#### 研究成果報告書 科学研究費助成事業

今和 6 年 6 月 4 日現在

機関番号: 14401

研究種目: 基盤研究(C)(一般)

研究期間: 2021~2023

課題番号: 21K10111

研究課題名(和文)オミクス解析に基づく口腔癌におけるSphingosine kinaseの標的化

研究課題名(英文)Targeting for sphingosine kinase in oral squamous cell carcinoma based on omics analysis

#### 研究代表者

濱田 正和 (Hamada, Masakazu)

大阪大学・大学院歯学研究科・助教

研究者番号:80506361

交付決定額(研究期間全体):(直接経費) 3,200,000円

研究成果の概要(和文): TCGAデータベースの解析より、『Sphingosine』に関連する遺伝子としてCERS5、PLPP3、SGPP1、SPNS3、S1PT4が腫瘍組織と正常組織で差を認め、頭頸部癌の予後とも関連していた。さらにSphk1阻害剤であるPF-543を口腔扁平上皮癌(OSCC)細胞に処理したところ、生体における細胞死であるネクローシス、オートファジー、アポトーシスに共通する経路はNOD-like receptor signaling pathwayとNecroptosisで あった。今後、さらなるメカニズムの解析やオミクスデータ解析によりOSCCに対する分子標的治療に繋げたいと

研究成果の学術的意義や社会的意義
TCGAデータベースの解析より、『Sphingosine』に関連する遺伝子としてCERS5、PLPP3、SGPP1、SPNS3、S1PT4が腫瘍組織と正常組織で差を認め、予後とも関連していた。さらに、ヒトロ腔扁平上皮癌細胞をSphK1阻害薬であるPF-543で処理すると、ネクローシス、アポトーシスならびにオートファジーが誘導され、共通する経路はNOD-like receptor signaling pathwayとNecroptosisであった。今後、これらのメカニズムの解明を通して,副作用の少ないより効率的なSphKをターゲットとした分子標的治療のさらなる発展が期待出来る。

研究成果の概要(英文): Analysis of the TCGA database revealed that CERS5, PLPP3, SGPP1, SPNS3, and S1PT4 as genes related to "Sphingosine" showed differences between primary tumor and solid tissue normal and were also associated with prognosis of head and neck squamous cell carcinoma. Furthermore, treatment of oral squamous cell carcinoma (OSCC) cells with PF-543, a Sphk1 inhibitor, revealed that the NOD-like receptor signaling pathway and necroptosis are common pathways for necrosis, autophagy, and apoptosis, which are cell death in vivo. Further mechanistic and omics data analysis will lead to molecular targeted therapy for OSCC.

研究分野:口腔外科全般、口腔癌、分子標的治療

キーワード: オートファジー 分子標的治療 Sphingosine kinase 口腔癌

### 1.研究開始当初の背景

2015 年に The Cancer Genome Atlas (TCGA) から頭頸部癌における包括的ゲノム特性につ いての報告がされた。しかしながらセラミドやスフィンゴシン代謝酵素を標的にした報告はな かった。研究代表者は、プロテインキナーゼ C (PKC) を分子標的とする safingol を用いて口腔 扁平上皮癌(OSCC)細胞の caspase 非依存的アポトーシス誘導機構を解明した。その後、safingol はスフィンゴ脂質代謝物 sphingosine-1-phosphate (S1P)を生成する sphingosine kinase 1 (SphK1) を阻害することも判明したため、SphK1 選択的阻害剤 PF-543 の研究に着手した。S1P はシグナル伝達物質で、細胞膜上のレセプターを介して細胞増殖ならびにプログラム細胞死を 制御するシグナル伝達物質で、頭頸部癌をはじめ多くの癌で高発現している。実際に TCGA デ ータ解析を行い、SphK1 の発現が、正常組織よりも腫瘍組織で有意に高いことを確認していた。 開発が進む多様な SphK 選択的阻害剤を用いて、TCGA データ解析を利用し OSCC に対する分 子標的治療に繋げたいと考えた。

### 2. 研究の目的

そこで,本研究では, TCGA データ解析を行い、実際に Sphingosine 関連遺伝子と予後との 関連を調べることとした。 また SphK1 阻害薬として開発された PF-543 の OSCC 細胞株に対す る細胞死メカニズムについて次世代シークエンサーを用いて検討を行った

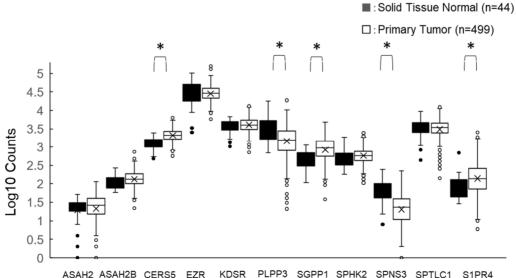
#### 3.研究の方法

GDC データポータル (https://portal.gdc.cancer.gov) から TCGA-HNSC (原発腫瘍 499 検 体、固形組織正常 45 検体)の RNA-Seq カウントデータ (HTSeq 版)を入手した。TCGA のデ ータを「sphingosine」をキーワードに検索し、抽出した遺伝子を正常組織と腫瘍組織で比較検 討した。さらにそれらの遺伝子の発現量を中央値にて High、Low にクラス分けを行い、予後と の関連を検討した。

