

大規模孤発性 ALS 患者前向きコホートの遺伝子・不死化細胞リソースを用いた 病態解明、治療法開発研究

研究代表者 祖父江 元

名古屋大学大学院医学系研究科 神経内科学 教授

研究要旨

筋萎縮性側索硬化症(ALS)は、その90%が孤発性であり、平均3年で死に至る神経難病である。根治的治療法開発のために、孤発性ALSの治療標的となり得る病態関連遺伝子、分子を同定することが重要だが、その同定から病態意義の検証へ進める道筋はできていない。

我々は神経変性疾患に関する調査研究班(神経変性班)を基にALS患者の大規模前向きコホート(JaCALS)を立ち上げ、既にALS患者905例の前向き臨床情報、DNA、B cell lineを蓄積した。この3点が結び付けられた大規模リソースは世界的にも類を見ない。前向き臨床情報で示される孤発性ALS患者の重症度スケール変化パターンおよび生存期間は患者ごとに極めて多彩である。我々は臨床的解析から、予後予測指標として頸部筋力低下の程度が有用であることを示した。またゲノムワイド塩基多型(SNPs)タイピング結果と臨床経過との関連解析から、急速な重症度スケール悪化もしくは生存期間と、p値 10^{-9} ~ 10^{-8} 台で関連するSNPsを複数個見出した。その他に国内の複数の研究者にJaCALSゲノム遺伝子リソースを提供することにより、ALSおよび他の神経変性疾患関連遺伝子の解析検証を行い、多くの実績を得ている。

連携する慶応義塾大学岡野研では、B cell lineを用いてiPS細胞を樹立する技術が確立された。今回同定された個別の遺伝子多型を持つ孤発性ALS患者からiPS細胞ライブラリーを作製し、効率的に病態関連分子の検証、疾患モデル系の作製、病態解析研究を進める基盤が整った。大規模疾患コホートによる発症・進行に関わる遺伝子多型の探索同定、それに基づくiPS細胞ライブラリー樹立と病態解明は、今後の孤発性神経疾患の病因・病態解明へのパラダイムを形成する可能性がある。

研究分担者

勝野雅央 名古屋大学大学院医学系研究科・神経内科学 准教授

渡辺宏久 名古屋大学脳とこころの研究センター 特任教授

熱田直樹 名古屋大学医学部附属病院神経内科 助教

平川晃弘 名古屋大学医学部附属病院・先端医療・臨床研究支援センター・生物統計学 講師

中朽昌弘 名古屋大学医学部附属病院・先端医

療・臨床研究支援センター・バイオインフォマティクス 病院助教

池川志郎 理化学研究所ゲノム医科学研究センター・ゲノム医科学 チームリーダー

飯田有俊 理化学研究所ゲノム医科学研究センター 骨関節疾患研究チーム・ゲノム医科学、疾患遺伝子研究 上級研究員

中野今治 東京都立神経病院 院長

A. 研究目的

筋萎縮性側索硬化症 (ALS) は90%が孤発性であり、平均3年で死に至る神経難病である。本研究は一塩基多型 (SNPs)、rare variants 解析により病態関連遺伝子を同定し、その遺伝子型を持つ患者由来のiPS細胞ライブラリーを構築して、病態的意義の検証、治療薬スクリーニング体制の整備を行うことを目的とする。

遺伝性神経変性疾患は、遺伝子異常を用いたモデル動物により病態解明研究が飛躍的に進んだ。しかし孤発性ALSについての方法論は未確立である。従来報告されてきた孤発性ALS関連遺伝子多型はオッズ比1.5以下であり、ここからモデル動物を作製し、病態解析研究を進めることは難しい。より病態寄与度の高い遺伝子を見出し、病態的意義の検証解析を行う系を確立する必要がある。

孤発性ALSについて、前向き臨床情報、DNA、B-cell lineの組み合わせは世界的に類例がない。臨床情報、遺伝子の関連解析から病態関連遺伝子を抽出し、B-cell lineを用いて特定の遺伝子型、臨床型を有する患者のiPS細胞ライブラリーを作製し、病態を解析することは、孤発性ALSの分子病態解明、治療薬スクリーニング系の開発につながりうる。

