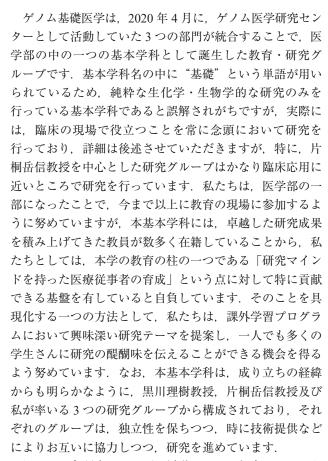
研究室紹介

医学部 ゲノム基礎医学

奥田 晶彦



以下に、各研究グループの活動について紹介させていただきます.

I. 奥田研究グループの研究

奥田研究グループは、ゲノム医学研究センター発足時においては、着床前の分化多能性を持った初期胚の一部の細胞や、それに相当する培養細胞である ES 細胞が持つ、無限の増殖性等の特筆すべき性質を規定している分子メカニズムを解明することを主な目的として研究を行っていました。しかし、その研究の過程で、全く予期していなかった



ことでありましたが、ES 細胞が、生殖細胞ではないにも関わらず、減数分裂を開始する潜在能力を有しており、その潜在能力はポリコーム複合体(PRC)1の一つのサブタイプである PRC1.6 によって強力に抑制されていることが明らかにしました。さらには、その後の解析により、PRC1.6 複合体が、生殖細胞における生理的な減数分裂の開始時期を調節していることがわかりました。このような経緯により、現状では、奥田グループは、PRC1.6 と減数分裂との関連をより明らかにすることに対して大部分のエフォートをつぎ込んで研究を行っています。

以下に、現在、奥田グループが行っている減数分裂関連 の研究の詳細について紹介させていただきます.

1) 生殖細胞が PRC1.6 複合体の機能を減弱もしくは破綻 させている分子基盤の解明

私たちは、今までに、生殖細胞が生理的に減数分裂を開始する際に PRC1.6 複合体の機能が減弱もしくは破綻していることは明らかにすることはできていますが、生殖細胞がどのような仕組みでもってそのことを達成しているかについてはわかっていないので、それを明らかにすることを目的に研究を行っています。そして、現在までに、PRC1.6 複合体を構成する因子の一つである Max タンパク質が、同複合体の機能調節の要となっているところまで明らかにすることができいます。

2) Max が PRC1.6 複合体の機能調節の要となっていることの必然性についての解析

Max タンパク質は、PRC1.6 複合体の構成因子の1つであると同時に体細胞分裂を強力に推進する Myc のパートナー因子でもあり、そのことによっても間接的に減数分裂の開始を抑制していることが想定されてます(図1). そして、私たちは、そのことと、PRC1.6 複合体を構成する 14 個もの因子の中で、Max タンパク質が同複合体の生理的な機能調節を受ける標的となっていることとの間には必然性があるのではないかという可能性を考えており、現在、その仮説に沿った研究も行っています.

72 奥田 晶彦

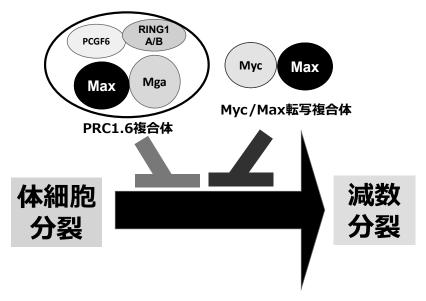


図1 生殖細胞における細胞分裂様式の変換と Max の量の低下の関係を示すモデル図

3) 非生殖細胞における減数分裂関連遺伝子の発現に対する 強固な抑制のための分子基盤の解明

分化多能性を持った ES 細胞や体細胞分裂期にある生殖 細胞では、減数分裂関連遺伝子は PRC1.6 や PRC2 などの その他のポリコーム複合体によって主に発現が抑制されています.一方、神経や肝臓細胞などの生殖や分化多能性とは全く関係のない体細胞では、それらの遺伝子の発現は、DNA のメチル化により強固に抑制されているのですが、奥田グループは、その為の仕組みを解明するための研究も行っています.

