

Ⅱ. 分担研究報告

正常日本人における染色体欠失・重複のとりまとめ

研究分担者 小崎 健次郎

慶應義塾大学医学部臨床遺伝学センター 教授

研究要旨

遺伝子変異は、影響を受ける領域の大きさによって分類される。単塩基から数十塩基の変異、数百塩基～数千塩基の変異、100000塩基以上の欠失や重複など、変異の大きさによって検出に最適な分析法が異なる。単塩基から数十塩基の変異については次世代シーケンサーの実用化にともない、比較的容易に検出されるようになった。さらに大きい欠失や重複の検出にはマイクロアレイ染色体検査が用いられる。患者の症状から遺伝子変異の型・大きさを予見することは困難であるのため、シーケンシングないしマイクロアレイ染色体検査を行い、変異が同定されなければ、もう片方の分析を行うというserial analysisを行うことが一般的である。このことは検査コストの増加や検査プロトコルの複雑化の原因となっている。本研究では、次世代シーケンサーを用いて点変異の検出に並行して、欠失や重複の検出が可能かどうかを検討した。染色体の欠失の検出に次世代シーケンサーが利用できることが示された。特異度については評価が不十分であるものの、疾患原因の候補遺伝子の推定などの探索的な検討には有用であると期待された。

ヒトゲノム中には、欠失・重複 (chromosomal deletion / duplication) が存在する。欠失・重複には、健康に影響を与えるものもあるが、無害なものもある(CNV: copy number variation)。特定の患者で欠失・重複が同定されたとき、健康に影響を与えるあるいは疾患を惹起するかどうかを判定は容易ではない。発達遅滞を伴う診断不明の多発奇形症候群に対してマイクロアレイ染色体検査を実施された患児の両親についてCNVの情報を機械的に個人情報完全に削除した上、20人分のデータを単一データファイルとした。単一ファイルとなることで、個人のゲノム情報を復元することは不可能とした。データをBEDファイルフォーマットにより表記した。国際標準のゲノム情報の可視化ソフトであるUCSCゲノムブラウザーで、ローカルファイルとして取り込み、他のゲノム情報と併置して、表示させ複数カ所の箇所の高頻度の高いCNVを検出することができた。得られたCNVデータファイルはゲノムブラウザー上にアップロード可能であるばかりではなく、かつ、多種の解析用ソフトウェアに取り込み、参照データとして使用することが可能である。汎用性の点でも有用性の高い基礎データである。今後はさらに正常人のデータを蓄積し、比較的頻度の低いCNVについても情報を収集することが求められる。また、次世代シーケンサー解析に際して、これらのCNVの情報を勘案することが必要と考えられた。

A. 研究目的

<次世代シーケンサーを用いた染色体欠失検出の試み>

遺伝子の異常は、その大きさによって分類される。一塩基置換や数塩基の欠失・重複はSanger法により検出される。単一エクソンより大きな欠失はMLPA法、100キロベースを超えるような欠失はFISH法で検出される。患者の症状から遺伝子変異の型・大きさを予見することは困難であるため、シーケンシングないしマイクロアレイ染色体検査を行い、変異が同定されなければ、もう片方の分析を行うというserial analysisを行うことが一般的である。このことは検査コストの増加や検査プロトコルの複雑化の原因となっている。

近年、一塩基置換や数塩基の欠失は次世代シーケンサーによって比較的簡便に検出できるようになった。次世代シーケンサーは技術的な制約からアーチファクトとして点変異が発生する。これを避けるために同じ塩基を多重に読み取る原理となっている。同じ塩基を読む回数を読み

深度と称する。欠失ないし重複のある部分は欠失・重複の無い領域と比較して読み深度が減少ないし増加する。読み深度の増減を統計的に評価し、欠失・重複を判定できる可能性が期待されている。点変異の解析のために次世代シーケンサーから得られる出力を用いて単一エクソンより大きな欠失や、100キロベースを超えるような欠失が検出できれば、遺伝子診断の臨床応用に大きく貢献出来る。本研究では、塩基レベルでlog比を評価することによりgc含量によるバイアスを避けるという原理にもとづくアルゴリズムにより遺伝子欠失の検出を試みた。

<アレイデータの集積>

ヒトゲノム中には、欠失・重複 (chromosomal deletion / duplication) が存在する。欠失・重複には、健康に影響を与えるものもあるが、無害なものもある(CNV: copy number variation)。

特定の患者で欠失・重複が同定されたとき、健康に影響を与えるあるいは疾患を惹起するかどうかを判定は容易ではない。

欠失・重複の大きさや、当該する欠失・重複を両親のどちらかが有するか、あるいはデータベース等に収載されているかは判断の際に参考になる。無害な欠失・重複にかかわる参照データベースが極めて有用である。諸外国においては、病的意義のないCNVを集積したデータベース（例：DCIPHER）が作成されている。一方で、CNVには民族間で差があるとも考えられており、日本人特有のCNVもあると考えられる。したがって、本研究では、健常な両親から得られた日本人のCNVデータを集積し、臨床的意義を判断する際の材料とすることを目的とする。

B. 研究方法

方法1（NGSを用いた染色体欠失検出の試み）

全遺伝子の翻訳領域をアジレント社 SureSelectを用いて濃縮した後、イルミナ社 MiSeqによりシーケンシングを行った。

シーケンス断片をソフトウェアbwaを用いてヒトの参照配列（hg19）に整列させた。さらに、ソフトウェアGATKにより局所的な整列を行った。完全に重複してPCRのアーチファクトと考えられる断片についてはソフトウェアPicardを用いて除去したのち、各塩基あたりの読み深度を評価した。正常検体由来の読み深度の平均値を求め、検体の読み深度と比較した。

分析のアルゴリズムにLiらのContraプログラムを用いた。対話的に解析を進めるための独自のスクリプトを作成した。

分析のパラメータはデフォルトの値を用いた。

Li J, Lupat R, Amarasinghe KC, Thompson ER, Doyle MA, Ryland GL, Tothill RW, Halgamuge SK, Campbell IG, Gorringer KL. *Bioinformatics*. 2012 15;28:1307-13.

CONTRA: copy number analysis for targeted resequencing.

得られた領域はbedファイル形式に変換し、ゲノムデータ表示ソフトウェアigvにより表示した。既知のコピー数多型（欠失・挿入）を、公的データベース

(<http://projects.tcag.ca/variation/downloads/variation.hg19.v10.nov.2010.txt>)

より入手し、同時に表示させた。

例えば、chr16_del.sorted.bedをcontraの出力、既知のコピー数多型のある領域をvariation.h19.sorted.bedとした場合

```
bedtools subtract -a chr16_del.sorted.bed -b variation.h19.sorted.bed >
```

```
chr16_del_nocnp.sorted.bed
```

として結果を得た。

方法2（アレイデータの集積）

対象は、発達遅滞を伴う診断不明の多発奇形症候群に対してマイクロアレイ染色体検査を実

施された患児の両親とした。神奈川県立こども医療センターの倫理委員会の承認を受けて、インフォームド・コンセントをえた後、研究を実施した。解析ソフトウェアからアレイデータのエクセルファイルを出し、BEDファイルを作成した（表1）。BEDファイルは染色体番号、欠失もしくは重複の開始位置・終了位置、トラック名、DNA strandの向き、重複もしくは欠失の記載からなる。欠失・重複とも範囲が50 kbから5 Mbのものを集積した。また、男女にかかわらずY染色体の値も削除した。CNV領域のBEDファイルをヒト参照配列（hg19）に統一した後、データベースUCSC genome browser上に表示した（図1）。

これらのデータはとりまとめに際してはカスタムのソフトウェアをこども医療センターに配布し、こども医療センター内で個人情報を削除した上、20人分のデータを単一データファイルとした。当該ファイルから個人のゲノム情報を取り出すことは全く不可能である。上記の処理作業は専用ソフトウェアを用いた。

得られた完全に連結不能匿名化されたデータファイルを一本のファイルとした。このファイルは、国際標準のゲノム情報の可視化ソフトであるUCSCゲノムブラウザーで、ローカルファイルとして取り込み、他のゲノム情報と併置して、表示させた。

C. 研究結果

結果1

アレイCGH検査で16番染色体短腕に欠失を認める患者について次世代シーケンサーを用いた解析結果を示す。Contraによる解析によっても、16番染色体上に欠失を証明することができた（付図）。

一方で、アレイCGHでは欠失の無い範囲についても欠失が示唆された。アレイCGH検査をゴールドスタンダードと考えるならば、Contraによる解析結果の特異度が低いと予測される。

