

8. Conclusions

Current studies argue that AEXS is caused by overexpression of *CYP19A1* due to three different types of cryptic genomic rearrangements including duplications, deletions, and inversions. It seems that transcriptional activity and structural property of the fused promoter constitutes the underlying factor for the clinical variability in most features of AEXS except for FSH-dominant hypogonadotropic hypogonadism. Thus, AEXS represents a novel model for gain-of-function mutation leading to human genetic disorders.

References

- [1] S. Bhaskar, "Testicular disorders," in *Williams Textbook of Endocrinology*, H. M. Kronenberg, M. Melmed, K. S. Polonsky, and P. R. Larsen, Eds., pp. 645–699, Saunders, Philadelphia, Pa, USA, 11th edition, 2008.
- [2] M. Shozu, S. Sebastian, K. Takayama et al., "Estrogen excess associated with novel gain-of-function mutations affecting the aromatase gene," *New England Journal of Medicine*, vol. 348, no. 19, pp. 1855–1865, 2003.
- [3] M. Demura, R. M. Martin, M. Shozu et al., "Regional rearrangements in chromosome 15q21 cause formation of cryptic promoters for the CYP19 (aromatase) gene," *Human Molecular Genetics*, vol. 16, no. 21, pp. 2529–2541, 2007.
- [4] M. Fukami, M. Shozu, S. Soneda et al., "Aromatase excess syndrome: identification of cryptic duplications and deletions leading to gain of function of CYP19A1 and assessment of phenotypic determinants," *The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism*, vol. 96, no. 6, pp. E1035–E1043, 2011.
- [5] G. Binder, D. I. Iliev, A. Dufke et al., "Dominant transmission of prepubertal gynecomastia due to serum estrone excess: Hormonal, biochemical, and genetic analysis in a large kindred," *Journal of Clinical Endocrinology and Metabolism*, vol. 90, no. 1, pp. 484–492, 2005.
- [6] R. M. Martin, C. J. Lin, M. Y. Nishi et al., "Familial hyperestrogenism in both sexes: clinical, hormonal, and molecular studies of two siblings," *Journal of Clinical Endocrinology and Metabolism*, vol. 88, no. 7, pp. 3027–3034, 2003.
- [7] A. Tilpakov, N. Kalintchenko, T. Semitcheva et al., "A potential rearrangement between CYP19 and TRPM7 genes on chromosome 15q21.2 as a cause of aromatase excess syndrome," *The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism*, vol. 90, pp. 4184–4190, 2005.
- [8] C. A. Stratakis, A. Vottero, A. Brodie et al., "The aromatase excess syndrome is associated with feminization of both sexes and autosomal dominant transmission of aberrant p450 aromatase gene transcription," *Journal of Clinical Endocrinology and Metabolism*, vol. 83, no. 4, pp. 1348–1357, 1998.
- [9] S. Sebastian and S. E. Bulun, "Genetics of endocrine disease: a highly complex organization of the regulatory region of the human CYP19 (Aromatase) gene revealed by the human genome project," *Journal of Clinical Endocrinology and Metabolism*, vol. 86, no. 10, pp. 4600–4602, 2001.
- [10] S. E. Bulun, K. Takayama, T. Suzuki, H. Sasano, B. Yilmaz, and S. Sebastian, "Organization of the human aromatase P450 (CYP19) gene," *Seminars in Reproductive Medicine*, vol. 22, no. 1, pp. 5–9, 2004.
- [11] M. Demura, S. Reierstad, J. E. Innes, and S. E. Bulun, "Novel promoter I.8 and promoter usage in the CYP19 (aromatase) gene," *Reproductive Sciences*, vol. 15, no. 10, pp. 1044–1053, 2008.
- [12] N. Harada, T. Utsumi, and Y. Takagi, "Tissue-specific expression of the human aromatase cytochrome P-450 gene by alternative use of multiple exons 1 and promoters, and switching of tissue-specific exons 1 in carcinogenesis," *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, vol. 90, no. 23, pp. 11312–11316, 1993.
- [13] E. R. Simpson, "Aromatase: biologic relevance of tissue-specific expression," *Seminars in Reproductive Medicine*, vol. 22, no. 1, pp. 11–23, 2004.
- [14] E. E. Wallach and C. R. Garcia, "Familial gynecomastia without hypogonadism: a report of three cases in one family," *The Journal of Clinical Endocrinology and Metabolism*, vol. 22, pp. 1201–1206, 1962.
- [15] G. D. Berkovitz, A. Guerami, T. R. Brown, P. C. MacDonald, and C. J. Migeon, "Familial gynecomastia with increased extraglandular aromatization of plasma carbon19-steroids," *The Journal of Clinical Investigation*, vol. 75, no. 6, pp. 1763–1769, 1985.
- [16] W. Gu, F. Zhang, and J. R. Lupski, "Mechanisms for human genomic rearrangements," *Pathogenetics*, vol. 1, article 4, 2008.
- [17] M. B. Yilmaz, A. Wolfe, Y. H. Cheng, C. Glidewell-Kenney, J. L. Jameson, and S. E. Bulun, "Aromatase promoter I.f is regulated by estrogen receptor alpha (ESR1) in mouse hypothalamic neuronal cell lines," *Biology of Reproduction*, vol. 81, no. 5, pp. 956–965, 2009.
- [18] J. E. Mercer, D. J. Phillips, and I. J. Clarke, "Short-term regulation of gonadotropin subunit mRNA levels by estrogen: studies in the hypothalamo-pituitary intact and hypothalamo-pituitary disconnected ewe," *Journal of Neuroendocrinology*, vol. 5, no. 5, pp. 591–596, 1993.
- [19] D. C. Alexander and W. L. Miller, "Regulation of ovine follicle-stimulating hormone β -chain mRNA by 17 β -estradiol in vivo and in vitro," *Journal of Biological Chemistry*, vol. 257, no. 5, pp. 2282–2286, 1982.
- [20] T. R. Kumar, Y. Wang, N. Lu, and M. M. Matzuk, "Follicle-stimulating hormone is required for ovarian follicle maturation but not male fertility," *Nature Genetics*, vol. 15, no. 2, pp. 201–204, 1997.

性成熟異常

アロマターゼ過剰症 6 家系の分子遺伝学的／臨床的解析 ：新たな遺伝疾患発症機序とホルモン調節機構の解明

深見 真紀^{*1} 曽根田 瞬^{*1} 加藤 芙弥子^{*1} 花木 啓一^{*2}
 神崎 晋^{*2} 大山 建司^{*3} 佐野 友昭^{*3} 西垣 敏紀^{*4}
 稲垣 朱実^{*5} 高木 博史^{*5} Gerhard Binder^{*6} 横谷 進^{*1}
 堀川 玲子^{*1} 生水 真紀夫^{*7} 緒方 勤^{*1,8}

はじめに

アロマターゼは、アンドロゲンをエストロゲンへと変換する酵素である。アロマターゼ遺伝子(*CYP19A1*)は、15番染色体長腕に位置し、すくなくとも11個の非翻訳エクソン1と翻訳領域であるエクソン2-10から成る。各々のエクソン1は、組織特異的プロモーターとして機能している。個々の組織では11個のエクソン1のうちの一部が選択され、エクソン2の共通スプライスアクセプターサイトに結合する。これによって、当該組織における遺伝子発現量が決定される。通

常、*CYP19A1*の発現は、胎盤や卵巣など一部の組織を除いて低いレベルに制御されている。

*CYP19A1*の過剰発現は、アロマターゼ過剰症(AEXS)と呼ばれる病態を招く。AEXSは、男性患者における乳房腫大、骨年齢促進と最終身長低下、性腺機能低下を主徴とする常染色体性優性遺伝疾患である。本症は、遺伝性女性化乳房症とも称される。女性患者の多くは無症状であるが、一部の症例では月経異常や思春期早発などが認められる。

2003年、Shozuらにより、AEXS患者においてはじめて*CYP19A1*遺伝子近傍の染色体逆位が同定された¹⁾。その後、これまでに合計2家系と2孤発例の患者において逆位が同定されている²⁾。これら逆位陽性患者では、*CYP19A1*と広範囲発現遺伝子のキメラ形成が*CYP19A1*過剰発現の原因であることが明らかとなっている^{1,2)}。しかし、AEXS患者の詳細な臨床像、および、逆位陰性患者における発症機序は解明されていない。今回われわれは、AEXS患者6家系の分子遺伝学的／臨床的解析を行い、AEXSの分子遺伝学的発症機序およびエストロゲンフィードバックによるゴナドトロピン調節機構を明らかとした³⁾。

^{*1} 国立成育医療研究センター、^{*2} 鳥取大学、^{*3} 山梨大学、^{*4} 大阪警察病院、^{*5} 名古屋第二赤十字病院、^{*6} Tübingen 大学、^{*7} 千葉大学、^{*8} 浜松医科大学

Maki Fukami¹, Shun Soneda¹, Fumiko Kato¹, Keiichi Hanaki², Susumu Kanzaki², Kenji Ohyama³, Tomoaki Sano³, Toshinori Nishigaki⁴, Akemi Inagaki⁵, Hiroshi Takagi⁵, Gerhard Binder⁶, Susumu Yokoya¹, Reiko Horikawa¹, Makio Shozu⁷, Tsutomu Ogata^{1,8}: Molecular and clinical analysis for 6 families with aromatase excess syndrome.

