

糖尿病予防のための
個別化健康管理：産学官民連携アプローチ

岡山大学 薬剤部 臨床薬剤学研究室 副部長

はまの ひろふみ
濱野 裕章

糖尿病予防のための個別化健康管理：産学官民連携アプローチ

岡山大学学術研究院 医療開発領域 講師・副部長 濱野 裕章

【要旨】

本研究は、岡山県玉野市において、NTT プレシジョンメディシンが提供するゲノム解析ツール Genovision[®] を活用し、地域住民の糖尿病に関する遺伝的リスクを評価したうえで、個別化された健康支援を行い、行動変容を促進することを目的とした。2024 年度は、事業説明会を通じて参加希望者を募り、抽選で選ばれた 55 名に対して、特定健診、遺伝子解析、生活改善に関するフィードバック支援を実施した。支援内容は、健診結果と遺伝子情報に基づく個別面談や電話支援を中心とし、運動・食事・睡眠等の生活習慣改善を促す内容で構成した。HbA1c の経時的推移を指標として、行動支援の介入効果を観察し、遺伝的リスク群別に傾向を可視化した。本研究の成果は、生活習慣病の個別化予防戦略における遺伝子情報活用の有用性を検討するモデルケースとなり、将来的な地域医療政策や予防医学の実装に資する基盤情報を提供することが期待される。

1 調査・研究目的

2 型糖尿病は、慢性的な高血糖状態が続くことにより、脳卒中・心筋梗塞・腎不全・がんなど多岐にわたる病気の危険性を高める重大な病気である。日本国内では約 1,000 万人、世界中では 4 億人以上がこの病を患っていると推測され、世界的な医学的課題となっている (1)。2 型糖尿病は遺伝要因と環境要因によって引き起こされる多因子疾患であり、個々の遺伝要因の影響は小さいものの、複数の遺伝要因が組み合わさり、さらに環境要因が加わることで発症に至る (2,3)。これまでゲノムワイド関連解析 (GWAS) により、多くの 2 型糖尿病を引き起こす疾患感受性遺伝子領域が同定され、その情報は新たな疾患発症機序の解明、新規治療法の開発、個人のゲノム情報を用いた将来の疾患リスクの予測に応用されることが期待されている。GWAS で同定される遺伝子多型の 2 型糖尿病への影響は、オッズ比で 1.1 ~ 1.4 程度と比較的小さいが、これらが集積すると疾患リスクは顕著になるため、個々人の遺伝的背景を考慮した個別化医療の推進が不可欠である (4)。個別化医療は、個々の患者の遺伝的背景、ライフスタイル、環境因子などを総合的に評価し、最も効果的な治療プランを提供するアプローチである。個別化医療は、疾患の予防においても重要な役割を果たす。遺伝的リスクが高い個人に対しては、生活習慣の改善や早期の介入を通じて、疾患の発症を遅らせるか、防ぐことが可能となる。このように、個々

の遺伝的リスクを考慮に入れた予防戦略の実施は、2型糖尿病の発症率を低下させ、健康寿命の延伸に寄与することが期待される(5)。

本研究の目的は、遺伝子解析技術と定期健康診査を組み合わせることで、糖尿病発症リスクの早期特定と、行動変容支援による生活習慣病予防の有効性を検証することである。2型糖尿病は遺伝要因と環境要因が複雑に関与する多因子疾患であり、発症には個別のリスク要因を考慮した対応が求められる。そこで本研究では、NTT プレシジョンメディシンが提供する Genovision[®] により取得された53種類の疾患感受性遺伝子の多型データと、特定健康診査による生活習慣情報を統合し、対象者に個別化された行動支援を実施することで、糖尿病の予防・進行抑制効果を評価する。最終的には、地域規模での個別化医療モデルの構築と、それを支える人材育成、自治体との連携体制の構築を目指す。

2 調査・研究方法

2.1 研究対象と選定基準

本研究の対象は、岡山県玉野市に在住し、2024年10月15日から12月にかけて実施される「人間ドック」「生活習慣病予防健診」「国民健康保険特定健康診査」または「国保特定セットけんしん」のいずれかを受診した40～72歳の市民とした。

