

厚生労働科学研究委託費
委託業務成果報告（分担研究報告書）

研究開発課題名：小児固形腫瘍とリプログラミングの破綻：発がん機構解明から臨床応用へ
研究開発分担者 所属：佐賀県医療センター医学研究所
研究開発分担者 役職・氏名：理事長 中川原 章
分担研究開発課題名：神経芽腫発生のエピジェネティクス異常と NCYM の役割

研究要旨：

我々は、MYCNがん遺伝子から *cis*-antisense に読まれた *de novo* evolved gene product である NCYM 蛋白質を見だし、MYCN/NCYM ダブルトランスジェニックマウスに発生する神経芽腫がヒト腫瘍と同様に高頻度に転移を起こすことを報告した (PLoS Genetics, 2014)。しかし、NCYM 蛋白質の細胞内における機能は不明であった。本研究では、NCYM が神経芽腫細胞の中でリプログラミング因子のひとつである OCT4 を発現誘導し、誘導された OCT4 がさらに NCYM 及び MYCN を発現誘導することを見いだした。NCYM 蛋白質には DNA 結合能はないが、MYCN 蛋白質を安定化した。したがって、OCT4 と NCYM/MYCN の間には positive feedback loop が形成されていることを明らかにした。神経芽腫臨床検体を用いた解析から、OCT4 と NCYM 発現レベルは有意に相関し、両者とも予後不良神経芽腫において高発現していたことから、この破綻が新しい治療法の開発に繋がる可能性を示した。

A. 研究目的

申請者は、進行神経芽腫において最も高頻度に増幅されている MYCN がん遺伝子から *cis*-antisense に読まれる *de novo* evolved gene が、ヒトとチンパンジーのみで蛋白質にコードされている NCYM 蛋白質を見いだした (PLoS Genetics, 2014)。さらに、MYCN/NCYM ダブルトランスジェニックマウスに発生する神経芽腫がヒト腫瘍と同様に高頻度に転移を起こすことを報告した (PLoS Genetics, 2014)。NCYM 蛋白質は GSK3b による MYCN 蛋白質のリン酸化を抑制し、そのユビキチン化による分解を抑制することによって、MYCN の安定化をもたらすことを明らかにしたが、その生理学的意義については不明であった。本研究においては、種特異的に存在する NCYM 蛋白が、神経芽腫の幹細胞性及びリプログラミングにおいて果たす役割を明らかにすることを目的とした。

B. 研究方法

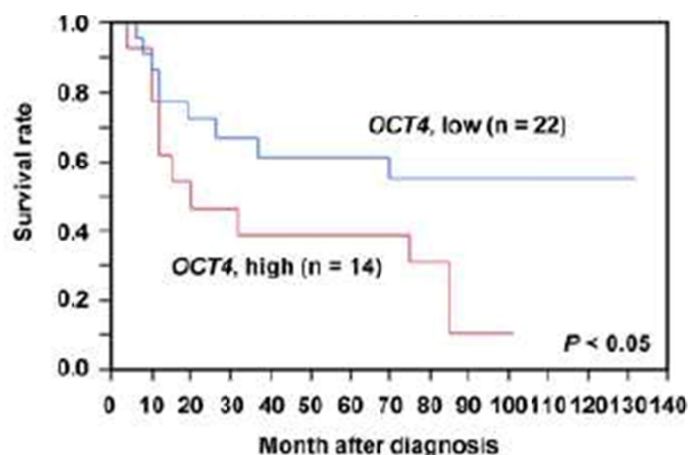
細胞レベルにおける各種遺伝子の機能解析には、標準的な分子生物学的実験手法を用いた。また、主に神経芽腫細胞株および U2OS, HeLa 細胞を用いて遺伝子の transfection を行った。遺伝子の発現抑制には siRNA を用い、蛋白質の細胞内局在は免疫蛍光法によった。腫瘍組織内の蛋白質発現および局在の検索は免疫組織化学によった。遺伝子発現量の測定は定量的 RT-PCR によった。NCYM の DNA 結合能に関しては、クロマチン免疫沈降法を用いて調べた。転写活性化能については、Luciferase reporter assay を用いた。また、特定遺伝子の細胞内 knockdown には shRNA を用いた。さらに、統計解析には、student's t-test, Logrank test, Cox regression analysis を用いた。

(倫理面への配慮)

本研究は、「ヒトゲノム・遺伝子解析研究に関する倫理指針 (2001 年 3 月)」に則って行い、患者および患者家族に不利益が生じないよう万全の対策を講じ、必要な研究は千葉県がんセンターの倫理審査委員会の承認を得て行った。

C. 研究結果

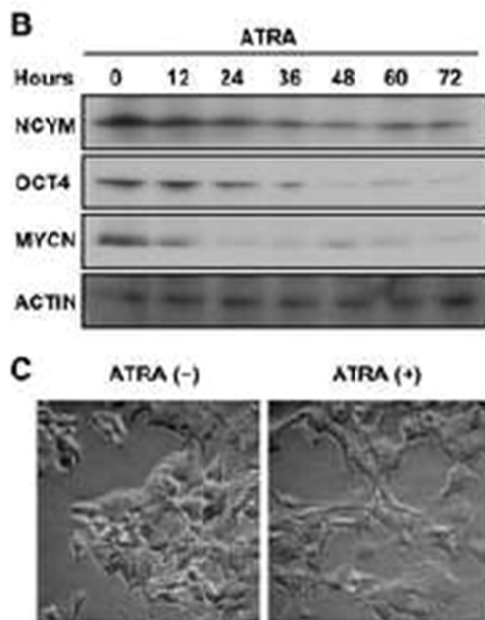
1. 神経芽腫臨床サンプルでの OCT4 発現
神経芽腫の MYCN 増幅 36 症例と非増幅 67 例において OCT4 mRNA の発現レベルを検索した。その結果、MYCN 増幅例においてのみ OCT4 の高発現が神経芽腫の予後の悪さと有意に相関していた。



2. NCYM による MYCN 発現の誘導
神経芽腫サンプルにおいて、NCYM mRNA 発現レベルは OCT4, NANOG の発現と正に相関し、KLF4 の発現とは負に相関した。そこで、NCYM を神経芽腫細胞に過剰発現したところ、OCT4, NANOG, LIN28, SOX2 が発現誘導され、c-MYC, KLF4 は誘導されなかった。次に luciferase reporter assay を行ったとこ

る、OCT4 は MYCN の E-box に結合し、直接転写誘導していた。しかし、OCT4 による NCYM の発現誘導は直接的なものではないと思われた。したがって、NCYM は OCT4 を介して MYCN の発現を誘導しているものと考えられた。

3. 神経芽腫細胞の分化に伴う OCT4/NCYM の低下
神経芽腫細胞 BE(2)-C I-type cells を all-trans retinoic acid (ATRA) で処理すると分化するが、その際に MYCN のみならず NCYM, OCT4, SOX2 の蛋白質レベルでの発現低下が見られた。



D. 考察

本研究によって、OCT4 が MYCN/NCYM と positive feedback loop を形成し、神経芽腫細胞の幹細胞性の維持に関与していることが示唆された。また、OCT4 の発現レベルが MYCN 増幅した神経芽腫においてのみ予後因子となっていたことは興味深かった。OCT4 と MYCN/NCYM の positive feedback loop のメカニズムは、NCYM が MYCN を安定化することにより OCT4 を発現誘導し、OCT4 が MYCN を転写誘導することによって NCYM の発現を高めることによるものと思われた。ATRA による神経芽腫細胞の分化誘導は、この positive feedback loop が壊れることによってもたらされた可能性がある。したがって、NCYM が MYCN 増幅した神経芽腫の悪性化に貢献している理由として、OCT4 による神経芽腫のがん幹細胞性の維持が関与していることが示唆された。ATRA 処理のように、この OCT4-MYCN/NCYM ネットワークを壊すことが悪性度の高い神経芽腫の新しい治療法開発に繋がる可能性がある。このように、神経芽腫においては、NCYM によるリプログラミング因子の制御が悪性度に寄与していることが示唆された。

