科研費

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 28 年 6 月 20 日現在

機関番号: 12602

研究種目: 挑戦的萌芽研究 研究期間: 2013~2015

課題番号: 25640060

研究課題名(和文)可視化システムを用いた膵癌幹細胞の研究とゲノム・エピゲノム解析

研究課題名(英文)Genomic/Epigenomic analyses and investigation for pancreatic CSCs with visualizing

system

研究代表者

伊藤 浩光(Ito, Hiromitsu)

東京医科歯科大学・医歯(薬)学総合研究科・助教

研究者番号:80645474

交付決定額(研究期間全体):(直接経費) 2,900,000円

研究成果の概要(和文): 膵癌は早期から浸潤や転移を生じる難治性の癌である。我々は、プロテアソーム活性を指標とした膵癌幹細胞の可視化システムを構築し、この課題に取り組んだ。本研究では、膵癌幹細胞が高い遊走・浸潤能力を持つことを示し、肝転移腫瘍の辺縁に局在しているという新しい知見を示した。ゲノム・エピゲノム解析から、膵癌幹細胞にDCLK1が高発現していることを同定、ヒストンのメチル化修飾との関連を示した。DCLK1を強制発現させると遊走・浸潤能力が顕著に亢進する一方、発現が抑制された癌幹細胞では転移能力は著しく消失した。臨牀検体における検証も加え、DCLK1が今後の膵癌治療の標的となる可能性を示した。

研究成果の概要(英文): Patients with pancreatic cancer typically develop tumor invasion and metastasis in the early stage. We previously examined the proteasome activity of CSCs and constructed a real-time visualization system for human pancreatic CSCs. In the present study, we found that CSCs were highly metastatic and dominantly localized at the invading tumor margins in a liver metastasis model. Microarray and siRNA screening assays showed that DCLK1 was predominantly expressed with histone modification in pancreatic CSCs with invasive and metastatic potential. Overexpression of DCLK1 led to amoeboid morphology, which promotes the migration of pancreatic cancer cells. Knockdown of DCLK1 profoundly suppressed in vivo liver metastasis of pancreatic CSCs. With clinical samples, our studies revealed that DCLK1 may be a promising epigenetic and therapeutic target in human pancreatic cancer.

研究分野: 膵臓癌

キーワード: 癌幹細胞

1.研究開始当初の背景

膵癌は近年、罹患率・死亡率ともに上昇しているものの、5年生存率は10%にも満たず、難治性の代表的な悪性腫瘍として早急に新治療の開発が望まれていた。難治性機序には癌幹細胞の関与が示唆され、以前よりCD133、CD24、ESA、CD44、CXCR4といった表面マーカーを指標とした研究が行なわれてきた(Cancer Res2007)。しかしながら、このような指標は不安定なことが多く、十分な成果が未だに得られていなかった。

2.研究の目的

上述のように、癌組織にも幹細胞性を示す細胞群の内在が示され heterogeneity の根源となることが報告されているものの、その動態や局在には不明な点が多い。本研究では、海癌 幹 細 胞 の 可 視 化 シ ス テ ム (Gastroenterology2012)を用いて膵同所態を解析し、生体内での維持機構・転移機序の明を行う。また、次世代シーケンサーを解析し、生体内での維持機構・転移機序の開いて癌幹細胞の遺伝子発現解析を行うととって癌幹細胞の遺伝子発現解析を行うととったエピゲノムの側面からも解析を行い、その分子生物学的特徴を明らかにすることを目標とする。

3.研究の方法

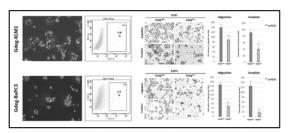
非ユビキチン化プロテアソーム活性を反映 するオルニチンデカルボキシラーゼ(ODC) デグロン配列と蛍光蛋白 (ZsGreen)の融合 遺伝子を、レトロウイルスベクターを用いて ヒト膵癌細胞株 2 種類 (KLM1、BxPC3)に導 入し安定株を作成(Gdeg-KLM1、Gdeg-BxPC3) 癌幹細胞をリアルタイムに可視化できるシ ステムを構築した。フローサイトメトリーに より光る細胞(Gdeghigh-KLM1、Gdeghigh-BxPC3) を選別し in vitro で sphere 形成能力や遊 走・浸潤能力、in vivo で腫瘍造成能力や転 移能力を評価した。次にマイクロアレイを用 いた網羅的遺伝子解析により、癌幹細胞 (Gdeghigh細胞)で高発現している遺伝子を同 定した。この遺伝子を過剰に発現させた株と 発現を抑制した株を作成し膵癌幹細胞にお ける機能を明らかにしようと試みた。また、 臨床検体の免疫組織学的染色も施行し、実臨 床へ応用の可能性を模索した。