B. 研究方法

JaCALS 研究リソースの維持・拡大

JaCALS 参加施設において ALS と診断された例について、文書によるインフォームドコンセントを得て登録を行った。登録時および1年おきに神経内科医師による臨床評価を行った。また、信頼性検証済み(BRAIN and NERVE: 神経研究の進歩 2011)のシステムにより、臨床研究コーディネーター (CRC) による電話調査を3カ月おきに実施し、代表的な ALS 重症度スケールである ALSFRS-R 日本版スコアおよび侵襲的処置の有無などの予後情報を調査した。登録時に静脈採血を行い、血液検体から DNA 抽

出および EB ウイルスを用いた B-cell line 作製を行った。臨床情報および血液検体は参加施設外に出る際には匿名化され、研究統括施設 (名古屋大学) に送付された。参加施設をベースに JaCALS 運営委員会を組織し、検体は運営委員会の管理のもとで解析研究に供する形とした。患者の配偶者など患者と血縁が無く、文書でのインフォームドコンセントが得られた人からも静脈採血を行い、DNA 抽出および B-cell line 作製を行いコントロール検体とした。コントロールは連結不可能匿名化した。運営事務局は名古屋大学に設置した。JaCALS 参加施設は 30 施設に拡大した。

孤発性 ALS 病態関連遺伝子の探索

平成 24 年度に JaCALS に登録された ALS 患者 650 例の遺伝子検体について、全ゲノム網羅的な遺伝子多型タイピングを行った。SNP アレイは、70 万 SNPs + 25 万 exome chip を搭載した Illumina 社製 OmniExpressExome BeadChip を使用した。全例について SNP タイピングし、データの品質管理を行った (Hardy-Weinberg 平衡検定値、call rate 等)。さらに identity-by-state 法により隠れた近親者を検定し、一方を除外した。同時に QQ プロット (quantile-quantile plot) を作製し、値 (inflation factor) により集団構造化の可能性が低いことを確認した。平成 25 年度にバリデーションのために、JaCALS 登録の ALS 患者追加検体および、自治医科大学神経内科および共同研究施設の北海道大学神経内科において蓄積された ALS 患者遺伝子検体の計 349 例について、同様の OmniExpressExomeBeadChip を用いた SNP タイピングを実施した。

得られた SNP タイピング結果を用いて、縦断的臨床像との関連を網羅的に解析した。解析方法とそれぞれの結果は研究結果欄に示す。

SOD1、TDP-43、FUS などを含む 28 の既知の ALS 関連遺伝子について、孤発例において

も遺伝子異常が見いだされる場合がある。その検証システム構築のために、Ion AmpliSeq™ Custom Panel を用いてプライマーペアのセットを作成した。これを用いて multiplex PCR を行い、アダプターのライゲーションを行い、ライブラリを作成した。作成したライブラリは Ion One Touch™ システムを用いてエマルジョン PCR を行い、テンプレートを精製した。精製したテンプレートを Ion PGM™ シークエンサーを用いて配列解析を行った。

名古屋大学理学部遺伝子実験施設の次世代シークエンサー SOLiD5500xl を利用し、Agilent 社の Sureselect ターゲットエンリッチシステムを用いて、全エクソンの解析を行うシステムを構築した。ライブラリー作成に関しては、Covaris 社の超音波破碎システム Covaris S220 および LifeTechnology 社の Librarybuilder を導入し、高品質なライブラリーをハイスループットで作成出来る体制を整えた。得られた遺伝子 Data 解析に関しては、CLCbio 社の CLC GenomicWorkbench ソフトウェアを導入し、SOLiD 5500xl で得られた遺伝子リード配列をヒト標準配列 (hg19) にマッピングし、その後に Variant 情報を収集、さらに dbSNP を始めとするデータベースとの比較検討を行う事によって、新規の SNV を抽出できるシステムを構築した。

(倫理面への配慮)

研究に参加するすべての施設で研究計画の倫理委員会承認を得た。倫理委員会にて承認された説明書・同意書を用いて十分な説明を行い、文書同意を得た場合にのみ研究に参加いただいている。対象者が書字不能、認知機能障害などにより、文書による同意表明が困難な場合には、代諾者に文書同意を得た。代諾者は親権者、提供者本人の配偶者、成人した子、父母、成人の兄弟姉妹もしくは孫、祖父母、同居の親族の中から選定した。研究にあたっては研究参加者

に不利益が生じないように個人情報の保護、プライバシーの尊重に努力し最大限の注意を払った。検体・資料を分析する際には、氏名・住所・生年月日などの個人情報を取り除き、匿名符号をつけ、連結可能匿名化して厳重に管理した。

