

分担研究報告書

NF- $\kappa$ B関連遺伝子における関節リウマチ発症に関わるrare variantsに関する研究

研究分担者 山本 一彦 理化学研究所ゲノム医科学研究センター チームリーダー

研究要旨：関節リウマチ（RA）発症に関わる稀な変異（rare variants）を明らかにするため、RAの病態において重要な役割を果たしていると考えられるNF- $\kappa$ B遺伝子ファミリーに注目し、次世代シーケンサーによるターゲットリシーケンシングを行った。ケース・コントロール関連解析の結果、NF- $\kappa$ B遺伝子群には疾患に関わるrare variantが集積していることが明らかになった（ $P=0.0037$ ）。特にIKBKAPおよびRELA遺伝子において、ケース群においてrare variantsの数が有意に多くみとめられたため、これらのvariantは疾患発症のリスク因子となっている可能性が考えられた。今後、rare variantを用いた個人の病態予測モデルの樹立、およびこれらの遺伝子を標的とした治療法の開発が期待される。

研究分担者：山本 一彦  
理化学研究所ゲノム医科学研究センター  
チームリーダー

研究協力者：高地 雄太、明前 敬子  
理化学研究所ゲノム医科学研究センター

連することが明らかになっている。本研究では、NF- $\kappa$ Bシグナル伝達経路における主要16遺伝子（NF- $\kappa$ Bファミリー、I $\kappa$ Bファミリー、IKKファミリー）についてrare variantの同定を行い、RA感受性との関連を検討することを目的とした。

### A. 研究目的

関節リウマチ（RA）のゲノムワイド関連解析（GWAS）によって、我々は100以上の遺伝子領域が疾患発症と関連することを明らかにしてきた。しかし、GWASのみでは、RAの遺伝素因を十分説明できるわけではないことも同時に明らかになっている。この、未同定の遺伝素因（missing heritability）を説明するものとしては、GWASが対象としてこなかった、集団での頻度の低い変異（rare variant）の関与が示唆されている。

NF- $\kappa$ Bは免疫・炎症反応における多くの遺伝子の発現制御に関与する転写因子であるが、NF- $\kappa$ Bシグナルに関与するNFKB1E、RTKN2、TNFAIP3、REL、TRAF1、CD40などの遺伝子多型がRA感受性と関

### B. 研究方法

RA患者群563検体および健常人群564検体について、次世代シーケンサー（Ion PGM）を用いてNF- $\kappa$ B関連遺伝子のコーディング領域をターゲットとしたシーケンシングを行った。ライブラリ調整にはHaloplex Target Enrichment（Agilent）を用い、readのtrimming、mappingおよびvariantの検出にはCLC genomics workbench（CLC bio）を用いた。検出したvariantsから1000 Genome projectのアジア人集団（日本人+中国人、計287人）においてマイナーアレルの頻度が0.01以下のvariantおよびデータベース上に登録されていないunique variantを解析に用いた。さらに、variantが遺伝子機能に与える影響をin silicoで評価するソフトであるSIFTを

用いて、遺伝子機能にダメージを与えると予測された variant を関連解析の対象とした。関連解析にはロジスティック関連解析および Sequence Kernel Association Tests (SKAT)を用いた。

表 1 . NF B 遺伝子ファミリー

遺伝子	長さ(bp)	機能
<b>Iκ-B kinase (IKK)</b>		
<i>IKBKA</i>	2238	Iκ-Bのリン酸化
<i>IKBKB</i>	2271	
<i>IKBKE</i>	2151	
<i>IKBKG</i>	1464	
<i>IKBKAP</i>	3999	
<b>Iκ-B</b>		
<i>NFKBIA</i>	954	NF-κBの抑制
<i>NFKBIB</i>	1071	
<i>NFKBID</i>	942	
<i>NFKBIE</i>	1503	
<i>NFKBIZ</i>	2157	
<i>BCL3</i>	1365	
<b>NF-κB</b>		
<i>REL</i>	1860	転写制御
<i>RELA</i>	1656	
<i>RELB</i>	1736	
<i>NFKB1</i>	2907	
<i>NFKB2</i>	2703	
合計	30977	

(倫理面への配慮)

ヒトゲノム・遺伝子解析に関する実験および個人情報の取り扱い、理化学研究所および研究協力機関の倫理委員会の承認を受け、同委員会の作製した指針(文部科学省、厚生労働省及び経済産業省合同ヒトゲノム・遺伝子解析研究指針に基づく)のもとに行った。

### C. 研究結果

NF- B 関連 16 遺伝子のうち、15 遺伝子において遺伝子機能に影響を与えると予測される rare variant が同定された。コントロールでの各遺伝子の rare variant の数を比較すると、0~13 個と遺伝子間で差を認めた。まず、これらの variant の数を全遺伝子まとめたうえでケース・コントロール関連解析を行ったところ、有意な関連を認めた (P<0.05)。次に、遺伝子ごとに関連解析を行ったところ、*IKBKAP*、*RELA*、*RELB* 遺伝子におい

て、ロジスティック回帰分析もしくは SKAT において有意な関連を認めた (表 2、P<0.05)。*RELB* 遺伝子においては、コントロールでの variant の頻度が高かったため、これらの variant は疾患に対して防御的に働いている可能性が考えられた。一方で、*IKBKAP*、*RELA* ではケースにおいて、variant の数が多く、疾患発症に対してリスク因子となっていると考えられた。特に、*RELA* 遺伝子においては、ケースのみに rare variant が集積しており、一部の variant は rel homology domain (RHD) といった遺伝子機能に重要と考えられるドメインに存在していた (表 3、図 1)。

表 2 . 関連解析結果

遺伝子	SNV の数	変異アレルの数		関連解析	
		ケース	コントロール	ロジスティック 回帰分析	SKAT
<i>IKBKA</i>	2	1	1	0.25	0.67
<i>IKBKB</i>	4	4	3	0.14	0.24
<i>IKBKE</i>	5	18	13	0.32	0.45
<i>IKBKG</i>	1	1	0	0.24	0.48
<i>IKBKAP</i>	13	20	10	<u>0.024</u>	<u>0.082</u>
<i>NFKBIA</i>	0	0	0	-	-
<i>NFKBIB</i>	4	6	1	0.26	0.073
<i>NFKBID</i>	1	0	1	0.24	0.51
<i>NFKBIE</i>	1	1	0	0.24	0.48
<i>NFKBIZ</i>	5	5	2	0.32	0.43
<i>BCL3</i>	3	11	8	0.51	0.68
<i>REL</i>	4	4	4	0.43	0.77
<i>RELA</i>	4	5	0	0.14	<u>0.015</u>
<i>RELB</i>	3	5	9	<u>0.012</u>	<u>0.030</u>
<i>NFKB1</i>	4	2	3	0.14	0.21
<i>NFKB2</i>	3	2	2	0.43	0.93
全遺伝子	57	85	57	<u>0.0037</u>	<u>0.027</u>

