

# 口腔扁平上皮癌におけるマイクロサテライト不安定性と 癌関連遺伝子変異の相関性に関する研究

宮 内 美 和

Studies on Correlation between Microsatellite Instability and Mutations of Cancer-Related Genes in Oral Squamous Cell Carcinoma

Miwa Miyauchi

(平成12年1月19日受付)

## 緒 言

癌は遺伝子の病気であり、発癌は、癌遺伝子や癌抑制遺伝子の異常が複数個蓄積することにより、多段階的に起こっていることが明らかになってきた<sup>1)</sup>。癌遺伝子の活性化には、遺伝子の変異、再構成、増幅などが、癌抑制遺伝子の不活性化には、遺伝子の変異や欠失が関与すると考えられている<sup>1)</sup>。以上のことから、癌関連遺伝子の変異につき検索することは、発癌の原因遺伝子を解明する上で極めて重要であると考えられる。種々の外因やDNA複製の過程で遺伝子変異は起こると考えられるが、細胞には変異を生じさせないようにする防御機構があり、そのため遺伝子変異の頻度は低い。この防衛機構には、DNA修復機構とスピンドルチェックポイントがある<sup>2)</sup>。もしこれらの機構に異常が生じれば、遺伝子変異の頻度は上昇し、発癌が促進されると考えられる。DNA修復機構には、ミスマッチ修復(MMR)や、塩基除去修復、スクレオチド除去修復のあることが知られているが、MMR異常は、遺伝性非腺腫症性大腸癌の原因となっており、さらに大腸癌、胃癌、肺癌、子宮内膜癌などの散発性癌でもこの異常の関与していることが明らかになっている<sup>3,4)</sup>。この異常が生じるとDNA複製の過程でエラーを生じやすい少數塩基の繰り返し配列であるマイクロサテライト部位での遺伝子変異の頻度が上昇し、その結果、挿入／欠失(フレームシフト)型の異常の頻度が高くなる<sup>3)</sup>。この結果、マイクロサテライト配列を蛋白翻訳領域に含

む癌関連遺伝子にフレームシフト変異が生じやすくなるものと考えられている<sup>3,4)</sup>。実際に、MMR異常のある癌において、高頻度に異常がみられるマイクロサテライト配列部位を蛋白翻訳領域に含むいくつかの癌関連遺伝子の変異が明らかになっている<sup>5-8)</sup>。また、堀井ら<sup>4)</sup>は、高頻度にMMR異常が認められる胃癌、大腸癌、子宮内膜癌などで、これらの癌関連遺伝子変異を検索した結果、各臓器に変異が生じている遺伝子は異なることから、発癌に関与する遺伝子は臓器特異性のあることが報告されている。

Higashikawa *et al*<sup>9)</sup>は、口腔扁平上皮癌(OSCC)におけるMMR異常によるマイクロサテライト不安定性(MI)を検索し、単発癌と多重複癌では共にMIの頻度が低く、これらの発癌にMMR異常は強く関与していないことを報告した。しかし、OSCC、特に多発癌におけるMIの関与を結論づけるには被験症例が少なく、またMIの認められた例MI(+)における癌関連遺伝子変異の検索も十分でない。そこで、遺伝子変異の生じる頻度が上昇していると考えられるMI(+)例において癌関連遺伝子変異を検索することは重要であり、OSCCの発生の原因遺伝子を解明する一助となると考えた。

マイクロサテライト配列部位は、繰り返し回数の複製エラーを起こすが、さらにこの部位の広範囲に欠失の生じやすいことも知られている<sup>1,10)</sup>。癌抑制遺伝子産物は、1 hitによりその遺伝子の片方のアレルに部分欠失(LOH; Loss of heterozygosity)が生じ、2 hitsで残りのアレルに点突然変異が生じて不活性化することが知られている<sup>11)</sup>。最近では、マイクロサテライトマーカーを用いたPCR法により、詳細に遺伝子領域全体に渡りLOHの検索がなされ、既存の癌抑制遺伝子異常の検

広島大学歯学部口腔外科学第二講座（主任：石川武憲教授）本論文の要旨は、第53回日本口腔科学会総会（平成11年4月、東京都）、第58回日本癌学会総会（平成11年10月、広島市）において発表した。

索<sup>15)</sup> や、新たな癌抑制遺伝子の同定が行われるようになった。丹沢ら<sup>12)</sup> や Higashikawa *et al*<sup>9)</sup> は 3q23, 9q21, 11q23, 18q21.1 には口腔扁平上皮癌 (OSCC) に特徴的な LOH 領域が存在することを報告している。因みに、Kim *et al*<sup>13)</sup> は、18q21.1 領域の LOH を OSCC 検索例の 47% に認められ、この領域に存在する癌抑制遺伝子 DPC4 の遺伝子には、2 hits となる変異の証左は得られなかつたと報告しており、OSCC への DPC4 異常の関与は明確にされていない。今回の一連の検索で、DPC4 にもマイクロサテライト配列領域があることから、この領域の変異を検索する必要性を考えた。

今回、本研究では、マイクロサテライト配列を遺伝子領域内に含む各種癌関連遺伝子と癌抑制遺伝子 DPC4 について、MI(+) OSCC 症例とこれら遺伝子の同配列部位での変異様相との関連を明らかにし、さらに MI(+) OSCC に深く関与する癌関連遺伝子を同定するため、以下の検索を行った。

### 被験対象と実験方法

#### I. 被験対象

MI(+) OSCC 症例の検出のための MI の検索対象には、本学歯学部附属病院第二口腔外科で生検、または外科的に切除された単発性 OSCC 38例と口腔内と食道での多発性 OSCC 7 例の計45例を用いた。平均年齢は61.9歳で、男性28例、女性17例、初発部位は歯肉23例、舌15例、口底4例、口唇1例、頬粘膜2例であった。1997年の UICC (International Union Against Cancer) の分類<sup>14)</sup> では、I期12例、II期6例、III期18例、IVa期7例、およびIVb期2例であった（表1）。なお、正常コントロールとして、同一患者の非癌化部口腔粘膜上皮や末梢血リンパ球を用いた。

今回、MI と LOH の検索にあたり、Higashikawa *et al*<sup>9)</sup> がすでに報告した45症例についても、再度検索を行った。

癌関連遺伝子のマイクロサテライト配列部位における変異の検索については、今回著者の新たに検出した

MI(+) 5 例に、MI(+) と LOH の判明している 5 症例<sup>9)</sup> を追加して被験対象とした（表6-1）。

### II. 実験方法

#### 1. Genomic DNA の抽出法

新鮮組織および 10% ホルマリン固定・パラフィン包埋された癌組織、またコントロールとして正常組織から、通法により<sup>15,16)</sup>、Proteinase K 消化後、フェノール・クロロホルム処理法によって Genomic DNA を抽出した。