C. 研究結果

JaCALS 研究リソースの維持・拡大、臨床的解析

JaCALS における ALS 患者登録数は平成 26 年 1 月末時点で 905 例、コントロール検体数は 277 例になった。縦断的な予後情報取得は順調にできており、90%以上の follow up 率を維持している。

2011 年までに登録された 520 例の縦断像の解析により、頸部筋力低下の有無が ALS 患者の生存や嚥下機能、上肢機能の維持など多彩な予後予測に有用であることを示した (J Neurol Neurosurg Psychiatry, 2013)

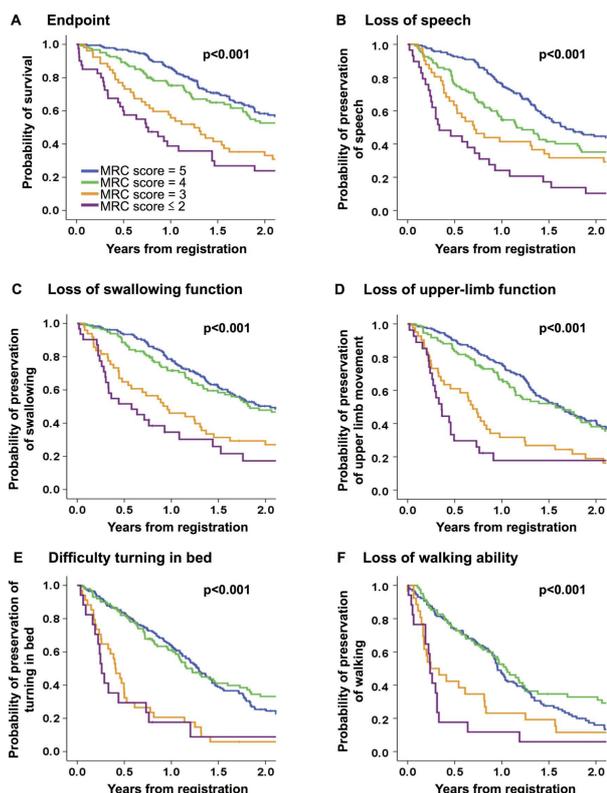


図 1 . 頸部筋力低下と予後

(図1 解説)

徒手筋力検査 (MRC score:0~5) の値により、登録時からの生存期間および言語機能、嚥下機能、上肢機能、寝返り、下肢機能が廃絶するまでの期間が分かれる。

孤発性 ALS 病態関連遺伝子の探索

ALSFRS-R (重症度スケール) の経時的推移と関連する因子

ALSFRS-R は、ALS 患者に対する臨床研究や治験において世界標準として用いられる重症度スケールである。JaCALS に登録された孤発性 ALS 患者の、発症してからの ALSFRS-R 経時変化を図2に示す。

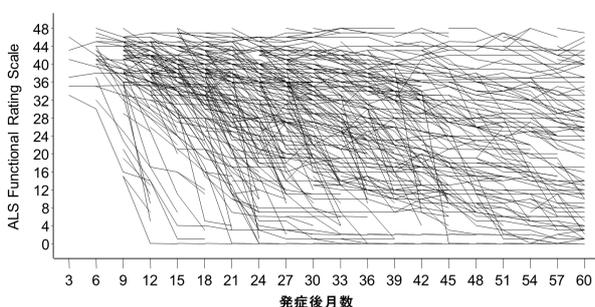


図2. 孤発性 ALS 発症後の ALSFRS-R 経過

(図2 解説)

孤発性 ALS 患者の進行は極めて多様である。

このような多彩な進行パターンについて、混合分布モデルを用いて類型化を行った。2006年2月から2012年10月までに JaCALS に登録され、孤発性で、改訂 El Escorial 診断基準で possible 以上、登録時呼吸器未装着であり、

$$\text{仮定するモデル } Y_{ij} \sim \sum_{i=1}^K p_i N(\mu_i, \sigma^2), \text{ただし } \sum_{i=1}^K p_i = 1$$

$$\text{Four-parameter logistic model: } \mu_i = 48 - \frac{48 \times \text{時間}^{\beta_i}}{\text{時間}^{\beta_i} + \delta_i \beta_i}$$

