発に活動しており、核内高次構造が細胞分化や疾患発症に果たす役割の解析も行われている。また、シングルセルでのエピゲノム解析も開始されていて、来年辺りにはエピゲノムの意外な多様性が見えてくると思われる。そして、大きな方向性は疾患エピゲノムや環境のエピゲノムへの影響の解析である。

多数の細胞の標準エピゲノムを決定するフェーズがほぼ完了し、新しい方向に向かい始めると、多数の国が協調する意義が変わってくる。これまでは分担であったが、今後は、解析技術・情報の共有、そして大きな支援を受けている国ではパブリックリレーションも重要である。エピゲノム解析に関連する倫理的な問題も、国際コンソーシアムだからこそ深い議論がなされて、論文も発表されている。CEEHRC の総会には、UCSD の Bing Ren 博士、University of Washington の John Stamatoyannopoulos 博士、Caltech の Ellen Rothenberg 博士が Keynote speakers として招待されていた。Ren 博士は、いつものように丁寧なプレゼンテーションで、細胞の種類毎に異なるエンハンサーの相互作用、マウス脳でのシングルセル解析のマップ作り、シングルセルでのクロマチンアクセシビリティと発現の同時解析の新しい方法などを報告していた。Stamatoyannopoulos 博士もいつものように力強いプレゼンテーションで、強力なエ



ピゲノム編集のための緻密な工夫を披露していた。Rothenberg 博士の話聞く前に帰国せざるを得なかったが、免疫細胞でのエピゲノム解析のみならず、免疫機能と関連するエピゲノム解析が進んでいることが想像できる。

カナダ国内からの発表にも、ヒト化マウスで vitamin C 欠乏の長期的な影響を解析したり (Ramalho-Santos 博士)、ヒストンバリエント及びその修飾毎に相互作用する転写因子の特性を解析したり (Côté 博士)、独自の発表があった。また、

多数の若手研究者が参加しており、共同研究の相談、他国の IHEC 研究者との議論を楽しんでいた。大型のグループ型研究費も適切に運用すれば大きな効果が出る場合もあるのだと改めて感じた。

科学の流れに応じて国際協調の目的や形態も変わる。しかし、常に協調と競争が必要なことは変わらない。新しくスタートした「早期ライフステージ」により、我が国のエピゲノム研究者と世界のエピゲノム研究者の繋がりが維持されたことは、我が国にとっても IHEC にとっても良いニュースであった。



情報を求めています！！

研究員・ポストドク募集および他の研究会のお知らせなど、ニュースレターを利用して公開してみませんか。年会に関するご意見・ご感想もよろしくお願いたします。お近くの広報委員に気軽に e-mail ください。

(代表) 中山潤一 (jnakayam@nibb.ac.jp)
佐渡敬 (tsado@nara.kindai.ac.jp)
木下哲 (tkinoshi@yokohama-cu.ac.jp)
大川恭行 (yohkawa@bioreg.kyushu-u.ac.jp)
近藤豊 (ykondo@med.nagoya-u.ac.jp)

日本エピジェネティクス研究会事務局

佐賀大学医学部 分子生命科学講座
分子遺伝学・エピジェネティクス分野内
庶務担当幹事：副島英伸
担当：八木ひとみ

住所：〒849-8501 佐賀県佐賀市鍋島5-1-1
TEL: 0952-34-2262
E-mail: jse-jimukyoku@ml.cc.sags-u.ac.jp