

厚生労働科学研究費補助金（難治性疾患等克服研究事業）
総合研究報告書

インプリンティング異常症ベックウィズ・ビーデマン症候群に関する研究

研究分担者 副島英伸
佐賀大学医学部分子生命科学講座 教授

研究要旨

ベックウィズ・ビーデマン症候群（BWS）はゲノムインプリンティング異常症であるが、インプリンティング機構の本態は不明な点が多い。本研究では、本邦BWS症例についてゲノム・エピゲノム解析を行い、発症原因の分子機構を明らかにすることを目的とした。解析の結果、165症例の発症原因別の頻度が明らかとなった。ART出生児の頻度を発症原因別に集計したが、有意差を認めなかった。また、既知の発症原因の遺伝子解析については、有償化を実施し、問題なく解析が進んでいる。一方、*H19*DMR高メチル化は受精後、特に着床後に生じ、モザイクになることが示唆された。その原因の1つとして、*H19*DMR内のA2リピートに存在するOCT結合サイトの変異を見出し、その分子機構の一端を明らかにした。*CDKN1C*変異は、CKIドメインのミスセンス変異とQTドメインの欠失に集約されることから、変異による不十分な細胞周期抑制がBWS表現型の原因と判明した。さらに、メチル異常に比べ、*CDKN1C*変異はモザイクでないため特徴的な症状がそろって出現すると考えられた。BWSに合併することが多い肝芽腫についてゲノム刷り込みに関連する33カ所のDMRのメチル化を包括的に解析し、そのエピゲノム・ゲノム異常の特徴を見出した。さらに、BWSの鑑別診断の1つであるPerlman症候群において、LINE-1を介したnon-allelic homologous recombination (NAHR)に起因する*DIS3L2*エキソン9のホモ欠失を認めた。本領域は、LINE-1によるNAHRのホットスポットであることが示唆された。

A．研究目的

過成長、巨舌、臍帯（臍）ヘルニアを三主徴とするベックウィズ・ビーデマン症候群（BWS）（OMIM #130650）は、ゲノムインプリンティング異常症である。疾患遺伝子座は11番染色体短腕15領域（11p15）の刷り込み領域で、これまでに本領域において5種類のゲノム・エピゲノム変異が見出されている（*KvDMR1*脱メチル化（*KvDMR1*-LOM）、*H19*DMR高メチル化（*H19*DMR-GOM）、父性片親性ダイソミー（patUPD）、*CDKN1C*遺伝子変異、11p15領域を含む染色体異常）。しかし、これら既知のゲノム・エピゲノム変異が生じる原因、つまりインプリンティング機構の本態は不明な点が多い。本研究では、本邦BWS症例について、ゲノム・エピゲノム解析を行い発症原因の分子機構を明らかにすることを目的とした。また、BWSに合併することが多い胎児性腫瘍として知られる肝芽腫とインプリンティング異常との関連性を明らかにするため、33カ所のインプリントDMRのメチル化状態を解析した。

B．研究方法

これまでに当研究室で収集した症例のうち、Weksbergら（Eur J Hum Genet, 2010）、DeBaunetら（J Pediatr, 1998）、Elliotら（Clin Genet, 1994）の診断基準のうちいずれかにに合致する165症例について既知のゲノム・エピゲノム解析を施行した（2014年3月10日現在）。解析には、主に末梢血由来のゲノムDNAを用いた。*KvDMR1*-LOMについては、メチル化感受性制限

酵素*NotI*とメチル化非感受性制限酵素*BamHI*の組合せ、*H19*DMR-GOMについては、メチル化感受性制限酵素*MluI*とメチル化非感受性制限酵素*PstI*の組合せでゲノムDNAを消化しサザンブロットを行った。メチル化インデックス（%）は、FLA-7000 fluoro-image analyzerを用いて測定した。patUPDについては、11p15のShort tandem repeat (STR) マーカー（*DIIS1997*、*HUMTH01*、*DIIS1984*）をPCRで増幅したのち、Applied Biosystems 3130 genetic analyzerで電気泳動し、GeneMapper softwareで各アレル由来PCR産物のピーク高を計測してモザイク率を算出した。*H19*DMR-GOM症例については、*H19*DMR自身の塩基配列をシーケンス法にて解析した。また、*CDKN1C*の変異についてもシーケンス法にて解析した。染色体異常は、染色体検査の結果を用いた。

肝芽腫の解析については、弧発例11例とBWS合併例1例の腫瘍組織、隣接肝組織からゲノムDNAを抽出し、33カ所のインプリントDMRのメチル化状態をMALDI-TOF-MSおよびbisulfite-pyrosequencing法で解析した。正常コントロールとして、3例の肝臓組織（他疾患で死亡した小児肝2例、先天性胆道閉鎖症の小児肝1例）を用いた。また、STRマーカーを用いて、コピー数異常、UPDの有無について解析した。

