科研費

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 2 8 年 6 月 3 日現在

機関番号: 12601

研究種目: 基盤研究(C)(一般)

研究期間: 2013~2015

課題番号: 25462323

研究課題名(和文)次世代シークエンサーによる骨巨細胞腫の病態解明と新規治療ターゲットの探索

研究課題名(英文)Next Generation Sequencing of giant cell tumor of bone for the elucidation of pathology and the discovery of novel therapeutic target

研究代表者

田中 健之 (Tanaka, Takeyuki)

東京大学・医学部附属病院・助教

研究者番号:00583121

交付決定額(研究期間全体):(直接経費) 3,800,000円

研究成果の概要(和文):骨巨細胞腫は良性悪性の中間病変であり、腫瘍に発現しているRANKLが巨細胞(破骨細胞)を誘導することによって、局所での骨破壊が生じる。RANKLは、骨粗鬆症、がんの骨転移での治療ターゲットとなっており、その発現メカニズムに関しては、不明な点が多い。本研究は、骨巨細胞腫のRANKL発現メカニズムについて次世代シーケンサーを用いて行っている。解析をさらに進め、治療ターゲットの探索につなげて行くことを目標としていく。

研究成果の概要(英文): Giant cell tumors of bone (GCTB) is a locally aggressive neoplasm of bone, with a propensity for recurrence.RANK ligand secreted by the immature osteoblast-like stromal cells of these tumors induce the formation of osteoclast-like giant cells. RANKL is a therapeutic target of osteoporosis and bone metastasis, but the mechanism of the expression is unexplained. To elucidate the mechanism of RANKL expression, we performed this research with next generation sequencing. We will continue this research to discover new therapeutic target for GCTB.

研究分野: 整形外科

キーワード: 骨・軟部腫瘍 骨巨細胞腫

1 . 研究開始当初の背景

骨巨細胞腫は、20~30歳台の膝周囲、 橈骨遠位の長幹骨骨幹端部に好発す る骨腫瘍である。発生頻度は、診断が 確定した良性骨腫瘍の中で、20%を占め、比較的高い。治療は、手術による 掻爬術、切除術を原則とするが、脊椎、 仙骨・骨盤発生の場合は、手術療法が 困難な場合があり、放射線治療を行う こともある。脊椎、骨盤などにも生じ ること、手術後の機能障害が生じるこ とから根治したとしても ADL 障害は多大である。本疾患は、上記治療によっても、再発率は、17~45%と高く、良性腫瘍でありながら、肺転移が2~10%にみられるため、薬物療法の 開発が望まれる。しなし、これまで、 骨巨細胞腫に関する分子生物学的研 究は不十分であり、革新的なアプロー チを要する状況である。病理学的には、多核巨細胞と間質細胞、組織球からなり、間質細胞は、間葉系幹細胞と同様 な特徴を有し、間葉系細胞への分化能 を持つ他、破骨細胞の強力な誘導因子 である RANKL を高発現している。 骨巨細胞腫の病態に関しては、VEGR や cyclinD1 などの腫瘍原生に関わる 分子の発現と治療予後との相関を調 べた報告(Zheng MH, **Human** Pathol 2000, Matsumayashi S, Pathol Res Prac, 2009))や、マイクロ アレイなどの網羅的解析手法を用い た遺伝子発現解析により p63,Tenascin C, UCHL1 の発現異常 がみられることが報告されている。ま た骨巨細胞腫で発現低下が見られる UCHL1、Runx3,ZAK 遺伝子ではメ チル化の増加が報告されている。この ように骨巨細胞腫におけるゲノム・エ ピゲノム異常の解析は少数行われて いるが、その病態メカニズムは未だ不 明である(Jorg Fullenberg. **Int J Cancer**, 2010, Han YX et al. **Int J** Oncol, 2012, Babeto E et al. Int. Virchows Arch, 2011).