表 3. RELA 遺伝子の rare variant

染色体	染色体位置	レファレンス アレル	変異 アレル	変異アレルの数		アミノ酸
				ケース	コントロール	
11	65425877	C	T	1	0	Arg253G
11	65425839	C	G	1	0	Val266Le
11	65422363	G	A	1	0	Pro381L
11	65421986	C	T	2	0	Ala507T

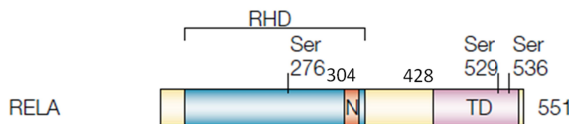


図 1 RELA 遺伝子構造

#### D. 考察

RA 患者検体を用いた NF- B 遺伝子ファミリー遺伝子のターゲットリサーチエンシングおよび関連解析を行うことによって、これらの遺伝子群に疾患発症に関わる rare variant が集簇していることが明らかになった。特に、IKAP および RELA 遺伝子においては、ケースにおいて variant の数が多いため疾患へのリスク因子になっていると考えられる。GWAS で明らかにされた疾患感受性多型は集団での頻度の高い common variant であり、遺伝子の機能へ与える機能は小さいものが多いと考えられている。一方で頻度の低い rare variant については十分な自然選択を経ていないものも多く、遺伝子機能に与えるインパクトの大きいものも存在すると考えられている。したがって、rare variant が個人の病態に与える影響も大きいことが考えられる。関連解析の結果からは IKAP および RELA の rare variant が疾患発症に関わっていることが示唆されたが、個々の variant が実際に病態に関与しているかについては、in vitro の解析系などを用いて variant の遺伝子機能へ与える影響を評価する必要がある。また、各遺伝子の関連は多重検定の補正を行うと有意性が消失するため、別セットを用いた追認解析が重要である。

#### E. 結論

NF- B ファミリーに遺伝子において

rare variants 解析を行った結果、NF- B ファミリー遺伝子群に疾患と関わる rare variant が集簇していることが明らかになった。今後、rare variant を用いた個人の病態予測モデルの樹立、およびこれらの遺伝子を標的とした治療法の開発につながることを期待される。

#### F. 健康危険情報

特になし。

#### G. 研究発表

##### 1. 論文発表

- 1) 高地 雄太 関節リウマチのゲノム解析でわかったこと . Medical Practice, 2013 . 30(4): 552-6.
- 2) 高地 雄太 日本人の関節リウマチ疾患感受性遺伝子 . 炎症と免疫, 2013, 21(2): 72-6.
- 3) Okada Y, Wu D, Trynka G, Raj T, Terao C, Ikari K, Kochi Y, Ohmura K, Suzuki A, Yoshida S, Graham RR, Manoharan A, Ortmann W, Bhangale T, Denny JC, Carroll RJ, Eyler AE, Greenberg JD, Kremer JM, Pappas DA, Jiang L, Yin J, Ye L, Su DF, Yang J, Xie G, Keystone E, Westra HJ, Esko T, Metspalu A, Zhou X, Gupta N, Mirel D, Stahl EA, Diogo D, Cui J, Liao K, Guo MH, Myouzen K, Kawaguchi T, Coenen MJ, van Riel PL, van de Laar MA, Guchelaar HJ, Huizinga TW, Dieudé P, Mariette X, Louis Bridges Jr S, Zhernakova A, Toes RE, Tak PP, Miceli-Richard C, Bang SY, Lee HS, Martin J, Gonzalez-Gay MA, Rodriguez-Rodriguez L, Rantapää-Dahlqvist S, Arlestig L, Choi HK, Kamatani Y, Galan P, Lathrop M; the RACI consortium; the GARNET consortium, Eyre S, Bowes J, Barton A, de Vries N, Moreland LW, Criswell LA, Karlson EW, Taniguchi A, Yamada R, Kubo M, Liu JS, Bae SC, Worthington J, Padyukov L,

Klareskog L, Gregersen PK, Raychaudhuri S, Stranger BE, De Jager PL, Franke L, Visscher PM, Brown MA, Yamanaka H, Mimori T, Takahashi A, Xu H, Behrens TW, Siminovitch KA, Momohara S, Matsuda F, Yamamoto K, Plenge RM. Genetics of rheumatoid arthritis contributes to biology and drug discovery. *Nature* 506:376-81:2014.

## 2. 学会発表

1) 高地 雄太 関節リウマチ感受性遺伝子の同定および機能解析．人類遺伝学会，2013

## H. 知的財産権の出願・登録状況（予定も含む）

### 1. 特許取得

本研究と関連するものはなし。

### 2. 実用新案登録

本研究と関連するものはなし。

### 3. その他

本研究と関連するものはなし。

分担研究報告書

次世代シーケンサーを用いた関節リウマチ関連 rare variant の探索に関する研究

研究分担者 松田 文彦 京都大学大学院医学研究科附属ゲノム医学センター 教授

研究要旨:関節リウマチ(RA)において、これまでの SNP アレイに基づいた全ゲノム関連解析で見出せなかった頻度が稀な疾患感受性遺伝子多型を同定するために、家系例および非家系例の DNA を用いて次世代シーケンサーにて全エクソン領域塩基配列決定を行った。非家系例では 69 例の RA 患者群の結果を基に、関節破壊の重篤な 68 例を用いて追認解析を施行し、合計 8 領域の候補を同定した。家系例については、SNP アレイも併用した。その結果、染色体 3 番上の領域の関与が強く示唆された。

研究分担者：松田 文彦  
京都大学大学院医学研究科附属ゲノム医学センター 教授

研究協力者：寺尾 知可史  
京都大学大学院医学研究科附属ゲノム医学センター 特定助教

### A. 研究目的

関節リウマチ(RA)において、一般人口集団において頻度が低く、これまでのアレイに基づいた全ゲノム関連解析で見出せなかった稀な疾患感受性遺伝子多型を同定する。

### B. 研究方法

東京女子医科大学膠原病リウマチ痛風センターを受診した RA 患者のうち、濃厚な家系例を示す一家系 8 名(患者を含めた同胞の 8 名のうち 4 名罹患)および、関節破壊の進行の早い RA 患者 69 名の合計 77 名を対象とした。末梢血白血球から DNA を抽出し、理化学研究所にてアジレント社の sureselect を用いてエクソーム濃縮を行い、イルミナ社の次世代シーケンサーである HiSeq を用いて全エクソームシーケンスを行った。それらデータを元

