

難病領域におけるゲノム解析及び その活用のための基盤整備について

日本医療研究開発機構 (AMED)
戦略推進部 難病研究課
古澤 嘉彦

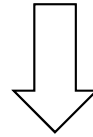
ゲノム医療によって難病を克服するために

難病克服プロジェクト

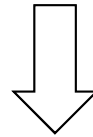
病気自体が稀な
患者さん



診断さえつけることが
困難な患者さん



診断がつけるのが困難な症例の
臨床・ゲノム情報の共有化による
診断確定



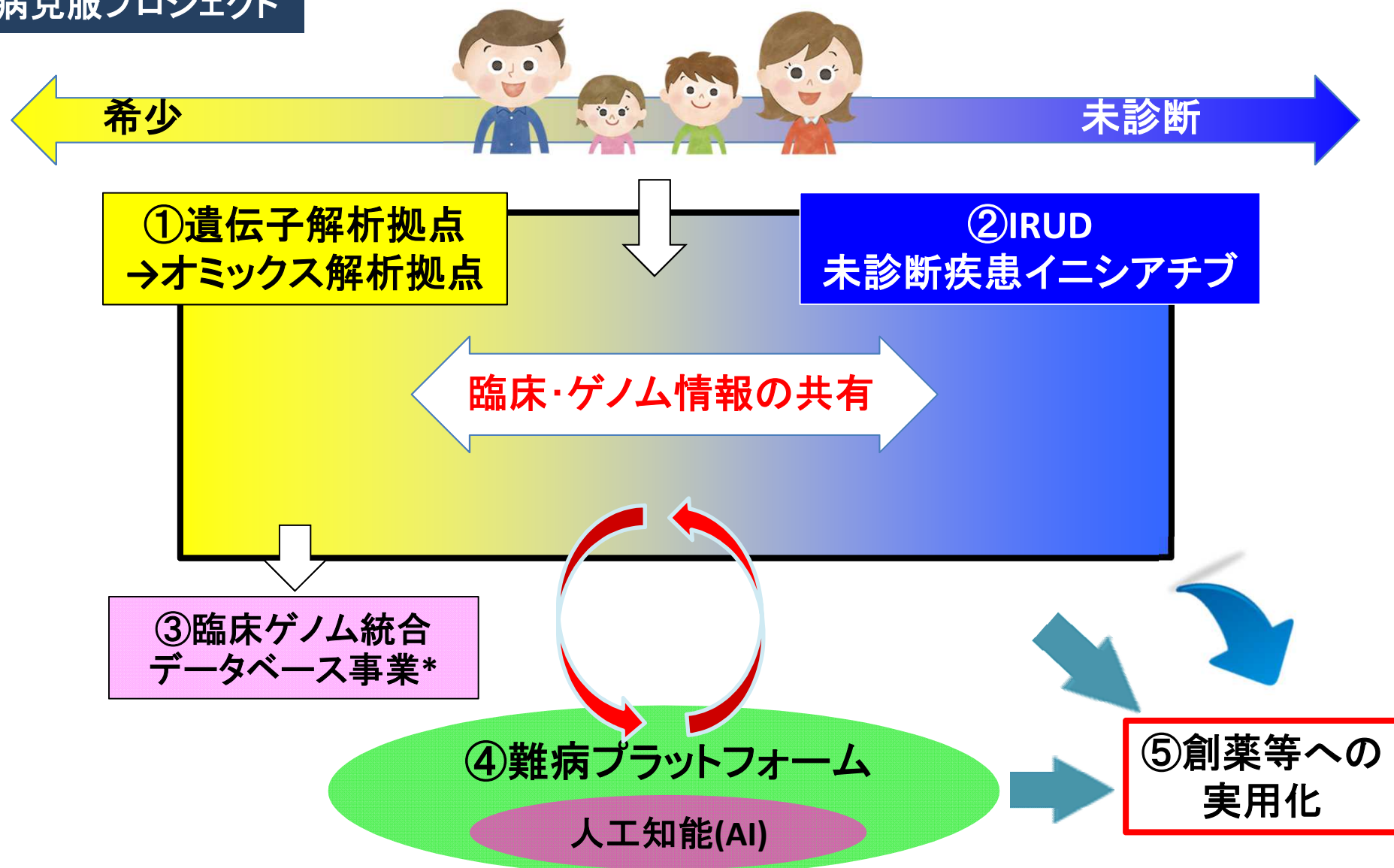
新たな診断法・治療法の開発

難病のゲノム医療においては、まずはしっかりと診断をつけること、その成果を診断法や治療法の開発に結びつけることが重要。

AMEDが支援している難病のゲノム研究



難病克服プロジェクト



①遺伝子解析拠点

疾患群毎の集中的な遺伝子解析及び原因究明に関する研究

2014年度～2016年度

臨床

研究

遺伝子拠点

他の難病研究

解析結果の臨床
現場への還元

新規原因遺伝子/
変異の発見

遺伝子拠点の研究成
果を利用した診断法検
討・創薬シーズの発見

難病患者・主治医

難病患者
検体提供

NGS等による遺伝学的解析

新規治療法等の実用化

遺伝子解析拠点

研究開発代表者名

横浜市立大学

松本直通先生

東京大学

辻省次先生

京都大学

松田文彦先生

大阪大学

高島 成二先生

国立精神・神経医療研究センター

西野一三先生

国立成育医療研究センター

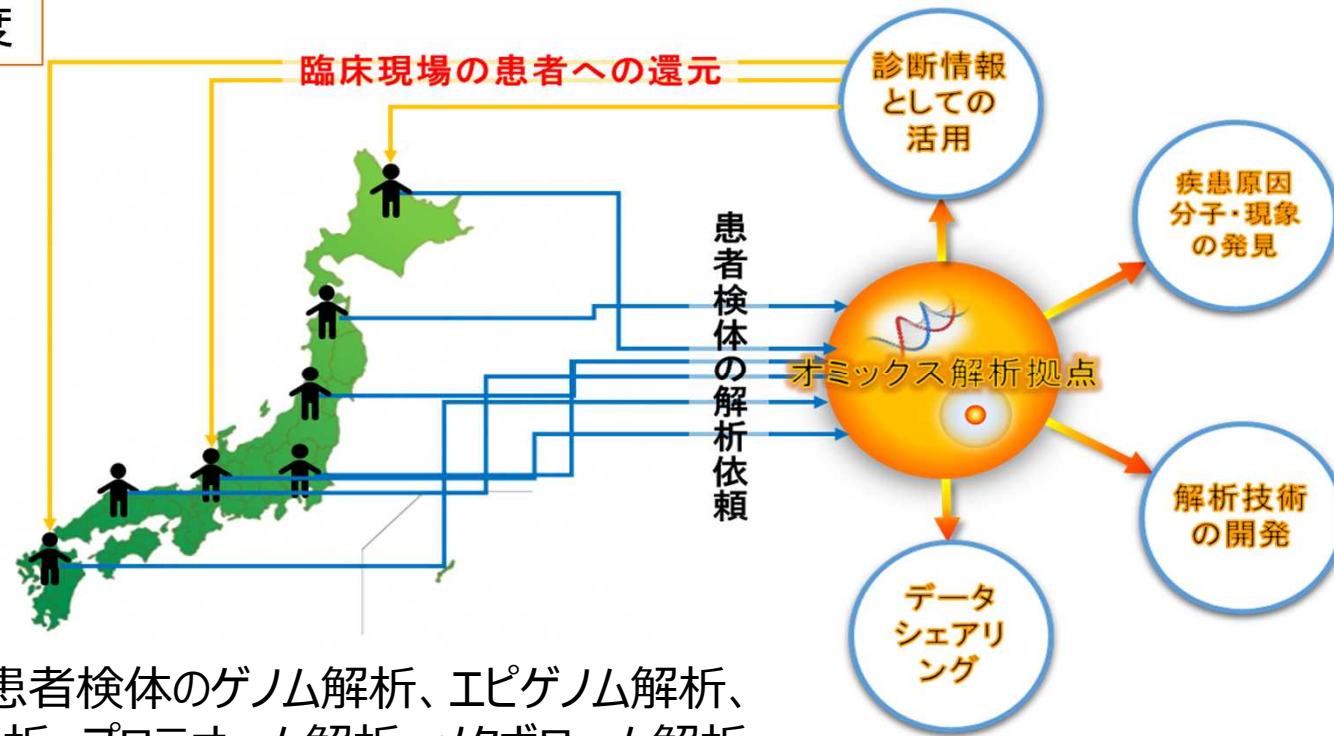
松原洋一先生

様々な疾患領域の難病に関する遺伝学的解析を行い、診断等の解析結果を臨床現場へ還元する。また研究として新規原因遺伝子の同定などを目指す。

①オミックス解析拠点

オミックス解析を通じて希少難治性疾患の医療に貢献する基盤研究

2017年度～2019年度