¹National Research Institute for Child Health and Development and National Medical Center for Children and Mothers, ²Tottori University,

³University of Yamanashi, ⁴Osaka Police Hospital,

⁵Nagoya Second Red Cross Hospital, ⁶University Children's Hospital, Tuebingen, ⁷Chiba University,

⁸Hamamatsu University School of Medicine.

1 対 象

臨床的に AEXS と診断された男性 6 家系 18 例 (家系 A-F)。家系 E はドイツ人、他の家系は日本人である。発端者は全例、思春期前または思春期早期からの乳房腫大によって見出された。乳房腫大の程度は、家系 A と B においてやや軽度であった。一部の症例では、精巣容積低下および軽度の二次性徴進行不全を認めた。骨年齢は正常または軽度促進していた。成人患者の妊娠性 (精子形成) は保持されていた。血中ホルモン検査では、検査された全例において、estrone (E_1) 高値、estradiol (E_2) / testosterone (T) 比の高値が認められた。また、LH は、基礎値正常またはやや低値で GnRH 負荷に対し比較的良好に反応したが、FSH は、基礎値低値で GnRH に対しほぼ無反応であった。皮膚線維芽細胞の解析では、*CYP19A1* mRNA 量増加とアロマターゼ酵素活性亢進が確認された。

2 方 法

1) *CYP19A1* 翻訳領域の塩基配列解析

本研究の遺伝子解析は、国立成育医療研究センター倫理委員会において承認されている。インフォームドコンセントを得たのち、ゲノム DNA を採取し、*CYP19A1* 翻訳領域であるエクソン 2-10 を PCR で增幅した。その後直接塩基配列決定を行い、アミノ酸変化を伴う変異の有無について検討した。

2) ゲノム構造異常解析

Comparative genomic hybridization (CGH) 法により、*CYP19A1* 近傍のゲノム構造異常の有無について検討した。本研究では、15q11.2-q26.3 領域に対応する 90,000 のプローブと他の染色体領域に対応する約 10,000 のリファレンスプローブを搭載したカスタムマイクロアレイを作成し、解析に使用した (Agilent Technologies, Palo Alto, CA)。欠失や重複が同定された場合は、確認のため long-PCR でプローブを作成し、FISH

を行った。また、切断点周辺に設計したプライマーを用いた long-PCR 産物の直接塩基配列決定により、切断点の位置と構造を決定した。

3) mRNA 解析

患者末梢血または皮膚線維芽細胞から mRNA を抽出し、5'-rapid amplification of cDNA ends (5'-RACE) 法により、*CYP19A1* 翻訳領域に結合しているプロモーターを同定した。

3 結 果

1) *CYP19A1* 翻訳領域の塩基配列解析

CYP19A1 翻訳領域には変異が同定されなかつた。

2) ゲノム構造異常解析

家系 A-F において、*CYP19A1* 遺伝子翻訳領域上流にヘテロ接合性ゲノム構造異常が同定された。これらの異常は、CGH によって見出され、FISH で確認された。さらに、Long PCR 産物の塩基配列決定により、切断点が決定された。

家系 A と B では *CYP19A1* 翻訳領域から 10,983 bp 離れた領域に 79,156 bp の大きさのタンデム重複が同定された (図 1A, B)。この領域は、*CYP19A1* の 11 の非翻訳エクソン 1 のうちの 7つ (エクソン IIa, 1.8, 1.4, 1.5, 1.7, 1f, 1.2) を包含していた。この重複の切断点は、反復配列外にあり、1 塩基の相同性を有していた。

家系 C では、*CYP19A1* スタートコドンから 141,758 bp 離れた領域に 211,631 bp の欠失が同定された (図 2A, B)。この欠失は、隣接遺伝子 *DMXL2* エクソン 2-43 と *GLDN* エクソン 5-10 を包含していた。この欠失の切断点は、一方は LINE 1 配列内、他方は反復配列外にあり、33 塩基の由来不明の塩基配列の挿入を伴っていた。

家系 D-F では *CYP19A1* スタートコドンから 174,315 bp 離れた領域に 165,901 bp の欠失が同定された (図 3A, B)。この欠失は、*DMXL2* エクソン 2-43 を包含していた。この欠失の 2 つの切断点はともに LINE 1 配列内にあり、12 塩基の重複を伴っていた。

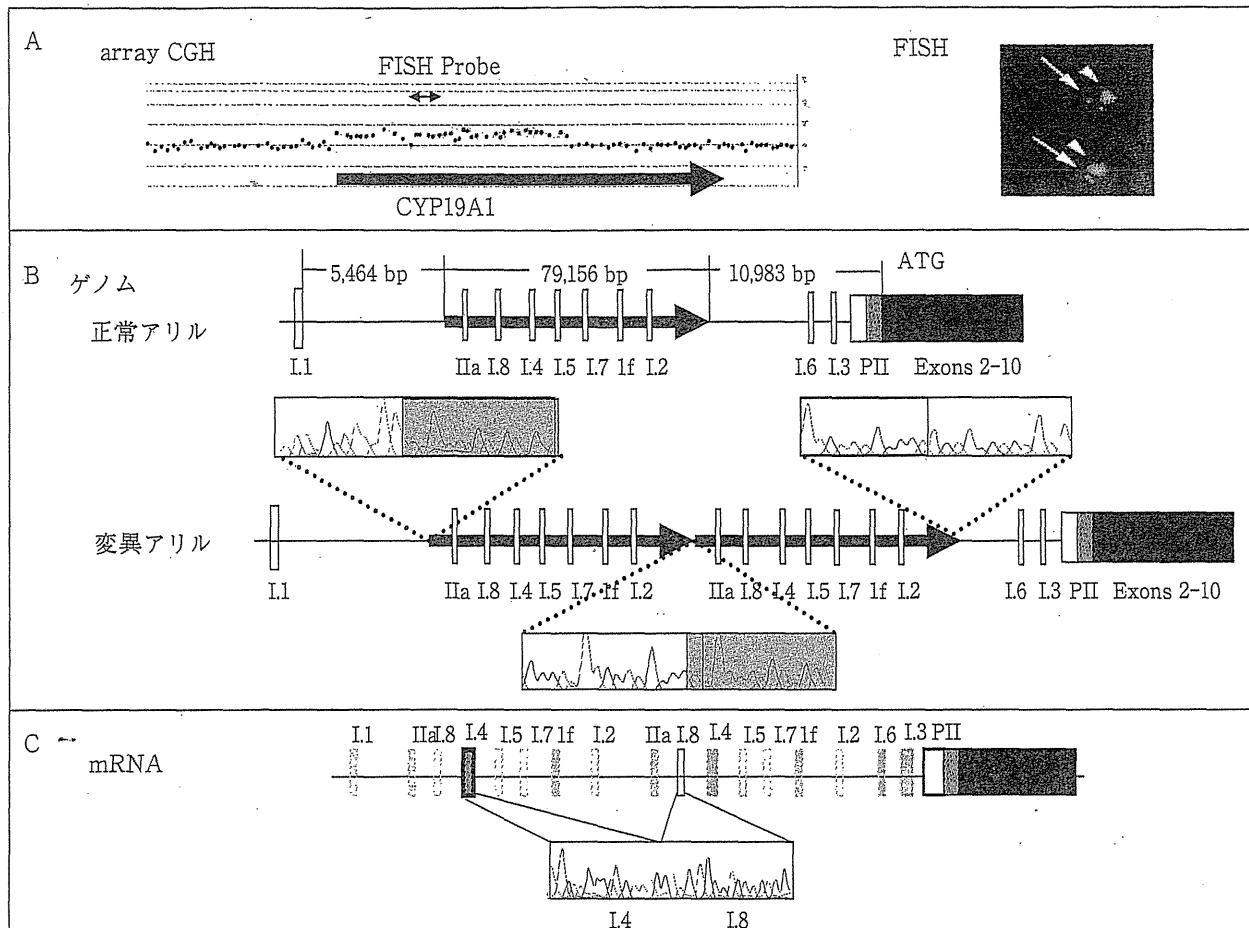


図1 家系 A と B における遺伝子異常

A : CGH アレイ解析 (左) と FISH 解析 (右). *CYP19A1* の一部のヘテロ接合性重複が同定された.

B : ゲノム構造異常. *CYP19A1* エクソン 1 のうち 7 つを包含するタンデム重複. 切断点は, 反復配列外にあり, 1 塩基の相同意を有する.

C : mRNA 解析. 5' 側にエクソン 1.4, 3' 側にエクソン 1.8 が結合した mRNA クローンが同定された.

3) mRNA 解析

5'-RACE により, 患者の *CYP19A1* mRNA について検討した. 家系 A と B では, *CYP19A1* エクソン 1 のうちの 1 つを有する正常な mRNA クローンのみが検出された. 一方, 5'-RACE 産物をテンプレートとして, 各エクソン 1 に位置するプライマーを用いて行った PCR では, 5' 側にエクソン 1.4, 3' 側にエクソン 1.8 が結合したクローンが得られた (図 1C). このクローンはスプライスエラーによって生じた産物であると推測される. このクローンの存在は, 重複によって遠位に増えた 1.4 プロモーターから転写が生じている

ことを示すものである.

