慶應義塾大学学術情報リポジトリ

Keio Associated Repository of Academic resouces

Title	膀胱癌患者血清中のIgG抗体が認識する新しい膀胱癌抗原の同定
Sub Title	
Author	伊藤, 敬一(Ito, Keiichi)
	村井, 勝(Murai, Masaru)
Publisher	慶應医学会
Publication year	2004
Jtitle	慶應医学 (Journal of the Keio Medical Society). Vol.81, No.4 (2004. 12) ,p.T271- T287
Abstract	
Notes	学位論文
Genre	Journal Article
URL	http://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara_id=AN00069296-20041201 -0271

学位論文

膀胱癌患者血清中の IgG 抗体が認識する 新しい膀胱癌抗原の同定

慶應義塾大学医学部泌尿器科学教室

(指導:村井 勝教授)

伊藤勒一

(平成 16 年 3 月 25 日受付)

Key Words: SEREX, bladder cancer antigen, lipoic acid synthetase, kelch-like protein, tumor reactive T cell

癌治療において有効な免疫治療を確立することは」つの重要なテーマである。生体内の免疫系による腫瘍の拒絶には細胞性免疫が重要であり、多くの場合 CD8+細胞傷害性 T細胞(cytotoxic T lymphocytes; CTL)が腫瘍細胞を排除する役割を担っていることが分かってきた1⁻³⁾。このため悪性腫瘍に対する有効な免疫治療を確立するために、CD8+T細胞に認識される腫瘍抗原の同定が試みられてきた。CD8+T細胞が認識するとト腫瘍抗原はメラノーマを中心に同定され、gp100⁴やMART-1⁵などの組織特異抗原、MAGE ファミリー⁶⁾などの癌精巣抗原、β-カテニン⁷⁾ やMART-2⁶⁾などの癌特異的変異抗原などが腫瘍反応性 T細胞を用いた cDNA発現クローニング法により同定された。これらの抗原の一部は、細胞免疫治療の臨床試験においてすでに適応され、腫瘍の縮小も報告されている^{1, 9)}。

腫瘍反応性 T 細胞を用いた cDNA 発現クローニング 法は有効な方法であるが、腫瘍反応性 T 細胞株や腫瘍 細胞株を樹立しにくい癌腫においては適用が難しい。このような背景から Sahin らは腫瘍組織から作成した cDNA ライブラリーを癌患者血消でスクリーニングする SEREX (serological identification of recombinant cDNA expression cloning) 法を報告した¹⁰⁰. SEREX 法には腫瘍細胞や腫瘍反応性 T 細胞の細胞株化を必要とせず、どのような癌腫においても適用できるという利

点がある。また SEREX 法は患者血清中の IgG が反応する抗原を単離するため、ヘルパー CD4+T 細胞がその抗原を認識していることが示唆されるが、Pfreundschuh や Old らのグループによる多くの検討の結果、SEREX 法で単離される抗原の中には MAGEファミリーや tyrosinase など含まれることがわかり、CD8+T 細胞に認識される抗原を単離する方法としても有用であることがわかってきた(** 11).

本研究は進行性膀胱癌に対する免疫治療に応用しうる 癌抗原の同定を目的とした。進行性膀胱癌の治療は、他 の転移性腫瘍の治療と同様に困難である。治療として多 剤併用化学療法19が行われる場合が多いが、治癒にいた ることは少なく新しい治療法の開発が待たれる。進行性 膀胱癌に対する治療として、免疫治療は可能性を秘めて いる. 進行癌に進展する可能性がある異型度の高い表在 性膀胱癌や carcinoma in situ を随伴する表在性膀胱癌 に対して、Bacillus Calmette-Guerin (BCG) の膀胱内注 入療法は最も有効な治療法とされており39, その抗腫瘍 効果の機序として、膀胱局所の免疫反応が関連している ことが示唆されている14~16)。また腫瘍反応性T細胞を 誘導しうる癌抗原の中で、癌精巣抗原に分類される MAGE ファミリーや NY-ESO-1 などが膀胱癌に発現す ることが報告されている"~19"、我々の教室においても、 HLA-A24 拘束性 MAGE-3 ペプチドで刺激した自己樹

本論文は Ito K. Fujita T. Akada M. Kiniwa Y. Tsukamoto M. Yamamoto A. Matsuzaki Y. Matsushita M. Asano T. Nakashima J. Tachibana M. Hayakawa M. Ikeda H. Murai M. Kawakami Y. Identification of bladder cancer antigens recognized by IgG antibodies of a patient with metastatic bladder cancer. Int J Cancer 108 (5): 712-724, 2004 の一部を含む.

状細胞を用いることにより、進行膀胱癌症例において転移巣の縮小を認めている²⁰。これらの所見から免疫治療は進行性膀胱癌に対しても有効である可能性がある。

膀胱癌における細胞免疫治療を確立するためには、膀胱癌抗原の同定と腫瘍反応性 T 細胞を誘導しうるエピトープの決定が必要である。しかし膀胱癌では、癌精果抗原である MAGE-1、-2、-3、-12 や NY-ESO-1 などの発現が報告されているにとどまり^{17、18、19)}、腫瘍反応性 T 細胞に認識されうる膀胱癌抗原の報告は少ない。比較的最近、膀胱癌において KIAA0205 という新規遺伝子の塩基配列に変異を生じ、変化したアミノ酸配列がエピトープになり HLA-B*4403 拘束性に CD8+T 細胞に認識されたという報告がなされた²¹⁾。しかし他の 60 例の膀胱癌組織で検討したところ、同様の遺伝子の変異は認められず診断や治療に応用しうる膀胱癌抗原とはならないと考えられた。現時点では細胞免疫治療に使用しうる膀胱癌抗原は非常に少ないといえる。

このような背景から、本研究では SEREX 法を用いて膀胱癌に対する免疫治療に応用しうる癌抗原を同定することを目的とした。膀胱癌抗原として KU-BL-1 と KU-BL-2 を同定した²²². これらの分子のアミノ酸配列をもとに機能的な推察を加えるとともに、2 分子に由来する HLA-A24 高親和性ペプチドが腫瘍反応性 T 細胞を誘導しうるかを検討した。

材料と方法

1. 細胞株と組織

ヒト膀胱移行上皮癌(transitional cell carcinoma: TCC)細胞株である FY²⁰, KU1, KU7, KU19·19, NBT-2, T-24 は RPMI1640 (10% fetal bovine serum; FBS, 100 IU/ml penicillin, 100 μg/ml streptomycin) で培養した。 FY および KU-19·19 は浸潤性膀胱癌 (TCC, grade3) の転移巣から樹立された細胞株であった。 NBT-2 と T24 は浸潤性膀胱癌(TCC, grade 3)の原発巣から樹立された細胞株であった。 KU1 と KU7 は膀胱癌(それぞれ grade 2 と grade 1)の原発巣から樹立されたものであった。

11 種類のヒトメラノーマ細胞株、4 種類のヒト肺癌細胞株、7 種類のヒト大腸癌細胞株、4 種類のヒト白血病細胞株、4 種類のヒト腎細胞癌細胞株、2 種類のヒト乳癌細胞株、2 種類のヒト前立腺癌細胞株、2 種類のヒトグリオーマ細胞株、2 種類のヒト食道癌細胞株、3 種類のヒト膵癌細胞株、腫瘍浸潤性 T細胞株 (TIL)、EB virus transformed B 細胞株、皮膚線維芽細胞株を

RNA の抽出に用いた。正常膀胱粘膜組織、膀胱癌組織、 腎細胞癌組織は手術献体から採取し、使用するまで-80 ℃で保存した。

2. 膀胱癌由来 FY 細胞からの cDNA ライブラリーの 作成

症例は76歳の女性。筋層浸潤を伴う膀胱癌の診断で 膀胱全摘除術を施行した。原発巣の組織診断は筋層浸潤 を伴う非乳頭状移行上皮癌(grade 3, pT3)であり、 術後5カ月目に右鼠径リンパ節、傍大動脈リンパ節の 腫脹を認めた. 鼠径部の生検を行い組織診断は移行上皮 癌 (grade 3) であった、膀胱癌細胞株 FY はこの鼠径 リンパ節転移から樹立された²⁰⁾。この FY 細胞からグア ニジンー塩化セシウム超遠心法を用いて total RNA を 抽出した。Poly (A)* RNA は Oligotex-dT30 super (TAKARA, Kyoto, Japan) で2回処理を行い純化した。 cDNA ライブラリーの作成には Poly (A) RNA 5 μg を使用した、First-strand の合成は oligo (dT) プライ マーを用いて行った。cDNA 断片はバクテリオファー ジ発現ベクター (ZAP express, Stratagene, La Jolla, CA) に封入し、E. coli に感染させ 2.3×10° 個のリコン ビナントを有する cDNA ライブラリーを作成した。