に理化学研究所の統計解析チームにより既に確立された塩基配列決定法により、RA 患者の各塩基配列を決定した(第一セット)。次世代シーケンサーの異なるプラットフォームによる結果の乖離を避けるため、対照群として、同手法によってタイピングされた理化学研究所の他疾患のデータを用い、公開データベース(DBSNP, 1000 人ゲノム, EDP) および理研の in-house データベースのデータを基に、de novo mutation(新規遺伝子変異)の確定を行った。遺伝子ごとに de novo mutation に着目して変異を持つ個体が RA 群に集積されているかを Fisher の正確確率検定で評価した。その結果を、東京女子医科大学膠原病リウマチ痛風センターおよび京都大学大学院医学研究科附属ゲノム医学センターにて収集された関節破壊の重篤な 68 例と健常者 178 例の DNA を用いて追認解析を行った(第二セット)。追認解析では、第一セットと同様に sureselect にてエクソーム濃縮及び HiSeq による全エクソームシーケンスを行い、RA 群・対照群の各塩基配列を決定し、第一セットと同様に RA 群に de novo mutation 保有個体が集積していないかを検定し、第一および第二セットの結果を統合した。

家族例については疾患群 4 例と非疾患群 4 例の比較を行い、分布の不均衡を示す de novo mutation および遺伝子領域、染色体領域の解析を行った。また、Illumina 社 Infinium Human Core Exome アレイを用いて SNP genotyping を行い、近縁関係の評価と染色体領域の絞り込みを行った。

(倫理面への配慮)

本研究はヘルシンキ宣言にのっとりデザインされ、各施設の倫理委員会で承認されたものである。対象者からは全員書面で同意を得た。同意の撤回の自由は保証されている。

### C. 研究結果

家系例・非家系例ともに 10 回以上読まれた変異のみ解析に採用した。サンプルは call 成功率 80% のサンプルを採用した。非家系例では遺伝的に近縁関係にあると推定されたサンプルおよびコンタミネーションが疑われたサンプルは除外した。変異ではサンプルの Call 成功率が低いものは除外した。

非家系例について第一セットで p 値が 0.05 以下であったものは 216 遺伝子であった。これらの内、7 遺伝子が追認解析にても 0.1 以下の p 値を示した。また、メタ解析では、合計 8 遺伝子領域が合計 p 値 < 0.001 を示した。最も低い p 値を示す領域は染色体 21 番領域に存在する遺伝子であった ( $p=2.1 \times 10^{-6}$ )。この遺伝子については過去の報告で免疫学的な機能は報告されていなかった。また、de novo mutation に着目した解析を行い、第一セットで同定した RA 4 名に変異を認めるもの 4 つ、3 名に変異を認めるもの 17 個の SNV について第二セットでも検証した。その結果、5 つの SNV について第二セットで RA に同一の変異を同定したが、いずれも対照群にも存在するか、RA 1 例のみであった。次に、de novo mutation に限

らず、稀な exon 上の変異の分布の偏りを遺伝子ごとに評価を行った (C-alpha テスト)。対照群でアレル頻度 2.5% 以下の変異で Call 成功率 90% 以上の多型を対象に解析を行った結果、前回の報告で p 値 0.0005 以下を示す 12 領域について第二セットで検証した。その結果、染色体 12 の遺伝子一つが p 値 0.00036 を示した。

家系例については 8 名共に塩基配列が決定された遺伝子多型は 75395 個であり、内 19455 個が少なくとも一つの変異を家系内で認めた。1000 個の変異が患者群にのみ変異を認めた。両親は既に亡くなっており、RA でなく、DNA は得られていないが、常染色体優性遺伝の形式を想定して解析を行い、113 個が罹患患者 4 名のみに変異を認めた。罹患患者 4 名にのみ変異を認める de novo mutation は 3 つのみであり、その全てが 3 番染色体上にあり、アミノ酸変異をもたらすものであった。また、他の variant の分布の評価から、染色体 3 番の多くの領域が罹患患者 4 名で共有されている可能性が示された。次に、常染色体劣性遺伝の形式を想定して解析を行った。common variant に着目したイルミナ社のインフィニウムアレイを用い、8 名の genotyping を行った。このタイピング結果から、8 名の遺伝学的な関係の強さを通して家族関係を確認した。また、Case と Control の比較から、染色体 3 番の 1.1Mbp の領域を Case が共有していることを確認した。その領域上に Case が 4 人とも variant のホモを持ち、Control が全員 hetero の遺伝子型である rare variant は同定されなかった。

### D. 考察

昨年度は疾患群とは異なるエクソーム濃縮の手法及びシーケンサーの違ったデータをコントロールデータとして用いたため、Call 成功率を始め相違があったものと考えられた。

非家系例については、RA に集積する特定

の de novo mutation は明らかでなかった。C-alpha テストでは前回の報告と同じ遺伝子が低い p 値を示したが、今回の解析では特定の 1SNV が RA 群に集積していたためであり、慎重な評価が必要であると思われた。各遺伝子における de novo mutation 集積の有無の評価を行った結果、有望な候補遺伝子が複数同定された。SNV の機能解析や遺伝子そのものの機能解析によって RA の病態解明につながるものと考えられる。現在、さらに解析手法を洗練させるべく取り組んでいるところである。

家系例については祖先由来の 3 番染色体が強い浸透率を持って RA 発症にかかわっている可能性があると考えられた。3 番染色体は、これまでの全ゲノム関連解析において RA 発症との関連を示した領域は欧州人、アジア人共にごくわずかであり、それら遺伝子には疾患群のみに認める de novo mutation は認めず、他の遺伝子領域の関与が疑われた。この領域の機能解析により新規の RA 発症機能の解明につながる可能性がある。家系例について疾患群 4 例のみに認められた de novo mutation は非家系例については第一・第二セットともに一例も認めず、同じ遺伝子領域の de novo mutation の疾患群の集積は明らかでなく、原因領域同定の手掛かりは得られなかった。SNP アレイにて情報を補完したが、領域を決定するには至らなかった。また、罹患同胞の子供の世代は発症していないが、候補領域の機能解析に加えて今後のフォローアップによって、有益な情報が得られる可能性がある。

