

200906232A

厚生労働科学研究費補助金
難治性疾患克服研究事業

本邦における反復胎状奇胎症例の実態 把握と確定診断法の開発に関する研究

平成21年度 総括・分担研究報告書

研究代表者 秦 健一郎

平成22（2010）年3月

厚生労働科学研究費補助金
難治性疾患克服研究事業

本邦における反復胎状奇胎症例の実態 把握と確定診断法の開発に関する研究

平成21年度 総括・分担研究報告書

研究代表者 秦 健一郎

平成22（2010）年3月

目 次

I. 総括研究報告

本邦における反復胎状奇胎症例の実態把握と確定診断法の開発に関する研究-----1

秦 健一郎

II. 分担研究報告

1. 反復胎状奇胎の分子遺伝学的解析に関する研究-----9

秦健一郎

(資料) 遺伝子配列解析結果

2. 反復胎状奇胎症例の実態調査と臨床情報の収集解析に関する研究-----24

齋藤滋、和氣徳夫、諸隈誠一

III. 研究成果の刊行に関する一覧表-----28

I V. 研究成果の刊行物・別刷-----29

総括研究報告書

本邦における反復胎状奇胎症例の実態把握と確定診断法の開発

研究者代表者 秦健一郎 国立成育医療センター研究所 周産期病態研究部 部長

研究要旨

最近の遺伝学的研究から、反復胎状奇胎（反復胎状奇胎）は、通常の全胎状奇胎（全胎状奇胎）と極めて異なる病因を有することが明らかとなった。2006年にMurdochらは、家族性の反復胎状奇胎を解析し、母親の *NALP7* 遺伝子変異が密接に関連している事を示したが、更に最新の報告では、孤発症例であっても、2回以上の奇胎を繰り返す症例では、ほとんどの症例に *NALP7* 遺伝子の変異が見出された。すなわち反復胎状奇胎には、従来の形態学的診断に加え、遺伝子解析による確定診断が重要であると考えられる。しかし本邦の反復胎状奇胎症例は、疫学的報告は散見されるが、病因病態から管理法までを系統的に検討解析した研究は見当たらない。

そこで本研究計画では、1) 全国規模で反復胎状奇胎症例を照会し、2) 候補症例検体および臨床情報を収集する。また、3) 母 *NALP7* 遺伝子の変異解析を行い、併せて、4) 反復胎状奇胎の発症起源を分子遺伝学的に確定する。これら1) から4) の解析結果を統合し、本邦の反復胎状奇胎症例に最適な確定診断法の開発と、臨床的特徴を抽出する事を目的とし、研究体制の構築と解析を進めている。本年度の研究機関は実質3カ月程度と短かったが、その間に行った習慣流産症例の解析では、5つの遺伝子多型が得られている。同多型の病的意義の有無を判断するには、今後さらに多数症例の解析が必要であるが、少なくとも我々が本研究で新たに見出した多型は、本邦症例の診断法確立に必須の知見である。

本研究の進捗により、発症起源に遡って胎状奇胎を正確に分類・確定診断することが可能となり、絨毛性疾患のより適正な管理法の決定に貢献できる。また、現在改正作業が行われている「絨毛性疾患取り扱い規約」にも、重要な提言を成すことができる。その他、*NALP7* 遺伝子変異は習慣流産との関連が示唆されており、他の難治性異常妊娠の病態解明への展開も期待される。

分担研究者

齋藤滋	富山大学大学院医学薬学研究部産科婦人科学	教授
和氣徳夫	九州大学大学院生殖病態生理学産科婦人科	教授
諸隈誠一	九州大学病院産科婦人科	助教

A. 研究目的

本邦では、全胞状奇胎全胞状奇胎に続く妊娠が再び全胞状奇胎となる確率は、通常的全胞状奇胎発生頻度の10倍前後で、反復率は2-5%に上るとされている。近年の胞状奇胎の発症数は、出生数1,000人に対し1例前後であり、年間の出生数は100万人前後である事から、毎年数十人の患者が、胞状奇胎を反復して発症していると推定される。

最近の遺伝学的研究から、反復胞状奇胎（反復胞状奇胎）は、通常的全胞状奇胎と極めて異なる疾患背景を有することが明らかとなった。2006年に、家族性反復胞状奇胎症例の解析から、母親の *NALP7* 遺伝子変異と反復胞状奇胎に強い関連があることが同定された (*Nat Genet.* 2006;38:300-2)。さらに最新の報告では、家族歴を有しない孤発症例であっても、2回以上の奇胎を繰り返す症例のほとんどに、*NALP7* 遺伝子に変異が存在することが示された (*Hum Mutat.* 2009;30:E629-39, *Hum Mol Genet.* 2009;18:888-97)。その他の特異な所見として、反復胞状奇胎は両親ゲノムを有する一見正常な核型であること（通常的全胞状奇胎は父ゲノムのみを有する二倍体）、また、インプリンティング遺伝子制御領域の DNA メチル化異常を伴っている等の特徴も明らかになった。

従来の形態的組織学的診断に加え、上記の分子遺伝学的解析に基づく最新の知見を考慮すれば、反復胞状奇胎の確定診断が可能となる。しかし本邦では、反復胞状奇胎症例の疫学的報告は散見されるが、病因病態を分子遺伝