3. cDNA ライブラリーの発現クローニング

作成した cDNA ライブラリーを用いて、寒天培地 (15 cm プレート) 上に約 1.0×10 個のプラークを発現 させ、その上にニトロセルロースメンブレン (Hybond-C, Amersham, Buckinghamshire, England) を置いた. Isopropyl-thio-galactoside を用いてリコンビナントタ ンパクを発現させた。E. coli とラムダファージに対す る血清中の抗体を吸収し偽陽性反応を最小限にするため に、E. coli 細胞ライセートとインサートのないバクテ リオファージ発現タンパクを用い血清を処理した。スク リーニングには100倍に希釈した患者血消を用いた。 TBS-T (0.05% Tween 20) 溶液でメンブレンを 3 回洗 浄し、1:4000 の2次抗体 (alkaline phosphataseconjugated goat antihuman Fc antibodies; Cappel, Aurora, Ohio) を使用した。 陽性のプラークは 5bromo-4-chloro-3-indolyl phosphate (SIGMA, St. Louis, MO) & nitroblue tetrazolium (Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Germany) を用いた発色反 応で判定した。 陽性のブラークはもとの寒天培地から分 離した、単離したクローンの cDNA インサートは、T3 primer (5'-AATTAACCCTCACTAAAGGG) & T7 primer (5'-GTAATACGACTCACTATAGGGC) を用いて

行った PCR 産物を用いて塩基配列を決定するか、pBK CMV プラスミドに変換した後、塩基配列を決定した。 塩基配列の決定は Big Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit を用い ABI Prism 310 genetic analyzer (PE Biosystems, Branchburg, NJ) で行った。決定されたインサートの塩基配列は NCBI の遺伝子データベースである BLAST プログラムを用いて解析した。

4. 単離抗原に対する血清中の IgG 抗体の存在の検討 単離したそれぞれの抗原に対する IgG 抗体の存在を、 癌患者や健常人の血清を用いて検討した。イムノスクリー ニングと同様の手法を用いた。 陽性ファージクローンと インサートを持たないファージ (negative control) を 1:1 の割合で混合することにより、 陽性反応のある血 清を識別した。

5. RT-PCR およびノーザンブロット

Total RNA はグアニジンー塩化セシウム超速心法で 細胞株や組織から抽出した。正常組織の RNA は正常膀胱組織をのぞいて Clontech Laboratories, Inc. (Palo Alto, CA) から購入した。正常膀胱粘膜は手術献体を使用した。逆転写反応は Super Script II 逆転写酵素 (Gibco BRL, Rockville, MD) を用いた。PCR は 至適なアニーリング温度で Ex-Taq DNA polymerase (TAKARA) を用いて行った。検討する各遺伝子に特異的なプライマーは塩基配列が確定した cDNA インサートの配列が増幅されるように設定した。KU-BL-1 のprimer は 5'-GGAAATGTCTCTACGCTGCG (sense primer) と 5'-AACATGATCGTGGCTGTGGC (antisense primer)、KU-BL-2 の primer は 5'-GGTGGAGA AGAGCAGCAAGAAG (sense primer) および 5'-GGT CCTCTGGAGACAGTAGATG (antisense primer) を使用した。

またノーザンブロットを行うために正常組織の Poly (A)+RNA (2 µg/lane) がブロッディングされているナイロンメンブレン (Human Multiple Northern Blot, Clontech) を使用した。その他の組織や細胞株の RNA に関しては 20 µg の total RNA を各レーンに使用し、アガロース (1.0% ホルムアルデヒド) 上で電気泳動を行いナイロンメンブレン (Hybond·N+, Amersham) にタンパクを転写した。目的の遺伝子を増幅した PCR 産物を用い、High Prime DNA-Labeling Kit (Roche Diagnostics GmbH) を用て³²Pで標識したプローブを作成した。Quick Hyb 溶液(Stratagene)を用い、プ

レハイブリダイゼーション(68℃, 20 分間)およびハイブリダイゼーション(68℃, 2 時間)を行った。シグナルは Molecular Imager Fx (BIO RAD, Hercules, CA)で検出した。コントロールにはβ-actin cDNA プローブ (Clontech) を用いた。

6. 定量的 PCR

正常組織と癌組織における B2 の発現レベルを検討する ために Taqman real-time PCR を行った。センスプライ マー (5'TCAAGGAGATGACAGACGTGC),アンチセ ンスプライマー (5'-GACCCAGGACTTTGGTTTCGA), プローブ (5'(FAM) CAAAGTGGTGAAGGAGGTGG CCAA-(TAMRA))を用いた。 データの検討は ABI Prism 7700 Sequence Detector System (PE Biosystems) を用いて行った。

7. 5'-RACE

5'末端の塩基配列を決定するために Marathon TM cDNA Amplification Kit (Clontech) を用いて 5'-RAC Eを行った。FY 細胞から抽出した 1 μg の poly (A)⁺ RNA を oligo (dT) プライマーと AMV 逆転写酵素を用 い反応を行った、Second strand の合成は、E. coli DNA polymerase I, RNase H を用いた。T4 DNA polymerase を用いて 2 本鎖 DNA の末端を平坦化し、 T4 DNA ligase を用いて Marathon cDNA adapter 1 と結合した。この cDNA を Marathon cDNA adapter 1と KU-BL-1 特異的プライマー(5'-TCGTGGCTGTG GCGGTGGCATATTCTCC) を用い PCR を行った。 さらに adapter primer 2 と KU-BL-1 特異的プライマー (5'-GGCATATTCTCCACCTCCCCAACACTC) を用 いた二次 PCR を 20 サイクル行った。 pGEM-T (Promega Inc., Madison, WI) に挿入し塩基配列を決 定した.

8. HLA-A24 高親和性合成ペプチドを用いた CTL の 誘導

樹状細胞 (DC) の誘導は過去に報告された方法に従った²³⁾、末梢血単核球 (PBMC) は Lymphoprep (AXIS-SHIELD PoC AS, Oslo, Norway) を用いて健常人から分離した。PBMC を表面処理プレート (Primaria, Falcon, Beckton-Dickinson, Franklin Lakes, NJ) 上で 30 分間培養し、浮遊細胞は凍結保存した。付着細胞は RPMI1640 (10% FCS) で翌朝まで培養した。付着細胞は RPMI1640 (10% FCS) に GM-CSF (50 ng/ml) と IL-4 (50 ng/ml) を加え7日間培養した。成

第2表	SEREX 法で単離された未知分子.
(Ito K et al : Int J Cancer	108 (5): 712-724, 2004 の Table II を許可を得て転載)

クローン名	単離された クローンの数	同定された遺伝子	Unigene	染色体
B1	2	Putative lipoic acid synthetase	Hs.53531	6p21.3
B3	8	Hypothetical protein	Hs.26481	7p21.3
B4	7	KIAA0603	Hs.173802	13q21.33
B15	2	KIAA0782	Hs.21264	11q13.3
B19	1	EST	Hs.288897	2g36.1
B22	1	EST	Hs.173259	6q25.3
B31	1	EST	Hs.21486	2p11.2
B33	1	EST	(- 4)	
B34	1	EST	=	
B36	1	Hypothetical protein	1=2	6
B39	1	EST		V-25
B44	1	Hypothetical protein	Hs.8836	22q13.2

討した。HLA-A24 が導入された T2 細胞(T2-A24) をペプチド抗原特異的 T 細胞誘導のポジティブコント ロールとした。

9. 統計学的解析~

各群間の比較は Unpaired *t*-test を用いて検討し, p<0.05 を統計学的有意とした.

結 果

1. 膀胱癌患者血清中の IgG 抗体が認識する抗原の単 離

FY 細胞から作成した cDNA ライブラリーを同一人の血清を用いてスクリーニングした。合計 1.2×10⁶ 個のファージクローンをスクリーニングし、78 個の陽性クローンを単離した。78 個のクローンは 48 の異なった分子に分けられ (B1-B48)、36 の既知の分子 (第1表) と 12 の未知の分子に分けられた (第2表)。12 の未知分子のうち 8 分子は部分的な塩基配列が GenBank データベース上に登録されている Unigene cluster と一致した。High density lipoprotein binding protein (HDLBP)²⁰ (B13)、negative cofactor 2 α-subunit (B16)、pinch protein (B48)、B1、B3、B4、B15 の7つの分子は 2 回以上単離された。このうち HDLBP、B3、B4 が最も多く単離された。

膀胱癌の診断や治療に応用しうる抗原を見つけるため に、既知分子では以前に癌との関連性が示唆されている もの、未知の分子に関しては完全に新規であるか、

DNA database で一致する cDNA 断片の由来組織が縋 や限られた正常組織に限定されるものを選別した。36 の既知分子の中で、9分子が癌との関連性が過去に報告 されていた (B5, B6, B7, B8, B9, B12, B14, B27, B37). 未知分子では database 上で一致する cDNA 断 片の由来組織を検討し、癌で高発現している可能性のあ るものを選択した.例えば,B1 の一致する Unigene cluster (Hs.53531) は癌組織 (神経芽腫、網膜芽腫、胚 細胞腫瘍、メラノーマ、リンパ腫、メラノーマ)などや、 良性腫瘍(膀胱移行上皮乳頭腫)や限られた正常組織 (胎児心臓, 胎盤, メラノサイト) であった。この結果 から、BI は癌細胞と限られた正常組織のみに発現する 可能性があると考えられる。また B3 の一致する Unigene cluster (Hs.26481) は癌組織 (神経芽腫, 肺 癌、メラノーマ、皮膚扁平上皮癌、腎癌、胚細胞腫瘍)、 限られた正常組織(胎児心臓、精巣、妊娠時の子宮、メ ラノサイト) などであった、多くの正常組織に発現し癌 組織に対して発現の差がないと予想される分子は除外し、 36 分子を免疫原性の有無を評価する分子として選択し t.

