科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 30 年 6 月 11 日現在

機関番号: 32665

研究種目: 基盤研究(C)(一般)

研究期間: 2015~2017

課題番号: 15K09791

研究課題名(和文)ヒト有棘細胞癌関連遺伝子変異の解析 - ヒストン脱メチル化酵素欠損マウスを用いた探索

研究課題名(英文)Searching for human SCC related gene aberrations by using Gasc1 knockout mice

研究代表者

藤原 恭子 (FUJIWARA, Kyoko)

日本大学・医学部・助教

研究者番号:40595708

交付決定額(研究期間全体):(直接経費) 3,700,000円

研究成果の概要(和文): ヒストン脱メチル化の一つGASC1 (JMJD2C) は多くのヒト腫瘍で高発現またはゲノム 増幅を示し、我々の作成したGasc1 ノックアウト・マウスにおいても皮膚SCCの発生率が低い。このことから GASC1に発現制御を受ける遺伝子中に、腫瘍の発生・進展に必須の遺伝子が含まれる可能性が高いと考え、本研究ではKOと野生型マウス(WT)の正常皮膚で発現レベルの異なる遺伝子について、SCCの発生・進展における役割の検討を行った。その中で、候補遺伝子の一つZNF618が、細胞の遊走能を抑制する機能があること、またその発現が上皮間葉系転換の制御に関わる転写因子ZEB1により制御されることを見出した。

研究成果の概要(英文): GASC1 encodes a histone demethylase which specifically demethylates lysine residues (H3K9, H3K36 and H1.4K26) and plays a crucial role in the regulation of gene expression, as well as heterochromatin formation. Recently, we have found that Gasc1-heterozygous mice (Gasc1+/-), is clearly resistant to chemically induced skin squamous cell carcinoma (SCC), indicating that Gasc1 is regulating gene(s) involved in susceptibility for SCC. Based on this result, we have conducted functional analysis of the genes differentially expressed between the skin of Gasc1+/- and wild type mice (WT), to elucidate the roles of those genes in the development and/or progression of SCC. In the present study, we have found that ZNF618, which showed significantly lower expression level in Gasc1+/- skins than those of WT, has a function to suppress cell migration ability. Detailed analysis revealed that ZNF618 could be regulated by epithelial-mesenchymal -transfer related transcription factor ZEB1.

研究分野: 腫瘍学

キーワード: 皮膚有棘細胞癌 ヒストン脱メチル化酵素 マウスモデル

1.研究開始当初の背景

皮膚腫瘍のうち有棘細胞癌(SCC) は日本人に多く発症する疾患であり、皮膚悪性腫瘍の中では25%を占める。欧米においても年々増加傾向にあり、有効な診断法・治療法の確立が急がれる。体表部に発生する腫瘍であることから、より侵襲性の低い治療法が求められ、そのためには最適な治療標的の同定や、早期診断および、良性疾患との鑑別を容易にするマーカーの開発が必要となる。

SCC 組織で生じている変異としては p53 、H-ras の点突然変異や c-Myc の増幅などの配列変異が報告されているが、これらの変異の見られない SCC も多く、また変異の生じ易さを左右する遺伝的背景についても、知見は限られている。

近年、DNA のメチル化やヒストン修飾など epigenetic な変異もまた SCC の発生に関与 していることが明らかになってきた。ヒスト ン修飾により調節因子の結合能やクロマチ ンの立体構造の変化が生じ、遺伝子の発現状 態が変化するが、腫瘍の多くで、ヒストン修 飾酵素の異常や、修飾状態の変異が報告され ている。ヒストン修飾酵素の一つ JMJD2C (GASC1) はヒストン H3 の 9 番目と 36 番目 のリジン(H3K9、H3K36)および H1.4K26 の 脱メチル化を行う酵素であるが、この遺伝子 を含むゲノム領域が食道 SCC、乳癌において 増幅していることや、前立腺癌や大腸癌にお いて GASC1 が過剰発現していることが知 られている。これらの現象は GASC1 遺伝子 が癌遺伝子として働いている可能性を示唆 するが、GASC1 の過剰発現が癌の発生を誘 導する直接の証拠は得られていなかった。

そこで我々は Gasc1 ノックアウト・マウス (KO)を作成し、その発癌感受性の解析を行っ てきた。通常の飼育状態では Gasc1 KO ヘテ 口(+/-)は特に明確なフェノタイプの変化を示 さなかったが、7.12-dimethylbenz(a)anthrac ene と 12-O-tetradecanoylphorbol-13-acetate を用い た2段階化学発癌プロトコールにて皮膚腫瘍 の誘導を試みたところ、良性皮膚腫瘍および SCC の発生頻度が野生型と比較して有意に 低かった。この結果より、GASC1 が発癌を 促進する機能を持つことが証明された。さら にこの実験結果より、GASC1 による発現制 御をうける遺伝子の中に、腫瘍の発生に必須 の遺伝子が含まれており、KO マウスではそ の発現が変化し、その結果腫瘍の発生が低下 したと考えられた。