以上のより、奥田グループは、偶然にして減数分裂に対する調節因子を同定したことがきっかけで、生殖細胞における減数分裂開始機構の解明に向けて日々研究に邁進しています。これらの研究の生物学的な意義については極めて高いと認識しているものの、これらの研究からの成果を医学の発展に繋げていくという未来予想図については現状では描けていません。しかし、PRC1.6の機能に対する調節不全が不妊症の原因の一部である可能性は十分考えられることは間違いないことであるのと同時に、男性不妊は、精巣腫瘍発生の危険因子の一つであることから、一部の精巣腫瘍の原因解明に繋がる可能性を常に念頭において研究を行っています。

Ⅱ. 黒川研究グループの研究

黒川グループの主要な研究課題を以下にまとめます.

- 1. ヒトの遺伝子発現機構の解明
- 2. 非コード RNA のヒトゲノムにおける役割の解析
- 4. 相分離・相転移による遺伝子発現制御と関連する疾患 の発症機構

- 5. 遺伝子異常関連疾患の治療法の開発
- 6. IncRNA の核酸医薬への応用

黒川グループの研究の中心は、真核生物ゲノムの遺伝子発現機構の解明です。黒川グループはこの研究において多面的なアプローチを試みています。遺伝子の発現制御はすべての生命現象の基盤になる現代医学の重要課題の一つであります。黒川グループは、遺伝子発現制御の主要なステップである転写レベルでの遺伝子制御機構の解明を目指しています。ヒトのゲノムの9割以上は、遺伝子をコードしない非コード領域であり、機能不明なものと考えられてきました。最近のヒトゲノムの転写産物の解析から、この非コード領域の9割は転写され非コード RNA(noncodingRNA: ncRNA)となることが知られてきました。このncRNAの大部分は鎖長200塩基対以上の長鎖非コードRNA(lncRNA)であり、これらが遺伝子制御に機能することが知られてきました。

黒川グループは、細胞周期制御因子である cyclin D1 遺伝子のプロモーター領域から転写される lncRNA である pncRNA-Dが、RNA 結合タンパク質(RBP)TLS/FUS と結合して cyclin D1 遺伝子発現を抑制する結果を発表し、RNA 依存性転写抑制という新規の転写制御機構を提唱しました(図 2)(Nature, 2008). これは、lncRNA が乳癌や肺癌などの増殖亢進に関与する cyclin D1 遺伝子を制御する重要な知見であります. lncRNA と腫瘍生物学をリンクさせる重要な知見でもあります. このように lncRNA は重要な生体機能を制御する役割を担い、様々な疾患の発症に関与することが示唆されています. TLS を初め多くの RBP は lncRNA と結合して、その生理活性の発現を仲介することが示されてきました.

そして、このTLSは、脂肪肉腫の融合遺伝子として、また、筋萎縮性側索硬化症の原因遺伝子としても注目されて

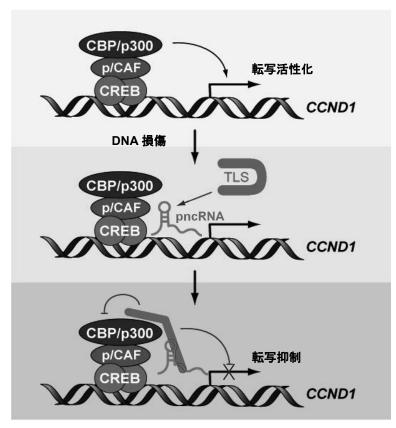


図2 RNA 依存性の転写抑制機構

います. 最近、黒川グループは、TLS の相分離現象にも注 目しています. TLS は、分子内に、構造をとらない天然変 性領域 (IDR) を有し、この IDR を介して分子が会合して 液滴 (Condensate) を形成することが明らかにされてきま した. この液滴は複数の種類の RBP を会合させて、膜のな い細胞内小器官(RNA顆粒)を形成します.この現象が. 翻訳制御などの RNA 機能に関与することが知られていま す. また、液滴が強く会合すると凝集体・沈殿を形成し、 これが ALS など多くの神経変性疾患の原因となることも指 摘されています. 黒川グループは pncRNA-D が TLS と結 合すると、相分離・沈殿の形成を抑制することを示しまし た. これは、pncRNA-D が ALS の核酸医薬品のシード化 合物になる可能性を示唆しています. 最近. 新たに見出し た IncRNA にも TLS の相分離を抑制する活性があることを 示しました. これらの IncRNA も, ALS の治療薬のシード となることが期待されます. 黒川グループは, ゲノム中か ら転写される多くの IncRNA には重要な生理機能に関与す る分子があると考え解析を進めています.