ヒト OSCC 細胞である Ca9-22 細胞、HSC-3 細胞を用いた。 試薬は SphK1 阻害剤 PF-543 を 用いた。ヒト OSCC 細胞を SphK1 阻害剤 PF-543 で処理し TRIsure を用いて RNA を抽出し た。その後、次世代シークエンサーを用いてシークエンス解析を行った。細胞死メカニズムの解 析は Fold Change が 2.0 以上もしくは 0.5 以下になった遺伝子のうちネクローシス、オートフ ァジー、アポトーシスのキーワードで遺伝子を絞り、DAVID (Database for Annotation Visualization and Integrated Discovery )を用いて、Pathway 解析を行った。

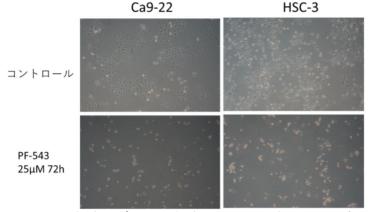
### 4. 研究成果

(1) ダウンロードした TCGA データより『sphingosine』のキーワードで抽出したところ、37 の遺伝子(ACER1、ACER2、ACER3、ASAH1、ASAH2、ASAH2B、CERS1、CERS2、CERS3、 CERS4, CERS5, CERS6, DEGS2, EZR, FAM57B, GBA, GPR6, KDSR, PLPP1, PLPP2, PLPP3, S1PR1, S1PR2, S1PR3, S1PR4, S1PR5, SGPL1, SGPP1, SGPP2, SPHK1, SPHK2, SPNS1、SPNS2、SPNS3、SPTLC1、SPTLC2、UGT8)が抽出された。これらの遺伝子につ いて発現量を中央値にて High、Low にクラス分けを行い、予後との関連を検討したところ、11 の遺伝子 ( ASAH2、ASAH2B、CERS5、EZR、KDSR、PLPP3、SGPP1、SPHK2、SPNS3、 S1PR4)が抽出された。さらに治療のターゲットになりやすい、正常組織と腫瘍組織で有意差の 認めたものは、5 遺伝子あり、CERS5、PLPP3、SGPP1、SPNS3、S1PT4 であった。

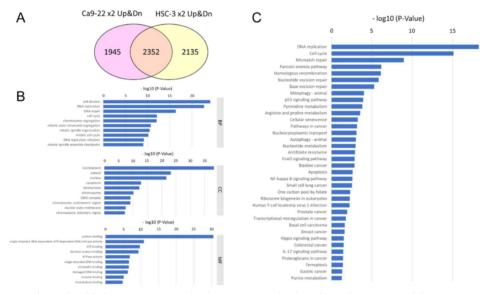


ASAH2 ASAH2B CERS5 EZR KDSR PLPP3 SGPP1 SPHK2 SPNS3 SPTLC1 S1PR4

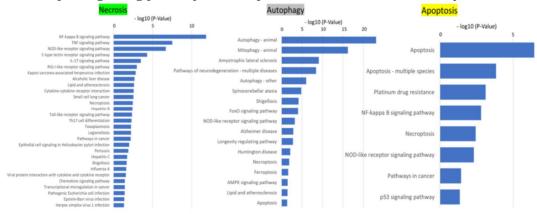
(2) Ca9-22 細胞および HSC-3 細胞を PF-543 25  $\mu M$  で 72 時間処理した後細胞形態を観察したところ、コントロールと比較して処理すると細胞が浮遊しており、細胞死が誘導されていた。



(3) Ca9-22 細胞よび HSC-3 細胞を PF-543 で処理し、72 時間後にシークエンス解析を行った。 Fold Change (<0.5, 2.0<) の遺伝子は Ca9-22 細胞では 4297 遺伝子、HSC-3 細胞では 4487 遺伝子であった。 Ca9-22 細胞と HSC-3 細胞に共通する 2352 遺伝子について、David を用いて GO 解析と Pathway 解析を行った。



(4) 先ほどの抽出した Ca9-22 細胞と HSC-3 細胞に共通する 2352 遺伝子について、ネクローシス、オートファジー、アポトーシスの 3 つのキーワードで絞込み、Pathway 解析を行った。 NOD-like receptor signaling pathway と Necroptosis は全てに共通した Pathway であった。