発症から5年までの ALSFRS-R 推移データが得られている ALS 患者 465 例を対象とした。

その結果、ALSFRS-R の経時変化は急速進行型、シグモイド型、単調減少型、緩徐型の4

型に分類された。

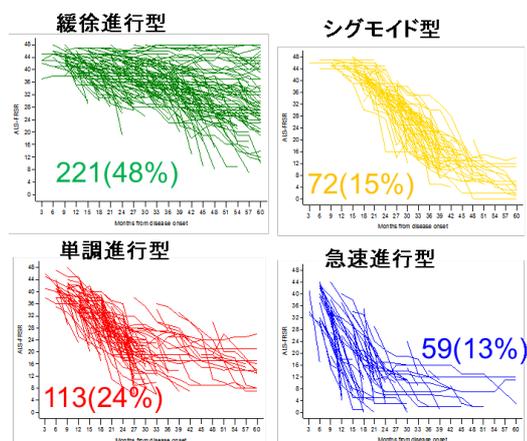


図3. 孤発性 ALS 患者経過・進行の類型化

これら4つの類型と関連する臨床的因子として発症年齢、性別、発症部位(上肢、下肢、頸部、球麻痺)、リルゾールの有無について解析を行ったが、表1に示すように有意なものは認

変数	急速進行型		単調進行型		シグモイド型		緩徐進行型		P
	N	%	N	%	N	%	N	%	
発症65歳以上	28	47.5	54	47.8	23	31.9	82	37.1	0.075
男性(vs女性)	26	44.1	69	61.1	45	62.5	129	58.4	0.125
上肢発症	27	45.8	48	42.5	29	40.3	109	49.3	0.477
下肢発症	20	33.9	41	36.3	25	34.7	53	24	0.068
頸部発症	1	1.7	3	2.7	1	1.4	7	3.2	0.826
球麻痺発症	14	23.7	26	23	19	26.4	53	24	0.963
リルゾールあり	37	62.7	66	58.4	50	69.4	120	54.3	0.133

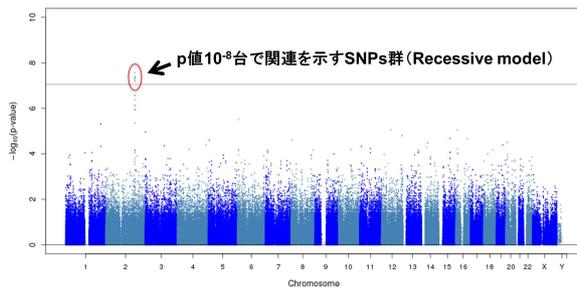
めなかった。

表1. 類型と臨床的因子との比較

この類型と遺伝子多型(70万 SNPs + 25万 exome chip)との関連解析を行った。遺伝子多型関与のモデルとして、Dominant model: メジャーアレルホモの例に対するマイナーアレル保有例のオッズ比、Recessive model: メジャーアレル保有例に対するマイナーアレルホモ例のオッズ比、Additive model: マイナーアレルが一つ増えることに対するオッズ比、以上の3パターンを用いた。

その結果、急速進行型と関連する SNPs が

Recessive model において見出され、そのうち 7 つが p 値 10^{-8} 台であった。その Manhattan



plot を以下に示す。

図 4 . Manhattan plot(急速進行型と関連)

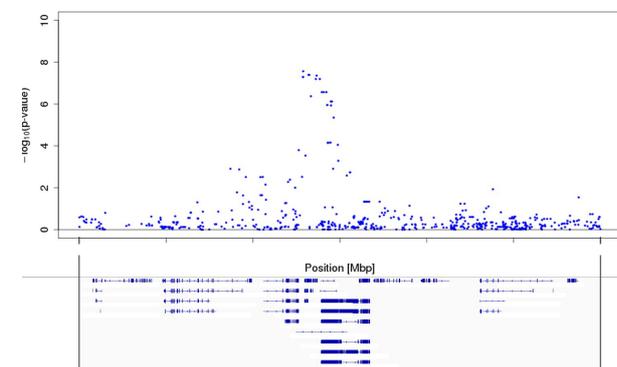
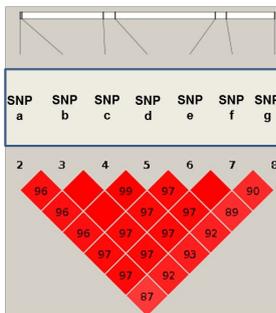


図 5 . Positional p values (有意な部分の拡大)

Haploview4.2 ソフトウェアを用いてハプロタイプ解析を行ったところ、これらの SNPs は強い連鎖不平衡状態にあることが示された。

(1) D'