E. 結論

ヒトとチンパンジーにしか存在しない NCYM 蛋白質が、MYCN 蛋白質を安定化し、リプログラミング因子である OCT4 と positive feedback loop を形成して神経芽腫の悪性化に寄与していることが明らかになった。この機構を破綻させることにより、神経芽腫の新しい治療法開発が可能になることが示唆された。

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

1. 論文発表

Suenaga Y, Islam SMR, Alagu J, Kaneko Y, Kato M, Tanaka Y, Kawana H, Hossain S, Matsumoto D, Yamamoto M, Shoji W, Itami M, Shibata T, Nakamura Y, Ohira M, Haraguchi S, Takatori A, **Nakagawara A**. NCYM, a cis-antisense gene of MYCN, encodes a de novo evolved protein that inhibits GSK3b resulting in the stabilization of MYCN in human neuroblastoma. *PLoS Genet.* 2014 Jan;10(1):e1003996 doi:n10.1371/journal.pgen.1003996

Yu F, Gao W, Yokochi T, Suenaga Y, Ando K, Ohira M, Nakamura Y, **Nakagawara A**. RUNX3 interacts with MYCN and facilitates protein degradation in neuroblastoma. *Oncogene* 33:2601-2609, 2014

Nakamura Y, Suganami A, Fukuda M, Hasan MK, Yokochi T, Takatori A, Sato S, Hoshino T, Tamura Y, **Nakagawara A**. Identification of novel candidate compounds targeting TrkB to induce apoptosis in neuroblastoma. *Cancer Med.* 2014 Feb;3(1):25-35. Doi: 10.1002/cam4.175

Yamazaki F, Nakazawa A, Shimojima N, Tanaka T, **Nakagawara A**, Shimada H. Two cases of neuroblastoma comprising two distinct clones. *Pediatr. Blood Cancer* 61:760-762, 2014

Yamaguchi Y, Takenobu H, Ohira M, Nakazawa A, Yoshida S, Akita N, Shimozato O, Iwama A, **Nakagawara A**, Kamijo T. Novel 1p tumor suppressor DMAP1 regulates MYCN/ATM/p53 pathway. *Eu. J. Cancer* 50:1555-1565, 2014

Morgenstern DA, London WA, Stephens D, Volchenboum S, Hero B, Cataldo AD, **Nakagawara A**, Shimada H, Ambros P, Matthay KK, Cohn SL, Pearson ADJ, Irwin MS. Metastatic neuroblastoma confined to distant lymph nodes (stage 4N) predicts outcome in patients with stage 4 disease: A study from the International Neuroblastoma Risk Group Database. *J. Clin. Oncol.* 32:1228-1235, 2014

Haruta M, Kamijo T, **Nakagawara A**, Kaneko Y. RASSF1A methylation may have two biological roles on neuroblastoma tumorigenesis depending on the ploidy status and age of patients. *Cancer Letters* 348:167-176, 2014

Tomiya A, Uekita T, Kamata R, Sasaki K, Takita J, Ohira M, **Nakagawara A**, Kitanaka C, Mori K, Yamaguchi H, Sakai R. Flotillin-1 regulates oncogenic signaling in neuroblastoma cells by regulating ALK membrane association. *Cancer Res.* 74:3790-3801, 2014

Shimozato O, Waraya M, Nakashima K, Soda H, Takiguchi N, Yamamoto H, Takenobu H, Uehara H, Ikeda E, Matsushita S, Kubo N, **Nakagawara A**, Ozaki T, Kamijo T. Receptor-type

protein tyrosine phosphatase directly dephosphorylates CD133 and regulates downstream AKT activation. *Oncogene* Jun 2. Doi: 10.1038/onc2014.141

Meany HJ, London WB, Ambros PF, Matthay KK, Monclair T, Simon T, Garaventa A, Berthold F, Nakagawara A, Cohn SL, Pearson ADJ, Park JR. Significance of clinical and biologic features in stage 3 neuroblastoma: A report from the International Neuroblastoma Risk Group project. *Pediatr. Blood Cancer* 61:1932-1939, 2014

Vo KT, Matthay KK, Neuhaus J, London WB, Hero B, Ambros PF, Nakagawara A, Miniati D, Wheeler K, Pearson ADJ, Cohn SL, DuBois SG. Clinical, biological, and prognostic differences on the basis of primary tumor site in neuroblastoma: a report from the international neuroblastoma risk group project. *J. Clin. Oncol.* 32: 3169-3176, 2014

Oberthuer A, Juraeva D, Hero B, Volland R, Carolina S, Schmidt R, Faldum A, Kahlert Y, Engesser A, Asgharzadeh S, Seeger RC, Ohira M, Nakagawara A, Scaruffi P, Tonini GP, Janoueix-Lerosey I, Delattre O, Schleiermacher G, Vandesompele J, Speleman F, Noguera R, Piqueras M, Benard J, Valent A, Avigad S, Yaniv I, Grundy RG, Ortmann M, Shao C, Schwab M, Eils R, Simon T, Theissen J, Berthold F, Westermann F, Brors B, Fischer M. Revised risk estimation and treatment stratification of low- and intermediate-risk neuroblastoma patients by integrating clinical and molecular prognostic markers. *Clin. Cancer Res.* 2014 Sep 17.pil: clincanres.0817.2014

Akter J, Takatori A, Islam MS, Nakazawa A, Ozaki T, Nagase H, Nakagawara A. Intracellular fragment of NLRR3 (NLRR3-ICD) stimulates ATRA-dependent neuroblastoma differentiation. *Biochem Biophys Res Commun.* 453:86-93, 2014

Tatsumi Y, Takano R, Islam MS, Yokochi T, Itami M, Nakamura Y, Nakagawara A. BMCC1, which is an interacting partner of BCL2, attenuates AKT activity, accompanied by apoptosis. *Cell Death and Disease*, 2014 (Accepted).

Pinto N, Applebaum MA, Volchenboun SL, Matthay KK, London WB, Ambros PF, Nakagawara A, Berthold F, Schleiermacher G, Park JR, Valteau-Couanet D, Pearson ADJ, Cohn SL. Advances in risk classification and treatment strategies for neuroblastoma. *J. Clin. Oncol.*, 2014 (Accepted).

H. 知的財産権の出願・登録状況（予定を含む。）
なし

厚生労働科学研究委託費
委託業務成果報告（分担・業務項目）

研究開発課題名：小児固形腫瘍とリプログラミングの破綻：発がん機構解明から臨床応用へ
研究開発分担者 所属：京都大学iPS細胞研究所・初期化機構研究部門
研究開発分担者 役職・氏名：教授 山田 泰広
分担研究開発課題名：小児がん発生と細胞初期化に関する研究

研究要旨：

人工多能性幹細胞（iPS 細胞）作製の過程においてリプログラミングに失敗した細胞から小児がんに類似したがんが発生する事実をマウスで発見した（Cell, 2014）。本研究では、この知見をもとに、ヒト小児芽腫発生における細胞初期化の関与について検討する。ヒト小児芽腫の網羅的遺伝子発現をヒト多能性幹細胞の遺伝子発現パターンと比較することで、小児芽腫と多能性幹細胞との類似性を調べるとともに、初期化失敗マウス腫瘍との比較を行い、小児芽腫発生における細胞初期化の関連についての検討を行う。またヒト小児がん細胞株を用いて初期化因子を導入することで、小児がん細胞の性質変化の誘導を試みるとともに、治療応用への可能性を検討する。

A. 研究目的

申請者は、人工多能性幹細胞（iPS 細胞）作製の過程においてリプログラミングに失敗した細胞から小児芽腫に類似するがんが発生する事実をマウスで発見した（Cell, 2014）。不完全な細胞初期化により生じた腎臓、肝臓、膵臓は、それぞれ腎芽腫、肝芽腫、膵芽腫に類似していた。小児がん発生における細胞初期化の関与が示唆された。本研究では、ヒト小児がん検体を用いて、多能性関連因子の発現やエピジェネティクス修飾状態を解析し、多能性幹細胞との類似性を明らかにすることで、小児がん発生における細胞初期化の関与を検討する。さらに、ヒト小児がん細胞株に初期化因子を導入することで、小児がん細胞の性質変化の誘導を試みるとともに、治療応用への可能性を検討する。