#### 2. MI と LOH の検索法

##### 1) Polymerase Chain Reaction (PCR) 法による MI の検出

MI(+) OSCC 例を検出するために、マイクロサテライトマーカーを用いた PCR 法によってマイクロサテライト領域を增幅し、MI による複製回数エラーを検出した。プライマーとして、28回の CA の反復配列を含む領域の D2S123、また A がそれぞれ 25 回、26 回、および 40 回の反復配列を含む領域の BAT25, BAT26、および BAT40 の 4 種のマイクロサテライトマーカーを用いた<sup>5,9)</sup>。プライマーには、Human map pairs-polymorphic maker (Research genetics 社) や宝酒造社(株)製のものを用いた。45 症例につき前述の 4 つの領域のマーカーを検索し、1 領域以上に MI が認められた場合、この症例を MI(+) と判定した。

##### 2) PCR 法による p53 遺伝子の LOH の検出

p53 遺伝子は、種々の臓器や組織に発生する癌に遺伝子変異が生じており、癌組織の診断に極めて有用であることが知られている。p53 は、DNA 損傷時に細胞周期を G0 期に停止させ、DNA 修復を促進することが知られているが<sup>17-19)</sup>、最近では p53 が放射線や紫外線によって損傷を受けた DNA を修復するスクレオチド除去修復機構に関与し、この修復機構を促進させることが報告されている<sup>20)</sup>。以上のことから、p53 に異常が生じれば、DNA 修復が正しく行われなくなり、遺伝子変異の頻度は上昇し、特にマイクロサテライト配列領域をもつ癌関連遺伝子変異の発現と関連している可能性が考えられる。今回、遺伝子修復異常に関与する p53 遺伝子異常とマイクロサテライト配列をもつ癌関連遺伝子変異との関連を知るために、p53 遺伝子のイントロン領域内の 25 回の CA の反復配列を含むマイクロサテライトマーカーの TP53<sup>11)</sup> をプライマーとして用いて OSCC 45 例に対し、LOH の検索を行った。LOH の判定は、Higashikawa *et al*<sup>9)</sup> が行った方法を用いた。

表1 MI 検索症例の概要

Patient	45		
Mean age	61.9		
Sex (M/F)	28/17		
Occurrence site		Stag (UICC, 1997)	
Gingiva	15	I	12
Tongue	23	II	6
Mouth floor	4	III	18
Lip	1	IVA	7
Buccal mucosa	2	IVB	2

3. 癌関連遺伝子のマイクロサテライト配列部位におけるフレームシフト変異変異の検索法

1) PCR 法による癌関連遺伝子変異の検出

MI(+) の場合、遺伝子変異の頻度が上昇するが、特にマイクロサテライト配列は、遺伝子異常の標的になりやすいとされている<sup>3,4,21)</sup>。MI(+) 例でいくつかのマイクロサテライト配列をもつ癌関連遺伝子変異が報告されているが<sup>3,4,5-8)</sup>、堀井ら<sup>4)</sup>は癌の原発臓器によって変異を起こしている遺伝子は異なると報告している。今回、MI(+) OSCC に関する遺伝子変異を検索するために、蛋白翻訳部位にマイクロサテライト配列がある癌関連遺伝子 (BAX, IGFIIR, DPC4, PTEN, BRCA1, BRCA2, ICE, hMSH3, hMSH6) の同配列部位に特異的なプライマーを用い、フレームシフト変異を検出した (表 2)。DPC4 については、Genome Data Base より (G)<sub>6</sub> を含む部位にプライマーを設定した (図 1)。他の遺伝子のプライマーの配列は、Genome Data Base および既報の論文<sup>6-8)</sup>を参照し、Human map pairs-polymorphic marker (Research genetics 社) や宝酒造社(株)製の製品を用いた。PCR の条件としては、Genomic DNA50ng, dNTP1.5mM, Taq polymerase

(Ampli Taq DNA polymerase, N801-0060, Perkinelme 社) 0.5U, 10×PCR buffer (Perkinelmer 社) 1.5 μl を総量 15 μl に調整した。PCR 反応は、Programmable Thermal Cycler (M. J. Research) 上で、denature は 94°C で 30 秒間、extension は 70~72°C, 0.5~1 分間のサイクルを 1 回分とし、35~40 回行った。MgCl<sub>2</sub> 濃度、annealing 時間や温度等の条件はマーカーにより異なるため、表 2 に総括して示した。初回の denature は 92°C で 4 分間、また最終の extension は 72°C, 6 分間の条件で行った。

PCR 産物を 8M 尿素-6% アクリルアミドゲル、1×TBE 緩衝液上で、65ワットで、1.5~2 時間電気泳動し、半日から 3 日間、Fuji RX フィルムによりオートラジオグラフィーを行った。腫瘍例 (T) に繰り返し回数の違う PCR 産物が発現した場合、回数が増加すると正常バンドの上に、回数が減少すると正常バンドの下に付加像が生じる。これを変異バンドと判定した。

2) Direct sequence 法による変異部位の確認法

変異と判定されたバンドより、通法に従い<sup>15,16)</sup> Genomic DNA を抽出し、Circum Vent Thermal Cycle Dideoxy DNA Sequencing Kit (New England Biolabs)

表 2 検索した癌関連遺伝子

Gene	Function	Repeat*	PCR condition	
			MgCl <sub>2</sub> (mM)	Annealing Tm.**
Bax	Bcl-2 associated X protein tumor suppressor	regulator of apoptosis	(G) <sub>8</sub>	1.5 55(0.5)
IGFIIR	Insulin like growth factor II receptor	involved in cell growth	(G) <sub>8</sub>	1.5 55(0.5)
DPC4	Deleted in pancreatic carcinoma, locus 4	tumor suppressor	(G) <sub>6</sub>	1.5 55(1.0)
PTEN	Phosphatase and tensin homologue detected on chromosome 10	tumor suppressor	(A) <sub>6</sub>	1.5 55(0.5)
BRCA1	Breast cancer 1	tumor suppressor	(A) <sub>8</sub>	2.5 57(0.5)
BRCA2	Breast cancer 2	tumor suppressor	(A) <sub>8</sub>	2.5 57(0.5)
ICE	Interleukin-1b converting enzyme	regulator of apoptosis	(A) <sub>8</sub>	1.5 55(1.0)
hMSH3	h mutS homolog3	mismatch repair gene	(A) <sub>8</sub>	1.5 55(0.5)
hMSH6	h mutS homolog6	mismatch repair gene	(C) <sub>8</sub>	1.5 55(0.5)

\*; nucleoside repeat within an exon, \*\*; annealing temperature and time (min)

121 ttgaacaaat ggacaatag tctattacga atacaccaac aagtaatgat gcctatctga  
 M ..... ctgtggcttc cacaagtcg cctgcccgta tactgggggg cagccatagt  
 781 ..... 831 gaaggactgt tgcagatgc atcagggcc cagccaggac agcagcgaa tggattact  
 881 .....