参加にあたっては、2024年9月23日または29日に開催された事業説明会に本人が出席し、研究の趣旨を理解した上で文書による同意を得た者とした。説明会参加者の中から抽選により研究対象者を決定し、2024年度は55名、2025年度および2026年度には各100名の募集を予定した。

2.2 研究デザインと介入内容

本研究は、前向きコホート研究として岡山県玉野市において実施した。特定健康診査の受診者の中から、Genovision[®] による遺伝子解析を行い、糖尿病におけるハイリスク群を特定した上で、個別のフィードバックと生活習慣改善支援を提供した。

対象者の検査プロセスは、玉野市民による健診受診を起点とし、【図1】に示すように医療機関(玉野医療センター)での採血を経て検体をNTTプレシジョンメディシンに輸送し、遺伝子情報の抽出と解析が行われた。解析には、東京大学医科学研究所が開発した独自アルゴリズムおよび遺伝子事業者GreenChordのシステムが用いられ、得られた遺伝子情報はデータベースに格納されたうえで、解析結果が岡山大学および対象者に提供された。

フィードバックは、認定遺伝カウンセラー、臨床遺伝専門医、薬剤師による専門職チームにより実施した。内容は、糖尿病発症に関わる個別の遺伝的リスク要因に基づいた生活習慣の見直しであり、特に食事・運動・定期的な血糖管理を中心とした支援を行った。また、在宅において自己採血によるヘモグロビンA1c(HbA1c)値の経時的測定を3か月ごとに実施し、生

活支援の効果を定量的に評価した。なお、2025年度以降は、唾液による遺伝子検査を導入することで、採血に比べて被験者負担の軽減と参加率の向上を図る予定である。

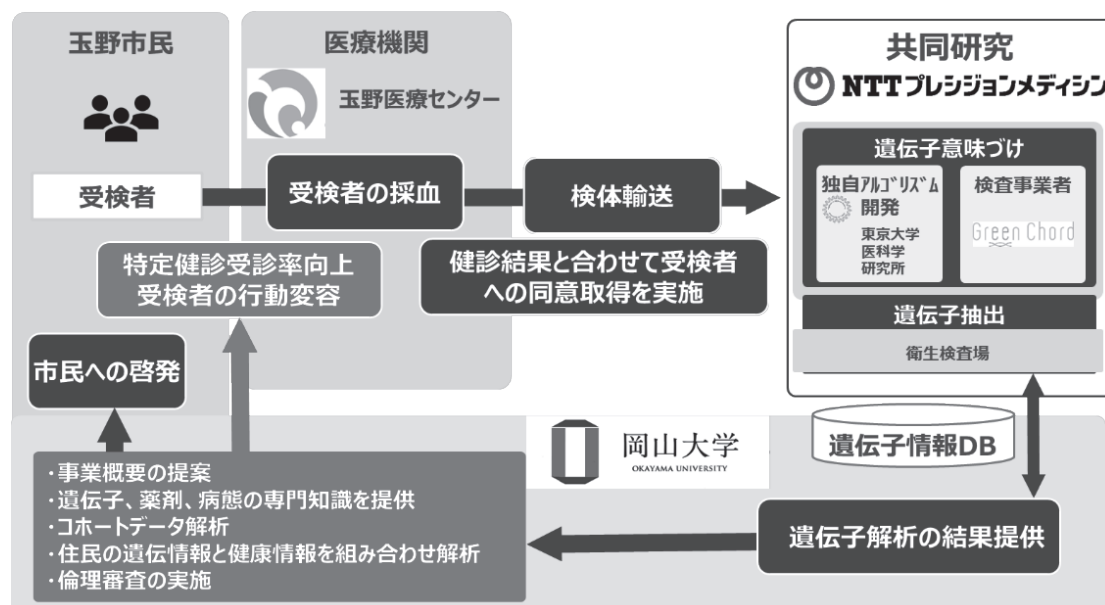


図 1. 研究の実施体制と解析プロセス

2.3 データ収集と統計解析

本研究では、特定健康診査および質問票を用いて以下の情報を収集した。

質問票情報：性別、年齢、既往歴、運動習慣、食習慣、飲酒歴、喫煙歴、内服薬、健診受診歴、遺伝子検査への関心・認識等

健診データ：身長、体重、BMI、腹囲、血圧、脈拍、血液検査（空腹時血糖、HbA1c、中性脂肪、HDL-C、LDL-C、GOT、GPT、 γ -GTP 等）、尿検査、聴力、胸部 X 線、心電図、身体診察