(2) r^2

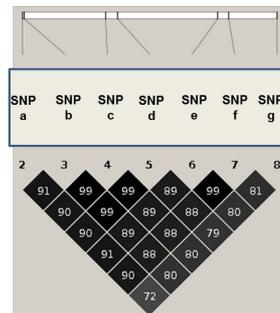


図 6. Haplotype 解析

さらに、1000genomes Phase version3 アジア人(286 例)を reference として genotype imputation を実施した。ソフトウェアは mach

ver1.018 (pre-phase)、minimac- 2013.07.17 (imputation) を用いた。

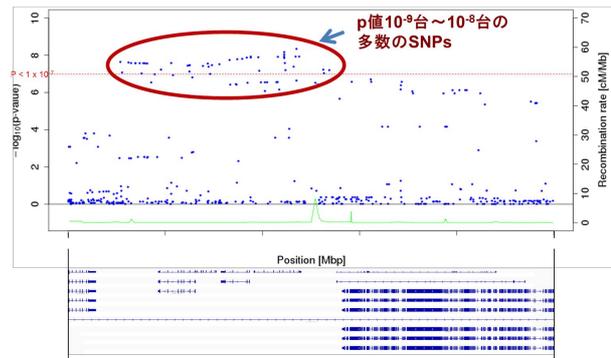


図 7.imputation 後 positional p values (有意な部分の強拡大)

Imputation の結果により、p 値 10^{-9} 台の SNPs を 3 個、 10^{-8} 台の SNPs を 41 個認めた。

京都大学をはじめ、我が国の 5 拠点が構築した The Human Genetic Variation Database (HGVD)における expression QTL (eQTL)データベースを用いた検索において、タイピングデータで p 値 10^{-8} 台での関連を示した 7SNPs のうち 6SNPs はマイナーアレルホモの場合に、遺伝子 X の発現が低下していることが示された。

ALS 患者生存期間と関連する因子

ALS 患者の生存期間と関連する遺伝子多型についての検討も実施した。

Exploration 群として JaCALS に登録された孤発性 ALS 患者 514 例、Validation 群として JaCALS の追加検体および、自治医科大学神経内科、北海道大学神経内科の孤発性 ALS 患者検体計 292 例を対象とした。これらについて発症から死亡または人工呼吸器装着 (気管切開を伴う)までの期間と 70 万 SNPs + 25 万 exome variants との関連を解析した。解析方法は Multivariate Cox を用い、発症年齢とリルゾールの有無を調整した。Exploration 群で p 値が 10^{-5} 台以下となった SNP を Validation 群で検証した。

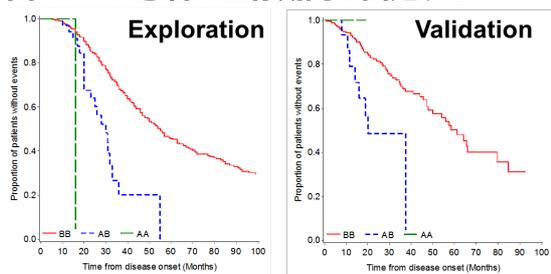
その結果、Exploration 群と Validation 群のメタ解析で p 値が 10^{-9} 台を示す SNP を一つ、 10^{-8} 台を示す SNP を一つ見出した。

Additive	SNP X (Minor allele = A)					
	Exploration (N = 514)			Validation (N = 292)		
	AA	AB	BB	AA	AB	BB
Number of patients	1	36	477	1	16	275
MAF	0.037			0.031		
Median (Months)	16	30	54.9	Not reached	20	61.2
HR (95%CI)	3.27 (2.13, 5.02)			2.42 (1.24, 4.72)		
P-value	6.20E-08			9.56E-03		
Meta-analysis HR (95%CI)	3.00 (2.09, 4.30)					
Meta-analysis P-value	2.59E-09					
Test of Heterogeneity	0.4589					

Additive	SNP Y (Minor allele = B)					
	Exploration (N = 514)			Validation (N = 292)		
	AA	AB	BB	AA	AB	BB
Number of patients	374	130	10	217	72	5
MAF	0.146			0.14		
Median (Months)	56.7	41.9	31.1	65.4	47.3	17.3
HR (95%CI)	1.68 (1.33, 2.12)			2.17 (1.42, 3.31)		
P-value	1.41E-05			3.10E-04		
Meta-analysis HR (95%CI)	1.78 (1.45, 2.18)					
Meta-analysis P-value	2.93E-08					
Test of Heterogeneity	0.2927					