さらに、pncRNA-Dのメチル化によりTLSへの結合性が制御され、TLS相分離も制御される結果を得ています。これは、RNA修飾が重要な生体制御に関与する可能性を指摘するもので、関連疾患の検索とあわせて研究を進めています。また、TLSの修飾と機能相関に関しても解析を進めています。

Ⅲ. 片桐研究グループの研究

片桐グループは、骨を中心に軟骨や筋肉などを含めた「運動器」における分子レベルでの生理的制御機構の解明と、その機序の関連疾患への応用を目指した研究に取り組んでいます。運動器は、文字通り身体を動かすための器官の総称です。運動器の機能が正常に保たれることで、我々の身体を自由に動かして生活することができます。

一方、加齢に伴い運動器にさまざまな障害が起きることが知られています。骨が折れたり、軟骨がすり減ったり、筋肉が萎縮してしまったりすると、身体を動かすことが困難となります。骨の量が減り、骨折が起きやすくなる骨粗鬆症と呼ばれる疾患は、寝たきりの状態を招く主要な原因の1つです。膝の軟骨がすり減って痛みと骨の変形が起こる変形性膝関節症も、高齢者に見られる運動器疾患の1つです。加齢や寝たきり状態、癌の末期などでは、筋肉の量が急激に減少するために、運動能力が低下する場合が知られています。

片桐グループが目指していることは、こうした運動器の変化の原因を分子レベルで明らかに、それらの科学的な知見を人々が健康な身体を保つために応用することです.

1) TGF- βファミリーのシグナル伝達機構の解明

さまざまな生理活性物質の中で、Transforming Growth Factor- β (TGF- β)ファミリーと呼ばれる類似した構造を持つ 30 種類以上の成長因子は、特に運動器の制御に重要な

74 奥田 晶彦

成長因子として知られています.

TGF- β ファミリーの中で、最も大きなサブファミリーを形成するのが Bone Morphogenetic Protein(BMP)と呼ばれる成長因子群です。もともと BMP とは、筋組織や皮下への移植に依って新しい骨組織を誘導する生理活性物質に対して付けられた名前でした。この骨誘導活性の発見から20年以上経って、ようやく BMP がクローニングされ、すでにクローニングされていた TGF- β と相同性が高く、大きなファミリーを形成することが明らかとなりました。

BMPは、1つの成長因子を移植することで、胎生期の骨格形成や骨折の修復時と同じ過程を経て、最終的には骨髄を含む新しい骨を誘導します。このBMPの骨を誘導する活性は極めてユニークで、筋肉、脳、心臓、肝臓、腎臓など、他の臓器を単一の生理活性物質で再現できる例は他にありません。

この BMP のユニークな生理活性は、BMP が細胞表面に発現している特異的な受容体に結合して細胞内に伝達されます。片桐グループでは、骨を誘導するための受容体やその活性化の機序、細胞内でシグナルが伝達される一連のシグナルカスケードなどを 1 つずつ明らかにし、新しい骨ができる機序を解明したいと考えています。

また、骨を誘導しない TGF-βファミリーの成長因子群も、軟骨や筋肉の形成、維持、再生に重要なことが明らかとなっています。これらの成長因子も、BMPと類似した受容体やシグナル伝達機構で生理活性を示すことから、その特異性を含めた分子機構の解明を目指しています。

2) 進行性骨化性線維異形成症 (FOP) に関する研究

本邦の難病の1つに、筋肉の中に過剰な骨ができる遺伝性疾患である進行性骨化性線維異形成症(FOP)が知られています。片桐グループが埼玉医科大学で研究を開始した当時、FOPの発症機序は不明で、検査法や治療法は確立されていませんでした。FOP症例の症状が、BMPを筋組織に移植した状態とよく似ていることから、BMPが関与する可能性が考えられました。