学的に解析した例は報告されておらず、当然分子診断に基づいた治療転帰や適切な管理法を系統的に検討解析した研究は見当たらない。

そこで本研究計画では、1) 全国規模で反復胞状奇胎症例を照会し、2) 候補患者検体および病歴等の臨床情報を収集する。また、3) 母 *NALP7* 遺伝子の変異解析を行い、併せて、4) 反復胞状奇胎組織の発症起源を分子遺伝学的に確定する。これら1) から4) の解析結果を統合し、本邦の反復胞状奇胎症例に最適な確定診断法の開発と、臨床的特徴を抽出する事を目的とする。

反復胞状奇胎の分子遺伝学的診断に成功しているのは海外の数グループのみで、国内で類似の検討は行われていない。従来奇胎は、形態学的分類に従って分類が成されてきたが、分子遺伝学的な病因病態による細分類・再分類を行えば、発症後の妊娠転帰や合併症発症率が異なる可能性が十分考えられる。本研究で得られる知見は、絨毛性疾患の診断管理法に、多大な貢献を成すことが期待される。海外の報告では、2回以上の全胞状奇胎を反復する症例の大部分に、*NALP7* 遺伝子に変異が存在することが示された。本邦の症例も、同様の分子遺伝学的解析手法により、確定診断を開発できると予想される。また、確定診断に基づいた新たな分類で臨床経過を再評価し、適正な反復胞状奇胎症例の管理法が提唱できると考えられる。

現在、「染色体転座に起因する習慣流産」は、着床前診断の審査対象とされている。反復胞状奇胎は、このような習慣流産よりもはるかに重篤な母体合併症のリスクが高く、医学的な見

地からも着床前診断を考慮すべき疾患であると言える。本研究結果により、微量細胞を用いた反復胎状奇胎の分子遺伝学的診断方法が確立されれば、着床前診断の適応検討に十分値する疾患であると考えられる。

NALP7 遺伝子ヘテロ変異は、不妊症患者で有意に高率に認められるという報告もあり (*Hum Mutat.* 2007;28:741)、本研究は習慣流産など反復胎状奇胎以外の異常妊娠解析にも展開できる可能性がある。また、海外症例では様々な *NALP7* 遺伝子点変異が見つかり、日本人集団で特異的な変異(日本人患者の確定診断に有用な遺伝子変異)が見つかる可能性がある。

本研究で行う免疫組織染色や DNA メチル化解析法は、研究代表者及び分担研究者らが独自に開発した技術に基づいており、応用診断法による特許取得が見込まれる。

B. 研究方法

本邦での反復奇胎症例の実態は把握されておらず、分子診断法の有効性も検証されていない。そこで、1) 全国の不育症および絨毛性疾患を取り扱う中核病院に、反復胎状奇胎症例の有無について照会し、2) 該当症例が存在すれば、患者検体および病歴等の臨床情報を収集する。また、3) 母親末梢血の *NALP7* 遺伝子の変異解析を行い、4) 反復奇胎組織の分子遺伝学発生起源診断を行う。1) - 4) の解析結果を統合し、より適正な診断治療法を検証することを目的とする。

上記目的を達成するために、次頁

に記した以下の計画に沿って研究を推進する。

1) 反復胎状奇胎症例情報の収集(齊藤、和氣、諸隈、秦)

妊娠分娩歴に二回以上の胎状奇胎(部分および全胎状奇胎のいずれかあるいは両方)を認める症例を、全国の医療機関に照会する。

分担研究者の齊藤を介して厚労科研費の不育症研究班(H20-子ども一般-002、代表齊藤滋)に、また、分担研究者和氣を介して日本絨毛性疾患研究会および日本産婦人科医会のネットワークに協力を仰ぎ、反復奇胎症例の有無を問い合わせる。研究代表者(秦)はすでに、研究協力者である新潟市民病院産婦人科 田村正毅副部長から、現在同科で治療中の反復胎状奇胎症例の情報を得ており、検体収集および解析の為の進められている。

2) 検体と臨床情報の収集(齊藤、和氣、諸隈、秦)

症例照会により反復奇胎候補症例が見出されたら、患者の末梢血を抗凝固剤入りの採血管で 5ml 採取し、末梢血リンパ球からゲノム DNA を回収する。奇胎組織は、固定標本が保存されていれば、標本からゲノム DNA を回収する。検体収集と併せて、詳細な臨床情報(特に妊娠分娩歴、家族歴、治療経過)を収集する。すべての情報は、連結可能匿名化を行い、個人情報を厳密かつ適正に扱う。

研究代表者秦は現在、類似の遺伝子解析研究を行っており、ゲノム DNA 回収技術及び個人情報等の管理体制はすでに確立している。

3) NALP7 遺伝子変異解析 (秦)

海外の孤発症例および家族性症例で同定された母体の NALP7 遺伝子変異の有無を、リアルタイムシーケンス解析装置を用いて解析する。ただし、海外の症例で同定された遺伝子変異は多岐にわたっている事から (2009 年 7 月時点で約 30 種類)、日本人集団にも未知の新規変異が存在する可能性がある。既知の NALP7 遺伝子変異解析で変異が同定されなかった症例は、同遺伝子の全配列解析を行う。

すでに我々は、従来のキャピラリー電気泳動による DNA 配列解析装置を用いた変異解析システムを運用しているが、本研究計画では、多領域多検体を効率的に解析するために、上記のリアルタイムシーケンス解析装置を利用する。

4) 胎状奇胎組織の分子遺伝学的解析 (秦、和氣、諸隈)

4.1) 多型マーカー解析による発症起源の決定 (秦)

胎状奇胎組織のゲノム DNA と、母末梢血の多型マーカー解析を行い、その比較により、奇胎の発症起源 (雄核発生、正常 2 倍体、2 精子受精 3 倍体、等) の決定を行う。