また、当初BWSと診断され、後にPerlman症候群（OMIM #267000）と確定診断された症例について、原因遺伝子*DIS3L2*の変異解析を行った。

C. 研究結果

1. 発症原因別頻度

発症原因別の頻度を表 1 に示す。既知の異常なし症例が 47 例 (28%) を占めたことから、未同定の原因の存在が示唆された。KvDMR1-LOM で ART 出生児 7 例を認めたが、発症原因別の ART の頻度については有意差を認めなかった (2x6 表 二乗検定)。また、染色体異常はすべて 11p15 領域の部分トリソミーであった。

表 1 発症原因別頻度 (n = 165)

発症原因	症例数	頻度	生殖補助医療
KvDMR1-LOM	50	30%	7 (顕微授精 1、体外受精 2、人工授精 2、排卵誘発 2)
H19DMR-GOM	12	7%	1 (排卵誘発)
patUPD モザイク	37	23%	1 (人工授精)
CDKN1C 変異	12	7%	0
Trisomy 11	7	4%	0
既知の異常なし	47	29%	3 (排卵誘発)

2. 発症原因 (5 種類) の解析費用の有償化

発症原因 (5 種類) の解析費用の実費相当分 (5 万円) を患者負担あるいは医療機関負担とした。これ以外の詳細な解析 (H19DMR の変異解析や 11p15 以外のインプリント DMR のメチル化解析など) については、無償とした。有償化に当たっては、佐賀大学医学部倫理委員会での審議・承認を経て、佐賀大学内の規則を改定し、患者負担用と医療機関負担用の 2 種類の書式を準備した。解析依頼の際に、患者負担か医療機関負担のどちらかを選択して、該当する書式で申し込む形式を取った。有償化以降 35 例の解析を行った。

3. H19DMR-GOM の発生時期と原因に関する検討

H19DMR-GOM がいつ生じるのか不明であった。H19DMR-GOM 症例のうち 2 例 (BWS047、bwsh21-015) で胎盤組織も収集できたため、末梢血と胎盤の H19DMR の DNA メチル化状態について解析した。末梢血 (患児組織) と胎盤 (胚体外組織) でメチル化状態が異なることがわかった。具体的には、BWS047 では、末梢血で 100% メチル化、胎盤で 70% メチル化を示し、bwsh21-015 では、末梢血で 90% メチル化、胎盤で 71% メチル化を示した。H19DMR 内の SNP を用いて親由来アレルを区別した上で、母由来アレルに異常メチル化が生じていることを確認した。また、STR 解析で 11p15.5 領域が 2 コピーであること、サザンプロットとシーケンス解析で H19DMR 内に欠失や変異がないことを確認した。これらの結果から、本来 50% で維持されているはずの H19DMR の DNA メチル化が、着床後の *de novo* メチル化に巻き込まれたため

に H19DMR-GOM が生じると考えられた (論文 1)。

また、H19DMR-GOM の一因として本領域の微小欠失・点変異が報告されているが、本邦例の解析報告はない。そこで、H19DMR にメチル化異常を認めた本邦の BWS 12 例と Silver-Russell 症候群 (SRS; SRS では 40-60% の患者で H19DMR-LOM を示す; 計 13 例) について、H19DMR の変異解析を行った。SRS では、全ての症例で変異を認めなかったが、1 例の BWS において、H19DMR 内に存在する A2 リピートの OCT 結合サイトに *de novo* の一塩基変異を認めた (GRCh37/hg19, chr11:2,023,018C>T)。この変異は母性アレルに生じており、EMSA 解析により OCT4 の結合を阻害することが明らかとなった。これらの結果から、母性アレル H19DMR に OCT4 の結合することにより、着床後の *de novo* メチル化から H19DMR をプロテクトしていると考えられた (論文 11)。

3. CDKN1C 変異症例の解析

CDKN1C 変異症例は 12 例であったが、このうち二組の同胞例が含まれていたため、変異の種類としては 10 種類であった。このうち 3 種類は既に論文発表されているので (Hatada et al., Nat Genet, 1996; Hatada et al., Hum Genet, 1997; Li et al., Genomics, 2001) 新規変異例 6 例についての解析結果を示す (表 2)。

表 2 CDKN1C 変異 (論文 3 より改変)

Patient	Amino Acid Change	Protein Domain	Inheritance
BWS059	p.G234fsX36	QT	maternal (grandfather)
bwsh21-055A & 055B	p.L154fsX117	PAPA	maternal
bwsh21-073	p.W61R	CKI	maternal
bwsh21-098	p.Y91H	CKI	maternal (grandmother)
bwsh21-129	p.P106fsX20	CKI 直下	maternal

bwsh21-055A と bwsh21-055B は同胞

bwsh21-055A と bwsh21-055B は同胞であったため、新規変異の種類は 5 種類でフレームシフト 3 種類 (p.G234fsX36、p.L154fsX117、p.P106fsX20)、ミスセンス変異 2 種類 (p.W61R、p.Y91H) であった。ナンセンス変異とミスセンス変異については、健常人 100 名に認められないことを確認した。CDKN1C タンパクは、N 末より CKI ドメイン、PAPA リピートドメイン、QT ドメインがあり、CDK インヒビターとして細胞周期を負に制御する。新規 5 種類の変異は CKI ドメインのミスセンス変異と QT ドメインの欠失に集約された。これらの症例では、いわゆる三主徴 (過成長、巨舌、臍 (臍帯) ヘルニア) がみられ、片側肥大、腹腔内臓器腫大および奇形、外性器異常は見られなかった。1 例 (bwsh21-098) において、心臓横紋筋腫がみら

