



Title	QT延長症候群における責任遺伝子複合変異は小児期の心イベントを増加させる [全文の要約]
Author(s)	泉, 岳
Citation	北海道大学. 博士(医学) 甲第11200号
Issue Date	2014-03-25
Doc URL	http://hdl.handle.net/2115/55692
Type	theses (doctoral - abstract of entire text)
Note	この博士論文全文の閲覧方法については、以下のサイトをご参照ください。 配架番号：2072
Note(URL)	https://www.lib.hokudai.ac.jp/dissertations/copy-guides/
File Information	Gaku_Izumi_summary.pdf



[Instructions for use](#)

学位論文（要約）

QT 延長症候群における責任遺伝子複合変異は小児期の
心イベントを増加させる

(Compound mutations cause increased cardiac
events in children with Long QT syndrome)

2014年3月

北海道大学

泉 岳

【背景と目的】QT 延長症候群(LQT 症候群)は、心電図上 QT 時間の延長を認め、心室性不整脈により失神や突然死をきたす心疾患である。近年の分子遺伝学的解析により、心筋の電位依存性 K チャネルのサブユニットをコードする KCNQ1, KCNH2, KCNE1, KCNE2 と、Na チャネルのサブユニットをコードする SCN5A の遺伝子変異が順次同定されている。これらの頻度は KCNQ1 が 45%、KCNH2 が 35%、SCN5A が 10%とこの 3 遺伝子で LQT 症候群の 90%を占めている。それぞれの責任遺伝子により、致死性不整脈発生のメカニズムおよび発作誘因が異なるため、これらの責任遺伝子同定は実臨床の場面で治療方針選択にとって有用な情報となる。しかし、時に LQT 症候群責任遺伝子複合変異 (Compound mutation)が認められ、単一変異例 (Single mutation)と比較し QT 時間がより延長し、心イベントが多く、予後不良と報告されている。これらの Compound mutation 小児例が小児期から重篤な表現型をもっているのかということについては不明である。また、Compound mutation 例の表現型がより重篤である成因については未だ未解明である。

そこで本研究の目的は、

①Compound mutation 例は Single mutation 例よりも小児期においてより重篤であるのか明らかにすること。

②Compound mutation 例の重篤な表現型は変異部位がより重篤な例であることに起因するのか、あるいは Compound であることが起因しているのかを明らかにすること。

とした。

【対象と方法】

本研究では以下の 3 点について段階的に研究を行った。

①Schwartz の診断基準に従い、臨床的に LQT 症候群と診断され遺伝子変異が認められた小児例を対象とし、その表現型を single mutation 例と compound mutation 例で比較検討すること。

②アミノ酸配列において親水性、疎水性の別と種の保存という観点からその変異部位がどの程度表現型に影響しうるのかという表現型への関与予測をたてる web siteのうち、Sort Intolerant from Tolerant (SIFT)および Polymorphism Phenotype2 (Polyphen2)を利用し、まずは single mutation 例でこれらの関与予測が実際の表現型

を正しく予測しうるか否かを検討した。ただし、遺伝子変異が欠失、挿入、フレームシフトである場合には、これらの関与予測が不可能であるため除外例とした。また、表現型の追跡期間が一年未満である例も除外例とした。

③つぎに、**compound mutation** 例についても関与予測を行い、その重篤な表現型が変異部位から予測しうるのかどうか検討した。除外例は方法②と同様とした。

【結果】

① について、

東京女子医科大学心臓血管研究所で1998年4月から2012年6月までに臨床的にLQT症候群と確定診断された患者のうち、何らかの遺伝子変異を認めたのは148例のうち、小児例であって、表現型が追跡可能であった110例、変異総数123個を本研究の対象者とした。Single mutation(S群)は97例でLQT症候群の疫学的な型別頻度とほぼ同等の分布であった。Compound mutation例(C群)は13例であった。診断時年齢中央値、平均観察期間、失神出現時年齢中央はS群、C群でいずれも有意差を認めなかった。しかし、QTc時間中央値はS群で490 msec、C群で540 msecと有意にC群でQTc時間が延長していた。さらに5、10、15年後の無失神率はS群でそれぞれ91%、68%、43%であった。対してC群では46%、39%、25%であり、有意にC群が劣っていた。