4.2) DNA メチル化解析 (秦)

海外の反復胎状奇胎組織はいずれも、インプリンティング遺伝子の DNA メチル化異常を伴う。研究代表者らは、すでにヒトインプリンティング遺伝子の制御領域を含む 32 箇所の DNA メチル化状態を網羅的に解析する系を確立している。この解析系を用い、反復胎状奇胎絨毛組織の網羅的 DNA メチル化解析を行う。

4.3) 免疫組織染色解析 (和氣、諸隈)

胎状奇胎の補助診断法としての臨床的有用性が認められている p57KIP2 免疫染色に加えて、分担研究者和氣らが独自に同定・開発した、TSSC3 免疫染色法を用い、奇胎の分類診断法を行う。

C. 研究結果

結果 1) 症例照会

九州大学が扱った胎状奇胎 110 例中に、病歴に 2 回以上の奇胎を認める症例は見出されなかったが、胎状奇胎の家族歴 (本人と母親と娘) を有する症例が 1 例存在した。また、形態学的に通常の全胎状奇胎と診断されていたが、遺伝子多型マーカー解析により、分子遺伝学的に雄核発生ではなく正常 2 倍体と考えられる胎状奇胎症例が 1 例存在した。このような症例は、典型的な反復胎状奇胎と同様の分子病態を有する事が海外症例で示されており、今後疑い症例として解析を進める。

富山大学では、反復胎状奇胎疑い症例 (2004 年から 2007 年の間に 2 度の胎状奇胎、1 度の流産、1 度の自然分娩) を現在外来経過観察中であり、すでに遺伝子解析の同意を得て患者末梢血を回収した。

国内の関連学術団体と関連する厚労省研究班に呼び掛け、症例照会を行っている。その途中経過として、名古屋大学井篁一彦らが、2 例の反復胎状奇胎症例を外來経過観察中であることが判明した

結果2) 遺伝マーカー診断

九州大学と同大学関連病院で得られた、水腫化した絨毛組織を伴う流産267例のDNA多型解析を行ったところ、18例(7%)は両親由来のDNA多型、すなわち、父親と母親のゲノムを有する正常二倍体であった。これらの水腫化流産は、反復胎状奇胎と同様の背景を持っているが、ごく初期に治療介入がなされたために典型的な奇胎の形態を取らず、流産と診断されていた可能性がある。今後これらの症例の、*NALP7*遺伝子変異とDNAメチル化異常(ゲノムインプリンティング異常)を解析する予定である。

結果3) 候補遺伝子変異診断法の開発

海外の報告では、流産を繰り返す症例にも*NALP7*遺伝子の変異を見出し、これらは反復胎状奇胎と同じ病態を背景に持つ潜在的な反復胎状奇胎症例と推測されている。そこで本邦は、習慣流産症例の絨毛組織11例と、中絶絨毛組織(正常と推測される組織)4例を用い、*NALP7*遺伝子配列解析を行った。*NALP7*遺伝子全体は約30,000塩基対であるが、海外で報告のあった10領域で、合計5,796塩基の配列解析を行った。その結果、3箇所、未知の変異を見出した。一箇所はエクソン5のミスセンス変異で、*NALP7*遺伝子産物のアミノ酸配列がバリンからイソロイシンに置換されると考えられた。他の二箇所はイントロン内の変異であった。

結果4) 免疫組織学的診断法の開発

分担研究和氣らは、絨毛の発分化に重要な役割を担うインプリンティ

ング遺伝子*TSSC3*を見出しており、その抗体を用いた胎状奇胎の免疫組織診断を試みた。抗*TSSC3*抗体による免疫組織染色を行うと、部分奇胎と全胎状奇胎を再現性良く判別できる事が示された。*TSSC3*遺伝子は、母由来発現することから、奇胎組織における母ゲノムの有無が判別可能である。よって、同遺伝子の発現の有無により、正常な父母ゲノム二倍体である反復胎状奇胎と、父ゲノム二倍体である通常の全胎状奇胎の鑑別に実際に応用可能であると考えられる。また、母ゲノムの有無の簡便なスクリーニングや、モザイク症例(異なる核型が混在する奇胎組織)の病変部同定にも有用と期待される。

D. 考察

本邦では、反復胎状奇胎症例を含め、奇胎症例の遺伝子診断は行われていない。一方海外では、反復胎状奇胎関連遺伝子(*NALP7*遺伝子)の変異が多数同定・報告されている。本邦の症例にも同様の分子病態が存在することに疑いは無く、先行する海外報告例を参考にして、本邦症例の分子診断法の確立は確実に可能であり、臨床的意義は高い。すでに我々の試験的解析から、海外では報告されていない未知の遺伝子変異を複数見出している。これらの変異は、症例に特異的な異常か、あるいは一定の頻度で正常集団にも見出される多型なのかは、今後のさらなる解析が必要であるが、いずれにせよ、日本人集団に特有の遺伝子型と考えられ、本邦症例に最適化した診断法

の確立に必須の貴重な知見が得られたと考える。このような試験的解析の状況から鑑みても、本計画期間内で確実に本邦症例に最適化した遺伝子診断法確立は十分可能である。確定診断に基づいた新たな分類で臨床経過を再評価すれば、適正な反復胞状奇胎症例の管理法が提唱できる。

