

論文内容要旨

題目 Novel method utilizing bisulfite conversion with dual amplification-refractory mutation system polymerase chain reaction to detect circulating pancreatic β -cell cfDNA
(バイサルファイト変換と ARMS PCR を用いた膵 β 細胞傷害の新規定量法)

著者 Asami Okada, Misuzu Yamada-Yamashita, Yukari Tominaga, Kyoka Jo, Hiroyasu Mori, Reiko Suzuki, Masashi Ishizu, Motoyuki Tamaki, Yuko Akehi, Yuichi Takashi, Daisuke Koga, Eisuke Shimokita, Fuminori Tanihara, Kiyoie Kurahashi, Sumiko Yoshida, Yukari Mitsui, Shiho Masuda, Itsuro Endo, Ken-ichi Aihara, Shoji Kagami, Masahiro Abe, Kevin Ferreri, Yoshio Fujitani, Munehide Matsuhisa, Akio Kuroda
令和 4 年 4 月 9 日 Journal of Diabetes Investigation
巻・頁未定 doi:10.1111/jdi.13806.

内容要旨

1 型糖尿病では、自己免疫機序による膵 β 細胞破壊が月単位～年単位で進行し、膵 β 細胞量が健常時の約 20%以下に低下したときに高血糖に伴う症状が出現して発見されることが多く、インスリン補充療法が治療の基本となる。近年では、抗 CD3 抗体などの免疫抑制作用を持つ生物学的製剤を中心に、早期からの疾患の進展阻止をめざした治療法の開発研究が進められ、臨床応用が期待されている。そこで、1 型糖尿病の発症を早期に予測し、病態の進展を予防する介入を行うため、膵 β 細胞死を直接反映するバイオマーカーの開発が求められている。

近年では、デジタル PCR (Droplet Digital PCR : ddPCR) や次世代シークエンス (Next Generation Sequencing : NGS) を用いて、遊離 DNA 中のインスリン遺伝子の膵 β 細胞特異的 CpG 非メチル化を定量することにより膵 β 細胞傷害を定量評価する方法がいくつかの研究グループから報告されている。しかし、ddPCR では標的とする CpG サイトが 1～2 か所と少ないため特異度が十分でなくバックグラウンドシグナルを考慮する必要があり、NGS では特異度は高いが特殊なシーケンサーが必要で、出力データの読み取りが複雑であるという課題があった。

様式(8)

以上のことと踏まえ、通常のリアルタイムPCRを用いて計測可能な、膵 β 細胞傷害の新規定量法を開発した。

今回の研究では、バイサルファイト処理と Amplification Refractory Mutation System (ARMS) PCRを組み合わせた膵 β 細胞傷害の新規検出法を用いて、1型糖尿病患者における遊離DNA中の膵 β 細胞特異的インスリン遺伝子の非メチル化を定量し、その有用性を検証した。

1型糖尿病患者114名（年齢の中央値41.5歳、罹病期間の中央値8.3年）とボランティアの健常成人31名（年齢の中央値35.0歳）を対象とした。血清より遊離DNAを単離し、バイサルファイト処理を行い、すべての細胞由来のインスリンDNAを非特異的に増幅する nested PCRを行った後に、PCR産物に含まれるそれぞれ2か所のCpG配列をインスリン産生細胞のみで特異的に増幅する ARMSプライマーを用いたPCRを2回連続して行い、ターゲットとする4か所すべてのCpGが非メチル化状態である膵 β 細胞由来インスリンDNAのみを増幅した。得られたCt値より、非メチル化インスリンDNAコピー数を算出した。

得られた結果は以下のとくである。

- (1) 非メチル化コントロールDNAをヒト血液ゲノムに混合するスパイクインテストにて、本法は高い直線性を示した。また、本法にて非メチル化コントロールDNAを1コピーから検出することができ、高い感度を示した。
- (2) 1型糖尿病患者において、非メチル化インスリンDNAは約30%の患者で検出され、その陽性率及びコピー数は健常成人との間で有意差を認めなかった。
- (3) 非メチル化インスリンDNA陽性例においては、そのコピー数は罹病期間と逆相関した($P=0.015$)。

今回の研究では、1型糖尿病患者および健常成人において膵 β 細胞由来インスリンDNAを定量的に検出することができた。健常成人で膵 β 細胞由来インスリンDNAを検出したことは、本法が膵 β 細胞の生理的ターンオーバーを捉える感度を有する可能性が示された。発症後の1型糖尿病患者においては、残存膵 β 細胞量がごく僅かであるため陰性者が多かったが、罹病期間の短い一部の症例では残存膵 β 細胞に緩徐な破壊が続いている可能性が示唆され、本法を用いて1型糖尿病の病態を評価できる可能性が示された。