2. 単離抗原に対する健常人および癌患者血清中の IgG 抗体の存在

選別された 36 分子に対して IgG 抗体が健常人の血清 中に存在するかを 16 例に対して行った。36 抗原中 24 抗原は、健常人血清 16 例中に抗体が存在しないか、1 例にのみ抗体が存在した(第 3 表)。これらの 24 抗原 に対して、膀胱癌患者血清 28 例の検討を行った。24 熟 DC を誘導するために、抗 CD40 モノクローナル抗体 (500 ng/ml)、IFN-γ (500 IU/ml)、LPS (0.4 ng/ml) で 5 日目に刺激を加えた。

KU-BL-1 と KU-BL-2 のアミノ酸配列上で HLA-A24 高親和性ペプチドを BIMAS プログラムを用いて検討した。それぞれ 2 つずつ HLA-A24 高親和性のペプチドを選択した(KU-BL-1_{89 97}: NYNKLKNTL, KU-BL-1_{352 360}: SYKAGEFFL, KU-BL-2₃₃₈₋₃₄₆: VYILGGSQL, KU-BL-2_{207 215}: VYDAAVRML)。これらのペプチドはFmoc 法で合成し、逆相カラムを用いた高速液体クロ

マトグラフィーにより精製し、質量分析にて確認を行った。CTL の誘導は、2×10° 個の同一人の PBMC 中の浮遊細胞を、20 µg/ml のペプチドで刺激した 5×10° 個の DC と Iscove's DMEM (10% human serum) 中で共培養した。 共培養 3 日目に 50 IU/ml に IL-2 (Shionogi, Osaka, Japan) を加えた。培養 7 日目に ペプチドで刺激した 2×10° 個の自己 PBMC を放射線照射後に加え刺激を行い、さらに 10 日目と 12 日目に IL-2 を加えた。 同様の刺激を 2 回行い最後の刺激から 7 日目に抗原特異的反応を IFN-y release assay を用いて検

第1表 SEREX 法で単離された既知分子 (Ito K et al: Int I Caper 108 (5): 712-724, 2004 の Table I を許可を得て転載)

クローン名	単離された クローン数	同定された分子	染色体
B2	1	Transcription factor tat-CT1	19q13
B5	1	Golgin-84	149
B6	1	-enolase	1p36.3-p36.2
B7	1	Laminin receptor 1	3p21.3
B8	1	Mitosin	1q32-q41
B9	1	PM5 protein	16p13.11
B10	1	EBNA-2 coactivator	7q31.3
B11	1	Hsp70-1	6p21.3
B12	1	-actinin 4	19q13
B13	8	High-density lipoprotein binding protein	2q37
B14	1	Lbc protooncogene	15q24-q25
B16	2	Negative cofactor 2 subunit	11q13.3
B17	1	Nitric oxide synthase 3	7q36
B18	1	Kinectin 1	14922.1
B20	1	STE20-like kinase	12924.2
B21	1	Follistatin-related protein	3q13.33
B23	1	Tyrosyl-tRNA synthetase	1p34.3
B24	1	Initiation factor 4B	12q12
B25	1	Elongation factor-1	6q14.1
B26	1	Translation factor CA150	5q31
B27	1	Thrombospondin 1	15q15
B28	1	Translocon-associated protein	Xq28
B29	1	C-terminal binding protein 2	10q26.13
B30	1	Protective protein for -galactosidase	20q13.1
B32	1	Lens epithelium-derived growth factor	9p22.1
B35	1	Histone macro H2A1.2	5q31.3-q32
B37	1	Annexin VIII	10q11.2
B38	1	Ribosomal protein L28	19q13.4
B40	1	Pyruvate dehydrogenase- subunit	Xp22.2-p22.1
B41	1	Ribosomal protein L19	17q11.2-q12
B42	1	Ribosomal protein L37a	2
B43	1	Ribosomal protein S6	9p21
B45	1	Succinate dehydrogenase complex subunit A	5p15
B46	1	Protein tyrosine phosphatase receptor type U	1p35.3-p35.1
B47	1	Pinch-2 protein	2q14-q21
B48	2	Pinch protein	2912.2

第3 表 健常人と様々な癌患者の血清中の SEREX 単離抗原に特異的な IgG 抗体の存在 36 分子に対して健常人血清中の IgG 抗体の存在を検討した。その中で健常人血清中に IgG 抗体したのが 1 例以下であった 24 分子に対して癌患者血清における検討を行った。第3 表にはその 24 抗原の結果を表示した。*B1 に関しては 30 の健常人に対して IgG 抗体の存在を検討した。(Ito K et al: Int J Cancer 108 (5): 712-724, 2004 の Table III を許可を得て転載)

クローン名	健常人 n-16	膀胱癌 n=28	前立腺癌 n=14	メラノーマ n=10	脳順傷 n=10	膵癌 n=10	腎癌 n=10	食道機 n=10	大腸癌 n=7	精巣腫瘍 n=6
Bl	0*	2	0	0	0	0	0	0	0	0
B2	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0
B3	0	8	0	0	0	0	1	0	0	0
B 4	0	3	1	0	1	0	0	1	0	0
B5	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
B6	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0
B7	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0
B8	1	5	1	1	1	4	0	0	1	1
B9	0	5	0	0	0	1	0	0	0	0
B10	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
B11	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0
B12	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0
B13	0	4	0	1	0	0	1	0	0	0
B14	0	1	2	0	0	0	3	1	0	0
B15	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
B16	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0
B18	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0
B20	0	1	3	0	0	0	0	0	0	0
B22	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0
B28	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
B29	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
B30	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
B33	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0
B44	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0

抗原中 13 抗原が 28 例中 2 例以上 IgG 抗体が存在した (第 3 表)、残りの 11 分子に関しては cDNA ライブラ リーのスクリーニングに用いた血清にのみ IgG 抗体が 存在した。B3 は膀胱癌患者血清中に最も高頻度に IgG 抗体が存在した(28 例中 8 例)。

これらの24分子については膀胱癌以外の癌患者血清の検討も行った(第3表).24抗原中14抗原は膀胱癌以外の癌患者血清中に1gG抗体は存在せず、高頻度に1gG抗体を認める抗原は少なかった。B8 (mitosin)、B14 (LBc 癌原遺伝子)、B20 (STE20-like kinase) は複数の膵癌、腎癌、前立腺癌などの患者血清中に1gG抗体が存在した。B3 に特異的な1gG抗体は8例(28例中)の膀胱癌患者血清中に認められたが、その他の癌腫においては腎癌患者血清では抗体の存在を認めなかった。B1 に特異的な1gG抗体は膀胱癌患者28例中2例の血清中に認められ、その他の癌患者や健常人血清中には1gG抗体を認めなかった。

3. 単離抗原の組織,細胞株における mRNA 発現の検 対

前述の選択された24抗原に対して、RT-PCRにより 組織発現パターンを検討した。まず PCR で検討した。 ほとんどの抗原は多くの正常組織に発現していたが、 B1, B2, B3 は癌細胞株と精巣などのごく限られた正 常組織のみに 25 サイクルの PCR で発現を認めた。B1 は6例中4例の膀胱癌細胞株と精巣に発現を認めた. また正常膀胱粘膜、脳、平滑筋にも弱く発現を認めた。 さらに様々な癌組織や癌細胞株にパネルを広げて発現を 検討した。多くの癌細胞株で発現を認め、23 例の膀胱 癌組織, 3 例の胃癌組織, 10 例の腎細胞癌組織では全 例で発現を認めた (第4表)、ノーザンブロットで B1 は約1.7-kbにバンドが認められ、4例の膀胱癌細胞株。 6 例の膀胱癌組織では全例、正常膀胱粘膜に発現を認め、 RT-PCR の結果とほぼ一致した (第1図). B1 は正常 膀胱粘膜に発現しているが、膀胱癌組織にも強く発現し ていた。B1 は精巣にも発現し、その他の組織では正常

第4表 RT-PCR 法による KU-BL-1 の様々な癌細胞株や 癌組織における発現の検討

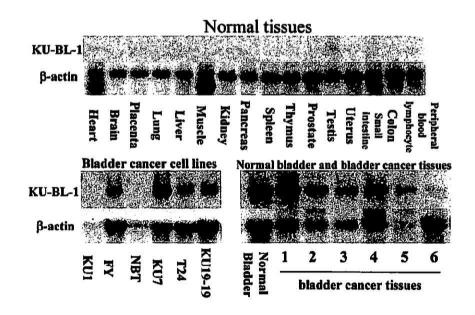
()内は腫瘍組織に対する結果を表示した。細胞株では25 サイクル、組織では30 サイクルの結果を表示した。ND:施行せず。(Ito K et al: Int J Cancer 108 (5): 712-724, 2004 の Table IV を許可を得て転載)