海外の報告では、家族性反復胞状奇胎症例のみならず、家族歴を伴わない孤発例・正常な妊娠歴のある症例・奇胎と診断されていなかった不育症症例などでも、*NALP7* 遺伝子変異が同定されていることから、本研究は、習慣流産など反復胞状奇胎以外の異常妊娠解析にも展開できる可能性がある。

現在、「染色体転座に起因する習慣流産」は着床前診断の審査対象とされているが、反復胞状奇胎は習慣流産よりもはるかに母体の重篤な合併症リスクが高く、医学的な見地からは着床前診断を考慮すべき疾患であると考えられる。本研究成果の展開応用により、微量組織（一細胞）を用いた反復胞状奇胎の分子遺伝学的診断法が可能であり、確実な着床前診断法の確立が期待できる。

本研究で開発される免疫組織染色やDNAメチル化解析法は、研究代表者及び分担研究者らが独自に開発した技術に基づいており、応用診断法による特許取得が見込まれる。

今後の短期的な課題として、次に挙げる3点が考えられる。国内の反復胞状奇胎は、病因病態に基づいた詳細な診断や予後の検証がなされていない。そこで、1) 診断法の確立と、2) 分子遺伝学的診断に基づいた過去症例の検証、が最も重要と考える。これ

らの成果から自ずと、3) 新たな治療管理法の提言、が導き出される。

今後の短期的課題1) 診断法の確立

従来の診断法では、反復胞状奇胎を鑑別する事は不可能である。そこで、海外症例ですでに多数報告されている *NALP7* 遺伝子変異を候補遺伝子とし、本邦の症例に最適化された診断法を確立する必要がある。前述のように、我々が行った試験的解析ですでに、海外では報告されていない(おそらく日本人集団以外では稀なため見つかっていなかった) 遺伝子変異が複数見出された。これらが症例特異的な変異でなければ、正常集団との頻度を比較し、疾患との関連の有無を明らかにする。

また、今回解析した合計約 6,000塩基対に異常が見つからなかった症例は、今後他の領域(イントロンやプロモーター領域などを含めた合計約 30,000bp) の解析が必要である。

海外の報告では、典型的な反復胞状奇胎症例でない症例、特に、流産と診断されていた症例に *NALP7* 遺伝子変異が同定されている。これらの症例は、顕微鏡的にしか奇胎所見が見つからず、流産と診断されている症例であると推測される。そこで本研究では、分担研究者和氣らが見出した正常ゲノム二倍体水腫化流産例や、習慣流産症例も併せて遺伝子変異等のスクリーニングを行う。

今後の短期的課題2) 過去症例の検証、および3) 新たな治療管理法の提言

反復胞状奇胎疑い症例を用いて分子遺伝学的診断法を確立すると共に、臨床像との関連を解析する。これらの解析から、分子遺伝学的診断結果を考

慮に入れ、より病因病態に即した治療管理法の提言ができると考える。

更に今後の中期的課題として、以下2点を挙げる。

今後の中期的課題 1) 着床前診断

現在標準的な胞状奇胎治療法では、病歴・臨床所見・生化学検査値などをスコアリングし、侵入奇胎や絨毛がんなどの合併症発症リスクを評価しながら長期経過観察を行っている。当然治療初期の一定期間は、次の妊娠を控えねばならない。

海外症例では、*NALP7*遺伝子ホモ変異患者でも、正常分娩を行った例が報告されている。すなわち、*NALP7*遺伝子に変異があっても、胚が受ける発生異常には程度差があり、胞状奇胎を発症せずに正常に出生できる胚も存在すると考えられる。様々な研究成果から、胞状奇胎の発生とDNAメチル化状態の異常は関連があると考えられている。よって、母体に*NALP7*遺伝子変異が存在しても、胚自体のDNAメチル化異常が無い(あるいは軽微な)症例は、反復胞状奇胎の発症リスクが低いと期待される。そこで、本研究成果を基に、着床前胚のDNAメチル化解析を行えば、反復胞状奇胎発症リスクの低い胚を選択する事が可能であり、安全な妊娠の成立と継続が期待できる。現在、「染色体転座に起因する習慣流産」は、着床前診断の審査対象とされている。反復胞状奇胎は、このような習慣流産よりもはるかに重篤な母体合併症のリスクが高く、医学的な見地からも着床前診断の適応検討に十分値する疾患であると考えられる。

今後の中期的課題 2) 反復胞状奇胎症

例類縁疾患概念の確立

分子生物学的・分子遺伝学的な診断法と、通常診断法である肉眼的組織学的形態分類に基づく診断法を比較し、より正確な長期的な予後評価法を確立しなければならない。海外の報告のように、DNAメチル化異常や*NALP7*遺伝子変異が様々な絨毛性疾患あるいは流産(と診断されていた潜在的な反復胞状奇胎症例)にも存在するのであれば、本研究でコントロール実験として行われる反復胞状奇胎以外の異常絨毛解析から、何らかの予備的知見が得られると期待される。中・長期的には、「*NALP7*遺伝子変異やDNAメチル化異常を伴う絨毛発生分化異常症」という新たな病態概念を確立し、従来の診断・治療法の妥当性を再検討する必要がある。

E. 結論

本邦における反復胞状奇胎の実態を把握し、分子遺伝学的解析を駆使した確定診断法を確立することを目的とし、研究体制を確立した。

全国規模の疑い症例の紹介を行うと共に、分担研究者と共同研究者の医療機関あるいは関連医療機関の症例を後ろ向きに検索し、疑い症例を見出した。今後これらの症例の詳細な解析を予定している。