希少難治性疾患の患者検体のゲノム解析、エピゲノム解析、トランスクリプトーム解析、プロテオーム解析、メタボローム解析、エピゲノム解析、グライコーム解析等「**オミックス解析**」を請け負う

新規採択課題予定数 : 0～8課題
研究期間 : 2017年度～2019年度

より幅広く解析を行う
オミックス解析拠点が
2017年度より開始。
難病の診断および分子
機序の解明を目指す。

①遺伝子解析拠点の研究課題



研究班:横浜市立大学 松本 直通 先生

対象疾患:希少遺伝性疾患

1. 難病の網羅的遺伝子解析拠点:
第I期(2011-2013)、第II期(2014-2017)を務め
**1万サンプルのエクソーム解析(I期3490+II期6548)と
33種類のヒト遺伝性疾患を世界で初めて同定し論文化**
2. 数多くの疾患の**遺伝子診断**を施行

難病(特に希少遺伝性疾患)に対して、数多くの遺伝学的解析を行い、診断結果を臨床現場へ還元している。また、難病の原因解明に寄与する多くの原因遺伝子の同定を行い、発表してきている。

①遺伝子解析拠点 研究成果

2016年9月23日

プレスリリース

小児期早期発症神経変性脳症の責任遺伝子を明らかにしました—本疾患における微小管コファクターTBCD遺伝子変異の同定—

公立大学法人横浜市立大学

国立研究開発法人日本医療研究開発機構

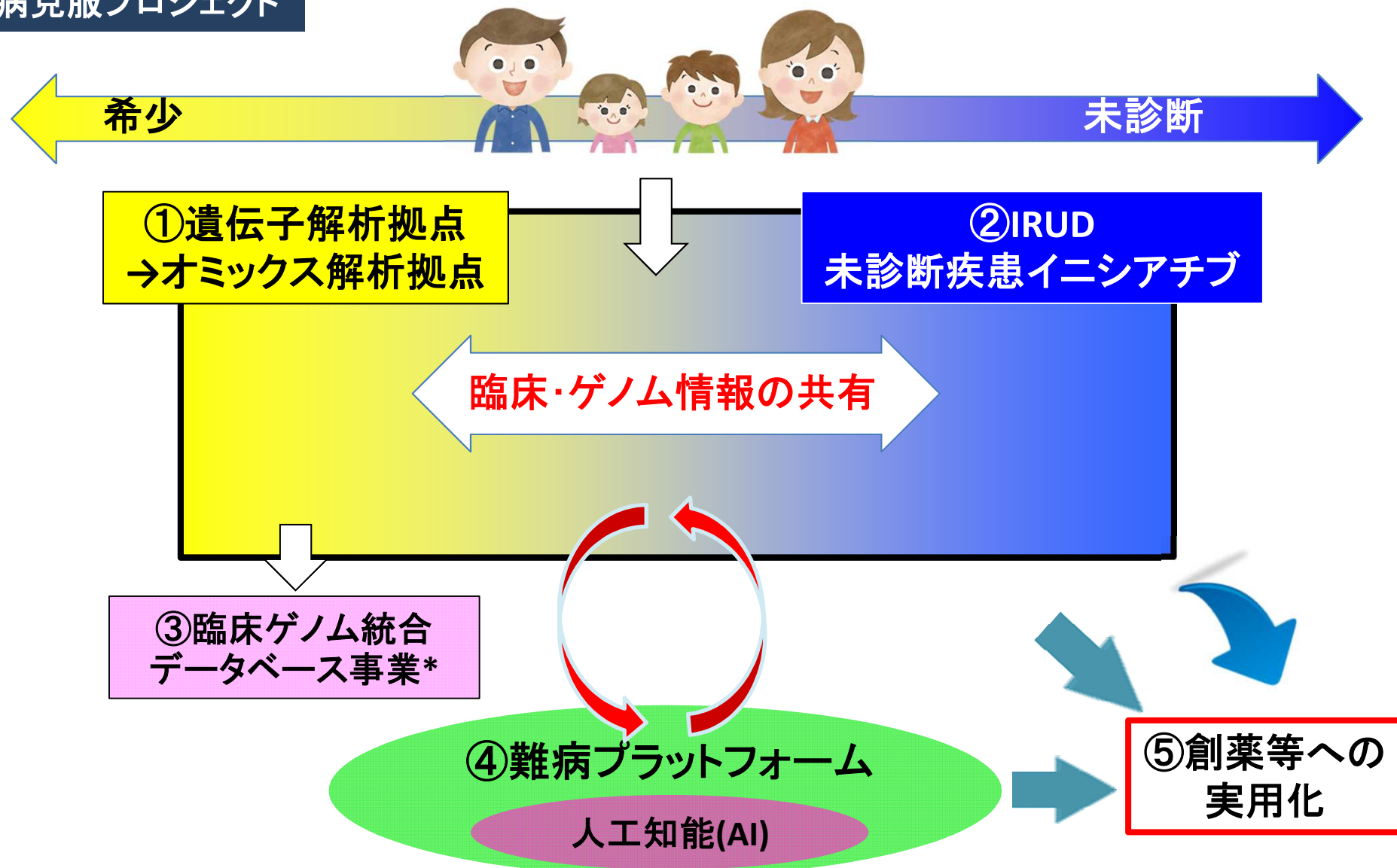
横浜市立大学 学術院医学群 三宅紀子准教授、松本直通教授（遺伝学教室）らは、小児期早期発症の神経変性脳症の責任遺伝子を解明しました。この研究は、東京大学・三浦正幸教授、広島大学・千原崇裕教授、新潟大学・柿田明美教授、清水宏助教、長野県立こども病院・奥野（湯口）慈雨医師、笛木昇医師、小木曾嘉文医師、独協医科大学小児科・鈴木宏准教授、今高城治准教授、渡部功之助教、Hospital Kuala Lumpur・Huey Yin Leong 医師、Tel Aviv Sourasky Medical Center・Aviva Fattal-Valevski教授、Uri Kramer教授らとの共同研究による成果です。