癌腫	陽性数/トータル
メラノーマ	11/11
膀胱癌	4/6 (23/23)
乳癌	1/2
大腸癌	5/7
食道癌	1/2
胃癌	ND (3/3)
グリオーマ	1/2
血液系腫瘍	4/4
肺癌	1/4
前立腺癌	1/2
膵癌	3/3
腎癌	2/4(10/10)

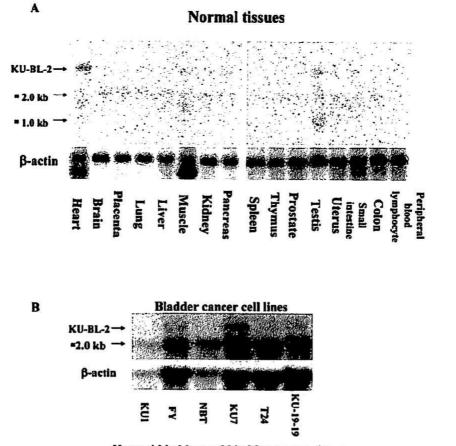
の心臓や肝臓にごく弱い発現を認めるのみであった。これらの結果から、B1 は膀胱癌、正常膀胱粘膜に強く発現し、精巣以外の正常組織にはほとんど発現がみられない抗原と考えられた。KU-BL-1 と命名しさらなる検討を行った。

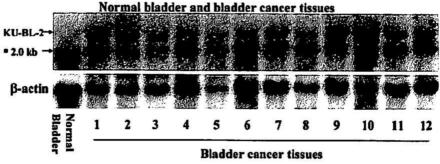
B2 (Tat-CT1) は RT-PCR とノーザンブロットで正常 膀胱粘膜と比較し膀胱癌組織に発現が高かった。このため定量的な評価のために Real-time PCR を行った。B2 は正常膀胱粘膜と比較し膀胱癌組織に発現は高かったが、膀胱癌組織での発現は B2 の発現を認める心臓や腎臓などの正常組織と比べ高いとはいえなかった。このため B2 は膀胱腫瘍に対する免疫組織学的検討に利用しうる抗原であるが、免疫治療に使用しうる可能性は低いと思われた。

B3 に関して、25 サイクルの PCR では検討したほとんどの癌細胞株で発現を認め、膀胱癌細胞株では6例中4例で発現を認めた。正常組織では脳、心臓、肺、精巣に発現を認めた。ノーザンブロットでは、正常組織において B3 と考えられる弱い 3.2-Kb のバンドを心臓と精巣に認め、精巣にのみ弱い 1.0-kb のバンドを認めた。ごく弱い 2.0-Kb のバンドを正常組織全般に認めた(第 2A 図)。B3 と考えられる 3.2-Kb のバンドは 6 例



第1図 正常組織、膀胱癌細胞株および膀胱癌組織における KU-BL-1 の mRNA の発現の検討。 約1.7 kb の長さの部位に KU-BL-1 と考えられるパンドを認めた。6 種類中 4 種類の膀胱癌細胞 株、膀胱癌組織 6 検体すべて、および正常膀胱粘膜と精巣に強い発現を認めた。市販に購入した メンブレン (図の上段) は各レーンに 2 μg の poly (A) RNA を使用している。その他のメンブ レンに関しては各レーンに 20 μg の total RNA (図の下段)を使用している。(Ito K et al: In t J Cancer 108 (5): 712-724, 2004 の Figure 1 を許可を得て転載)





第2図 正常組織、膀胱癌細胞株および膀胱癌組織における KU-BL-2の mRNA の発現の検討、 KU-BL-2 の全長とほぼ一致する 3.2-Kb の長さにバンドを認めた。正常組織(図の上段)では、心臓と精巣に発現を認めた(A)、精巣にのみ弱い 1.0-kb のバンドを認めた。 薄い 2.0-Kb のバンドはすべての組織に発現していた。 3.2Kb のバンドは 6 種類中 3 種類の膀胱癌細胞株、膀胱癌組織のすべてに発現を認めたが膀胱粘膜には発現を認めなかった(B)、市販に購入したメンブレンは各レーンに 2 g の poly (A)* RNA を使用している(A)、その他のメンブレンに関しては 20 μg の total RNA を各レーンに使用している(B)、(Ito K et al: Int J Cancer 108 (5): 712-724、2004 の Figure 2 を許可を得て転載)

1 gagcgacgtaatttcgacctgtcctttcccgggagttagcgatccctcaacccctgcact 61 gcgctagtcctaaagaggaa<u>ATGTCTCTACGCTGCGGGGATGCAGCCCGCACCCTGGGGC</u> 121 CCCGGGTATTTGGGAGATATTTTTGCAGCCCAGTCAGACCGTTAAGCTCCTTGCCAGATA 181 CAAAAAAGGAACTCCTAAGAATGGACCAGACCTTCAAGATTTTGTATCTGGTGATCTTG CAGACAGGAGCACCTGGGATGAATATAAAGGAAACCTAAAACGCCAGAAAGGAGAAAGGT 241 TAAGACTACCTCCATGGCTAAAGACAGAGATTCCCATGGGGAAAAATTACAATAAACTGA 301 <u>AAAATACTTTGCGGAATTTAAATCTCCATACAGTATGTGAGGAAGCTCGATGTCCCAATA</u> 361 421 TTGGAGAGTGTTGGGGAGGTGGAGAATATGCCACCGCCACAGCCACGATCATGTTGATGG 481 GTGACACATGTACAAGAGGTTGCAGATTTTGTTCTGTTAAGACTGCAAGAAATCCTCCTC CACTGGATGCCAGTGAGCCCTACAATACTGCAAAGGCAATTGCAGAATGGGGTCTGGATT 541 ATGTTGTCCTGACATCTGTGGATCGAGATGATATGCCTGATGGGGGGAGCTGAACACATTG 601 CAAAGACCGTATCATATTTAAAGGAAAGGAATCCAAAAATCCTTGTGGAGTGTCTTACTC 661 721 CTGATTTCGAGGTGATCTCAAAGCAATAGAAAAAGTTGCTCTGTCAGGATTAGATGTGT 781 ATGCACATAATGTAGAAACAGTCCCGGAATTACAGAGTAAGGTTCGTGATCCTCGGGCCA <u>ATTTTGATCAGTCCCTACGTGTACTGAAACATGCCAAGAAGGTTCAGCCTGATGTTATTT</u> 841 901 CTAAAACATCTATAATGTTGGGTTTAGGCGAGAATGATGAGCAAGTATATGCAACAATGA **AAGCACTTCGTGAGGCAGATGTAGACTGCTTGACTTTAGGACAATATATGCAGCCAACAA** 961 GGCGTCACCTTAAGGTTGAAGAATATATTACTCCTGAAAAATTCAAATACTGGGAAAAAG 1021 1081 TAGGAAATGAACTTGGATTTCATTATACTGCAAGTGGCCCTTTGGTGCGTTCTTCATATA 1141 AAGCAGGTGAATTTTTCCTGAAAAATCTAGTGGCTAAAAGAAAAACAAAAGACCTCtaaa 1201 acttcaacaagaccttcaagatcacagaaatttttaaaatttgattccagttaataacag 1261 aggtggtgccagaatgcctggactgcagtggatgtgccccacctctttgcttaaaaaaa 1321 aaatgtcaatagccaggcatagtggctcacgcctgtaatcccagcactttaggaggccaa ggcgggtggatcacctgaggtcaggagttcgagaccagcctggccaacatggtgaaatcc 1381 tgtctccactaaaaacacaaaaattagtcaggcgtggtagtgggtgcctgtaatcccagc 1441 1501 tactcgggaggctaaggcaggagatcacttgaacctgggagggggaggttgcagtgagc 1561 caagategeteeattgeeeteeageetgggtgacaagageaaaacteeateteaaataaa 1681 4444444444

第3図 KU-BL-1 cDNA の塩基配列.

