

博士論文（要約）

核抗原と細胞質抗原の MHC クラス I 抗原提示経路
に関わる新規因子の網羅的探索

大竹 一輝

【序論】

脊椎動物は病原体感染に対抗するため、適応免疫系と呼ばれる精巧な防御機構を発達させてきた。全ての有核細胞は MHC クラス I (MHC-I) を細胞表面に発現し、細胞内タンパク質由来のペプチドを提示することで細胞の感染状態を細胞傷害性 T 細胞に提示する。プロテアソームはユビキチン化タンパク質の分解を通じて様々な生命現象を制御するタンパク質分解酵素複合体であり、適応免疫系においても重要な役割を果たしている。プロテアソームの分解産物である短いペプチドの一部は transporter associated with antigen processing (TAP) によって小胞体(ER)内に取り込まれ、MHC-I の抗原ペプチドとして利用される。これまでの抗原提示に関する研究では ER 内腔へのペプチドの取り込み以降の研究が主流で、ペプチドが産生される場所について考慮されることはほとんどなかった。抗原ペプチドは単に拡散によって TAP と出会うことを示唆する報告がある一方で、抗原ペプチドが他のタンパク質と結合することで細胞質に豊富に存在するプロテアーゼによる分解を免れている可能性も示唆されていた(Reits et al., Immunity, 2003)。

以上の背景より私は、核抗原もしくは細胞質特異的 MHC-I 抗原提示経路の有無の検証、ならびに MHC-I 抗原提示経路の新規因子同定を目的として研究を開始した。抗原タンパク質を核または細胞質のみに発現するヒト培養細胞を樹立し、ゲノムワイド siRNA ライブラリーを用いたノックダウンスクリーニングと、CRISPR gRNA ライブラリーを用いたノックアウトスクリーニングの二種類のスクリーニングを実施し、新規因子の探索を行った。

【方法・結果】

1. 核抗原または細胞質抗原を発現する細胞の樹立

MHC-I 上には細胞内の様々なタンパク質由来のペプチドが提示されているため、核抗原と細胞質抗原それぞれの提示を見るには、特定の抗原ペプチドの MHC-I への提示を定量する必要がある。また、定量的な比較のためには核抗原と細胞質抗原が同一のタンパク質であることが必要である。そこで、chicken ovalbumin (OVA)由来の抗原ペプチド SIINF EKL (OVAp)とマウス MHC-I アリルの 1 つ H-2K^bと

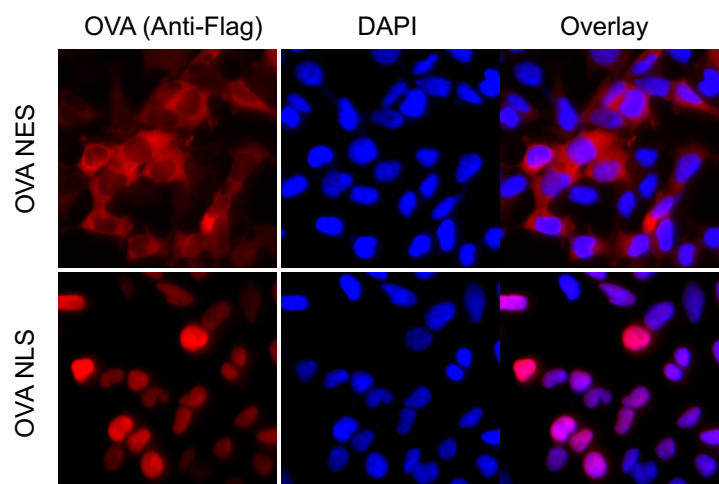


図1 核抗原または細胞質抗原を発現する細胞の樹立

の複合体を特異的抗体により定量することにした。この抗体を用いることで、MHC-I への OVAp の提示のみを定量することができる。C 末端に Venus を付加した H-2K^b-Venus 発現細胞を樹立し、続いて核外移行シグナル (NES) もしくは核移行シグナル (NLS) を付加した抗原タンパク

質 OVA を導入した(図 1)。

2. ゲノムワイド siRNA スクリーニングによる核抗原、細胞質抗原の MHC-I 抗原提示を制御する因子の網羅的探索

細胞表面の H-2K^b/OVA_p のみを allophycocyanin (APC) で蛍光標識された特異的抗体で免疫染色し、細胞全体の APC 平均蛍光強度をハイコンテントイメージアナライザーで定量することで、OVA_p の提示量を検出する系を確立した(図 2A, B)。1 次スクリーニングでは peptide loading complex、IFN γ シグナル経路の構成因子といった抗原提示に関わる既知因子が多数含まれており、スクリーニングの