れたが、この症例は結節性硬化症を合併しており、そのために腫瘍が発生したと考えられた(論文3)。

4. 肝芽腫におけるインプリント DMR のメチル化解析

BWS は、Wilms 腫瘍や肝芽腫などの胎児性腫瘍を併発するリスクが高く、これらの腫瘍では 11p15 のインプリント異常が関連することが知られている。そこで、肝芽腫 12 例(弧発例 11 例と BWS 合併例 1 例)について、ゲノム中の 33 カ所のインプリント DMR のメチル化状態を解析した。正常コントロール肝臓、腫瘍隣接肝臓、腫瘍組織をそれぞれ比較したところ、18 カ所のインプリント DMR のメチル化が少なくとも 1 例以上の腫瘍で異常になっており、メチル化異常頻度はインプリント DMR 間で大きく異なっていた。*KvDMR1* と *IGF2-DMR0* がもっとも高頻度に低メチル化を示し、*INPP5Fv2-DMR* と *RBI-DMR* が高頻度に高メチル化を示した。特定のインプリント DMR が腫瘍組織だけでなく隣接肝臓で低メチル化が生じていること、高メチル化は腫瘍組織特異的に生じていることが判明した。また、LINE-1 のメチル化を調べたところ、3 つの検体間で大きな差はないことから、ゲノム全体のメチル化に変化はないことが示唆された。11p15.5 と 20q13.3 では片親性ダイソミーやコピー数異常が見られた(論文 10)。

5. Perlman 症候群の原因遺伝子解析

BWS の鑑別診断の 1 つに常染色体劣性遺伝病の Perlman 症候群がある。症例 BWS055 は、妊娠中に羊水過多、両側腎腫大を認め、出生後には過成長を認めたため、当初 BWS を疑い、11p15.5 の遺伝子解析を行ったが異常を認めなかった。染色体検査も正常であった。児は 175 日齢で敗血症のため死亡し、剖検の結果、Perlman 症候群と診断された。2012 年に Astuti らにより、2q37.1 の *DIS3L2* 遺伝子変異が Perlman 症候群の原因であることが報告されたため、*DIS3L2* の変異解析を行った(Astuti et al., Nat Genet, 2012)。解析の結果、患児においてエキソン 9 のホモ欠失を認めた。両親を解析したところ、エキソン 9 のヘテロ欠失であり、患児は両親から欠失アレルを受け継いで発症したと考えられた。エキソン 9 の上流と下流には LINE-1 が存在することから、欠失の切断端を詳細に解析したところ、欠失は LINE-1 を介した non-allelic homologous recombination (NAHR) で生じたことが示唆された。さらに、父由来の欠失断端と母由来の欠失断端では配列が異なることがわかった(論文 8)。

D. 考察

発症原因(5種類)の頻度については、国内最大級の症例数を解析することで、その頻度を明らかにした。また、発症原因と ART との関連性については有意差を認めなかった。BWS の症状に関する解析については、これまでの厚生労働科学研究費補助金(難治性疾患克服研究事業)

の研究でおこなっているため、ここでは症状に関する考察は割愛し、解析費用の有償化について若干の考察を加える。これまでの解析の経験から、BWS をはじめとするインプリンティング疾患の遺伝子解析のニーズが存在することは確実である。一方で、解析費用の全額を研究費で充当した場合は、研究期間が終了すれば遺伝子解析を継続することはできない。そこで、基本的な既知の発症原因(5種類)の解析に限って、実費相当分を有償化した。このことにより、患者および医療現場には、遺伝子異常により予測されるリスク等を還元することができ、且つより詳細な研究に研究費を充当できるようになると考えられる。これまでに特に問題なく、遺伝子解析を進めることができており、今後の遺伝子解析のモデルケースになると考えられる。

一般に、受精後にはゲノム全体の脱メチル化が生じ、着床以降に *de novo* の再メチル化がおこる。着床以降は、個体では再メチル化が高率に生じるが、胎盤組織では再メチル化は緩やかに生じる。この間、インプリント DMR のメチル化は 50% に維持されている。今回の *H19DMR-GOM* 症例の DNA メチル化解析から、末梢血(患児組織)と胎盤(胚体外組織)ではメチル化状態が異なり、末梢血でより高いメチル化状態(末梢血で 90-100%、胎盤で 70%)であることがわかった。このことは、本来 50% で維持されているはずの *H19DMR* の DNA メチル化が、着床後の再メチル化に巻き込まれたことを意味する。一方、*bwsh21-015* の末梢血は 90% メチル化を示した。加えて他の *H19DMR-GOM* 症例も 66-90% と様々な程度のメチル化異常を示すことが明らかとなっている。これは、メチル化異常が受精後に起こりモザイクとなっていることを示している。これらの結果から、*H19DMR* の高メチル化は受精後、特に着床後に生じることが強く示唆された。