ンサーを用いたゲノム解析方法は、これまでのがん家系の連鎖解析、 LOH/CGH解析などによりがん遺伝子の存在する染色体領域を狭小化した後に原因遺伝子を同定するという方法からパラダイムシフトを起こし、全ゲノム・エピゲノムを対象とした原因遺伝子の網羅的解析を統合的にいて、新規遺伝子異常が報告されている(Kohno T., Nature med. 2011, Yoshida K...Nature. 2011, Wang L et al. Genom Res, 2012)。

以上のことから、骨巨細胞腫の病態解明、新規治療ターゲットの探索のために次世代シーケンサーを用いた研究が望まれる。

2.研究の目的

本研究の目的は、次世代シーケンサーを用いた統合的ゲノム・エピゲノム解析により、骨巨細胞腫の腫瘍原生に関与するゲノム・エピゲノム異常を同定することで、病態を解明し、新規治療ターゲットを探索することである。 3 研究の方法

骨巨細胞腫の検体の採取

ゲノム・エピゲノム解析 血液および腫瘍検体からゲノムの抽 出を行う。解析は、Exome sequencing、 SNP アレイ、RNA sequencing、ヒスト ン修飾の解析を行う。これらの情報を もとに、骨巨細胞腫の腫瘍発生に関与 するドライバー変異となるゲノム異 常を同定する。

Exome sequencing

提供者の腫瘍サンプルと血液から抽出された Genomic DNA を断片化した後にエクソンキャプチャーを用いてカリン領域を抽出する。東京大学先端科学技術研究センターにおいて、次世代型シーケンサー(イルミナ社 GAIIX)で解析し、得られた核酸配列情報を既知のヒトゲノムデータベース上と血液から得られた配列情報を比較する。これにより、ゲノムワイドな体細胞変異

の有無を検出する。

· RNA sequencing

提供者の腫瘍サンプルと市販のヒト間葉系幹細胞から抽出した total RNAを断片化した後に、cDNAを作成する。ペアエンドプライマーを用いて PCRを行った後に、次世代型シーケンサー(イルミナ社 GAIIx)で解析し、得られた核酸配列情報を既知のヒトゲークに大核酸配列情報を既知のヒトゲークが一ス上にマッピングし、比較する。これにより、染色体転座の存ったより、染色体転座の探索、腫瘍特異的なアイソフォームの探索、腫瘍細胞特異的に発現している遺伝子、RNA 編集などを検出する。

・SNP アレイ 提供者の腫瘍サンプルと血液から抽 出された Genomic DNA を用いて、 946,000以上のコピー数プローブを有 する Genome-wide Human SNP array 6.0(Affymetrix)でSNP genotypingを 行い、アレル特異的なゲノムコピー数

解析を行う。

· Infinium assay

提供者の腫瘍サンプルと市販のヒト間葉系幹細胞から抽出した genomic DNA を用いて、DNA メチル化異常をイルミナ社の Infinium 27K ビーズアレイを用いて網羅的に解析する。これら Exome-seq、RNA-seq、メチル化解析の解析結果を統合することで、骨巨細胞腫ゲノムに生じたドライバー変異となるゲノム異常を同定する。

候補遺伝子の機能解析

ゲノム解析の結果、候補にあがった遺 伝子の機能解析を行う。候補遺伝子を 間葉系幹細胞にレトロウィルスベク ターを用いて安定導入し、増殖能、浸 潤能、遊走能などの腫瘍原性能をみる。 増殖能は、MTT assay、細胞遊走能は scratch assay、Boyden chaber assay、say、組織侵入能は、Matrigel coating chamber により解析を行う。また、骨巨細胞腫では、RANKL が高発現するこ とが知られているが、候補遺伝子の安 定導入によって RANKL 発現が上昇し ているか real time PCR により解析す る。RANKL 発現上昇が見られた場合に は、そのシグナル経路について解析を行う。候補に上がったシグナル経路に ついて、ウェスタンブロッティングに よる蛋白解析を、また腫瘍組織の免疫 染色によって発現を確認する。

新規治療ターゲットの探索 候補遺伝子を安定導入した細胞を用

いて破骨細胞の分化誘導を行う。で解析した RANKL 発現に関与するシグナルの阻害剤を投与し、RANKL 発現抑制、破骨細胞誘導抑制効果の検討を行う。既知の骨代謝における骨芽細胞の

