

# 分担研究報告書



## ヒト多能性幹細胞由来神経前駆細胞を用いたニューロスフィアアッセイの最適化に関する検討

### 研究分担者

曾根秀子

国立環境研究所 環境リスク研究センター 室長

#### 研究要旨

昨年度に引き続き、ハイスループットアッセイ構築のため、ヒト H9 株 ES 細胞由来の神経前駆細胞（hPNC）を用いて、ドーパミン神経特異的マーカーである TH 遺伝子に緑色蛍光タンパク質遺伝子を結合したリポーター発現ベクター pBluescriptIIISK(+)-TH-metluc-Neo-copGF 及び pBluescriptIIISK(+)-TH-pEGFP を導入した細胞の増殖および単離を試みた。また、平行して hPNC の三次元培養によるニューロスフィアを形成させ、ハイスループットアッセイに最適化した短期ニューロスフィアアッセイの条件を検討した。影響評価の検討には、Benzo[a]pyrene（BaP）及び 5-Aza-2'-deoxycytidine（5-Azadc）の 2 種類の化学物質を使用し、用量反応関係を調べた。その結果、10 日間で終了し、多検体も同時に可能なアッセイ条件を見出し、化学物質の影響を定量的に把握することができるニューロスフィアアッセイを確立した。

#### A. 研究目的

本分担研究では、ヒト多能性幹細胞由来の神経前駆細胞を活用して、従来の遺伝子改変技術並びに TALEN を用いたゲノム編集でハイスループットイメージング用に加工し、複数のドナー株ならびに系統株を同一線上に配置した曝露試験を行うことを目的に、株化細胞の構築とアッセイ法の確立を行った。期待される効果は、ヒト神経前駆細胞の三次元培養による中枢神経の発達過程を模倣できる点と、毒性が懸念される化学物質のヒトへの影響を発生細胞レベルでスクリーニングできる点にある。これら 2 点の期待される成果は、将来的には大量の化学物質の安全基準に関わる初期スクリーニング試験を実施出来る可能性を持っている。公的研究施設に多能性幹細胞試験センターを設け情報を公開していく場合、重要なことは一試験の単価を極力抑えるべきで、今回提案する新規マーカーの選択や形態指標、バイオインフォマティクスによる影響予測の有

効性の検討はそのために重要である。また、我々の実施している研究プロトコルは ECVAM や JCVAM テストガイドラインへ提案できるような標準プロトコルの作成も視野にいれる。特にヒト細胞への影響という点で化学物質リスク事業のみならず創薬分野にも貢献できると思われる。

#### (倫理面への配慮)

平成 26 年度に使用したヒト胚性幹細胞（H9 細胞）由来神経前駆細胞株は、分化細胞であり、生命倫理的問題のない細胞である。

#### B. 研究方法

本研究で使用したヒト胚性幹細胞（H9 細胞）由来神経前駆細胞株は、米 EMD Millipore 社から購入した。

- 1) 神経系細胞分化マーカーの遺伝子導入

ヒト MAP2 遺伝子調節領域として報告されている hMAP2 ゲノム DNA の-1854 から+369 を組み込んだ pGL3-Metluc-copGFP-Neo プラスミド（Metluc は分泌型ルシフェラーゼで copGFP はカイアシ由来の GFP であり、2A ペプチド配列を挟んであるため単一プロモーターで同時発現解析できる）をエレクトロポレーションで遺伝子導入、hMAP2-Metluc-copGFP-hNPC 細胞（平成 24 年度作成）の増殖及び分化培養を行った。また、ドーパミンニューロンに特異的に発現している Tyrosine hydroxylase (TH) のエクソン 1 直後領域 (hsTH-T01) を組み込んだ pBluescriptIIISK (+) TH-pEGFP プラスミドを導入した hsTH-pEGFP-hNPC 細胞（平成 25 年度作成）の増殖・分化培養を行った。

## 2) ニューロスフィアアッセイに関する検討

hNPC 細胞を常法に従って培養し、ニューロスフィアアッセイに必要な量を増殖培養後、丸底 96 ウェルプレート（Nunc-Falcon）の 1 ウェルあたり、3000～6000 個細胞になるように、5～7 日間播種し、その後、平面底の 24 ウェルプレートもしくは 48 ウェルプレートに、1 ウェルあたり 1 個のスフィアになるように播種し、神経分化専用培地で 5～7 日間さらに培養した。その後、4%PFA で固定、核は、ヘキストないし Celltracker で染色、神経は 1 次抗体が抗 MAP2 抗体、Alexa488 修飾二次抗体で染色し、マルチチャンネル自動画像解析装置（INCell-Analyzer 1000）により、神経突起伸長を定量化した。さらに、スフィア自体の大きさを測定するために、対物レンズ 4 倍率でスフィア全体を撮影（オリンパス社製）して画像を取得後、Image J でスフィアの面積を定量した。また、アッセイの評価のため、Benzo[a]pyrene（BaP）及び 5-Aza-2'-deoxycytidine（5-Azadc）（Sigma）を最終濃度 0.1% DMSO に溶解して、細胞培養の培地中に添加した。

## C. 研究結果

### 1) 神経系細胞分化マーカーの遺伝子導入

hMAP2-Metluc-copGFP-hNPC 細胞の増殖及び分

化培養を行ったが、神経分化の様子を MAP2 抗体による蛍光免疫化学染色で観察することは出来るものの、copGFP 蛍光は非常に微弱でアッセイに十分な蛍光強度は得られなかった。また、hsTH-pEGFP-hNPC 細胞の増殖・分化培養を行った。神経分化の様子を TH 特異抗体による蛍光免疫化学染色で行ったところ、EGFP の蛍光が TH とマージすることが確認できた。しかし、EGFP 蛍光は分化とともに減少し非常に微弱でアッセイに十分な蛍光強度は得られなかった。

### 2) ニューロスフィアアッセイに関する検討

ハイスループットアッセイに最適化したニューロスフィアアッセイの確立のために、1) 薄くて丈夫なマトリックスの検討、2) ニューロスフィアに最適な 1 ウェルあたりの細胞数、3) スフィア形成と分化期間の長さに関する 3 点の基礎検討を行った。1) 薄くて丈夫な細胞外マトリックスの検討では、我々の先行研究において二次元の培養ではあるが、ラミニン 511 (LN511) が従来のポリオルニチン-ラミニン 111 (PL-O-LN111) より神経分化が適当であることを見出し、これを使用してきたが、3 次元培養のスフィアアッセイにおいても同様であるかどうかを 4 種の細胞外マトリックス蛋白質のコートプレートを作成して検討した（図 1）。その結果、LN511 が含有されているコートプレートでは、十分に神経突起が伸展し、更に、固定→洗浄→免疫染色という多段階の行程を経ても型崩れしなかった。しかし、細胞あたりの神経突起伸長とスフィアコアから外側への遊走はポリオルニチン-ラミニン 111+ラミニン 511 (PL-O-LN111+511) が最も顕著であった（図 2）。2) ニューロスフィアに最適な 1 ウェルあたりの細胞数では、3000 個と 6000 個で検討したが、6000 個のほうが、再現性、均一性が高かった。3) スフィア形成と分化期間の長さに関する検討では、スフィア形成期間が長いほど、分化培地に移した後の細胞遊走能は高いことがわかったが、一方で細胞遊走能が高すぎると、解析のための細胞固定→免疫染色の行程には再現性が悪く、結果的にスフィア形成期間を 5 日間と、分化期