HbA1c の経時データ：Self Dock Club による在宅自己採血キットを用い、0、3、6、9、12 か月時点の HbA1c 値を収集した。

ゲノム解析には、糖尿病リスクとして知られる、KCNQ1、TCF7L2、CDKAL1、DUSP9、FTO を含む全 53 種類の遺伝子を用いた (6)(7)(8)。遺伝子解析により算出された Genetic Risk Score (GRS) を用い、対象者をリスク水準に応じて高リスク、平均リスク、低リスクの 3 群に分類した。各群における HbA1c の測定値について、経時的平均値を算出し、層別化された傾向を比較した。欠損値がある場合は、原則として完全ケース分析（欠測データを含む症例の除外）を行った。

2.4 倫理的配慮

本研究は、岡山大学病院倫理審査委員会の承認を得た上で実施され、研究対象者には文

書および口頭により十分な説明を行い、自由意思に基づく文書同意を取得した。試料・情報には個人識別番号を付与し、個人が特定されないよう配慮した。研究の成果公表時においても、個人情報は匿名化された形式で取り扱う。

なお、採血を含む介入による侵襲は軽微であり、リスクは最小限に抑えられると判断した。万が一、有害事象が発生した場合には、速やかに対応できる体制を整備している。

3 調査・研究成果

3.1 参加者の募集・実施状況とフィードバックの実施

2024年度においては、広報たまの（紙媒体・月1回配布）、玉野市の公式LINE、Facebook、X(旧Twitter)などの多様な広報手段を活用し、事業に関する啓発・参加募集を行った。さらに、2024年8月18日には市民公開講座「聞いてみられー！来てみられー！遺伝の話」を開催し（図2）、岡山大学病院の認定遺伝カウンセラーらが遺伝と健康管理に関する基礎知識を市民向けに講演した。



図2. 市民公開講座「聞いてみられー！来てみられー！- 遺伝の話」の風景
左：地域住民の参加風景、右：ワークショップ（遺伝子パスタ）

2024年9月23日および29日に実施した事業説明会では、研究の目的や意義、解析内容、個人情報の取扱いについて丁寧な説明が行われた。その結果、合計150名の市民から文書による参加希望の意思が得られた。抽選により選定された55名が研究対象者として決定され、各自が「人間ドック」や「生活習慣病予防健診」、「特定健康診査」を受診した後、NTTプレシジョンメディシンが提供するGenovision[®]による遺伝子解析を10月～翌年1月にかけて実施した。2025年1月23日時点における健診予約率・Genovision[®]受検率はいずれも90%を

を超えており、生活改善アドバイスの実施率も高く、1月22日から3月5日分はすべて満席となるなど、極めて順調に推移した。

生活改善アドバイスは、受検月に応じて以下のように個別対応された。具体的には、10月受検者に対しては1月、11月受検者には2月、12月受検者には3月、1月受検者には4月に生活支援指導を行った。

3.2 行動変容支援の内容とHbA1cの変化

本研究では、Genovision[®]による遺伝的リスク評価に基づき、参加者を「高リスク」「平均リスク」「低リスク」の3群に分類した上で、生活習慣の見直しを支援する行動変容プログラムを提供した。各参加者には、特定健康診査および遺伝子解析の結果を踏まえたフィードバックが提供され、運動習慣、食事内容、睡眠、飲酒・喫煙習慣の改善について専門職（保健師、薬剤師、臨床遺伝カウンセラー）との面談または電話により個別支援が行われた。なお、本プログラムではアプリ等のICTツールは使用せず、対面または電話による直接支援に特化した。