候補遺伝子の配列解析では、流産症例に多数の多型を見出しており、今後、疾患との関連性の検討が必要である。また、少なくともこれらの遺伝子多型情報は、本邦症例の遺伝子診断に必須である。このような情報の取得に成功した事から、本研究計画の主要な目標

である診断法確立は、続く2年程度の研究期間で十分実現可能であると考える。

F. 健康危険情報

特記事項なし。

反復胞状奇胎の分子遺伝学的解析

分担研究者 秦健一郎 国立成育医療センター研究所 周産期病態研究部 部長

研究要旨

全胞状奇胎は、雄核発生（父ゲノムのみを有する二倍体）としての特徴を有しているのに対し、反復胞状奇胎（反復胞状奇胎）は、一見正常な二倍体であるが、DNAメチル化の異常を伴い、*NALP7* 遺伝子変異と関連している事が明らかとなった。従来の形態学的診断では、反復胞状奇胎を通常の全胞状奇胎と区別する事は不可能であり、反復胞状奇胎の診断には、分子遺伝学的な解析が有効かつ必須である。しかし本邦の反復胞状奇胎症例は、疫学的報告は散見されるが、分子遺伝学的診断法について系統的に検討解析した研究は見当たらない。

そこで本研究計画では、候補症例検体および臨床情報を収集し、母 *NALP7* 遺伝子の変異解析を行い、反復胞状奇胎の発症起源を分子遺伝学的に確定する。これこれら解析結果を統合し、本邦の反復胞状奇胎症例に最適な確定診断法の開発と、臨床的特徴を抽出する事を目的とする。試験的に行った習慣流産症例の解析では、5つの新規遺伝子多型が得られた。

本研究の進捗により、発症起源に遡って胞状奇胎を正確に分類・確定診断することが可能となる。また、習慣流産など、*NALP7* 遺伝子変異の関連が示唆されている他の難治性異常妊娠の病態解明にも貢献する事が期待される。

A. 研究目的

本邦では、全胞状奇胎（全胞状奇胎）に続く妊娠が再び全胞状奇胎となる確率は、通常的全胞状奇胎発生頻度の10倍前後で、反復率は2-5%に上るとされている。近年の胞状奇胎の発症数は、出生数1,000人に対し1例前後であり、年間の出生数は100万人前後であることから、毎年数十人の患者が、胞状奇胎を反復して発症していると推定される。

最近の遺伝学的研究から、反復胞状奇胎（反復胞状奇胎）は、通常的全胞状奇胎と極めて異なる病因を有することが明らかとなった。2006年に、家族性反復胞状奇胎の解析から、母親の *NALP7*

遺伝子変異が反復胞状奇胎の原因であることが同定された (*Nat Genet.* 2006;38:300-2)。さらに最新の報告では、孤発症例であっても、2回以上の奇胎を繰り返す症例のほとんどに、*NALP7* 遺伝子に変異が存在することが示された。 (*Hum Mutat.* 2009;30:E629-39, *Hum Mol Genet.* 2009;18:888-97) その他に、反復胞状奇胎は両親ゲノムを有する一見正常な核型で（通常的全胞状奇胎は父ゲノムのみを有する）、DNAメチル化異常を伴う等の特徴も明らかになった。これらの分子遺伝学的診断と従来の形態学的診断を併用すれば、反復胞状奇胎の確定診断が可能となる。しかし本邦では、反復胞状奇胎症例の疫学的報告

は散見されるが、病因病態から管理法までを系統的に検討解析した研究は見当たらない。

そこで本研究計画では、候補患者検体および病歴等の臨床情報を収集する。また、母 *NALP7* 遺伝子の変異解析を行い、併せて、反復胞状奇胎組織の発症起源を分子遺伝学的に確定する。これらの解析結果を統合し、本邦の反復胞状奇胎症例に最適な確定診断法の開発と、臨床的特徴を抽出する事を目的とする。

B. 研究方法

本邦での反復胞状奇胎症例の実態は把握されておらず、分子診断法の有効性も検証されていない。そこで、分担研究者らの協力を得て、1) 患者検体および病歴等の臨床情報を収集する。また、2) 母親末梢血の *NALP7* 遺伝子の変異解析を行い、3) 反復胞状奇胎組織の分子遺伝学発生起源診断を行う。

上記目的を達成するために、次頁に記した以下の計画に沿って研究を推進する。

1) 検体と臨床情報の収集

症例照会により反復胞状奇胎候補症例が見出されたら、患者の末梢血を抗凝固剤入りの採血管で 5ml 採取し、末梢血リンパ球からゲノム DNA を回収する。奇胎組織は、固定標本が保存されていれば、標本からゲノム DNA を回収する。検体収集と併せて、詳細な臨床情報（特に妊娠分娩歴、家族歴、治療経過）を収集する。すべての情報は、連結可能匿名化を行い、個人情報厳密かつ適正に扱う。

研究代表者秦は現在、類似の遺伝子解析研究を行っており、ゲノム DNA 回収技術及び個人情報等の管理体制はすでに確立している。

2) *NALP7* 遺伝子変異解析

海外の孤発症例および家族性症例で同定された母体の *NALP7* 遺伝子変異の有無を、リアルタイムシーケンス解析装置を用いて解析する。ただし、海外の症例で同定された遺伝子変異は多岐にわたっている事から（2009年7月時点で約 30 種類）、日本人集団にも未知の新規変異が存在する可能性がある。既知の *NALP7* 遺伝子変異解析で変異が同定されなかった症例は、同遺伝子の全配列解析を行う。