結果2

健常人20名から共通して重複もしくは欠失している部位が確認された。これらの欠失・重複範囲をBEDファイル形式で保存した。BEDファイルは、ゲノムの領域を示す国際標準フォーマットのテキストファイルであり、染色体番号、始点・終点を示す（表1）。いわゆるゲノムコーディネートをhg19形式に統一した。UCSCゲノムブラウザー上で確認したところ、ゲノム中で、複数カ所の箇所の頻度の高いCNVを検出することができた（図1）。

D. 考察

考察1

染色体の欠失の検出に次世代シーケンサーが利用できることが示された。特異度については評価が不十分であるものの、疾患原因遺伝子の推定などの探索的な検討には有用であると期待された。一方で特異度の点からは臨床応用のためには解決すべき課題を認めた。特に正常対照を増やし、統計的な検出力を高めること、点変異の検出とシームレスに実施できるようなパイプラインとすること、などと思われる。Contraと同じ目的で用いられるプログラムとして隠れマルコフモデルを用いたアルゴリズム等(XHMM)も新たに発表されており、各プログラムのパフォーマンスの比較が必要と思われる

考察 2

日本人において病的意義を欠くCNVの網羅的な情報とみなしうる情報を抽出した。海外では同様のデータベースが公表されているが、わが国には該当するデータは乏しく、今後のマイクロアレイ染色体検査の普及や検査態勢の整備のために不可欠な基礎データとなると期待される。得られたCNVデータファイルはゲノムブラウザ上にアップロード可能であるばかりではなく、かつ、多種の解析用ソフトウェアに取り込み、参照データとして使用することが可能である。汎用性の点でも有用性の高い基礎データである。今後はさらに正常人のデータを蓄積し、比較的頻度の低いCNVについても情報を収集することが求められる。

また、次世代シーケンサー解析に際して、これらのCNVの情報を勘案することが必要と考えられた。

E. 結論

染色体の欠失の検出に次世代シーケンサーが利用できることが示された。特異度については評価が不十分であるものの、疾患原因の候補遺伝子の推定などの探索的な検討には有用であると期待された。

日本人について病的意義の低いと思われるCNVの情報を集積した。今後のマイクロアレイ染色体検査の普及に際して、不可欠なリソースとなると考えられた。今後はさらに正常人のデータについて学会等が中心となり集積し、比較的頻度の低いCNVについても情報を収集することが求められる。

F. 研究発表

1. 論文発表

1) Takenouchi T, Enomoto K, Nishida T, Torii C, Okazaki T, Takahashi T, Kosaki K. 12q14 microdeletion syndrome and short stature with or without relative macrocephaly. *Am J Med Genet A*. 2012;158(10):2542-2544

- 2) Takenouchi T, Okuno H, Kosaki R, Ariyasu D, Torii C, Momoshima S, Harada N, Yoshihashi H, Takahashi T, Awazu M, Kosaki K. Microduplication of Xq24 and Hartsfield syndrome with holoprosencephaly, ectrodactyly, and clefting. *Am J Med Genet A*. 2012;158(10):2537-2541.
- 3) Takenouchi T, Yagihashi T, Tsuchiya H, Torii C, Hayashi K, Kosaki R, Saitoh S, Takahashi T, Kosaki K. Tissue-limited ring chromosome 18 mosaicism as a cause of Pitt-Hopkins syndrome. *Am J Med Genet A*. 2012;158(10):2621-2623.
- 4) Takenouchi T, Nishina S, Kosaki R, Torii C, Furukawa R, Takahashi T, Kosaki K. Concurrent deletion of BMP4 and OTX2 genes, two master genes in ophthalmogenesis. *Eur J Med Genet*. 2013 ;56(1):50-53.
- 5) Takenouchi T, Hashida N, Torii C, Kosaki R, Takahashi T, Kosaki K. 1p34.3 deletion involving GRIK3: Further clinical implication of GRIK family glutamate receptors in the pathogenesis of developmental delay. *Am J Med Genet A*. 2014 Feb;164(2):456-60
- 6) Nishina S, Kosaki R, Yagihashi T, Azuma N, Okamoto N, Hatsukawa Y, Kurosawa K, Yamane T, Mizuno S, Tsuzuki K, Kosaki K. Ophthalmic features of CHARGE syndrome with CHD7 mutations. *Am J Med Genet A*. 2012;158(3):514-518.
- 7) Kosaki R, Kaneko T, Torii C, Kosaki K. EEC syndrome-like phenotype in a patient with an IRF6 mutation. *Am J Med Genet A*. 2012;158(5):1219-1220.
- 8) Takenouchi T, Nakazawa M, Kanemura Y, Shimozato S, Yamasaki M, Takahashi T, Kosaki K. Hydrocephalus with Hirschsprung disease: severe end of X-linked hydrocephalus spectrum. *Am J Med Genet A*. 2012;158(4):812-5.
- 9) Tanaka R, Takenouchi T, Uchida K, Sato T, Fukushima H, Yoshihashi H, Takahashi T, Tsubota K, Kosaki K. Congenital corneal staphyloma as a complication of Kabuki syndrome. *Am J Med Genet A*. 2012;158(8):2000-2002.
- 10) Yagihashi T, Kosaki K, Okamoto N, Mizuno S, Kurosawa K, Takahashi T, Sato Y, Kosaki R. Age-dependent change in behavioral feature in Rubinstein-Taybi

syndrome. Congenit Anom .
2012;52(2):82-86.

- 11) Nomura T, Takenouchi T, Fukushima H, Shimozato S, Kosaki K, Takahashi T. Catastrophic Autonomic Crisis With Cardiovascular Collapse in Spinal Muscular Atrophy With Respiratory Distress Type 1. J Child Neurol. 2012 Aug 16.
- 12) Osumi T, Miharuru M, Fuchimoto Y, Morioka H, Kosaki K, Shimada H. The germline TP53 mutation c.722 C>T promotes bone and liver tumorigenesis at a young age. Pediatr Blood Cancer. 2012;15;59(7):1332-3.

2. 学会発表
なし

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

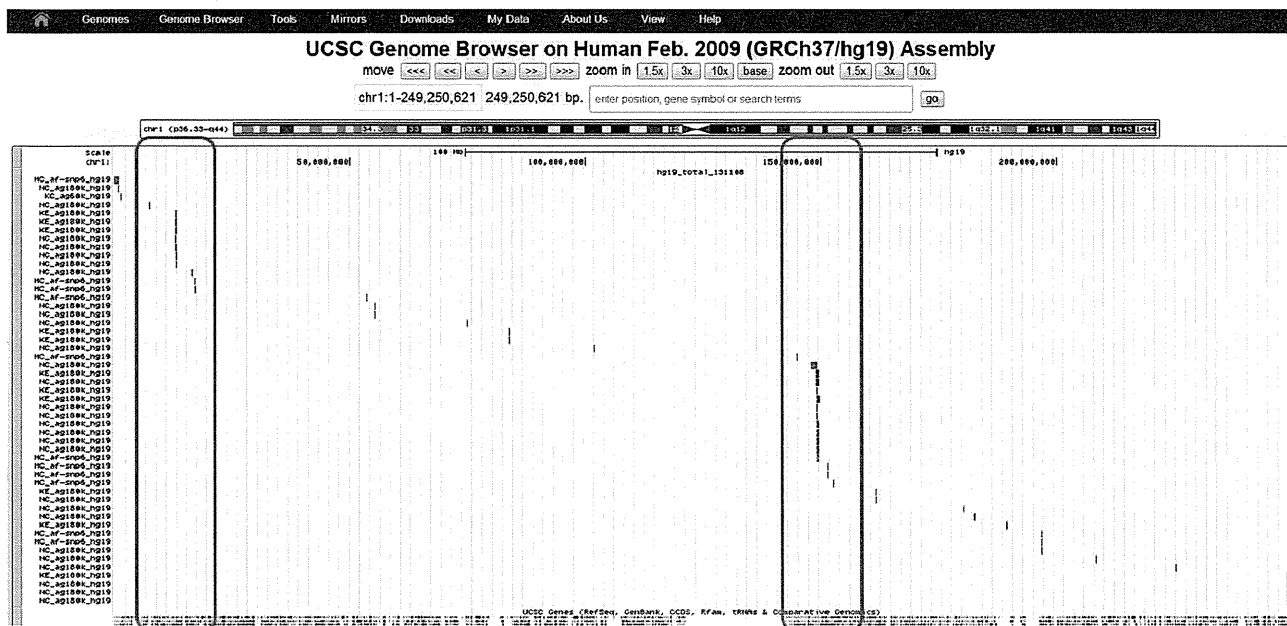
(表 1)