## E. 結論

非家系例では、多重検定を考慮に入れても有意水準の p 値を示した染色体 21 番の領域を含めて合計 7 領域の RA 発症関連領域候補が同定された。家系例では染色体 3 番の疾患への関与が強く示唆された。さらなる先進的な統計的手法の開発や、

遺伝的多型や遺伝子そのものの機能解析によって領域の絞り込みや多型の決定、引いては RA の疾患発症機序の解明につながるものと考えられた。

## F. 健康危険情報

特になし

## G. 研究発表

### 1. 論文発表

2.3) Okada Y, Wu D, Trynka G, Raj T, Terao C, Ikari K, Kochi Y, Ohmura K, Suzuki A, Yoshida S, Graham RR, Manoharan A, Ortmann W, Bhangale T, Denny JC, Carroll RJ, Eyler AE, Greenberg JD, Kremer JM, Pappas DA, Jiang L, Yin J, Ye L, Su DF, Yang J, Xie G, Keystone E, Westra HJ, Esko T, Metspalu A, Zhou X, Gupta N, Mirel D, Stahl EA, Diogo D, Cui J, Liao K, Guo MH, Myouzen K, Kawaguchi T, Coenen MJ, van Riel PL, van de Laar MA, Guchelaar HJ, Huizinga TW, Dieudé P, Mariette X, Louis Bridges Jr S, Zhernakova A, Toes RE, Tak PP, Miceli-Richard C, Bang SY, Lee HS, Martin J, Gonzalez-Gay MA, Rodriguez-Rodriguez L, Rantapää-Dahlqvist S, Arlestig L, Choi HK, Kamatani Y, Galan P, Lathrop M; the RACI consortium; the GARNET consortium, Eyre S, Bowes J, Barton A, de Vries N, Moreland LW, Criswell LA, Karlson EW, Taniguchi A, Yamada R, Kubo M, Liu JS, Bae SC, Worthington J, Padyukov L, Klareskog L, Gregersen PK, Raychaudhuri S, Stranger BE, De Jager PL, Franke L, Visscher PM, Brown MA, Yamanaka H, Mimori T, Takahashi A, Xu H, Behrens TW, Siminovitch KA, Momohara S, Matsuda F, Yamamoto K, Plenge RM. Genetics of rheumatoid arthritis contributes to biology and drug discovery. *Nature*

506:376-81:2014.

**3. 学会発表**

特になし

**H. 知的財産権の出願・登録状況（予定も含む）**

**1. 特許取得**

本研究と関連するものはなし。

**2. 実用新案登録**

本研究と関連するものはなし。

**3. その他**

本研究と関連するものはなし。







分担研究報告書

血清ビタミンD値関連遺伝子多型と股関節骨折リスクとの関連に関する研究

研究分担者 桃原 茂樹、山中 寿 東京女子医科大学医学部 教授

研究要旨：関節リウマチ（RA）患者は骨粗鬆症に離間する頻度が高く、骨折のハイリスク群に位置づけられている。特に股関節骨折は生命予後にも影響を及ぼすことが明らかとなっており、その予防は急務となっている。ビタミンDは骨粗鬆症治療薬の一つだが、血清ビタミンD値と関連する遺伝子多型の存在も報告されている。まず欧米人集団でのGWASによって特定された血清ビタミンD値関連遺伝子多型のバリデーションを日本人RA患者集団で行い、得られた遺伝子多型について10年間の前向き調査によって確認された骨折歴データを用いて、Coxハザードモデルによって骨折との関連を検討した。その結果、ビタミンDの輸送に関わるGC上のSNPが血清ビタミンD値に関連するとともに、骨折リスクとも関連することが明らかとなった。

研究分担者：桃原 茂樹  
東京女子医科大学医学部 教授

研究分担者：山中 寿  
東京女子医科大学医学部 教授

研究協力者：猪狩 勝則  
東京女子医科大学医学部 准教授

ビタミンD値と関連する遺伝子多型がいくつか報告されている。今回の研究の目的は大規模な日本人RA患者集団を用いてこの関連をバリデーションし、得られた血清ビタミンD値関連遺伝子多型が股関節骨折のリスクとなるかを検討することである。

## B. 研究方法

本研究は東京女子医科大学で2000年より実施しているIORRAコホート研究の一貫として実施した。対象はIORRAコホート研究に参加している患者のうちDNA収集に同意した1957名である。このうち899名については2011年4月に血中総ビタミンD量を反映する指標である25(OH)DというビタミンDの主要代謝物の血中濃度を測定している。股関節骨折はIORRAデータベースに記録されている自己申告骨折のうちカルテ記載やレントゲンで確認できたものを記録として用いた。観察期間は最長10年であり、最初に生じた骨折で観察打ち切りとした。最終的に39例39骨折が含まれている。

既報のGWASの結果から、以下の5つの

## A. 研究目的

関節リウマチ（RA）罹患は骨粗鬆症の独立した危険因子であり、さらに骨粗鬆症の別の独立した危険因子であるコルチコステロイドを服用することも多いため、骨折罹患の危険性が健常人と比べ有意に高いことが知られている。骨折の中でも特に股関節の骨折は罹患すると日常生活に大きな影響を与え、さらに生命予後も悪化させることが知られている。ビタミンDは骨代謝に重要な役割を果たしており、欠乏すると骨粗鬆症につながるため、骨粗鬆症治療薬の一つにもなっている。これまで欧米の健常集団を用いたゲノムワイド関連解析（GWAS）によって、血清

SNP を選択した：rs2282679 (GC; group-specific component)、rs3829251、rs12785878、rs1790349 (DHCR7/NADSYN1; 7-dehydro- cholesterol reductase/nicotinamide-adenine dinucleotide synthetase 1)、rs10741657 (CYP2R1; cyto- chrome P450, family 2, subfamily R, polypeptide 1)。遺伝子多型同定には TaqMan 法を用いた。

まず、血清 25(OH)D 値との各 SNP との関連について、IORRA コホートで既知の血清 25(OH)D 値関連因子(性、年齢、J-HAQ 身体機能評価指数、血清タンパク量、血清コレステロール値、血清 ALP 値、NSAIDs 使用の有無)で調整した重回帰分析で評価した。

次いで血清 25(OH)D 値と関連をバリデートできた SNP について、Cox ハザードモデルを用いて、既知の骨折リスク因子 (J-HAQ 身体機能評価指数、年齢、人工膝関節の既往、BMI)で調整した上で評価を行った。