間を5日間ないし6日間とする計10-11日間のアッセイを確立した。さらに、BaP及び5-Azadeのそれぞれ、3用量をスフィア形成2日後に添加し3日間培養し、その後、化学物質のない分化培地で培養し、影響を調べた(図3)。その結果、両物質とも、量依存的にスフィアコアからの神経細胞の遊走を抑制し、コアの増殖も抑制されることが観察された。

#### D. 考察

本研究では、ヒト神経細胞の分化を指標としたハイスループットアッセイを構築するために、神経細胞の樹状突起マーカーで微小管結合タンパク質であるMap2もしくはドーパミン神経特異的マーカーであるTH遺伝子に緑色蛍光タンパク質EGFP遺伝子を結合したリポーター遺伝子をhPNCに組み込んだ。しかし、MAP2-リポーター遺伝子hMAP2-metluc-Neo-copGFP及びTH-pEGFPを組み込んだ安定株は樹立できない結果となった。ヒト多能性幹細胞は分化に時間がかかるため、検証するのに長期間を要する。また、マーカーとして選んだ遺伝子は、導入の報告がまだない遺伝子である。導入実績のある遺伝子に切り替える必要があると考えられるが、神経分化細胞では、未だ報告がない。今後もハイスループットに最適化した細胞を樹立するには、時間が必要と考えられた。

一方で、遺伝子改変のない素のhNPCを用いてニューロスフィアアッセイの確立を試みた。ハイスループット化には、再現性と定量性が求められる。そのため、1ウェル1スフィアでアッセイすることを考案した。96ウェルプレートでスフィアを作成し、ウェルの中心にスフィアを正着させて顕微鏡観察を行うためには、96ウェルプレートよりも、48ウェルプレートの方が再現性よく、中心部へのスフィア正着を起こさせることができ、また定量性もあるため、後者で化学物質の影響を評価した。しかし今後、ロボットアッセイ機器の導入が可能になれば、384ウェルレベルまで解析が可能になるものと考えられた。

#### E. 結論

ハイスループットアッセイに最適化したヒト多能性幹細胞由来神経分化細胞を構築するために、神経細胞の樹状突起マーカーで微小管結合タンパク質であるMap2の転写開始点より1kb上流領域もしくはドーパミン神経特異的マーカーであるTH遺伝子のエクソン1直後領域に緑色蛍光タンパク質遺伝子を結合したリポーター発現ベクターを導入した遺伝子改変hPNCの増殖・単離を試みたが、分化後に十分な強さの蛍光を持つ細胞は樹立できなかった。今後、更なる導入技術の改善やマーカー遺伝子の変更が必要と考えられた。また、非遺伝子改変hNPCを用いた短期のニューロスフィアアッセイを確立し、化学物質曝露による評価を行い、アッセイの有用性を提示した。

#### F. 健康危険情報

特に記載する項目はない

#### G. 研究発表

1. Goodson III WH et al ([Sone H](#), 54 of 139). Assessing the Carcinogenic Potential of Low Dose Exposures to Chemical Mixtures in the Environment: The Challenge. Carcinogenesis, 2015, in press.
2. Win-Shwe TT, [Sone H](#), Kurokawa Y, Zeng Y, Zeng Q, Nitta H, Hirano S. Effects of PAMAM dendrimers in the mouse brain after a single intranasal instillation. Toxicol Lett., 228(3):207-215, 2014.
3. Kawano M, Qin XY, Yoshida M, Fukuda T, Nansai H, Hayashi Y, Nakajima T, [Sone H](#). Peroxisome proliferator-activated receptor  $\alpha$  mediates di-(2-ethylhexyl) phthalate transgenerational repression of ovarian Esr1 expression in female mice. Toxicol Lett., 228(3):235-240, 2014.
4. Donai K, Inagaki A, So KH, Kuroda K, [Sone H](#), Kobayashi M, Nishimori K, Fukuda T. Low-molecular-weight inhibitors of cell differentiation enable efficient growth of mouse iPS cells under feeder-free conditions. Cytotechnology. 67(2):191-197,

2015.

## 2. 学会発表

1. **曾根秀子**、村山典恵、王文龍、南齋ひろ子、曾勤、山崎浩史. ヒト肝細胞 HepaRG における環境化学物質の細胞毒性と薬物代謝酵素誘導能について. 環境フォーラム 2014、11 月つくば
2. Wenlong WANG , Qin ZENG , Hiroko NANSAI, Kuniya ABE, **Hideko SONE**. Detection of epigenetic effects induced by environmental chemicals in mouse ES cells harboring GFP-MBD-lns. 環境フォーラム 2014、11 月つくば
3. **曾根秀子**、曾洋、南齋ひろ子. ベイジアンネットワーク解析によるナノマテリアルの毒性予測に関する研究. 第 3 回生命医薬情報学連合大会（IIBMP2014）2014 10 月 仙台
4. **曾根秀子**. 化学物質による健康影響を予測する統合システム HEALS の紹介. アカデミックフォーラム 2014 東京
5. **曾根秀子**. ベイジアンネットワーク解析による毒性影響の予測. 第 1 回「計算毒性学」研究会, 2014、東京

## H. 知的財産権の出願・登録状況

### 1. 特許出願

曾根秀子、大迫誠一郎、永野麗子、今西 聡、赤沼宏美、宮崎 航. 「胎生プログラミングに対する影響を評価するための方法」特願 2009-81497, (2009 ~ 出願・審査中).