そこで、片桐グループは 2005 年に「埼玉医科大学 FOP 診療・研究プロジェクト」を組織して、我が国で初めて FOP に関する本格的な研究を開始しました。その後、FOP の発症原因が BMP に対する受容体の遺伝子変異であることが明らかとなり、簡便な遺伝子診断法を確立しました。 FOP の遺伝子変異を持つ BMP 受容体は、過剰なシグナルを細胞内に伝達することを実証し、新しい阻害法を開発しました。現在では、世界の各地で色々な BMP 受容体阻害薬が開発され、FOP 患者さんを対象とした治験が進行しています。

このように、FOP は教科書に載るような典型的な遺伝子疾患で、急速に治療法の開発が進んでいます。一方、どうして筋肉が骨になるのかという点は、未だに解明されていない点が残されています。診断法や治療法を開発すると共に、疾患の発症機序をさらに解析することで、これまで知られていなかった骨や軟骨、筋肉などの制御機構が明らか

になることを期待しています.

3) その他の運動器疾患に関する研究

FOP以外にも、発症原因が明らかとなっていなかったり、治療法が確立されていないさまざまな運動器疾患が知られています。片桐グループは、これらの疾患も解析することで、運動器の全体像を明らかにするための重要なヒントが得られると考えています。同時に、こうした運動器疾患の研究から新しい発症に関わる分子機序が明らかとなり、その後の治療法や診断法の開発につながることを期待しています。

Ⅳ. スタッフ紹介

ゲノム基礎医学は 2022 年 12 月の時点で,非常勤職員も含めて総勢 20 名のメンバーで構成されており、その中で9 名の常勤教員について以下に簡単に紹介させていただきます.

奥田晶彦 (教授)

1992年12月に本学に講師として赴任して以来,ES細胞が無限の増殖性や分化多能性等の特質を有するための仕組みについて研究を行っている。本学における特筆すべき出来事の一つとして,2008年から約6年間,CRESTの代表としてES・iPS細胞の研究を行い,ES細胞におけるMycがん原遺伝子の役割についてまとめた研究成果をCELLの姉妹紙(Cell Stem Cell)に報告したことを挙げることができる。また、その際に作製したMaxホモ欠失ES細胞が上記に記載したように減数分裂様の変化を示したことがきっかけで、現在は、主に、生殖細胞における減数分裂開始機構の解明を目的として研究を行っている。

黒川理樹 (教授)

東京大学大学院で理学博士取得後,1991年からカリフォルニア大学サンディエゴ校医学部のChris Glass教授とGeoff Rosenfeld教授の研究グループに参加.当時,最もホットな核内受容体(NR)の転写制御機構の解明に取組む.ここでの成果は、Nature 9報、Cell 2報、Science 2報に結実した.この実績が認められ、メリーランド州 Bethesda にある国防総省付属医学部の助教授として独立しPIを経験.2004年帰国して、埼玉医科大学教授着任、現在に至る.研究テーマは学部学生時代より、一貫して真核生物の遺伝子制御の解明を目指してきた.真核ゲノムの遺伝子制御を多面的に解析している.

片桐岳信 (教授)

2004年5月に、当時の埼玉医科大学ゲノム医学研究センター病態生理部門に赴任した。北里大学大学院薬学研究科修士課程の時に、大村智先生から「骨を増やす薬を探す研究」をテーマとして頂いたことがきっかけで、30年以上骨の研究に従事している。骨を増やす生理活性物質のスクリーニング系構築が研究テーマで、その positive control と

して骨折の修復に関わると予想された「骨誘導因子 (BMP)」の研究を始めた. 当時は、まだ BMP がクローニングされておらず、食肉加工場へ牛骨を数十 kg 買いに行き、砕いて、抽出して、分画し、培養細胞で活性を調べることがメインテーマだった. 大学院時代に偶然読んだ骨ができる難病に興味を持ち、埼玉医科大学に着任後のメインテーマとなった.