腫瘍組織での免疫組織学的手法に よる発現確認

腫瘍細胞における候補遺伝子の発現を、今回解析に使用した検体および東大病院および関連施設から収集したパラフィン包埋固定された検体を用いて免疫組織染色で確認する。

4. 研究成果

骨巨細胞腫の検体を採取し、症例を蓄 積した。これらからゲノムを抽出し、 Exome sequencing、RNA sequencingを行った。特に、骨巨細胞腫を特徴つけるRANKL発現に関して、エピゲノム の観点からヒストン修飾などに着目 し、解析を行っている。この際に、骨 肉腫や、骨芽細胞の RANKL の遺伝子発現機構と比較し、骨巨細胞腫での RANKL 異常発現メカニズムについて解析を行っている。骨巨細胞腫に共通す る遺伝子異常として、H3F3A遺伝子が 同定された (Behjati S、Nat Genet. 2013 Dec;45(12):1479-82)。今のとこ ろ、これ以外の骨巨細胞腫のドライバ 遺伝子となる遺伝子異常は同定さ れていない。現在、症例を増やして解 析を行っているところである。 骨巨細胞腫の新規治療薬であるラン マークによる治療が開始され、骨巨細 胞腫の治療体系が変わりつつある。ラ ンマークは、ヒトモノクローナル抗 RANKL 抗体であるが、RANKL 投与によって、骨巨細胞腫の骨融解の進行を停 止させ、さらに骨形成がみられる。し かし、ランマーク投与中止によって再 発が見られる症例があること、ランマ - ク投与後に腫瘍の掻爬術を行った 検体をみてみると、先述した骨巨細胞腫に共通してみられる H3F3A の遺伝 子異常が残存していることから、単独

で根治することは難しい可能性もあ

り、この点にも着目し、研究を進めて

いる。骨巨細胞腫の検体採取後に酵素

現在、Nature genetics に報告された H3F3A以外の有力な遺伝子異常は同定 されていないが、引き続き骨巨細胞腫 の腫瘍原生に関わるメカニズムを解 析して行きたい。また、新規治療薬で あるランマークに関連した研究につ いても解析を行って行く予定である。

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9件)
Y Takatori, <u>T Tanaka</u>, et.al.
Clinical and radiographic outcomes
of total hip replacement with
poly(2-methacryloyloxyethyl
phosphorylcholine)-grafted highly
cross-linked polyethylene liners:
three-year results of a prospective
consecutive series. Mod Rheumatol.
2015 Mar;25(2):286-91.

T Moro, <u>T Tanaka</u>, et. al. Wear resistance of the biocompatible phospholipid polymer-grafted highly cross-linked polyethylene liner against larger femoral head. J Orthop Res. 2015 Jul;33(7):1103-10

K Ogura, <u>H Kawano</u>, et.al. Development and external validation of nomograms predicting distant metastases and overall survival after neoadjuvant chemotherapy and surgery for patients with nonmetastatic osteosarcoma: A multi-institutional study. Cancer. 2015 Nov 1;121(21):3844-52.

H Kobayashi, <u>H Kawano</u>, et al.

Intercostal neuralgia as a symptom of an osteoblastoma in thoracic spine. BMJ Case Rep. 2015 Jul 2;2015

K Ogura, <u>H Kawano</u>, et.al. What is the effect of advanced age and comorbidity on postoperative morbidity and mortality after musculoskeletal tumor surgery? Clin Orthop Relat Res. 2014 Dec;472(12):3971-8.

K Ogura, <u>H Kawano</u>, et.al. Nomogram predicting severe adverse events after musculoskeletal tumor surgery: analysis of a national administrative database. Ann Surg Oncol. 2014 Oct;21(11):3564-71

K Ogura, <u>H Kawano</u>, et.al. Nomogram predicting severe adverse events after musculoskeletal tumor surgery: analysis of a national administrative database. J Bone Joint Surg Am. 2013 Sep 18;95(18):1684-91.

K Ogura, H Kawano, et.al. Cross-cultural adaptation and validation of the Japanese version of the Toronto Extremity Salvage Score (TESS) for patients with malignant musculoskeletal tumors in the lower extremities. J Orthop Sci. 2015 Nov;20(6):1098-105

S Sugita, H Kawaguchi, et al.
Transcription factor Hes1
modulates osteoarthritis
development in cooperation with
calcium/calmodulin-dependent
protein kinase 2. Proc Natl Acad Sci
U S A. 2015 Mar 10;112(10):3080-5.

[学会発表](計 件)

[図書](計件)

〔産業財産権〕 出願状況(計 件)

名称: 発明者: 権利者: 種類: 番号: 番願年月日:

国内外の別:

取得状況(計件)

名称: 発明者: 権利者: 種類: 番号:

田 引 : 出願年月日 : 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

田中健之(TANAKA, Takeyuki) 東京大学・医学部附属病院・助教 研究者番号:00583121

(2)研究分担者

河野博隆(KAWANO, Hirotaka)

帝京大学・医学部・教授

研究者番号: 20345218

川口浩 (KAWAGUCHI, Hiroshi) 東京大学・医学部附属病院・届出診療 員

研究者番号: 40282660