

平成 27 年度東北メディカル・メガバンク計画 成果報告書

研究開発代表者 (所属機関・氏名)	学校法人岩手医科大学いわて東北メディカル・メガバンク機構 機構長 祖父江 憲治
研究開発課題名	東北メディカル・メガバンク計画 (岩手医科大学)

1. 研究開発の目的

被災地における医療の再生と医療機関の復興に併せ、被災地を中心とした大規模ゲノムコホート研究を行うことにより、地域医療の復興に貢献するとともに、創薬研究や個別化医療等の次世代医療体制の構築を目指すことを主たる目的とする。

2. 研究開発の概要

被災地を中心とした地域住民の健康調査を実施し、結果回付等を通じて健康向上に取り組む。また、医療関係人材を被災地に派遣し、地域医療の復興に貢献する。併せて、地域医療情報基盤と連携しつつ、被災地を主な対象にしてゲノム情報を含む地域住民コホートと三世代コホートを形成する。さらに全国のゲノムコホート・バイオバンク研究機関と連携しながらバイオバンクを構築しつつゲノム情報等を解析する

3. 研究開発の成果 (平成 27 年度)

(1) 地域住民コホート調査

地域住民コホート調査では特定健診相乗り型 9,001 名、サテライト型 3272 名、計 12,273 名の参加者から調査参加への同意を得て調査を実施し、平成 25 年度からのリクルート累計が、事業目標の 30,000 人に到達した。

平成 25 年度及び平成 26 年度調査参加者 (約 20000 人) に対して郵送による追跡調査を実施した。

健康調査参加者へは、順次健康調査の結果を回付した。また参加者を対象とした結果説明会を 19 回開催し、調査参加者のうち 527 名に結果の説明と健康相談を実施した。また関係機関との連携を深め、今後の地域における健康づくりのあり方、進め方を検討する目的で、平成 28 年 2 月に対象市町村 (20 市町村)、岩手県及び健診機関等の関係者を集めて結果報告会を開催した。

(2) 医療関係人材の派遣

医療関係人材の派遣として、いわて東北メディカル・メガバンククリニカルフェローを沿岸県立病院に 3 名 (県立宮古病院 1 名、県立釜石病院 1 名、県立大船渡病院 1 名)、各々 1 年間、常勤と同様の勤務形態で派遣し、被災地の医療復興支援を行った。また、GMRC を派遣することで、健康調査を滞りなく実施し、コホート研究のリクルートをすることができた。

(3) 人材育成

GMRC 育成プログラムに基づき、講義・ロールプレイによる研修及び認定資格試験を行い、いわて東北メディカル・メガバンク機構 (IMM) の GMRC として 2 名を認定した。

地域の遺伝リテラシーの向上を目的に、IMM が実施した「いでん講習会」の資料を公開した。また

自動家系図作成ソフト f-tree の一般公開と提供を行い、臨床現場をはじめ、ゲノムコホート研究や教育現場のほか、一般社会における遺伝の正しい知識を普及するための基盤構築を進めることができた。

(4) 知財・雇用の創出

医学部臨床遺伝学科および知的財産本部リエゾンセンターと連携し、自動家系図作成ソフトである「f-tree」の商標（登録第 5777066 号）と同ソフトの「プログラム、情報処理装置及び情報処理方法」について特許出願（特願 2015-192113）、3 世代の家族および親族の医療情報を体系的に管理できる折りたたみ式の「問診票」について実用新案出願（実願 2016-001298）を行った。

また、「形質予測モデル作成方法および形質予測方法」について PCT 国際出願を行った。

(5) 遺伝情報回付の推進

遺伝情報回付の対象を家族性高コレステロール血症としたパイロット研究（東北大学との共同研究）の計画策定を行った

(6) 先天的疾患発症リスク予測法の確立

少数の多型を利用するのではなく、測定したゲノム多型の大部分を利用する疾患発症リスク予測法の検証を行うとともに、エピゲノム情報を利用した脳梗塞発症リスク予測モデルを構築し、DNAメチル化データから脳梗塞発症を予測可能であることを示した。

(7) 3層オミックスパネルの構築に向けた取り組み

102名の地域住民の血液から単球とCD4陽性Tリンパ球を単離し、世界初の100名規模での3層オミックス（ゲノム・エピゲノム・トランスクリプトーム）解析を行った。このデータを基準として、様々な疾患患者特有のエピゲノム異常の同定や、疾患の存在又は進行度を反映するバイオマーカーの同定の機序とすべく、データベース（iMethyl）を作成し公開した。

(8) オミックス情報の臨床活用のための解析基盤整備

ボランティア16人から採血した血液から末梢血単核球を分取し、市販の2種類のマイクロアレイと2種類のシーケンシング用キャプチャ試薬を用いて解析を行った。別途採血した血液から6種類の細胞種を分取するとともに細胞ごとのDNAメチル化状態を測定し、キャプチャ試薬を用いた全血のDNAメチル化解析の補正を行うプログラムを作成した。

(9) 多因子疾患発症予測法確立のための情報解析基盤整備

BBJ、JPHC、J-MICC、九州大学久山町コホートなど、国内の他コホートとの連携により構築したゲノム多型情報に基づいた脳梗塞発症リスクスコアを高血圧、心房細動、脂質異常症、糖尿病などの古典的な脳梗塞リスク因子との相関解析を行うプログラムを構築した。