すでに我々は、従来のキャピラリー電気泳動による DNA 配列解析装置を用いた変異解析システムを運用しているが、本研究計画では、多領域多検体を効率的に解析するために、上記のリアルタイムシーケンス解析装置を利用する。

3) 胞状奇胎組織の分子遺伝学的解析

3.1) 多型マーカー解析による発症起源の決定

胞状奇胎組織のゲノム DNA と、母末梢血の多型マーカー解析を行い、その比較により、奇胎の発症起源（雄核発生、正常 2 倍体、2 精子受精 3 倍体、等）の決定を行う。

3.2) DNA メチル化解析

海外の反復胞状奇胎組織はいずれも、インプリンティング遺伝子の DNA メチル化異常を伴う。研究代表者らは、すでにヒトインプリンティング遺伝子の制御領域を含む 32 箇所の DNA メチル化状態を網羅的に解析する系を確立して

いる。この解析系を用い、反復胞状奇胎絨毛組織の網羅的 DNA メチル化解析を行う。

C. 研究結果

結果 1) 症例照会

九州大学が扱った胞状奇胎 110 例中に、病歴に 2 回以上の奇胎を認める症例は見出されなかったが、胞状奇胎の家族歴（本人と母親と娘）を有する症例が 1 例存在した。また、形態学的に通常の全胞状奇胎と診断されていたが、遺伝子多型マーカー解析により、分子遺伝学的に雄核発生ではなく正常 2 倍体と考えられる胞状奇胎症例が 1 例存在した。このような症例は、典型的な反復胞状奇胎と同様の分子病態を有する事が海外症例で示されており、今後疑い症例として解析を進める。

富山大学では、反復胞状奇胎疑い症例（2004 年から 2007 年の間に 2 度の胞状奇胎、1 度の流産、1 度の自然分娩）を現在外来経過観察中であり、すでに遺伝子解析の同意を得て患者末梢血を回収した。

九州大学と同大学関連病院で得られた、水腫化した絨毛組織を伴う流産 267 例の DNA 多型解析を行ったところ、18 例（7%）は両親由来の DNA 多型、すなわち、父親と母親のゲノムを有する正常二倍体であった。これらの水腫化流産は、反復胞状奇胎と同様の背景を持っているが、ごく初期に治療介入がなされたために典型的な奇胎の形態を取らず、流産と診断されていた可能性がある。今後これらの症例の、*NALP7* 遺伝子変異と DNA メチル化異常（ゲノムインプリンティング異常）を解析する予

定である。

結果 2) 候補遺伝子変異診断法の開発

海外の報告では、流産を繰り返す症例にも *NALP7* 遺伝子の変異を見出しており、これらは反復胞状奇胎と同じ病態を背景に持つ潜在的な反復胞状奇胎症例と推測されている。そこで秦は、習慣流産症例の絨毛組織 11 例と、中絶絨毛組織（正常と推測される組織）4 例を用い、*NALP7* 遺伝子配列解析を行った。*NALP7* 遺伝子全体は約 30,000 塩基対であるが、海外で報告のあった 10 領域で、合計 5,796 塩基の配列解析を行った。その結果、3 箇所、未知の変異を見出した。一箇所はエクソン 5 のミスセンス変異で、*NALP7* 遺伝子産物のアミノ酸配列がバリンからイソロイシンに置換されると考えられた。他の二箇所はイントロン内の変異であった。

D. 考察

本邦では、反復胞状奇胎症例を含め、奇胎症例の遺伝子診断は行われていない。一方海外では、反復胞状奇胎関連遺伝子（*NALP7* 遺伝子）の変異が多数同定・報告されている。本邦の症例にも同様の分子病態が存在することに疑いは無く、先行する海外報告例を参考にして、本邦症例の分子診断法の確立は確実に可能であり、臨床的意義は高い。すでに我々の試験的解析から、海外では報告されていない未知の遺伝子変異を複数見出している。これらの変異は、症例に特異的な異常か、あるいは一定の頻度で正常集団にも見出される多型なのかは、今後のさらなる解析が必要であるが、いずれにせよ、日本人集団

に特有の遺伝子型と考えられ、本邦症例に最適化した診断法の確立に必須の貴重な知見が得られたと考える。このような試験的解析の状況から鑑みても、本計画期間内で確実に本邦症例に最適化した遺伝子診断法確立は十分可能である。確定診断に基づいた新たな分類で臨床経過を再評価すれば、適正な反復胎状奇胎症例の管理法が提唱できる。

海外の報告では、家族性反復胎状奇胎症例のみならず、家族歴を伴わない孤発例・正常な妊娠歴のある症例・奇胎と診断されていなかった不育症症例などでも、*NALP7* 遺伝子変異が同定されていることから、本研究は、習慣流産など反復胎状奇胎以外の異常妊娠解析にも展開できる可能性がある。

現在、「染色体転座に起因する習慣流産」は着床前診断の審査対象とされているが、反復胎状奇胎は習慣流産よりもはるかに母体の重篤な合併症リスクが高く、医学的な見地からは着床前診断を考慮すべき疾患であると考えられる。本研究成果の展開応用により、微量組織（一細胞）を用いた反復胎状奇胎の分子遺伝学的診断法が可能であり、確実な着床前診断法の確立が期待できる。

本研究で開発される免疫組織染色や DNA メチル化解析法は、研究代表者及び分担研究者らが独自に開発した技術に基づいており、応用診断法による特許取得が見込まれる。

国内の反復胎状奇胎は、病因病態に基づいた詳細な診断や予後の検証がなされていない。そこで、1) 診断法の確立と、2) 分子遺伝学的診断に基づいた過去症例の検証、が最も重要と考える。これらの成果から自ずと、3) 新たな治療管理法の提言、が導き出され