→ Primers used for genomic amplification ←

図 1 DPC4 遺伝子の塩基配列 (マイクロサテライト領域)

M: 開始コドン。

(G)<sub>6</sub> 配列を含んだ部位にプライマーを設定した (矢印の部分)。

を使用して、PCRに用いたプライマーで Direct sequence 反応を行った。電気泳動は、8M 尿素-6% アクリルアミドゲル上で、75ワット、1~1.5時間の条件で行った。Fuji RXフィルムによりオートラジオグラフィーを1~3日間行い、変異部位を確認した。

#### 4. BAX 遺伝子変異の検索法

##### 1) Single Strand Conformation Polymorphism (SSCP) 法による変異の検出

p53 の転写因子であり、アボトーシスに関与している癌抑制遺伝子である BAX 遺伝子については、MI (-) OSCC 例65例で、BAX 遺伝子の全エクソン (exons 1~6) につき、SSCP 法によって遺伝子変異を検索した。検索症例を表3に示す。プライマーは、Chou *et al*<sup>22)</sup> の用いた配列を用い (表4), Human map pairs-polymorphic maker (Research genetics 社) や宝酒造社(株)製の製品を用いた。PCRの条件として、Genomic DNAは50ng, dNTP は1.5 mM, Taq polymerase (AmpliTaq DNA polymerase, N801-0060, PerkinElmer)

は0.25U, 10×PCR buffer (PerkinElmer) は1.5 μl, Mg 濃度は1.5 mMで、総量は15 μlとし、両方のプライマーを [ $\gamma$ -<sup>32</sup>P] で末端ラベルし、それぞれ各0.1 mMを用いた。PCR反応は、Programmable Thermal Cycler (M. J. Research) 上で、denatureは94°Cで1分間、annealingはエクソン1~3で55°C、エクソン4で58°C、エクソン5, 6で60°Cをそれぞれ2分間、extensionは70~72°Cで1分間でサイクル回数は30~35回とし、最初の denature は92°Cで4分間、最終の extension は72°Cで6分間行った。PCR 産物は Stop solution で5倍に希釈し、85°Cで10分間加熱し熱変性させ、5% 非変性アクリルアミドゲル (acrylamide: methylene-bis-acrylamide, 49:1) 上に、35ワット、6~8時間電気泳動し、5~8日間、Fuji RX フィルムでオートラジオグラフィーを行った。腫瘍組織に遺伝子変異のある場合、正常コントロールに比して、移動度の異なるバンドが発現する。これらを変異バンドと判定した。

##### 2) Direct sequence 法による変異部位の確認法

変異と判定されたバンドより、通法に従い<sup>11, 15, 16)</sup> Genomic DNAを抽出し、Circum Vent Thermal Cycle Dideoxy DNA Sequencing Kit (New England Biolabs) を使用して、SSCP 法と同じプライマーにより Direct sequence 反応を行った。ついで前述の条件と同様に電気泳動、オートラジオグラフィーを行い、変異部位を確認した。

#### 結果

##### 1) OSCC における MI と p53 の LOH

OSCC (単発性38例、多発性7例) 計45例に対し、前述の4種類のマイクロサテライトマーカーを用いて

表4 SSCP 法で用いた BAX 遺伝子のプライマー

Exon	Primer Sequence	Annealing Temperature (°C)	Product Length (bp)
1	5'-cggtcagcggggctctca-3'	54	207
	5'-caggccggtaggaaggat-3'		
2	5'-cccctagaacccaagagatc-3'	58	200
	5'-ggctgagacttcctgtgtcc-3'		
3	5'-atccaggatcgagcaggcgc-3'	55	100
	5'-cactcgctcagttcttgggtgg-3'		
4	5'-tctctgtcaggatattgc-3'	58	209
	5'-tccccagggtcctcacagat-3'		
5	5'-caggcagtggggacaagggt-3'	60	192
	5'-gcgggtgtgggggtgaggag-3'		
6	5'-cccctggccgagtcaactgaa-3'	60	237
	5'-aatgcccatgtcccccaatc-3'		

表 5 OSCC における MI(+) と LOH 症例

Case No. (Age & Sex)	Primary cancer	TNM & Staging	Other Cancer	Microsatellite Markers*	TP53
2 (48, M)	Tongue	T2NOMO, II		BAT40	LOH
35 (50, M)	Gingiva	T4NOMO, IVA	Tongue	BAT40	LOH
38 (33, M)	Tongue	T2NOMO, II		BAT40	—**
42 (89, F)	Buccal mucosa	T3NOMO, III	BAT40		—
45 (89, M)	Gingiva	T3NOMO, III	Gingiva	BAT40, D2S123	LOH

\*; instability of microsatellite markers, \*\*; wild type case

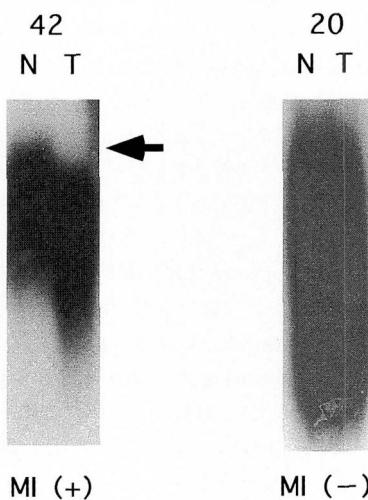


図 2 OSCC における MI 例 (BAT40)

MI(+) の症例42では、腫瘍部 (T) に繰り返し配列違う PCR 産物が発現したため、泳動されたバンドが下方にシフトしている (矢印の部分)。

PCR 法で MI を検索した。MI は単発性 OSCC 38例中 3 例 (7.9%), 多発性 OSCC 7 例中 2 例 (28.6%) の

計 5 例に発現した (表 5)。図 2 に MI 例を示す。この 5 例のすべてに BAT40 の MI が認められ、症例45では、D2S123 においても MI が認められた。単発性 MI(+) 例 3 例の初発部位は、舌 2 例、頬粘膜 1 例で、UICC 分類<sup>14)</sup> では II 期が 2 例、III 期が 1 例であった。多発性 MI(+) の 2 例は、それぞれ歯肉と舌、歯肉と歯肉という口腔内での多発例で、UICC 分類<sup>14)</sup> は、III 期と IVa 期であった。この MI(+) 5 例と初発部位や病期などの臨床病態には関連性はなかった (表 5)。

p53 遺伝子内のマイクロサテライトマーカーである TP53 を用いて p53 の LOH を検索した結果、LOH の Informative case は 16 例 (MI(+) 5 例、MI(−) 11 例) であった。LOH はこの 16 例中 3 例 (18.8%) に生じていたが、この LOH 3 例はすべて MI(+) 例であった。この 3 例中 2 例は口腔内の多発性 MI(+) 例であった (表 5)。

## 2) 癌関連遺伝子のマイクロサテライト配列部位におけるフレームシフト変異

MI(+) 症例とマイクロサテライト配列を遺伝子領域内に含む各種癌関連遺伝子の同配列部位での変異様

表 6-1 MI(+) 症例の概要

Case No. (Age & Sex)	Primary cancer	TNM & Staging	Other Cancer
2 (48, M)	Tongue	T2NOMO, II	
35 (50, M)	Gingive	T4NOMO, IVA	Tongue
38 (33, M)	Tongue	T2NOMO, II	
42 (89, F)	Buccal mucosa	T3NOMO, III	
45 (89, M)	Gingive	T3NOMO, III	Gingive
MF21* (55, F)	Gingive	T4NOMO, IVA	Palate
S22* (46, M)	Gingive	T1NOMO, I	
M27* (71, M)	Gingive	T4N2aMO, IVA	Esophagus
MF29* (51, M)	Palate	T2N1MO, III	Tongue
S44* (68, M)	Tongue	T3NOMO, III	