鈴木 歩 (講師)

免疫染色等の発生学的な手法を得意としており、その特徴を生かすべく、奥田グループの研究項目の1および2を担当している。特筆すべき業績としては、2016年に減数分裂とPRC1.6との関係について示したNature Communications に発表した論文と、その成果を基に獲得できた文部科学省科学研究費・若手研究Aが挙げられる。

米田竜馬 (講師)

筋萎縮性側索硬化症(ALS)の病因タンパク質 FUS の研究を行っている。FUS は RNA と結合することで、機能が変化するため、FUS と相互作用する RNA の修飾や配列による、FUS への影響を検証している。この研究を通して、ALS 発症メカニズムの解明や、発症予防効果をもつ RNAの同定を目指している。

塚本 翔 (講師)

本学保健医療学部健康医療科学科(現・臨床検査学科)の出身で、在学中の研究体験プログラム「筋肉が骨になる難病」を通して、希少疾患の基礎研究に興味を持ち、修士課程、博士課程に進んだ、社会に還元する研究を目指して、疾患モデル動物の樹立や解析、病態メカニズムの解明に取り組んでいる。

浦西洸介 (助教)

奥田グループの中では、研究項目3を主に担当している. 生化学的手法を得意しており、加えて、最近では、バイオインフォマティクス的手法についても研鑽を深めつつある. なお、経歴における特記事項として、金沢大学での大学院期間中に日本学術振興会特別研究員(DC2)として米国Memorial Sloan Kettering 研究所に1年間の留学経験を持つ.

倉谷麻衣 (助教)

大学院生の時から現在まで、運動器の研究に取り組んできた. 広島大学大学院で、一過性運動や疾患によって筋力が低下する機序の解析を行なった. 2015年に本学ゲノム医学研究センター(当時)に赴任してからは、筋肉に骨ができる遺伝性疾患を中心に、TGF-βファミリーシグナルと運動器の制御機構を解析している.

上田奈緒美 (助手)

核内タンパク質の糖化による細胞毒性に注目して研究を進めている。現在は、筋萎縮性側索硬化症の原因遺伝子のひとつである TLS/FUS の糖化と、糖尿病性神経障害の関連に着目し、TLSが非酵素的に糖化される結果を得ている。今後は細胞内における TLS 糖化のメカニズムや細胞毒性への影響を明らかにしたいと考えている。

Ⅴ. 結 語

ゲノム基礎医学は、黒川先生、片桐先生及び奥田が率いる3つの研究グループがほぼ独立性を保ちつつ研究を進めており、かつ、いずれのグループも確実に研究を発展させることができていると考えています。さらには、グループ間の連携についても、充実しつつあり、以下に列挙した発表論文の1番の論文がその成果の具体例として挙げることができます。今後は、こういったグループ間での連携を、より一層、活発化させることで、今まで以上に研究成果を輩出し、そうすることで、医学の発展に寄与していきたいと考えています。

VI. 発表論文

以下に、ゲノム基礎医学が誕生した 2020 年以降に報告 した主な英文発表論文を列挙させていただきます.

英文発表論文

- Yoneda R, Ueda N, Uranishi K, Hirasaki M, Kurokawa R. Long noncoding RNA pncRNA-D reduces cyclin D1 gene expression and arrests cell cycle through RNA m (6) A modification. J Biol Chem 2020; 295: 5626-39.
- Hamad N, Mashima T, Yamaoki Y, Kondo K, Yoneda R, Oyoshi T, Kurokawa R, Nagata T, Katahira M. RNA sequence and length contribute to RNA-induced conformational change of TLS/FUS. Sci Rep 2020; 10: 2629.
- Hamad N, Watanabe H, Uchihashi T, Kurokawa R, Nagata T, Katahira M. Direct visualization of the conformational change of FUS/TLS upon binding to promoterassociated non-coding RNA. Chem Commun (Camb) 2020; 56: 9134-7.
- 4) Tsukamoto S, Kuratani M, Katagiri T. Functional characterization of a unique mutant of ALK2, p.K400E, that is associated with a skeletal disorder, diffuse idiopathic skeletal hyperostosis. Bone 2020; 137: 115410.
- 5) Matsuoka M, Tsukamoto S, Orihara Y, Kawamura R, Kuratani M, Haga N, Ikebuchi K, Katagiri T. Design of primers for direct sequencing of nine coding exons in the human ACVR1 gene. Bone 2020; 138: 115469.
- 6) Machiya A, Tsukamoto S, Ohte S, Kuratani M, Suda N, Katagiri T. Smad4-dependent transforming growth factor-beta family signaling regulates the differentiation of dental epithelial cells in adult mouse incisors. Bone