これらの結果をふまえ、GASC1の下流で制御を受け発癌感受性に影響を与えている遺伝子をスクリーニングするために、Gasc1 KO(+/-)と野生型マウスの正常皮膚よりRNAを抽出し網羅的発現解析を行い、KOにおいて有意に2倍以上発現が変化していた遺伝子を絞り込んだ。

2.研究の目的

Gasc1 KO (+/-) において野生型と比較して発現が変化していた遺伝子ついて、ヒト SCC 細胞における機能を解析し、腫瘍の発生・進展における役割の検討を行うことを目的として研究を行った。

3.研究の方法

- (1) 細胞株; ヒト皮膚 SCC 細胞株 A431 および不死化ケラチノサイト細胞株 HaCaT を用いた。
- (2) 機能解析; 各細胞における候補遺伝子の発現量を siRNA を用いて抑制し、細胞の増殖能を MTT assay により、細胞遊走能を Wound healing assay にて、浸潤能を Matrigel invasion assay により解析した。また低接着性の培養皿を用い、増殖因子を添加した無血清培地で培養することにより sphere 形成能の検討を行った。培地は with 0.4% BPE, 0.1% hEGF, 0.1% hydrocortisone, 0.1% GA1000, 0.1% insulin, 1% L-glutamine を添加した MEGM BulletKit 無血清培地を用いた。

4. 研究成果

Gasc1 KO (+/-) マウス皮膚において野生型 個体のの皮膚と比べて発現の低下していた 遺伝子 ZNF618 は新規ヒト SCC 関連遺伝子 候補の1つと考えられたが、その機能は全く 不明であることから、詳細な機能解析を行っ た。そこで、A431 および HaCaT 細胞にお ける ZNF618 の発現を siRNA により抑制し、 細胞増殖能、遊走能について検討したが、コ ントロール siRNA を導入した細胞と比較し て明確な差は見られなかった。また細胞のス トレス応答性への影響を調べるために、DNA 損傷剤や過酸化水素水の投与、放射線照射を 行い、ZNF618の発現抑制により、細胞死の 誘導レベルに変化が見られるかどうかも検 討したが、こちらについても特に違いは観察 されなかった。一方、遊走能について検討を 行ったところ、HaCaT 細胞においては ZNF618 の発現抑制によりコントロールと比 較して、有意な遊走能の亢進が見られた。こ れは、TGF 1投与により細胞の遊走能を亢 進させた状態においても顕著であった(図1)。

そこで、ZNF618 が TGF 1のシグナル伝達系に作用し上皮間葉系転換の誘導に影響を与えた可能性を検討するために、EMT 関連のマーカーの変異を調べたが、これらの遺伝子の発現は ZNF618 の発現抑制によっては変化しなかった。また ZNF618 の発現抑制はTGF 1の発現レベルにも影響を与えなかった

一方、TGF 1の投与により HaCaT 細胞における ZNF618 発現レベルの低下が観察された(図 2A)。逆に EMT において促進的な機能をもつ SNAI1 もしくは ZEB1 の発現をノックダウンしたところ、ZEB1 の発現を

抑制した場合に、ZNF618の発現が顕著に上昇した(図 2B)。これらの結果は、ZNF618が EMT に対し抑制的な作用を持つ事、その発現はZEB1によって抑制を受けていることを意味する。

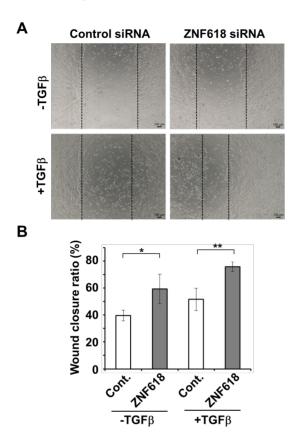


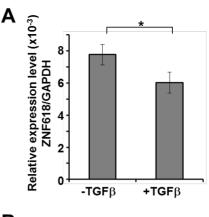
図 1 ZNF618 発現抑制による細胞遊走 能の変化。

創傷作成後、培養液を交換し siRNA (コントロール、ZNF618) を導入し、半分には 2ng/ml の TGFβを添加した。 48 時間後に、創傷部の幅を測定し、wound closure ratio ((最初の幅-48 時間目の幅)/最初の幅)×100(%))を計算した。

A. 代表的な画像、B. 各条件につき 3well ずつ実験を行い、それぞれについて3ヶ所ずつ計9か所創傷部の幅を測定した。平均値とSDを示す。

*P<1x10⁻³, **P<1x10⁻⁵

EMT は腫瘍の幹細胞性を促進する作用を持つこと、幹細胞性を獲得した腫瘍細胞は非接着性の環境下において sphere 形成能を獲得することが報告されていることから、本研究ではさらに、sphere における ZNF618 の発現レベルを調べた。その結果、HaCaT および SCC 細胞株 A431 より形成された sphere はいずれも、通常の接着培養を行った場合と比べて、ZNF618 の発現が顕著に低下することが判った(図 3)。この結果もまた、ZNF618 が EMT に対して抑制的な効果を持つという上述の見解を裏付ける。