本研究班における研究目的を以下の通り設定した。

リプログラミングという観点から小児発がんメカニズムの解明を目指す。

細胞分化制御による小児がん治療の可能性を検討する。

B. 研究方法

1. ヒト小児がん検体における、多能性幹細胞との類似性の検討

ヒト Wilms 腫瘍検体の網羅的遺伝子発現パターンにおいて、ヒト多能性幹細胞との類似性が認められている（Cell, 2014）。本年度は、公開されているヒト肝芽腫の網羅的遺伝子発現データを用いて、ヒト肝芽腫とヒト多能性幹細胞の類似性を検討した。

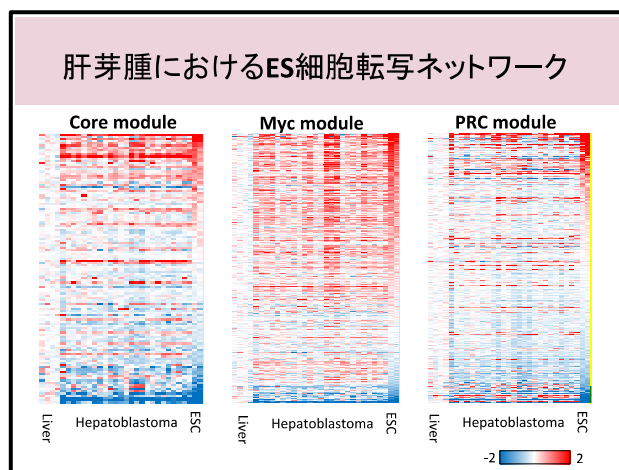
2. ヒト小児がん細胞株への細胞初期化因子の導入

ヒト小児がんにおいても、完全初期化が可能であることを検討した。Wilms 腫瘍、神経芽腫、ラブドイド腫瘍細胞株に piggyBac トランスポゾンを用いて、ドキシ

サイクリン誘導性初期化遺伝子を導入した。各細胞株にドキシサイクリン処理により初期化因子を誘導した後に、細胞形態の変化を観察するとともに、細胞初期化マーカー遺伝子の発現を調べることで、小児がん細胞株の初期化を検討した。早期細胞初期化マーカーとして PODXL の発現を検討した。

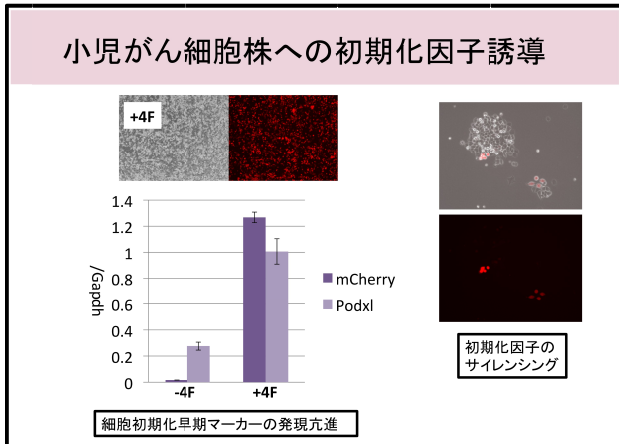
C. 研究結果

1. ヒト肝芽腫およびヒト多能性幹細胞の網羅的遺伝子発現データを用いて、肝芽腫と多能性幹細胞の類似性を検討した。多能性幹細胞の転写ネットワークにおける3つの異なる転写モジュールを用いて、2者を比較検討した。肝芽腫では多能性幹細胞における Myc モジュールが活性化していることが分かった。また、多能性維持に関わる Core モジュールも一部で活性化していることが示唆された。肝芽腫と多能性幹細胞の類似性が明らかとなった（下図）。



2. 不完全な細胞初期化によるマウスがん細胞は、完全初期化により非腫瘍性の体細胞に分化可能であることが示されている。Wilms 腫瘍、神経芽腫、ラブド

イド腫瘍細胞株に、初期化因子誘導可能遺伝子を導入した。初期化因子発現誘導により、がん細胞株は形態を変化させ、細胞初期化の早期マーカーPODXLの発現誘導が確認された。しかしながら、初期化因子は約1週間後にはサイレンシングされ、持続的な遺伝子誘導が不可能であり、完全ながん細胞株の初期化は不可能であった(下図;ラブroid腫瘍株における初期化因子誘導)。



D. 考察

ヒト Wilms 腫瘍検体と同様にしてヒト肝芽腫においても網羅的遺伝子発現パターンが、ヒト多能性幹細胞と部分的に類似することが明らかとなった。今回は一般に公開されている遺伝子発現データを利用したが、今後は JCCG に登録された小児がん検体を、他の班員と共同で解析予定である。特に網羅的な遺伝子発現パターンについて、肝芽腫(檜山先生)および Wilms 腫瘍(金子先生、大喜多先生)における多能性幹細胞との類似性を比較検討したい。得られた結果は JCCG 臨床情報との関連を検討し、小児発がんメカニズムの解明や予後予測等への発展を目指す。

小児がん細胞に初期化因子を誘導することで、部分的な細胞の初期化が誘導されることが明らかとなった。一方で、完全な細胞初期化は困難であった。今後は、初期化されたヒト小児がん細胞株の性質変化を検討する。

E. 結論

ヒト Wilms 腫瘍検体と同様にしてヒト肝芽腫においても、一部で多能性幹細胞との類似性が認められることが明らかとなった。また、小児がん細胞株は初期化因子誘導によって部分的に初期化されることが確認された。更なる解析によって、ヒト小児芽腫発生における細胞初期化の関与について検討するとともに、小児がん細胞の分化制御を試み、治療応用への可能性を検討したい。

F. 健康危険情報
なし

G. 研究発表

1. 論文発表

Ohnishi K, Semi K, Yamamoto T, Shimizu M, Tanaka A, Mitsunaga K, Okita K, Osafune K, Arioka Y, Maeda T, Soejima H, Moriwaki H, Yamanaka S, Woltjen K, **Yamada Y***. Premature termination of reprogramming in vivo leads to cancer development through altered epigenetic regulation. *Cell*. 2014 156(4):663-77.

Yamada Y, Haga H, **Yamada Y***. Concise Review: Dedifferentiation Meets Cancer Development: Proof of Concept for Epigenetic Cancer. *Stem Cells Transl Med*. 2014 Oct;3(10):1182-7.

Matsuda Y, Semi K, **Yamada Y***. Application of iPS cell technology to cancer epigenome study: Uncovering the mechanism of cell status conversion for drug resistance in tumor. *Pathol Int*. 2014 Jul;64(7):299-308.

Ohnishi K, Semi K, **Yamada Y***. Epigenetic regulation leading to induced pluripotency drives cancer development in vivo. *Biochem Biophys Res Commun*. 2014 Dec 5;455(1-2):10-15.

2. 学会発表

Yamada Y. Nature Conference, Nuclear Reprogramming and the Cancer Genome 2014, Guangzhou, China, October 31-November 2, 2014

Yamada Y. ADVANCES IN NEUROBLASTOMA RESEARCH, Colonge, Germany, May 13-16, 2014

Yamada Y. 8th International Cell Therapy Conference, Seoul, Korea, October 23, 2014.