日本人正常人に認められる欠失・重複範囲を示す BED 形式ファイルの一部
第 1 カラムは染色体番号、第 2 カラムは始点、第 3 カラムは終点。
右端のカラムは欠失・重複の種別で、-は欠失を示し、+は重複を示す。

```
hg19_total_131108.bed
track name=hg19_total_131108 description="hg19_total_131108" visibility=2 visibility=2 colorByStrand="255,0,0 0,0,255"
chr1 1189360 1446873 KC_ag60k_hg19 0 +
chr2 89606481 90234023 KC_ag60k_hg19 0 -
chr2 13664684 14293009 KC_ag60k_hg19 0 +
chr2 89441848 90234023 KC_ag60k_hg19 0 -
chr2 89441848 90234023 KC_ag60k_hg19 0 -
chr3 70921422 71041666 KC_ag60k_hg19 0 -
chr3 41457495 41614509 KC_ag60k_hg19 0 -
chr3 70921422 71113993 KC_ag60k_hg19 0 -
chr3 174159572 174622270 KC_ag60k_hg19 0 +
chr4 104027285 104118000 KC_ag60k_hg19 0 +
chr6 32485173 32565064 KC_ag60k_hg19 0 -
chr6 32485173 32604038 KC_ag60k_hg19 0 -
chr7 72044007 72286210 KC_ag60k_hg19 0 -
chr8 39258894 39386158 KC_ag60k_hg19 0 +
chr8 39258894 39386158 KC_ag60k_hg19 0 +
chr8 39258894 39386158 KC_ag60k_hg19 0 +
chr8 39258894 39386158 KC_ag60k_hg19 0 +
chr8 39258894 39386158 KC_ag60k_hg19 0 +
chr8 39258894 39386158 KC_ag60k_hg19 0 +
chr8 3583303 4767606 KC_ag60k_hg19 0 -
chr10 55040578 56196446 KC_ag60k_hg19 0 -
chr14 20253739 20376267 KC_ag60k_hg19 0 -
chr14 20253739 20376267 KC_ag60k_hg19 0 +
chr15 31014508 31077833 KC_ag60k_hg19 0 -
chr15 31014508 31077833 KC_ag60k_hg19 0 -
```

(図 1)

日本人正常人に認められる欠失・重複範囲をゲノムブラウザー上で表示した例
表示範囲のうち、青色は欠失を、赤色は重複を示す。
緑色で囲った範囲については相当数の正常人で欠失ないし重複を認めることから、
日本人の正常多型であると理解される。



診断未定多発奇形・発達遅滞の実態把握と病因・病態の解明に関する研究

研究分担者 小崎 里華
国立成育医療研究センター 遺伝診療科 医長

研究要旨

診断が困難である多発奇形・発達遅滞の症例を対象に、新規診断技術マイクロアレイCGHを用いて有用性を明らかにし、診断のアルゴリズムを確立した。また、診断確定された症例においては、臨床症状と遺伝学的異常の関係について検討し、医療実態の把握・自然歴の把握を行った。今後、個別の症例特性の解析および医療実態の把握と自然歴解析をめざす。

A. 研究目的

診断そのものが困難である多発奇形・発達遅滞の診断アルゴリズムを確立し、本疾患の診断技術の一つとして注目されるマイクロアレイCGHの有用性を明らかにする。診断未定例の症例登録を行い、「難病・がん等の疾患分野の医療の実用化事業」と連携を図り、発生頻度の推定も行う。

B. 研究方法

診断未確定の多発奇形・精神運動発達遅滞児が集積された診療症例を対象に、アレイCGH,MLPA法などの新規診断技術を用いて、確定診断のために遺伝学的解析を行った。解析に用いたアレイはAgilent社 human genome 180Kをプラットフォームとし、UCSC hg18(NCBI Build 36.1 March 2006), 解析はAgilent Genomic Workbenchで行った。Cut off基準やCNVの判定においては、ACMGガイドライン(Genet Me13;680-685,2011)等を参照し、国際基準に沿って解析を行い、検査の質の保証につとめた。

また「難病・がん等の疾患分野の医療の実用化事業」と連携のため、通常アレイCGHで解析されるサイズの遺伝子欠失が次世代シーケンサーによって検出可能かどうかの検討を行った。解析のためにはコンピュータプログラムContraを使用している。

分子遺伝学的に診断が確定された症例については、国内外のデータベースの検索を通じて近縁症例を収集し、臨床症状と遺伝学的異常の関係について検討した。

検査実施において、分担研究者の所属施設の倫理委員会にて承認されている。

C. 研究結果

24-25年度、マイクロアレイCGH解析を行った対象は87症例、解析終了84症例、結果陽性8症例であった(2012年4月-2014年3月)。眼球の発生に関わる遺伝子の2重欠失の症例、18番環状染色体モザイクによるPitt-Hopkins症候群症例、全前脳胞症-裂手・裂足症(Hartsfield症候群)がXq24重複により発症すること、8q24.3欠失(1.8Mb)症例、15q11.2欠失(4.9Mb)症例であり、1症例は既知症候群であった。病的意義不明のCNVも認め、両親解析も含め検討を行い、国内・国際学会、国際誌に発表することが出来た。

「難病・がん等の疾患分野の医療の実用化事業」と連携のため、通常アレイCGHで解析されるサイズの遺伝子欠失が次世代シーケンサーによって検出精度の検討を行った。アレイCGHによって検出されている欠失・重複の検出には不十分である。アレイCGHにより検出された欠失範囲を次世代シーケンサーの結果のビューアーであるigvで表示させるスクリプトを作成した。

D. 考察

臨床現場への研究成果の活用として、確定診断された児・家族に対し合併症の予測、予後など今後の医療管理の方向性を示すことが可能となった。また、次子再発率の予測など、遺伝カウンセリング上、家族には有意義な情報提供をすることができた。

本研究で整備された基盤を用いることにより、診断不明例に対する段階的な診断アプローチを実施可能となった。

診断未確定の多発奇形・精神運動発達遅滞の原因は遺伝的異質性が極めて高い。原因究明には、探索的・網羅的解析が望ましく、アレイCGHは、極めて有用であることが実証された。

当施設における2年間の解析では、陽性率9.5%であり、他の分担施設の陽性率10-15%と同じ結果が得られたと考えられる。海外からの報告でも、同様の報告であり、本検査の有用性を国内でも実証できたことは、本研究班の成果である。

現在、アレイCGHは商業ベースでは一部の検査会社が受託しているが、自費診療で高額な点が問題となっている。有用性において立証できたことから、今後は、真の臨床応用、すなわち、保険収載を含めベッドサイドでの国民への還元が求められると考える。

現在、新規遺伝学的解析技術として次世代シーケンサーの解析が実施されているが、アレイCGHによって検出されている欠失・重複の検出には不十分である。今後は、次世代シーケンサーも解析アルゴリズムの改良によって、欠失・重複も検出可能となることが予測される。現時点では、アレイCGHによる欠失範囲を次世代シーケンサーで確実に検出することは困難であり、アレイCGH検査の実施が必須であると考えられた。一方、点変異はアレイCGH検査によって検出することは不可能であり、両者は相補的な検査であると判断された。

今後、診断未確定の多発奇形・精神運動発達遅滞にはアレイCGHとともに、次世代シーケンサー等の技術を組み合わせて解析をすることが期待される。

E. 結論

多発奇形・発達遅滞の診断技術の一つとしてマイクロアレイCGHを用いて、診断を確定し、臨床的有用性を明らかにした。今後、新規遺伝子探索、医療実態の把握へ向けての研究基盤整備を行った。

F. 研究発表

1. 論文発表

Kosaki R, Takenouchi T, Takeda N, Kagami M, Nakabayashi k, Hata K, Kosaki K. Somatic CTNBN1 mutation in hepatoblastoma from a patient with Simpson-Golabi-Behmel syndrome and germline GPC3 mutation. *Am J Med Genet A*. (Epub ahead of print)Jan.2014

Takenouchi T, Hayashida N, Torii C, Kosaki R, Takahashi T, Saya H, Kosaki K. 1p34.3 deletion involving GRIK3: Further clinical implication of GRIK family glutamate receptors in the pathogenesis of developmental delay. *Am J Med Genet A*. 164(2):456-60. Feb.,2014

Takenouchi T, Shimizu A, Torii C, Kosaki R, Takahashi T, Saya H, Kosaki K. Multiple café au lait spots in familial patients with MAP2K2 mutation. *Am J Med Genet A*. 164(2):392-6. Feb.2014

Sasaki A, Sumie M, Wada S, Kosaki R, Kuroswa K, Fukami M, Sago H, Ogata T, Kagami M. Prenatal genetic testing for a microdeletion at chromosome 14q32.2 imprinted region leading to UPD(14)pat-like phenotype. *Am J Med Genet A*. 164A(1):264-6. Jan.2014

Kubo A, Shiohama A, Sasaki T, Nakabayashi K, Kawasaki H, Atsugi T, Sato S, Shimizu A, Mikami S, Tanizaki H, Uchiyama M, Maeda T, Ito T, Sakabe J, Heike T, Okuyama T, Kosaki R, Kosaki K, Kudoh J, Hata K, Umezawa A, Tokura Y, Ishiko A, Niizeki H, Kabashima K, Mitsuhashi Y, Amagai M. Mutations in SERPINB7, Encoding a Member of the Serine Protease Inhibitor Superfamily, Cause Nagashima-type Palmoplantar Keratosis. *Am J Hum Genet*. 7:93(5):945-56 Nov.2013

Takenouchi T, Hida M, Sakamoto Y, Torii C, Kosaki R, Takahashi T, Kosaki K. Severe congenital lipodystrophy and a progeroid appearance: Mutation in the penultimate exon of FBN1 causing a recognizable phenotype. *Am J Med Genet A*. 161(12):3057-62. Dec.2013

Takenouchi T, Saito H, Oishi N, Fukushima H, Kosaki R, Torii C, Takahashi T, Kosaki K. Daytime somnolence in an adult with Smith-Magenis syndrome. *Am J Med Genet A*. 161A(7):1803-5. Jul.2013

Takenouchi T, Nishina S, Kosaki R, Torii C, Furukawa R, Takahashi T, Kosaki K. Concurrent deletion of BMP4 and OTX2 genes, two master genes in ophthalmogenesis. *Eur J Med Genet*.