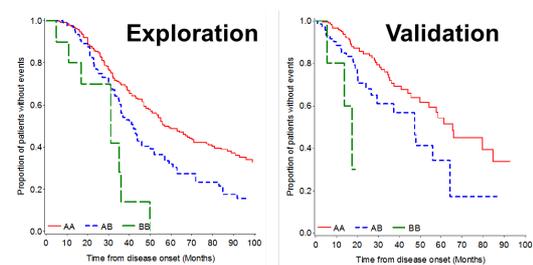
表 2. ALS 患者の生存期間と関連する SNPs

図 9. ALS 患者の生存期間と関連する SNPs と生存曲線



生存曲線

SNP X



SNP Y

(図 9 解説)

SNPX も SNPY もマイナーアレルホモ、ヘテロ、

メジャーアレルホモの順で発症からの生存期間が短くなっている。

既知の ALS 関連遺伝子異常スクリーニングおよび次世代シーケンサーによるエクソーム解析

自治医科大学における High-Resolution Melting 解析による遺伝子異常スクリーニングおよび、Ion PGM シーケンサーを用いた配列解析による ALS 関連遺伝子異常スクリーニングにおいて、JaCALS 登録例のうち家族歴のあるものも含めて計 592 検体の解析を実施したところ、SOD 1 変異例 24 例、TDP43 変異例 3 例、angiogenin 変異例 4 例、FUS 変異例 6 例を認めた。

次世代シーケンサーを用いたエクソーム解析については、現在孤発性 ALS 391 例のエクソームシーケンスを行い、データ解析を進めている。

「パーソナルゲノム情報に基づく脳疾患メカニズムの解明」班（代表：辻省次）拠点施設である東京大学神経内科にコントロール検体 202 例を送付し、日本人のエクソームコントロールデータ構築に供している。

JaCALS 研究リソースを用いた ALS および他の神経変性疾患関連遺伝子の検証

JaCALS において蓄積されたゲノム遺伝子等のリソースを用いて、本研究期間内に ALS および他の神経変性疾患の様々な関連遺伝子について解析が行われた。家族性 ALS の原因遺伝子の一つである C9ORF72 遺伝子変異の我が国の孤発性 ALS 患者における頻度検証 (Neurobiol Aging 2012)、新規家族性 ALS 原因遺伝子 ERBB4 変異の検証 (Am J Hum Genet 2013)、多系統萎縮症関連遺伝子の検証 (N Engl J Med 2013)、Idiopathic basal ganglia calcification 原因遺伝子検証 (Neurology 2014)、TFG 遺伝子変異のスクリ

ーニング (in preparation) の実績がある。

D. 考察

ALS 患者の有病率は人口 10 万人あたり 6 - 7 人程度、発症率は人口 10 万人あたり 2 人程度である。糖尿病や高血圧症などの common disease と異なり、数百例以上の疾患コホート構築や検体の蓄積は容易ではない。

JaCALS においては 900 例以上の ALS 患者登録とゲノム遺伝子および不死化細胞の蓄積に成功しており、加えて前向き縦断的な臨床経過の情報を高率に蓄積できている点で、世界でも有数の研究リソースが構築できていると考えられる。

本研究において、ALS 患者の進行・予後を左右する遺伝子多型を見出すことができている。これは病態抑止治療の分子標的の同定に直接つながりうる成果である。すなわち、ALS 患者の重症度が急速に悪化する、あるいは生存期間が短くなることに関連する遺伝子、タンパクを同定できれば、それらを標的とした薬剤をスクリーニングすることで病態抑止治療のための創薬に結びつけることができる。

この遺伝子多型と関連する遺伝子・タンパクの検証と病態解析から、薬剤スクリーニングにつなげるモデルとしては、該当する遺伝子多型を持つ ALS 患者由来の iPS 細胞が最も適切であろう。iPS 細胞技術を持つ慶応大学岡野研とは一貫して共同研究体制にあり、岡野研では不死化リンパ球から iPS 細胞を作製する技術を確立している。

現在、ALS の進行・予後に関連する遺伝子多型を見出しつつある段階であり、これから図 10 の戦略を強力に推進することにより、悲願である ALS の病態抑止治療開発が実現できる可能性が開かれると考えられる。

ALS 患者の進行・予後を左右する遺伝子多型の同定は、治験デザインにも寄与しうる。ALS 患者に対する治験では治療効果評価のために

ALSFRS-R の変化値を用いることが多い。しかしながら図 2 で示したように ALS 患者の重症度変化は極めて多彩である。従って病態抑止治療の効果を治験で検出するためには、あらかじめ同じような進行が予想される群を定め、適切に割付けるなど、デザインが重要である。進行を規定する因子は割付け因子に用いるなど、治験デザインの改善に有用である可能性がある。

