

東大シンポジウム「ゲノム広域エピジェネティクス 2005」

- ヒトエピゲノムプロジェクトに向けての宣言

1) 東大シンポジウム「ゲノム広域エピジェネティクス 2005」について(別紙1)

平成 17 年 11 月 7～10 日にかけて東京大学、山上会館(東京都文京区本郷)を会場に、国内外招待講演者 38 名(国外:10 名)、約 200 名の国内外研究者等の参加を得て行われた。エピジェネティクスはポストゲノム時代の生命科学における最も重要な研究領域であり、最新の研究成果と課題について活発な議論を交した。

2) 「東大シンポジウム」について

学際的であり規模の大きい国際学術集会をいい、学術的に重要かつ緊急度が高く、東京大学の名称を冠するにふさわしいものであり、特定の主題について内外の科学者が学術的発表及びそれに関する討議を行い、その分野の研究を増進することを目的に開催される。

3) 本宣言(別紙 2)の意味

エピジェネティクスとは「塩基配列の変化(変異)を伴わず細胞世代を超えて継承される遺伝子機能の変化、またはこの現象を研究する学問領域」であり、具体的には、生物がどのようにゲノム(全ての遺伝情報)から必要な情報と不必要な情報を使い分けているかについて研究する(図1)。エピゲノムとはゲノムとエピジェネティック情報の総体を指す。ゲノムの DNA にある情報が生命の設計図であるとする、エピゲノムは設計図を読むための指図書と言える。エピゲノムには、なぜヒトが病気になるのか、良い病気、悪い病気の違い、生活習慣やストレス、年齢、生活環境の影響などが表されており、それらを解析することにより、人類の未来に強く貢献できると考えられる。そのことを広く世に知ってもらい、今後の研究を加速させたいという研究者の強い思いを伝えるべく、シンポジウムの参加研究者が主体となり発信することとなった。

4) 宣言の発表者

ゲノムワイドエピジェネティクス 2005

5) 問い合わせ・連絡先

東京大学大学院農学生命科学研究科

Web site: <http://cb8.ar.a.u-tokyo.ac.jp/>

/ 以上

東大シンポジウム

International Symposium on
Genome-Wide Epigenetics 2005

November 7 - 10, 2005, Tokyo, Japan
Sanjo Conference Hall, The University of Tokyo

CHAIRMAN

Kunio Shiota

ORGANIZERS

Kunio Shiota (The University of Tokyo)
Toshikazu Ushijima (National Cancer Center)
John M. Greally (Albert Einstein College of Medicine)
Naka Hattori (The University of Tokyo)

SUPPORTED BY

The University of Tokyo
BROBRAIN

東大シンポジウム「ゲノム全域エピジェネティクス 2005」

ヒトエピゲノムプロジェクトに向けて

エピジェネティクスとは「塩基配列の変化(変異)を伴わず細胞世代を超えて継承される遺伝子機能の変化、またはこの現象を研究する学問領域」であり、同一の遺伝情報(ゲノム)を持ちながら個々の細胞が異なる形質を維持するシステムを解明することを目的とする。エピジェネティクス研究は、ヒトやマウスの全ゲノム塩基配列が決定され、ポストゲノム時代に突入した生命科学研究の重要領域の一つである。エピジェネティクスの主な分子機構は、DNA メチル化とヒストンの修飾である。DNA のメチル化は哺乳類ゲノム DNA にみられる唯一の生理的な化学修飾で、多くの場合、メチル化された遺伝子領域はヒストンの修飾とクロマチン構造の変化を伴い不活性化される。

我々は、本シンポジウムを通じエピゲノム(ゲノムのエピジェネティックな変化の全体)に関わる最新の成果と課題を共有出来た。すなわち、我々は DNA のメチル化、ヒストンの修飾による遺伝子のエピジェネティックな制御機構の解析、エピジェネティックな異常と疾患との関係、ゲノムワイドなエピジェネティクスの解析とその意義、さらにエピゲノムを解析するための基盤技術開発に関して活発な議論を交した。

ゲノムの DNA にある情報が生命の設計図であるとする、エピゲノムは設計図を読むための指図書であり、過去、現在の遺伝子の活性状況を具現するのみならず、未来の状況をも指示している。トランスクリプトーム、プロテオームは現在の状態のみを表しており対照である。すなわちエピゲノムを解析することにより、細胞の分化や個体発生の基盤機構が明らかになるのみならず、また、がんや生活習慣病などの疾病の発症機構についても重要な情報を与え、再生医療を含めた新規な診断、治療方法の開発につながることで強く期待される。その一方課題も明確になった。エピゲノム解析の基盤技術を共通のツールとするためにはさらなる開発が必要である。エピゲノムは個体、細胞ごとに異なり、さらに環境要因によっても変化するため、その情報量は膨大となり、情報を処理するためのシステムの開発が必須となる。さらに成果を世に還元するためには、より広い研究分野の研究者と成果を共有するシステムが必要となる。これらの諸課題を解決し、実効性のある成果を得るためには、国際ネットワークあるいは国際コンソーシアムが必要であり、また他のゲノムシーケンシングプロジェクト、ポストゲノムプロジェクトに匹敵する投資が必要となる。

ここに我々はエピゲノム計画の重要性を広く知らしめ、計画を実現するための行動を進めることを宣言する。

ゲノムワイドエピジェネティクス 2005

DNA (ゲノム) = すべての細胞が同じ配列



エピジェネティクス



細胞の形、働きの違い
(体を作る器官、臓器の違い、
病気や健康状況など)