家系 C-F では, *CYP19A1* エクソン 1 のうちの 1 つを有する正常クローンのほか, *DMXL2* エクソン 1 を含む *DMXL2-CYP19A1* キメラクローンが得られた (図 2C, 3C). このキメラ mRNA は, 全 5'-RACE 産物の 2~5% を占めていた. このクローンの存在は, 欠失によって *DMXL2* エクソン 1 と *CYP19A1* エクソン 2 の間でスプライスが生じ, その結果 *CYP19A1* 翻訳領域が *DMXL2* プロモーターによる制御を受けるようになったことを示唆する.

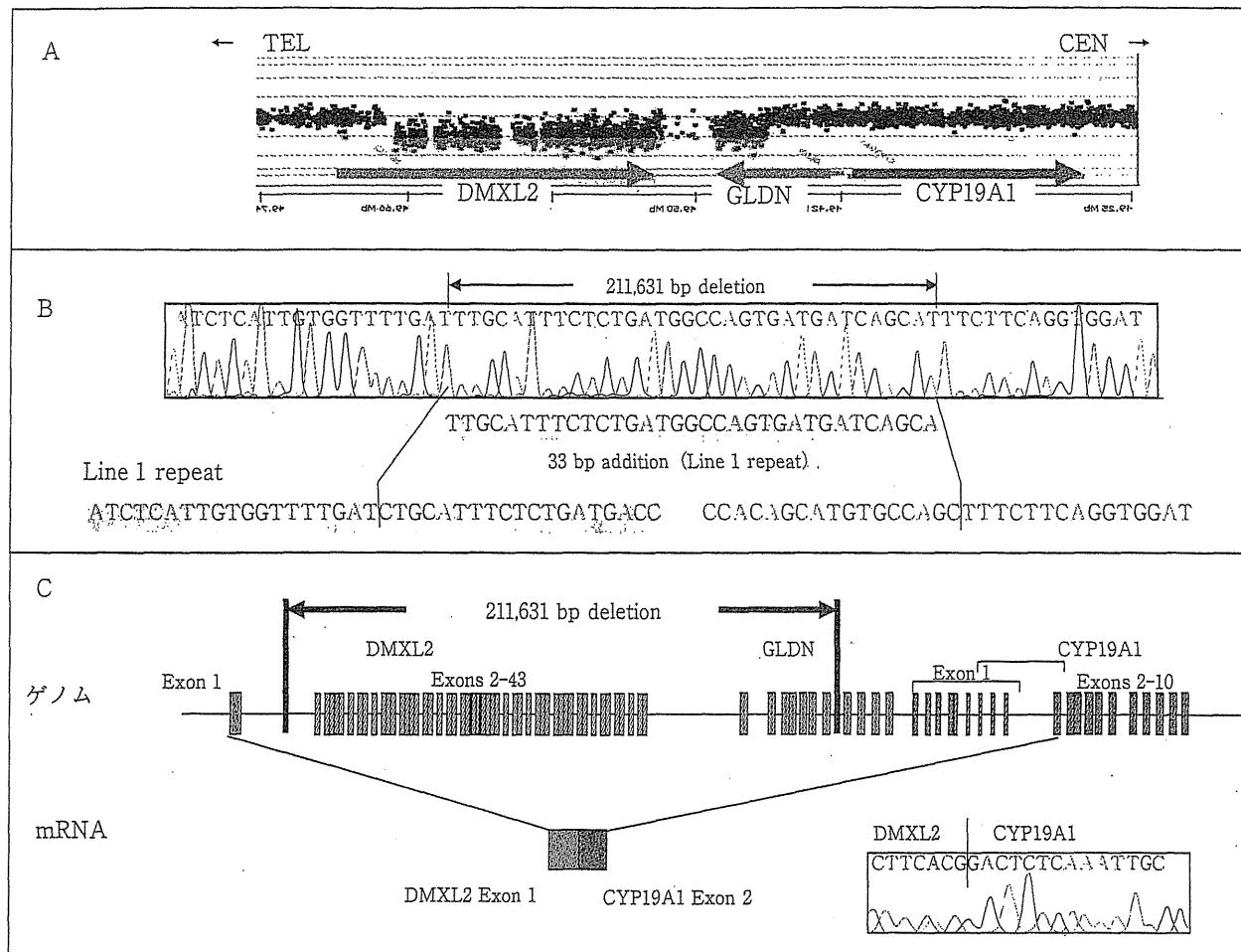


図2 家系Cにおける遺伝子異常

A: CGH アレイ解析. *CYP19A1* 上流領域のヘテロ接合性欠失が同定された。

B: ゲノム構造異常. *DMXL2* エクソン 2-43 と *GLDN* エクソン 5-10 を包含する欠失が同定された. 切断点は、一方は LINE 1 配列内、他方は反復配列外にあり、33 塩基の由来不明の塩基配列の挿入を伴う。

C: mRNA 解析. *DMXL2-CYP19A1* キメラ mRNA クローンが同定された。

④ 考 察

AEXS 6 家系の解析により、2 家系で *CYP19A1* プロモーター領域の重複、4 家系で *CYP19A1* 上流の微小欠失が同定された。重複陽性患者では、*CYP19A1* プロモーター数增加による転写効率増加によって、アロマターゼ過剰産生が生じたと推測される。一方、欠失陽性患者では、*DMXL2* プロモーターの獲得による *CYP19A1* の異所性発現とプロモーター数增加による転写効率増加がアロマターゼ過剰産生の原因であると推測される。この成績は、生理的プロモーターの重複

および遺伝子上流の微小欠失が、遺伝子過剰発現を招き、ヒトの遺伝病の原因となることを世界で初めて示すものである。このようなゲノム微細構造異常は、他の遺伝疾患の発症にも関与している可能性がある。

さらにこの成績は、AEXS の発症に DNA 複製エラーと組み換え異常に起因する多様な染色体微細構造異常が関与することを示唆する。すなわち、家系 A と B の重複は fork stalling and template switching (FoSTes) によって説明可能であり、家系 C と家系 D-F の欠失はそれぞれ non-homologous end joining と non-allelic homolo-