\*; 東川より MI(+) と判明した症例

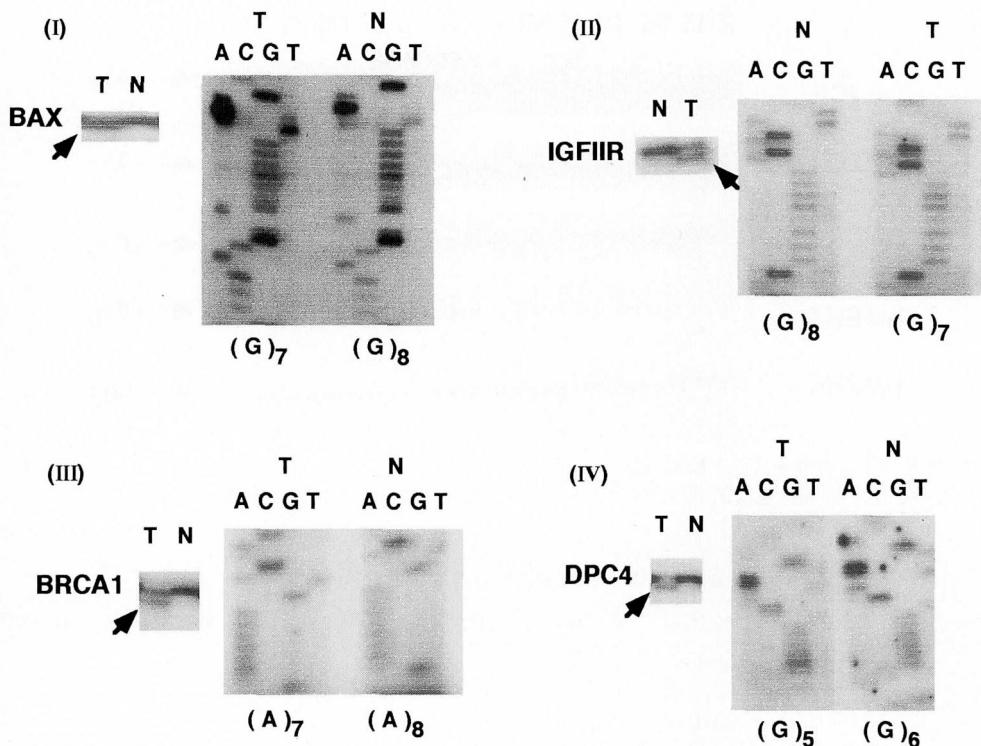


図3 PCR法による癌関連遺伝子検索 (1)  
 (I) BAX, (II) IGFIIR, (III) BRCA1, (IV) DPC4  
 腫瘍 (T) では、矢印に示すように下方に変異バンドが発現。  
 Direct sequence による変異部位の確認。

相との関連を明らかにし、また MI(+) OSCCにおいて変異の標的となる遺伝子を同定するために、今回検出した MI(+) 例 5 例に加えて、MI(+) の判明している 5 例<sup>9)</sup> の計 10 例 (表 6-1) について、蛋白翻訳領域内に、マイクロサテライト配列をもつ癌関連遺伝子 BAX, IGFIIR, DPC4, PTEN, BRCA1, BRCA2, ICE, hMSH3, hMSH6 のフレームシフト変異を検索した。各遺伝子の詳細は表 2 に示す。次いで、変異が生じている症例については、シーケンス法により変異部位を確認した。上記の 9 つの癌関連遺伝子を検索した結果、MI(+) 例 10 中 5 例 (50%) に、フレームシフト変異が認められ、この 5 例中 3 例には 2 つの遺伝子変異が生じていた (表 6-2)。変異の詳細は、以下のとおりである。アポトーシスに関連する癌抑制遺伝子の BAX ではエクソン 3 のコドン 38~41 における (G)<sub>8</sub> 領域の 1 塩基欠失による変異を 4 例 (40%) に認めた (表 6-2)。この 4 例中 2 例は舌の単発症例、1 例は歯肉の単発症例、1 例は歯肉と食道との多発症例で、また 4 例中 2 例は UICC 分類<sup>14)</sup> の II 期、1 例は III 期、1 例は IVa 期の症例であった。細胞増殖に関連する遺伝子の

IGFIIR ではコドン 1313~1316 における (G)<sub>8</sub> 領域の 1 塩基欠失によるフレームシフト変異を 2 例 (20%) に認め、両例とも同時に BAX に変異があった (図 3, 表 6-2)。この 2 例は舌の単発症例で、それぞれ UICC 分類の II 期と III 期の症例であった (表 6-1)。本研究で初めて癌抑制遺伝子 DPC4 のマイクロサテライト領域の変異の検索を行った結果、エクソン 5 のコドン 228~229 における (G)<sub>6</sub> 領域の 1 塩基欠失による変異を 1 例 (10%) に認めた。またこの 1 例は癌抑制遺伝子 BRCA1 のエクソン 11 のコドン 654~657 における (A)<sub>8</sub> 領域の 1 塩基欠失による変異も生じていた (図 3, 表 6-2)。この症例は、頬粘膜の単発症例で、UICC 分類<sup>14)</sup> の III 期の症例であった (表 6-1)。この遺伝子変異例全 5 例と初発部位や病期などの臨床病態との関連性はなかった。PTEN, BRCA2, ICE, hMSH3, hMSH6 の遺伝子のフレームシフト変異はいずれの例にもみられなかった (図 4, 表 6-2)。

このフレームシフト変異が検出された 4 つの遺伝子 (BAX, IGFIIR, DPC4, BRCA1) では、Direct sequence によって、変異部位から下流の蛋白翻訳領域のコドン

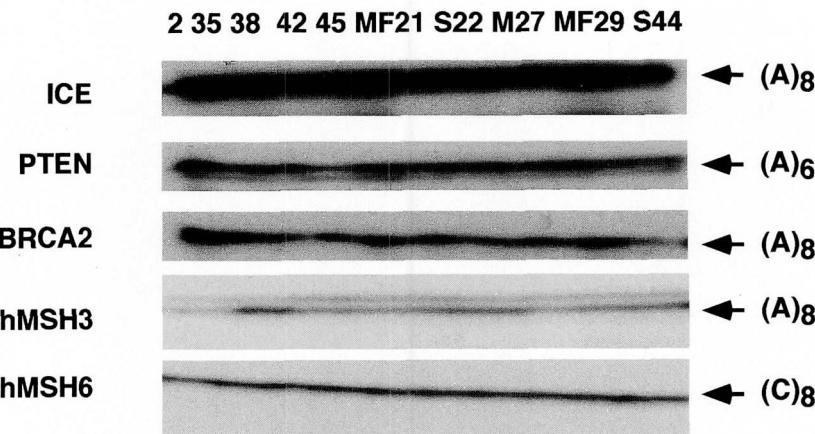


図4 PCR法による癌関連遺伝子検索(2)