H. 知的財産権の出願・登録状況(予定を含む)
なし

厚生労働科学研究費委託費（**革新的がん医療実用化研究事業**）

分担研究報告書

分担研究「腎芽腫の発生や進展を制御する標的分子の同定」

分担研究者 金子 安比古 埼玉県立がんセンター臨床腫瘍研究所 参与

研究要旨 腎芽腫は生物学的に不均一な疾患である。JWiTS に登録された腎芽腫 124 例を対象にして、SNP アレイ CGH, WT1, IGF2 異常を解析した。その結果、5 群に分類可能であった。WT1 野生型 CGH 正常型 S1 群は部分初期化腎芽腫マウスモデルと、WT1 野生型 CGH 異常型 IGF2-L01 群（S5）は miRNA 生合成遺伝子異常型腎芽腫と類似していると仮説をたて、それぞれの関係を実証する研究の基盤を作った。

A. 研究目的

これまで腎芽腫の発生機構について、WT1 と IGF2 遺伝子を中心に解明が進められてきた。1) 最近、miRNA 生合成に関係する遺伝子変異が腎芽腫に報告されたので、その異常を解析し、従来解明された機構との関係を明らかにする。2) 部分初期化によりマウスに腎芽腫を発生可能という現象が、ヒト腎芽腫に当てはまるかどうか、発現・メチル化解析により検討する。3) 腎芽腫細胞株を用いて部分初期化と腫瘍悪性化との関係を明らかにする。以上の3点を解明することにより、腎芽腫の発生や進展を制御する標的分子を同定し、予後予測や治療の標的になるバイオマーカーを確立する。

B. 研究方法

日本腎芽腫スタディーグループ（JWiTS）で収集した腎芽腫検体 124 例を対象にして、SNP アレイ CGH 解析による 11p uniparental disomy (UPD) と染色体異常の解析、WT1 遺伝子変異解析、H19-DMR の COBRA 解析による IGF2-H19 領域のメチル化状態の解析を実施した。

（倫理面への配慮）検体を研究に使用することについて、親から文書で同意を得た。

C. 研究結果

WT1 異常の有無により、WT1 変異腫瘍 43 例（S2 群）、WT1 野生型腫瘍 81 例に分類した。次に、81 例を染色体異常の有無により、異常のない 14 例（S1 群）と異常ありの 67 例に分類した。この 67 例を IGF2 のインプリント状態により、インプリント正常群（S3

群、R01) 13 例、IGF2-UPD 群(S4 群) 26 例、インプリント消失群(S5 群、L01) 28 例に分類した。患者年齢は S1 群が 14 カ月で最年少、S5 群が 57 カ月で最年長、S2, S3, S4 群は 23-29 カ月で両群の間であった。

D. 考察

S1 群は患者年齢が最も若く、ゲノム異常を認めないので、山田等のマウスモデルと同様に、部分初期化により腎芽腫が発生した可能性がある。今後、網羅的発現・メチル化解析を実施する。S5 群の腫瘍 CGH パターンを分析すると、miRNA 生合成経路に関わる LET7A2, LET7C, DIS3L2 などの遺伝子部位に一致して染色体欠失を示す腫瘍がみられた。DNA メチル化制御遺伝子群と Polycomb 遺伝子群はエピジェネティック異常に関与しているので、両群の遺伝子異常をもつ腫瘍は、同じエピジェネティック異常の原因となる miRNA 異常をもっている群と一致すると予想した。そこで、S5 群を対象にしてターゲットキャプチャー法により、DNA メチル化制御遺伝子群と Polycomb 遺伝子群について変異解析を実施し、両者の関係を明らかにする予定である。

E. 結論

腎芽腫は生物学的に不均一な疾患である。腎芽腫の発生に強く関与することが分かっている WT1 および IGF2 遺伝子の解析と SNP アレイ CGH 解析を行い、5 群に分類した。S1 群は部分初期化腎芽腫発生マウスモデルと、S5 群は miRNA 生合成遺伝子異常腎芽腫

と類似した特徴を示したので、次年度以降、それぞれ対になるとの仮説をたて、実証する研究を行う。

F. 健康危険情報

該当しない。

G. 研究発表

1. 論文発表

1. Kumon K, Kaneko Y. Social and biological factors influencing the outcomes of children with Wilms tumors in Kenya and other Sub-Saharan countries. *Transl Pediatr.* 3:42-46, 2014.
2. Oue T, Koshinaga T, Okita H, Kaneko Y, Hinotsu S, Fukuzawa M. Bilateral Wilms tumors treated according to the Japan Wilms Tumor Study Group protocol. *Pediatr Blood Cancer.* 61:1184-1189, 2014.
3. Haruta M, Kamijo T, Nakagawara A, Kaneko Y. RASSF1A methylation may have two biological roles in neuroblastoma tumorigenesis depending on the ploidy status and age of patients. *Cancer Letters.* 348:167-176, 2014.
4. Izumi H, Kaneko Y. Trim32 facilitates degradation of MYCN on spindle poles and induces asymmetric cell division in human neuroblastoma cells. *Cancer Res* 74:5620-5630, 2014
5. Izumi H, Kaneko Y. Symmetry breaking in human neuroblastoma cells. *Mol Cell*

Oncol. 1, e968510, 2014.

6. Kaneko Y, Okita H, Haruta M, Arai Y, Oue T, Tanaka Y, Horie H, Hinotsu S, Koshinaga T, Yoneda A, Ohtsuka Y, Taguchi T, Fukuzawa M. A high incidence of WT1 abnormality in bilateral Wilms tumors in Japan, and the penetrance rates in children with WT1 germline mutation. Brit J Cancer, 2015 Feb 17 ahead of print

2. 学会発表

1. Kaneko Y, Okita H, Haruta M, Arai Y, Oue T, Koshinaga T, and Fujiwara Y. Parental Inheritance and WT1 abnormality types may affect the penetrance rate of hereditary Wilms tumor. Am Soc Hum Genet 64th Ann Meet Oct 2014 San Diego, CA, USA
2. 金子安比古、大喜多肇、春田雅之、新井康仁、大植孝治、越永従道、福澤正洋：WT1 遺伝子異常タイプとその親由来が遺伝性

Wilms 腫瘍の浸透率に影響する。日本人類遺伝学会第 59 回大会。2014.11. 東京都
3. Kaneko Y, Okita H, Haruta M, Arai Y, Oue T, Koshinaga T, Yoneda A, Ohtsuka Y, Fukuzawa M. Parental inheritance and WT1 abnormality types may affect the penetrance rate of hereditary Wilms tumor. 第 56 回日本小児血液・がん学会。2014.11. 岡山市

H. 知的財産権の出願・登録状況

(予定を含む。)

1. 特許取得

なし

2. 実用新案登録

なし

3. その他 なし

厚生労働科学研究委託費
委託業務成果報告(分担・業務項目)

研究開発課題名: 小児固形腫瘍とリプログラミングの破綻: 発がん機構解明から臨床応用へ
研究開発分担者 所属: 京都府立医科大学大学院医学研究科/小児発達医学・小児腫瘍学
研究開発分担者 役職・氏名: 教授 細井 創
分担研究開発課題名: 胞巣型横紋筋肉腫細胞における筋最終分化の誘導と治療法の開発

研究要旨:

胞巣型横紋筋肉腫 (ARMS) に発現しているPAX3-FOXO1Aキメラ遺伝子ノックダウンによって、ARMS細胞の分化を誘導できることを見いだしており(細井ら、未発表)、この系におけるゲノムのメチル化解析とヒストン修飾解析を行い、腫瘍発生の意義を探索するとともに、分化誘導療法の開発を目指す。

A. 研究目的

横紋筋肉腫(RMS)は小児で最も多い軟部肉腫であり、
二大組織亜型の一つである胞巣型横紋筋肉腫(ARMS)、
特にその特異的キメラ遺伝子 PAX3-FOXO1 の発現を認
めるものの予後は依然不良である。すでに我々は
PAX3-FOXO1 が ARMS 発生に重要な働きを持つことをマ
ウスモデルを用い示してきた。また、発生後の腫瘍細胞
においても、PAX3-FOXO1 が腫瘍悪性度の維持に必要
であることを示してきた。しかし興味深いことに、
PAX3-FOXO1 ノックダウンのみでは最終筋分化を誘導
することができず、腫瘍発生後に何らかのエピジェネ
ティックな変化が起きていることが示唆される。我々は
すでに、ARMS 細胞株 3 例/5 例で H19 DMR にメチレ
ーション異常があることを確認している(未発表デー
タ)。また、PAX3-FOXO1 ノックダウンした細胞の
CDK4/6 を阻害すると筋最終分化が誘導できることを
確認している(未発表