5、10、15年後のICD回避率はS群でそれぞれ100%、100%、97%であった。対してC群では100%、89%、44%であり、有意にC群が劣っていた。

つぎにS群では20年間突然死例はなかったが、C群の生存率は5年、10年ともに77%であった。

また、これら123変異の中には、一塩基多型でないことが確認され、未報告の遺伝子編異例が多数含まれていた。

②について、

本研究対象者に対する2種のツールによる表現型への関与予測結果は、実際の表現型を概ね正しく予測し得ていたが、SIFTによるdamagingの予測とPolyphen2によるbenignの予測であった例で、実際の表現型を予測し得ていない例が含まれていた。そこで、あらたな試みとしてこれら2種の関与予測結果を集計し、連関予測を行った。

この連関予測において陽性的中率は61.5%であり、SIFTにおける57.6%、Polyphen2における64%と比較しても良好な予測結果であった。一方、陰性的中率は100%、SIFTは100%、Polyphen2は80%であった。実臨床で問題となる低い陰性的中率の

改善が得られたという点において2つのツールを連関させることでより妥当な予測を行いうることがわかった。

③について、

連関予測の組み合わせは重篤なものから軽症まで様々であったが、その表現型はICD例、突然死といった重症例をたたく予測し得ていなかった。

【考察】

これまでcompound mutation例はsingle mutationに対してQT時間がより延長し、心イベントが多いと報告されてきた。しかし、臨床的に最も重要なことはアミノ酸配列の中での詳細な変異部位が表現型にいかに関与しているかを簡便な方法で予測することである。原因遺伝子が異なれば発作誘発誘因や発作予防薬も異なるため、とりわけcompound mutation例については生活指導や薬物治療を考慮する際に原因遺伝子別の治療方針決定に苦慮する。SIFT、Polyphen2を用いて、LQT遺伝子変異例の表現型を予測しうるかという点について調査した。Single mutation例についてはこれら2種の関与予測ツールは有用であった。特に2種のツールを連関させた連関予測をたてることにより、より正確な予測を立てることが可能であることがわかった。しかしながら、小児期から非常に重篤な表現型を示すcompound mutation例についてはその表現型を予測し得なかった。このことは、compound mutation例の重篤な表現型が変異部位のアミノ酸配列保存性やタンパク立体構造上の親・疎水性の別といった観点のみからは説明し得ないことを意味している。

ただし、

- ・ 110例の各責任遺伝子の頻度がLQT症候群の疫学と同等であるとはいえ、対象人数が限られたものであること。
- ・ 関与予測を行う際に除外例があること。

以上2点が本研究の制限である。

【結論】

LQT症候群において小児期のcompound mutation例はsingle mutation例に比し、10歳までに失神を経験する例が多く、20歳までにICD植え込みを要する率が高い。また、死亡例も多く、5歳までの死亡率が極めて高い。LQT症候群Compound mutation例が小児期から重篤な表現型をもっている

という点は新知見である。これは、LQT 症候群の compound mutation 例に対して、既存の治療ガイドラインを再考すべき可能性を示している。さらに、single mutation 例については、実臨床において遺伝子変異が判明した際に、インターネット上で簡便に表現型の関与予測を行うことが可能であることを示した最初の報告である。一方、compound mutation 例についてはこれらの関与予測が不能であったことは、compound mutation 例の重篤な表現型が変異部位のみを原因としているのではなく、遺伝子変異が複合していることに起因している可能性を示した最初の報告である。また、これまでに未報告の変異を多数示している。