HbA1cの変化は、Self Dock Club HbA1c 検査キットを用いた在宅自己採血により、0、3、6、9、12か月の5時点で測定した。HbA1c推移は、相対リスクに基づくGRSスコアに従って3群に分けて可視化した（図3）。その結果、高リスク群では年齢の上昇とともにHbA1cの累積的な上昇傾向が最も顕著に示され、一方で低リスク群では緩やかな上昇にとどまった。記述統計に基づく層別分析の結果であり、HbA1cの変化傾向を年齢別に可視化したものである。定量的な有意差検定は今後の症例蓄積と追跡期間の延長により実施予定であるが、現段階でも高リスク群に対する行動支援の必要性和予防介入の有用性を示唆する所見といえる。

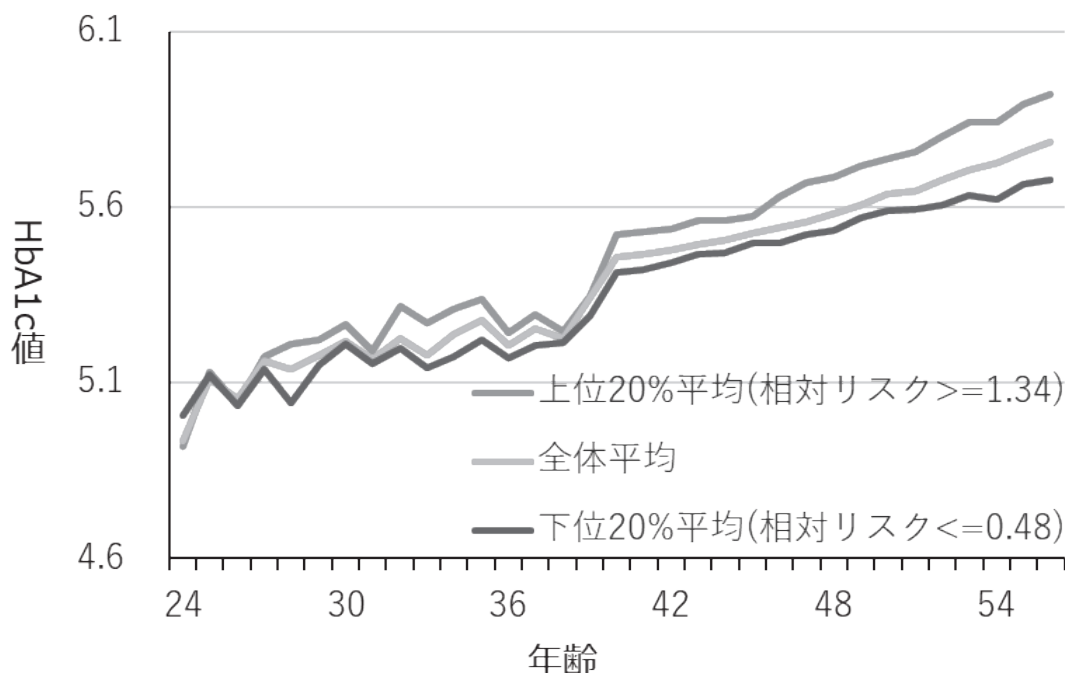


図3. GRS分類別の年齢階層におけるHbA1c累積推移

4 考察

本研究は、糖尿病の発症リスクを遺伝的背景に基づいて層別化し、個別のフィードバックを通じて生活習慣の見直しを支援することを目的として実施した。遺伝的リスク評価は、Genovision[®]を用いた日本人向けの多因子疾患に対応した遺伝子解析により行われ、参加者は高リスク・平均リスク・低リスクの3群に分類した。これまでの調査・解析から、相対リスクの異なる層においてHbA1cの経時的な変化に差がみられる傾向があり、高リスク群では年齢とともに累積的な上昇が観察される一方、低リスク群では比較的緩やかな推移にとどまった。このような傾向は、遺伝的リスクに基づく層別化が将来的な健康指導や介入対象の選定に有用である可能性を示唆する。

また、自治体(玉野市)・大学(岡山大学)・民間企業(NTTプレジジョンメディスン)との連携体制により、地域住民に密着した個別化医療の試みが具体化できた点も重要である。参加率や受検率の高さ、生活改善アドバイスの実施率が高水準で維持されたことから、住民との信頼関係に基づく地域医療モデルの構築に向けた土台が形成されたと評価できる。