データ)。今回の研究の目的は PAX3-FOXO1 が腫瘍の
分化抑制にどのように働いているかを、リプログラミング
、エピジェネティックな制御、特に CDK4/6-Rb pathway
のエピゲノムな制御に注目し ARMS の筋最終分化誘導
の機序を解明することである。今回我々は、
PAX3-FOXO1 ノックダウンと CDK4/6 活性阻害を組み合
わせることによって ARMS 細胞の筋最終分化を誘導で
きることを予備実験で発見した。この分化モデルは
ARMS の病態解明に用いることができるのみならず、
RMS 初の分化誘導療法の研究に大変有用であると考
えられる。

B. 研究方法

ARMS 細胞における筋最終分化の確認

1. PAX3-FOXO1A ノックダウン ARMS 細胞に CDK4/6 活
性阻害剤である PD 0332991 を投与、または CDK4/6
siRNA をトランスフェクションし、倒立顕微鏡での形
態変化、western blot での MRFs 蛋白の変化、蛍光免
疫染色法での Myosin heavy chain 染色の変化を確認
する。

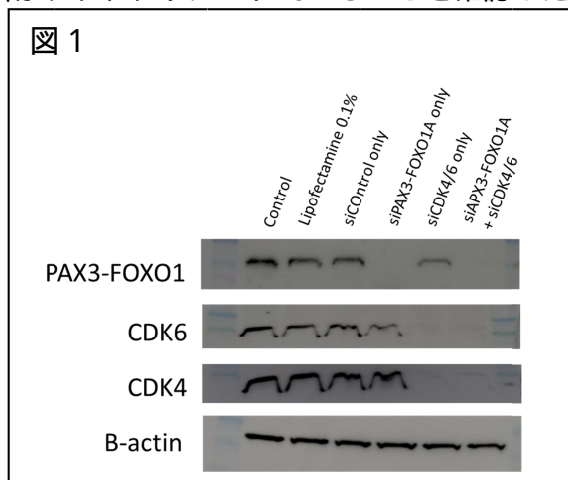
2. shPAX3-FOXO1 レンチウイルスベクターを用い

PAX3-FOXO1A 安定ノックダウン株を作成する。

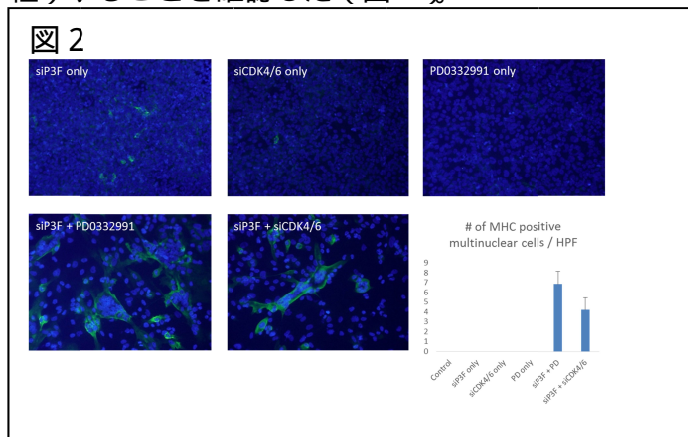
C. 研究結果

ARMS 細胞における筋最終分化の確認

1. PAX3-FOXO1 陽性ヒト ARMS 細胞株 Rh30 に
siPAX3-FOXO1 または siCDK4/6 をトランスフェクト、
ウエスタンブロットで効率的、特異的にそれぞれの蛋
白がノックダウンされていることを確認した(図 1)。

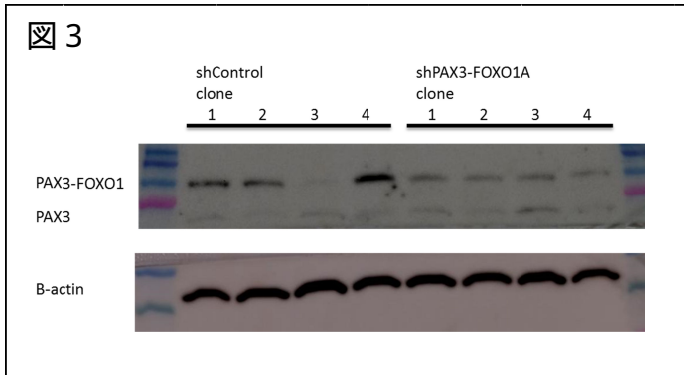


2. PAX3-FOXO1 かつ siCDK4/6 ノックダウン ARMS 細胞
が筋最終分化(多核化、Myosin heavy chain 染色陽
性)することを確認した(図 2)。



3. PAX3-FOXO1 ノックダウン ARMS 細胞に CDK4/6 活性阻害剤である PD 0332991 を投与することで筋最終分化（多核化、Myosin heavy chain 染色陽性）することを確認した（図 2）。

4. shPAX3-FOXO1 発現レンチウイルスを PAX3-FOXO1 陽性ヒト ARMS 細胞株 Rh30 に感染させることで、PAX3-FOXO1 安定ノックダウン株の作成に成功した（図 3）。



D. 考察

我々は、すでに ARMS が筋芽細胞から発生できること、PAX3-FOXO1 の発現がエピジェネティックな制御を受けていることが示唆される結果を報告している。また、Rb 蛋白の発現量が筋芽細胞に比べて少ないことを報告している。これらの結果は、ARMS 腫瘍発生後にエピジェネティックな制御により分化が抑制されており、さらにこの制御を調節することで再び分化が誘導できることを示唆していると考えられる。実際、今回のモデル（PAX3-FOXO1 および Rb の活性阻害）では筋最終分化が誘導できた。今後、このモデルを用い、ARMS の分化制御をエピゲノムの点から解明していきたいと考えている。また、さらに臨床応用のために、薬剤のみによる分化誘導の検索、マウス xenograft モデルを用いた抗腫瘍効果の検討につなげていきたい。

E. 結論

本助成金を得て行う研究は、化学療法や集学的治療の進歩にもかかわらず、ここ 30 年来治療成績の改善をみない難治性小児がんの新しい治療薬・治療方法の開発に飛躍的な成果をもたらすものと期待できる。また、本研究により開発された新しい治療薬や治療方法は、近年、本申請者らが協力して、インフラ整備と体制確立がなされた本邦の当該小児がんグループスタディ（JRSG）の臨書試験において、将来、臨床的にその有効性と安全性を検証し、本邦の当該がん患児の診断・治療の向上に貢献できるものとする。

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

なし

H. 知的財産権の出願・登録状況（予定を含む。）

なし

厚生労働科学研究委託費（革新的がん医療実用化研究事業）
委託業務成果報告（業務項目）

肝芽腫の発生、進展に関わるリプログラミング因子の同定

広島大学自然科学研究支援開発センター教授 檜山英三

要旨

日本小児肝がんスタディグループ（JPLT）の統一プロトコール JPLT2 で治療し登録された肝芽腫症例の保存臨床検体を用いて、小児特有のがんである肝芽腫の発生と進展にかかわる因子を検証した。具体的には、網羅的 RNA 発現解析、及び SNP アレイあるいは次世代エクソーム解析結果から、各リスク分類毎に、発現が上昇しているリプログラミングに係る遺伝子候補を抽出した。その結果、胎生期の遺伝子変異に加え、Wnt/ カテニンシグナル標的遺伝子発現調節に対するエピゲネティックな変化が悪性度の上昇に関与しており、今回の検討では TERT の活性化から BRG1 (also called SMARCA4), a SWI/SNF-related chromatin remodeling protein を介して β -catenin-TCF 複合体を活性化している経路の関与が示唆された。