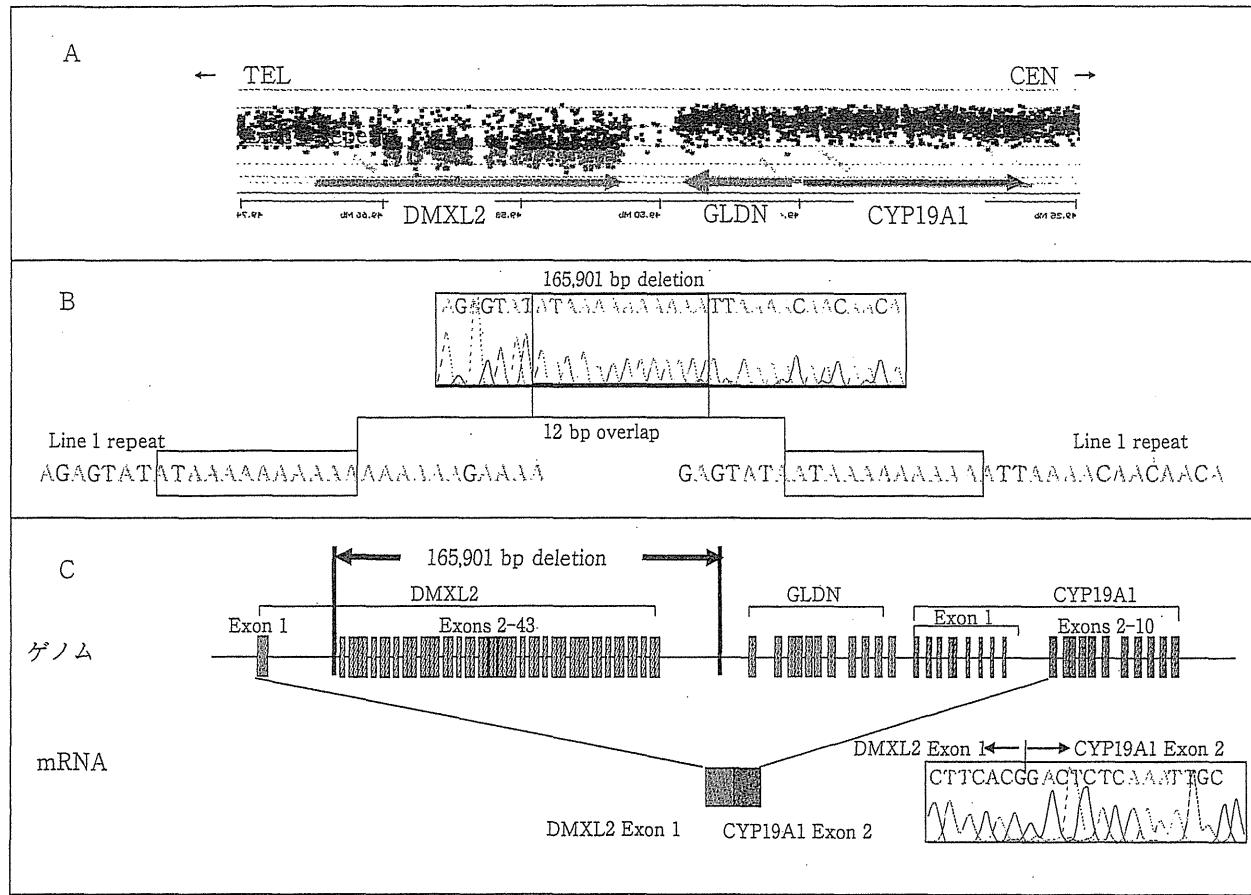


図3 家系D-Fにおける遺伝子異常

A: CGH アレイ解析。*CYP19A1* 上流領域のヘテロ接合性欠失が同定された。

B: ゲノム構造異常。*DMXL2* エクソン 2-43 を含む欠失が同定された。切断点はともに LINE1 配列内にあり、12 塩基の重複を伴う。

C: mRNA 解析。*DMXL2-CYP19A1* キメラ mRNA が同定された。

gous recombination に一致する。このような多様な構造異常が *CYP19A1* 周辺領域に認められることがから、この染色体領域にはゲノム微細構造異常を生じやすい特異的モチーフが存在すると推測される。

本研究および過去の2つの研究において、合計23例のAEXS患者が同定されている(表1)。これらの患者の解析から、遺伝子変異パターンと臨床症状の重症度の間には、ある程度の相関があることが明らかとなった。すなわち、重複陽性患者では比較的軽度の、欠失陽性患者では中等度の症状が認められ、逆位陽性患者では重度の乳房腫大や骨年齢促進が生じることが見出された。このこ

とは、本症の重症度が *CYP19A1* に結合したプロモーターの機能と構造を反映することを示唆する。生理的 *CYP19A1* プロモーターの重複は、通常の *CYP19A1* 発現部位に限局した過剰発現を招くため、比較的少量のアロマターゼ蛋白過剰産生を招くと推測される。一方、欠失例と逆位例のキメラ遺伝子では、広範囲発現遺伝子のプロモーターによる制御が生じ、比較的多量のアロマターゼ蛋白が産生されると予想される。さらに、*DMXL2* エクソン1に翻訳開始コドンを有する *DMXL2-CYP19A1* キメラ遺伝子は、アロマターゼ蛋白のほかに *DMXL2* 翻訳開始コドンから読みとられる無機能蛋白をコードするが、エクソン1

表1 これまでに報告されたアロマターゼ過剰症患者の遺伝子異常と臨床所見

遺伝子異常	微小重複	微小欠失	染色体逆位
症例数	2家系4例	4家系14例	4家系5例
獲得プロモーター ^a	CYP19A1	DMXL2	MAPK6, CGNL1, TLN2, TMOD3
臨床症状			
乳房腫大発症年齢(歳)	10-13	7-11	5-8
乳房腫大重症度(Tanner stage)	2-3	3-4	4-5
成人期身長	正常	正常	低身長
内分泌所見			
LH(基礎値)	正常	正常/低値	正常/低値
LH(GnRH負荷後 ^b)	正常/低値	さまざま	低値
FSH(基礎値)	低値	低値	低値
FSH(GnRH負荷後 ^b)	低値	低値	低値
T(基礎値)	正常/低値	正常/低値	正常/低値
T(hCG負荷後 ^c)	不明	正常	正常
E ₁ (基礎値)	高値	高値	高値
E ₂ (基礎値)	正常/高値	正常/高値	高値
E ₂ /T比	高値	高値	高値
文献	(3)	(3)	(1), (2)

T: testosterone ; E₁: estrone ; E₂: estradiol ; GnRH : gonadotropin releasing hormone ; hCG : human chorionic gonadotropin

^a CYP19A1に結合しているプロモーターが本来制御している遺伝子

^b GnRH 100 μg/m² (最大 100 μg) bolus i.v.; 血液採取 0, 30, 60, 90, 120 分後.

^c hCG 3000 IU/m² (最大 5000 IU) i.m. 3 日連続投与; 血液採取 1 日目と 4 日目

に翻訳開始コドンを持たない逆位例のキメラ遺伝子ではアロマターゼ蛋白のみが産生される。このようなプロモーター構造の違いが、欠失陽性患者と逆位陽性患者の重症度の差に寄与している可能性がある。

AEXS 患者の内分泌学的検査からは、FSH 優位のゴナドトロピン分泌不全が本症に特徴的な所見であることが見出された(表1)。さらに、血中エストロゲン値は逆位陽性患者において他の患者より高値であるが、ゴナドトロピン分泌不全の程度は遺伝子異常の種類にかかわらず全患者でほぼ同程度であることが明らかとなった。このことは、エストロゲンフィードバックの主体が下垂体におけるゴナドトロピン分泌抑制であり、比較的軽度のエストロゲン量増加によって FSH 分泌が著明に障害されることを明確にするものである。一方、患者で妊娠性が保持されていたことから、

FSH が男性妊娠性の獲得と維持に及ぼす効果はわずかであることが示唆される。

結語

本研究によって、プロモーター領域の重複および遺伝子上流の微小欠失が遺伝子過剰発現を招き、ヒトの遺伝病の原因となることがはじめて明らかとなった。また、エストロゲンが、主として下垂体レベルでの FSH 分泌抑制を介して、視床下部下垂体性腺系を制御することが見出された。

文献

- Shozu M et al: N Engl J Med 348: 1855, 2003.
- Démura M et al: Hum Mol Genet 16: 2529, 2007.
- Fukami M et al: J Clin Endocrinol Metab 96 (6): E1035, 2011.

IV. その他資料

遺伝性女性化乳房症 診断の手引き案（2012年度版）

遺伝性女性化乳房

遺伝性女性化乳房は、性腺外組織で過剰に產生されたエストロゲンにより男性に女性化乳房・低身長などの症状をもたらす常染色体優性の遺伝性疾患である。これまでに、アロマターゼ遺伝子に構造異常をもつ家系が知られている。アロマターゼ阻害剤投与により症状の発生を抑制できる可能性があることから、早期診断が望まれる。

診断基準

診断項目 1)～4) の項目を満たすものを、臨床的に遺伝性女性化乳房と診断する。同意を得て、末梢血白血球の細胞遺伝学的検査により診断を確定する。1)～3) を満たすが、4) を満たさないものは疑い例とし、細胞遺伝学的検査により診断を確定する。血中ホルモン値は、診断の参考にとどめ、診断基準には含めない。

A. 診断項目

- 1) タナーフレクターリー度以上の両側性乳房発育^{注1)}
- 2) 発症年齢が 20 歳以下^{注2)}
- 3) 2 次性女性化乳房^{注3)} と思春期一過性女性化乳房症^{注4)} を除外できる
- 4) 家系内発症がある^{注5)}

B. 参考とする内分泌検査

- 血中エストラジオール(E2) :

高値例が多いが、高値を示さない症例も存在する。E2 値から本症の可能性を除外することはできない。

- E2／テストステロン比 :

T から E2 への転換率を反映する。遺伝性女性化乳房症では、
 $E2[\text{pg}/\text{ml}]/T[\text{ng}/\text{ml}] (T) > 10$ を示す例が多いが、他の疾患（クラインフェルター症候群、肝疾患など）でも $E2/T > 10$ となることがある。

- 血中ゴナドトロピン :

FSH 低値、LH 基準値のことが多い。

- アロマターゼ活性

乳腺組織のアロマターゼ活性が、同年齢の健常者に比し高値を示す。乳腺以外の皮下脂肪や血中単核球のアロマターゼ活性も、高値を示す例が多い。

C. 細胞遺伝学的検査

末梢血白血球ゲノム DNA を用いてアロマターゼ遺伝子の変異を同定する^{注6)}。

乳腺もしくは皮膚より採取した組織から細胞を分離して、アロマターゼ活性を測定することもできる。末梢血単球で代用できることもある。

注記

注1)

乳房腫大は進行性である。腫大の程度は遺伝子型と相関しており、遺伝子変異型によっては、乳房腫大が軽度にとどまる家系もある。両側の腫大を示すが、腫大の程度に左右差がある例もある。女性例では、巨大乳房として認識される。

注2)

思春期、遅くとも 20 歳までに発症（乳房腫大を自覚または他覚）する。前思春期から、乳房腫大が始まる例がある。

注3)

二次性女性化乳房（付表）の可能性を除外する。二次性女性化乳房では、それぞれ原疾患の所見や兆候があるのに対し、遺伝性女性化乳房ではエストロゲン高値に基づく乳房腫大・低身長症状以外の症状を示さない。

注4)