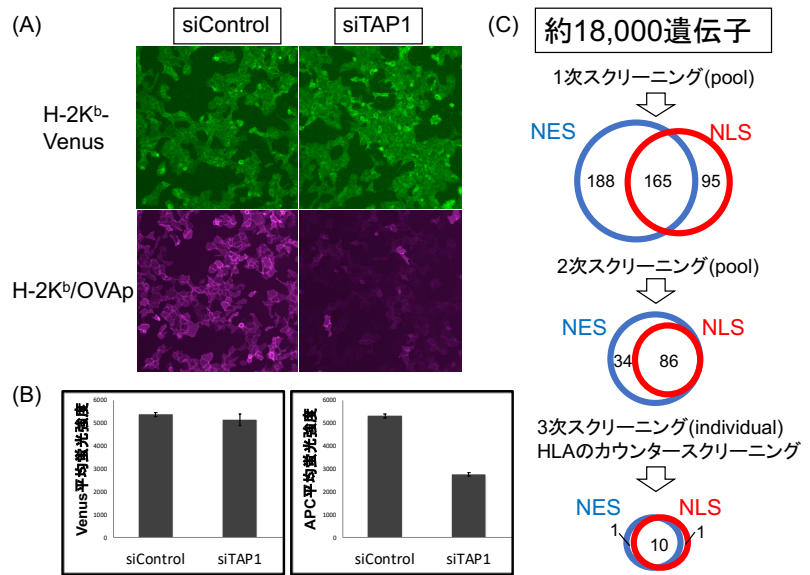


図2 ゲノムワイドsiRNAスクリーニングによる核抗原、細胞質抗原のMHC-I抗原提示を制御する因子の網羅的探索

(A) H-2K^b/OVA_pに対する特異的抗体を用いた免疫染色によりOVA_pの提示を可視化し、ハイコンテントイメージアナライザーで画像取得した。(B) (A)の画像の定量(n=4)。(C) ゲノムワイドsiRNAスクリーニングの結果の概要。

妥当性が確認された。2 次、3 次スクリーニングと、H-2K^b-Venus 自体の発現に影響を与えるものや内在性の HLA-I の発現量に影響のないものを除くカウンタースクリーニングを経て、12 個の候補遺伝子を得た(図 2C)。このうち再現性の得られた細胞質抗原特異的因子 RBM19 と共通因子 ZCCHC14 について解析を進めたが、それぞれ翻訳、転写に関与する遺伝子で MHC-I 抗原提示経路に特異的な因子ではなかった。

3. ゲノムワイド CRISPR スクリーニングにより、MHC-I 抗原提示を制御する候補遺伝子を同定した

siRNA スクリーニングの欠点としてオフターゲット効果による偽陽性に加え、ノックダウン後の残存遺伝子発現により遺伝子が機能し続ける場合があり偽陰性に繋がるということが知られている。そこで核抗原もしくは細胞質抗原特異的 MHC-I 抗原提示制御因子および MHC-I 抗原提示経路の新規因子を同定するために、遺伝子発現を完全に欠損させられる CRISPR/Cas9 システムを用いたノックアウトスクリーニングを行うこととした。このスクリーニングには遺伝子ノックアウトの容易な一倍体の HAP1 細胞を用いた。レンチウイルス感染により HAP1 細胞に gRNA ライブラリーを導入し、細胞表面の HLA-I および H-2K^b/OVA_p の発現が減少した細胞集団をソートした。次世代シーケンサーの結果の解析には、CRISPR スクリーニング用の解析パイプライン

として開発された MAGeCK-VISPR を利用し、 p 値 <0.05 かつ最尤推定によって得られた遺伝子の評価値 (β score) 上位の 125 個を各スクリーニングのヒットとした。ヒット遺伝子の上位には siRNA スクリーニング同様に、peptide loading complex、IFN γ シグナル経路の構成因子が多数含まれており、スクリーニングの妥当性が確認された。核抗原と細胞質抗原それぞれのスクリーニングの結果は類似しており(図 3A)、特に β score 上位の遺伝子については大半がどちらのスクリーニングにおいても得られていたため、核抗原もしくは細胞質抗原特異的因子ではなくまずは共通して得られた因子を優先して解

析を進めることとした。スクリーニングのヒット遺伝子各 125 遺伝子のうち共通して得られた約半数の 63 遺伝子に絞り、パスウェイ解析によりリボソーム合成、基本転写因子、IFN γ シグナル経路、既知の MHC-I 抗原提示関連遺伝子、RNA エキソソームに関与する遺伝子を除いた結果、最終的に 10 個の候補遺伝子が得られた(図 3B, C)。