A．研究目的

わが国の小児がん全体の治癒率が著しく上昇したとは言え、進行神経芽腫や腎芽腫、肝芽腫、横紋筋肉腫など小児固形がんの一部は、現在もなお予後不良である。これには、環境因子がほとんど関与しない小児がんの発がんの多様性と、発生過程における正常プログラムの破綻が関係していることが示唆されていたが、具体的な証明は得られていなかった。このような中、iPS技術を用いて作成した細胞初期化による小児芽腫発がんマウスモデルの研究結果（Cell, 2014）は、エピゲネティクス異常によって小児がんが発症することを示したという意味で、極めて重要な知見となっている。なかでも、肝芽腫は、神経芽腫や腎芽腫とともに小児の中でも乳幼児期に好発し、そのほとんどが4歳までに発症する。さらに、近年、低出生体重児に肝芽腫が好発することも知られている。そこで、小児肝がん研究グループ

（JPLT）で2000年ころから蓄積してきた腫瘍と正常のペア検体をもちいて、以下の検討をおこなった。また、すでにメチル化の異常が知られている腎芽腫や、PAX3-FOXO1Aキメラ遺伝子が腫瘍の発生・進展に関わる蜂巣型横紋筋肉腫に対し、肝芽腫ではその発生進展に関わるものとして Wnt/ β -catenin シグナル系の異常があり、当科でもそれらの検討をおこなってきた。そこで、本研究班では、肝芽腫では、Wntシグナルの異常とリプログラミングの破綻との関係を細胞株と臨床検体を用いて解析し、バイオマーカーの探索も行った。

B．研究方法

JPLT2 プロトコールにて治療した 300 例以上の症例のうち、治療前に、正常組織と腫瘍組織が同意を得て保存されている症例 109 例を対象とした。PRETEXT 分類では I: 12, II: 33, III: 41,

IV: 24 で、肝外因子である P2, V3, E, H, N 因子一つ以上を 37 例に認め、遠隔転移を 35 例に認めていた。

これらを対象に以下の検討を行った。

1) 遺伝子変異検索：正常組織(正常肝組織または血液細胞)由来の DNA と治療前腫瘍組織の DNA を用いて、マイクロアレイ (Affymetrix SNP6.0) を用いて、各遺伝子変化について検討した。データ解析には解析用ソフト (Genespring, Partek) を用いた。上記の症例のうち Wnt シグナル系の異常を検索する目的で、CTNNB1 (-catenin) に加え、APC, Axin1, Axin2 の変異を検索した。

2) 遺伝子発現検索：さらに、腫瘍からの十分量かつ質の高い RNA が抽出できた 34 例について発現解析用マイクロアレイ (Gene array) にて、腫瘍の遺伝子発現を網羅的に検討した。Wnt シグナル系の標的遺伝子として、MYC, cyclin D1, Axin, survivin, MMP7 について検討し、さらにリアルタイム PCR 法にてこれらの発現レベルを定量化した。

3) テロメアバイオロジーの検討：

テロメラーゼは、細胞の不死化に関与する酵素であり、この酵素の活性化とともにこの酵素の触媒部分である TERT (human telomerase reverse transcriptase) の発現上昇が肝芽腫予後因子としての有用であることを以前より示してきた。そこで、今回は腫瘍と正常組織の由来 DNA を制限酵素 Hinf I 処理して、テロメアプローブ (TTAGGG)₄ でのサザンプロット法で得られるシグナルの長さ TRF (terminal restriction fragment) 長を測定した。また、TRAP (telomeric repeat amplification protocol) 法にてテロメラーゼ活性を測定するとともに、ヒトテロメラーゼの触媒部分である TERT (telomerase reverse transcriptase) の発現レベルを RT-PCR

で測定した。以前に、Wnt/ -カテニンシグナルとの関連を検討した結果、TERT が BRG1 (also called SMARCA4), a SWI/SNF-related chromatin remodeling protein を介して -catenin-TCF 複合体を活性化することで、Wnt/ カテニンシグナル依存性蛋白の発現を亢進させていることが明らかになっている。そこで、TERT と catenin の間の存在し catenin 調節を行っている BRG-1 (SMARCA4) 遺伝子発現を同様に RT-PCR 法にて検討した。

上記の結果から、肝芽腫のリプログラミングの関連する因子の存在について検討した。

C. 研究結果

1) 遺伝子変異検索：

SNP アレイの結果から、肝芽腫検体では様々な変化が見出されたが、染色体の増減からみると

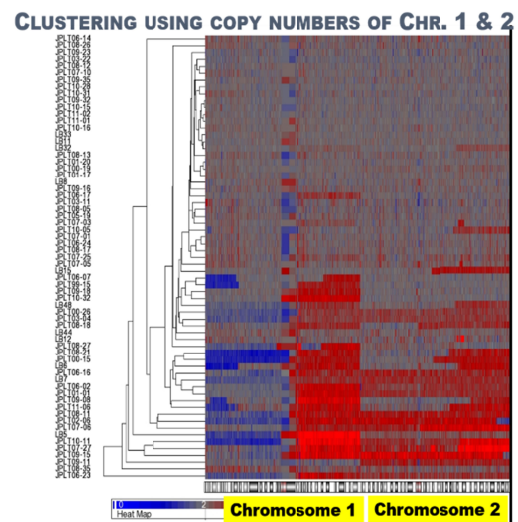


図 1：SNP array データからの染色体 1 番、2 番異常のクラスタリング：

1 番及び 2 番染色体異常が数多くみいだされた。

1 番及び 2 番染色体異常が数多くみいだされ、特に予後不良例に染色体異常が多くみられた(図

1)。こうした、染色体異常部位に存在する遺伝子の機能を検索すると(図2)細胞増殖、がん化、再生に関わる遺伝子が多く存在していた。

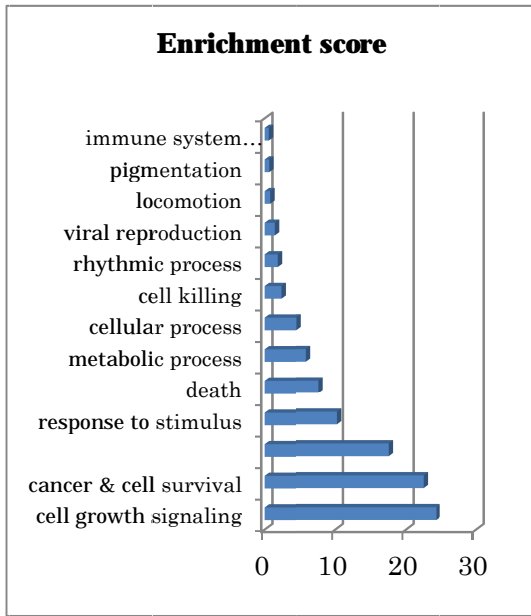


図2：染色体1番2番欠失部位での遺伝異常例のクラスタリング解析：細胞増殖、がん化、再生に関わる遺伝子が多く存在していた。

2) 遺伝子発現検索：

層別化クラスタリングにて、遺伝子発現量の差で予後良好例と予後不良症例を層別しうる遺伝子が344遺伝子抽出された。これらの遺伝子の詳細までは検討するに至らなかったがWntシグナル系の遺伝子やAFPなどは含まれていた(図3)。一部の解析から、アミノ酸の代謝経路に関わる遺伝子群、胎児発生における転写後調節に関わる遺伝子群が見出された。

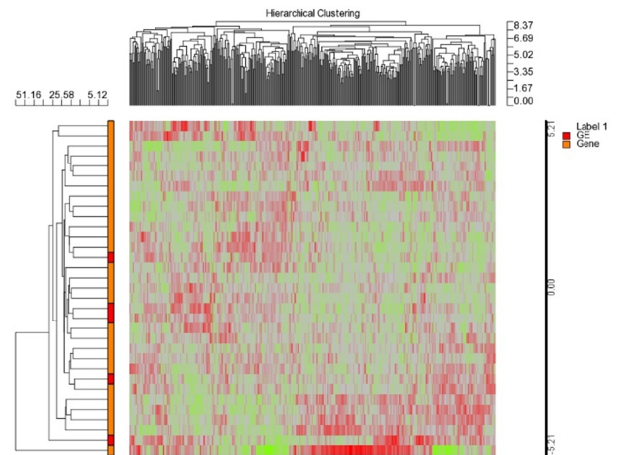


図3：遺伝子異常からみた344遺伝子によるクラスタリング解析。遺伝子発現パターンからいくつかのクラスターに分類可能。下方の方が予後不良例となった。

3) テロメアバイオロジーの検討：

テロメラーゼ活性レベルが予後と関連した。しかし、興味あることに、TERT発現レベルは、Wnt/-カテニン遺伝子異常のない腫瘍で活性化が顕著であった。そこで、TERT高発現腫瘍とそれ以外の腫瘍で、Wntシグナルターゲット遺伝子の発現レベルを比較検討した。その結果、検索した6遺伝子ともにTERT高発現腫瘍の方が高値であり、3遺伝子(MYC, CCND1, ABCSB1)は有意に高値であった。(P < 0.05)