原因遺伝子の同定は、疾患の病態を解明し、治療法を開発するための第一歩として極めて重要。

AMEDが支援している難病のゲノム研究



難病克服プロジェクト



②IRUD (未診断疾患イニシアチブ)

Initiative on Rare and Undiagnosed Diseases

希少 (Rare)・未診断 (Undiagnosed) 疾患患者に対して,

包括的診断体制の全国配置

次世代シーケンサーを含めた革新的検査の利活用

国際連携可能な臨床情報データベースの確立

による診断確定を目指すAMEDの基幹研究プロジェクト

IRUDは、十分な検査が行われたにもかかわらず、臨床的に診断がついていない(診断名や疾患領域がしぼれない)患者へ診断を提供する。

未診断疾患患者に関する実態調査

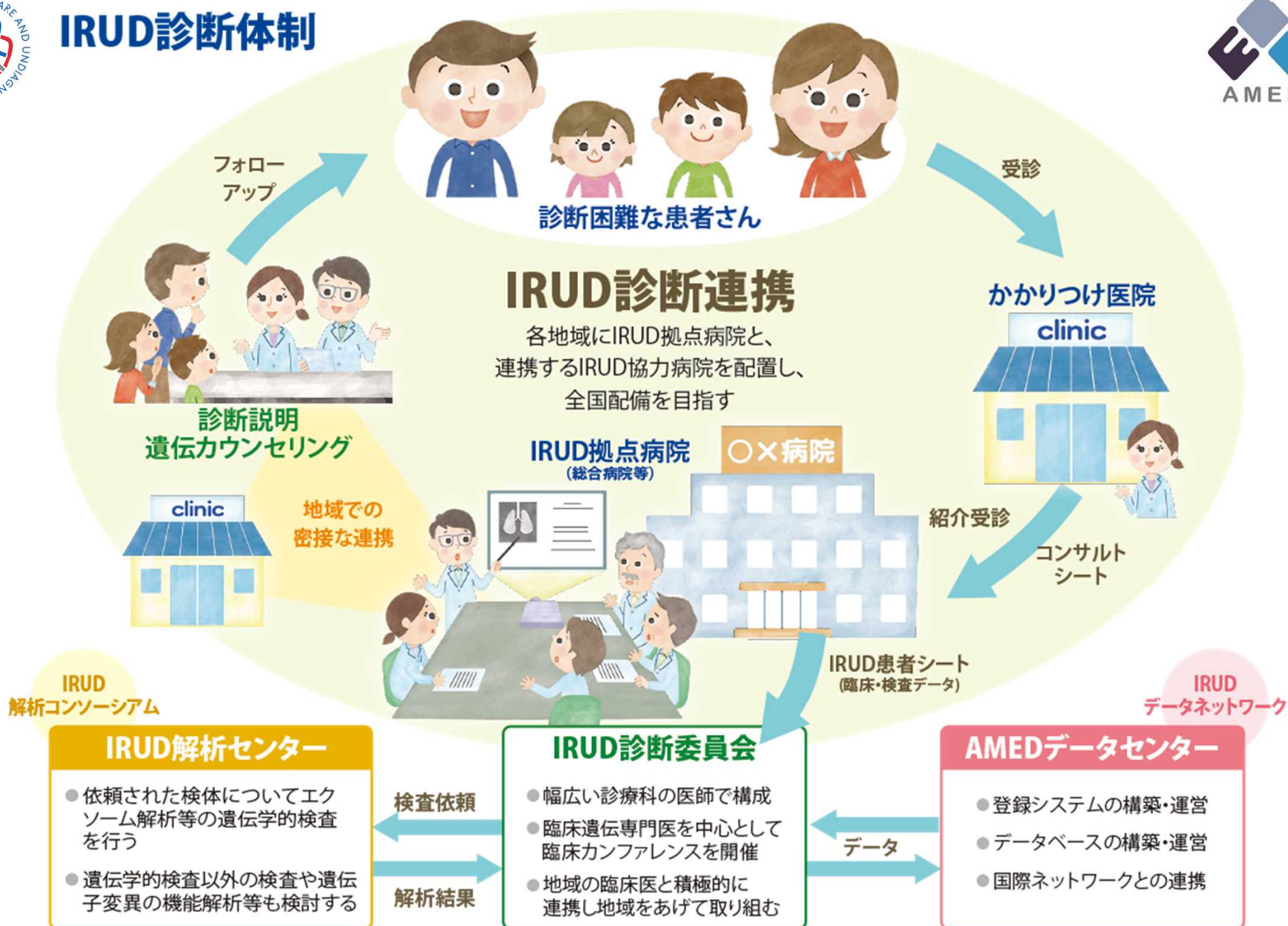
— IRUDに紹介したいと思う患者数（全国に拡大・推計）—

- 調査目的：IRUDの研究体制構築の基礎資料として、未診断疾患患者の診療状況を把握する。
- 2015年度実施調査：調査会社のパネル医師（300名/首都圏、近畿圏）— 大学病院の回収数が低かった。
- 2016年度実施調査：国立大学、私立大学附属病院医師（各診療科の標準的/平均的な医師）
 - 国立大学附属病院長会議、日本私立医科大学協会に協力依頼し、合計 841名の回答を得た。

	施設数	小児科・小児外科		その他診療科	
		医師数	IRUDに紹介したいと思う患者数	医師数	IRUDに紹介したいと思う患者数
国立大学病院	45	558	1,217	9,847	3,495
私立大学病院	82	989	790	17,429	3,509
公立大学病院	10	134	187	2,473	658
上記以外の病院		9,192	1,064	155,907	18,133
クリニック		6,677	263	95,207	2,337
合計(推計)		17,550	3,521	280,863	28,132