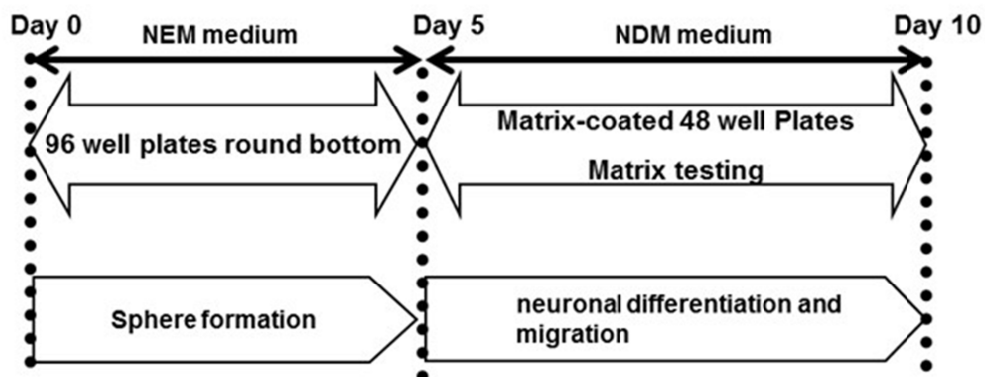
### 2. 実用新案登録

なし

### 3. その他

なし

A



B

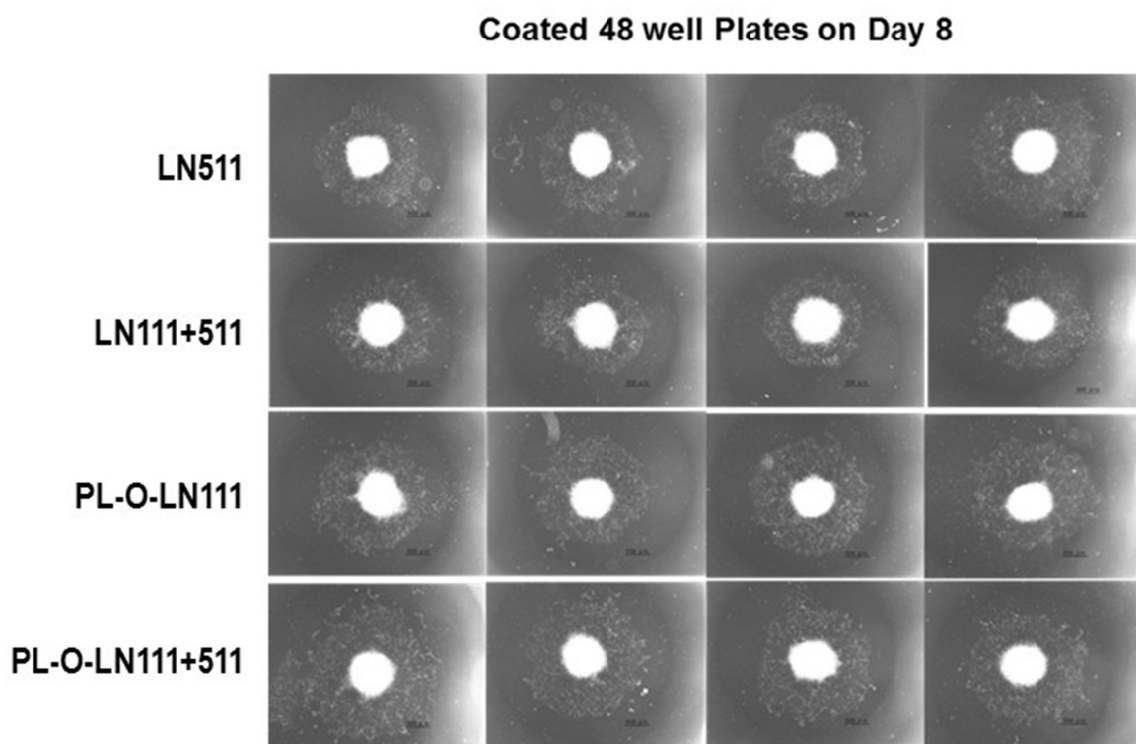
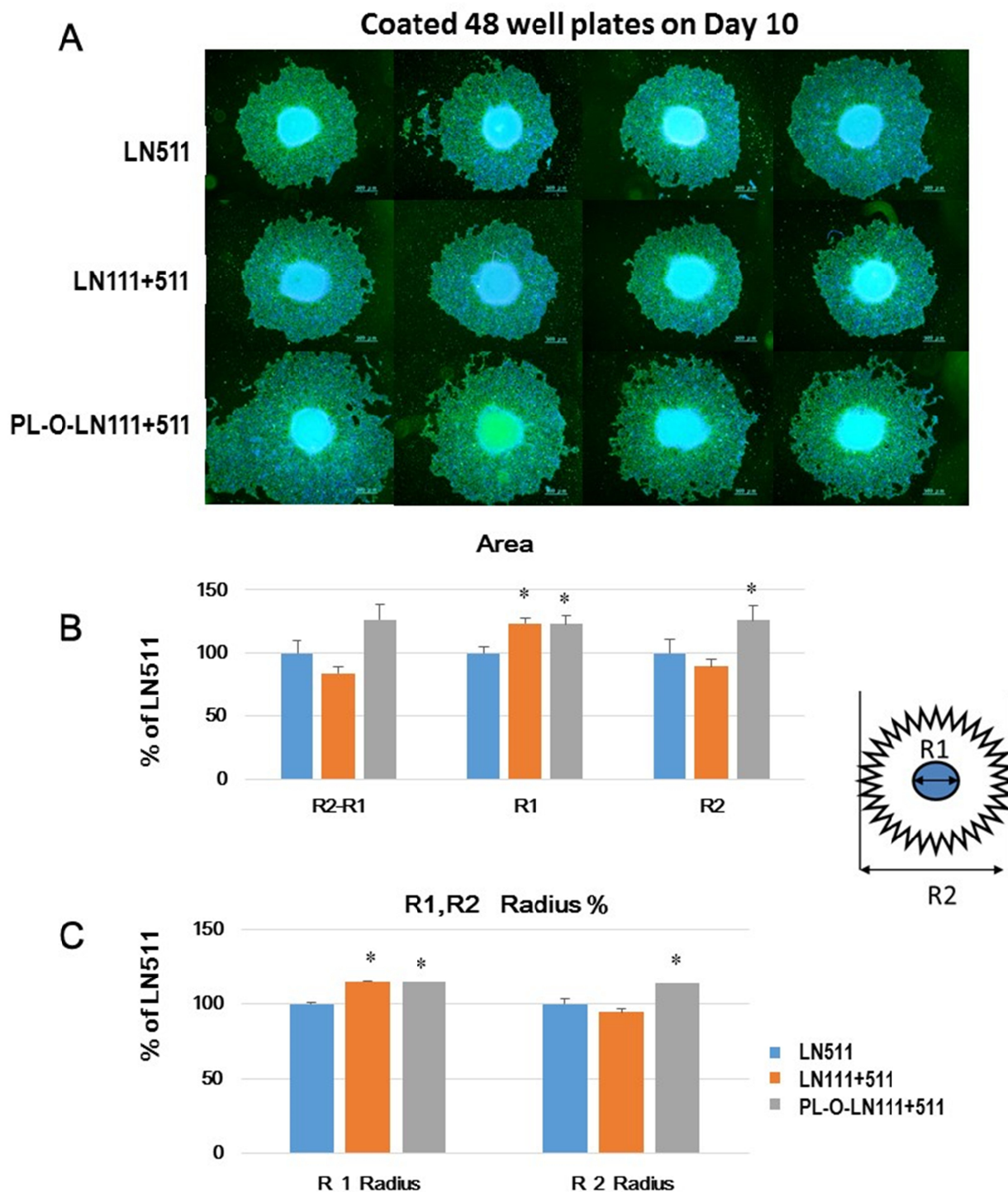


図 1. ヒト神経前駆細胞を用いたニューロスフィアアッセイプロトコル(A)及び最適な細胞外マトリックスの検討(B)  
LN511, laminin511; LN111+511, laminin111 + laminin511, PL-O-LN111, Poly-L-Ornithine/laminin111;  
PL-O-LN111+511, Poly-L-Ornithine/laminin111+laminin511

