

## 科学研究費助成事業（科学研究費補助金）研究成果報告書

平成 25 年 6 月 21 日現在

機関番号：82603

研究種目：若手研究（B）

研究期間：2010～2013

課題番号：22790443

研究課題名（和文）ヒトパピローマウイルスのローリングサークル型DNA複製の分子機構の  
解明研究課題名（英文）Molecular mechanism of rolling circle DNA replication of human  
papillomavirus

研究代表者

松尾 理加（楠本 理加）[MATSUO RIKA (KUSUMOTO RIKA)]

国立感染症研究所・病原体ゲノム解析研究センター・主任研究官

研究者番号：90514133

研究成果の概要（和文）：ヒトパピローマウイルス（HPV）のゲノムDNAの複製機構を明らかにする目的で、HPVの複製に影響を及ぼす宿主細胞のチロシンキナーゼを2つの方法で検索した。HPV E1タンパク質との試験管内での結合を指標として、上位10個のチロシンキナーゼを候補として得た。また、ペプチドのリン酸化を指標として、上位7個のチロシンキナーゼを候補として得た。現在、これらの候補キナーゼとの細胞内結合や、HPV DNA複製への影響を検討している。

研究成果の概要（英文）：To elucidate the mechanism of DNA replication of human Papillomavirus, we searched for a factor that affects the virus DNA replication in cells. We performed ALPHA screening and identified ten tyrosine kinases that bind to HPV16 E1. We also identified peptides phosphorylated by an unknown kinase bound to E1 among a set of tyrosine kinase substrate peptides, and speculated seven kinases. Interaction between these kinases and E1 in cells and the effects of the kinases to HPV DNA replication will be tested.

## 交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合 計
2010年度	1,800,000	0	1,800,000
2011年度	0	0	0
2012年度	1,300,000	0	1,300,000
総 計	3,100,000	0	3,100,000

研究分野：医歯薬学

科研費の分科・細目：基礎医学・ウイルス学

キーワード：ウイルス、がん、DNA複製

## 1. 研究開始当初の背景

ヒトパピローマウイルス（HPV）は約8 kbpの環状二本鎖DNAをゲノムとするウイルスである。HPVは、表皮粘膜の基底細胞に侵入し、そのゲノムが核内でエピゾームとして維持される潜伏感染の状態を確立する。基底細胞の分裂時には細胞のDNA複製と同調してHPV DNAも複製、分配され、ウイルスゲノムが娘

細胞でも保持される。やがて基底層から押し上げられた感染細胞が角化細胞へと分化を始めると、HPVゲノムの大規模な複製とキャップシドタンパク質の産生が起こり、ウイルス粒子が放出される（図1）。

HPVゲノムにコードされているタンパク質はE1、E2、E4-E7、L1とL2の8つのみで

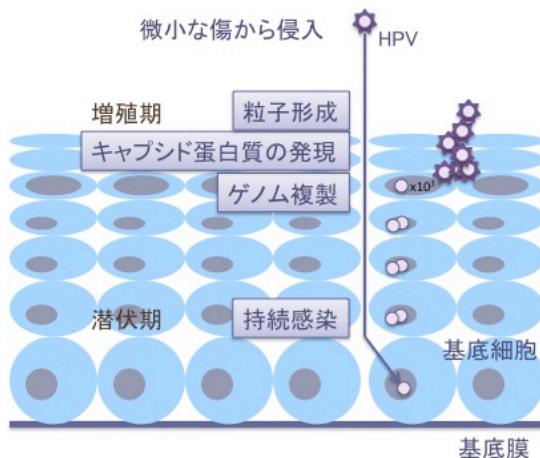


図1 HPVの生活環

ある。その中でE1、E2がHPVゲノムの複製に関与することが示されている。HPV DNAの複製は、HPV複製起点へのE2の結合と、E2によるE1のリクルートにより開始し、細胞の複製タンパク質を利用して進行する。複製様式は、複製フォークが複製起点から両方向に進むθ型と、複製フォークが一方向に進むRC型の2つあることが示されている。基底細胞が分裂し、HPV DNAを同じコピー数だけ維持する場合はθ構造型の複製を行い、細胞が分化し、HPVを大量に増幅する場合はRC型の複製を行うことが報告されている。このRC型複製の分子機構は明らかにされていない。

代表者はこれまで、2つのHPV DNA複製様式を同時に検出できる簡便な無細胞複製系を構築した。この実験系を用いて、ニックを入れることがHPV DNAのRC型複製を誘起する重要なステップであることを示唆した。また、HPVが感染しないヒト胎児腎293細胞にはRC型複製を阻害するような因子が存在することを示した。