<実際の工程>

- (1)安定した癌幹細胞可視化システムの構築
- (2) In vitro における動態解析
- (3) In vivo における肝転移モデルの作製
- (4)癌幹細胞の網羅的遺伝子解析
- (5)癌幹細胞のエピゲノム解析
- (DNA メチル化・ヒストン修飾)
- (6)標的遺伝子の同定とその作用機序の解明
- (7)臨床検体を用いた検証

4.研究成果

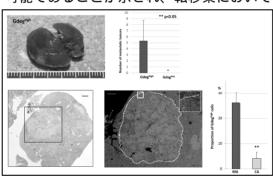
2 種類のヒト膵癌細胞株に ODC デグロン配列と蛍光蛋白の融合遺伝子を導入した。安定した株が樹立され(Gdeg-KLM1、Gdeg-BxPC3)双方とも全細胞数の約 1%に光る細胞(Gdeghigh)を認めた。In vitro 実験では、Gdeghigh 細胞は Gdeglow 細胞に比べて sphere 形成能が高く、Double Chamber Assay において遊走・浸潤能力が高いことが明らかとなった



(図1)。

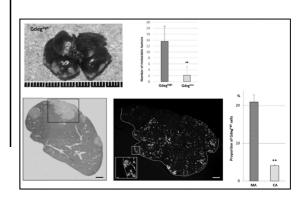
<図1:細胞株の樹立と遊走・浸潤能の結果>

In vivo 実験では、Gdeg^{high} 細胞は Gdeg^{low} 細胞 より少ない細胞で皮下腫瘍を形成し、経脾臓 肝転移モデルでは Gdeg^{high} 細胞で高い転移能 力が示された。生体内でも蛍光モニタリング 可能であることが示され、転移巣において



Gdeg^{high} 細胞は中心部よりは腫瘍辺縁に局在していることが明瞭に観察された(図2a,b)。<図2a:Gdeg^{high}-KLM1の肝転移モデル> <図2b:Gdeg^{high}-BxPC3の肝転移モデル>

KLM1-Gdeg^{high} 細胞および KLM1-Gdeg^{low} 細胞から RNA を抽出して網羅的遺伝子発現解析を行った結果、 $Gdeg^{high}$ 細胞で発現が亢進している遺伝子 (FC>2) は 483 個、発現が抑制されている遺伝子 (FC<0.5) は 1138 個を同定した。発現が亢進している遺伝子群の中で、浸潤や転移に深く関わっていると考えられる DCLK1 に着目した $(F \boxtimes 3, ₹1)$ 。

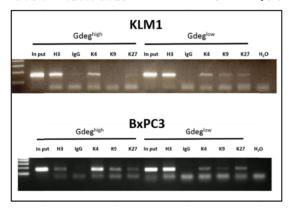


1:Gdeg-KLM1 における網羅的遺伝子解析結

Rank	Probe set ID	Gene symbol	Signal		FC(log2)	siRNA target sequence
			Gdeg ^{high}	Gdeglow		
1	214580_x_at	KRT6A/B/C	2882.3	94.0	4.938	
2	209125_at	KRT6A	6639.6	303.8	4.450	5' -GAGCUUCACUGUUACUAAA- 3'
3	205399_at	DCLK1	4054.2	344.2	3.558	5' -GACUUUGGACUGGCCACCA- 3'
4	205767_at	EREG	1402.7	157.9	3.151	5' -CCACCAACCUUUAAGCAAA- 3'
5	205064_at	SPRR1B	2203.3	260.3	3.081	5' -AAAUGAUUCAGCUCCCUUA- 3'
6	215303_at	DCLK1	370.2	46.0	3.010	(5" -GACUUUGGACUGGCCACCA- 3"
7	230962_at	DCLK1	280.4	36.5	2.942	(5' -GACUUUGGACUGGCCACCA- 3'
8	209126_x_at	KRT6B	2385.9	325.6	2.873	5' -CAACAGUUAUCAGCACUCA- 3'
9	241268_x_at		172.9	24.2	2.836	
10	204472_at	GEM	952.7	136.2	2.806	
11	214321_at	NOV	473.8	79.7	2.572	5' -CAGGGCAAAUAGUCAAGAA- 3'
12	1556773_at		732.6	136.0	2.429	
13	207173_x_at	CDH11	231.6	45.6	2.345	5" -GAAUCCUGAUGGUAUCAAU- 3"
14	209351_at	KRT14	1944.1	382.8	2.345	5' -GGUCAUGGAUGUGCACGAU- 3'
15	224480_s_at	AGPAT9	5905.5	1190.3	2.311	5' -CCAGUUGCAAUUAAGUAUA- 3'
16	202436_s_at	CYP1B1	3803.6	767.4	2.309	5' -CAGUUAUGGUCUAACCAUU- 3'
17	224941_a	PAPPA	175.2	35.7	2.293	5' -GAGCCUACUUGGAUGUUAA- 3'
18	202437_s_at	CYP1B1	35847	744.7	2.267	(5" -CAGUUAUGGUCUAACCAUU- 3"
19	202435_s_at	CYP1B1	2693.5	564.4	2.255	(5' -CAGUUAUGGUCUAACCAUU- 3')
20	235608_at		235.9	49.6	2.248	