小児、成人の診療科ともに、IRUDへ紹介したい患者が一定数存在する

IRUD診断体制



IRUDで対象とする患者の基準（適応基準）

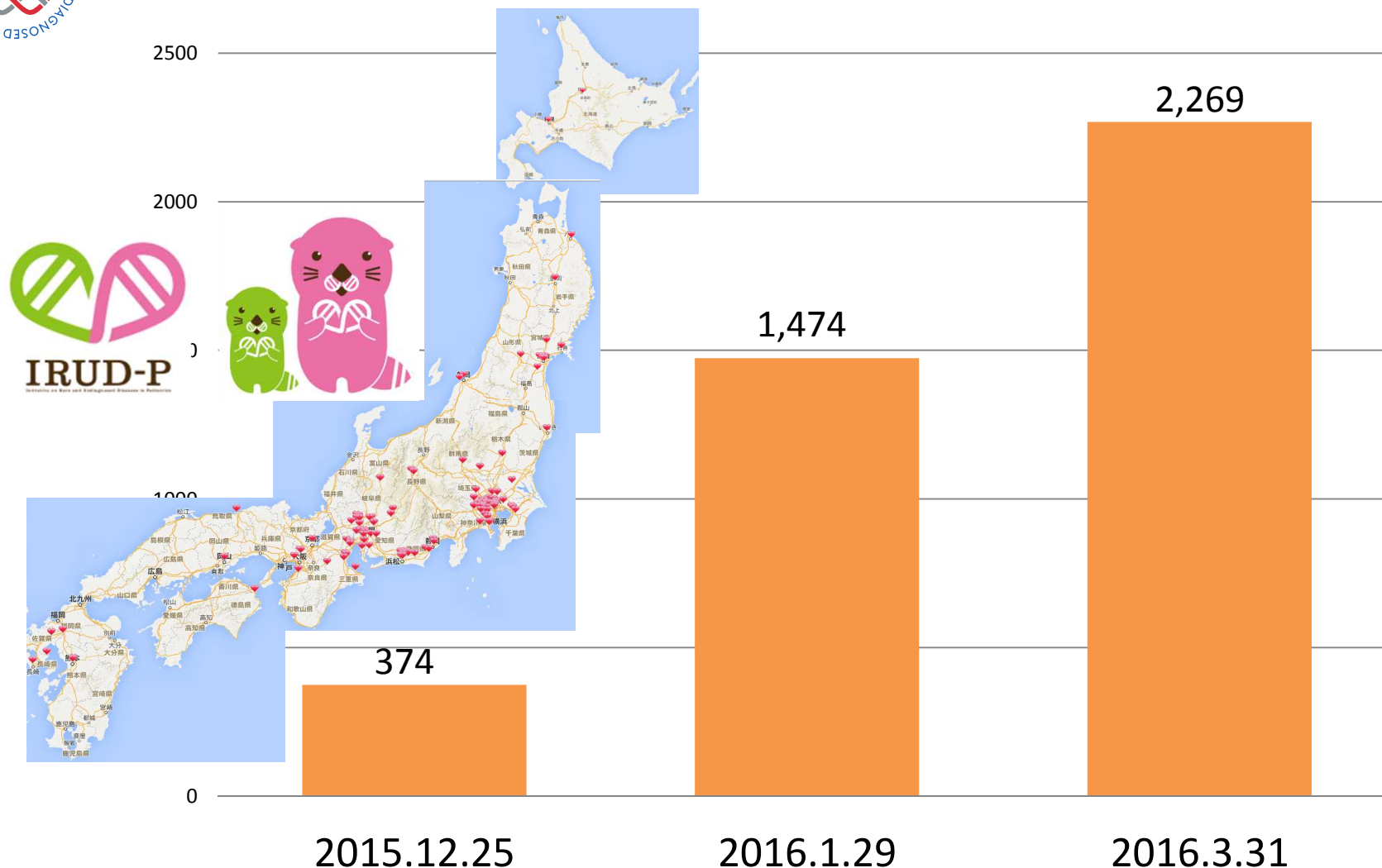
1. **2つ以上の臓器**にまたがり、一元的に説明できない他覚的所見を有すること。
2. なんらかの**遺伝子異常**が疑われる病状であること
（血縁者、兄弟に同じような病状を認められる場合を含む。）

上記**1または2**を満たし、**6ヶ月以上**にわたって（乳幼児は除く）持続し、生活に支障のある症状があり、診断がついていない状態。

IRUD体制整備状況

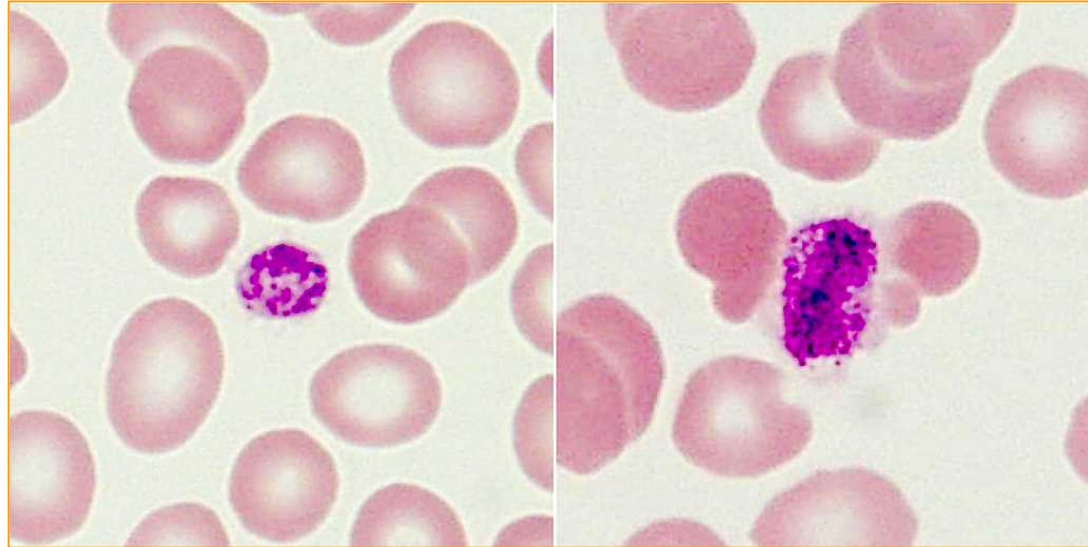
	小児 国立成育医療研究センター 松原洋一先生	成人 国立精神・神経医療研究センター 水澤英洋先生
IRUD 解析センター	NCCHD、慶應、横浜市、東北	横浜市、慶應、東北
AMED データセンター	IRUD Exchangeによるデータシェア	
IRUD 拠点病院	16施設 北大、東北、NCCHD、NCNP、 慶應、東大、 都立小児、神奈川こども、北 里、信州、浜松、名大、阪大、 大阪母子保健、 長崎、琉球	16施設 札医、東北、NCNP、 慶應、東大、 東京医科歯科、千葉、 横浜市、新潟、信州、 浜松、国循、京大、 阪大、鳥取、熊本
IRUD協力病院	小児、成人合わせて170施設程度	

小児IRUD: 解析依頼数(累計)



小児IRUDではすでに多数の依頼があり、解析をすすめている。
診断率は30%前後であり、診断結果を臨床現場へ還元している。

新規原因遺伝子 *CDC42* を同定



新しい疾患概念の確立 (Takenouchi-Kosaki症候群)

#616737

Takenouchi et al. *Am J Med Genet*, 2015

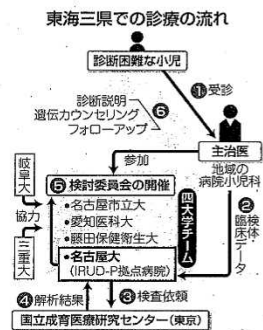
TAKENOUCHI-KOSAKI SYNDROME; TKS

Alternative titles; symbols

MACROTHROMBOCYTOPENIA AND MENTAL RETARDATION SYNDROME

未診断疾患の解析を通じて、
新たな疾患概念を確立し、国際
的に新規疾患として認定された。

名古屋大など愛知の4大学医学部



IRUD-P 全国規模で未診断疾患、希少難病の子どもたちの診断を確定し、病歴の解明を促進する。次世代シーケンサーを用いて、患者と家族の全遺伝子を読み取り、原因を探る。解析方法の検討会や地域連携の進め方は、各拠点病院に任せられている。欧米では、未診断疾患の解析を促す「発症障害」の研究や、さまざまな疾患の先進治療、新薬開発をめざす「アムズ」が活発。日本も、日本医療研究開発機構（AMED）の重要事業に位置付けている。成人のプロジェクト（IRUD-A）も、今年から始まっている。

解析結果基に症例検討

[illegible]

データについて話し合った4
大学チームの検討会（名古屋
市昭和区の名古屋大病院で

[illegible]