## 2. 研究の目的

本研究では、無細胞複製系を用いてHPV DNAのRC型複製に必要な宿主細胞のタンパク質を同定し、その分子機構を明らかにすることを目的とする。さらに、HPV感染細胞がRC型複製を起こす条件を検討し、RC型複製のHPV感染病態における意義を明らかにする。

## 3. 研究の方法

### (1) E1タンパク質の翻訳後修飾について

HPVがコードするE1は細胞の様々な複製因子と相互作用し、HPV複製機構を調節していることが知られている。E1はセリン/スレオニンキナーゼと結合し、リン酸化を受けることにより、局在が変化する。そこで、チロシンキナーゼとは結合するのか、またリン酸化は受けるのか、調べることにした。そこで293細胞でN末端にFLAGタグを付加したHPV16型のE1を強制発現し、FLAG抗体により免疫沈降を行った。FLAG-E1にATPを加えると、FLAG-E1がリン酸化チロシン抗体により認識された(図2)。FLAG-E1にはチロシンキナーゼが結合しており、そのキナーゼはFLAG-E1をリン酸化する可能性があることを示唆している。

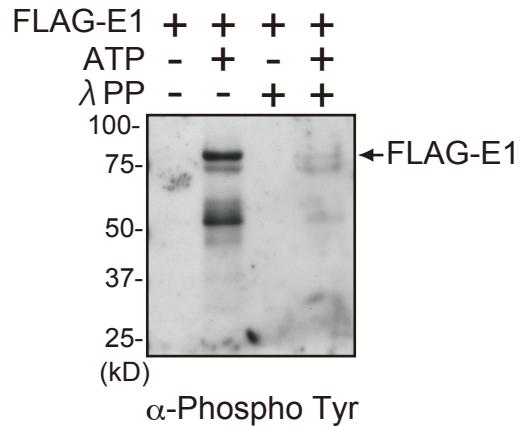


図2 E1タンパク質のチロシンリン酸化  
(λ PP: 脱リン酸化酵素)

### (2) ALPHAスクリーニングによるE1結合キナーゼの検索

小麦胚無細胞系を用いて約400個のキナーゼを発現し、FLAG-E1と結合するキナーゼをスクリーニングした。検出には化学增幅型ルミネッセンスプロキシミティホモジニアスアッセイ(ALPHA)を用いた。

### (3) E1結合チロシンキナーゼの基質ペプチドのリン酸化実験によるスクリーニング

293細胞で発現させたFLAG-E1を免疫沈降すると(1)で述べたように、チロシンキナーゼが結合している可能性がある。そこで、145

種類のチロシンキナーゼ基質ペプチドを基質として、 $[\gamma-^{32}\text{P}]$ ATP 存在下で FLAG-E1 免疫沈降画分によりリン酸化反応を行った。リン酸化されたペプチドを同定し、FLAG-E1 結合キナーゼを推測した。

#### (4) 組換えチロシンキナーゼによる E1 のリン酸化実験

(2)(3)で得られた E1 結合チロシンキナーゼ候補を組換えタンパク質として発現、精製し、E1 タンパク質をリン酸化するか検討した。

#### (5) HPV ゲノム複製への影響の検討

子宮頸部由来 C33A 細胞において、同定した E1 結合キナーゼを RNAi によりノックダウンする。この細胞にさらに HPV16 の複製起点の下流にレポーター遺伝子を組込んだプラスミド、E1、E2 発現プラスミドを導入し、HPV ゲノムのコピー数の変化を調べる。W12 細胞は HPV16 ゲノムを安定に維持する子宮頸部由来の細胞である。W12 細胞においても、E1 結合キナーゼをノックダウンし、HPV ゲノムのコピー数の変化を調べる。

### 4. 研究成果

#### (1) 小麦胚無細胞タンパク質合成法を用いたスクリーニングと *in vitro* リン酸化実験

FLAG-E1 と結合活性が高かったチロシンキナーゼは FRK, FES, TYK2, CSK, EphA3, EphA7 INSR, HCK, Lyn  $\alpha$ , INSRR であった。CSK(Src ファミリーのキナーゼ)を除くこれらのキナーゼはいずれも、*in vitro* で E1 をリン酸化することを確認した(図 3)。