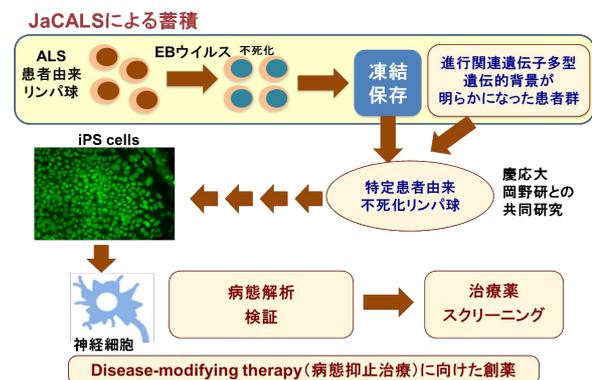


図 10. ALS 患者不死化リンパ球から iPS 細胞作製、神経細胞誘導と創薬

E. 結論

・ 900 例規模の ALS 患者前向きコホートの構築に成功しており、合わせてゲノム遺伝子、不死化リンパ球の蓄積がなされている。これらは世界的にも有数の研究リソースである。

・ ALS 患者の進行を左右する遺伝子多型および生存期間を左右する遺伝子多型を見出しており、これらを手がかりに ALS 病態抑止治療開発に向けた戦略を推進できる。

< JaCALS 参加施設 >

- | | | |
|----------------|------|------|
| 東北大学 | 加藤昌昭 | 青木正志 |
| 新潟大学 | 石原智彦 | 西澤正豊 |
| 自治医科大学 | 森田光哉 | |
| 東京都立神経病院 | 川田明広 | 中野今治 |
| 静岡てんかん神経医療センター | 小尾智一 | |
| 東名古屋病院 | 饗場郁子 | |
| 名古屋大学 | 祖父江元 | |

2013;136:1371-82.

Multiple-System Atrophy Research Collaboration. Mutations in COQ2 in familial and sporadic multiple-system atrophy. *N Engl J Med*. 2013;369: 233-44.

Takagi S, Iguchi Y, Katsuno M, Ishigaki S, Ikenaka K, Fujioka Y, Honda D, Niwa J, Tanaka F, Watanabe H, Adachi H, Sobue G. RNP2 of RNA recognition motif 1 plays a central role in the aberrant modification of TDP-43. *PLoS One*. 2013;8:e66966.

Honda D, Ishigaki S, Iguchi Y, Fujioka Y, Udagawa T, Masuda A, Ohno K, Katsuno M, Sobue G. The ALS/FTLD-related RNA-binding proteins TDP-43 and FUS have common downstream RNA targets in cortical neurons. *FEBS Open Bio*. 2013;4:1-10.

Fujioka Y, Ishigaki S, Masuda A, Iguchi Y, Udagawa T, Watanabe H, Katsuno M, Ohno K, Sobue G. FUS-regulated region- and cell-type-specific transcriptome is associated with cell selectivity in ALS/FTLD. *Sci Rep*. 2013;3:2388.

Doi H, Adachi H, Katsuno M, Minamiyama M, Matsumoto S, Kondo N, Miyazaki Y, Iida M, Tohnai G, Qiang Q, Tanaka F, Yanagawa T, Warabi E, Ishii T, Sobue G. p62/SQSTM1 differentially removes the toxic mutant androgen receptor via autophagy and inclusion formation in a spinal and bulbar muscular atrophy mouse model. *J Neurosci*. 2013;33:7710-27.

Ikenaka K, Kawai K, Katsuno M, Huang Z, Jiang YM, Iguchi Y, Kobayashi K, Kimata T,

Waza M, Tanaka F, Mori I, Sobue G. dnc-1/dynactin 1 knockdown disrupts transport of autophagosomes and induces motor neuron degeneration. *PLoS One*. 2013;8:e54511.

Kondo N, Katsuno M, Adachi H, Minamiyama M, Doi H, Matsumoto S, Miyazaki Y, Iida M, Tohnai G, Nakatsuji H, Ishigaki S, Fujioka Y, Watanabe H, Tanaka F, Nakai A, Sobue G. Heat shock factor-1 influences pathological lesion distribution of polyglutamine-induced neurodegeneration. *Nat Commun*. 2013;4:1405.

Tsuiji H, Iguchi Y, Furuya A, Kataoka A, Hatsuta H, Atsuta N, Tanaka F, Hashizume Y, Akatsu H, Murayama S, Sobue G, Yamanaka K. Spliceosome integrity is defective in the motor neuron diseases ALS and SMA. *EMBO Mol Med*. 2013;5:221-34.