一方、*H19DMR* は、非メチル化母性アレルに CTCF 蛋白が結合することによって、メチル化感受性インシュレーターとして機能し、*IGF2/H19* ドメインの刷り込み遺伝子の発現を制御している。この領域のメチル化異常は、*IGF2* と *H19* の発現異常を引き起こし、表現型が相反する 2 つの成長障害疾患 BWS と SRS の原因となる。これまでに、OCT 結合サイトに点変異・微小欠失を認めた数例の BWS 症例が欧米より報告されている。マウスでは、OCT に隣接する SOX 配列も含んだ SOX-OCT モチーフが母性アレルの非メチル化の維持に重要であることが *in vitro* でも、*in vivo* でも報告されている。さらに、ヒトで認められた変異部位は全て A2 リピート内の OCT 結合サイトに存在し、このサイトはマウスに 1 カ所しかないマウス OCT 結合サイトに相当する。従って、ヒトにおいて A2 リピート内に存在する OCT 結合サイトに変異が生じると、OCT が結合できずその結果高メチル化となり、CTCF が遊離し *IGF2* と *H19* の発現異常を誘導することが示唆された。*H19DMR-GOM* の一因を明らかにすることができた。

新規6例の*CDKN1C*変異は、CKIドメインのミスセンス変異とQTドメインの欠失に集約された。両ドメインとも細胞周期を抑制するために重要であることが明らかにされていることから、これらの変異により細胞周期の抑制が不十分となりBWSの表現型が現れたと考えられる。症状としては、いわゆる三主徴（過成長、巨舌、臍（臍帯）ヘルニア）がそろって認められた。一般にBWSの症状は多様である。これは、メチル化異常とpatUPDはモザイクで、組織毎にモザイク率が異なることが理由とされている。しかし、*CDKN1C*変異については、変異は原則母由来なので患児のすべての細胞で変異が存在する。このため特徴的な症状がそろって認められると考えられる。

肝芽腫の解析から、肝芽腫ではゲノム全体のメチル化が比較的保たれているが、一部のDMRのメチル化は腫瘍化に先立って起こる可能性が示唆された。高頻度にエピゲノム・ゲノム異常を示すDMRの存在は、刷り込み遺伝子の発現異常が肝芽腫発生に関連することを示唆している。特に、11p15領域は12例中10例にエピゲノム・ゲノム異常が見られたことから、腫瘍発生に重要な役割を果たしていることが示唆された。

Perlman症候群は、極めて希な常染色体劣性遺伝病で、BWSの鑑別診断として重要な疾患である。今回解析した症例では、エキソン9のホモ欠失を認めた。この欠失は、LINE-1によるNAHRに起因すると考えられたが、父由来の欠失断端と母由来の欠失断端が異なる配列であることがわかった。*Alu*を介したNAHRが多くの疾患の原因として見出されているのに対し、LINE-1によるNAHRは極めて希で本症例が世界で4例目（疾患としても4つめ）である。さらに、両親は非血族結婚であり、父由来の欠失断端と母由来の欠失断端が異なる配列であることから、それぞれの祖先で独立して欠失が生じたと考えられる。Astutiらは、エキソン9の欠失を異なる人種の3症例で見出していることから（Astuti et al., Nat Genet, 2012）、*DIS3L2*遺伝子のエキソン9はLINE-1によるNAHRのホットスポットであることが示唆される。

E . 結論

3つの診断基準のいずれかに合致する165症例のBWSについて既知の発症原因別頻度を明らかにした。ARTと発症原因の間に相関関係は認められなかった。また、既知の発症原因の遺伝子解析については、有償化を実施し、問題なく解析が進んでいる。

BWSにおける*H19*DMR-GOMは受精後、特に着床後に生じ、モザイクになることが強く示唆された。*H19*DMR-GOMの一因として、A2リピート内に存在するOCT結合サイトの変異を見出し、その分子機構の一端が明らかになった。

*CDKN1C*変異は、CKIドメインのミスセンス変異とQTドメインの欠失に集約され、変異による不十分な細胞周期抑制がBWS表現型の原因と考えられた。メチル異常に比べ、*CDKN1C*変異についてはモザイクでないため特徴的な症状がそろって出現すると考えられた。

肝芽腫についてゲノム刷り込みに関連するDMRのメチル化を包括的に解析し、そのエピゲノム・ゲノム異常の特徴を見出した。

BWSの鑑別診断の1つであるPerlman症候群の1例において、LINE-1によるNAHRに起因する*DIS3L2*エキソン9のホモ欠失を認めた。本領域は、LINE-1によるNAHRのホットスポットであることが示唆された。