56(1):50-3.2013

Takenouchi T, Yagihashi T, Tsuchiya H, Torii C, Hayashi K, Kosaki R, Saitoh S, Takahashi T, Kosaki K. Tissue-limited ring chromosome 18 mosaicism as a cause of Pitt-Hopkins syndrome. *Am J Med Genet A*. 158(A)(10):2621-3.2012

Takenouchi T, Okuno H, Kosaki R, Ariyasu D, Torii C, Momoshima S, Harada N, Yoshihashi H, Takahashi T, Awazu M, Kosaki K. Microduplication of Xq24 and Hartsfield syndrome with holoprosencephaly, ectrodactyly, and clefting. *Am J Med Genet A*. 158(A)(10):2537-41.2012

Kosaki R, Nagao K, Kameyama K, Suzuki M, Fujii K, Miyashita T. Heterozygous tandem duplication within the PTCH1 gene results in nevoid basal cell carcinoma syndrome. *Am J Med Genet A*. 158(7):1724-28.2012

Yagihashi T, Kosaki K, Okamoto N, Mizuno S, Kurosawa K, Takahashi T, Sato Y, Kosaki R. Age-dependent change in behavioral feature in Rubinstein-Taybi syndrome. *Congenit Anom (Kyoto)*. 52(2):82-6.2012

Miyazaki O, Nishimura G, Sago H, Horiuchi T, Hayashi S, Kosaki R.

Prenatal diagnosis of fetal skeletal dysplasia with 3D CT. *Pediatr Radiol*. 42(7):842-52.2012

Kosaki R, Kaneko T, Torii C, Kosaki K. EEC syndrome-like phenotype in a patient with an IRF6 mutation. *Am J Med Genet A*. 158A(5):1219-20.2012

Nishina S, Kosaki R, Yagihashi T, Azuma N, Okamoto N, Hatsukawa Y, Kurosawa K, Yamane T, Mizuno S, Tsuzuki K, Kosaki K. Ophthalmic features of CHARGE syndrome with CHD7 mutations. *Am J Med Genet A*. 158A(3):514-8.2012

Okamoto N, Hayashi S, Masui A, Kosaki R, Oguri I, Hasegawa T, Imoto I, Makita Y, Hata A, Moriyama K, Inazawa J. Deletion at chromosome 10p11.23-p12.1 defines characteristic phenotypes with

marked midface retrusion. *J Hum Genet*. 57(3):191-6.2012

Kasahara M, Sakamoto S, Kanazawa H, Karaki C, Kakiuchi T, Shigeta T, Fukuda A, Kosaki R, Nakazawa A, Ishige M, Nagao M, Shigematsu Y, Yorifuji T, Naiki Y, Horikawa R. Living-donor liver transplantation for propionic acidemia. *Pediatr Transplant*. 16(3):230-4.2012

小崎里華 : 先天異常の分類 小児科臨床66 巻増刊号 2013

2. 学会発表

Narumi Y, Nishina S, Tokimoto M, Aoki Y, Kosaki R, Kosho T, Murata T, Takada F, Fukushima Y. Missense mutation of *MAF* in a Japanese pedigree with congenital cataract. American Society of Human Genetics, 2013

Kosaki R, Takenouchi T, Takeda N, Kagami M, Nakabayashi K, Hata K, Kosaki K. Somatic *CTNNB1* mutation in hepatoblastoma from a patient with Simpson-Golabi-Behmel syndrome and germline *GPC3* mutation. American Society of Human Genetics, 2013

Kosaki R, Takenouchi T, Hida M, Sakamoto Y, Torii C, Takahashi T, Kosaki K. Sever congenital lypodystrophy and a progeroid appearance: Mutation in the penultimate exon of *FBN1* causing a recognizable phenotype. European Society of Human Genetics, 2013 6.9

Shimizu A, Torii C, Suzuki N, Mutai J, Kudoh H, Kosaki R, Matsuura T, Kosaki K. Rapid and efficient mutation in the hundreds of target genes by bench-top next generation sequencer with custom target capture method. American Society of Human Genetics, 2012

佐々木 愛子 藤田 秀樹 和田 誠司 小崎 里華 堀川 玲子 左合 治彦: 高齢妊娠を契機に羊水検査を行い X/XY 混合性性腺異形成と診断された 3 例の臨床経過 第 58 回 日本人類遺伝学会 2013.11.22

藤田秀樹 小崎 里華: FGFR2 変異を確認した Beare-Stevenson 症候群の一例 第 58 回 日本人類遺伝学会 2013.11.22

藤田秀樹 小崎里華:20q 端部欠失を認めた VATER 連合に類似する多発奇形症例第 53 回 日本先天異常学会 2013.7.22

竹澤祐介 余谷暢之 石黒精 紙谷万里子 益田博司 師田信人 小崎里華 宮寄治 西村玄 阪井裕一:当センターで経験した点状軟骨異形成症の環軸亜脱臼に関する臨床的経過の検討 第 116 回 日本小児学会学術集会 2013.4.20

藤田秀樹 小崎里華 :染色体 G 分染法で 48,XYYY と 49 ,XYYYY のモザイクを認めた一例 第 36 回 日本小児遺伝学会学術集会 2013.4.17.

岡田 朋美 大柴 葉子 佐々木 愛子 谷口 公介 杉林 里佳 住江 正大 和田 誠司 柿島 裕樹 小須賀 基通 小崎 里華 小澤 伸晃 左合 治彦:羊水検査において FISH 法 (AneuVysion) と G-band 法で異なった核型結果が得られた 2 症例 第 57 回日本人類遺伝学会 2012.10.26

藤田 秀樹 小崎 里華: 当院で経験した未診断の発達遅滞・先天性多発奇形症例のアレイ CGH 解析 (続報) 第 57 回日本人類遺伝学会 2012.10.26

和田 友香 花井 彩江 佐々木 愛子 藤田 秀樹 小崎 里華: 近四倍体と 18 トリソミーのモザイクの 1 女児例 第 57 回日本人類遺伝学会 2012.10.26

藤田秀樹 小崎里華 :アレイ CGH で 1q24-q25 領域に欠失を認めた精神運動発達遅滞児についての検討 第 52 回 日本先天異常学会 2012. 7. 6

武内俊樹 下郷幸子 山崎麻美 小崎里華 小崎健次郎 高橋高雄: L1CAM 変異により発症した先天性水頭症と Hirshsprung 病の合併例 第 54 回 日本小児神経学会総会 2012.4.19

柳橋達彦 小崎健次郎 小崎里華 吉橋博史 井原正博 高橋孝雄:Williams 症候群における欠失範囲の大きさと発達遅滞の重症度との関係 第 115 回 日本小児学会学術集会 2012.4.22

一宮優子 石黒精 中館尚也 前川貴伸 小崎里華 藤田秀樹 阪井裕一 :TPO 受容体作動薬が有効であった 3p12-13 欠失の難治性慢性 ITP 第 115 回 日本小児学会学術集会 2012.4.22