Rabkin J, Ogino M, Goetz R, McElhiney M, Marziliano A, Imai T, Atsuta N, Morita M, Tateishi T, Matsumura T, Mitsumoto H. Tracheostomy with invasive ventilation for ALS patients: neurologists' roles in the US and Japan. *Amyotroph Lateral Scler Frontotemporal Degener*. 2013;14:116-23.

Minamiyama M, Katsuno M, Adachi H, Doi H, Kondo N, Iida M, Ishigaki S, Fujioka Y, Matsumoto S, Miyazaki Y, Tanaka F, Kurihara H, Sobue G. Naratriptan mitigates CGRP1-associated motor neuron degeneration caused by an expanded polyglutamine repeat tract. *Nat Med*. 2012;18:1531-8.

Miyazaki Y, Adachi H, Katsuno M, Minamiyama M, Jiang YM, Huang Z, Doi H, Matsumoto S, Kondo N, Iida M, Tohnai G, Tanaka F, Muramatsu S, Sobue G. Viral delivery of miR-196a ameliorates the SBMA phenotype via the silencing of CELF2. **Nat Med.** 2012;18:1136-41.

Katsumata R, Ishigaki S, Katsuno M, Kawai K, Sone J, Huang Z, Adachi H, Tanaka F, Urano F, Sobue G. c-Abl Inhibition Delays Motor Neuron Degeneration in the G93A Mouse, an Animal Model of Amyotrophic Lateral Sclerosis. **PLoS One.**2012;7:e46185.

Ishiura H, Sako W, Yoshida M, Kawarai T, Tanabe O, Goto J, Takahashi Y, Date H, Mitsui J, Ahsan B, Ichikawa Y, Iwata A, Yoshino H, Izumi Y, Fujita K, Maeda K, Goto S, Koizumi H, Morigaki R, Ikemura M, Yamauchi N, Murayama S, Nicholson GA, Ito H, Sobue G, Nakagawa M, Kaji R, Tsuji S. The TRK-fused gene is mutated in hereditary motor and sensory neuropathy with proximal dominant involvement. **Am J Hum Genet.** 2012;91:320-9.

Mano T, Katsuno M, Banno H, Suzuki K, Suga N, Hashizume A, Tanaka F, Sobue G. Cross-sectional and longitudinal analysis of an oxidative stress biomarker for spinal and bulbar muscular atrophy. **Muscle Nerve.** 2012;46:692-7.

Hashizume A, Katsuno M, Banno H, Suzuki K, Suga N, Mano T, Atsuta N, Oe H, Watanabe H, Tanaka F, Sobue G. Longitudinal changes of outcome measures in spinal and bulbar muscular atrophy. **Brain.**

2012;135:2838-48.

Ikenaka K, Katsuno M, Kawai K, Ishigaki S, Tanaka F, Sobue G. Disruption of axonal transport in motor neuron diseases. **Int J Mol Sci.** 2012;13:1225-38.

Iguchi Y, Katsuno M, Takagi S, Ishigaki S, Niwa J, Hasegawa M, Tanaka F, Sobue G. Oxidative stress induced by glutathione depletion reproduces pathological modifications of TDP-43 linked to TDP-43 proteinopathies. **Neurobiol Dis.** 2012;45:862-70.

Ogaki K, Li Y, Atsuta N, Tomiyama H, Funayama M, Watanabe H, Nakamura R, Yoshino H, Yato S, Tamura A, Naito Y, Taniguchi A, Fujita K, Izumi Y, Kaji R, Hattori N, Sobue G; Japanese Consortium for Amyotrophic Lateral Sclerosis research (JaCALS). Analysis of C9orf72 repeat expansion in 563 Japanese patients with amyotrophic lateral sclerosis. **Neurobiol Aging.** 2012;33:2527.e11-6.

2.学会発表

Nakamura R, Atsuta N, Watanabe H et al. Neck weakness is a potent prognostic factor in sporadic amyotrophic lateral sclerosis. 24th International Symposium on ALS/MND, December, 2013, Milan, Italy

H.知的財産権の出願・登録状況

1.特許出願 ALS 疾患関連遺伝子配列解析用の補足 PCR プライマーセット、ALS 疾患関連遺伝子配列の解析方法、及び ALS 疾患の検査方法 特願 2013-234055

2.実用新案登録 特記なし。