診断困難な小児疾患連携

原因や治療の進め方が分からない「児疫学」を、最新の遺伝子解析技術で「解明する国」のプロジェクト「小児希少・未診断疾患ネットワーク」(IRODUE)が昨年七月にスタートした。これを受けて愛知県内では、名古屋、名古屋市立、愛知医科、藤田保健衛生の四大学医学部の小児科が「愛知未診断疾患プロジェクト」を設立。患者や家族を支えるネットワークの構築を目指している。

(編集委員・安藤明夫)

一日夜、名大で開かれたプロジェクトチームの初会合。東海三県（愛知、岐阜、三重）から集まった二十人が疑視する資料には、原因などが分かっていない疾患に苦しむ小児と両親の顔ば（約55歳）ずつ四人とその両親への遺伝子検査が記されている。

の血液」と臨床データを全国の中心拠点・国立成育医療研究センター（東京）に送り、解析を依頼していた。資料のデータは、それに対する初めての回答。大量の遺伝子情報解析ができる最新機器の次世代シーケンサーで四組の親子の全遺伝子を分析し、見つかった遺伝子異常だ。

それぞれの主治医も交え、症例の検討が行われた。見つ



小児科、内科を含め多施設から30名以上参加

各拠点病院で設置された診断委員会にて、複数の診療科のスタッフが臨床情報や遺伝学的情報をもとに総合的に診断を検討している。

2016年6月7日 中日新聞より

IRUD Exchange: 臨床・ゲノム情報の共有

skumagai:00000005
Sadahiro Kumagai

Clinical Data

- Summary
- Timeline
- Demographics
- Practitioners
- Clinical records**
- Diagnoses
- Imaging
- Tests
- Genomic features

Clinical Records + Add a Clinical Record

CLINICAL_CONSULTATION In Phenotype Profile Annotation Sufficiency ★★★★★

Jul 29, 2016 in 9 hours Start annotating Edit Delete

The neurological examination of the patient has revealed muscle weakness in the arms, legs, hands, and feet, decreased muscle bulk, reduced tendon reflexes, and sensory loss. The patient also exhibited foot deformities (high arches), hammertoes, inverted heel, flat feet and gait disturbance. No scoliosis or hip dysplasia found. Kyphosis was present.

Sensory impairment (sensory loss) Gait disturbance (gait disturbance)
Decreased muscle mass (decreased muscle bulk) Reduced tendon reflexes (reduced tendon reflexes)
No Hip dysplasia (hip dysplasia) Kyphosis (Kyphosis) Abnormality of the foot (foot deformities)
Hammertoe (hammertoes) Pes planus (flat feet) No Scoliosis (scoliosis)
Muscle weakness (muscle weakness) +

Phenotype Profile

Annotation Sufficiency ★★★★★

Abnormality of limbs
Abnormality of the foot Hammertoe
Pes planus

Abnormality of the musculature
Decreased muscle mass Muscle weakness

Abnormality of the nervous system
Sensory impairment Gait disturbance
Reduced tendon reflexes

Abnormality of the skeletal system
Kyphosis Hammertoe No Hip dysplasia
No Scoliosis

①症状を入力(日本語をgoogle翻訳してもある程度正確にマッピング可)