F . 研究発表

1. 論文発表

- 1) Higashimoto K, Nakabayashi K, Yatsuki H, Yoshinaga H, Jozaki K, Okada J, Watanabe Y, Aoki A, Shiozaki A, Saito S, Koide K, Mukai T, Hata K, Soejima H. Aberrant methylation of H19-DMR acquired after implantation was dissimilar in soma versus placenta of patients with Beckwith-Wiedemann syndrome. Am J Med Genet Part A, 158A:1670-1675, 2012
- 2) Hiura H, Okae H, Miyauchi N, Sato F, Sato A, Van De Pette M, John RM, Kagami M, Nakai K, Soejima H, Ogata T, Arima T. Characterization of DNA methylation errors in patients with imprinting disorders conceived by assisted reproduction technologies. Hum Reprod, 27(8):2541-2548, 2012
- 3) Yatsuki H, Higashimoto K, Jozaki K, Koide K, Okada J, Watanabe Y, Okamoto N, Tsuno Y, Yoshida Y, Ueda K, Shimizu K, Ohashi H, Mukai T, Soejima H. Novel Mutations of *CDKN1C* in Japanese Patients with Beckwith-Wiedemann Syndrome. Genes & Genomics, 35(2):141-147, 2013
- 4) Adachi H, Takahashi I, Higashimoto K, Tsuchida S, Noguchi A, Tamura H, Arai H, Ito T, Masue M, Nishibori H, Takahashi T, Soejima H. Congenital hyperinsulinism in an infant with paternal uniparental disomy on chromosome 11p15: Few clinical features suggestive of Beckwith-Wiedemann syndrome. Endocr J. 60(4):403-408, 2013
- 5) Misago N, Joh K, Soejima H, Narisawa Y. Multiple mucocutaneous (palisaded encapsulated) neuromas may be a distinct entity. JAMA Dermatol, 149(4):498-500, 2013
- 6) Soejima H, Higashimoto K. Epigenetic and genetic alterations of the imprinting disorder Beckwith-Wiedemann syndrome and related disorders. J Hum Genet, 58(7): 402-409, 2013

- 7) Fukuda K, Ichiyangi K, Yamada Y, Go Y, Udono T, Wada S, Maeda T, Soejima H, Saitou N, Ito T, Sasaki H. Regional DNA methylation differences between humans and chimpanzees are associated with genetic changes, transcriptional divergence and disease genes. *J Hum Genet*, 58(7):446-454, 2013
- 8) Higashimoto K[†], Maeda T[†], Okada J[†], Ohtsuka Y, Sasaki K, Hirose A, Nomiyama M, Takayanagi T, Fukuzawa R, Yatsuki H, Koide K, Nishioka K, Joh K, Watanabe Y, Yoshiura KI, Soejima H. Homozygous deletion of *DIS3L2* exon 9 due to non-allelic homologous recombination between LINE-1s in a Japanese patient with Perlman syndrome. *Eur J Hum Genet*, 21(11):1316-1319, 2013 († equal contribution)
- 9) Miyazaki H[†], Higashimoto K[†], Yada Y[†], A. Endo T[¶], Sharif J[¶], Komori T, Matsuda M, Koseki Y, Nakayama M, Soejima H, Handa H, Koseki H, Hirose S, Nishioka K. Ash11 methylates Lys36 of histone H3 independently of transcriptional elongation to counteract Polycomb silencing. *PLoS Genet*, 9(11):e1003897, 2013 (†, ¶ equal contribution)