る。

1) 診断法の確立に関し、従来の診断法では、反復胎状奇胎を鑑別する事は不可能である。そこで、海外症例ですでに多数報告されている *NALP7* 遺伝子変異を候補遺伝子とし、本邦の症例に最適化された診断法を確立する必要がある。前述のように、我々が行った試験的解析ですでに、海外では報告されていない（おそらく日本人集団以外では稀なため見つかっていなかった）遺伝子変異が複数見出された。これらが症例特異的な変異でなければ、正常集団との頻度を比較し、疾患との関連の有無を明らかにする。

また、今回解析した合計約 6,000 塩基対に異常が見つからなかった症例は、今後他の領域（イントロンやプロモーター領域などを含めた合計約 30,000bp）の解析が必要である。

海外の報告では、典型的な反復胎状奇胎症例でない症例、特に、流産と診断されていた症例に *NALP7* 遺伝子変異が同定されている。これらの症例は、顕微鏡的にしか奇胎所見が見つからず、流産と診断されている症例であると推測される。そこで本研究では、分担研究者和氣らが見出した正常ゲノム二倍体水腫化流産例や、習慣流産症例も併せて遺伝子変異等のスクリーニングを行う。

2) 過去症例の検証、3) 新たな治療管理法の提言に関し、反復胎状奇胎疑い症例を用いて分子遺伝学的診断法を確立すると共に、臨床像との関連を解析する。これらの解析から、分子遺伝学的診断結果を考慮に入れ、より病因病態に即した治療管理法の提言ができると考える。

現在標準的な胞状奇胎治療法では、病歴・臨床所見・生化学検査値などをスコアリングし、侵入奇胎や絨毛がんなどの合併症発症リスクを評価しながら長期経過観察を行っている。当然治療初期の一定期間は、次の妊娠を控えねばならない。

海外症例では、*NALP7* 遺伝子ホモ変異患者でも、正常分娩を行った例が報告されている。すなわち、*NALP7* 遺伝子に変異があっても、胚が受ける発生異常には程度差があり、胞状奇胎を発症せずに正常に出生できる胚も存在すると考えられる。様々な研究成果から、胞状奇胎の発生と DNA メチル化状態の異常は関連があると考えられている。よって、母体に *NALP7* 遺伝子変異が存在しても、胚自体の DNA メチル化異常が無い（あるいは軽微な）症例は、反復胞状奇胎の発症リスクが低いと期待される。そこで、本研究成果を基に、着床前胚の DNA メチル化解析を行えば、反復胞状奇胎発症リスクの低い胚を選択する事が可能であり、安全な妊娠の成立と継続が期待できる。現在、「染色体転座に起因する習慣流産」は、着床前診断の審査対象とされている。反復胞状奇胎は、このような習慣流産よりもはるかに重篤な母体合併症のリスクが高く、医学的な見地からも着床前診断の適応検討に十分値する疾患であると考えられる。

分子生物学的・分子遺伝学的な診断法と、通常の診断法である肉眼的組織学的形態分類に基づく診断法を比較し、より正確な長期的な予後評価法を確立しなければならない。海外の報告のように、DNA メチル化異常や *NALP7* 遺伝子変異が様々な絨毛性疾患あるいは流産（と診断されていた潜在的な反復胞状奇

胎症例）にも存在するのであれば、本研究でコントロール実験として行われる反復胞状奇胎以外の異常絨毛解析から、何らかの予備的知見が得られると期待される。中・長期的には、「*NALP7* 遺伝子変異や DNA メチル化異常を伴う絨毛発生分化異常症」という新たな病態概念を確立し、従来の診断・治療法の妥当性を再検討する必要がある。現在、反復胞状奇胎の分子遺伝学的診断に成功しているのは海外の数グループのみで、国内で類似の検討は行われていない。従来奇胎は、形態学的分類に従って分類が成されてきたが、分子遺伝学的な病因病態による細分類・再分類を行えば、発症後の妊娠転帰や合併症発症率が異なる可能性が十分考えられる。本研究で得られる知見は、絨毛性疾患の診断管理法に、多大な貢献を成すことが期待される。海外の報告では、2 回以上の全胞状奇胎を反復する症例の大部分に、*NALP7* 遺伝子に変異が存在することが示された。本邦の症例も、同様の分子遺伝学的解析手法により、確定診断を開発できると予想される。また、確定診断に基づいた新たな分類で臨床経過を再評価し、適正な反復胞状奇胎症例の管理法が提唱できると考えられる。

現在、「染色体転座に起因する習慣流産」は、着床前診断の審査対象とされている。反復胞状奇胎は、このような習慣流産よりもはるかに重篤な母体合併症のリスクが高く、医学的な見地からも着床前診断を考慮すべき疾患であると言える。本研究結果により、微量細胞を用いた反復胞状奇胎の分子遺伝学的診断方法が確立されれば、着床前診断の適応検討に十分値する疾患であると考えられる。

NALP7 遺伝子ヘテロ変異は、不妊症患者で有意に高率に認められるという報告もあり (*Hum Mutat.* 2007;28:741)、本研究は習慣流産など反復胎状奇胎以外の異常妊娠解析にも展開できる可能性がある。また、海外症例では様々な *NALP7* 遺伝子点変異が見つかっており、日本人集団で特異的な変異（日本人患者の確定診断に有用な遺伝子変異）が見つかる可能性がある。