②自動的にHPO (Human Phenotype Ontology) にマッピングされる

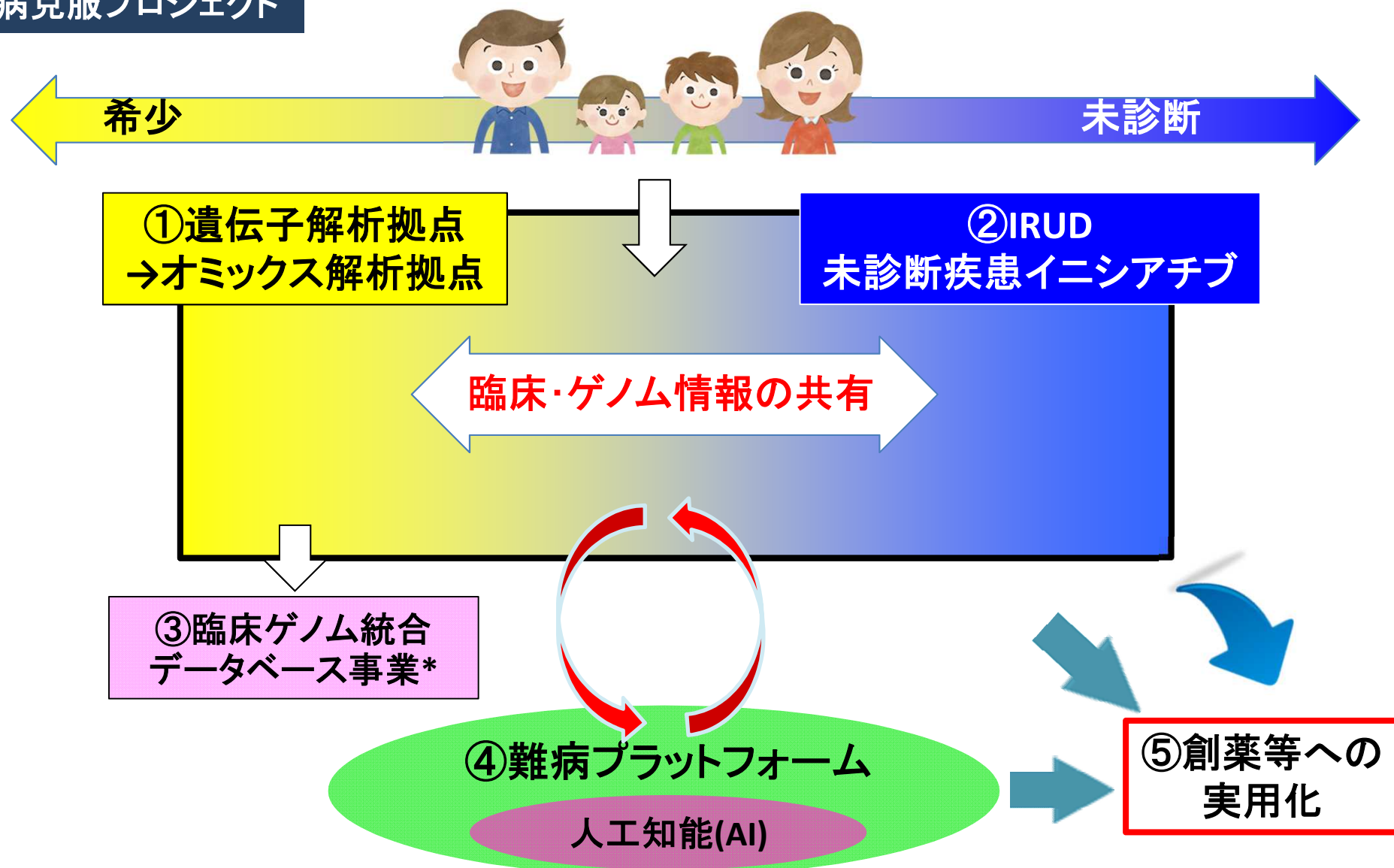
③さらに、自動的にHPOがカテゴライズされる。

IRUD Exchangeというデータインフラを用いて、各研究者がもつ情報を共有することで、個別では診断がつかなかった症例の診断が可能となりえる。

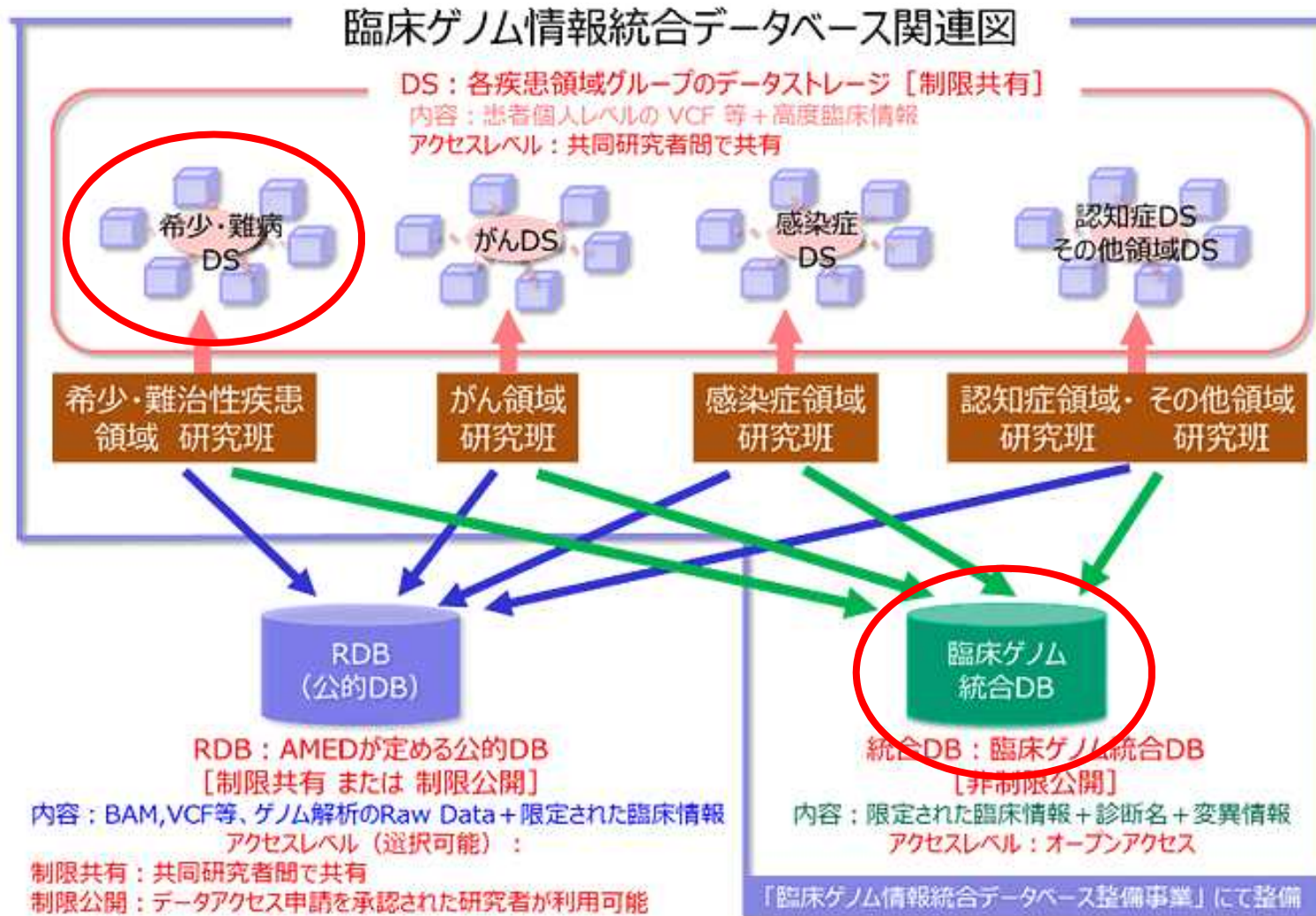
AMEDが支援している難病のゲノム研究



難病克服プロジェクト



③臨床ゲノム情報統合データベース事業

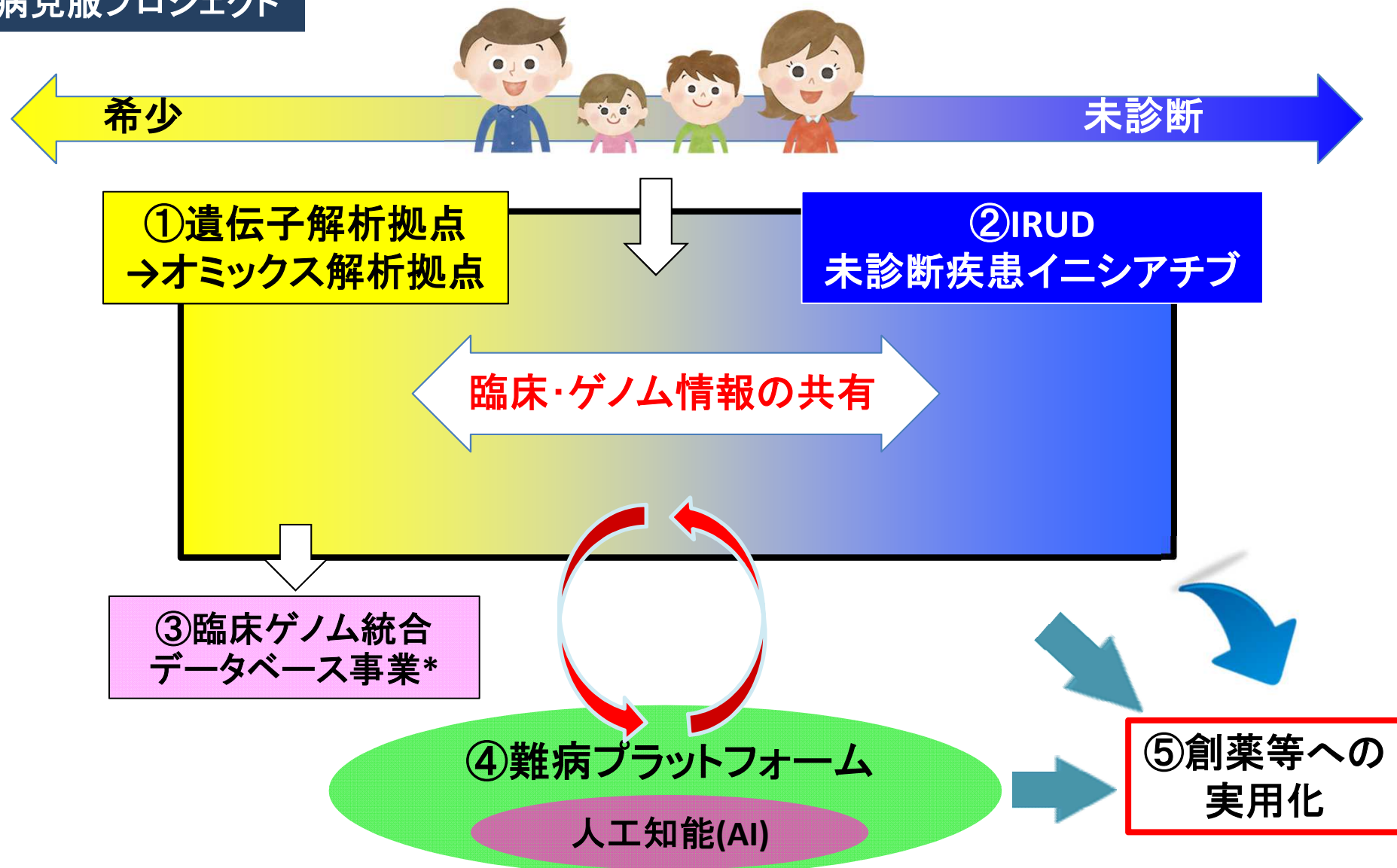


変異データベースは遺伝学的診断を行うためには極めて重要である。本事業では、各疾患領域から共有された臨床およびゲノム情報を集約し、本邦における**変異データベースの構築**を行うことを目的としている。