右矢印は、各癌関連遺伝子のマイクロサテライトリピート回数と、PCR産物の正常位置を示す。

表6-2 MI(+)症例における遺伝子変異の検索結果

Case No.	TP53	BAX(G) <sub>8</sub>	IGFIIR(G) <sub>8</sub>	DPC4(G) <sub>6</sub>	BRCA1(A) <sub>8</sub>	BRCA2(A) <sub>8</sub>	ICE(A) <sub>8</sub>
2	LOH	+d****	+d	—	—	—	—
35	LOH	—	—	—	—	—	—
38	—***	+d	—	—	—	—	—
42	—	—	—	+d	+d	—	—
45	LOH	—	—	—	—	—	—
MF21*	LOH	—	—	—	—	—	—
S22*	LOH	—	—	—	—	—	—
M27*	/**	+d	—	—	—	—	—
MF29*	/	—	—	—	—	—	—
S44*	/	+d	+d	—	—	—	—

Case No.	PTEN(A) <sub>6</sub>	hMSH3(A) <sub>8</sub>	hMSH6(C) <sub>8</sub>
2	—	—	—
35	—	—	—
38	—	—	—
42	—	—	—
MF21*	—	—	—
S22*	—	—	—
M27*	—	—	—
MF29*	—	—	—
S44*	—	—	—

\*; 東川により MI(+) と LOH が判明した症例 \*\*; Homozygous \*\*\*; wild type, \*\*\*\*; 1bp deletion

に読み替わるが起つたために、ストップコドンが生じていたことが確認された(表7)。代表例として、BAX遺伝子の配列を図5に示す。

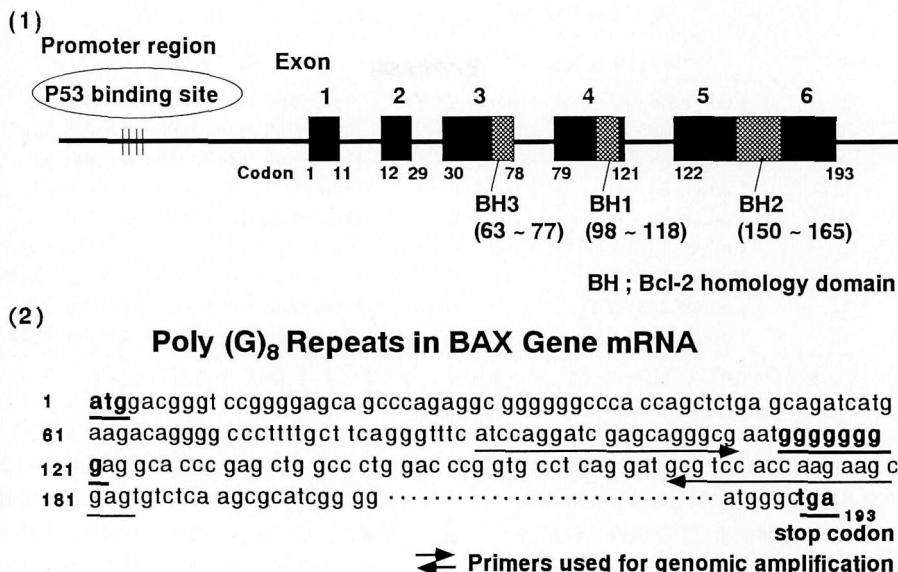
癌関連遺伝子に変異の認められた5例中多発癌症例は1例のみであった(表6-1)。

今回検索したMI(+)のp53LOH例の3例とMI(+)のp53LOH例の2例<sup>9)</sup>をあわせた5例(単発例2例、多発例3例)中では、単発症例1例にのみBAXと

IGFIIRの両遺伝子変異が認められた(表6-1, 2)。

### 3) BAX遺伝子変異

MI(+) OSCC例でBAX遺伝子のマイクロサテライト配列部位でのフレームシフト変異の発現頻度が高かったことから、OSCCにおける同遺伝子の関与について明確にするために、同遺伝子変異について詳細に検討した。SSCP法を用いてBAX遺伝子の全エクソン



### Poly (G)<sub>7</sub> Repeats in mtBAX Gene mRNA

1    **atggacgggt ccggggagca gcccagaggc ggggggcccc caagctctga gcagatcatg**  
61    aagacagggg ccctttgc tcagggtttc atccaggata gaggcaggcg aatgggggggg  
121    agg cac ccg agc tgg ccc tgg acc ccg tgc ctc agg atg cgt cca cca aga agc tga 59  
stop codon  
181    **gagtgtctca agcgcatcg gg ..... atgggttga 193**  
stop codon

図 5 BAX 遺伝子の塩基配列

- (1) BAX は 6つのエクソンからなっている。
- (2) 図中の矢印に示したように、(G)<sub>8</sub>配列を含んだ部位にプライマーを設定し、PCR 法で検索した。BAX は 579 個の塩基で構成されている。(G)<sub>8</sub>配列中の 1 塩基が欠失し、(G)<sub>7</sub>配列になった場合、翻訳段階での読み取り枠にずれを起こすため、図中のように下流の塩基配列中にストップコドンが生じる。

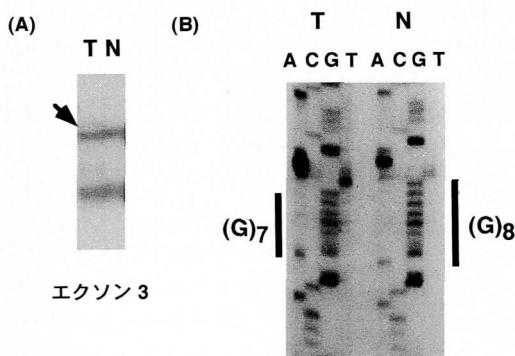


図 6 SSCP 法で検出された MI(−) 例の BAX 遺伝子変異

症例 30 の腫瘍部 (T) では、矢印の位置にシフトバンドが発現している。

Direct sequenceにより変異部位を確認した結果、コドン 38~41 における (G)<sub>8</sub>領域の 1 塩基欠失した変異であった。

(exons 1~6) における MI(−) OSCC 例の遺伝子変異を検索した結果、MI(−) 例では 65 例中 1 例 (1.5%) にのみ変異を認めた。これは、MI(+) 例で生じている変異と同部位のエクソン 3 のコドン 38~41 における (G)<sub>8</sub>領域の 1 塩基欠失によるフレームシフト変異であった (図 6, 表 7)。

### 考 察

癌の家系解析によって各種癌関連遺伝子が同定され、発癌機構の解析が飛躍的に進歩した。しかし、OSCC では、遺伝性、家族性の症例はほとんど無く、発癌の原因遺伝子の解明は進んでいない。遺伝性大腸癌の原因遺伝子単離による研究で判明した MMR 異常では、MI と呼ばれる現象の生じることが判明している<sup>10, 23~27</sup>。単発性の大腸癌、胃癌、肺癌、子宮内膜癌例などでも、約 20~30% の頻度で MI が認められ、発癌との関連性が報告されている<sup>5~8</sup>。しかし、乳癌や肝