- 10) Rumbajan JM, Maeda T, Souzaki R, Mitsui K, Higashimoto K, Nakabayashi K, Yatsuki H, Nishioka K, Harada R, Aoki S, Kohashi K, Oda Y, Hata K, Saji T, Taguchi T, Tajiri T, Soejima H, Joh K. Comprehensive analyses of imprinted differentially methylated regions reveal epigenetic and genetic characteristics in hepatoblastoma. *BMC Cancer*, 13:608, 2013
- 11) Higashimoto K, Jozaki K, Kosho T, Matsu bara K, Fuke T, Yamada D, Yatsuki H, Maeda T, Ohtsuka Y, Nishioka K, Joh K, Koseki H, Ogata T, Soejima H. A novel de novo point mutation of the OCT-binding site in the *IGF2/H19*-imprinting control region in a Beckwith-Wiedemann syndrome patient. *Clin Genet*, published online: 4 December 2013
- 12) Ohnishi K, Semi K, Yamamoto T, Shimizu M, Tanaka A, Mitsunaga K, Okita K, Osafune K, Arioka Y, Maeda T, Soejima H, Moriwaki H, Yamanaka S, Woltjen K, Yamada Y. Premature termination of reprogramming *in vivo* leads to cancer development through altered epigenetic regulation. *Cell*, 156(4), 663-677, 2014
- 13) Court F, Tayama C, Romanelli V, Martin-Trujillo A, Iglesias-Platas I, Okamura K, Sugahara N, Simón C, Moore H, Harness JV, Keirstead H, Sanchez-Mut JV, Kaneki E, Lapunzina P, Soejima H, Wake N, Esteller M, Ogata T, Hata K, Nakabayashi K, Monk D. Genome-wide parent-of-origin DNA methylation analysis reveals the intricacies of the human imprintome and suggests a germline methylation independent establishment of imprinting. *Genome Res*. Published in Advance January 8, 2014
- 14) 東元健、副島英伸 . Beckwith-Wiedemann 症候群と小児腫瘍 . 遺伝子医学 MOOK25 第 2 章エピジェネティクスと病気 4 . 不妊・先天異常 監修：佐々木裕之、編集：中尾光善、中島欽一、メディカルドゥ、大阪、pp195-201, 2013
- 15) 前田寿幸、東元健、副島英伸 . Beckwith-Wiedemann 症候群と Silver-Russell 症候群 . 小児科臨床 66(増刊号):1308-1314, 2013
- 16) 副島英伸 . Beckwith-Wiedemann 症候群 , Sotos 症候群 . 周産期医学 43(3):377-382, 2013
2. 学会発表
招待講演
- 1) 副島英伸 . インプリンティング疾患 Beckwith-Wiedemann 症候群と類縁疾患におけるエピゲノム・ゲノム異常 . 第 5 回金沢大学学際科学実験センターシンポジウム「深遠なる疾患エピジェネティクス」2013.7.5. 金沢大学
- 2) 副島英伸 . ゲノム・インプリンティングとヒト疾患-間葉性異形成胎盤の分子遺伝学的解析 群馬大学生体調節研究所内 分泌・代謝学共同研究拠点セミナー 2013.9.20. 群馬大学
- 一般発表
- 1) Janette M. Rumbajan, 前田寿幸、田尻達郎、東元 健、宗崎良太、田口智章、副島英伸、城 圭一郎 . 肝芽腫におけるインプリント DMR 異常メチル化のゲノムワイド検索 . 第 6 回日本エピジェネティクス研究会年会 2012.5.14-15. 東京 (抄録集 p78, ポスターPA-44)
- 2) 田山千春、Alejandro Martin Trujillo、緒方勤、副島英伸、David Monk、秦健一郎、中林一彦 . 全ゲノム片親性ダイソミー症例の DNA メチル化解析によるヒトインプリント遺伝子座位の網羅的解析 . 第 6 回日本エピジェネティクス研究会年会 2012.5.14-15. 東京 (抄録集 p84, ポスターPA-56)
- 3) 前田寿幸、城崎幸介、八木ひとみ、東元 健、副島英伸 . Beckwith-Wiedemann 症候群エピ変異症例のゲノム網羅的 DNA メチル化解析 . 第 6 回日本エピジェネティクス研究会年会 2012.5.14-15. 東京 (抄録集 p85, ポスターPA-58)
- 4) 大塚泰史、前田寿幸、城崎幸介、八木ひとみ、東元 健、副島英伸 . Beckwith-Wiedemann 症候群における片親性父性ダイソミーの多様性と臨床症状との関連 . 第 6 回日本エピジェネティクス研究会年会 2012.5.14-15. 東京 (抄録集 p128, ポスターPA-64)