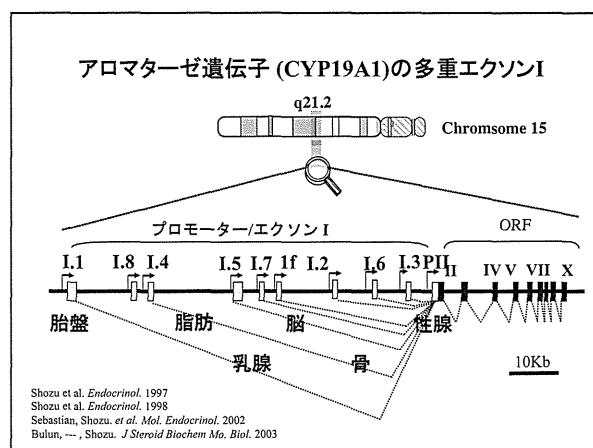
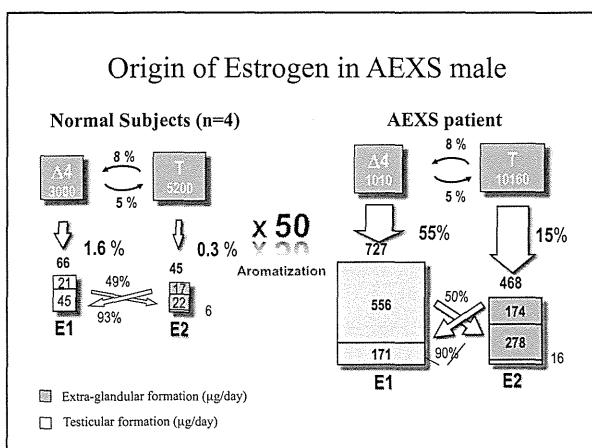
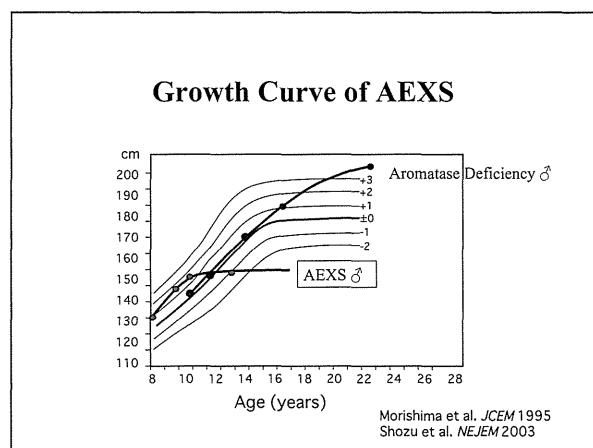
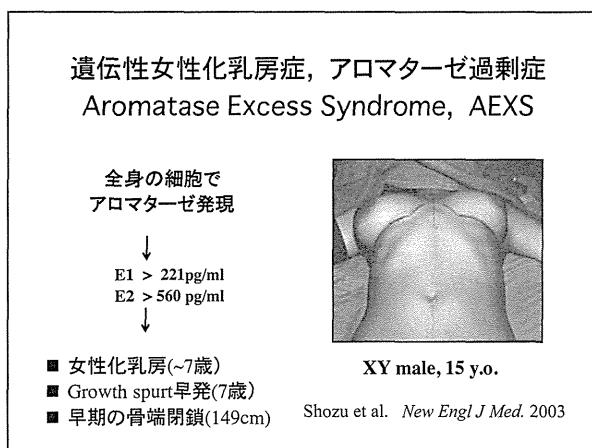
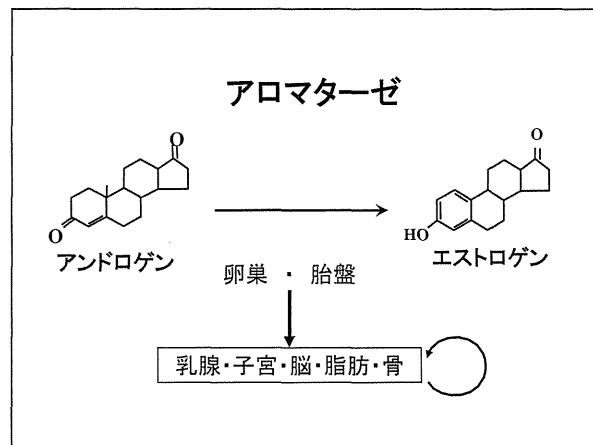
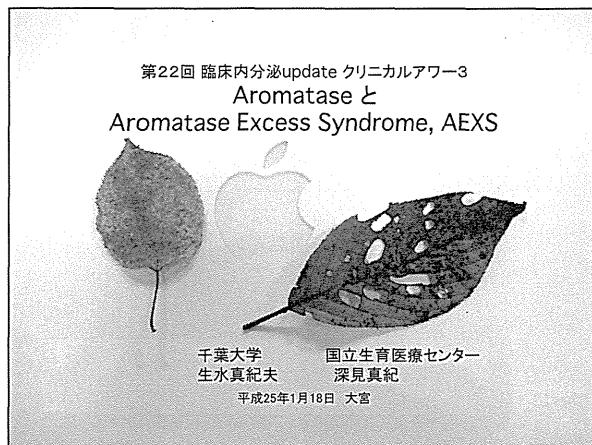
思春期男児には、生理的な一過性両側性乳房腫大がしばしば見られる。発症時期が思春期である、症状（乳房の増大や疼痛）の進行がおおむね 1 年以内で止まりその後軽快に向かうなどの所見は、一過性乳房腫大を示唆する。

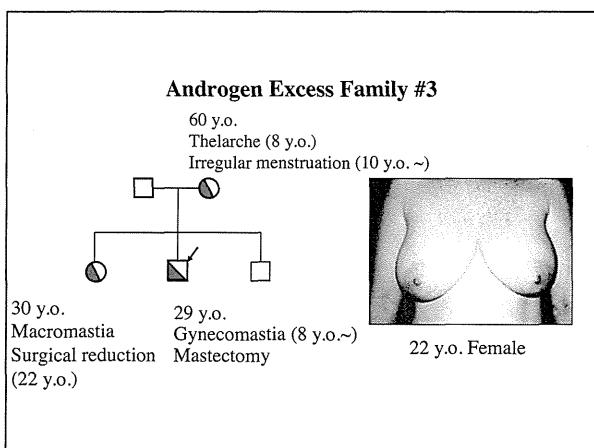
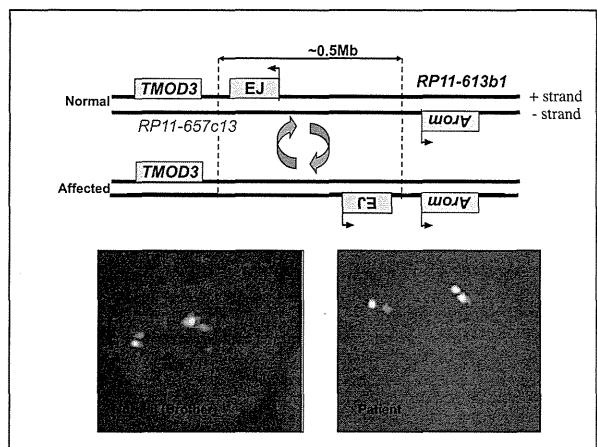
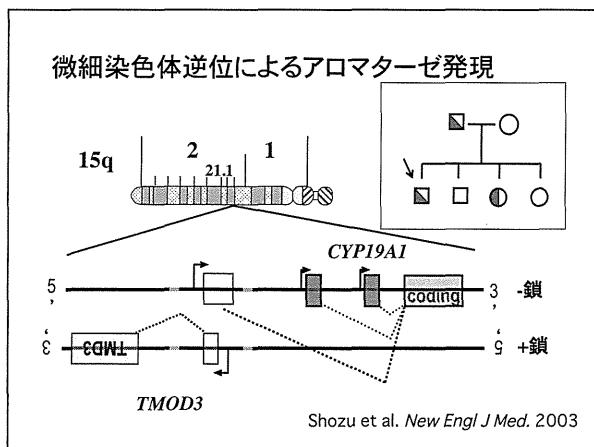
注5)

家系内発生があれば、本症である可能性が高い。父親に女性化乳房がみられる症例が多い。家系発生が確認できない場合でも、本症を確実に否定することはできない。母方の遺伝で巨大乳房が自覚されていない、de novo に発生した弧発例などの可能性がある。細胞遺伝学的検索、もしくは乳腺組織のアロマターゼ活性測定により診断を確定する。

注6)