本研究で行う免疫組織染色や DNA メチル化解析法は、研究代表者及び分担研究者らが独自に開発した技術に基づいており、応用診断法による特許取得が見込まれる。

E. 結論

分担研究者らの協力を得て、反復胎状奇胎疑い症例が見つかってきており、現在臨床情報と検体の収集およびその解析を進めている。

本研究反復胎状奇胎の分子遺伝学的解析法を確立する為に、本年度は、習慣流産を含む絨毛検体を中心に、*NALP7* 遺伝子解析を行ったところ、過去に報告の無い遺伝子多型がすでに 3 カ所見つかっている。これらの未知の多型は、今後疾患との関連を明らかにするために、更に多数症例の解析を行う予定である。またこれらの多型は、本邦症例の確定診断法を確立する為に必須の知見である。初年度（採択内定通知から 4 か月）の進捗としては、十分な知見が得られたと考える。

F. 健康危険情報

特記事項なし。

G. 研究発表

論文発表

秦健一郎：ワークショップ 12「不妊症の新たな原因探索と治療」胎児・胎盤発育異常のエピジェネティクス-網羅的ゲノム・エピゲノム解析の試み-。日本周産期・新生児医学会雑誌, 45:1159-1161, 2009

H. 知的財産権の出願・登録状況

なし

配列解析領域増幅に使用したプライマーリスト

Primer name	Primer sequence
NLRP7-Ex1F	CCACCCAATGTTAATCTCAGTG
NLRP7-Ex1R	TCAAAGATCCTTCCAGCATC
NLRP7-Ex2F	TGTACAGCAGGAACAGTCTTG
NLRP7-Ex3F	CCTGGCTGACACTTTATGTAC
NLRP7-Ex3R	CTCTCAAACACCAAACATCATG
NLRP7-Ex4F	TCAACCTCAACTGTCCTATGG
NLRP7-Ex4seq6r	GTCCAGTCCAGCATACACTT
NLRP7-Ex4seq1f	CCCAAGCACAGAGAATCCT
NLRP7-Ex4seq2f	GAAGCTGCAGATGGAGAAG
NLRP7-Ex4seq7f	CCTATTTCTGAGACACTTTGG
NLRP7-Ex4seq5r	GTGGAACACGGACATCTG
NLRP7-Ex4seq3f	CCTGATTCAAGTAGGACACTTC
NLRP7-Ex4seq4r	GAAGATGTGCTTTGCATTG
NLRP7-Ex4R	ACATGAAGCTGGAAAGAAGT
NLRP7-Ex5F	AGTCCTAAGAGATGAACGTGTG
NLRP7-Ex5R	TTCTTGAAGATGAGCTTC
NLRP7-Ex6F	TATTAATCACTCCAAGTGAATC
NLRP7-Ex6seq1r	AGCAACACGGTGCAGTG
NLRP7-Ex6R	CATGGATAGCTGGTTATGCA
NLRP7-Ex7F	GCTGATAGGGTATACTCTGTCC
NLRP7-Ex7R	GCGCAGTAAGTCAGGTGTT
NLRP7-Ex8F	AGCTGAGTACCCTAGCATGTG
NLRP7-Ex8R	TCATGTCTCTCCTGCTTGAA
NLRP7-Ex9F	GTGTTGAAATAACTGCTTCAC
NLRP7-Ex9R	ATCCGAAGTGATACAGTCTGAG
NLRP7-Ex10F	CCACTACCTGCTCAGTGAATG
NLRP7-Ex10R	CTCCAGCCTGAATGACAGAG
NLRP7-Ex11F	AAAACAGATATTCAGGCATCC
NLRP7-Ex11R	TGACCTGCATTATAAGACATC
NLRP7-LR2F	ACCACTCACTGTACAGCAGGAACA
NLRP7-LR7R	GCAGTAAGTCAGGTGTTACCCTTCT
NLRP7-LR9R	GGATCCGAAGTGATACAGTCTGAGA

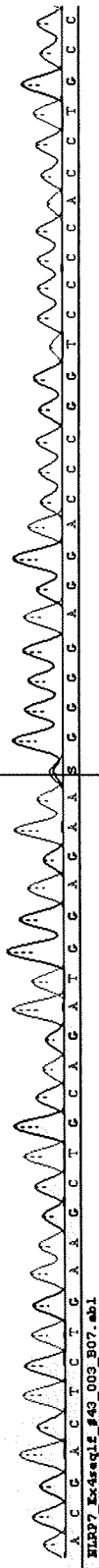
各配列解析領域の増幅反応



適切なプライマーと増幅反応条件の設定により、各配列解析領域は特異的に増幅され、正確な配列解析が可能であった。

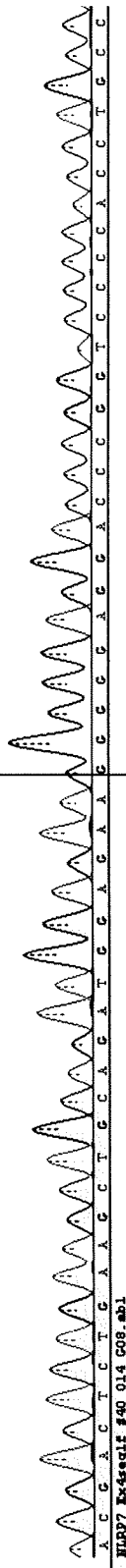
変異1

HMAP7_Ex4seq1E_0135No_008_D08.ab1



コントロール配列

変異配列



コントロール配列