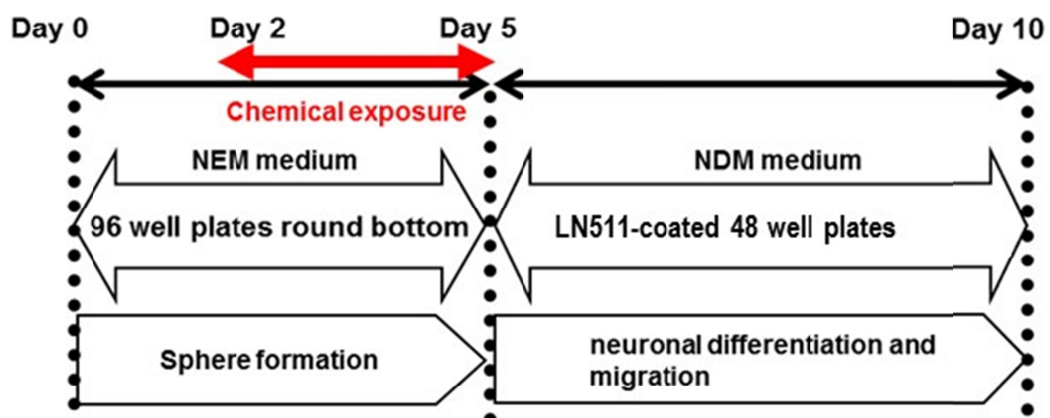


**図2. 最適な細胞外マトリックスの検討**

(A) 各種細胞外マトリックスにおける分化後のニューロスフィアの形態。(B) ニューロスフィアの面積定量 (n=4) LN511 からの有意差 (\*,  $P < 0.05$ )。 (C) ニューロスフィアの半径定量 (n=4) LN511 からの有意差 (\*,  $P < 0.05$ )。



A



B

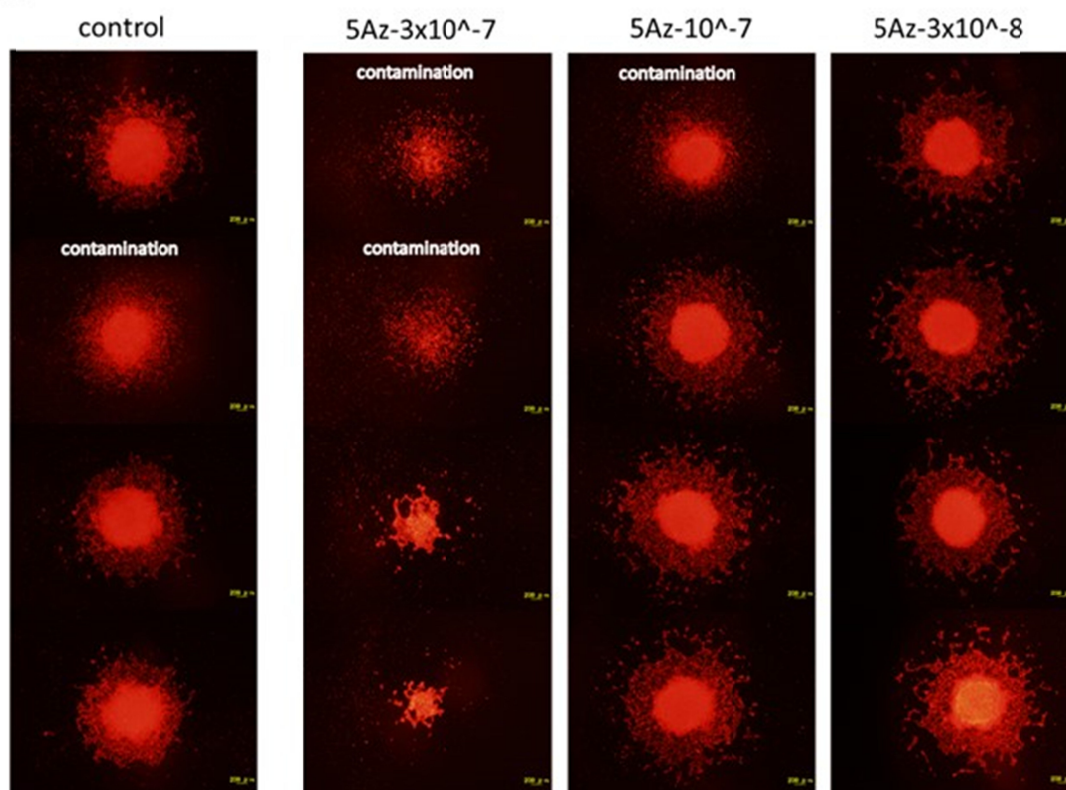


図3. 化学物質曝露によるニューロスフィアアッセイの評価

(A) 化学物質曝露の時期とアッセイスケジュール。(B) 5-AzadC の曝露によるニューロスフィアの変化。

## TALEN を用いた TH 陽性細胞を検出する EGFP レポーター導入ヒト ES 細胞株樹立の試み

研究分担者

大迫誠一郎

東京大学 疾患生命工学センター 准教授

### 研究要旨

本サブテーマではヒト ES 細胞に Transcription activator-like effector nuclease (TALEN) を用いたゲノム編集手法により、TH 遺伝子のエクソン 1 下流に EGFP を挿入した細胞を作出ことを試みた。本実験は昨年度の国立環境研グループが実施した神経前駆細胞 (hPNC) への導入を実際にヒト ES 細胞で行えるかトライアルしたものである。ドーパミンニューロンに特異的に発現している Tyrosine hydroxylase (TH) のエクソン 1 直後領域 (hs\_TH\_T01) を特異的に切断する TALEN 右側ベクターと左側ベクターを Sigma 社で作成した。また、TALEN による hs\_TH\_T01 領域の切断の際に、切断領域と相補的配列を両端に持つ 5' TH-EGFP-neo-3' を作成した。KhES1 にリポフェクションによる導入後、G418 によるセレクションを行い、10 日目に生存しているコロニーをピックアップしてクローン化しゲノム DNA を抽出した。PCR による TH 遺伝子への編集をチェックしたが、目的のサイズに PCR 産物が確認できるものの、陰性対象である野生型 KhES1 にも同様なバンドが確認されたことから、ゲノム編集は期待通りに起きていないことがわかった。

### A . 研究目的

本分担研究では、ヒト多能性幹細胞から分化する神経系細胞のうちドーパミンニューロンの発生率とその形態をライブイメージング出来るよう遺伝子を加工したヒト ES 細胞を作成することを目的に実験を行った。従来の遺伝子改変技術並びに TALEN を用いたゲノム編集でハイスルーブットイメージング用に加工することを試みた。多能性幹細胞試験では一試験の単価を極力抑えるべきで、今回提案する新規マーカーの選択や形態指標、パイオインフォマティクスによる影響予測の有効性の検討はそのために重要である。また、我々の実施している研究プロトコルは ECVAM や JCVAM テストガイドラインへ提案できるような標準プロトコルの作成も視野にいれる。特にヒト細胞への影響という点