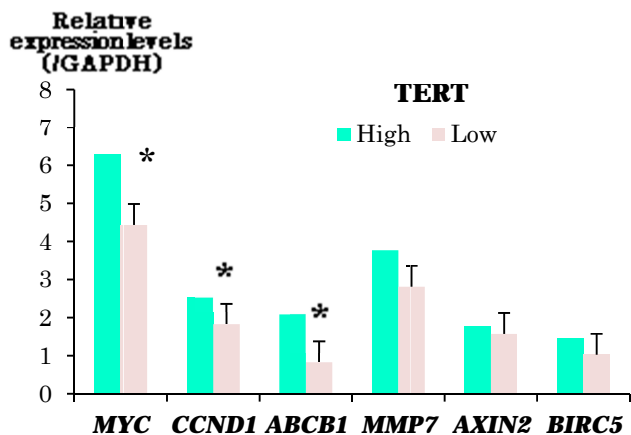


図4：TERT 発現と Wnt/ catenin 標的遺伝子の発現量 (* : P < 0.05)

D. 考察

SNP アレイデータから、染色体の増減からみると1番及び2番染色体異常が数多くみいだされ、特に予後不良例に染色体異常が多くみられ、細胞増殖、がん化、再生に関わる遺伝子が多く存在していた。これらの部位の遺伝子の変化によって、胎生期の hepatoblast から hepatocyte への分化が制限され、あるいはより成長の早い細胞に変化することが肝芽腫発症に関与していること示唆された。

遺伝子発現アレイの層別化クラスタリングにて、遺伝子発現量の差で予後良好例と予後不良例を層別化する遺伝子に Wnt シグナル系に関与している遺伝子や AFP が見出されてことから、肝芽腫の発症や進展にこれらの遺伝子発現の変化が関与していることは異論のないところと考えられる。また、パスウェイ解析から、胎児発生における転写後調節に関わる遺伝子群が見出されたことは、肝芽腫発症に胎内の遺伝子発現調整すなわちエピジェネティックな変化の関与が強く示唆された。

RT-PCR での成果も Wnt/ -カテニン標的遺伝

子である MYC, CCND1 and ABCB1 遺伝子の活性化レベルが予後と関連していた。従来の成果から、TERT の発現レベルやテロメラーゼ活性化が予後と関連した一因となったのは、Wnt/ -カテニン標的遺伝子の発現亢進に帰する可能性が示唆され、これらの Wnt/ -カテニンシグナルの抑制が治療の標的となる可能性が示唆された。さらに、TERT の発現として c-myc が強力なプロモーターであることが知られており、c-myc は Wnt/ -カテニンシグナルの標的遺伝子であることから、Wnt/ -カテニンシグナルで活性化した c-myc が TERT の発現を亢進させて、さらに c-myc の発現が促されることになる悪循環が生じ、細胞はさらに増殖に向かうことになり、これが悪性化の一因と考えられる(図5)。最近、欧州のグループが肝芽腫のマイクロアレイの検討で、浸潤あるいは転移性肝芽腫と予後に関連する 16 遺伝子を明らかにした。これらの 16 遺伝子は、MYC 伝達系の亢進に特徴づけられた増殖を亢進させる遺伝子であった。これらの所見は、TERT と myc の悪循環が予後不良な肝芽腫を特徴づけていることを指示する結果と考えられた。

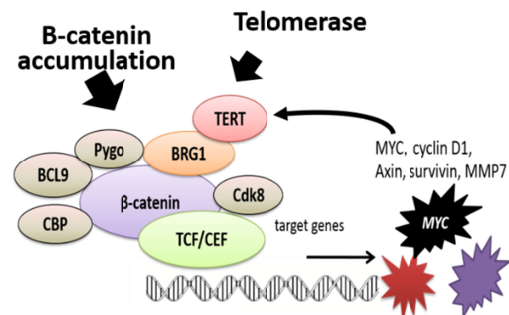


図5：TERT 活性化と Wnt シグナル活性化の関連

以上から、肝芽腫の発症には、胎内でのエピジェネティックな変化と一部ゲノムレベルでのジエネティックな変化が関与していることが示唆された。中でも Wnt/ -catenin シグナルの異常によって癌化し肝芽腫が発症し、さらに、TERT

や c-myc の活性化が悪性度の上昇に關与している可能性が示唆された。これらの機序を解明すべく、現在、メチル化解析や次世代シーケンサーの技術など導入して、さらに詳細を検討している。これらの成果が得られれば、個々の活性化ルートに依存した分子標的療法が可能となると考えられる。また、未熟児や Beckwith-Wiedemann 症候群での易罹患性と關連する遺伝子が同定に應用されることも期待している。

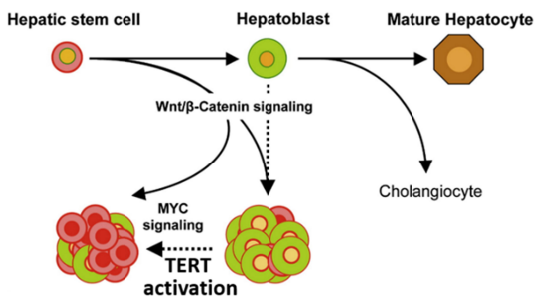


図 6：肝芽腫の発生機序と悪性化機序

E．結論

肝芽腫検体の SNP アレイ、発現解析アレイやテロメアバイオロジーの検索から、肝芽腫の発症と進展には、Wnt/β-カテニン標的遺伝子群の発

現レベルの変化が關与していた。これらには、TERT によるこれらの標的遺伝子群の活性化機序が示唆された。また、これらには、胎内でのエピジェネティックな遺伝子調節機構の変化が關連していることが示唆されたことから、メチル化解析などによる今後の詳細な検討が必要と考えられた。

F．研究発表

1．論文発表

- 1) Hiyama E. Pediatric Hepatoblastoma: diagnosis and treatment. *Translational Pediatrics*, in press
- 2) Czauderna P, Lopez-Terrada D, Hiyama E, Häberle B, Malogolowkin MH, Meyers RL. Hepatoblastoma state of the art: pathology, genetics, risk stratification, and chemotherapy. *Curr Opin Pediatr*. 2014 26:19-28. doi: 10.1097/MOP.000000000000046.