表7 癌関連遺伝子変異例の検索結果

Genes	Case No.	Codon	Nucleotides	Amino acid
BAX	2	Codons 38~41	(G) <sub>8</sub> → (G) <sub>7</sub>	Frameshift (Stop codon at codon 59)
	38	Codons 38~41	(G) <sub>8</sub> → (G) <sub>7</sub>	Frameshift (Stop codon at codon 59)
	30*	Codons 38~41	(G) <sub>8</sub> → (G) <sub>7</sub>	Frameshift (Stop codon at codon 59)
	M27**	Codons 38~41	(G) <sub>8</sub> → (G) <sub>7</sub>	Frameshift (Stop codon at codon 59)
	S44**	Codons 38~41	(G) <sub>8</sub> → (G) <sub>7</sub>	Frameshift (Stop codon at codon 59)
	IGFIIR	Codons 1313~1316	(G) <sub>8</sub> → (G) <sub>7</sub>	Frameshift (Stop codon at codon 1382)
DPC4	2	Codons 1313~1316	(G) <sub>8</sub> → (G) <sub>7</sub>	Frameshift (Stop codon at codon 1382)
	42	Codons 228~229	(G) <sub>6</sub> → (G) <sub>5</sub>	Frameshift (Stop codon at codon 275)
BRCA1	42	Codons 654~657	(G) <sub>8</sub> → (G) <sub>7</sub>	Frameshift (Stop codon at codon 755)

\* ; SSCP 法で変異が判明した MI(−) 例 \*\* ; 東川により MI(+) と LOH が判明した症例

癌などでは、MI の出現は10%以下と低頻度であり、MMR 遺伝子の発癌への関与には臓器によって差があると考えられている<sup>3)</sup>。今回検索した単発性 OSCC では、38例中3例（7.9%）に MI を認めた。Higashikawa *et al*<sup>9)</sup> の報告では5.9%であり、また Ishwad *et al*<sup>28)</sup> による報告は6.6%であり、筆者の得た報告と差はなかった。また前者は多重症例と単発性 OSCC について検索し、症例数が少なかったこともあり、これらの MI の頻度に有意差はなかったと報告している。本研究では、口腔内と食道での多発性 OSCC と単発性 OSCC の MI の発現について検索した結果、多発性 7 例中 2 例（28.6%）に MI が認められ、多発性の MI の発現頻度は単発性のものに比べて高かったが、症例数が少ないことから、有意差は認められなかった。当講座における検索結果として、今回の45例（単発性38例、多発性 7 例）と MI の判明している45例（単発性38例、多発性 7 例）<sup>9)</sup>をあわせた OSCC 計90例（単発性76例、多発性14例）で多発性 OSCC と単発性 OSCC の MI の発現について検索した結果、MI は単発性 OSCC 76例中 5 例（6.6%）、多発性 OSCC 14例中 5 例（35.7%）の計10例に発現し、単発性と多発性の OSCC 例における MI の発現率は Fisher の正確確率検定法により有意差が認められた。なお、MI の検索を行うにあたり、Higashikawa *et al*<sup>9)</sup> の行った45例の試料を用いて再度検索を行ったが、MI については同様の結果を得た。Horii *et al*<sup>29)</sup> は、消化管の多発癌例で、MI が88%の高頻度で認められたことから、多発癌の発生に MI が深く関与しており、これを第二癌発症のリスク判定の指標に応用することが可能であると報告している。近年、頭頸部癌においても、診断、治療技術の進歩や、平均寿命の延長などにより、多発癌の報告例が増加傾向にある<sup>30)</sup>。兼安ら<sup>31)</sup>によると、頭頸部での多発癌例は、頭頸部と食道での発生例が最も多く、ついで頭頸部同士での発生例が多かったと報告している。口腔から食道にかけては、扁

平上皮が連続しているため、飲酒や喫煙などによる慢性的な刺激や他の変異誘発原因によって生じる種々の遺伝子変異が、広い範囲の扁平上皮細胞に蓄積されやすい。これらの変異の蓄積された細胞に腫瘍化が起こり、多クローン性の不均一な腫瘍病変が多発性に発生する過程として、Field Carcinogenesis が考えられている<sup>32,33)</sup>。今回の結果から、MI も Field Carcinogenesis の発生の一因となり、また多発性 OSCC の発生に関わっていることが推察された。

転写因子である p53 は、細胞分裂周期中に生じたゲノム DNA の損傷を認識して、p21などを転写活性化し、その損傷が修復されるまで DNA 複製や細胞分裂を停止し、また損傷を修復できない細胞に対しては、BAXなどを転写活性化し、アポトーシスを誘導することによって、損傷細胞を除去する一連の機構に関与している<sup>17)</sup>。p53 に異常が生じ、この機構が破綻した場合、ゲノムは不安定化し、遺伝子変異が蓄積して、癌が発生する<sup>18,19)</sup>。種々の組織や臓器の癌には、p53 遺伝子やその遺伝子産物に変異が見つかっており、OSCC でも 40~60% に異常が認められたと報告されている<sup>34,35)</sup>。本研究では、p53 遺伝子の LOH を16例（MI (+) 例 5 例、MI (−) 例 11 例）で検索した結果、3 例（18.8%）に LOH が認められた。これは Kiri *et al*<sup>36)</sup> によって報告された33.3%，Higashikawa *et al*<sup>9)</sup> が報告した36.8%，よりも頻度は低かった。LOH 例 3 例はすべて MI(+) 例であり、3 例中 2 例は口腔内の多発症例であった。また、p53 LOH の Informative case 19例<sup>9)</sup>について再検索を行い、著者が今回検出した Informative case 16例をあわせた計35例（MI(+) 例 9 例、MI (−) 例 26 例）では、MI(+) 例 9 中 5 例（55.6%）に LOH を認め、5 例中多発癌例は 3 例（60.0%）であった。p53 の異常は多発性 OSCC における MI の発現に強く関与することが考えられた。

MI(+) 癌で癌関連遺伝子に変異を生じている頻度

は、大腸癌と胃癌では、TGFbRII 遺伝子変異が70%以上、また BAX 遺伝子変異が50%と高頻度であったが、食道扁平上皮癌や子宮癌ではこれらの遺伝子に変異はほとんどなかったと報告されている<sup>3,36,37)</sup>。一方、Kong *et al*<sup>7)</sup> は、PTEN 遺伝子の変異が子宮内膜癌でのみ高頻度に生じたと報告している。今回、9つの癌関連遺伝子 (BAX, IGFIR, DPC4, PTEN, BRCA1, BRCA2, ICE, hMSH3, hMSH6) を検索した結果、MI(+) 10例中 5 例 (50%) に変異が認められ、この 5 例中 3 例には 2 つの遺伝子変異が生じていた。BAX 遺伝子変異は 10 例中 4 例 (40%) と高頻度に認めた。IGFIR では 2 例 (20%) に認め、DPC4 と BRCA1 は 1 例 (10%) にのみ認めた。DPC4 のマイクロサテライト部位での頻度は低く、MI(+) に DPC4 の異常はあまり関与していないと考えられた。PTEN, BRCA2, ICE, hMSH3, hMSH6 には変異は検出されなかつた。また、この 10 例では、TGFbRII の変異も認められなかつた。以上のことから、MI(+) OSCC では、高頻度に BAX 遺伝子変異を認め、また癌関連遺伝子変異の発現様相は他臓器癌のそれとは異なっていた。堀井ら<sup>4)</sup> が報告しているように、他臓器の癌と同様に MI(+) OSCC においても、発癌過程に関わる原因遺伝子は特異的であることが考えられた。また MI(+) OSCC では BAX が発癌の原因遺伝子の 1 つである可能性も推察された。