- 5) 外木秀文、奥原宏治、飯塚進、高橋伸浩、徳富智明、服部司、太田亨、副島英伸．Silver - Russell 症候群の遺伝学的異常の検討．第 35 回小児遺伝学会学術集会 2012.4.19. 久留米市 (プログラム・抄録集 p28)
- 6) 大町和美、三島祐子、松田圭子、副島英伸、岡本伸彦．Beckwith-Wiedemann 症候群の遺伝カウンセリング．第 36 回日本遺伝カウンセリング学会学術集会 21012.6.8-10. 信州大学医学部
- 7) 副島英伸、東元 健、田尻達郎．肝芽腫におけるメチル化インプリント DMR のゲノムワイド検索．第 71 回日本癌学会学術総会 2012.9.19-21. 札幌市 (Proceedings, p256, English oral session, E-2058)
- 8) 高松裕一郎、前田寿幸、松尾宗明、東元 健、河島雅到、松島俊夫、副島英伸．パイロシークエンス法を用いたもやもや病感受性遺伝子 RNF213 の c.14576G>A 多型解析．日本脳神経外科学会第 71 回学術総会 2012.10.17-19. 大阪 (ポスター 3P-08-P107-04)
- 9) 副島英伸、Janette Rumbajan、前田寿幸、東元 健、宗崎良太、田口智章、田尻達郎．肝芽腫におけるインプリント DMR メチル化異常のゲノムワイド検索．日本人類遺伝学会第 57 回大会 2012.10.24-27. 東京 (O-50 プログラム・抄録集 p139)
- 10) 中林一彦、田山千春、Trujillo Alex Martin、岡村浩司、緒方勤、副島英伸、Monk David、秦健一郎．全ゲノム片親性ダイソミー症例の DNA メチル化解析によるヒトインプリントーム解明．日本人類遺伝学会第 57 回大会 2012.10.24-27. 東京 (O-52 プログラム・抄録集 p139)
- 11) 大塚泰史、城崎幸介、前田寿幸、八木ひとみ、東元 健、副島英伸．Beckwith-Wiedemann 症候群における片親性父性ダイソミーの多様性と臨床症状との関連．日本人類遺伝学会第 57 回大会 2012.10.24-27. 東京 (O-53 プログラム・抄録集 p140)
- 12) 前田寿幸、城崎幸介、八木ひとみ、東元 健、副島英伸．Beckwith-Wiedemann 症候群エピソード症例におけるインプリント DMR の網羅的メチル化解析．日本人類遺伝学会第 57 回大会 2012.10.24-27. 東京 (O-54 プログラム・抄録集 p140)
- 13) 東元 健、城崎幸介、八木ひとみ、古庄知己、松原圭子、山田大輔、前田寿幸、大塚泰史、古関明彦、緒方勤、副島英伸．H19-DMR にメチル化異常を認めたインプリント疾患における H19-DMR の変異解析．日本人類遺伝学会第 57 回大会 2012.10.24-27. 東京 (O-55 プログラム・抄録集 p154)
- 14) 東元 健、前田寿幸、八木ひとみ、岡田純一郎、佐々木健、吉浦孝一郎、渡邊順子、副島英伸．Perlman 症候群における *DIS3L2* のエクソン 9 の欠失は LINE-1 間の非相同組換えによって生じる．日本人類遺伝学会第 57 回大会 2012.10.24-27. 東京 (O-110 プログラム・抄録集 p140)
- 15) Maeda T, Jozaki K, Yatsuki H, Higashimoto K, Soejima H. Genome-wide quantitative DNA methylation analysis of imprinted DMRs in patients with Beckwith-Wiedemann Syndrome by MALDI-TOF MS technology. The American Society of Human Genetics 62nd Annual Meeting (poster 3432T). 2012. 11. 6-10. San Francisco, California, USA
- 16) Nakabayashi K, Trujillo AM, Tayama C, Kagami M, Soejima H, Ogata T, Monk D, Hata K. DNA methylation analysis of reciprocal genome-wide UPDs to define imprinted differentially methylated regions in the human genome. The American Society of Human Genetics 62nd Annual Meeting (poster 3499T). 2012. 11. 6-10. San Francisco, California, USA
- 17) Ohtsuka Y, Jozaki K, Maeda T, Yatsuki H, Higashimoto K, Soejima H. The relationship between paternal uniparental disomy and clinical features in patients with Beckwith-Wiedemann syndrome. The American Society of Human Genetics 62nd Annual Meeting (poster 3519T). 2012. 11. 6-10. San Francisco, California, USA
- 18) 田山千春、アレックス マーティン、岡村浩司、緒方勤、副島英伸、デビッド モンク、秦健一郎、中林一彦．全ゲノム片親性ダイソミー症例の DNA メチル化解析によるヒトインプリントーム解明．第 35 回日本分子生物学会年会 2012.12.11-14. 福岡 (1W11-7 プログラム p63; 1P-0118 プログラム p195)
- 19) 東元 健、城崎幸介、八木ひとみ、古庄知己、松原圭子、山田大輔、前田寿幸、大塚泰史、古関明彦、緒方勤、副島英伸．H19-DMR メチル化異常で発症するインプリント疾患における H19-DMR の変異解析．第 35 回日本分子生物学会年会 2012.12.11-14. 福岡 (2P-0148 プログラム p300)
- 20) Janette M. Rumbajan, Toshiyuki Maeda, Tatsuro Tajiri, Ken Higashimoto, Ryota Souzaki, Tomoaki Taguchi, Hidenobu Soejima, Keiichiro Joh. Genome-wide Screening of Aberrant Methylations of Imprinted DMRs in Hepatoblastomas. 第 35 回日本分子生物学会年会 2012.12.11-14. 福岡 (2P-0454 プログラム p342)
- 21) 長嶋一昭、田中大祐、東元 健、八木ひとみ、杉崎 和、田原 裕美子、小倉かさね、佐藤広規、佐藤雄一、山野 言、副島英伸、稲垣暢也．新生児期低血糖合併 Beckwith-Wiedemann 症候群患者における病態形成機序の検討．第 56 回日本糖尿病学会年次学術集会 2013.5.16-18. 熊本