で化学物質リスク事業のみならず創薬分野にも貢献できると思われる。

### B . 研究方法

Tyrosine hydroxylase (TH) のエクソン 1 直後領域 (hs\_TH\_T01) を特異的に切断する TALEN 右側ベクター PTAL-R (pTAL-CMVn-021157) と左側ベクター PTAL-L (pTAL-CMVn-020432)、並びに TALEN による切断領域と相補的配列を両端に持つ DNA 断片 5' arm-pEGFP-3' arm を組み込んだ pBluescriptIISK(+)-TH-pEGFP プラスミドは国立環境研究所曾根秀子博士より提供された (平成 25 年度総括・分担研究報告書)。

PTAL-R および PTAL-L は予め mMESSAGE mMACHINE® T7 ULTRA Transcription Kit (Ambion 社) によって mRNA に変換し、ドナーベクターを組み込んだ pBluescriptIISK(+)-TH-pEGFP プラスミド

と共にヒト ES 細胞（KhES1）へ同時に遺伝子導入した。実際には分離回収した KhES1 の細胞浮遊液へ Lipofectamin3000（Invitrogen 社）でリポフェクションにより遺伝子導入した。この細胞を SNL 細胞（G418 耐性フィーダー細胞）上に播種し、G418 によるセレクションを行った。10 日目に生存しているコロニーをピックアップしてクローン化し、更に 10 日間 G418 存在下で培養した。その後、MEF 細胞上で維持培養を行い、ゲノム DNA を抽出した。

レポーター遺伝子が目的の場所である Tyrosine hydroxylase (TH) のエクソン 1 直後領域 (hs\_TH\_T01) に安定導入されているかについて、Nested PCR により検討した。実際には、抽出したゲノム DNA に対して 5' arm 外側の配列で設計した TH-f1 primer と内側の配列で設計した pEGFP-r2 primer を用いて第一段階の PCR を実施した。TH-f1 primer および pEGFP-r2 primer それぞれの配列より 2 塩基内側にずらした配列で設計した TH-f1-2 primer および pEGFP-r2-2 primer を用いて、第一段階の PCR で得られた生成物を鋳型として第二段階の PCR を実施した。

### （倫理面への配慮）

東京大学ライフサイエンス委員会倫理審査専門委員会にて 2009 年 12 月機関承認、2010 年 1 月文部科学省より使用許可を得た。

### C . 研究結果

トランスフェクション後の G418 を用いたセレクションにより最終的に 15 クローンの G418 耐性株が得られた。維持培養中に蛍光顕微鏡にて観察すると、これらのクローンのうち 14 クローンは EGFP 陰性であったが、1 クローン（クローン#2-13）のみ EGFP 陽性であった。この EGFP 陽性クローンは少なくとも本来の目的以外の場所にドナーベクターが挿入され、ES 細胞でも非特異的に転写が起こった結果であると考えられる。

Nested PCR を実施したところ、予想されるサイズ

1242 bp に近い 1.3 kbp 付近のバンドが 15 クローン中 14 クローンにおいて認められたものの、ネガティブコントロールとして用いた wild type の KhES1 の DNA においても同様のサイズのバンドが検出された。よって、Nested PCR の結果からは、目的の箇所にレポーター遺伝子が導入されているかについて明確に確認することが出来なかった。

### D . 考察

今回 TALEN を用いて実施した KhES1 細胞へのレポーター遺伝子 5' arm-pEGFP-3' arm の導入では、G418 耐性の細胞株が 15 クローン得られたことから、レポーター遺伝子はゲノムに導入されたと考えられる。しかしながら、目的の場所である hydroxylase (TH) のエクソン 1 直後領域に導入されているかどうかは、明確に確認できなかった。

### E . 結論

TALEN を用いたヒト ES 細胞への遺伝子編集は前年のヒト神経幹細胞を用いたい場合の結果と同じであり、今回の戦略では極めて困難であることがわかった。

### F . 健康危険情報

なし。

### G . 研究発表

#### 1 . 論文発表

1. Aida-Yasuoka K, Yoshioka W, Kawaguchi T, **Ohsako S**, Tohyama C. A mouse strain less responsive to dioxin-induced prostaglandin E2 synthesis is resistant to the onset of neonatal hydronephrosis. *Toxicol Sci*, 141(2), 465-474, (2014).
2. Shiizaki K, **Ohsako S**, Kawanishi M, and Yagi T. Identification of amino acid residues in the ligand-binding domain of the aryl hydrocarbon receptor causing the species-specific response to omeprazole: possible determinants for binding

putative endogenous ligands. *Mol Pharmacol*, 85(2), 279-289, (2014).

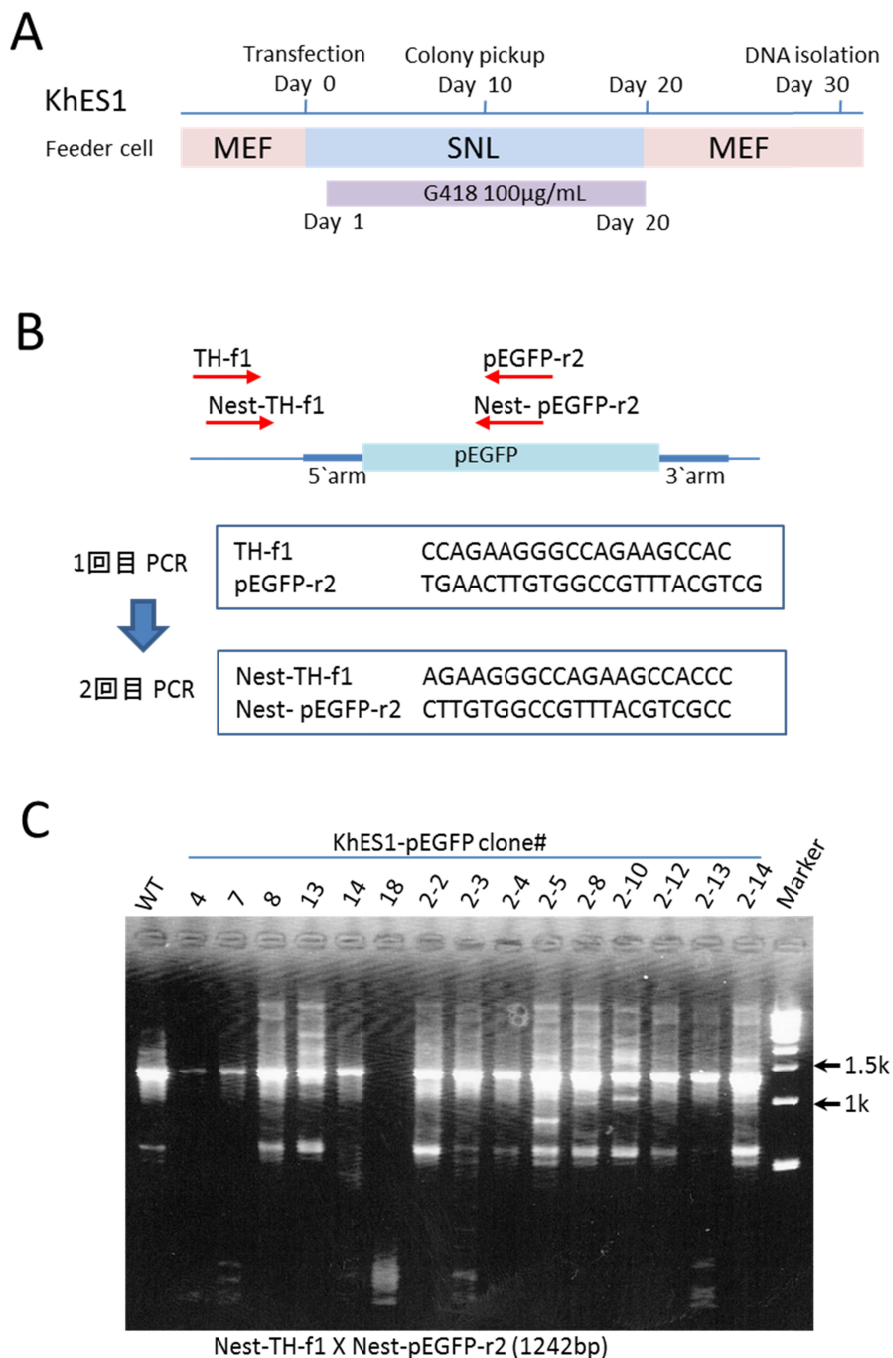
3. Alam MS, **Ohsako S**, Kanai Y, and Kurohmaru M. Single administration of butylparaben induces spermatogenic cell apoptosis in prepubertal rats. *Acta Histochemical*, 116(3), 474-480, (2014).
4. Sugai E, Yoshioka W, Kakeyama M, **Ohsako S**, and Tohyama C. In utero and lactational exposure to 2,3,7,8-tetrachlorodibenzo-p-dioxin modulates dysregulation of the lipid metabolism in mouse offspring fed a high-calorie diet. *J Applied Toxicol*, 34(3), 296-306, (2014).