癌関連遺伝子に変異の認められた 5 例中多発癌症例は 1 例のみであった。多発癌例の変異の標的となる癌関連遺伝子は、まだ MI の頻度の高い消化管の多発癌例でも報告されていない。多発性 OSCC では、MI の頻度が高いことから、蛋白翻訳領域にマイクロサテライト配列をもつ癌関連遺伝子の変異を検索し変異の標的となる遺伝子を同定することは、多発性 OSCC の原因遺伝子解明の一助になると考えられた。p53 の LOH 例 5 例中、癌関連遺伝子に変異の認められた例は 1 例のみであった。この変異は BAX と IGFIR の遺伝子変異によるものであった。今回検索した癌関連遺伝子変異と p53 の異常との間には関連性は認められなかつた。本田ら<sup>38)</sup> は、遺伝子変異の蓄積によって癌が発生するときに重要なのは、単なる遺伝子変異の蓄積ではなく、変異する遺伝子の順番であると述べている。p53 に異常が生じたときには、MI(+) でマイクロサテライト領域をもつ癌関連遺伝子に変異が蓄積される前に、癌が発生する可能性のあることが考えられた。

BAX 遺伝子は p53 によって転写活性化されるが、麻生ら<sup>39)</sup> は、その発現量と細胞死は相関すると報告している。BAX に変異が生じると、細胞はアポトーシスを回避して癌化すると考えられ、p53 と同様に BAX も癌抑制遺伝子の 1 つであることが指摘されている<sup>40)</sup>。今

回検索した MI(+) OSCC 例では BAX 遺伝子における変異の頻度は高かったが、MI(-) OSCC 例では 65 例中 1 例 (1.5%) にしか変異はみられず、その頻度は低かった。またこの変異は MI(+) と同じ部位のグアニンが 8 回連続したマイクロサテライト配列領域で生じているフレームシフト変異であった。これは、Yamamoto *et al*<sup>6)</sup> が胃癌症例で検索した発現頻度の結果と同様であり、彼らは MI が BAX 遺伝子変異の発現に深く関与すると報告している。以上の結果より、BAX 遺伝子の変異の頻度は、MI(+) OSCC 例では高かつたが、MI(-) OSCC 例では低く、このことから OSCC でも BAX 遺伝子の変異は MI によって引き起こされる異常の 1 つと考えられること、さらに同遺伝子の異常が MI(+) OSCC の発癌に関与している可能性の強いことが推定された。

## 結論

MI(+) OSCC 症例とマイクロサテライト配列を遺伝子領域内に含む各種癌関連遺伝子の同配列部位での変異様相との関連を検索し、以下の結論を得た。

(1) MI(+) OSCC の 10 例中 5 例 (50%) に癌関連遺伝子の変異が生じていた。この 5 例中多発癌症例は 1 例のみであり、多発癌例の変異の標的となる癌関連遺伝子は確認できなかつた。しかし、口腔内と食道での多発性 OSCC と単発性 OSCC の MI の発現について検索した結果、多発性 OSCC では、MI の発現頻度は高く、今後、蛋白翻訳領域にマイクロサテライト配列をもつ癌関連遺伝子を検索することは、多発性 OSCC の原因遺伝子解明の一助になると考えられた。

(2) p53LOH MI(+) 例 5 例中 1 例にのみ BAX と IGFIR の癌関連遺伝子変異が認められたが、p53 の異常と今回検索した癌関連遺伝子の変異には関連性がなかつた。

(3) MI(+) OSCC の 10 例中 4 例 (40%) に BAX, 2 例 (20%) に IGFIR、また 1 例 (10%) に DPC4 と BRCA1 の変異が生じていたが、PTEN, BRCA2, ICE, hMSH3, hMSH6 には変異は認められなかつた。MI(+) OSCC では BAX 遺伝子変異の発現頻度は高かつたが、MI(-) OSCC では低頻度であった。OSCC 例での BAX 遺伝子変異のすべては、グアニンが 8 回連続したマイクロサテライト配列部位で生じており、同遺伝子変異は、複製エラーによって生じた変異であると考えられた。

以上のことより、蛋白翻訳領域にマイクロサテライト配列をもつ癌関連遺伝子を検索することは、多発性 OSCC の原因遺伝子解明の一助になると考えられ、ま

た MI(+) OSCC における遺伝子変異の標的となる癌関連遺伝子の 1 つは BAX 遺伝子であると考えられた。

### 謝 詞

稿を終えるにあたり、研究の遂行に終始御懇切なるご指導と御校閲を賜った広島大学歯学部口腔外科学第二講座石川武憲教授に深甚なる謝意を表します。また、貴重なる御助言、御校閲を賜った本学口腔病理学講座二階宏昌教授と、本学口腔生化学講座加藤幸夫教授に深謝致します。

さらに本研究の遂行および本論文の作成に、ご指導と御助言を賜った本学歯学部口腔外科学第二講座杉山勝助教授、東川晃一郎先生に謹んでお礼を申し上げます。また、御支援を戴きました本学歯学部口腔外科学第二講座原田直講師並びに教室員各位に感謝の意を表します。