KU-BL-1 の塩基配列の全長は 1,668-bp であり 1,116-bp の ORF を含んでいた(下線部)、372 のアミノ酸からなる蛋白であった。(Ito K et al: Int J Cancer 108 (5): 712-724, 2004 の Figure 3 を許可を得て転載)

中 3 例の膀胱癌細胞株とほとんどの膀胱癌組織に発現 を認めた(第 2B 図)。これらの結果から B3 は膀胱癌 の診断や治療に応用できる可能性がある抗原と考えられ た。B3 を KU-BL-2 と命名しさらなる検討を行った。

4. KU-BL-1 の全長の同定と KU-BL-1 蛋白の機能の予

SEREX 法で単離されたクローンがコードする cDNA で最長のものは 1,603-bp の cDNA フラグメントであった。5'未端側の残りの塩基配列を決定するために 5'-RA CE 法を行った。5'-RACE により、ノーザンブロットで 認められる約 1.7-kb のバンドにほぼ一致する 1,668-bp の cDNA を同定した (第3図)。1,116-bp の open reading frame (ORF;下線)を有し、Kozak 配列とストップコドンを最初の ATG と推定される部位の 5'側に 認めた。372 個のアミノ酸で構成される蛋白と考えられた、相同性のある遺伝子を DNA データベースで検討すると推定の human lipoic acid synthetase (LAS) (AJ224162) の部分配列と human cDNA clone

FLI22636 (UniGene number: 53531) とほとんどー 致した、このため KU-BL-1 はヒト LAS と考えられた、 KU-BL-1 遺伝子は FLJ22636 より 5' 側に 18bp 長く、 3' 側に 65 bp 短かった。FLJ22636 と比較し 1077 番 目の塩基が異なり、コドン333 においてリシンがアル ギニンに変わっていた。第4図に示されたように NCBI の protein BLAST でそのアミノ酸配列を検討すると、 マウスの乳癌から同定された LAS (NP_077791) と 87 %、分裂酵母から同定された LAS の可能性のある蛋白 (O13642) と 59%, 分裂酵母から同定された LAS precursor (BAA21430) と 67%, 酵母から同定された Lip 5p²⁵) (NP 014839) と 56%一致した、マウス LAS (NP_077791) と Lip 5p (NP_014839) との相同性を第 4 図に示した。KU-BL-1 は金属結合部位(iron-sulfur cluster) である CXXXCXXC という特徴的なモチーフ を他の LAS と同様に有していた。この構造は硫黄が lipoic acid に導入されるさいに関与していると報告さ れている26)

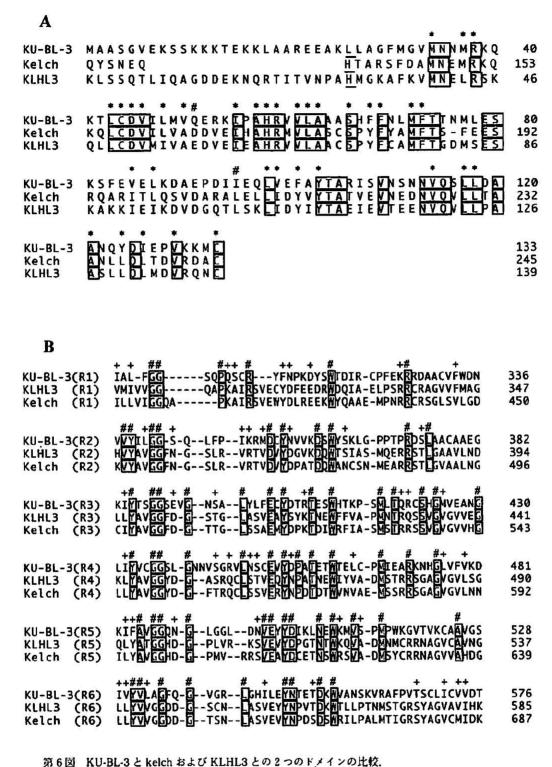
BL-1	1	MSLREGDAARTLGPRVFGRYFCSPVRPLS8LEDKKKELLONGPDL	45
MLAS	1	MALROWDTARSLGSRIFGRYAFT-VRALSSLPDKKKUFLHNGPDL	44
LIP5	57	rvpvgnstevenatsqltgtsgkrrkgnrkritefæda@nl@esf	91
BL-1	46	odevsgoladrstydeykgnikrokgerliri.ppylktjenemgkny	90
MLAS	45	odłyskomadkykonikkokobruki pynikuku pniku p	89
LIP5	92	adfysgk-askmildpl-ekaronteeakklprwlkyptpkgtny	134
BL-1	91	NKT-KNITTERNIANIAHTE/CEEARCPNIKGECWGGGEYATIATIATIAHGE	135
MLAS	90	nkiknidani sihuvoeeakopni geomgageyadadadimingd	134
LIP5	135	HKIKGDVKEIGISTVCEEARGPNTGECWGGKDKSKATATTHILLGD	179
		<u>* * *</u>	
BL-1	136	Tetrigerecsyktarnppplidasepyntakadaemglidyyykeusy	180
MLAS	135	Tetrgerfesyktarnpppldanbedntakalalngldylvlesv	179
LIP5	180	tetrgerfesyktnrtpskpdpmepentaealkruglgyvvlity	224
BL-1	181	Driddmedggaehipaktinakayakeknekaayakoyahiddirgdaka <mark>t</mark> ek	225
MLAS	180	drddvadggaehtaktvsclkernpkti vechupdfrgdlravek	224
LIP5	225	drddlydgganelaetyrkirokaentlyetisgdfrgdlkmydi	269
BL-1	226	VALSGLDVYAHNVETVPELQSKVRDPRANFDQSLRVLKHAKKVQP	270
MLAS	225	val sgldvyahnvetvpelorkvrdpranfdoslrvirharevop	269
LIP5	270	MAQCGLDVYAHNLETVESLTPHVRDRRATYROSLSVLERARATVP	314
BL-1	271	DVF3KTSIMEGEGENDEOVYATMKALREADVDCLTTEGOYMOPTER	315
MLAS	270	DVVSKTSIMIGI GETDEQVXATILKALRAADVDCLTLGOYMOPTKR	314
LIP5	315	SLTTKTSIMI GLGETDEQITQTLKDLRNIQCDVVIIFGOYMRFTKK	359
BL-1	316	HIKVEEYLÜPEKIRYYEKVĞNEHĞHEYÜASĞPAVRSSYKAĞEDFÜ	360
MLAS	315	HJYASEAAAABKAKAMEKAGNERGENAMAEGETAKEREKKYGRELL	359
LIP5	360	HMKVVEYVKPEKFDYWKERALEMGFLYCASGPLVRSSYKAGEAFI	404
		± 17 0±	
BL-1	361	KNEVAKRKUKOL 372	
MLAS	360	KNIVARRKUK 369	
LIP5	405	ENVLKERNME 414	

第4図 KU-BL-1 と他の lipoic acid synthetase とのアミノ酸配列の比較、 KU-BL-1 のアミノ酸配列を他の LAS と比較した、KU-BL-1 はマウスの乳腺腫瘍から単離された LAS (NP_077791) (MLAS)と 87%の相同性があり、酵母で報告されている Lip 5p (NP_014839)と 56%の相同性を認めた、金属結合部位のモチーフ(iron-sulfur cluster)である CXXXCXXC には下線を引いてある。(Ito K et al:Int J Cancer 108 (5): 712-724, 2004の Figure 4を許可を得て転載)

```
cygggacgcagccagttgytagcgtcgctccctgagogtttctaagggggcogccoggc
cttftctttcggcagtggcogagccaccgcogcotgocgogogttccagagotgggogot
gcagotgcactgoogatcgcoggtttggatagaatcoccagtgctgcagagagagtG
ogacccotogccoggcoggcgagcccggggtgaaccgagotgaggggggggg
61
121
181
       CTCTGGGGTGGAGAAGAAGAAGAAGAAGAAGAAGAACTTGCTGCTGGGA
241
                                                                       E
       AGCTARATTGTTGGCGGGTTTCATGGGCGTCATGAATAACATGCGGAAAC
301
       361
       421
       481
541
       601
661
       781
841
       CCATTTATGGTTGATATCCTTGCTAAAGTCAGGTTTCCTCTTATATCAAAGAATTTCTT
       PPM V D I L A K V R P P L I 8 K N F L
AMGTAMAACGGTACAAGCCACTTATTCAAGACAATCCTGAATGCCTTAAGATGGT
961
       S K T V Q A E P L I Q D N P E C L K M V GATAGOTGGATGAGGTACCATCTACTGTCTCCAGAGGACGAGAGAACACTTGTAGATGG I S G M R Y B L L S P E D R E E L V D G CACAAGACCTAGAAGAACATGACTACCCCTATTGGAGGCTCTCAACC T R P R R K K B D Y R I A L F G G S O P
1021
1081
       1141
       Q S C R X F N P K D X S W T D I R C P F
TGAMAMAGGAGGAGGATGCAGCATGCGTGTTTTGGGACAATGTAGTATACATTTTGGGAGG
1201
       B K R R D A A C V F W D H 2 V V I I L G G
CTCTCAGCTTTTCCCAATAMACCGAATGGACTGCTATAATGTAGTGAAGGATAGCTGCTA
1261
       S O L P P X K R N D C X N V V K D S W X
TTCGARACTGGGTCCTCCGACACCTCGAGACGCCTTGCTGCATGTGCTGCAGAAGGCAA
       1381
       I Y T S G G S R V G N S A L Y L P R C Y
TGATACTAGAACTGAAAGCCCAGCATGAACCCAGCGCTGCAGCC
1441
       D T R T R S W S T K P S M L T O R C S H
TGGGATGGTGGAAGCCAATGGCTAATCTATGTTTTTGGGTGGAAGTTTAGGAAACAATGT
1501
       G M V F A H G L I I V C G G S L G H H
TTCTGGGGGGGGTGCTCTATTCCTGTGAGTTTATGATCCTGCACAGAAACATGGACT
1561
       S G R V L N S C R V Y D P A T R T N T R GCTGTGTCCAATGATTGAAGCCAGGAAGAATCATGGGCTGGTATTTGTAAAAGACAAGAT
      1621
1681
1801
1861
1921
1981
      2101
2221
2281
2401
2461
2521
2581
2641
2701
2761
2621
2681
2941
3001
```

第5図 KU-BL-2の塩基配列およびアミノ酸配列.