## 2. 学会発表

1. Sailendra Nath Sarma, Masanobu Kohda, **Seiichiroh Ohsako**, Dopaminergic neuronal differentiation visualized by human embryonic stem cell-line carrying rat tyrosine hydroxylase-EGFP transgene. 第 42 回日本毒性学会、神戸（2014）7 月 4 日
2. Junko Yamane, Sachiyo Aburatani, Satoshi Imanishi, Reiko Nagano, Hideko Sone, **Seiichiroh Ohsako**, and Wataru Fujibuchi. Prediction of Developmental Neurotoxic Effects using Human Pluripotent Stem Cells. The 7th Takeda Science Foundation Symposium on PharmaSciences iPS Cells in Drug Discovery& Development. CiRA International Symposium. Kyoto (2014)

## H. 知的財産権の出願・登録状況

1. 特許取得  
なし
2. 実用新案登録  
なし
3. その他  
なし



**図 1. 安定導入 ES 細胞作製方法と Nested PCR によるレポーター遺伝子の確認。**

PTAL-R, PTAL-L およびドナーベクターを、ヒト ES 細胞 (KhES1) へ Lipofectamine3000 (Invitrogen 社) でリポフェクションにより遺伝子導入、G418 によるセレクションを行った。作成したクローンについてレポーター遺伝子の導入を Nested PCR により検討した。(A) トランスフェクションおよびクローン化のプロトコル。(B) Nested PCR に用いた各 primer の配列と概略図。(C) Nested PCR による増幅産物の電気泳動。15 クローン中 14 クローンにおいて目的のサイズの 1.3 kbp 付近にバンドが認められたが、同じサイズのバンドが wild type でも認められた。

## ヒト多能性幹細胞バッテリー毒性試験フローにおける不足要素に関する研究

### 研究分担者

藤 淵 航

京都大学 iPS 細胞研究所 教授

#### 研究要旨

複数の株種からなる ES 細胞並びに iPS 細胞に同一環境、同一曝露系を用いた一連の化合物毒性試験技術を実現化する上で、将来的に大きな壁となると考えられる種々の解析法に関して検討した。具体的には 1) シングルセルメチローム解析におけるバイサルファイトロス軽減法、及び、2) 希少データによる多種細胞の遺伝子ネットワーク推定法について研究を行った。これらの基礎技術は次世代の高性能な大規模ヒト幹細胞毒性試験システムを構築するために大変重要な構成要素であり、特に従来の遺伝子ネットワーク解析で課題となっていた実験データ数を軽減可能であることが示唆された。

#### A. 研究目的

本研究は、平成 21 年度～平成 23 年度に実施した当研究グループのヒト毒性化学物質の機械学習による高精度な判別分析の結果を踏まえた後継プロジェクトであり、ハイスループットの毒性試験を実現するための多能性幹細胞バッテリーシステムを開発するものである。分担研究者である我々のグループは幹細胞や分化細胞からのマルチプロファイリングデータを受け取り、ベイズ統計に基づく多因子ネットワーク構造の推定を行うと共に、サポートベクター回帰を用いて毒性物質の晩発影響を予測するインフォマティクス手法を開発し、iPS 細胞研究所の利点を活かした新しい細胞解析技術を開発することを目標としている。特に今年度は残された重要課題である「シングルセルメチローム解析」の実現と、遺伝子数の約 4 倍の実験データが必要であったベイジアンネットワークのコスト削減のための情報解析手法について検討を行った。

#### B. 研究方法

1) シングルセルメチローム解析におけるバイサルファイトロス軽減法の検討

化合物毒性試験技術をより高精度で実現化するには、トランスクリプトームだけでなく、メチロームによる測定も重要視されている。近年、特に毒性物質がエピゲノム状態の変化をもたらすことで毒性発現が観測されている可能性が示唆されている。より多種類の ES/iPS 細胞を、同一環境、同一曝露系による一連の毒性試験を実現するには、シングルセルレベルでのメチローム解析が重要である。しかしながら、バイサルファイト処理を行う段階でのランダムニックングが DNA を破壊し、十分な収量が得られないことが問題となっており、世界的にもシングルセルメチロームの論文が殆ど出版されていない状況にある。我々は、昨年度より、バイサルファイトロスを軽減する手法を設計し、従来、捨てられてしまう核酸配列の再利用に取り組んだ。

2) 希少データによる多種細胞の遺伝子ネットワーク推定法の開発

RT-PCR やマイクロアレイ等遺伝子発現データを用いた遺伝子ネットワークを推定し、これを用いて毒性予測を行うことは従来に比べて予測の高性能化をもたらすことが我々の研究で確かめられたが、遺伝子ネットワークの推定には大量の実験データ

を必要とし、毒性試験システムの大規模化に大きな障壁となっていた。このため、各種細胞毎で得られた実験データが希少であっても、全細胞種では相当なデータ数が得られることを利用してコンセンサスネットワークを生成し、そこから逆に解析したい細胞種を除去することで生じる遺伝子ネットワークへの影響を測定する「サブトラクティブネットワーク」の手法を開発した。

### （倫理面への配慮）

京都大学医学研究科では「医の倫理委員会」を通してその倫理面の審査を行っている。共同研究者から得られる遺伝子発現データの情報解析については、倫理委員会で承認の必要がないと判断され、倫理面での問題はない。また、今回の ES 細胞及び iPS 細胞の実験利用についても、我々が所属する iPS 細胞研究所で提出している「ヒト ES 細胞からの血球・神経分化に関する研究」に内包され、また iPS 細胞の所内利用指針に基づいて研究を行っているため倫理面での問題はない。