#### (倫理面への配慮)

本研究で想定されている研究内容に関しては、「ヒトゲノム・遺伝子解析研究に関する倫理指針」、「疫学研究に関する倫理指針」、「臨床研究に関する倫理指針」など関連する指針などに基づいて妥当性を適切に判断している。また、東京女子医科大学遺伝子解析研究に関する倫理審査委員会において承認を得た上で、インフォームドコンセントのもとに書面による同意を得て実施している。

### C. 研究結果

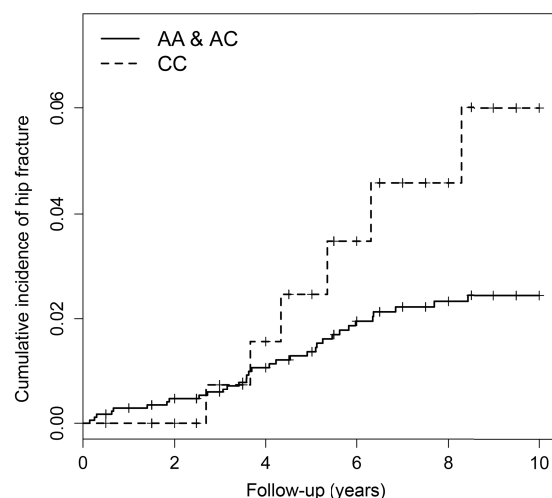
血清 25(OH)D 値と有意な関連を示した SNP は rs2282679 (GC; group-specific component)のみだった ( $P = 8.1 \times 10^{-5}$ 、表 1)。ジェノタイプ毎の血清 25(OH)D 値それぞれ 16.1 (AA)、15.2 (AC)、14.7 (CC)であった。さらに Cox ハザードモデルによる解析により、rs2282679 は股関節骨折とも関連することが明らかとなった

(ハザード比 2.52、図 2)。

表 1. 各 SNP 毎の多重回帰分析による血清 25(OH)D 値との関連

	SNP	$\beta$	P
GC	rs2282679	-0.13	$8.1 \times 10^{-5}$
DHCR7	rs3829251	-0.0031	0.92
	rs12785878	0.0057	0.86
	rs1790349	-0.016	0.63
CYP2R1	rs10741657	0.035	0.30

図 1. rs2282679 (GC)の遺伝子型に基づく股関節骨折リスク



### D. 考察

これまでに股関節骨折との関連を示す遺伝子多型の報告はいくつかあるが、rs2282679 と股関節骨折リスクとの関連の報告はない。これまで rs2282679 は血清 25(OH)D 値と有意な関連を示すことが報告されており、今回の検討でも日本人 RA 患者集団でその関連が確認できたが、今回の検討で股関節骨折のリスクとなることをはじめて示した。CC のジェノタイプを持つと継続的に血清ビタミン D 値が低値となることで、骨代謝に影響を与え、股関節骨折という結果につながると考えられる。

### E. 結論

今後、rs2282679 の遺伝子型を調べる

ことでビタミンD製剤を必要とする患者群の同定が容易となり、股関節骨折のリスクを低減させ得る可能性があることを示した。

## **F. 健康危険情報**

特になし。

## **G. 研究発表**

### **1. 論文発表**

1) A *GC* polymorphism associated with serum 25- hydroxyvitamin D level is a risk factor for hip fracture in Japanese patients with rheumatoid arthritis: 10-year follow-up of the Institute of Rheumatology, Rheumatoid Arthritis cohort study. Yoshida S, Ikari K, Furuya T, Toyama Y, Taniguchi A, Yamanaka H, Momohara S. *Arthritis Res Ther*, 2014.16:R75.

### **2. 学会発表**

## **H. 知的財産権の出願・登録状況（予定も含む）**

### **1. 特許取得**

本研究と関連するものはなし。

### **2. 実用新案登録**

本研究と関連するものはなし。

### **3. その他**

本研究と関連するものはなし。



分担研究報告書

抗CCP抗体陰性関節リウマチの原因遺伝子検索に関する研究

研究分担者 三森 経世 京都大学大学院医学研究科内科学講座臨床免疫学 教授

研究要旨：抗CCP抗体(ACPA)陰性関節リウマチ（RA）はRAの約20%を占め、関連するHLAアレルがACPA陽性RAと異なり、関節破壊も比較的軽症であることから、異なるRAサブセットであると考えられている。ACPA陰性RAの全ゲノム関連解析（GWAS）を多施設共同研究にて行い、いくつかの関連遺伝子が候補に挙がった。本年度はACPA陰性RAをさらにリウマトイド因子(RF)陽性と陰性のサブグループに分けて、ACPA陽性RAと関連遺伝子がどの程度共通しているかを中心に検討した。その結果、ACPA陽性RAの関連遺伝子とACPA陰性RAの関連遺伝子は相当数が共通しており、特にRF陽性サブグループとより共通していることが判明した。

研究分担者：三森 経世  
京都大学大学院医学研究科内科学講座臨床免疫学 教授

研究協力者：大村 浩一郎  
京都大学大学院医学研究科内科学講座臨床免疫学 講師

研究協力者：寺尾 知可史  
京都大学大学院医学研究科付属ゲノム医学センター 特定助教

定、一度もRFが陽性となったことのない患者をRF陰性と判定した。

抗CCP抗体陰性RA 670例とコントロール16891例を用いたGWASデータから、過去に日本人RAを用いたGWASで有意水準を満たした感受性遺伝子21個に関するデータを抽出し、ACPA(+)-RAとACPA(-)-RAのodds ratio (OR)を比較。

次にACPA(+)-RAとコントロールのGWASデータから遺伝子をp値にて階層化しそれぞれの階層内でACPA(-)-RAのOR vs ACPA(+)-RAのOR、ACPA(-)-RF(+)-RAのOR vs ACPA(+)-RAのOR、ACPA(-)-RF(-)-RAのOR vs ACPA(+)-RAのORの相関係数を求めてplotした。ACPA(-)-RF(+)-RAのOR vs ACPA(+)-RF(-)-RAのORはそれぞれのサブグループのGWASでのp値に基づいた相関係数をplotした。

（倫理面への配慮）

本研究は遺伝子情報を扱う臨床研究であることから「ヒトゲノム・遺伝子解析研究に関する倫理指針」「臨床研究に関する倫理指針」およびヘルシンキ宣言（2004年改訂）を遵守する。本研究は京都大学医学部医の倫理委員会および各研究機関

### A. 研究目的

ACPA陰性RAはRF陽性とRF陰性のサブグループに分類され、HLAアレルのusageが異なることを過去に報告した。今回我々はACPA陽性RAとACPA陰性RAサブグループがどの程度非HLA感受性遺伝子を共有しているかを検討した。