藤田 秀樹 小崎里華 :アレイ CGH で 2p 部分欠失を認めた自閉症患者についての検討 第 35 回 日本小児遺伝学会学術集会 2012.4. 19

H. 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

多発奇形・発達遅滞症候群の診断と患児家族支援に関する研究

分担研究者 大橋 博文

埼玉県立小児医療センター遺伝科 科長

研究要旨

本分担研究として以下の4課題を行った。1) 診断未定多発奇形・発達遅滞例の発生頻度の推定。埼玉県立小児医療センターにおける平成23年度の遺伝科初診341例を検討した。染色体異常症が130例、診断不明(MCA/MR)が66例(19%)であった。ダウン症を除いた場合にはMR/MCAは27%を占めた。2) 診断未定多発奇形・発達遅滞例の遺伝学的検査実態評価。同センターでの平成23年度に実施した染色体検査(FISHを含む)の総数は275件(異常検出率27%)、遺伝子検査(シーケンス解析)は88件(異常32%)、全サブテロメアMLPA解析40例(異常13%)、遺伝子内エキソン単位の欠失・重複MLLPA解析40例(異常率14%)、MS-MLPA解析34例(異常26%)、マイクロアレイ解析76例(異常11%)だった。3) 先天異常症候群の集団外来による家族支援。患者家族への情報の還元と心理支援の実践を目的としたもので、平成24年度は、6月から12月まで、毎月2回、計14回の外来を開催した。参加家族数は2~30(平均12)家族、他県からの参加家族も平均3家族あった。アンケート(回収率67%)では、とてもよかった71%、よかった28%をあわせて99%。どちらでもないとの評価の方が1名のみであった。平成25年度は、計15回の外来を開催した。参加家族数は4~27家族(平均12家族;他県からの参加も平均3家族)であり、合計すると、参加家族数は延べ181家族、参加人数は407名となった。新たな形態の集団外来として、個別の疾患の枠を超えた疾患横断的な集団外来の開催も試みた。4) Wolf-Hirschhorn症候群(WHS; 4pモノソミー症候群)の遺伝子型-表現型相関の検討。国内8施設合計22例のWHS確定例を対象に、オリゴアレイCGH法を用いた欠失領域の解析結果を、臨床所見と比較検討した。欠失サイズの大きさと臨床症状の重症度との間におおまかな相関があること、また痙攣については、LEMT1遺伝子より遠位領域が新たな痙攣発症の責任領域である可能性が示唆された。

研究協力者

清水 健司 (埼玉県立小児医療センター遺伝科)

A. 研究目的

多発奇形・発達遅滞例の確定診断を行うことは、その後に疾患特異的自然歴情報に基づいた健康管理の前提となる。しかし、種々の遺伝学的検査法の進歩によっても未だに臨床診断ならびに遺伝学的確定診断のなされない診断未定患者が多く存在する。平成24年度の分担研究として、診断未定多発奇形・発達遅滞の発生頻度・診断ならびに患児家族

支援に関する次の3点について行うこととした。

1) 診断未定多発奇形・発達遅滞例の発生頻度の推定。2) 診断未定多発奇形・発達遅滞例の遺伝学的検査実態評価。3) 臨床現場への研究成果の活用としての先天異常症候群集団外来による患児・家族支援。さらに、平成25年度は、上記3)の継続とともに、4) マイクロアレイ解析に基づいたWolf-Hirschhorn症候群の遺伝型-表現型検討も行った。

B. 研究方法

1) 診断未定多発奇形・発達遅滞例の発生頻度の推定

埼玉県（人口約 700 万人；年間出生数約 6 万人）の小児医療施設である埼玉県立小児医療センターの平成 23 年度の遺伝科初診の統計を集計した。

2) 診断未定多発奇形・発達遅滞例の遺伝学的検査実態評価

埼玉県立小児医療センターの平成 23 年度の遺伝学的検査の実態を検討した。

3) 臨床現場への研究成果の活用としての先天異常症候群集団外来による患児・家族支援

種々の先天異常症候群について、疾患集団外来の開催を通じた患者家族への情報提供と心理支援の実践を行う。基本的に毎月 2 疾患を取り上げて、埼玉県立小児医療センターに通院中の患者家族に郵送で集団外来開催の案内を行い、事前申し込みの予約を行う。集団外来のプログラムは、医療サイドからの情報提供と自由意見交流会か、自由意見交流会単独とした。これらの集団外来の進行コーディネーターは医師ではなく認定遺伝カウンセラーが担当した。取り上げる疾患の選定については、比較的頻度が高く受診患者数が多い疾患をはじめ、共有すべき重要な情報や新たな知見がある場合、臨床研究の推進との関連がある場合、新たに診断を受けた患児や集団外来開催の家族からの希望が多い場合などを勘案して決定した。

平成 24 年度には、参加者にアンケートを行った。アンケートの内容は、今の気持ちとして、外来に参加してよかったか？、目的を果たすことができたか？、役に立つ情報が得られたか？、次回の集団外来に参加したいか？という観点から、とても思う、思う、どちらでもない、そう思わない、全くそう思わない、の 5 段階の中から選択し、さらに具体的な気持ちを自由に記載してもらった。また、現在子育てに困っていること、または工夫していることなどについても記載してもらったこととした。

4) マイクロアレイ解析に基づいた

Wolf-Hirschorn 症候群の遺伝型-表現型検討

国内 8 施設合計 22 例の WHS 診断確定例を対象に、全例オリゴアレイ CGH 法を用いた欠失領域の

精密診断を行った結果を、臨床所見と比較検討した。

C. 研究結果

1) 診断未定多発奇形・発達遅滞例の発生頻度の推定

平成 23 年度 1 年間の遺伝科初診患者を集計した結果、受診総数は 341 例で、そのうち染色体異常症が 130 例（ダウン症：94、18 トリソミー：3、13 トリソミー：2、4 p モノソミー：2、18q モノソミー：2、その他は各々 1 例ずつ）、そして診断不明（MR/MCA）例が 66 例（19%）であった。このうち、全県下からの当センターへの紹介率が際立って高いダウン症を除いた 247 例中の MR/MCA の占める割合は 27%であった。

2) 診断未定多発奇形・発達遅滞例の遺伝学的検査実態評価

平成 23 年度の遺伝学的検査の実態を検討した。a) 染色体検査（FISH を含む）の総数は 275 件であった。そのうち異常は 75 例（異常検出率 27%）で、常染色体数的異常 7、性染色体数的異常 3、構造異常 19、微細欠失 9 であった。残り 200 例（23%）は異常がなかった。b) 遺伝子検査は PCR-ダイレクトシーケンス解析を総計 9 種類の遺伝子に関して延べ 88 例に施行した結果の異常検出率は 32%だった。MLPA 解析としては、全サブテロメア解析が 40 例（異常率 13%）、遺伝子内エキソン単位の欠失・重複解析が 40 例（異常率 14%）、インプリンティング疾患である

Prader-Willi/Angelman 症候群、

Russell-Silver/Beckwith-Wiedeman 症候群の

MS-MLPA 解析が 34 例（異常率 26%）であった。

c) マイクロアレイ解析は 76 例に行い異常率は 11%であった。

3) 臨床現場への研究成果の活用としての先天異常症候群集団外来による患児・家族支援

平成 24 年度に開催した集団外来の状況を表 1 に示す。本年 6 月から 12 月まで、毎月 2 回、計 14 回の開催だった。参加家族数は 2～30（平均 12）家族、他県からの参加家族も平均 3 家族あった。アンケート（回収率 67%）では、とてもよかった 71%、よかった 28%をあわせて 99%。どちらでもない

の評価の方が1名のみであった。

平成25年度は、4月から12月まで、月2回を基本に、計15回開催した(表2)。参加家族数は4~27家族(平均12家族)、他県からの参加も平均3家族であった。すべての外来を合計すると、参加家族数は延べ181家族、参加人数は407名となった。平成25年度の新たな集団外来の試みとして、個別の疾患の枠を超えた疾患横断的な集団外来を開催した。1)ピット・ホプキンス症候群とモワット・ウィルソン症候群の合同集団外来。互いに稀少疾患であり、それぞれ3家族と2家族をフォロー中であった。2疾患ともに重度の発達遅滞などの共通する症状をもつ。共通点と差異とを意識しつつ、疾患の自然歴と健康管理の情報提供と家族間の交流を行ったが、アンケート結果では大変有意義との回答を得た。2)就学をテーマとして疾患横断的な集団外来。疾患の種類を問わず、共通して多くの患児・家族が遭遇する課題がある。その代表の1つが就学問題である。本年、この就学をテーマとして疾患横断的な集団外来を開催した。具体的には、個別の集団外来を開催している23疾患(発達遅滞を伴う)の患児の中で、2015年度就学予定(5才児)と2016年就学予定(4才児)のもの62名を選び、外来の案内を行った。その結果16人(総人数31人)が参加した。