KU-BL-2 の ORF (下線) は 1,758 bp であり、586 のアミノ酸で構成される蛋白であった。KU-BL-2 のアミノ酸配列は BTB/POZ ドメイン(a)と 6 つの kelch repeat(b)を有していた。 (Ito K et al: Int J Cancer 108 (5): 712-724, 2004 の Figure 5 を許可を得て転載)



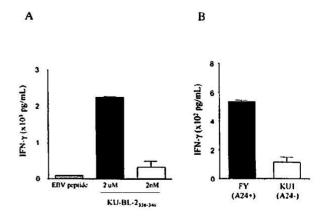
第 6図 KU-BL-3 と Keich もよび KLinL3 とのとうのドラインの比較。 (A) BTB/POZ ドメインの比較。KU-BL-3 では過去に報告された 37 のコンセンサスシークエン

5. KU-BL-2 の構造と機能の検討

KU-BL-2 をコードする最長の cDNA クローンは 3,112-bp の長さの cDNA をコードしており、ノーザン ブロットの 3.2-kb のバンドとほぼ一致した。KU-BL-2 をコードするその他の7つのクローンの塩基配列と比 較し、ORF は 1.758-bp であり 586 個のアミノ酸で構 成される蛋白であることがわかった (第5図)、Kozak 配列とストップコドンが最初の ATG と推定される部位 の 5 側に存在し ORF の正当性が確認された。 DNA デー タベース上で検討すると KU-BL-2 はヒト胎児脳組織に 由来する機能不明の cDNA clone DKF2p564C1616 (AL136597) と一致し、7番染色体上に存在することが わかった. KU-BL-2 はショウジョウバエの卵子形成時 に発現される kelch protein²⁷に相同性が高かった。 DKFZp564C1616 と比較し 584 番目と 887 番目の塩基 が異なっていたが、アミノ酸配列に変化はなかった。相 同性のある蛋白をデータベース上で検索すると、KU-BL-2のアミノ酸配列は機能不明の蛋白 hypothetical protein (CAB66532) とほぼ一致した。 KU-BL-2 はヒ ▶ kelch-like protein 3 (KLHL3: Q9UH77) ≥ 34%, ショウジョウバエの kelch 蛋白*** (Q04652) と 33%, kelch-like 2 (Mayven: NP_009177) と 32%の相同性 があり、その他の kelch-like protein とも相同性を認め た、PROSITE プログラムや Pfam プログラムを用いた アミノ酸配列のモチーフを検討すると、KU-BL-2は kelch-like protein に特徴的に保存されている BTB/POZドメインと6つの kelch repeat という特徴 的な配列を有する可能性が示された (第5図). KU-BL-2のアミノ酸配列上の BTB/POZ ドメインと考えられ る部位はアミノ酸で 37 個中 35 個 (94.6%) が過去に 報告されたコンセンサスシークェンス28)と一致した(第 6A 図). また KLHL3 と kelch 蛋白の 6 つの kelch repeat との相同性を(第6B図)に示した。これらの結 果から、KU-BL-2 は新規の kelch-like protein である と考えられた。

6. 合成ペプチドを用いた腫瘍反応性 T 細胞の誘導

KU-BL-1 と KU-BL-2 由来の HLA-A24 高親和性ペプチドを合成し、これを用いて 8 人の健常人の PBMC を刺激することによりペプチド特異的に反応する T 細胞の誘導を試みた、4 種類のペプチドを合成した。これらの中で、 KU-BL-2 に由来するペプチドである VYILGGSQL でペプチド特異的に反応する T 細胞を 1 例において誘導できた(第 7A 図)、 VYILGGSQL で刺激された T 細胞は HLA-A24 と KU-BL-2 を同時に発



第7図 HLA-A24 結合 KU-BL-2 ペプチドによる腫瘍反応 性 T 細胞の誘導。

HLA-A24 高親和性合成ペプチドを用い、8人の健常人の末梢血リンパ球から腫瘍反応性 T 細胞を誘導した。1回目の刺激は樹状細胞を用い、その他の3回は放射線照射後の自己末梢血リンパ球を用いて行った。T 細胞による抗原の認識は IFN-y release assay を用いて評価した。A:8例のドナー中1例で KU-BL-2ペプチド(VYILGGSQL)を特異的に認識するT 細胞が誘導できた。ペプチドで刺激されていない T2-A24 細胞からのIFN-yの産生をバックグランドとして、その IFN-y 値を差し引いた値を示した。B:その CTL は HLA-A24 陽性 KU-BL-2 陽性自己膀胱腫瘍細胞株 FY を認識したが、HLA-A24 陰性膀胱癌細胞株 KU1 を認識しなかった。(Ito K et al: Int J Cancer 108 (5):712-724, 2004 の Figure 6 を許可を得て転載)

現する膀胱癌細胞株 FY を認識し、HLA-A24 陰性の膀胱癌細胞株 KU1 は認識しなかった(第 7B 図)。その他の3つのペプチドでは、腫瘍細胞に強く反応する T細胞を誘導できなかったが、SYKAGEFFL で刺激することにより、ペプチド特異的に T2-A24 細胞に弱く反応する T細胞が 1 例で誘導された。

考 察

免疫学的な脳の拒絶において思者血清中に産生された 抗体の役割は明らかにされていないが、生体内における 腫瘍の消退に T 細胞が重要な役割を果たすことが多く のマウス腫瘍モデル"やヒトメラノーマ^{L2}において証明 されてきた。癌患者において T 細胞の反応をモニター しながら効率の良い細胞免疫治療を確立するためには腫 瘍反応性 T 細胞に認識される腫瘍抗原を同定すること が必要である。これまで cDNA 発現クローニング法を 用い腫瘍反応性 T 細胞により認識されるヒトメラノー マ抗原が数多く単離されてきた^{L.S.B}. MAGE や NY-ESO-1 などの癌精巣抗原が膀胱癌に発現していることが報告されている「** 19"が、T 細胞に認識される腫瘍抗原が膀胱癌において同定された報告は少なく「** 20"、膀胱癌に対する免疫治療を確立するためには膀胱癌抗原をさらに同定する必要がある。Pfreundschuh や Old らのグループは SEREX 法を様々な癌腫に適用し、多くの腫瘍抗原を単離した「** 10"、その結果、SEREX 法は血清中の抗体で腫瘍抗原を検出する方法であるが、CD4"T 細胞認識抗原だけではなくCD8"T 細胞認識抗原を同定する方法としても有用であることが分かってきた。我々のグループもメラノーマとメラノサイトに高発現される KU-MEL-1 を SEREX 法により同定し報告した29%。本研究では SEREX 法を膀胱癌に対して適用し、癌抗原の同定を試みた。

本研究では、36の既知分子と12の未知分子を単離した。HDLBPと新規遺伝子であるB3とB4が最もイムノスクリーニングで単離された分子であった。HDLBPに対するIgG 抗体は28例中4例の膀胱癌患者の血清中に存在した。HDLBPは110-kDの細胞膜関連タンパクであり細胞内のコレステロールを取り除くためにHDLに特異的に結合すると報告されている²⁰。しかし癌に関連した報告はなされていない。膀胱癌を有する患者においてHDLBPに対する免疫反応がに起こっている場合があり、膀胱癌との関連性を検討する必要がある。

単離された36の既知分子の中で9分子は過去に何ら かの癌との関連性が報告されている。 そのうち2つ (Golgin-84 および LBc 癌原遺伝子) は他の遺伝子と組 み換えを起こして癌遺伝子を形成する遺伝子であった。 しかし FY 細胞株にではこのような遺伝子の変化は検出 されなかった. α-enolase, mitosin, thrombospondin-1、AnnexinVIII などの遺伝子は癌細胞における発現の 増加が報告されている。 癌細胞において発現が増加して いる蛋白に対して IgG 抗体が生体内で産生されること は過去の SEREX 法を用いた報告で示唆された**。また α-enolase が HLA-DRB1*08032 拘束性に CD4+ T 細 胞に認識され、IgG の産生を促進していることが扁平上 皮癌を有する患者において最近証明された300. Laminin receptor 1, α-actinin4, Metalloproteinase-like collagenase (PM5) などは正常細胞にも発現する蛋白であるが、 癌の進展や予後との関連性も過去に報告されてきた。こ のような正常細胞にも存在する蛋白に対して抗体が産生 されるのは、癌細胞内でこれらの蛋白が構造の変化を起 こし免疫原性が高まった可能性がある。しかし本研究で は、それそれのクローンにコードされた塩基配列に遺伝 的多型以外の変化は認められなかった。