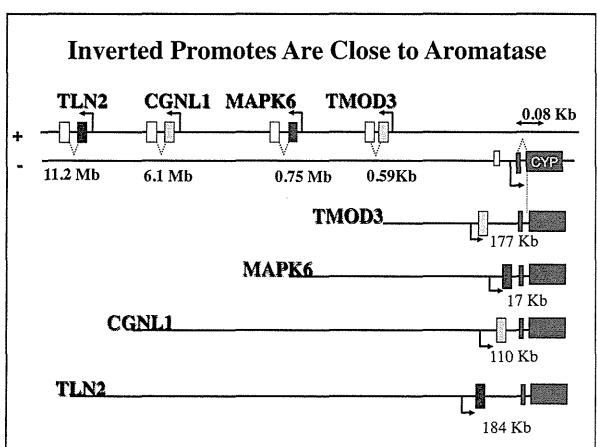
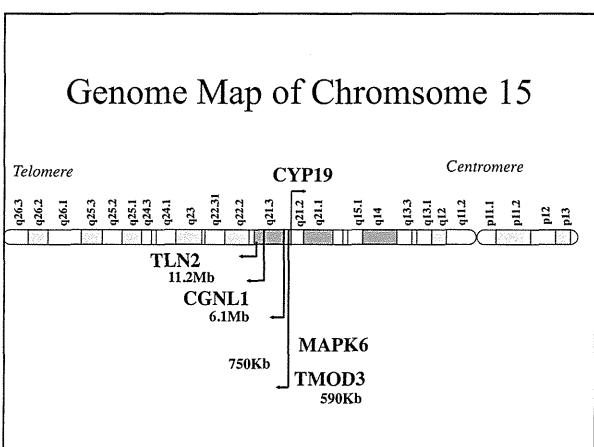
5'-rapid amplification of cDNA ends, 5'RACE (プロモーター逆位)、15 番染色体 comparative genomic hybridization (CGH) オリゴプローブアレイ(重複、欠失)、fluorescence in situ hybridization (FISH) 等により変異を検出し、シークエンス等により確定する。

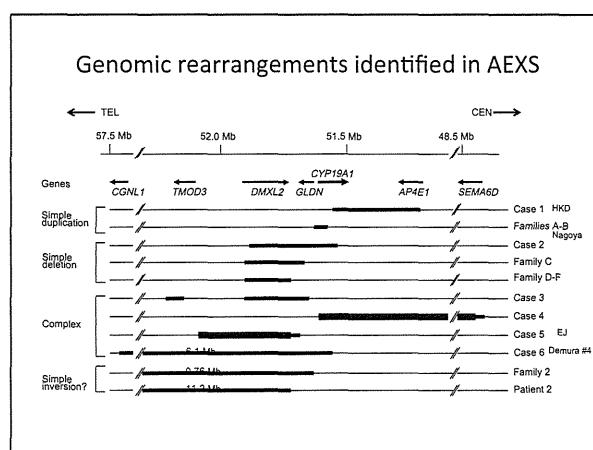
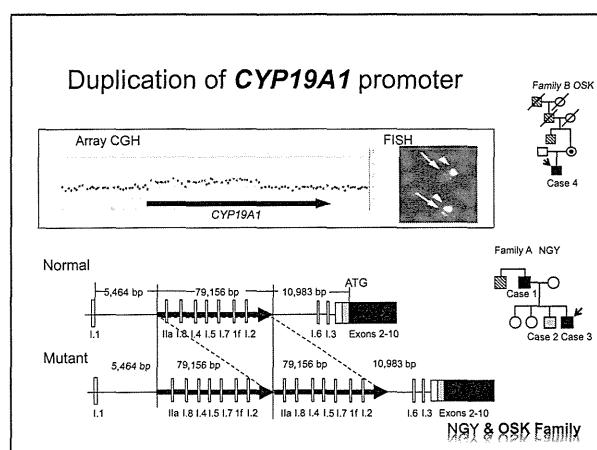
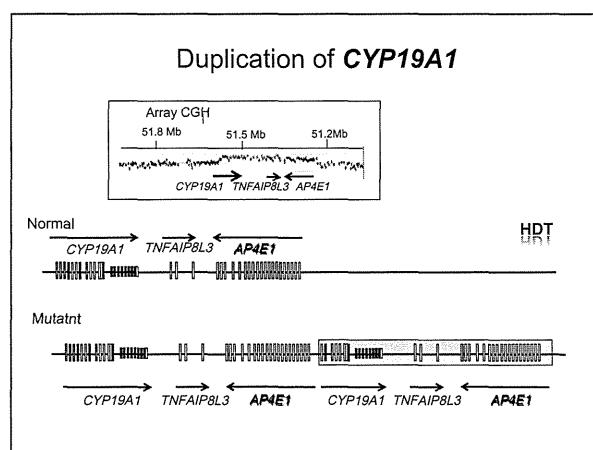
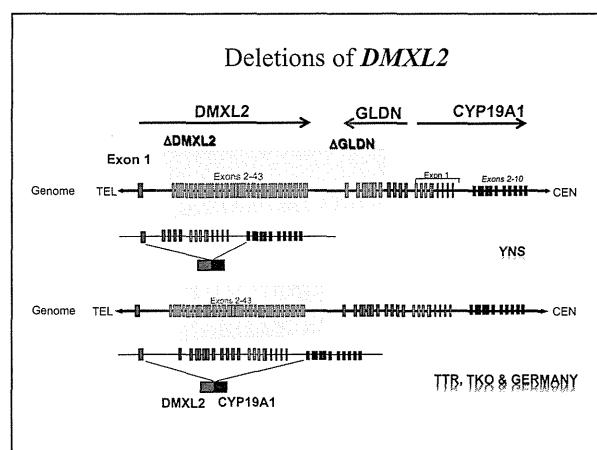
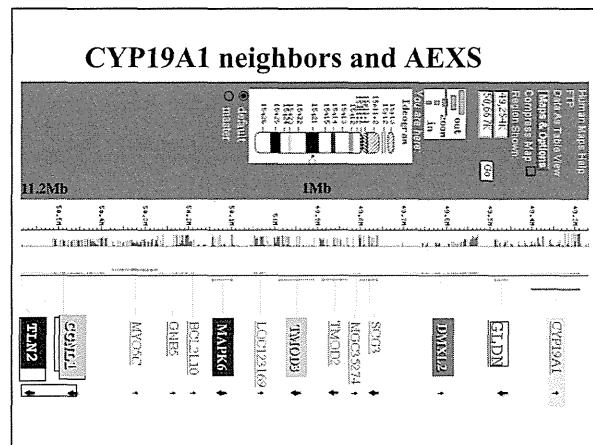
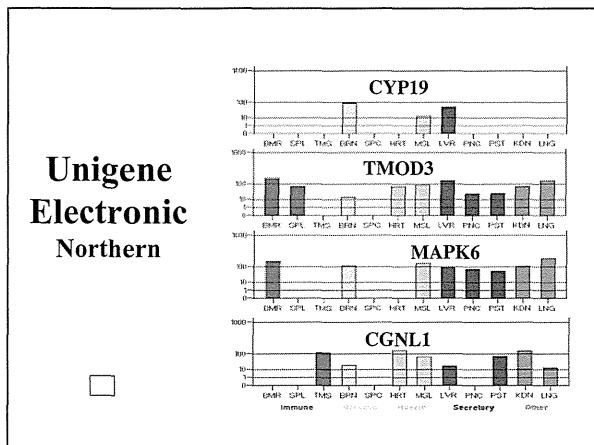


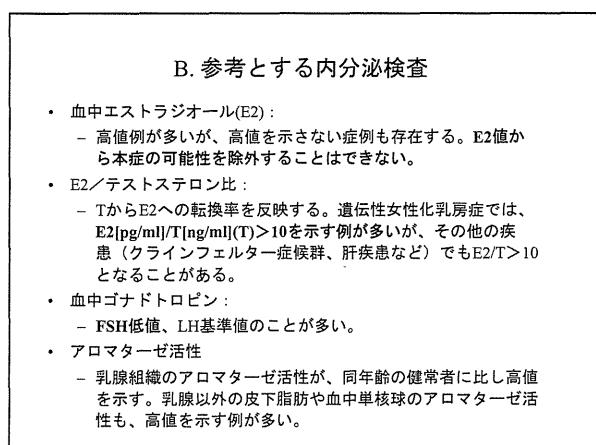
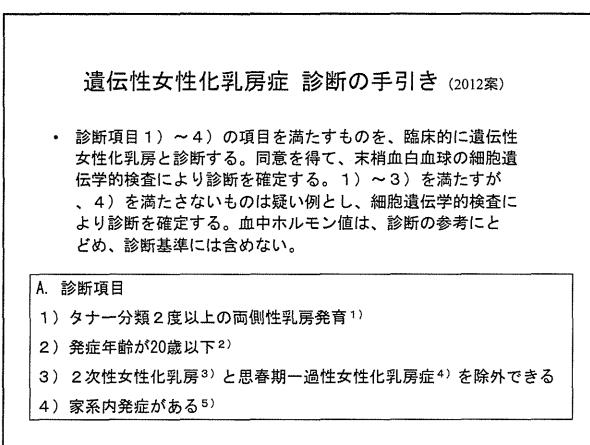
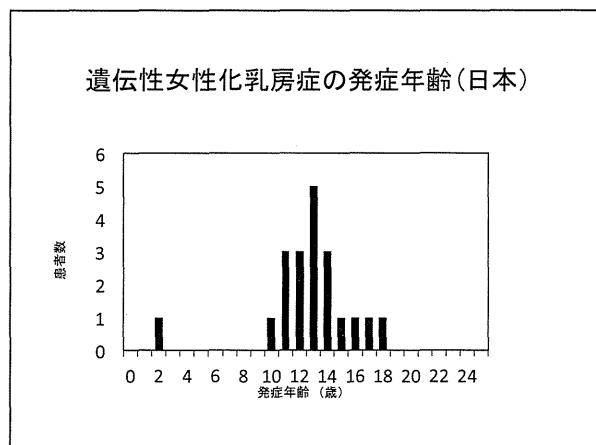
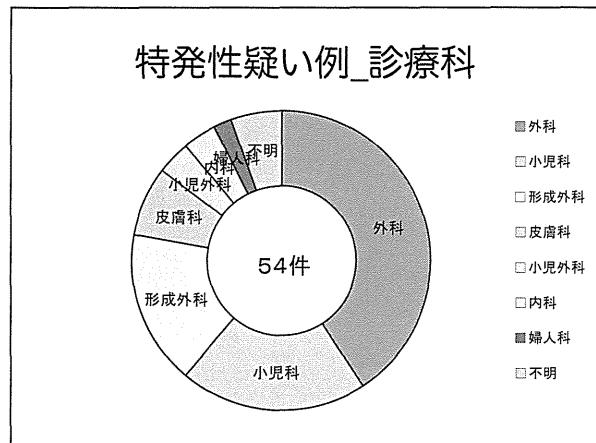
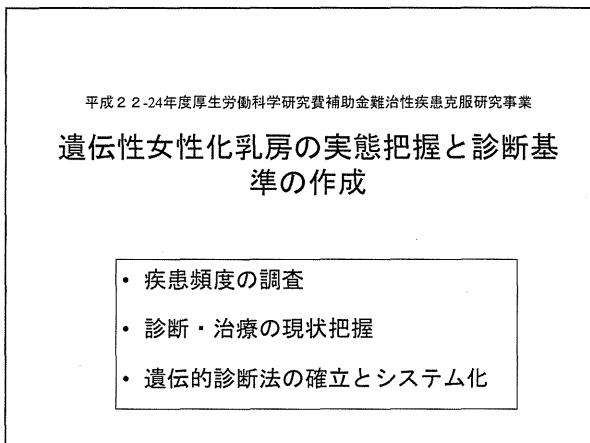