また、今年度から開始された「倫理審査状況及び利益相反の管理について」の所属機関長からの書類を厚生労働大臣宛て提出している。

## C. 研究結果

### 1) シングルセルメチローム解析におけるバイサルファイトロス軽減法の検討

分担研究者らが 2 年前に開発した ES 細胞株 (WA09)、iPS 細胞株 (201B-7, 305A-1, 409B-2)、MSC 等を用いたマルチプレックスシングルセルトランスクリプトーム法に続き、マルチプレックスシングルセルメチローム法のプロトコル設計に取り組んだ。本プロトコルはマルチプレックスシングルセル解析のため、未だに関連する決定的な論文がなく独自に開発する必要があり、発表済みの「シングルセルメチローム解析」及びバイサルファイト処理とフラグメント化の順番を入れ替えた「RRBS 法」(Gu et al. 2012) と「PBAT 法」(Miura et al. 2012)

を基軸としてプロトコルの設計を行った。図 1a にその概略を示す（特許未申請のため完全記載は省略）。また、本手法により、従来の RRBS 法でバイサルファイト時に損失のあった核酸配列を回収できる系の確立を試みた。シングルセルメチロームに関しては収量獲得が非常にシビアな課題となる。各ステップ間の精製は細胞集団を対象とする場合はカラムを用いることが出来るが、シングルセルではビーズによる精製が主流である。本研究でもビーズによる精製の検討、また、バイサルファイト処理後のロス軽減を目指し特殊な酵素を用い検討を重ね、レスキューを行わない場合と比べ回収率の上昇が認められた（図 1b）。

### 2) 希少データによる多種細胞の遺伝子ネットワーク推定法の開発

現在マルチプレックスシングルセル RNA-seq では一度に 8 種の細胞からそれぞれ 12 データずつ、計 96 データの取得が可能である。従来のベイジアンネットワーク推定では、1 種の細胞で  $12/4=3$  遺伝子程度でのネットワークしか推定が可能でなかった。今回、全 96 データから、 $96/4=24$  であるため、26 の幹細胞維持や分化に必要な遺伝子について「コンセンサスネットワーク」推定を行った（図 2a）。さらに、そこから脂肪細胞 12 データを削除した場合の「サブトラクティブネットワーク」推定を行った（図 2b）。

## D. 考察

シングルセルトランスクリプトーム解析は前年度までに技術的にもほぼ確立し、同時に数種類の細胞株について解析できるようになった。シングルセルメチロームについては現時点ではまだマルチプレックスに対応出来る系は確立されておらず、また、ゲノムを対象とするため、バイサルファイト処理を行うことで生じる核酸配列の損失をいかに回復させられるかということが大きな課題となる。今年度行ったマルチプレックスシングルセルメチローム解析のプロトコルは、ある程度再現性良く回収出来

る系が確立されることが示唆され、今後更にこの技術を用いて細胞を対象とした重要な知見が得られると期待させる結果が得られた。

毒性試験において、従来、各化合物について遺伝子数の約4倍の実験データが必要であったが、この手法を用いると実験データが化合物の数だけ倍増するという利点がある。例えば、20化合物でそれぞれ40データしかない場合、これまで各化合物で10遺伝子しかネットワーク推定ができなかったが、本手法を用いると200遺伝子のコンセンサスネットワークを推定でき、1化合物を除去した場合190遺伝子のネットワークとなる。おそらく100遺伝子もあれば詳細な推定が可能であると考えられるため、半分の20データでも可能であり、マイクロアレイに換算すると、20化合物×20データ=400枚程度で十分テスト予測系の構築が可能であると示唆された。

## E. 結論

昨年度の報告書で重要と判明したシングルセルメチローム解析法のプロトコルの開発で、最も核心となる核酸配列の回収を可能とした。また、希少データでもES/iPS細胞を一度に遺伝子ネットワーク推定するサブトラクティブネットワーク手法の有効性が示唆された。

## F. 健康危険情報

該当無し

## G. 研究発表

### 1. 論文発表

- 山根順子、丸山徹、**藤淵航**、単細胞技術に基づくiPS細胞の標準化、生体の科学、65(2): 154-158 (2014).
- Wong PS, Tanaka M, Sunaga Y, Tanaka M, Taniguchi T, Yoshino T, Tanaka T, **Fujibuchi W**, Aburatani S. Tracking difference in gene expression in a time-course experiment using gene set enrichment analysis, *PLoS One*, 9(9): e107629 (2014).
- Akiyama H, Ueda Y, Nobumasa H, Ooshima H, Ishizawa Y, Kitahiro K, Miyagawa I, Watanabe K, Nakamura T, Tanaka R, Yamamoto N, Nakae H, Kawase M, Gemma N, Sekiguchi Y, **Fujibuchi W**, Matoba R. A set of external reference controls/probes that enable quality assurance between different microarray platforms, *Analytical Biochemistry*, 472: 75-83 (2015).
- 加藤有己、桜井都衣、**藤淵航**。「ヒト細胞からのビッグデータの情報管理と情報解析技術」ビッグデータの収集、調査、分析と活用事例 pp.249-254 (2014)。(書籍)
- 藤淵航**。「iPS細胞からのビッグデータの情報セキュリティと創薬、医療への活用」、生命のビッグデータ利用の最前線、176-184 (2014)。(書籍)

### 2. 学会発表

- Junko Yamane, Sachiyo Aburatani, Satoshi Imanishi, Hiromi Akanuma, Reiko Nagano, Tsuyoshi Kato, Hideko Sone, Seiichiroh Ohsako, and **Wataru Fujibuchi**. Prediction of Developmental Chemical Toxicity by Support Vector Machines with Gene Networks in Human Embryonic Stem Cell Validation System, The 18th Takeda Science Foundation Symposium on Biocience, 2015, January, Osaka.
- Kunie Sakurai, Junko Yamane, Kenta Kobayashi, Koji Yamanegi, Takeaki Taniguchi, Yuki Kato and **Wataru Fujibuchi**. Stem Cell Informatics Database: a framework for a new repository on single cell assay data and diverse knowledge of human cells. GIW/ISCB-Asia 2014, December, Tokyo.
- Wataru Fujibuchi**. SHOGoin- Human omics database for the generation of iPS and normal cells, poster presentation at Systems Biology: Global Regulation of Gene Expression, Cold Spring Harbor Laboratory, 2014, March, New York.