### B. 研究方法

本研究班班員および、全国の協力病院からACPA陰性RAのDNA検体を収集し、RF情報を収集した。一度でもRFが基準値を上回ったことがある患者はRF陽性と判

においても倫理委員会で協議、承認されている。

### C. 研究結果

抗 CCP 抗体陰性 RA 670 例 vs. コントロール 16891 例の GWAS メタ解析を行った。過去に日本人 RA を用いた GWAS で有意水準を満たした感受性遺伝子 21 個に関するデータを抽出し、ACPA(+)RA と ACPA(-)RA の odds ratio (OR) を比較した図を図 1 に示す。

**図 1 .ACPA 陽性 RA と関連を示す遺伝子に関して、ACPA 陽性 RA および ACPA 陰性 RA の Odds ratio 比較**

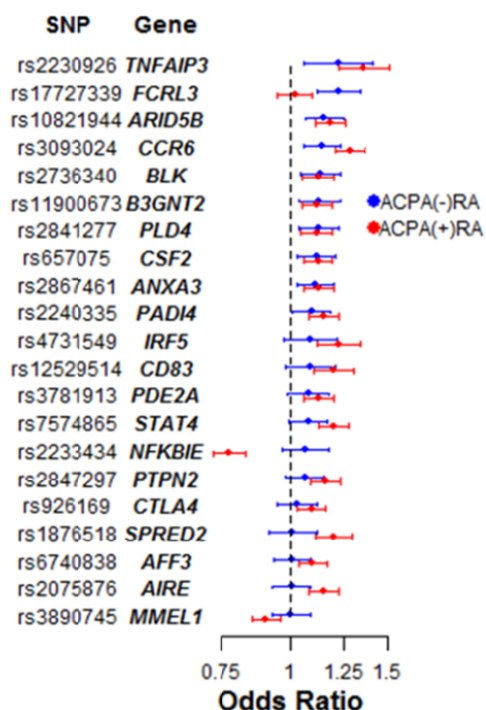


図 1 に示す通り、ACPA(-)RA では ACPA(+)-RA の疾患感受性遺伝子をかなり共有していることが示された。

次に、ACPA(+)-RA とコントロールの GWAS データから遺伝子を p 値にて階層化しそれぞれの階層内で ACPA(+)-RA の OR vs ACPA(-)RF(+)-RA の OR、ACPA(+)-RA の OR vs ACPA(-)RF(-)-RA の OR の相関係数を求めて plot した (図 2A、図 2B)。

**図 2 ACPA(+)-RA の関連遺伝子 (候補) が示す OR と ACPA(-)-RA サブグループでの OR の関連**

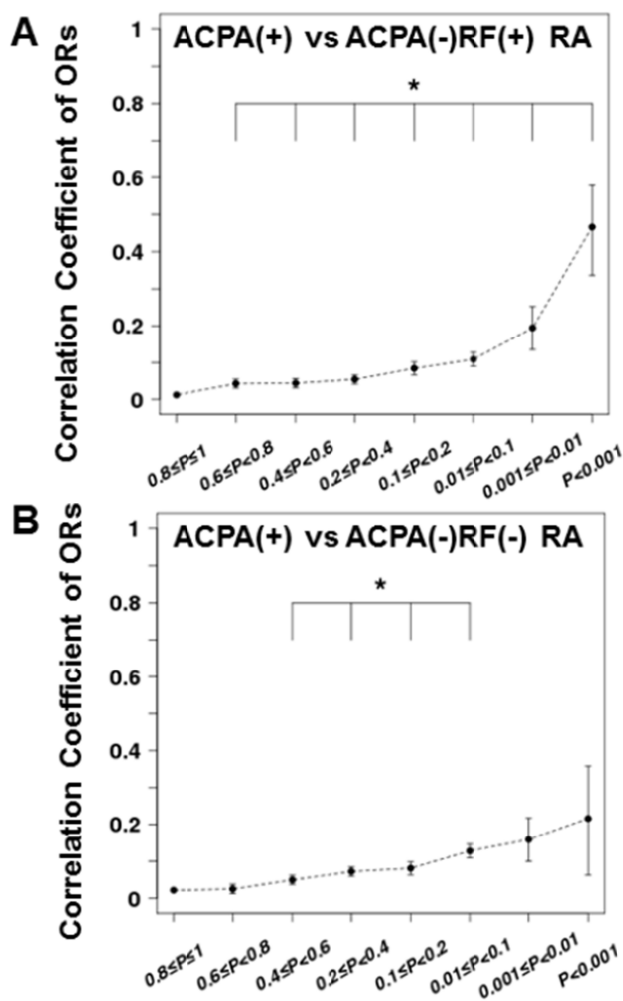


図 2 に示す通り、p 値が比較的低い (関連が強い) 遺伝子が多く含まれる階層では ACPA(+)-RA 遺伝子と ACPA(-)RF(+)-RA および ACPA(-)RF(-)-RA と OR の相関が強く、ACPA(+)-RA と関連する遺伝子は p 値の比較的低い遺伝子に関しても ACPA(-)RF(+)-RA もしくは ACPA(-)RF(-)-RA と共通することが示唆された。また、その共通する程度は ACPA(-)RF(+)-RA の方が ACPA(-)RF(-)-RA よりも強いことも示唆された。

一方、図 3 に示すように ACPA(-)RF(+)-RA と ACPA(-)RF(-)-RA との比較においてはほとんど感受性遺伝子を共有していないことが示唆された。