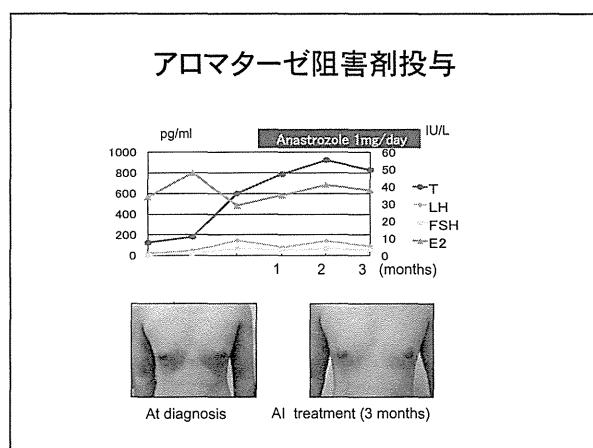
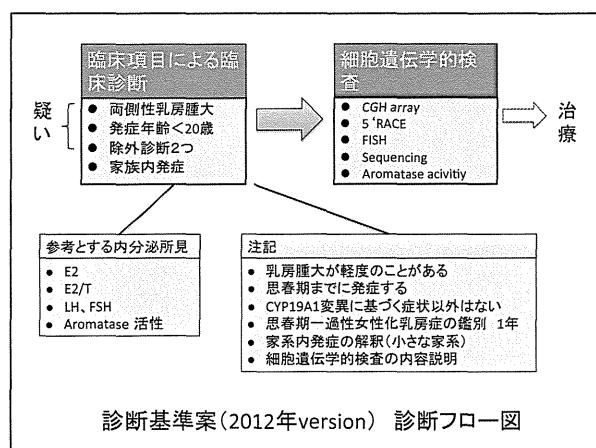
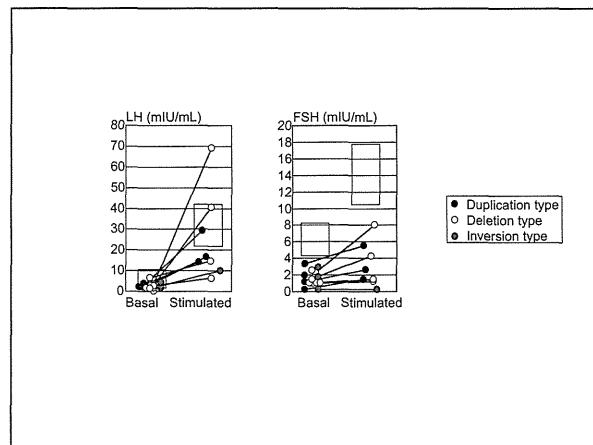
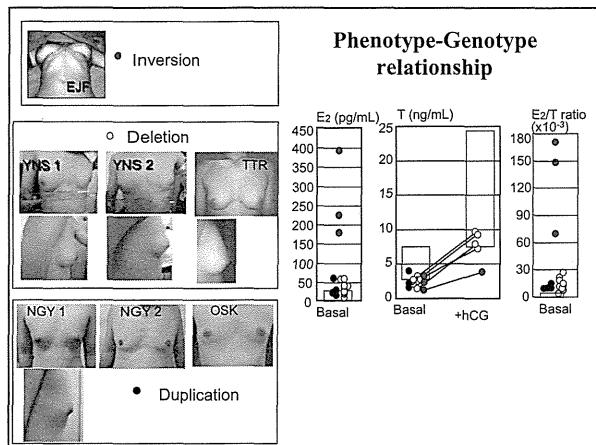
アロマターゼ過剰症の遺伝子異常

	患者	表現型	遺伝子異常
#1	1 男	女性化乳房・思春期早発・低身長	Inversion of TMOD3 promoter
#2	2 男	女性化乳房・思春期早発・低身長	Inversion of CGNL1 promoter
#3	1 男	女性化乳房 低身長	Inversion of MAPK6 promoter
	2 女	巨大乳房・早期の乳房発育・不規則月経、不正出血 低身長	
#4	1 男	女性化乳房 正常身長	Inversion of TLN2 promoter



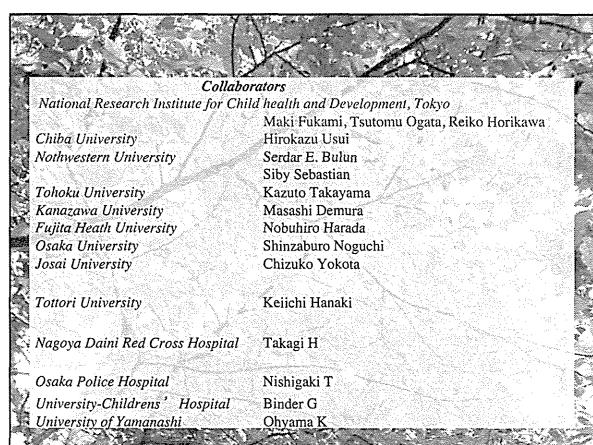


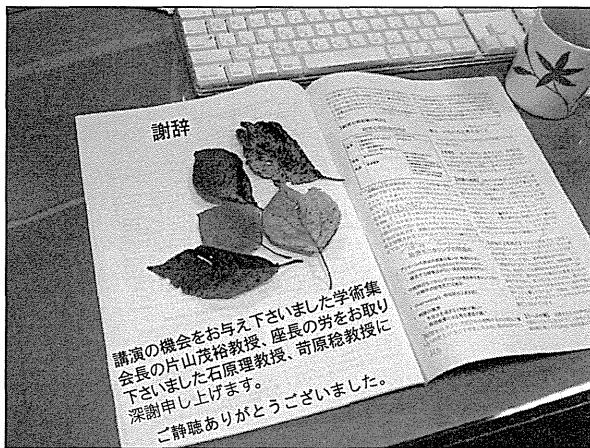




遺伝性女性化乳房症 Take home message

- CYP19A1のgain-of-function変異、常染色体優性
- アロマターゼ発現亢進、エストロゲン活性上昇
- 女性化乳房・低身長
- 20歳以下発症の両側性女性化乳房で、家系内発症があるときは本症を疑って、遺伝子検査で確定する
- エストロゲン値で、除外診断しない





Summary of CYP19A1 Mutations

Genotype	Heredity	Symptome	Detection	No. of subtypes	Activity/whole body	Proposed Mechanism
Normal		-		-	1	
Point mutation	AR	Deficiency	Sequencing	~20	0~0.2	Replication error
Inversion	AD	Excess	5' -RACE	4	10~50	NAHR (FoSTeS)
Deletion	AD	Excess	CGH array	2	5~10	NAHR (LINE 1)
Duplication	AD	Excess	CGH array	1	1.5	NAHR

遺伝性女性化乳房症 Aromatase Excess Syndrome 診断基準の策定（暫定）

- 明らかな2次性女性化乳房を除く、思春期発症の女性化乳房症
- 遺伝性がある
- E1 >30pg/mlのことが多い
- Tは正常下限か低値
- E2/TもしくはE1/T > 10(5)