2．学会報告等

特になし。

G．知的財産権の出願・登録状況

特になし。

厚生労働科学研究委託費（革新的がん医療実用化研究事業）
委託業務成果報告（業務報告）

ユーイング肉腫におけるリプログラミング関連因子の同定

担当責任者 大喜多 肇 慶應義塾大学医学部病理学教室 准教授

研究要旨：

ユーイング肉腫は小児・若年成人に好発する骨軟部肉腫で、その腫瘍発生には EWSR1-ETS 融合遺伝子が重要な役割を演じている。融合遺伝子による腫瘍発生機構の理解のために、骨髄間葉系幹細胞に EWSR1-FLI1 を発現させ、DNA メチル化の変化を Infinium human methylation assay によって検討した。全プローブによる解析では、EWSR1-FLI1 は骨髄間葉系幹細胞の DNA メチル化パターンをユーイング肉腫様に変化させるには至らないが、一部の CpG サイトのメチル化はユーイング肉腫様へ変化した。これらのことより、EWSR1-FLI1 による腫瘍発生過程に DNA メチル化も関連することが示唆された。

A . 研究目的

ユーイング肉腫は、小児期～若年成人期に好発する骨軟部の悪性腫瘍である。近年、化学療法をはじめとする治療法の進歩により治療成績は向上しつつあるものの、治癒率は 50% 程度でありいまだに難治性の腫瘍である。本腫瘍の 90% 以上では、EWSR1 遺伝子と FLI1 や ERG 遺伝子のような ETS ファミリーの転写因子が染色体転座によって融合し、キメラ遺伝子が形成される（EWSR1/ETS キメラ遺伝子）。このキメラ遺伝子は、本腫瘍に極めて特異性が高く、確定診断をつける上で重要であり、かつ、腫瘍発生にも重要な役割を演じている。その機能を明らかにすることが、ユーイング肉腫の発生機序の解明に重要と信じられており、様々な解析がなされ、本遺伝子が様々な標的遺伝子の転写を調節することにより、腫瘍発生に関わっていると考えられている。キメラ遺伝子によって転写が亢進する遺伝子として CCND1、NKX2.2、ID2、DKK2、NR0B1、PDGFC、EZH2、IGF1、TOPK、CAV1、SOX2 などが、転写

が抑制される分子としては TGFB2R、IGFBP3、CDKN1C、CDKN1A、DKK1 などが報告されている。

そこで、本研究では、ユーイング肉腫特異的キメラ遺伝子とその発生母地と想定される骨髄間質細胞に発現させるユーイング肉腫発症モデルの解析を更に進め、それによって新たな本腫瘍の発生機序を解明し、治療標的分子を探索することを目的とした。特に DNA メチル化解析により、本腫瘍の発生へのエピジェネティクスの関与を検討した。

B . 研究方法

間葉系幹細胞である UET13 細胞に TetR と EWSR1/FLI1 を導入し Doxycycline(DOX)存在下に EWSR1/FLI1 の発現を誘導できる細胞 UET13-TR-EWSR1/FLI1 細胞を DOX 添加培地、あるいは無添加培地にて、4 日、16 日、42 日、69 日培養した。また、ユーイング肉腫の細胞株である SK-ES1, RD-ES SYM1, EW93, NCR-EW2 も用いた。Genome DNA を抽出

し、Illumina, Infinium DNA メチル化アッセイ (Infinium HumanMethylation450 BeadChip Kit) を用いて網羅的に CpG サイトのメチル化状態を解析し、GenomStudio を用いて階層的クラスタリング等の解析を行った。さらに DOX 誘導下に高メチル化あるいは低メチル化が誘導される遺伝子を抽出した。

(倫理面への配慮)

本年度は細胞誘導系の実験系を用いるが、来年度以降、臨床検体を用いた解析を実施するにあたり、説明・同意により使用同意を受けた検体あるいは匿名化された既存検体を準備中である。

C . 研究結果

UET13-TR-EWSR1-FLI1 の網羅的メチル化解析を Infinium DNA メチル化アッセイを用いて行い、階層的クラスタリングを行った。本アッセイでは、485,000 カ所以上の CpG サイトを 1 塩基の解像度で解析可能で、各 CpG 部位のメチル化の程度は、メチル化検出用のプローブと非メチル化プローブの蛍光強度の比率 (β -value、0-1 の値で示される) によって表され、0 は全くメチル化されていない状態、1 は完全にメチル化されている状態である。全プローブを用いた階層的クラスタリングを行ったところ UET13-TR-EWSR1-FLI1 の DOX(+)および DOX(-)とユーイング肉腫細胞がそれぞれクラスターを形成し、それぞれの細胞に特徴的なメチル化パターンの存在が示唆され、EWSR1-FLI1 発現のみでは、UET13 細胞の DNA メチル化パターンを全面的にユーイング肉腫様に変化させるには至らないことが示唆された。

DOX 添加後 4 日と 16 日では、それぞれの細胞が添加後の時間毎にクラスター形成したが、42 日と 69 日では、DOX 添加群と DOX 非添加群がクラスター形成し、DOX 添加によるメチル化パターン変化に

は 16 日以上の方が必要なことが示唆された。42 日と 69 日で、DOX 添加群と非添加群の比較では、DOX 添加により高メチル化、低メチル化となる CpG サイトが認められるものの、DOX 添加群により高メチル化傾向が認められた。

DOX 添加により β value が 0.2 以上上昇するプローブは、42 日で 39、69 日で 859 あり、両方で 0.2 以上上昇するプローブは 18 あった。その中には ADAP1、ECHDC3、FTO、ADARB2、SYT3、SHANK2、HAVCR1、SHANK2、KIF25、MDFIDOX のプローブが含まれていたが、本アッセイでは一遺伝子に対して多数のプローブが準備されているにもかかわらず、複数のプローブで高メチル化がみられた遺伝子は 1 遺伝子にすぎなかった。しかしながら、42 日、69 日ともに過メチル化を示す 18 プローブのうち、16 プローブでは、ユーイング肉腫細胞で UET13 よりも高メチル化であり、これらのプローブの高メチル化が偶然ではないことも示唆された。

一方、DOX 添加により β value が 0.2 以上低下するプローブは、42 日で 32、69 日のサンプルで 54 であり、両方で 0.2 以上低下するプローブは 4 のみであった。この中には、PDE4D、THRB が含まれていた。42 日、69 日とも低メチル化を示した 4 プローブは、全て、ユーイング肉腫細胞と UET13 でほぼ同等のメチル化を示したことから、腫瘍特異的な変化ではない可能性も示唆された。

D . 考察

ユーイング肉腫は、EWSR1-ETS 融合遺伝子とその腫瘍発生に深く関わっていると考えられている。近年の次世代シーケンサーを用いた解析でもユーイング肉腫で繰り返し認められる融合遺伝子異常以外の遺伝子異常は、STAG2、CDKN2A、p53 のみであり、かなり少数であることが判明し

ている。これらのことは、従来考えられていたように融合遺伝子が本腫瘍の発生に決定的な役割を演じていることを示唆している。しかしながら、融合遺伝子は、腫瘍発生の過程で、異常な転写因子として機能することにより標的遺伝子の転写を調節するとされているが、詳細な機序はいまだに不明である。

本研究の結果により、EWSR1-FLI1 により生じるメチル化異常は、骨髄間葉系幹細胞とユーイング肉腫細胞のメチル化の差異と比較するとかなり小さいものの、少数の CpG サイトの高メチル化を引き起こすと考えられた。融合遺伝子がメチル化へ影響を与えることが示唆されるが、このメチル化変化が腫瘍発生に関与するか、二次的に生じているか等の解析が必要である。EWSR1-FLI1 により高メチル化となり、ユーイング肉腫細胞でも骨髄間葉系幹細胞より高メチル化な 16CpG サイトを含む遺伝子は、EWSR1-FLI1 によって転写を抑制される標的ではないようであり、これらの腫瘍発生との関連は更なる検討が必要である。

一方で、クラスター解析の結果からは、実験的な EWSR1-FLI1 発現だけでは、UET13 からユーイング肉腫細胞のメチル化パターンは変化を惹起するには不十分で、もともとの細胞のメチル化パターンの影響や DNA メチル化の変化にはより時間が必要という可能性も考えられた。

E . 結論

ユーイング肉腫のモデル系を用いて EWSR1-FLI1 が DNA メチル化に与える影響を検討した。EWSR1-FLI1 は骨髄間葉系幹細胞の DNA メチル化パターンをユーイング肉腫様へ変化させるには至らないが、一部の CpG サイトにおいてユーイング肉腫同様の高メチル化を惹起した。EWSR1-FLI1 による腫瘍発生と DNA メチル化との関連が示唆された。

F . 健康危険情報

無し

G . 研究発表

1. 論文発表

無し。

2. 学会発表

無し。

H . 知的財産権の出願・登録状況

(予定を含む)

1. 特許取得

無し

2. 実用新案登録

無し

3. その他