### 文 献

- 1) 黒瀬圭輔、江見 充、中村祐輔：多段階発癌。遺伝子医学 **1**, 204–208, 1997.
- 2) 武田俊一：ゲノム不安定性と癌。実験医学 **16**, 1610–1618, 1998.
- 3) 堀井 明：DNA ミスマッチ修復異常と発がん。遺伝子医学 **2**, 198–203, 1997.
- 4) 堀井 明：ミスマッチ修復の異常と癌。実験医学 **16**, 180–184, 1998.
- 5) Persons, R., Myeroff, L.L., Liu, B., Willson, J.K.V., Markowitz, S.D., Kinzler, K.W., Vogelstein, B.: Microsatellite instability and mutations of the transforming growth factor b type II receptor gene in colorectal cancer. *Cancer Res.* **55**, 5548–5550, 1995.
- 6) Yamamoto, H., Sawai, H., Perucho, M.: Frameshift somatic mutations in gastrointestinal cancer of the microsatellite mutator phenotype. *Cancer Res.* **57**, 4420–4426, 1997.
- 7) Kong, D., Suzuki, A., Zou, T.T., Sakurada, A., Horii, A *et al.*: PTEN1 is frequently mutated in primary endometrial carcinomas. *Nature Genet.* **17**, 143–144, 1997.
- 8) Ouyang, H., Furukawa, T., Abe, T., Kato, Y., Horii, A.: The BAX gene, the promoter of apoptosis, is mutated in genetically unstable cancers of the colorectum, stomach, and endometrium. *Clin. Cancer Res.* **4**, 1071–1074, 1998.
- 9) Higashikawa, K., Miyachi, M., Sugiyama, M., Ishikawa, T.: Analysis of microsatellite instability and frameshift mutation of TGFb type II receptor gene in oral squamous cell carcinomas. *J. Hiroshima Univ. Dent. Soc.* **31**, 148–152, 1999.
- 10) Thibodeau, S.N., Bren, G., Schaid, D.: Microsatellite instability in cancer of proximal colon. *Science* **260**, 816–819, 1993.
- 11) Jones, M.H., Nakamura, Y.: Detection of loss of heterozygosity at the human TP53 locus using a dinucleotide repeat polymorphism. *Genes Chrom. Cancer* **5**, 89–90, 1992.
- 12) 丹沢秀樹、鶴澤一弘、福田正勝、宮川昌久、椎葉正史、渡辺俊英、宮 恒夫、横江秀隆：口腔扁平上皮癌の悪性度に関する DNA 診断分析法。頭頸部腫瘍 **25**, 65–69, 1999.
- 13) Kim, S.K., Fan, Y., Papadimitrakopoulou, V., Clayman, G., Mao, L.: DPC4, a Candidate Tumor Suppressor Gene, Is Altered Infrequently in Head and Neck Squamous Cell Carcinoma. *Cancer Res.* **56**, 2519–2521, 1996.
- 14) 臨床・病理頭頸部癌取り扱い規約。第 2 版, 金原出版, 東京, 1991.
- 15) Sambrook, J., Fritsch, E., Maniatis, T.,: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, New York, 1989.
- 16) Goelz, S.E., Hamilton, S.R., Vogelstein, B.: Purification of DNA from formaldehyde fixed and paraffin embedded human tissue. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* **130**, 118–126, 1995.
- 17) 西垣玲子、土田信夫：p53 によって転写制御を受ける遺伝子。細胞工学 **16**, 529–535, 1997.
- 18) Erber, R., Conradt, C., Homann, N., Enders, C., Bosch, X. F *et al.*: TP53 DNA contact mutations are selectively associated with allelic loss and have a strong clinical impact in head and neck cancer. *Oncogene* **16**, 1671–1679, 1998.
- 19) Shin, D.M., Kim, J., Ro, J.Y., Hittelman, J., Roth, J.A *et al.*: Activation of p53 gene expression in premalignant lesions during head and neck tumorigenesis. *Cancer Res.* **54**, 321–326, 1994.
- 20) 濑川 薫：p53 の新しい機能：DNA 修復を中心として。細胞工学 **16**, 536–541, 1997.
- 21) 真木寿治、恩山 郁：DNA ミスマッチ修復と発癌。現代医療 **30**, 1819–1824, 1998.
- 22) Chou, D., Miyashita, T., Mohrenweiser, H.W., Ueki, K., Louis, D.N.: The BAX gene maps to the glioma candidate region at 19q13.3, but is not altered in human gliomas. *Cancer Genet. Cytogenet.* **88**, 136–140, 1996.
- 23) Shibata, D., Peinado, M.A., Ionov, Y., Malkhosyan, S., Perucho, M.: Genomic instability in repeated sequence is an early somatic event in colorectal tumorigenesis that persists after transformation. *Nature genet.* **6**, 273–281, 1994.
- 24) Aaiton, L.A., Peltomaki, P., Mecklin, J., Jass, J.R *et al.*: Replication errors in benign and malignant tumors from hereditary nonpolyposis colorectal cancer patients. *Cancer Res.* **54**, 1645–1648, 1994.
- 25) Ionov, Y., Peinado, M.A., Malkhosyan, S., Shibata, D., Perucho, M.: Ubiquitous somatic mutations

- in simple repeated sequences reveal a new mechanism for colonic carcinogenesis. *Nature* **363**, 558–561, 1993.
- 26) Marx, J.: New colon cancer gene discovered. *Science* **260**, 751, 1993
- 27) Bronner, C.E., Baker, S.M., Morrison, P.T., Warren, G., Smith, L et al.: Mutation in the DNA mismatch repair gene homologue hMLH1 is associated with hereditary non-polyposis colon cancer. *Nature* **363**, 258–261, 1994.
- 28) Ishward, C.S., Ferrell, R.E., Rossie, K.M., Appel, B.N., Johnson, J.T et al.: Microsatellite instability in oral cancer. *Int. J. Cancer* **64**, 332–335, 1995.
- 29) Horii, A., Han, H.J., Shimada, M., Yanagisawa, M., Nakamura, Y.: Frequent replication errors at microsatellite loci in tumors of patients with multiple primary cancers. *Cancer Res.* **54**, 3373–3375, 1994.
- 30) 徳丸 裕, 行木英生, 藤井正人, 神崎 仁: 頭頸部における重複癌症例の検討. *耳鼻臨床* **89**, 1001–1005, 1996.
- 31) 兼安祐子, 喜多みどり, 小島菜穂子, 姫井健悟, 石井 哲夫: 頭頸部三重複癌症例の臨床的検討. *頭頸部腫瘍* **25**, 112–117, 1999.
- 32) Hussain, S.P., Harris, C.C.: Molecular epidemiology of human cancer: contribution of mutation spectra studies of tumor suppressor genes. *Cancer Res.* **58**, 4023–4037, 1998.
- 33) Gluckman, J.L., Crissman, J.D., Donegan, J.O.: Multicentric squamous cell carcinoma of the upper aerodigestive tract. *Head and Neck Surg.* **3**, 90–96, 1980.
- 34) Boyle, J.O., Hakim, J., Koch, J., Ruppert, J.M., Sidransky, D.: The incidence of p53 mutations increases with progression of head and neck. *Cancer Res.* **53**, 4477–4480, 1993.
- 35) Shin, D.M., Ro, J.Y., Shah, T., Hong, Y.K et al.: p53 expression and genetic instability in head and neck multistep tumorigenesis. *Proc. Am. Assoc. 35*, 158, 1994.
- 36) Kiri, H., Yokozaki, H., Yasui, W., Ito, K., Tahara, E.: Microsatellite instability associated with primary head and neck cancers and secondary esophageal cancers. *Jpn. J. Clin. Oncol.* **28**, 733–739, 1998.
- 37) Iwaya, T., Maesawa, C., Nishizuka, S., Suzuki, Y., Tamura, G. et al.: Infrequent frameshift mutations of polynucleotide repeats in multiple primary cancers affecting the esophagus and other organs. *Genes Chromosomes Cancer* **23**, 317–322, 1998.
- 38) 本田 智, 樋野興夫: 腎癌の他段階発癌. *Molecular Medicine* **36**, 425–432, 1999.
- 39) 麻生定光: アポトーシス誘導因子 Bax の作用機作. *日医大誌* **64**, 463–466, 1997.
- 40) Oltvai, Z.N., Milliman, C.L., Korsmeyers, S.J.: Bcl-2 heterodimerize in vivo with a conserved homolog, Bax, that accelerates programmed cell death. *Cell* **74**, 609–619, 1993.