- 22) 東元 健、城崎幸介、八木ひとみ、古庄知己、松原圭子、山田大輔、前田寿幸、大塚泰史、古関明彦、緒方勤、副島英伸。H19DMR メチル化異常で発症するインプリント疾患における H19DMR の変異解析。第 7 回日本エピジェネティクス研究会年会 2013.5.30-31. 奈良(抄録集 p60, ポスターP-36)
- 23) 前田寿幸、東元健、中林一彦、城崎幸介、八木ひとみ、緒方勤、秦健一郎、副島英伸。Beckwith-Wiedemann 症候群におけるインプリント DMR のマルチローカスメチル化解析。第 7 回日本エピジェネティクス研究会年会 2013.5.30-31. 奈良(抄録集 p61, ポスターP-38)
- 24) 大塚泰史、佐々木健作、城崎幸介、東元健、岡本信彦、高間勇一、窪田昭男、松本富美、中山雅弘、吉浦孝一郎、副島英伸。シスチン尿症を伴うゲノムワイド父性片親性ダイソミー症例の遺伝子解析。第 48 回日本小児腎臓病学会 2013.6.28-29. 徳島(抄録集 p110, 口演 O-05, 優秀演題奨励賞受賞)
- 25) Takamatsu Y, Maeda T, Matsuo M, Higashimoto K, Kawashima M, Matsushima T, Soejima H. Practical use of pyrosequencing analysis to detect Moyamoya disease susceptible gene RNF213 variant c.14576G>A. 3rd International Moyamoya Meeting. 2013.7.12-13. Sapporo (Workshop IV, invited oral speaker)
- 26) 副島英伸、東元健、八木ひとみ、青木早織、鮫島梓、齋藤滋、夫律子、中山雅弘、坂口勲、大場隆、片淵秀隆。11p15 インプリントドメインのメチル化異常を認めた間葉性異形成胎盤の 1 例。第 20 回遺伝性疾患に関する出生前診断研究会 2013.9.28. 鹿児島(一般演題 3, 抄録集 p10)
- 27) 副島英伸、東元健、城崎幸介、八木ひとみ、大塚泰史、前田寿幸、青木早織、岡島翠、坂口勲、大場隆、片淵秀隆。間葉性異形成胎盤における 11p15 インプリント領域の分子遺伝学的解析。第 21 回日本胎盤学会学術集会 2013.10.25-26. 名古屋市(一般演題 2-1, プログラム・抄録集 p55)
- 28) 青木早織、大場隆、岡島翠、坂口勲、東元健、副島英伸、福永真治、片淵秀隆。本邦における間葉性異形成胎盤の臨床像。第 21 回日本胎盤学会学術集会 2013.10.25-26. 名古屋市(一般演題 2-2, プログラム・抄録集 p55)
- 29) 鮫島梓、米田徳子、森尻昌人、米澤理可、米田哲、塩崎有宏、夫律子、中山雅弘、副島英伸、齋藤滋。母体血中 sFlt-1 が異常高値を示した Placental Mesenchymal Dysplasia の一例。第 21 回日本胎盤学会学術集会 2013.10.25-26. 名古屋市(一般演題 2-3, プログラム・抄録集 p56)
- 30) 秋山辰穂、勝村啓史、埴原恒彦、太田博樹、中込滋樹、藤本一真、副島英伸、城圭一郎、木村亮介、石田肇、安河内朗、樋口重和。時計遺伝子 PERIOD2 の多型と光刺激応答の生理的多様性の関係及びその人類学的考察。第 67 回日本人類学会大会 203.11.1-4. 筑波(Y-1 抄録集 p43)
- 31) 小金淵佳江、中込滋樹、間野修平、石崎直也、河村正二、木村亮介、石田肇、城圭一郎、副島英伸、藤本一真、佐藤公俊、湯澤泉、安井美江、隈部俊宏、藤井清孝、秋山辰穂、埴原恒彦、太田博樹。モヤモヤ病原因遺伝子 RNF213 の琉球諸島・北部九州ヒト集団における遺伝的多型。第 67 回日本人類学会大会 203.11.1-4. 筑波(A-28 抄録集 p57)
- 32) 副島英伸。Beckwith-Wiedemann 症候群と関連疾患におけるゲノム・エピゲノム異常。日本人類遺伝学会第 58 回大会「シンポジウム 8 先天異常とゲノム・エピゲノム」203.11.20-23. 仙台(S8-3 プログラム・抄録集 p108)
- 33) 中林一彦、Trujillo Alex Martin、田山千春、兼城英輔、和氣徳夫、副島英伸、緒方勤、Monk David、秦健一郎。ゲノムワイド DNA メチル化解析によるヒトインプリントーム解明。日本人類遺伝学会第 58 回大会 203.11.20-23. 仙台(O27 プログラム・抄録集 p126)
- 34) 大塚泰史、佐々木健作、城崎幸介、東元健、岡本信彦、高間勇一、窪田昭男、松本富美、中山雅弘、吉浦孝一郎、副島英伸。シスチン尿症を伴うゲノムワイド父性片親性ダイソミー症例の遺伝子解析。日本人類遺伝学会第 58 回大会 203.11.20-23. 仙台(O32 プログラム・抄録集 p127)
- 35) 副島英伸、東元健、城崎幸介、八木ひとみ、大塚泰史、前田寿幸、青木早織、岡島翠、坂口勲、大場隆、片淵秀隆。間葉性異形成胎盤における 11p15 刷り込み領域の分子遺伝学的解析。日本人類遺伝学会第 58 回大会 203.11.20-23. 仙台(O70 プログラム・抄録集 p137)
- 36) 佐々木かりん、右田王介、中林一彦、東元健、前田寿幸、橋本和法、松井英雄、副島英伸、高田史男、秦健一郎。胎児発育異常症例の網羅的ゲノム・エピゲノム解析。日本人類遺伝学会第 58 回大会 203.11.20-23. 仙台(O111 プログラム・抄録集 p147)
- 37) 宮崎仁美、東元 健、矢田有加里、遠藤高帆、Sharif Jafar、小森敏治、松田正史、古関庸子、中山学、副島英伸、半田宏、古関明彦、広瀬進、西岡憲一。Ash11 methylates Lys36 of histone H3 independently of transcriptional elongation to counteract Polycomb silencing. 第 36 回日本分子生物学会年会 2013.12.3-6. 神戸(1P-0177)

G . 知的財産権の出願・登録状況（予定を含む。）

- 1 . 特許取得
なし
- 2 . 実用新案登録
なし
- 3 . その他
なし