TCGA データベースの解析より、『Sphingosine』に関連する遺伝子として CERS5、PLPP3、SGPP1、SPNS3、S1PT4 が腫瘍組織と正常組織で差を認め、頭頸部癌の予後とも関連していた。 さらに Sphk1 阻害剤である PF-543 を OSCC 細胞株に処理したところ、生体における細胞死であるネクローシス、オートファジー、アポトーシスに共通する経路は NOD-like receptor signaling pathway と Necroptosis であった。今後、さらなるメカニズムやオミクスデータ解析により OSCC に対する分子標的治療に繋げたいと考える。

### 5 . 主な発表論文等

0.12000 Kino X ()	
〔雑誌論文〕 計3件(うち査読付論文 3件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 3件)	
1.著者名	4 . 巻
Hamada Masakazu, Inaba Hiroaki, Nishiyama Kyoko, Yoshida Sho, Yura Yoshiaki, Matsumoto-Nakano	11
Michiyo, Uzawa Narikazu	
2 . 論文標題	5.発行年
	2021年
Prognostic association of starvation-induced gene expression in head and neck cancer	20214
3.雑誌名	6.最初と最後の頁
Scientific Reports	19130
Softentiffe Reports	19130
掲載論文のDOI(デジタルオブジェクト識別子)	査読の有無
10.1038/s41598-021-98544-1	有
1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1	"
オープンアクセス	国際共著
オープンアクセスとしている(また、その予定である)	-
1.著者名	4 . 巻
Hamada Masakazu, Inaba Hiroaki, Nishiyama Kyoko, Yoshida Sho, Yura Yoshiaki, Matsumoto-Nakano	24
Michiyo, Uzawa Narikazu	
2.論文標題	5 . 発行年
Potential Role of the Intratumoral Microbiota in Prognosis of Head and Neck Cancer	2023年
The state of the s	
3 . 雑誌名	6.最初と最後の頁
International Journal of Molecular Sciences	15456 ~ 15456
International Journal of Molecular Sciences	15456 ~ 15456
International Journal of Molecular Sciences	15456 ~ 15456
International Journal of Molecular Sciences 掲載論文のDOI(デジタルオプジェクト識別子)	15456~15456 査読の有無

1. 著者名	4 . 巻
Hamada Masakazu, Inaba Hiroaki, Nishiyama Kyoko, Yoshida Sho, Yura Yoshiaki, Matsumoto Nakano	28
Michiyo, Uzawa Narikazu	
2.論文標題	5.発行年
Transcriptomic analysis of Porphyromonas gingivalis infected head and neck cancer cells:	2024年
Identification of PLAU as a candidate prognostic biomarker	
3.雑誌名	6.最初と最後の頁
Journal of Cellular and Molecular Medicine	28
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子)	査読の有無
10.1111/jcmm.18167	有
オープンアクセス	国際共著
オープンアクセスとしている(また、その予定である)	-

オープンアクセスとしている (また、その予定である)

有

国際共著

# 〔学会発表〕 計6件(うち招待講演 0件/うち国際学会 0件)

1.発表者名					
西山今日子,	稲葉裕明,	濱田正和,	吉田	翔,	仲野道代

## 2 . 発表標題

口腔細菌が頭頸部癌細胞株に及ぼす影響と予後との関連性

# 3 . 学会等名

第64回歯科基礎医学会学術大会

10.3390/ijms242015456

オープンアクセス

# 4.発表年

2022年

1 . 発表者名 Masakazu Hamada, Kyoko Nishiyama, Uzawa Narikazu
2 . 発表標題 Prognostic association of starvation-induced genes in head and neck cancer
3 . 学会等名 第81回日本癌学会学術総会
4.発表年 2022年
1 . 発表者名 Hamada M, Nishiyama K, Uzawa N.
2 . 発表標題 Prognostic association of starvation-induced genes in head and neck cancer based on analysis of TCGA data
3 . 学会等名 第80回日本癌学会学術総会
4.発表年 2021年
1.発表者名 西山今日子,稲葉裕明,濱田正和,吉田翔,仲野道代
2 . 発表標題 血清飢餓状態が頭頸部癌細胞株に及 ぼす影響と飢餓誘導遺伝子の予後との関連性
3 . 学会等名 第63回歯科基礎医学会
4.発表年 2021年
1.発表者名 西山今日子、濱田正和、鵜澤成一
2 . 発表標題 口腔細菌が頭頸部癌細胞株に及ぼす影響と予後との関連性
3 . 学会等名 第77回日本口腔科学会
4 . 発表年 2023年

1.発表者名
Hamada M, Nishiyama K, Uzawa N.
·
2.発表標題
Transcriptomic analysis of sphingosine kinase 1 inhibitor PF543 induced autophagy in oral squamous cell carcinoma cells
3.学会等名
第82回日本癌学会学術総会
4.発表年
2023年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6.研究組織

 ٠.			
	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考

7.科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------