AMEDが支援している難病のゲノム研究



難病克服プロジェクト

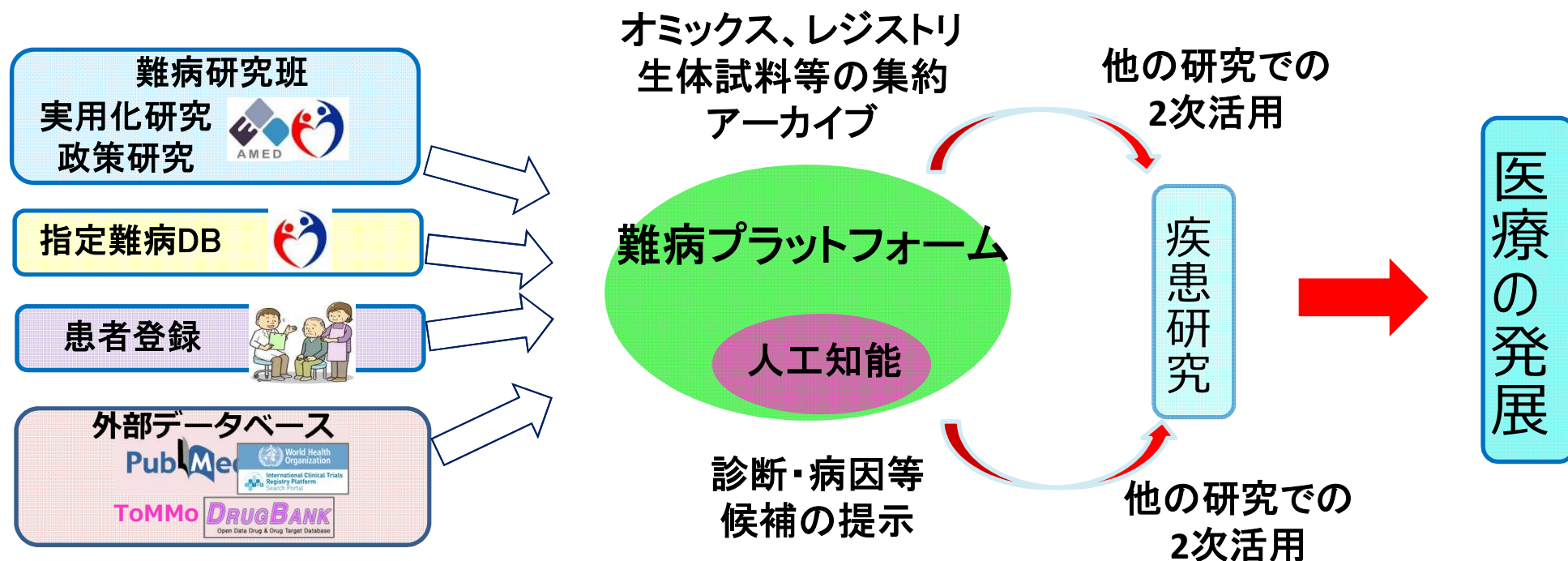


④難病プラットフォーム(難治性疾患実用化研究事業)



難病情報基盤を構築する研究

希少難治性疾患・未診断疾患の研究及び医療の発展に資する情報基盤構築研究



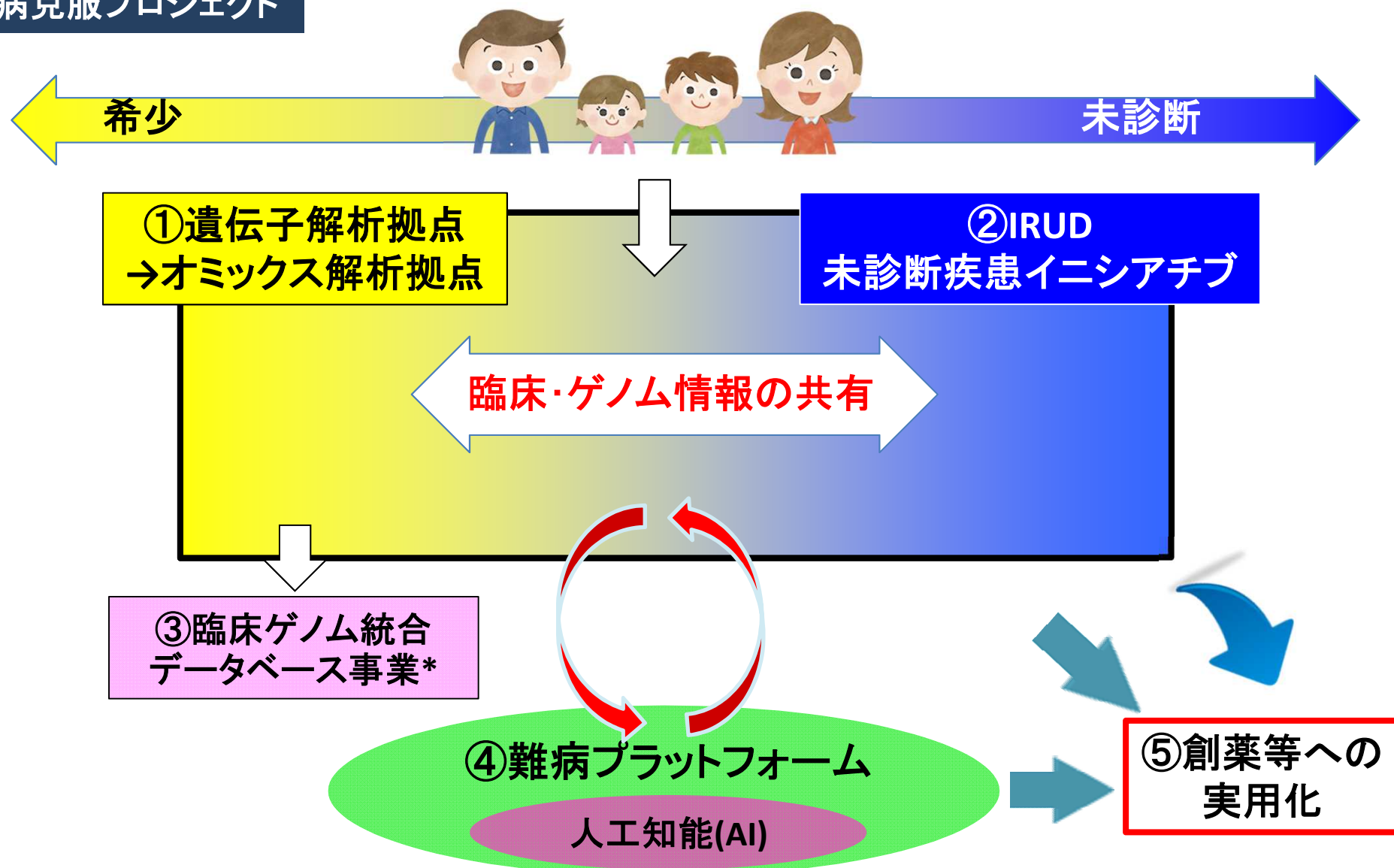
難病研究班等で得られた様々な情報を集約、一元管理し、他の研究で二次活用できる基盤(プラットフォーム)の構築を目指す。