一方、本研究にはいくつかの限界も存在する。対象人数はまだ限定的であり、統計学的に有意な効果の検出には今後の参加者拡大と長期的なフォローアップが必要である。現時点では行動変容支援の効果を統計的に検証できるだけの症例数および追跡期間は十分ではなく、行動支援による介入効果の有用性についての結論を導く段階にはない。また、自己採血データや質問票の解析および行動変容支援に紐づけしたデータは限られており、今後の参加者追加とデータ蓄積が必要である。生活支援の効果がHbA1cの変化にどの程度影響を及ぼしたかについては、他の生活因子や社会環境の影響を排除しきれていないため、因果関係の明確化にはさらなる検討が求められる。加えて、アプリやウェアラブル端末などのデジタルツールは本年度には導入されなかったが、参加者の自己管理能力を高める補助的手段として、次年度以降に段階的に導入することで、行動変容の維持・促進に寄与する可能性がある(図4)。

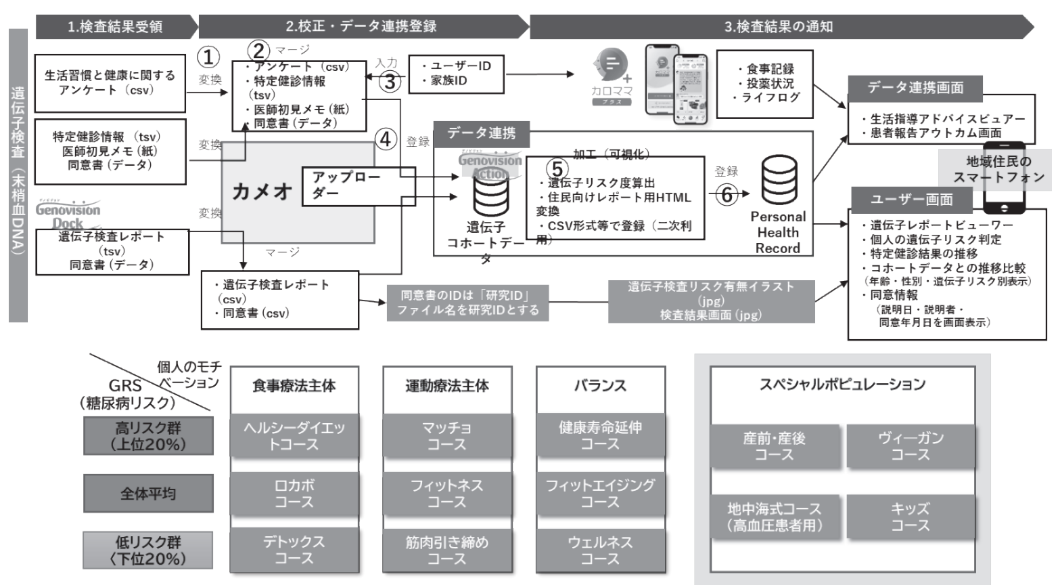


図4. GRS分類に基づく健康管理アプリの連携と支援コース一覧

(前ページ図4の説明)

上：遺伝子解析結果を連携し、スマートフォンで個人に応じた情報を提供する仕組み。

下：GRSに基づいて提案される生活改善コースを分類。

5 まとめ

本研究は、糖尿病の遺伝的リスク評価に基づいた個別化健康支援の枠組みを、岡山県玉野市において地域住民を対象に実施したものである。NTT プレシジョンメディシンが提供する Genovision[®]を用いて、複数の疾患関連遺伝子から算出された Genetic Risk Score(GRS) により、対象者を高リスク・平均リスク・低リスクに分類した。参加者には、遺伝子解析結果と特定健診データに基づくフィードバックを通じて、生活習慣改善のための個別支援が提供された。支援は主に対面や電話によって行われ、運動、食事、睡眠、飲酒・喫煙に関する行動目標の設定と振り返りを含んだものであった。

HbA1c の経時的変化データを収集し、GRS 層別にその推移を可視化したところ、相対リスクが高い群ほど累積的に HbA1c が上昇する傾向が示された。この結果は、遺伝的リスクに基づく層別支援の必要性を示唆するが、本研究の現段階では、行動変容支援そのものの有効性を検証するには至っていない。症例数の拡充や観察期間の延長が今後の課題である。