4) マイクロアレイ解析に基づいた

Wolf-Hirschorn 症候群の遺伝型-表現型検討

a. 対象患者と解析結果

男4例、女18例、年齢は7ヶ月~18才(中央値は5才6ヶ月)だった。欠失サイズは2.06 Mb~29.42 Mb(中央値8.77 Mb)だった。欠失サイズによって、6 Mb以下を“小欠失”、6~15 Mbを“中欠失”、15 Mb以上を“大欠失”と分けたところ、小欠失は6例、中欠失は11例、大欠失は5例であった。単純欠失が17例、他領域重複合併が4例、複雑モザイクが2例だった。

b. 欠失サイズによる合併症頻度について

小欠失では、先天性心疾患が67%、骨格異常が33%、腎奇形、眼奇形や口唇口蓋裂はなく、身体合併症は少なかった。中欠失では心疾患91%、腎奇形26%、眼奇形18%、口唇口蓋裂45%、骨格異常

36%と増加し、大欠失では、心疾患100%、腎奇形80%、眼奇形60%、口唇口蓋裂40%、骨格異常60%とさらに高率であった。

c. 痙攣の合併について

痙攣は22例中21例に認めた。痙攣初発年齢は1ヶ月~30ヶ月(中央値9ヶ月)で、痙攣重積は70%が経験していた。難治性痙攣が6例、経過による改善・消失が14例にみられた。治療薬剤はバルプロ酸が11例と最も多かった。また、臭化カリウム(カルシウム)を投与されていた4例では、全例痙攣が改善していた。

本研究での症例と文献上の症例における痙攣の有無と4番染色体の欠失範囲の対応関係の調査からは、必ずしもLETM1遺伝子領域の欠失と痙攣が一致せず、LEMT1遺伝子より遠位(4p端部から0.76~1.3 Mb)領域が新たな痙攣発症の責任領域である可能性が示唆された。その領域に含まれる痙攣発症関連の候補遺伝子としては、CTBP1やCPLX1が想定された。

D. 考察

診断未定多発奇形・発達遅滞例の発生頻度の推定のため、埼玉県という比較的人口の多い県(人口約700万人;年間出生数約6万人)の第三次小児医療施設である埼玉県立小児医療センターにおける直近の平成23年度1年間の遺伝科初診の統計を参考として集計した。その結果、診断不明(MR/MCA)例が66例(19%)であった。このうち、全県下からの当センターへの紹介率が際立って高いダウン症を除いた247例中のMR/MCAの占める割合は27%であった。これはいまだ臨床診断あるいは遺伝学的原因診断がなし得ていない患児が多く存在することを示している。

一方、確定診断のための遺伝学的検査の施行実績を同様に埼玉県立小児医療センター遺伝監査室の1年間の実績から検討したところ、染色体検査(FISHを含む)、PCR・ダイレクトシーケンスによる遺伝子検査、MLPAによる全サブテロメア解析と遺伝子内エキソン単位の欠失・重複解析、MS-MLPAによるインプリンティング疾患解析、マイクロアレイ解析と多様な解析法を必要に応じて

選択して施行しており、その異常検出率はおおむね10-30%程度であった。

先天異常症候群のほとんどは稀少疾患である。それゆえに、診断された患者家族の不安と孤独は深いものとなる。先天異常症候群の診断と健康管理のためのフォローアップは医療機関で行われる。その医療機関で開催される集団外来は、上記の不安と孤独をもつ患者家族の心理的支援として大変有益と思われる。また新たに、疾患横断的な集団外来にも取り組んだ。疾患は異なっても、共通した心配点をもつことは稀ではない。症状が類似する疾患同士、あるいは共通したテーマを設定しての集団外来は、きわめて稀少な疾患の集団外来開催の実現、また効率のよい情報提供と家族間での意見交換に役立つ一つの方法と考えられた。

WHS における全国 8 施設からの 22 例についてのマイクロアレイ解析による欠失範囲と臨床症との関連について検討した結果、特に痙攣の責任領域については、従来考えられていた LETM1 領域単独での欠失はなく、CTBP1 あるいは CPLX1 領域までを含んだ欠失の場合に、特にリスク高い可能性が示唆され、注意深いフォローアップが必要と考えられる。そういった症例には痙攣発症の早期から臭化物投与開始の検討が適当と考えられる。

E. 結論

1) 診断未定多発奇形・発達遅滞例の発生頻度の推定、2) 診断未定多発奇形・発達遅滞例の遺伝学的検査実態評価、3) 患児・家族支援としての集団外来の推進、4) マイクロアレイ解析に基づいた WHS の遺伝型-表現型検討、を行った。遺伝学的解析技術には著しい進歩があるが、小児医療において診断未定多発奇形・発達遅滞例はいまだ数多く存在する。効率のよい診断アルゴリズムの開発によって診断率の向上をはかり、診断後の自然歴情報に基づくよりよい健康管理を目指すことが重要である。

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

1. 論文発表

1. Miyake N, Koshimizu E, Okamoto N, Mizuno S, Ogata T, Nagai T, Kosho T, Ohashi H, Kato M, Sasaki G, Mabe H, Watanabe Y, Yoshino M, Matsuishi T, Takanashi J, Shotelersuk V, Tekin M, Ochi N, Kubota M, Ito N, Ihara K, Hara T, Tonoki H, Ohta T, Saito K, Matsuo M, Urano M, Enokizono T, Sato A, Tanaka H, Ogawa A, Fujita T, Hiraki Y, Kitanaka S, Matsubara Y, Makita T, Taguri M, Nakashima M, Tsurusaki Y, Saito H, Yoshiura K, Matsumoto N, Niikawa N. MLL2 and KDM6A mutations in patients with Kabuki syndrome. *Am J Med Genet A*. 2013 161:2234-43.
2. Aoki Y, Niihori T, Banjo T, Okamoto N, Mizuno S, Kurosawa K, Ogata T, Takada F, Yano M, Ando T, Hoshika T, Barnett C, Ohashi H, Kawame H, Hasegawa T, Okutani T, Nagashima T, Hasegawa S, Funayama R, Nagashima T, Nakayama K, Inoue S, Watanabe Y, Ogura T, Matsubara Y. Gain-of-function mutations in RIT1 cause Noonan syndrome, a RAS/MAPK pathway syndrome. *Am J Hum Genet*. 2013 93:173-80
3. Takahashi M, Ohashi H. Craniofacial and dental malformations in Costello syndrome: A detailed evaluation using multi-detector row computed tomography. *Congenit Anom*. 2013 53:67-72
4. Kosho T, Okamoto N, Ohashi H, Tsurusaki Y, Imai Y, Hibi-Ko Y, Kawame H, Homma T, Tanabe S, Kato M, Hiraki Y, Yamagata T, Yano S, Sakazume S, Ishii T, Nagai T, Ohta T, Niikawa N, Mizuno S, Kaname T, Naritomi K, Narumi Y, Wakui K, Fukushima Y, Miyatake S, Mizuguchi T, Saito H, Miyake N, Matsumoto N. Clinical correlations of mutations affecting six

components of the SWI/SNF complex:
detailed description of 21 patients and a
review of the literature. Am J Med Genet A.
2013 161:1221-37

5. Fujii K, Ohashi H, Suzuki M, Hatsuse H, Shiohama T, Uchikawa H, Miyashita T. Frameshift mutation in the PTCH2 gene can cause nevoid basal cell carcinoma syndrome. Fam Cancer. 12:611-4, 2013
6. Nishimoto H, Mochizuki H, Iida M, Ohashi H. Patient with terminal 9 Mb deletion of chromosome 9p: Refining the critical region for 9p monosomy syndrome with trigonocephaly. Congenit Anom 53: 49-53, 2013
7. Iijima K, Someya T, Ito S, Nozu K, Nakanishi K, Matsuoka K, Ohashi H, Nagata M, Kamei K, Sasaki S. Focal segmental glomerulosclerosis in patients with complete deletion of one WT1 allele. Pediatrics 129: e1621-5, 2012

2. 学会発表

なし

H. 知的財産権の出願・登録状況

なし。

1. 特許取得

なし。

2. 実用新案登録

なし。

3. その他

特になし。

表1. 平成24年度開催 先天異常症候群 日付順開催状況とアンケート結果										
日付	疾患名	参加人数	家族数	他県より 家族数	他県より 総人数	アンケート				アンケート 回収率
						とてもよ かった	よかった	どちらで もない	あまり よくな かった	
2012/6/12	ウィリアムス症候群	65	24	9	20	13	4			70.83%
2012/6/19	18q-リング18症候群	21	8	1	2	7				87.50%
2012/7/10	2q-症候群	6	2	0	0	1				50.00%
2012/7/31	2回コフィンシリシス症候群	15	7	0	0	3	3			85.71%
2012/8/21	ラッセルシルバー症候群	15	6	1	2	1	1			33.33%
2012/8/28	ヤコブセン症候群(11q-症候群)	9	3	0	0	2				66.67%
2012/9/11	コストロ症候群	13	6	0	0	3	3			100.00%
2012/9/18	ソトス症候群	28	15	3	3	10	3			86.67%
2012/10/16	22q11欠失症候群	61	30	3	4	19	9			93.33%
2012/10/19	WAGR症候群	12	7	1	2	3	2	1		71.43%
2012/11/13	コルネリアデランゲ症候群	25	10	1	6	2	2			40.00%
2012/11/20	モザイクDS	23	8	0	0	2	2			50.00%
2012/12/11	カブキ症候群	29	17	8	14	6				35.29%
2012/12/18	ブラダーウィリー症候群	49	25	17	7	未	未			
	2012年開催回数 14回									
	2012年合計	371	168	44	60	72	29	1		
	2012年平均	26.50	12.00	3.14	4.29	71.0%	28.0%	1.0%		66.98%