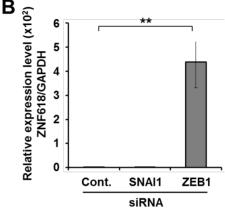


図 2 TGFb 刺激または EMT 関連転写因子 抑制後の ZNF618 の発現変化(real-time PCR)。A. 2ng/ml の TGFb 投与 12 時間 後の ZNF618 の発現レベル。 *P<0.05。B. siRNA (コントロール、SNAI1、ZEB1) 導入 48 時間後の ZNF618 の発現レベル。 **P<1*10⁻⁵

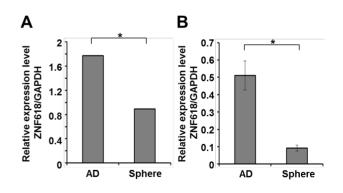


図 3 接着培養(AD)および Sphere 培養における ZNF618の発現量 通常の培養条件で接着培養した細胞、もしくは低接着性の培養皿にて無血清培地を用いて培養し、sphere を形成させた細胞よりそれぞれRNA を抽出し、real-time PCR によってZNF618 の発現量を調べた。A431、B. HaCaT *P<1*10.5

GO biological process complete

substrate adhesion-dependent cell spreading

cell-substrate junction assembly

adherens junction assembly

axon extension

hippo signaling

positive regulation of smoothened signaling pathway

face morphogenesis

collagen fibril organization

cell-substrate adherens junction assembly

focal adhesion assembly

neuron projection extension

head morphogenesis

regulation of smoothened signaling pathway

body morphogenesis

actin filament bundle organization

embryonic cranial skeleton morphogenesis

cell-substrate adhesion

neural crest cell development

endothelial cell migration

mesoderm morphogenesis

adherens junction organization

endochondral bone morphogenesi

proteoglycan biosynthetic process

developmental cell growth

multicellular organismal macromolecule metabolic process

ZNF618 の機能を予測するために、Public database である R2 platform (http://r2.amc.nl) に登録されている 627 種類の細胞株の網羅的発現解析のデータを解析し、ZNF618 と発現が相関する遺伝子群の絞り込みを試みた。有意な正の相関を示した 1500個の遺伝子をenrichment 解析により機能分類し、5 倍以上の enrichment を示した機能区分を表 1 に示す。この結果から、ZNF618と発現パターンが似ている遺伝子には、細胞間の接着や、細胞と培養皿等の基質との接着に関連した遺伝子、Hippo-Yapp 経路関連遺伝子が多く含まれることが判った。

以上のことから、ZNF618 が細胞間の相互 作用や細胞外基質との結合、この結果生じる 組織の形態形成に必要なシグナル伝達等に 関与している可能性が強く示唆された。

しかしながら、例えば HaCaT における ZNF618 の発現を抑制しても、Hippo-Yap 関連遺伝子 YAP1, LATS2, TEAD1 の発現には 明瞭な変化が見られず、ZNF618 がこれらの 経路にどのように関与しているのか、その機序は不明である。そのため、ZNF618 の機能について現在引き続き詳細な解析を進めている。

5 . 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者に は下線)

[雑誌論文](計 1 件)

Ozaki Y, <u>Fujiwara K</u>, Ikeda M, Ozaki T, <u>Terui T</u>, Soma M, Inazawa J and <u>Nagase H</u>. The oncogenic role of GASC1 in chemically-induced mouse skin cancer. **Mammalian Genome** 查読有、26巻,2015, 11-12

[学会発表](計 1 件)

藤原恭子、尾崎由美、<u>照井正</u>、<u>永瀬浩喜</u>、相馬正義、Analysis of the role of GASC1 in development of skin tumor. 第 9 回日本大学先端パイオフォーラム、2016 年 1 月 27 日、市ヶ谷

[図書](計 0 件)

[産業財産権]

出願状況(計 0 件)

名称: 発明者:

権利者: 種類: 番号:

出願年月日: 国内外の別:

取得状況(計 0 件)

名称: 発明者:

権利者: 種類: 番号:

取得年月日: 国内外の別:

〔その他〕 ホームページ等

6.研究組織

(1)研究代表者

藤原 恭子(FUJIWARA, Kyoko)

日本大学・医学部・助教 研究者番号:40595708

(2)研究分担者

照井 正 (TERUI, Tadashi) 日本大学・医学部・教授 研究者番号:30172109

(3)連携研究者

尾崎 俊文 (OZAKI, Toshinori) 千葉県がんセンター・研究局・室長 研究者番号: 40260252

永瀬 浩喜 (NAGASE, Hiroki) 千葉県がんセンター・研究局・所長 研究者番号:90322073

(4)研究協力者

()