本研究は、自治体・大学・企業が連携する公民学協働の予防医療モデルの構築に向けた第一歩であり、今後の成果により、より効果的かつ持続可能な個別化予防戦略の確立に資することが期待される。

6 調査・研究発表(口頭又は誌上発表)

玉野市民の遺伝子活用事業の認知度を上げるために、広報たまの(月1回、全戸に紙広報の配布)や、玉野市公式 LINE 及び Facebook、X (twitter) を活用した啓もう活動を実施した。2024 年 8 月 18 日に市民公開講座「聞いてみられー!来てみられー! 遺伝の話」を実施した。岡山大学病院の認定遺伝カウンセラーの方々による「遺伝てなんじゃろ?」「遺伝情報を使った健康管理」という講演が行われた。講演会では、遺伝についての基礎知識や、遺伝情報を使った健康管理法の種類、その仕組みについて説明が行われた。(図5)



図5. 2024年8月18日実施の市民公開講座のポスター

2024年の玉野市の広報誌・広報たまの(月1回 全戸に紙広報の配布)において、表紙に岡山大学の事業関係者を使用し、冊子内には事業を説明した(図6)。また、玉野市公式LINE及びFaceBook、X(twitter)も活用し、広報を行った。

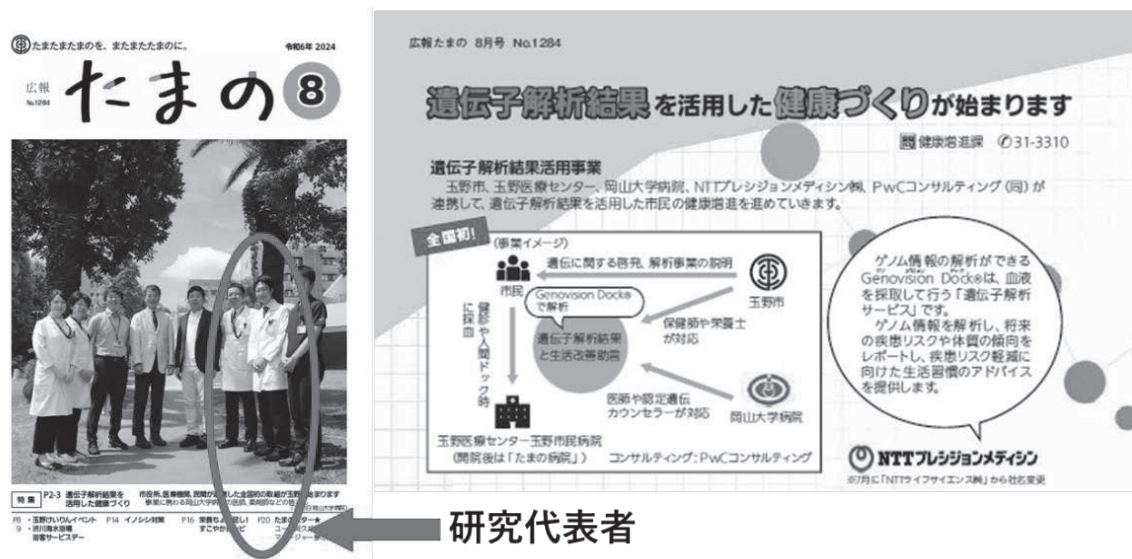


図6. 遺伝子についてのリテラシー向上・本プロジェクトの認知向上に向けた広報

2024年9月23日、29日には事業説明会が実施された。事業説明会では、本研究の概要説明、遺伝子解析の説明、参加同意に関する説明を行った。(図7)



図7. 2024年9月29日の事業説明会の様子

事業説明会后、申込者の中から抽選で55人が選ばれた。選ばれた研究対象者に対し、人間ドックや生活習慣病予防健診、国保特定健診を実施した。

また、10月から1月に Genovision® の受検を実施し、現在生活改善アドバイスの受診を実施している。2025年1月23日時点での事業の状況は、表1のとおりとなった。健診予約率、Genovision® 受検率はともに、90%以上であり、生活改善アドバイスも1月22日から3月5日分はすべて満席となり、進捗状況は順調であった。