表2. 2013年度開催 先天異常症候群集団外来開催状況

日付	疾患名	テーマ	家族数	参加人数	他県よりの家族 数	他県よりの総 人数
2013/4/30	18q-リング18症候群	疾患の自然歴と健康管理	6	11	1	2
2013/5/14	チャージ症候群	疾患の自然歴と健康管理	8	16	1	3
2013/6/4	5p-症候群	疾患の自然歴と健康管理	11	32	3	9
2013/6/11	コフィン・シリシス症候群	疾患の自然歴と健康管理	6	14	2	5
2013/8/6	瞼裂狭小症候群	疾患の自然歴と健康管理	4	12	0	0
2013/7/2	ヤコブセン症候群	疾患の自然歴と健康管理	5	12	1	2
2013/8/27	ソトス症候群	疾患の自然歴と健康管理	17	52	2	7
2013/9/3	22q11欠失症候群	疾患の自然歴と健康管理	17	35	2	6
2013/9/10	ルビンシュタイン・タイビ症候群	疾患の自然歴と健康管理	6	13	0	0
2013/10/8	ピット・ホプキンス症候群 モワット・ウィルソン症候群	疾患の自然歴と健康管理	5	13	2	5
2013/10/29	ヌーナン症候群	疾患の自然歴と健康管理	19	38	3	7
2013/11/5	疾患横断的研修会	就学について	16	31	5	11
2013/11/12	カブキ症候群	先輩のお母さんの話	17	32	11	22
2013/12/3	ウィリアムス症候群	作業療法的発達特性	27	60	10	23
2013/12/17	ブラダー・ウィリー症候群	カレーバイキング	17	36	4	13

2013年開催回数 15回

2013年合計	181	407	47	115
2013年平均	12	27	3	8

マイクロアレイ解析による先天異常症候群の臨床研究

研究分担者 岡本伸彦
大阪府立母子保健総合医療センター 遺伝診療科

研究要旨

マイクロアレイ染色体検査では G 分染法で同定されない微細な染色体異常症が多数診断可能となった。新規微細欠失（重複）症候群も発見されている。先天異常症候群の正確な診断と科学的な病態の解釈は、合併症など経過を予測する上でも重要である。患者をフォローする中で、蓄積した自然歴情報を生かすことにつながる。遺伝形式がわかれば、正確な遺伝カウンセリングが可能になる。平成 24 年度はマイクロアレイ染色体検査の最近の実施例から、メンデル遺伝病の責任遺伝子を含む領域を欠失し、その遺伝病に加えて付加的な症状を呈した症例を報告した。平成 25 年度は新しい先天異常症候群である Pitt-Hopkins 症候群についてマイクロアレイや遺伝子解析を用いて検討を行った。

共同研究者

川戸和美、山本悠斗、松田圭子、三島祐子
（大阪府立母子保健総合医療センター遺伝診療科）
山本俊至
（東京女子医科大学統合医科学研究所）

A. 研究目的

研究分担者が勤務する大阪府立母子保健総合医療センターで診療を行った多発先天異常・発達遅滞症例で、通常の染色体検査で異常を認めなかった症例に対してマイクロアレイ染色体検査を行った。具体的な事例を通じてマイクロアレイ染色体検査の有用性を検討することが本研究の目的である。

B. 研究方法

精神運動発達遅滞や多発先天異常を有し、通常の染色体検査（G 分染法、FISH 法など）で異常を認めなかった症例。マイクロアレイ解析は共同研究者の東京女子医科大学統合医科学研究所などにおいて実施した。解析にあたっては遺伝カウンセリングを実施し、書面で親に意思確認を行った。結果の説明にあたっては遺伝カウンセリングを実施した。

C. 研究結果

マイクロアレイにて病的意義があると判断されるコピー数の変化を認めた、メンデル遺伝病の責任遺伝子を含む欠失が判明した 5 症例を提示する。

（症例 1）2p24.3 欠失による Feingold 症候群
多発先天異常、重度精神運動発達遅滞例において、マイクロアレイ解析により、*MYCN* を含む 2p24.3 の欠失を認めたため、Feingold 症候群と診断した。
Feingold 症候群は小頭症、指趾奇形、食道閉鎖ないし十二指腸閉鎖、精神遅滞を主要症状とする。常染色体優性遺伝性疾患である。

本例は消化管の先天異常はなかったが、*MYCN* を含む 2p24.3 の欠失を認めたので、Feingold 症候群と診断し、発達遅滞の原因を同定することができた。

（症例 2）15q14 欠失による Legius 症候群
精神運動発達遅滞、ヌーナン症候群様所見、体幹部にカフェオーレ斑の例で、染色体 15q14 に *SPRED 1* 遺伝子を含む微細欠失を認めた。
SPRED1 遺伝子は RAS-MAPK 経路に関わる遺伝子で、ヌーナン症候群や神経線維腫症類縁疾患のひとつである、Legius 症候群 (neurofibromatosis type 1-like syndrome) の責任遺伝子である。本例も臨床所見とあわせ、Legius 症候群と診断した。

（症例 3）2q24 微細欠失による *SCN1A* 欠失
前頭縫合早期癒合、精神運動発達遅滞、乳児期発症のてんかん症例において、*SCN1A*（電位依存性ナトリウムチャンネル α サブユニット 1 型蛋白）遺伝子などを含む、染色体 2q24 の微細欠失を認めた *SCN1A* は乳児重症ミオクロニーてんかん (SME)、Dravet 症候群 [OMIM#607208] の責任遺伝子である。

(症例4) *TWIST1* 遺伝子欠失による Saethre-
Chotzen 症候群

重度精神運動発達遅滞、右冠状縫合早期癒合症において、Saethre-Chotzen 症候群が疑われ *TWIST1* 遺伝子解析が行われたが変異はなかった。欠失の可能性を考えてマイクロアレイ染色体検査を行った。*TWIST1* を含む 7p21.1-15.3 の欠失を認めた。

(症例5) *MITF* を含む 3p14 欠失による Waardenburg
syndrome type IIA

重度精神運動発達遅滞、先天性難聴、多発先天異常を認めたために欠失の可能性を考えてマイクロアレイ染色体検査を行った。その結果、*MITF*(microphthalmia-associated transcription factor) を含む 3p14 欠失を認めた。

平成25年度は、Pitt-Hopkins 症候群12例についてまとめた。本症候群は重度精神運動発達遅滞、狭い側頭部・落ちくぼんだ眼・肉付きのよい頬部・太い鼻梁・M字型の上口唇と厚い下口唇を伴う大きな口・よく発達した下顎など特徴的顔貌、無呼吸を伴う間欠的過呼吸、出生後の小頭症、近視・斜視・乱視などの眼科異常、便秘、てんかん、協調運動障害、手の常同運動などを主要症状とする先天異常症候群である。MRI では脳梁低形成や脳室拡大を認める。2007年に責任遺伝子が18番染色体に座位する transcription factor 4 (TCF4) であることが判明した。その後、症候群としての認識が深まり、症例報告が増えている。大阪府立母子保健総合医療センター遺伝診療科において、12例(1~16歳)の Pitt-Hopkins 症候群で遺伝子解析に関与した。これらの症例を臨床的に検討し、国内例の特徴を調べた。PTHS の認識が高まり、今後の研究が発展することが期待される。

D. 考察

症例1から5はメンデル遺伝病の責任遺伝子を欠失し、ハプロ不全による発症を認めた。

マイクロアレイ染色体検査の実施により、児の病態を客観的に説明することが可能であった。5例とも染色体中間部欠失であり、発症は突然変異と考えられた。性腺モザイクなどの特殊な例外を除けば、同胞の罹患の可能性は非常に低いということになる。これは同胞の罹患の可能性について説明を行う際、重要な所見である。

ある症候群を疑ったが遺伝子診断で変異がなかった場合は、微細欠失を考えてマイクロアレイ染色体検査を行う必要がある。マイクロアレイ異常例では主要な責任遺伝子以外の近傍の遺伝子も同時に欠失するため、他の異常を合併したり、精神運動発達遅滞が重度になる傾向がある。