図3 ACPA(-)RF(+)RA と ACPA(-)RF(-)RA の感受性遺伝子（候補）の OR の関連

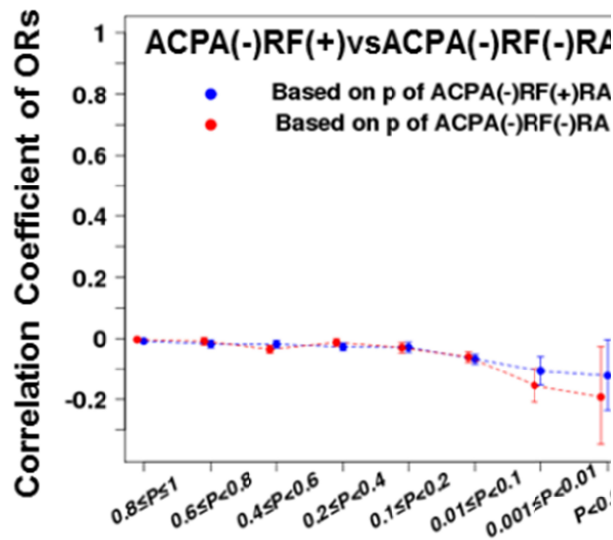
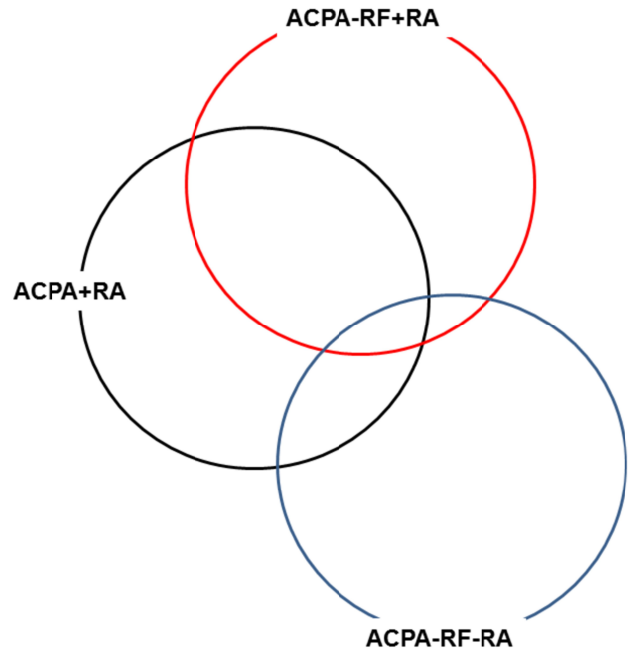


図4 共有する感受性遺伝子の程度



#### D. 考察

ACPA 陰性 RA は heterogeneous な集団であり、RF 陽性と RF 陰性によって HLA の関連アレルが異なることから、遺伝的に異なる 2 つの subset である。しかしながら、そのサブセットによって GWAS を行った報告はこれまでに見られない。今回の我々の結果から、新たな感受性遺伝子が見つかったということではないが、ACPA 陽性 RA と関連する遺伝子の多くが ACPA 陰性 RA およびそのサブセットにおいても関連することが示された。このことは、ACPA 陰性 RA と ACPA 陽性 RA は HLA の関連が異なること以外は他の感受性遺伝子の多くは共通しており、これまで ACPA 陰性 RA 感受性遺伝子の報告が少ないのは単に検体数が少ないための検出力不足であることが示唆される。

図 4 に共有する感受性遺伝子の程度をイメージとして示している。

今回の結果は ACPA 陽性 RA もしくは RA 全体で検出された感受性遺伝子は、多くが ACPA 陰性 RA およびそのサブセットとも共有することが示され、今後、これらの感受性遺伝子を制御する創薬が行われた際は ACPA 陰性 RA でも効果が十分期待できることをも示唆している。

#### E. 結論

ACPA 陰性 RA と ACPA 陽性 RA は多くの非 HLA 感受性遺伝子を共有する。また、ACPA(-)RF(+)RA サブセットは ACPA(-)RF(-)RA と比較して、より ACPA(+)RA と遺伝的に近い関係にある。

#### F. 健康危険情報 特になし

#### G. 研究発表

- 1) Katayama M, Ohmura K, Yukawa N, Terao C, Hashimoto M, Yoshifuji H, Kawabata D, Fujii T, Iwakura Y, Mimori T. Neutrophils are essential as a source of IL-17 in the effector phase of arthritis. *PLoS One*. 2013, 8: e62231
- 2) Cui J, Stahl EA, Saevarsdottir S, Miceli C, Diogo D, Trynka G, Raj T, Mirkov MU, Canhao H, Ikari K, Terao C, Okada Y, Wedrén S, Askling J, Yamanaka H, Momohara S, Taniguchi A, Ohmura K, Matsuda F, Mimori T, Gupta N, Kuchroo M, Morgan AW, Isaacs JD, Wilson AG, Hyrich KL, Herenius M, Doorenspleet ME,

Tak PP, Crusius JB, van der Horst-Bruinsma IE, Wolbink GJ, van Riel PL, van de Laar M, Guchelaar HJ, Shadick NA, Allaart CF, Huizinga TW, Toes RE, Kimberly RP, Bridges SL Jr, Criswell LA, Moreland LW, Fonseca JE, de Vries N, Stranger BE, De Jager PL, Raychaudhuri S, Weinblatt ME, Gregersen PK, Mariette X, Barton A, Padyukov L, Coenen MJ, Karlson EW, Plenge RM. Genome-Wide Association Study and Gene Expression Analysis Identifies CD84 as a Predictor of Response to Etanercept Therapy in Rheumatoid Arthritis. *PLoS Genet.* 2013, 9: e1003394

3) Terao C, Hashimoto M, Yamamoto K, Murakami K, Ohmura K, Nakashima R, Yamakawa N, Yoshifuji H, Yukawa N, Kawabata D, Usui T, Yoshitomi H, Furu M, Yamada R, Matsuda F, Ito H, Fujii T, Mimori T. Three Groups in the 28 Joints for Rheumatoid Arthritis Synovitis - Analysis Using More than 17,000 Assessments in the KURAMA Database. *PLoS One* 2013, 8: e59341

4) Terao C, Ohmura K, Kawaguchi Y, Nishimoto T, Kawasaki A, Takehara K, Furukawa H, Kochi Y, Ota Y, Ikari K, Sato S, Tohma S, Yamada R, Yamamoto K, Kubo M, Yamanaka H, Kuwana M, Tsuchiya N, Matsuda F, Mimori T. PLD4 as a novel susceptibility gene for systemic sclerosis in a Japanese population. *Arthritis Rheum.* 2013, 65: 472-80

5) Terao C, Hashimoto M, Furu M, Nakabo S, Ohmura K, Nakashima R, Imura Y, Yukawa N, Yoshifuji H, Matsuda F, Ito H, Fujii T, Mimori T. Inverse association between air pressure and rheumatoid arthritis synovitis: an observational study. *PLoS One* 2014, 9: e85376

#### 学会発表

1) Hiwa R, Ohmura K, Mimori T, et

al: Only rheumatoid factor-positive subset of anti-citrullinated peptide/protein antibody-negative rheumatoid arthritis seroconverts to anti-citrullinated peptide/protein antibody positive. American College of Rheumatology Annual Scientific Meeting 2013, San Diego, Oct 29, 2013 (poster presentation).

2) Hiwa R, Ohmura K, Mimori T, et al: Clinical characteristics of rheumatoid factor-positive or -negative subsets of anti-citrullinated peptide/protein antibody-negative rheumatoid arthritis. American College of Rheumatology Annual Scientific Meeting 2013, San Diego, Oct 29, 2013 (poster presentation).