表 1. 2025 年 1 月 23 日時点での事業実施状況

1月23日時点	事業参加者数推移								
	事業申込者数	健診予約済み	健診予約%	Genovision®受検済み	Genovision®受験%	生活改善アドバイス 予約済み	生活改善アドバイス 予約%	生活改善アドバイス 実施	生活改善アドバイス 実施%
人数	55	52	95	51	93	44	80	4	7

7 引用文献

- (1) Castro-Juárez, Carlos Jonnathan et al. “Epidemiología genética sobre las teorías causales y la patogénesis de la diabetes mellitus tipo 2. ” *Gaceta medica de Mexico* vol. 153,7 (2017): 864-874. doi:10.24875/GMM.17003064
- (2) Abdullah, N et al. “Predicting type 2 diabetes using genetic and environmental risk factors in a multi-ethnic Malaysian cohort.” *Public health* vol. 149 (2017): 31-38. doi:10.1016/j.puhe.2017.04.003
- (3) Shojima, Nobuhiro, and Toshimasa Yamauchi. “Progress in genetics of type 2 diabetes and diabetic complications.” *Journal of diabetes investigation* vol. 14,4 (2023): 503-515. doi:10.1111/jdi.13970
- (4) Goetz, Laura H, and Nicholas J Schork. “Personalized medicine: motivation, challenges, and progress.” *Fertility and sterility* vol. 109,6 (2018): 952-963. doi:10.1016/j.fertnstert.2018.05.006
- (5) Groop, Leif, and Flemming Pociot. “Genetics of diabetes--are we missing the genes or the disease?.” *Molecular and cellular endocrinology* vol. 382,1 (2014): 726-739. doi:10.1016/j.mce.2013.04.002
- (6) van Herpt, Thijs T W et al. “Introduction of the DiaGene study: clinical characteristics, pathophysiology and determinants of vascular complications of type 2 diabetes.” *Diabetology & metabolic syndrome* vol. 9 47. 19 Jun. 2017, doi:10.1186/s13098-017-0245-x
- (7) Billings, Liana K, and Jose C Florez. “The genetics of type 2 diabetes: what have we learned from GWAS?.” *Annals of the New York Academy of Sciences* vol. 1212 (2010): 59-77. doi:10.1111/j.1749-6632.2010.05838.x
- (8) Voight, Benjamin F et al. “Twelve type 2 diabetes susceptibility loci identified through large-scale association analysis.” *Nature genetics* vol. 42,7 (2010): 579-89. doi:10.1038/ng.609

Title

Personalized Health Management for Type 2 Diabetes Prevention: An Academia–Government–Industry–Community Collaborative Approach

Name

Hirofumi Hamano

Name of Affiliation

Department of Pharmacy, Okayama University Hospital

Address, Tel

2-5-1 Shikata-cho, Kita-ku, Okayama-shi, Okayama 700-8558, Japan

Tel: +81-86-235-7641

E-mail

hamano.hirofumi@okayama-u.ac.jp

Abstract

This study aimed to promote behavioral change and prevent type 2 diabetes by providing individualized health support based on genetic risk in Tamano City, Japan. Using the Genovision[®] tool developed by NTT Precision Medicine, genetic risk scores (GRS) were calculated for residents who underwent periodic health checkups. In 2024, 55 participants were selected through a lottery and received personalized feedback based on their checkup and genetic results. Health professionals provided lifestyle improvement advice without the use of ICT tools, focusing on diet, exercise, sleep, and other daily habits. Participants were stratified into three groups—high, average, and low genetic risk—and were followed for one year. Hemoglobin A1c (HbA1c) was self-monitored at five time points (0, 3, 6, 9, and 12 months) using home test kits. While statistical significance has not yet been established, descriptive data revealed a tendency for greater HbA1c increase in the high-risk group compared to others. This study provides a community-based model for integrating genetic information into preventive healthcare. The findings will contribute to future development of personalized strategies for managing multifactorial diseases and may serve as a foundation for evidence-based public health policies in Japan.