FY 細胞株は MAGE-1, -2, -3 を発現し¹⁰, 過去の SEREX 法によるメラノーマなどに関する報告でも MAGE ファミリーが単離されているが¹⁰, 本研究では MAGE ファミリーは単離されなかった。この理由として患者の血清中の MAGE 抗原に対する抗体価が比較的 低かったか、HLA タイプなどの遺伝的要因で MAGE 抗原に対する IgG 抗体が産生なかったことが考えられる。

KU-BL-1 は mRNA の発現と血清中の IgG 抗体の存在を検討した結果、膀胱癌に発現し正常膀胱と精巣以外の正常組織に発現を認めない免疫原性のある抗原であると考えられた、KU-BL-1 は過去に報告された LAS と構造が類似しており、ヒト LAS をコードしていると推定された。これまでに報告された LAS と同様に、硫黄をlipoic acid に導入する際に必要である金属結合部位(iron-sulfur cluster)のモチーフである CXXXCXXCという配列を含んでいた。Lipoic acid は硫黄を含む補酵素である pyruvate dehydrogenase,2-oxoglutarate dehydrogenase,branched-chain 2-oxo acid dehydrogenase,glycine cleavage system などの酵素の作用に不可欠である。 膀胱腫瘍における LAS の役割は今後検討する必要がある。

KU-BL-2 は膀胱癌細胞株、膀胱癌組織、および正常 心臓や精巣組織に発現していた。KU-BL-2 に対する IgG 抗体は膀胱癌患者 28 例中 8 例に存在し、健常人の 血清中には検出されなかった。 KU-BL-2 は kelch 蛋白 およびその他の kelch-like protein と相同性が高かった。 Kelch はショウジョウバエの卵子形成の時に発現し ring canal²⁰という細胞間輸送路に発現する蛋白である。 KU-BL-2 は zinc-type の転写因子に認められる BTB/POZ ドメインを持ち、また kelch-like protein に 特徴的である kelch repeat を有していた。 Kelch repeat は蛋白と蛋白の相互作用をに関連する部位であり、 これによってクロマチンの構造を変化させたり、細胞骨 格や nuclear matrix protein などを変化させることが 報告されている²⁶⁾. Kelch repeat は典型的に約50のア ミノ酸からなる6つのリピートからなっており、βsuperbarrel 構造***をなしていると予想される。このリ ピートはアクチンなどの他の蛋白に作用することが報告 されている33)。この蛋白の膀胱腫瘍における役割も今後 検討を要する。

KU-BL-1 と KU-BL-2 は細胞内蛋白と考えられるので、 生細胞では抗体はこれらの抗原を認識することはできず、 抗体を利用した治療には使用することができない。しか して細胞を介した免疫治療の良いターゲットになりうると考える。本研究ではこの2つの分子に由来する4種類の HLA-A24 親和性のペプチドを用いて腫瘍反応性 T細胞を誘導できるかを検討した。KU-BL-2に由来するペプチドにおいてペプチド特異的 T細胞が誘導でき、同時に KU-BL-2 を発現する腫瘍細胞株を認識した。また KU-BL-1 に由来するペプチドにおいても、ペプチド特異的に弱く反応する T細胞が誘導された。この結果から、KU-BL-1 と KU-BL-2 は細胞免疫治療に応用しうる膀胱癌抗原である可能性が示された。今後はその他のペプチドにおいて CTL を誘導できるか、膀胱腫瘍の患者の PBMC から CTL が誘導できるか、膀胱腫瘍の患者の PBMC から CTL が誘導できるか、特に KU-BL-1 や KU-BL-2 に対する IgG 抗体が血清中に存在する患者において CTL が誘導できるかをさらに検討していく必要がある。

細胞免疫治療を行うときに、KU-BL-1 や KU-BL-2 が精巣に発現していることは大きな問題とはならないと思われる。つまり精粗細胞や精母細胞などは MHC class I を発現していないため T 細胞に認識されない。また KU-BL-2 は正常心臓に、KU-BL-1 は正常膀胱に比較的強く発現していたが、免疫治療に使用する抗原として除外する必要はないと思われる。もし KU-BL-2 のエピトープの密度が心筋細胞に低ければ、自己免疫反応は起こらないであろうし、KU-BL-1 が正常膀胱粘膜に発現していても膀胱切除症例では免疫治療の妨げとはならない。

SEREX 法で同定された抗原の免疫細胞治療における意味は、最近マウスの腫瘍モデルにおいて検討された³¹゚. その報告では、SEREX 法で同定された抗原は有用なヘルパー CD4 T細胞の抗原になりうることが証明され、抗原性のあるペプチドで同時に CD8 T細胞を刺激することにより、強い抗腫瘍効果をを認めることが示された。この所見から KU-BL-1 や KU-BL-2 も細胞免疫治療の際に免疫反応を誘導できる可能性がある。この 2つの分子は膀胱腫瘍に比較的高頻度に発現し、限られた正常組織にのみに発現を認め、膀胱腫瘍の患者で IgG 抗体が産生されていた。さらに KU-BL-2 に由来する一つのペプチドにおいて腫瘍反応性 T細胞を誘導できた。これらの抗原は膀胱癌の診断に応用しうる腫瘍マーカーや、膀胱癌患者に対する免疫細胞治療におけるターゲットになりうる抗原であると考えられた。

総 括

膀胱癌抗原の同定するために SEREX 法を用いた。 細胞異型度の高い膀胱癌の転移巣から樹立した FY 細胞 株から cDNA ライブラリーを作成した。このライブラリーを同一人の血清でスクリーニングした。

- 1. 48 種類の抗原が単離され、36 種類の既知分子と 12 種類の未知分子であった。
- 2. 健常人および癌患者血清中の抗体の存在や組織特異 的な発現パターンの検討を行った結果、KU-BL-1 と KU-BL-2 が免疫原性が高く、癌組織に高発現し ている有力な膀胱癌抗原候補と考えられた。
- 3. KU-BL-1 は特徴的な CXXXCXXC というモチーフを有し、lipoic acid synthetase の一つと考えられた、KU-BL-1 は検討した多くの膀胱癌細胞株や膀胱癌組織に発現し、正常組織においては膀胱粘膜や精巣に発現していた。KU-BL-1 に対する IgG 抗体は膀胱癌患者血清中 28 例中 2 例に認められたが、健常人 30 人では認められなかった。
- KU-BL-2 はショウジョウバエの kelch 蛋白に相同性があり kelch-like protein の一つと推定された、特徴的な BTB/POZ ドメインや kelch repeat を認めた。KU-BL-2 は検討した多くの膀胱癌細胞株や膀胱癌組織に発現し、正常組織においては精巣や心臓に発現していた。KU-BL-2 に対する IgG 抗体は膀胱癌患者血清中 28 例 8 例に認められたが、健常人 16 人では認められなかった。
- 5. KU-BL-1 と KU-BL-2 のアミノ酸配列に由来する HLA-A24 高親和性ペプチドを用いて、健常人由来 の末梢血リンパ球から腫瘍反応性 T 細胞の誘導を 試みた。KU-BL-2 のペプチドである VYILGGSQL において 8 例中 1 例で腫瘍反応性の T 細胞を誘導 することができた。

以上の結果から KU-BL-1 と KU-BL-2 は膀胱癌に高 発現する免疫原性のある分子であり、膀胱癌の診断や免 疫細胞治療に応用しうる抗原であると考えられた。

稿を終えるにあたり、ご指導、ご校閱および激励を賜りました慶應義塾大学医学部泌尿器科学教室村井勝教授に深甚なる謝意を表します。また終始懇切に多大なる直接のご指導、ご校閱をいただきました慶應義塾大学医学部先端医科学研究所細胞情報部門河上裕教授に心から感謝致します。さらに多大なご協力をいただきました先端医科学研究所細胞情報部門と慶應義塾大学医学部泌尿器科学教室の諸先生方に感謝致します。

また本研究の一部は、科学研究費補助金基盤研究(S)、 厚生労働省がん研究助成金、厚生労働科学研究費補助金 (がん克服戦略研究事業)、車両競技公益資金記念財団助 成、日本私立学校振興・共済事業団(学術研究振興資金)、 慶應義塾大学大型研究助成、慶應義塾大学医学部研究奨 励費によった。