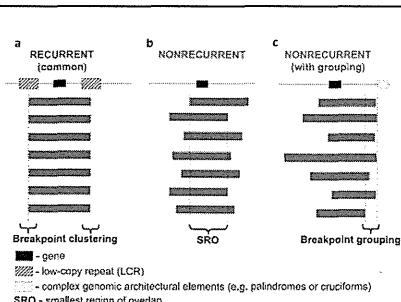
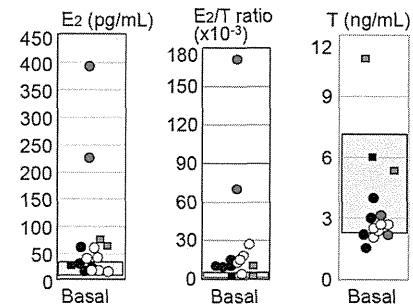
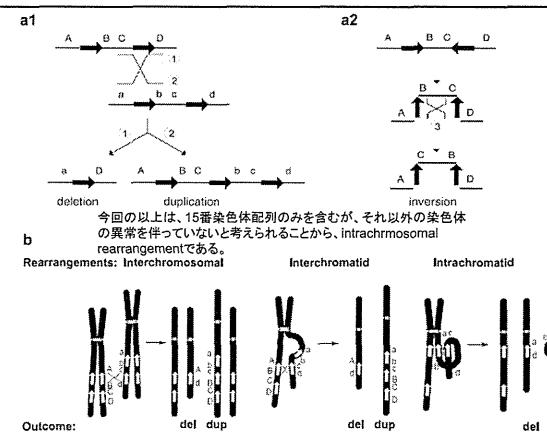
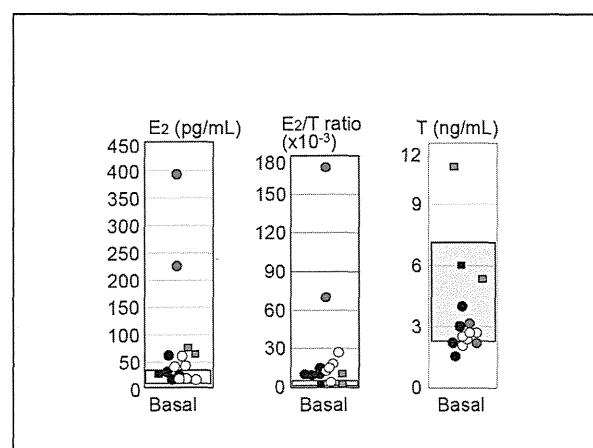
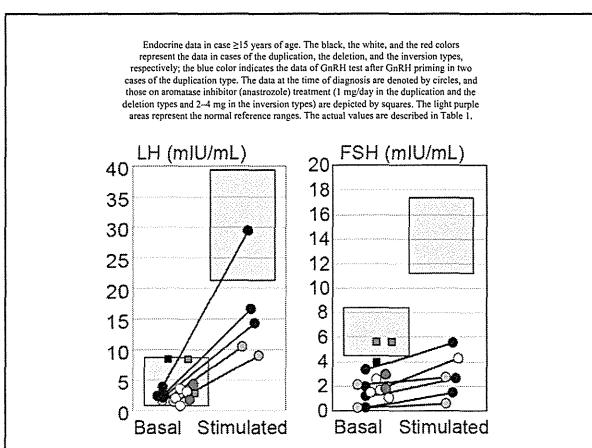
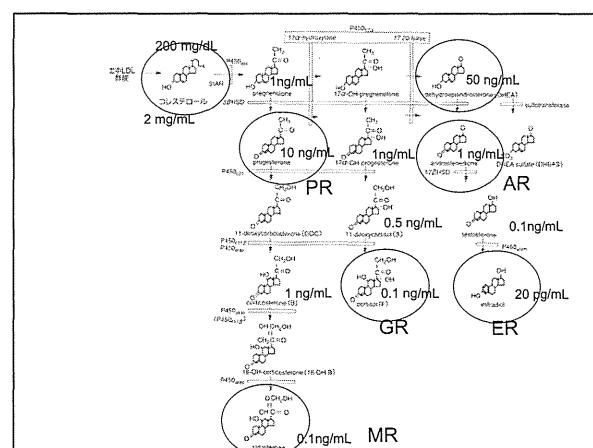
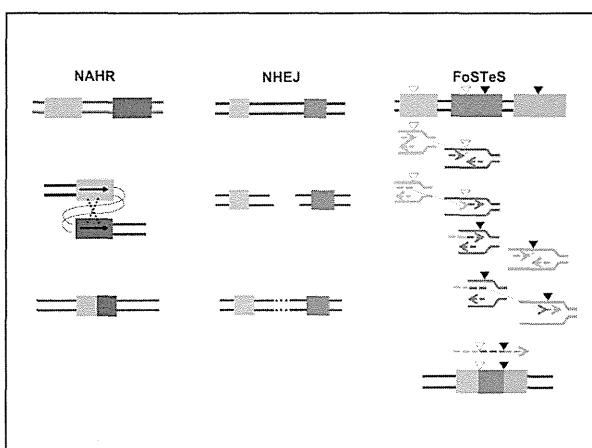
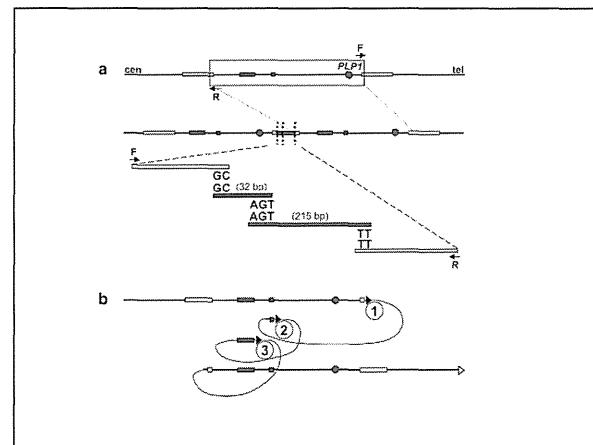
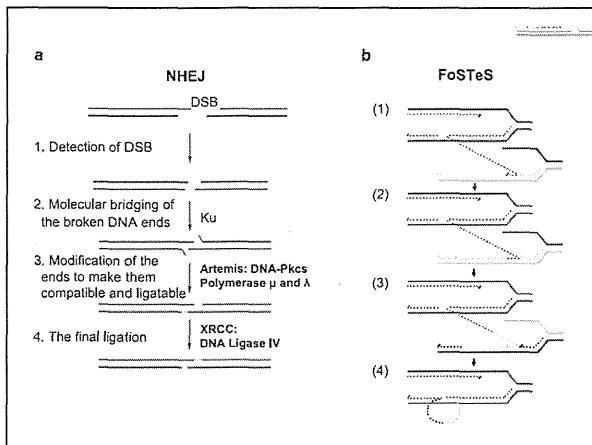


Figure 1
Experimental observations of recurrent and non-recurrent genomic rearrangements associated with genomic disorders. The long thin line signifies the genomic region undergoing genomic rearrangements. The black rectangle depicts a gene, the grey rectangle depicts a low-copy repeat (LCR), and the dashed line depicts complex genomic architectural elements (e.g., palindromes or cruciforms). The bracket indicates the smallest region of overlap (SRO). The nonrecurrent rearrangements are clustered in the genomic region. Note that all of the rearrangements shown in this figure are observed in the same individual. This is a very rare event and may be a coincidental finding. The grouping of breakpoints is distinct from breakpoint clustering, but like clustering, it may reflect underlying genomic architecture (for example, palindromic or cruciforms) important to the rearrangement mechanism, depicted as the dotted rectangles in Figure 1c.





アロママターゼ欠損症との対比

女性化乳房の原因

A. 性染色体異常	A1 X性连锁, 11-15号染色体 A2 Y染色体
B. 肝素失調症	B1 血管活性肽失調症 B2 17α-hydroxylase 失調症 B3 5α-reductase 失調症 B4 ドルメチニン
C. アンドロゲン受容体 関連	C1 雌二醇過剰症候群 (Estradiol-Excess Syndrome) C2 POMC 発現不全症 (Cow-Pox 発現不全)
D. 神経筋疾患	D1 GABAR 過剰発達 D2 GABAR 過剰発達 (GABA-A Receptor Overactivity)
E. 性特異 (性女性)	E1 17β-HSD失調症 E2 17β-HSD過剰 E3 17β-HSD欠損 E4 メスホルモン過剰発達 E5 メスホルモン欠損 E6 ドルメチニン
F. 内分泌疾患	F1 下垂體機能亢進症 F2 ヒゲナトコビーリバウンド症候群不全症 F3 ドルメチニン
G. 肝疾患	G1 ドルメチニン G2 ドルメチニン
H. 胃疾患	H1 ドルメチニン H2 ドルメチニン
I. 免疫性	I1 フラムラクション症候群 I2 ドルメチニン I3 ヒゲナトコビーリバウンド症候群不全症 I4 ドルメチニン I5 ドルメチニン
性女性 (性女性)	J1 遺伝子の変異が原因で、女性として生まれたが、女性として育つことが出来ないもの「女性化性」 J2 遺伝子の変異が原因で、女性として生まれたが、女性として育つことが出来ないもの「女性化性」 J3 遺伝子の変異が原因で、女性として生まれたが、女性として育つことが出来ないもの「女性化性」 J4 遺伝子の変異が原因で、女性として生まれたが、女性として育つことが出来ないもの「女性化性」