Pitt-Hopkins 症候群は最近までほとんど認知されていなかったが、12例が確定診断できた。マイクロアレイで欠失を認めた例もあった。

Pitt-Hopkins 症候群では、Walen の診断基準(と Marangi らの診断基準とが存在する。平成25年度の研究対象例でも多くの症例が診断基準に適合した。臨床的に Pitt-Hopkins 症候群を強く疑ったが、*TCF4* 遺伝子変異のない症例も数例存在した。マイクロアレイ染色体検査でも欠失はなく、染色体レベルの異常は否定された。両親と合わせてトリオで次世代シーケンサーによる解析を行い、一部の症例で病的な変異を同定しつつある。

E. まとめ

平成24年度研究ではマイクロアレイ染色体検査でメンデル遺伝病の責任遺伝子を含む領域を欠失した5例を報告した。

あるメンデル遺伝病を疑って遺伝子解析をしても異常がなかった場合はマイクロアレイ染色体検査が有効である。欠失範囲に含まれる遺伝子を検討することにより、今後注意すべき合併症がわかる場合もある。

平成25年度はPitt-Hopkins 症候群については、12例の特徴をまとめた。PTHS の認識が高まり、今後の研究が発展することが期待される。

マイクロアレイ染色体検査や候補遺伝子解析で異常を認めない症例においては次世代シーケンサーを用いた解析が次の段階の解析として必要と考えられる。

F. 健康危険情報

特になし

G. 研究発表

論文
別掲

H. 知的財産権の出願・登録

なし

先天多発奇形/知的障害（MCA/ID）患児を対象としたマイクロアレイスクリーニングの検討

研究分担者 水野誠司

愛知県心身障害者コロニー中央病院 臨床第一部長

研究要旨

多発奇形/精神遅滞を有する先天異常児の臨床において、疾患名の診断はその臨床経過と身体的所見から *Dysmorphology* の知識を利用して行う方法と、特定の領域に絞らず全ゲノム領域をを対象に遺伝学的変化を検出する俯瞰的検査法がある。マイクロアレイ染色体検査は近年一般病院においても導入されはじめ、臨床レベルでの利用が進んでいる。

今回研究分担者の所属する病院診療科に通院中の患者から、染色体 G バンド分染法と全サブテロメア FISH 解析でのスクリーニングを経て診断が未確定の先天多発奇形/精神遅滞 (MCA/MR) 患者 66 例を対象に、マイクロアレイ染色体検査 (限界感度約 150Kb) を順次施行し、10 名のコピー数異常を診断した。10 例中 5 例は過去に報告があり症候群として OMIM に登録されている染色体微細異常症候群であったが、3 例について過去に症例報告が文献検索で該当、2 例は現在欠失領域との関連を検討中である。先天多発奇形/精神遅滞 (MCA/MR) の一般診療において、染色体 G 分染法及び全サブテロメア FISH 解析で異常の検出できない症例の約 15% にマイクロアレイ解析で異常を検出し、マイクロアレイによる先天異常症の原因検索スクリーニングの有用性は高いと考えられた。

研究協力者

黒澤健司 (神奈川県立こども医療センター 遺伝科)

A. 研究目的

原因の特定できない多発奇形/精神遅滞を有する先天異常児の臨床において、その病因的疾患名の診断はその臨床経過と身体的所見から *Dysmorphology* の知識を利用して行う方法と、特定の領域に絞らず全ゲノム領域をを対象に遺伝学的変化を検出する俯瞰的検査法を併用する。マイクロアレイ染色体検査は染色体 G バンド分染法に次ぐ俯瞰的検査方法として近年一般病院においても導入されはじめ、臨床レベルでの利用が進んでいる。

今回我々は当該医療施設に通院中の患児を対象に、染色体 G バンド分染法と全サブテロメア FISH 解析でのスクリーニングを経て診断が未確定の先天多発奇形/精神遅滞 (MCA/MR) 患者を抽出し、マイクロアレイ染色体検査を施行し、有意な結果が得られた症例についてその臨床症状と解析

結果について記載し検討する。

B. 研究方法

- 1) 先天多発奇形/精神遅滞 (MCA/MR) 症例を抽出する。いずれも染色体 G バンド分染法及び全サブテロメア FISH 解析で異常が検出されていない症例を抽出対象とした。
- 2) 該当した診断未定の MCA/MR 患児を対象に、保護者の同意を得られた症例に対して、マイクロアレイ解析 (アジレント社 Array-CGH (Human Genome CGH Microarray 60A Kit, Agilent と Technologies, Santa Clara, CA)) を施行する。
- 3) 異常所見を呈した患児についてその臨床所見を提示し、OMIM データベース及び過去の症例報告と比較検討する。

C. 研究結果

診断未特定の複数の大奇形または小奇形をもなう患者は 122 名。過去 3 年以内に通院歴がある症例 114 例から家族の同意の得られた 66 名をマイクロアレイ解析の対象とした。

その結果 10 例に病因と考えるコピー数の異常を認めた。以下に症例の概容を記載する。

症例 1) T.Y. 5 歳男児。

臨床所見：小腸閉鎖、特徴的顔貌、精神遅滞、成長障害

アレイ結果 arr 17p11.2 (16,865,923 - 618,904,953) x 3

17p11.2 に約 2.0Mb の重複。FISH 解析にて 17p11.2 Smith-Magenis Syndrome 領域のシグナルの過剰を認めた。

診断：Potocki-Lupski 症候群

臨床経過

在胎 40 週、出生時体重 2710g、身長 49.4cm、頭囲 31.0cm で正常経膈分娩で出生。出生後の腹部膨満があり小腸閉鎖の診断で開腹手術を受ける。運動発達の遅れに生後半年頃に気づかれる。始歩は 20 ヶ月。

特徴的身体所見として、平坦な鼻根、内眼角贅皮、眼瞼裂斜下、斜視を認める。第 5 指短小はなし。循環器合併症なし。脂腺母斑あり。現在の身体計測値 SD は、身長-1.5SD、体重-2SD、頭囲-0.5SD。3 歳時の発達指数 61 (KIDS 乳幼児発達スケール)。やや多動傾向があり、他者の反応を楽しむ明るい性格特性がある。

症例 2) K.M. 4 歳女児 先天性心疾患、精神運動発達遅滞、難治性てんかん

arr17p13.2p13.1(4,387,305-7,352,329)×1

診断：17p13.1-p13.2 領域に 3.0Mb の欠失

在胎 40 週 0 日に近親婚のない健康な 24 歳の母と 26 歳の父から正常経膈分娩で出生。出生時体重 3424g、身長 52.5cm、頭囲 34.5cm の標準計測値。新生児期に心雑音を認め心房中隔欠損と動

脈管開存症を診断。筋緊張低下が強く運動発達の遅れを認める。2 歳半でつかまり立ち可。人見知りなく、言語理解言語表出無し。3 歳から脱力を伴うてんかん発作が始まり、この頃から自発運動が減少し退行を認める。視覚反応が減少し黄斑の低形成～無形成を認めた。

特徴的身体所見として、頭蓋骨早期癒合なし 幅広の口蓋垂 (+) 比較的小さな手足を認める。

脳画像は MRI で海馬萎縮。脳波異常を認め現在難治性痙攣の加療中。循環器合併症として心房中隔欠損 PDA を有する。眼科的合併症として豊内斜視。

過去に同部位の欠失例の報告が無く、現在の臨床症状との関連を検討中である。

症例 3) O.M. 3 歳女児。口唇口蓋裂、先天性心疾患、出生前後の成長障害、眼瞼裂狭小眼瞼下垂

アレイ結果：arr 16p13.3 (1,206,922 - 6,552,944) x 3

診断：16p13.3 重複症候群 (OMIM613458)

在胎 37 週で出生。出生時体重 1682g、身長 41.5cm、頭囲 29cm、36 歳の母と 35 歳の父から出生。出生前に口唇口蓋裂と先天性心疾患を診断、出生後新生児期に口唇裂と粘膜下口蓋裂、難聴、臍ヘルニア、外反足を診断される。ファロー四徴症を 1 歳 1 ヶ月時に根治術。

出生時から眼瞼裂狭小が認められ、開眼時も瞳孔を覆う眼瞼下垂を伴うため、1 歳 3 ヶ月時に眼瞼挙上術を受けた。主な身体所見

3 歳児の計測値 (SD) : 身長-2.6SD、体重-1.6SD、頭囲-3.2SD。

特徴的所見としてカールした毛髪、眼瞼裂狭小、眼瞼下垂、薄い眉毛、内眼角贅皮、眼間開離。耳介：耳介変形 (対耳輪上脚の欠損、耳介低位)。口唇裂、口蓋裂、巨舌。四肢：肘関節の拘縮 短い母指、母指の近位付着、第 5 指内彎短小。精神運動発達：

3 歳時で寝返り可、はいはい不可、坐位不可。有