果>

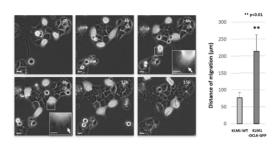
DCLK1 は、以前より神経細胞の遊走に関与していることが示されており、近年では消化管の癌幹細胞特異的マーカーとして報告されている。上記の結果をふまえ、免疫学的染色を行ったところ、Gdeghigh 細胞の細胞質にDCLK1 が強く発現していることが示された。そして、クロマチン免疫沈降法により、この発現変化がヒストンのメチル化修飾(H3K4me3 および H3K27me3)を介した動的遺伝子発現調節機構によることを示した(図



4)。 <図4:両株におけるヒストンメチル化修飾>

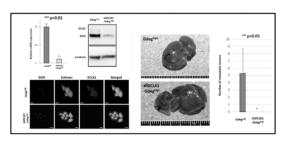
次に、DCLK1 を過剰発現させたヒト膵癌細胞株 (KLM1-DCLK1-GFP)を作成し、細胞の形態変化や遊走・浸潤能力を調べた。この過剰発現させた株において、神経細胞での報告と同様に DCLK1 は細胞骨格である微小管を形成する tubulinと merge していた。タイムラプスによる観察で、KLM1-DCLK1-GFP は細胞表面

に偽足を伸展させるなど、いわゆるアメーバ 様の形態変化が認められ、遊走・浸潤能力が 著しく亢進した(図5)。



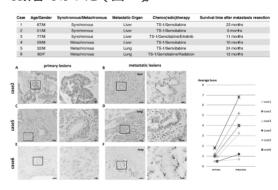
<図5:KLM1-DCLK1-GFPのtimelapse像>

次に、Gdeg^{high} 細胞に対して RNA 干渉により DCLK1 の発現抑制を行ったところ、遊走・浸 潤能力が著しく減弱した。 さらに Gdeg-KLM1 細胞から DCLK1 ノックダウン安定株を作成した 結果、 DCLK1 が抑制された光る細胞 (shDCLK1-Gdeg^{high}-KLM1)では肝転移が抑制されることが示された(図6)。



<図6:DCLK1 ノックダウンにより肝転移が抑制された>

さらに、膵臓癌切除症例で遠隔転移巣が切除された6症例(同時切除3例、異時切除3例)についてDCLK1の免疫組織学的染色を行った。すると、原発巣でほとんど認められなかったDCLK1陽性細胞が転移巣では増加していることが示され、特に異時性に切除された肺組織で顕著であった(図7)。



<図7:臨床検体による評価>

以上の我々の研究結果より、DCLK1 は膵癌の浸潤と転移の促進因子であり、治療の標的となる可能性が示された。

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)

<u>Ito H</u>, Tanaka S, Akiyama Y, Shimada S, Adikrisna R, Matsumura S, Aihara A, Mitsunori Y, Ban D, Ochiai T, Kudo A, Arii S, Yamaoka S, Tanabe M.

Dominant expression of DCLK1 in human pancreatic cancer stem cells accelerates tumor invasion and metastasis.

PLoS ONE

查読有

11(1)

2016

10.1371/journal.pone.0146564

[学会発表](計 1 件)

伊藤浩光

ヒト膵癌幹細胞可視化システムを用いた 転移メカニズムの解析と標的遺伝子の同定 第 116 回日本外科学会定期学術集会 2016 年 4 月 14 日 大阪府大阪市、大阪国際会議場

6. 研究組織

(1)研究代表者

伊藤 浩光 (Ito, Hiromitsu) 東京医科歯科大学 大学院医歯学総合研究科助教

入子院区困子総古研九件助约

研究者番号:80645474