

訳者あとがき ●●

本書はネッサ・キャリー著、*“The Epigenetic Revolution”* (Icon Books Ltd, 2011) の翻訳である。

私たち生物を形づくる設計図はDNAの塩基配列として記述され、30億年以上前に生まれた共通の祖先から脈々と受け継がれてきた。生物にとってDNAは絶対的な存在である。しかし、DNAの配列によつてすべてが一義的に決定されるわけではない。これは、私たち生物個体がたった1個の受精卵に由来しているにもかかわらず、200を超える種類の細胞によつて構成されていることから明らかである。あなたの身のまわりを見回してみれば、DNAだけでは説明できない現象をいくらかでも見つけることができるに違いない。

このようなDNA配列の変化では説明できない遺伝現象が「エピジェネティクス」である。本書の原題にある「Revolution」には、現代の生物学がエピジェネティクスという概念によつて刷新されるという意味合いが込められている。これまでDNAだけでは説明ができなかった現象、たとえば発生、分化、がんや老化が、いまやエピジェネティクスの仕組みによつて解明されつつある。

本書では、このようなエピジェネティクスにまつわる身近な話題をととてもわかりやすく紹介している。ガードン博士のカエルを使ったクローニングの実験からはじまつて、山中伸弥博士のiPS細胞作成、一卵性双生児の違い、雄と雌の必要性から、精神疾患、老化、がん、女王バチにいたるまで、じつにさまざまな話題が収められている。本書を読み終えた読者の皆さんは、最終章の末文にあるようにエピジェネティクスによる革命が始まっていることを実感しているに違いない。

一般の読者に専門的な科学を紹介する著書は数多くあるが、それらと比べて本書が素晴らしいと思える点は、一見すると難しく思える事象を、巧みな比喩を使つてとてもわかりやすく説明しているところであろう。思い返してみたらおわかりのように、車の工場、映画、演劇の台本、レゴ・ブロック、クリスマスツリー、ゲーム、屋根の上に積んだレンガ、といった具合である。私たち研究者は、ふだん自分たちの成果を専門外の人にわかりやすく説明するのに苦労しており、本書のように比喩を使つて説明する姿勢はとても参考になる。

著者であるネッサ・キャリー博士は、エディンバラ大学でウイルス学の博士号を取得し、インペリアル・カレッジ・ロンドンで分子生物学の上級講師を務めた後、バイオ系の製薬会社に10年間勤務しているときに本書の執筆をしている。研究者、講師、製薬会社という彼女のこれまでの経歴が、本書に大きな影響を与えたに違いない。先に触れた比喩もそのような彼女の経験によるところが大きいだろう。最初の謝辞にあるように、本書はキャリー博士の処女作であり、渾身の力を込めて書かれた様子が随所に見られる。インタビューした研究者の数は30人

近くに及び、いずれも第一線の研究者たちである。本書の中で紹介されている複数の研究者については、彼らの人物像がキャリア博士の目線ですべてに表情豊かに描かれている。これも読者を魅了する本書の特徴だと思われる。

原著が出版されてからすでに数年が経っているが、エピジェネティクスの分野はさらに勢いを増して発展し続けている。ここで簡単に最近の動向を紹介してみたい。

まず本書の中で注記させていただいたように、本書が出版された1年後の2012年に、本書の予想どおりにジョン・ガードン博士と山中伸弥博士がノーベル生理学・医学賞を受賞している。また、ヒストンの修飾酵素を発見したデヴィッド・アリス博士は、2014年の日本国際賞 (Japan Prize) を受賞している。

一方、エピジェネティクス研究はヒトゲノムプロジェクトに続く国家的なプロジェクトに変わりつつある。アメリカの国立衛生研究所が主導で推進した「エンコード (ENCODE: Encyclopedia of DNA Element)」プロジェクトでは、ヒストン修飾などの情報をもとにヒトゲノムの機能領域が推定され、すでに約80%が何らかの機能を持っていると報告されている。また、さまざまなヒトの組織のエピジェネティックな情報を統合的に解析した、エピゲノム・ロードマップ (Epigenome Roadmap) と呼ばれるプロジェクトの成果が2015年2月に「ネイチャー」誌で報告されている。さらに、国際ヒトエピゲノムコンソーシアム (IHEC: International Epigenome Consortium) と名づけられた組織が設立され、高精度のエピゲノム地図の作成が進められている。このIHECには文部科学省が支援する研究プロジェクトを通じて日本のチームも加わり、疾患

に関連するヒト細胞のエピゲノムを1000個以上解析することを目指して推進されている。

このような国家規模の大きな研究の裏で、モデル生物を使った継代遺伝の分子機構の理解も進んでいる。本書でも紹介されているショウジョウバエ、線虫、植物をモデルとした研究によって、環境刺激に対する個体の応答がどのように次世代に伝えられるかの研究が進められている。これらの生物種ではDNAのメチル化やヒストンの修飾が継代遺伝をつかさどる分子的な媒体として寄与していることが多いが、私たち哺乳動物では配偶子形成の過程でこれらのエピジェネティック情報のほとんどは取り去られてリセットされてしまう。そのため、本書の第10章で紹介したような小さなRNAが注目されている。DNAメチル化やヒストン修飾などのエピジェネティック情報と小さなRNAを介した機構がどのように相互作用しているか、今後の研究の発展が楽しみである。

本書の翻訳に際して、多くの方のお世話になった。翻訳原稿を丁寧にチェックしていただいた朝日新聞仙台総局の小宮山亮輝様、東京大学大学院総合文化研究科の太田邦史教授の岡氏に深く感謝したい。そして、訳文を何度も通読しチェックし尽力してくれた丸善出版株式会社の米田裕美さんに深くお礼申し上げる。本書はこれらの方々の協力なしには出版できなかつたことを、ここで記させていただきたい。

2015年6月

中山潤一