文 献

- Rosenberg SA, Yang JC, Schwartzentruber DJ, Hwu P, Marincola FM, Topalian SL, Restifo NP, Dudley ME, Schwarz SL, Spiess PJ, Wunderlich JR, Parkhurst MR, Kawakami Y, Seipp CA, Einhorn JH, White DE. Immunologic and therapeutic evaluation of a synthetic peptide vaccine for the treatment of patients with metastatic melanoma. Nat Med 4: 321-327, 1998
- Kawakami Y, Robbins PF, Wang RF, Rosenberg SA. Identification of tumor-regression antigens in melanoma. Important Adv Oncol 3-21, 1992
- Chen L, Ashe S, Brady WA, Hellstrom I, Hellstrom KE, Ledbetter JA, McGowan P, Linsley PS. Costimulation of antitumor immunity by the B7 counterreceptor for the T lymphocyte molecules CD28 and CTLA-4. Cell 71: 1093-1102, 1992
- 4) Kawakami Y, Eliyahu S, Jennings C, Sakaguchi K, Kang X, Southwood S, Robbins PF, Sette A, Appella E, Rosenberg SA. Recognition of multiple epitopes in the human melanoma antigen gp100 by tumorinfiltrating T lymphocytes associated with in vivo tumor regression. J Immunol 154: 3961-3968, 1995
- 5) Kawakami Y, Eliyahu S, Delgado CH, Robbins PF, Rivoltini L, Topalian SL, Miki T, Rosenberg SA. Cloning of the gene coding for a shared human melanoma antigen recognized by autologous T cells infiltrating into tumor. Proc Natl Acad Sci USA 91: 3515-3519, 1994
- 6) van der Bruggen P, Traversari C, Chomez P, Lurquin C, De Plaen E, Van den Eynde B, Knuth A, Boon TA gene encoding an antigen recognized by cytolytic T lymphocytes on a human melanoma. Science 254: 1643-1647, 1991
- Robbins PF, El-Gamil M, Li YF, Kawakami Y, Loftus D, Appella E, Rosenberg SA. A mutated beta-catenin gene encodes a melanoma-specific antigen recognized by tumor infiltrating lymphocytes. J Exp Med 183: 1185-1192, 1996
- Kawakami Y, Wang X, Shofuda T, Sumimoto H, Tupesis J, Fitzgerald E, Rosenberg S. Isolation of a new melanoma antigen, MART-2, containing a mutated epitope recognized by autologous tumorinfiltrating T lymphocytes. J Immunol 166: 2871-2877, 2001
- Rosenberg SA. Progress in human tumour immunology and immunotherapy. Nature 411: 380-384, 2001
- Sahin U, Tureci O, Schmitt H, Cochlovius B. Johannes T, Schmits R, Stenner F, Luo G, Schobert I, Pfreundschuh M. Human neoplasms elicit multiple

- specific immune responses in the autologous host. Proc Natl Acad Sci USA 92:11810-11813, 1995
- 11) Jager E, Gnjatic S, Nagata Y, Stockert E, Jager D, Karbach J, Neumann A, Rieckenberg J, Chen YT, Ritter G, Hoffman E, Arand M, Old LJ, Knuth A. Induction of primary NY-ESO-1 immunity: CD8+T lymphocyte and antibody responses in peptide-vaccinated patients with NY-ESO-1+ cancers. Proc Natl Acad Sci USA 97: 12198-12203, 2000
- 12) Millikan R, Dinney C, Swanson D, Sweeney P, Ro JY, Smith TL, Williams D, Logothetis C. Integrated therapy for locally advanced bladder cancer: final report of a randomized trial of cystectomy plus adjuvant M-VAC versus cystectomy with both preoperative and postoperative M-VAC. J Clin Oncol 19: 4005-4013, 2001
- Catalona WJ, Ratliff TL. Bacillus Calmette-Guerin and superficial bladder cancer. Clinical experience and mechanism of action. Surg Annu 22: 363-378, 1990
- 14) Bohle A, Gerdes J, Ulmer AJ, Hofstetter AG, Flad, H. D. Effects of local bacillus Calmette-Guerin therapy in patients with bladder carcinoma on immunocompetent cells of the bladder wall. J Urol 144: 53-58, 1990
- 15) Stefanini GF, Bercovich E, Mazzeo V, Grigioni WF, Emili E, D'Errico A, Lo Cigno M, Tamagnini N, Mazzetti M. Class I and class II HLA antigen expression by transitional cell carcinoma of the bladder: correlation with T-cell infiltration and BCG treatment. J Urol 141: 1449-1453, 1989
- 16) De Boer EC, De Jong WH, Steerenberg PA, Aarden LA, Tetteroo E, De Groot ER, Van der Meijden AP, Vegt PD, Debruyne FM, Ruitenberg EJ. Induction of urinary interleukin-1 (IL-1), IL-2, IL-6, and tumour necrosis factor during intravesical immunotherapy with bacillus Calmette-Guerin in superficial bladder cancer. Cancer Immunol Immunother 34: 306-312, 1992
- 17) Patard JJ, Brasseur F, Gil-Diez S, Radvanyi F, Marchand M, Francois P, Abi-Aad A, Van Cangh, P, Abbou CC, Chopin D. Expression of MAGE genes in transitional-cell carcinomas of the urinary bladder. Int J Cancer 64: 60-64, 1995
- 18) Heidecker L, Brasseur F, Probst-Kepper M, Gueguen M, Boon, T, Van den Eynde BJ. Cytolytic T lymphocytes raised against a human bladder carcinoma recognize an antigen encoded by gene MAGE-A12. J lmmunol 164: 6041-6045, 2000
- 19) Kurashige T, Noguchi Y, Saika T, Ono T, Nagata Y, Jungbluth A, Ritter G, Chen YT, Stockert E. Tsushima T, Kumon H, Old LJ, Nakayama E. NY-ESO-1 expression and immunogenicity associated with transitional cell carcinoma: correlation with tumor grade. Cancer Res 61: 4671-4674, 2001
- 20) Nishiyama T, Tachibana M, Horiguchi Y, Nakamura

- K, Ikeda Y, Takesako K, Murai M. Immunotherapy of bladder cancer using autologous dendritic cells pulsed with human lymphocyte antigen-A24-specific MAGE-3 peptide. Clin Cancer Res 7: 23-31, 2001
- 21) Gueguen M, Patard JJ, Gaugler B, Brasseur F, Renauld JC, Van Cangh PJ, Boon T, Van den Eynde BJ. An antigen recognized by autologous CTLs on a human bladder carcinoma. J Immunol 160: 6188-6194, 1998
- 22) Ito K, Fujita T, Akada M, Kiniwa Y, Tsukamoto M, Yamamoto A, Matsuzaki Y, Matsushita M, Asano T, Nakashima J, Tachibana M, Hayakawa M, Ikeda H, Murai M, Kawakami Y. Identification of bladder cancer antigens recognized by IgG antibodies of a patient with metastatic bladder cancer. Int J Cancer 108 (5): 712-724, 2004
- 23) Sallusto F, Lanzavecchia A. Efficient presentation of soluble antigen by cultured human dendritic cells is maintained by granulocyte/macrophage colonystimulating factor plus interleukin 4 and downregulated by tumor necrosis factor alpha. J Exp Med. 179: 1109-1118, 1994
- 24) McKnight GL, Reasoner J, Gilbert T, Sundquist KO. Hokland B,McKernan PA, Champagne J, Johnson CJ, Bailey MC, Holly R. Cloning and expression of a cellular high density lipoprotein-binding protein that is up-regulated by cholesterol loading of cells. J Biol Chem 267: 12131-12141, 1992
- 25) Sulo P. Martin NC. Isolation and characterization of LIP5. A lipoate biosynthetic locus of Saccharomyces cerevisiae. J Biol Chem 268: 17634-17639, 1993
- 26) Tate R, Riccio A, Iaccarino M, Patriarca EJ. Cloning and transcriptional analysis of the lipA (lipoic acid synthetase) gene from Rhizobium etli. FEMS Microbiol Lett 149: 165-172, 1997

- 27) Xue F, Cooley L. kelch encodes a component of intercellular bridges in Drosophila egg chambers. Cell 72: 681-693, 1993
- 28) Bardwell VJ, Treisman R. The POZ domain : a conserved protein-protein interaction motif. Genes Dev 8: 1664-1677, 1994
- 29) Kiniwa Y, Fujita T, Akada M, Ito K, Shofuda T, Suzuki Y, Yamamoto A, Saida T, Kawakami Y. Tumor antigens isolated from a patient with vitiligo and T-cell- infiltrated melanoma. Cancer Res 61: 7900-7907, 2001
- 30) Kondo H, Sahara H, Miyazak A, Nabeta Y, Hirohashi Y, Kanaseki T, Yamaguchi A, Yamada N, Hirayama K, Suzuki M, Hamuro J, Torigoe T, Takahashi N, Kohama G, Ikeda H, Sato N. Natural Antigenic Peptides from Squamous Cell Carcinoma Recognized by Autologous HLA-DR8-restricted CD4+ T Cells. Jpn. J. Cancer Res 93: 917-24, 2002
- 31) Morikawa T. Yasuno R. Wada H. Do mammalian cells synthesize lipoic acid? Identification of a mouse cDNA encoding a lipoic acid synthase located in mitochondria. FEBS Lett 498: 16-21, 2001
- 32) Bork P, Doolittle RF. Drosophila kelch motif is derived from a common enzyme fold. J Mol Biol 236: 1277-1282, 1994
- 33) Tilney LG, Tilney MS, Guild GM. Formation of actin filament bundles in the ring canals of developing Drosophila follicles. J Cell Biol 133: 61-74, 1996
- 34) Nishikawa H, Tanida K, Ikeda H, Sakakura M, Miyahara Y, Aota T, Mukai K, Watanabe M, Kuribayashi K, Old LJ, Shiku H. Role of SEREX-defined immunogenic wild-type cellular molecules in the development of tumor-specific immunity. Proc Natl Acad Sci USA 98: 14571-14576, 2001