3) Hiwa R, Ohmura K, Mimori T, et al: Does anti-cyclic citrullinated peptide (CCP) antibody-negative rheumatoid arthritis (RA) become anti-CCP positive RA? 第57回日本リウマチ学会総会・学術集会 2013年(京都)国際ワークショップ(oral presentation)

#### H. 知的財産権の出願・登録状況(予定も含む)

##### 1. 特許取得

本研究と関連するものはなし。

##### 2. 実用新案登録

本研究と関連するものはなし。

##### 3. その他

本研究と関連するものはなし。





分担研究報告書

疾患関連遺伝子の同定と臨床展開のための数理統計学的手法に関する研究

研究分担者 山田 亮 京都大学大学院医学研究科附属ゲノム医学センター 教授

**研究要旨：**疾患関連遺伝子に関する知見を臨床活用するにあたり、医療上の決断という視点に立った情報活用の統計学的・決断理論的位置づけを明確にし、多彩な遺伝的多様性情報の個別性と、情報の活用方法の個別性という2重の個別性を考慮した個別化医療に向けた理論的基礎が明らかになった。

研究分担者：山田 亮  
京都大学大学院医学研究科附属ゲノム医学センター 教授

一般的な生殖細胞系列変異研究に活用される解析手法であることから、同研究にて用いられることを前提とした独立したアプリケーションとなるように配慮した。

#### A. 研究目的

疾患感受性遺伝子や予後・亜型関連遺伝子の情報を臨床展開するにあたり、比較的低い総体危険度を有する座位から臨床的に意味のある情報を作成し、臨床現場に提供するために解決すべき課題を明らかにし、その課題解決のための方法論について考案することを目的とした。

#### B. 研究方法

疾患感受性遺伝子のジェノタイプ情報を活用した個別化医療の実践は、遺伝性の高いコモンディジーズ亜型(高遺伝性のある種の癌)と薬剤使い分けにおいて成功をおさめているが、それ以外の場合には困難な課題となっている。個別化医療展開に向けては、より曖昧なままの情報を臨床活用できるようにするといった、抜本的な方針展開が有用な可能性がある。その点に鑑み、統計学的検定によって支持されない情報を臨床活用するための確率・尤度的な基礎と決定理論的課題について、数理モデルを作成しシミュレーションを実施した。

(倫理面への配慮)

#### C. 研究結果

統計学的検定によって支持されない情報の典型例であり、また、遺伝情報活用以外にも応用の可能性の大きい例として、2値型情報が少数標本に関して得られた場合をひな形とし、そのような情報を用いた判断戦略として、混合分布モデルとモンテカルロ推定とを基礎とする手法を考案し、そのパフォーマンス評価を実施し、戦略として成立する可能性があることを示した。

#### D. 考察

示した情報活用戦略を遺伝情報に基づいた個別化医療に展開するには、少なくとも2つの課題が残されていることが明らかである。1つは、単純化した決定過程での手法の構築にとどまっており、複雑な遺伝的多様性情報のモデル化に対応する必要がある。もう1つは戦略が臨床コミュニティにて受容されるかという点である。医療現場においては、0/1型の情報による判断分岐が主流であり、確率・尤度の考え方をうまく持ち込めるかどうかは、依然として不透明である。し

かしながら、この点は、遺伝情報活用にとどまる課題ではなく、多方面からの要請となっていることに鑑み、本研究において解決すべき主たる課題ではないと考えられる。

## E. 結論

疾患遺伝子情報の個別化医療展開のために、従来とは異なる情報利用手法の可能性を模索し、その道筋を明らかにすることができた。

## F. 健康危険情報

該当なし。

## G. 研究発表

### 1. 論文発表

- 1) Hamaguchi Y, Fujimoto M, Matsushita T, Kaji K, Komura K, Hasegawa M, Kodera M, Muroi E, Fujikawa K, Seshima M, Yamada H, Yamada R, Sato S, Takehara K, Kuwana M. Common and Distinct Clinical Features in Adult Patients with Anti-Aminoacyl-tRNA Synthetase Antibodies: Heterogeneity within the Syndrome. PLoS One 2013, 8:e60442.
- 2) Terao C, Hashimoto M, Yamamoto K, Murakami K, Ohmura K, Nakashima R, Yamakawa N, Yoshifuji H, Yukawa N, Kawabata D, Usui T, Yoshitomi H, Furu M, Yamada R, Matsuda F, Ito H, Fujii T, Mimori T. Three Groups in the 28 Joints for Rheumatoid Arthritis Synovitis - Analysis Using More than 17,000 Assessments in the KURAMA Database. PLoS One 2013, 8: e59341.
- 3) Terao C, Yoshifuji H, Kimura A, Matsumura T, Ohmura K, Takahashi M, Shimizu M, Kawaguchi T, Chen Z, Naruse TK, Sato-Otsubo A, Ebana Y, Maejima Y, Kinoshita H, Murakami K, Kawabata D, Wada Y, Narita I, Tazaki J, Kawaguchi Y, Yamanaka H, Yurugi K, Miura Y, Maekawa T, Ogawa S, Komuro I, Nagai R,

Yamada R, Tabara Y, Isobe M, Mimori T, Matsuda F. Two susceptibility loci to Takayasu arteritis reveal a synergistic role of the IL12B and HLA-B regions in a Japanese population. Am J Hum Genet 2013, 93(2) 289-97.

4) Terao C, Ohmura K, Kawaguchi Y, Nishimoto T, Kawasaki A, Takehara K, Furukawa H, Kochi Y, Ota Y, Ikari K, Sato S, Tohma S, Yamada R, Yamamoto K, Kubo M, Yamanaka H, Kuwana M, Tsuchiya N, Matsuda F, Mimori T. PLD4 as a novel susceptibility gene for systemic sclerosis in a Japanese population. Arthritis Rheum. 2013, 65: 472-80.

### 2. 学会発表

1. Narahara M, Matsuda F, Yamada R, et al. Establishing an eQTL map of the Japanese population. Narahara M, Matsuda F, Yamada R, et al. American Society of Human Genetic Annual Meeting Oct 22-26, 2013 Boston (USA)
2. Narahara M, Matsuda F, Yamada R, et al. (2013) 日本人における eQTL マップの構築. 第 58 回日本人類遺伝学会 11 月 20 日-23 日仙台

## H. 知的財産権の出願・登録状況（予定も含む）

### 1. 特許取得

本研究と関連するものはなし。

### 2. 実用新案登録

本研究と関連するものはなし。

### 3. その他

本研究と関連するものはなし。