76 奥田 晶彦

- 2020; 137: 115456.
- Ohte S, Shiokawa T, Koyama N, Katagiri T, Imada C, Tomoda H. A new diketopiperazine-like inhibitor of bone morphogenetic protein-induced osteoblastic differentiation produced by marine-derived Aspergillus sp. BFM-0085. J Antibiot (Tokyo) 2020; 73: 554-8.
- 8) Yamazaki H, Ohte S, Rotinsulu H, Wewengkang DS, Sumilat DA, Abdjul DB, Maarisit W, Kapojos MM, Namikoshi M, Katagiri T, Tomoda H, Uchida R. Screening for Small Molecule Inhibitors of BMP-Induced Osteoblastic Differentiation from Indonesian Marine Invertebrates. Mar Drugs 2020; 18: 606.
- Yoneda R, Ueda N, Kurokawa R. m(6) A Modified Short RNA Fragments Inhibit Cytoplasmic TLS/FUS Aggregation Induced by Hyperosmotic Stress. Int J Mol Sci 2021; 22: 11014.
- 10) Hamad N, Yoneda R, So M, Kurokawa R, Nagata T, Katahira M. Non-coding RNA suppresses FUS aggregation caused by mechanistic shear stress on pipetting in a sequence-dependent manner. Sci Rep 2021; 11: 9523.
- 11) Uranishi K, Hirasaki M, Kitamura Y, Mizuno Y, Nishimoto M, Suzuki A, Okuda A. Two DNA binding domains of MGA act in combination to suppress ectopic activation of meiosis-related genes in mouse embryonic stem cells. Stem Cells 2021; 39: 1435-46.
- 12) Kitamura Y, Uranishi K, Hirasaki M, Nishimoto M, Suzuki A, Okuda A. Identification of germ cell-specific Mga variant mRNA that promotes meiosis via impediment of a non-canonical PRC1. Sci Rep 2021; 11: 9737.

- 13) Mochizuki K, Sharif J, Shirane K, Uranishi K, Bogutz AB, Janssen SM, Suzuki A, Okuda A, Koseki H, Lorincz MC. Repression of germline genes by PRC1.6 and SETDB1 in the early embryo precedes DNA methylation-mediated silencing. Nat Commun 2021; 12: 7020.
- 14) Nakano T, Aochi H, Hirasaki M, Takenaka Y, Fujita K, Tamura M, Soma H, Kamezawa H, Koizumi T, Shibuya H, Inomata R, Okuda A, Murakoshi T, Shimada A, Inoue I. Effects of Ppargamma1 deletion on late-stage murine embryogenesis and cells that undergo endocycle. Dev Biol 2021; 478: 222-35.
- 15) Inoue H, Hirasaki M, Kogashiwa Y, Kuba K, Ebihara Y, Nakahira M, Sakai A, Okuda A, Sugasawa M. Predicting the radiosensitivity of HPV-negative oropharyngeal squamous cell carcinoma using miR-130b. Acta Otolaryngol 2021; 141: 640-5.
- 16) Katagiri T, Tsukamoto S, Kuratani M. Accumulated Knowledge of Activin Receptor-Like Kinase 2 (ALK2)/ Activin A Receptor, Type 1 (ACVR1) as a Target for Human Disorders. Biomedicines 2021; 9: 736.
- 17) Kitamura Y, Suzuki A, Uranishi K, Nishimoto M, Mizuno S, Takahashi S, Okuda A. Alternative splicing for germ cell-specific Mga transcript can be eliminated without compromising mouse viability or fertility. Dev Growth Differ 2022; 64: 409-16.
- 18) Jimi E, Katagiri T. Critical Roles of NF-kappaB Signaling Molecules in Bone Metabolism Revealed by Genetic Mutations in Osteopetrosis. Int J Mol Sci 2022; 23: 7995.