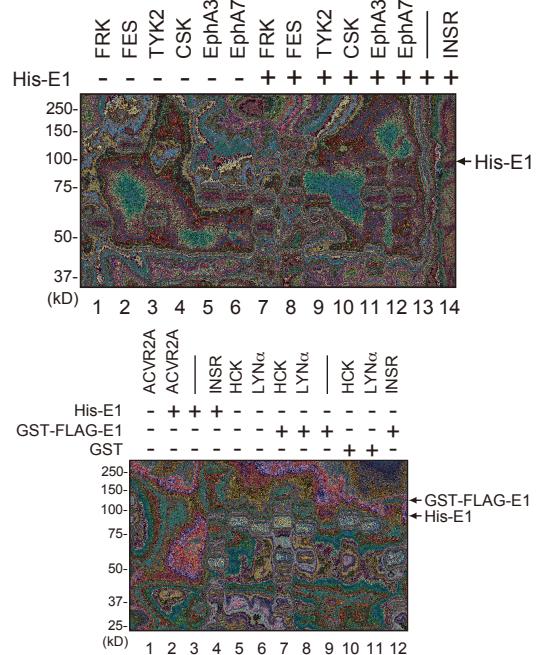
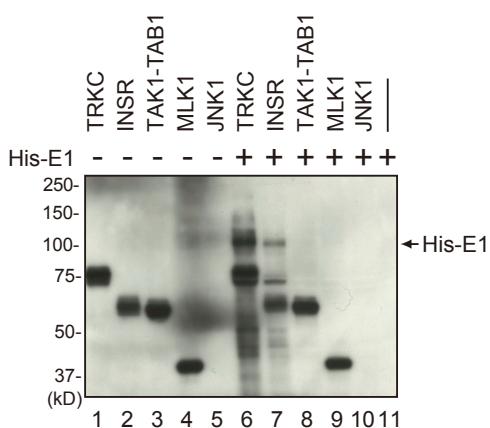


図 3 E1 のリン酸化実験 (リン酸化チロシン抗体による検出)

#### (2) チロシンキナーゼの基質ペプチドのスクリーニング

293 細胞で強制発現した FLAG-E1 には Ret, EphA5, CSK-1-R, ZAP-70, Epo-R, toroponin T, cdk2 をリン酸化するチロシンキナーゼが結合している可能性をみいだした。

#### (3) HPV DNA 複製アッセイ

これらのキナーゼを、RNAi 法を用いて C33A 細胞や W12 細胞よりノックダウンし、HPV DNA 複製を検討中である。

### 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 5 件)

- ① Kondo K., Uenoyama A., Kusumoto-Matsu  
R., Mori S., Ishii Y., Takeuchi T., Kanda  
T. and Kukimoto I. Genotype distribution  
of human papillomaviruses in Japanese  
women with abnormal cervical cytology.  
*Open Virol J* (Bentham Science

Publishers) 6, 277–283 (2012)  
doi:10.2174/1874357901206010277.

研究者番号 : 90514133

- ② Kitamura-Muramatsu Y., Kusumoto-Matsuo R., and Kukimoto I. Novel multiplexed genotyping of human papillomavirus using a VeraCode-allele-specific primer extension method. *Microbiol Immunol* (Wiley-Blackwell) 56, 128–133 (2012)  
doi:10.1111/j.1348-0421.2011.00406.x.
- ③ Mori S., Nakao S., Kukimoto I., Kusumoto-Matsuo R., Kondo K. and Kanda T. Biased amplification of human papillomavirus DNA in specimens containing multiple human papillomavirus types by PCR with consensus primers. *Cancer Sci* (Blackwell Publishing) 102, 1223–1227 (2011)  
doi:10.1111/j.1349-7006.2011.01922.x.
- ④ Kusumoto-Matsuo R., Kanda T. and Kukimoto I. Rolling circle replication of human papillomavirus type 16 DNA in epithelial cell extracts. *Genes Cells* (Blackwell Science Ltd.) 16, 23–33 (2011)  
doi:10.1111/j.1365-2443.2010.01458.x.
- ⑤ Kusumoto-Matsuo R., Opresko PL., Tahara H. and Bohr, VA. Cooperation of DNA-PKcs and WRN helicase in the maintenance of telomeric D-loops. *Aging (Albany NY)* (Impact Journals) 2, 274–284 (2010)  
<http://www.impactaging.com/papers/v2/n5/full/100141.html>

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

松尾 理加 (楠本 理加)

[MATSUO RIKA (KUSUMOTO RIKA)]

国立感染症研究所・病原体ゲノム解析研究センター・主任研究官