難病研究や難病行政データベースを横串でつなげる研究基盤

AMEDが支援している難病のゲノム研究



難病克服プロジェクト



⑤創薬等への実用化 成果例

研究開発課題名難治性てんかんを呈する希少疾患群の遺伝要因と分子病態の解明に関する研究

昭和大学医学部小児科学講座 講師 加藤光広

Somatic Mutations in the *MTOR* Gene Cause Focal Cortical Dysplasia Type IIb

Objective: Focal cortical dysplasia (FCD) type IIb is a cortical malformation characterized by cortical architectural abnormalities, dysmorphic neurons, and balloon cells. It has been suggested that FCDs are caused by somatic mutations in cells in the developing brain. Here, we explore the possible involvement of somatic mutations in FCD type IIb.

Methods: We collected a total of 24 blood-brain paired samples with FCD, including 13 individuals with FCD type IIb, 5 with type IIa, and 6 with type I. We performed whole-exome sequencing using paired samples from 9 of the FCD type IIb subjects. Somatic *MTOR* mutations were identified and further investigated using all 24 paired samples by deep sequencing of the entire gene's coding region. Somatic *MTOR* mutations were confirmed by droplet digital polymerase chain reaction. The effect of *MTOR* mutations on mammalian target of rapamycin (mTOR) kinase signaling was evaluated by immunohistochemistry and Western blotting analyses of brain samples and by *in vitro* transfection experiments.

Results: We identified four lesion-specific somatic *MTOR* mutations in 6 of 13 (46%) individuals with FCD type IIb showing mutant allele rates of 1.11% to 9.31%. Functional analyses showed that phosphorylation of ribosomal protein S6 in FCD type IIb brain tissues with *MTOR* mutations was clearly elevated, compared to control samples. Transfection of any of the four *MTOR* mutants into HEK293T cells led to elevated phosphorylation of 4EBP, the direct target of mTOR kinase.

Interpretation: We found low-prevalence somatic mutations in *MTOR* in FCD type IIb, indicating that activating somatic mutations in *MTOR* cause FCD type IIb.

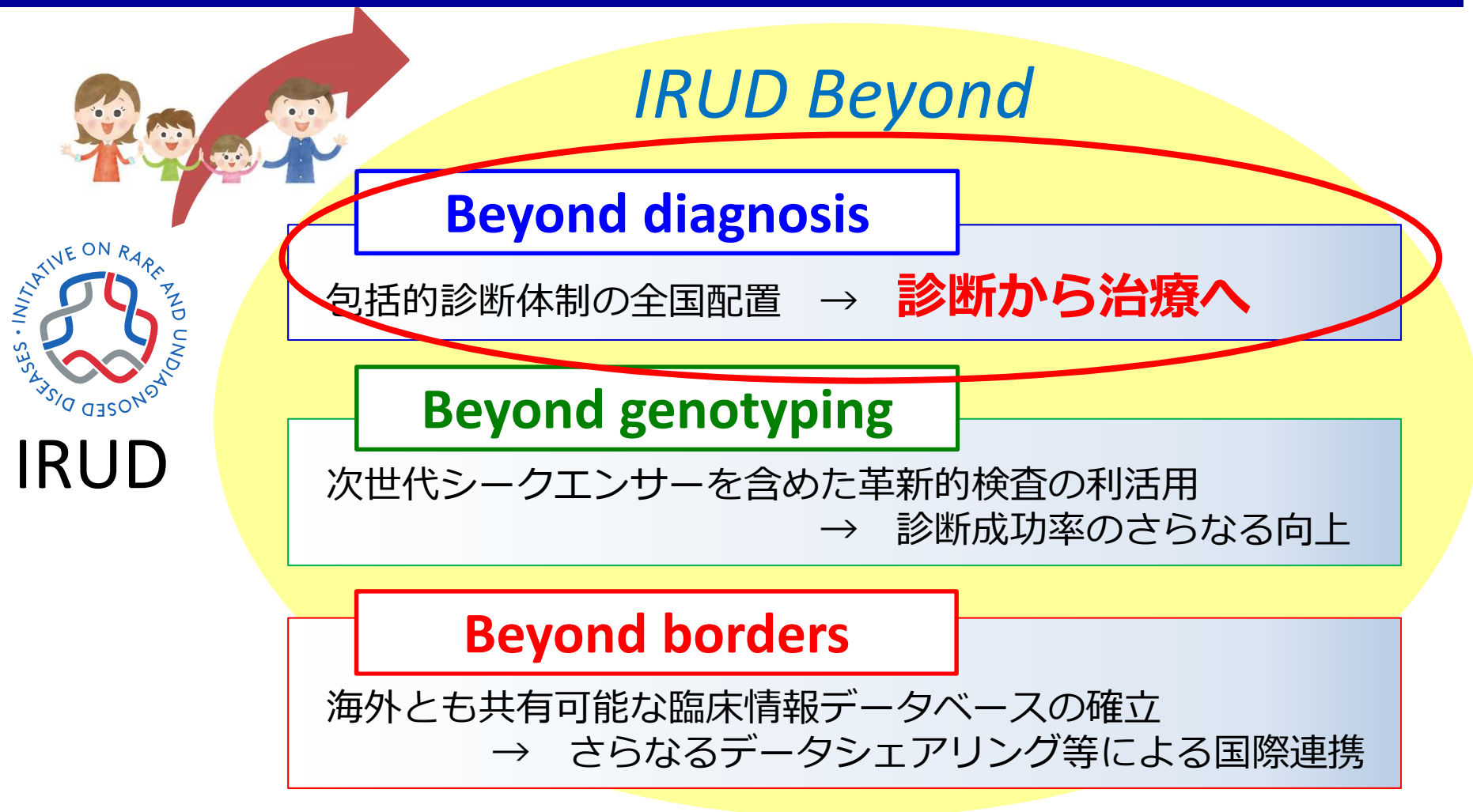
ANN NEUROL 2015;00:000-000

mTOR遺伝子の変異が限局性皮質異形成の原因となりえることを明らかにした。mTOR阻害剤を用いた治療法開発の可能性が期待される。

→ゲノム研究の成果を治療法開発へ

⑤創薬等への実用化

未診断疾患イニシアチブの成果を発展させる研究 (IRUD Beyond)



IRUDをはじめとする難病のゲノム研究で得られた成果を、**創薬等の実用化へ結びつける**研究を2017年度はさらに推進する。

まとめ

- ・難治性疾患実用化研究事業および臨床ゲノム情報統合データベースで難病領域の遺伝学的解析を行う体制整備が進んでおり、原因遺伝子の同定などの成果が見いだされている。
- ・IRUD Exchange等を通じたデータシェアや、本邦における変異データベースを構築する体制整備も進んできている。
- ・今後はゲノム研究を創薬等の実用化へ発展させる研究のさらなる推進が必要である。