厚生労働科学研究費補助金（化学物質リスク研究事業）  
研究分担報告書

4. Junko Yamane, Michihiro Tanaka, **Wataru Fujibuchi**, Standardization of human iPS and ES cells using single-cell transcriptome analysis, poster presentation at Systems Biology: Global Regulation of Gene Expression, Cold Spring Harbor Laboratory, 2014, March, New York. ワークを活用した化学物質の毒性評価と細胞分化解析への応用、第5回ヒトES細胞使用研究倫理研修会、国立環境研究所、2014年、3月、茨城
5. Michihiro Tanaka, Junko Yamane, Kenichi Tanaka, Kenta Kobayashi, **Wataru Fujibuchi**. Bioinformatics resources for cell standardization at single-cell resolution, poster presentation at The 7<sup>th</sup> Takeda Science Foundation Symposium on PharmaSciences, Center for Learning and Innovation (CLI) Takeda Pharmaceutical Company Ltd., 2014, January, Osaka. **H. 知的財産権の出願・登録状況**
6. Junko Yamane, Sachiyo Aburatani, Satoshi Imanishi, Reiko Nagano, Hideko Sone, Seiichiroh Ohsako, **Wataru Fujibuchi**. Prediction of Developmental Neurotoxic Effects using Human Pluripotent Stem Cells, poster presentation at The 7<sup>th</sup> Takeda Science Foundation Symposium on PharmaSciences, Center for Learning and Innovation (CLI) Takeda Pharmaceutical Company Ltd., 2014, January, Osaka. 1. 特許取得  
無し
7. 【依頼講演】 **藤淵航**、iPS細胞と元素周期表の密接な関係、第296回京都化学者クラブ、京都大学楽友会館、2015年、2月、京都 2. 実用新案登録  
無し
8. 【招待講演】 **藤淵航**、幹細胞インフォマティクス、第6回平成26年度HPCIセミナー「予測する生命科学・医療および創薬基盤」、産業技術総合研究所ゲノム情報研究センター、2014年、11月、東京 3. その他  
無し
9. 【招待講演】 **Wataru Fujibuchi**, "SHOGoiN DB: Insights into the new generation of human omics databases", Workshop: Cell-focused data: Integration, organization, and applications, Johannes Gutenberg-Universität Mainz, Mainz, Germany, Nov. 2014.
10. 【招待講演】 **藤淵航**、幹細胞と遺伝子ネット

厚生労働科学研究費補助金（化学物質リスク研究事業）  
研究分担報告書

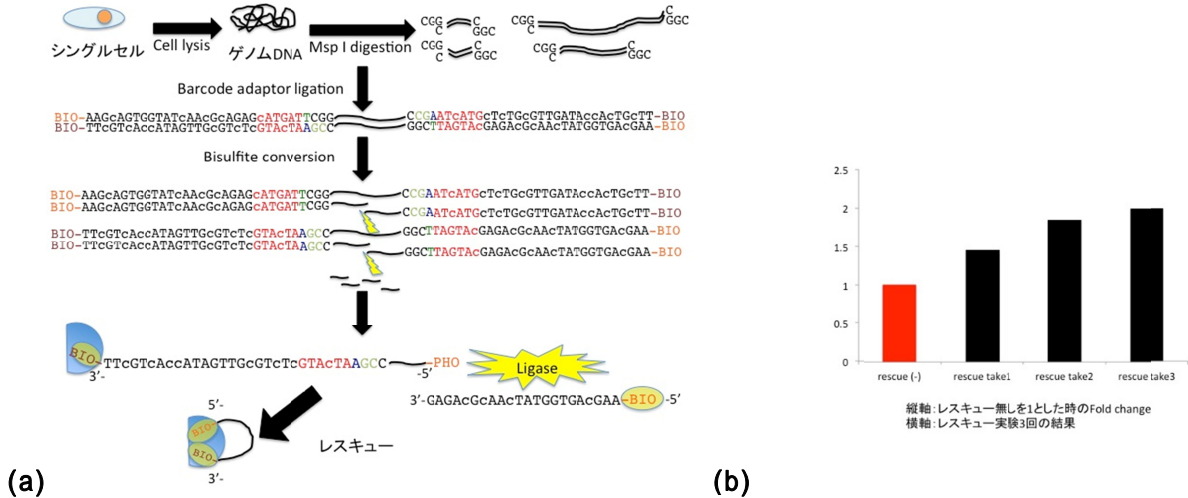


図1：マルチブロックシングルセルメチローム法開発のための核酸配列回収

(a) プロトコルの概略、(b) 核酸配列回収結果。バイサルファイト処理により切断された DNA を ligase 処理して回収すること（詳細は特許未申請のため省略）により、処理しない時に比較して2倍量の DNA 収率が得られた。

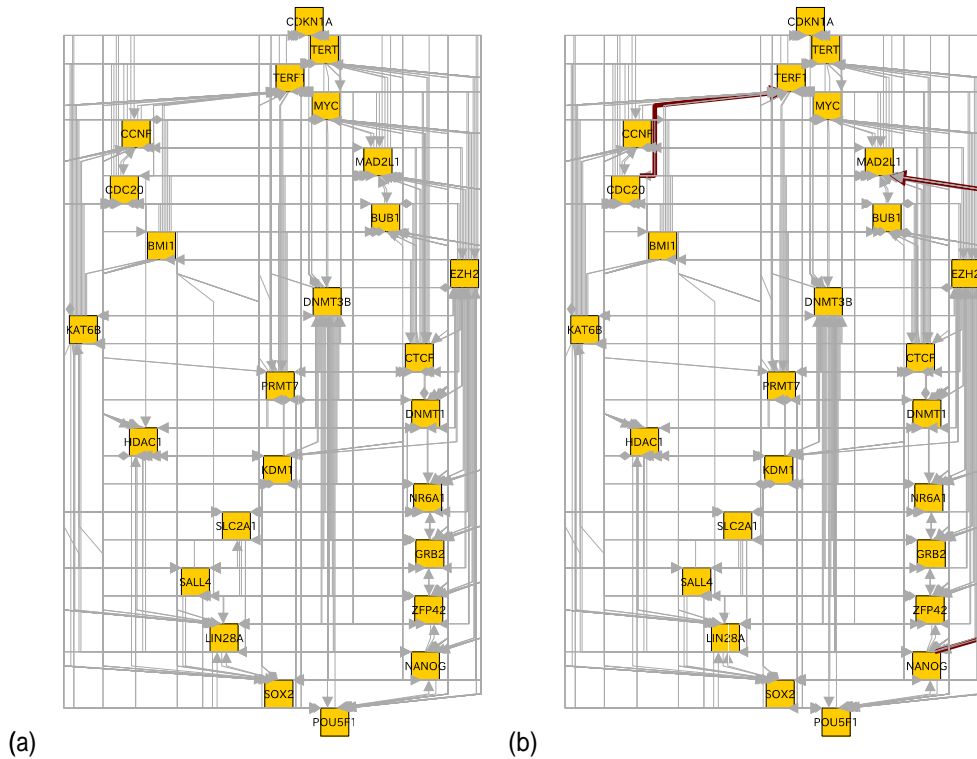


図2：サブラクティブネットワーク推定法による26遺伝子ネットワーク

(a) 8細胞それぞれ12データ、計96データを用いたベイジアンネットワーク推定法によるコンセンサスネットワーク、(b) 脂肪細胞12データを除去した場合のネットワーク。脂肪細胞を除去することにより、どのエッジも特徴がなかったコンセンサスネットワークから、2つのエッジに強い正の依存性があるネットワークが発見された。このエッジは脂肪細胞が加わることで攪乱されたことが示唆される。