4. TMED2 と TMED10 が MHC-I の積荷受容体タンパク質として働く

ゲノムワイド CRISPR スクリーニングでは、ヒトにおいて 9 種類存在する transmembrane emp24 domain-containing (TMED) タンパク質のうち、MHC-I 抗原提示を制御する分子として、TMED2 と TMED10 の 2 つが同定された。TMED タンパク質は p24 ファミリーに属しており、p24 タンパク質は COPI および COPII タンパク質と結合するモチーフを有し、積荷受容体として輸送小胞への積み込みに関わるタンパク質である。TMED タンパク質は異なる組み合わせで会合し、ヘテロ二量体もしくは四量体を形成する。これまで TMED2、TMED10 の積荷タンパク質としては glycosylphosphatidylinositol-anchor タンパク質 (GPI-AP) と一部の G-protein-coupled receptors (GPCRs) が知られていたが、MHC-I の小胞輸送への関与は不明であった。GPI-AP の輸送の際に TMED2、TMED10 と協調して働くことが報告されていた TMED5 と比較したところ、TMED2 と TMED10 ノックアウトにおいてのみ MHC-I 抗原提示が減少した(図 4A)。また、このとき細

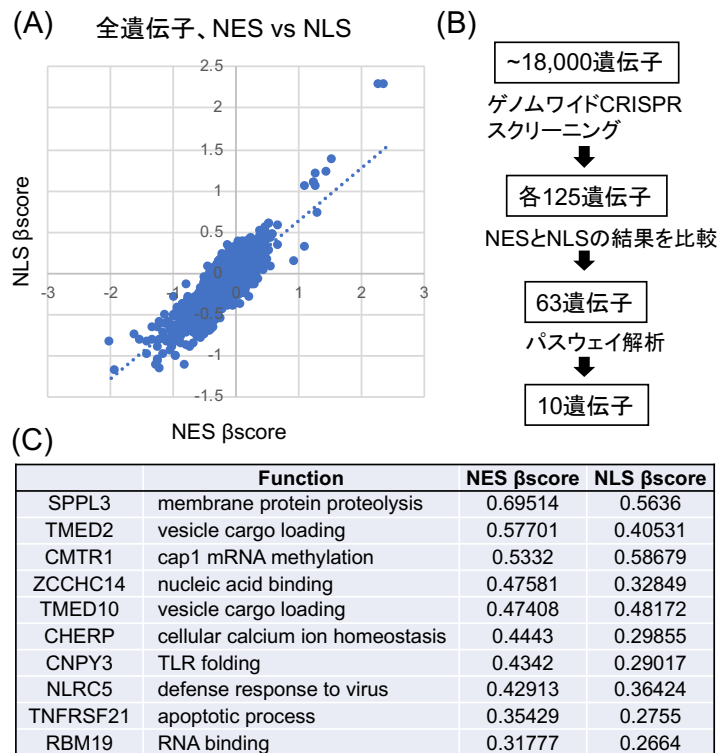


図3 ゲノムワイドCRISPRスクリーニングによる核抗原、細胞質抗原のMHC-I抗原提示を制御する因子の網羅的探索 (A) OVA NES/NLS両スクリーニングの β scoreの分布図。(B) スクリーニング過程の概略図。(C) 最終的に得られた10遺伝子の一覧

胞膜タンパク質の輸送全般に対する影響は見られなかったことから TMED2 と TMED10 は MHC-I の輸送に選択的に関与すると考えられる (図 4B)。HLA-I が TMED2、TMED10

ノックダウン時に ER ではなく cis-Golgi に蓄積していたことから、これらは cis-Golgi から細胞膜への順行輸送もしくは cis-Golgi から ER へと逆行輸送する MHC-I の品質管理機構に関与していることが示唆された (図 4C)。

【まとめ・考察】

本研究において、核抗原または細胞質抗原をそれぞれ MHC-I 上に提示する細胞を樹立し、siRNA スクリーニングと CRISPR スクリーニングの2種類のゲノムワイドスクリーニングにより制御因子を探索した。siRNA スクリーニングでは、核抗原と細胞質抗原の MHC-I 抗原提示に関わる制御因子に差異はほとんど

見られず、核抗原・細胞質抗原特異的な MHC-I 経路は見つからなかった。しかし CRISPR スクリーニングでは、核抗原・細胞質抗原のどちらかのスクリーニングでのみヒットとなった遺伝子も存在するため、その特異性については今後検証していく予定である。

本研究では、MHC-I 抗原提示経路の新規因子として、TMED2 と TMED10 を同定し、TMED2 と TMED10 が MHC-I の積荷受容体タンパク質であることを明らかにした。

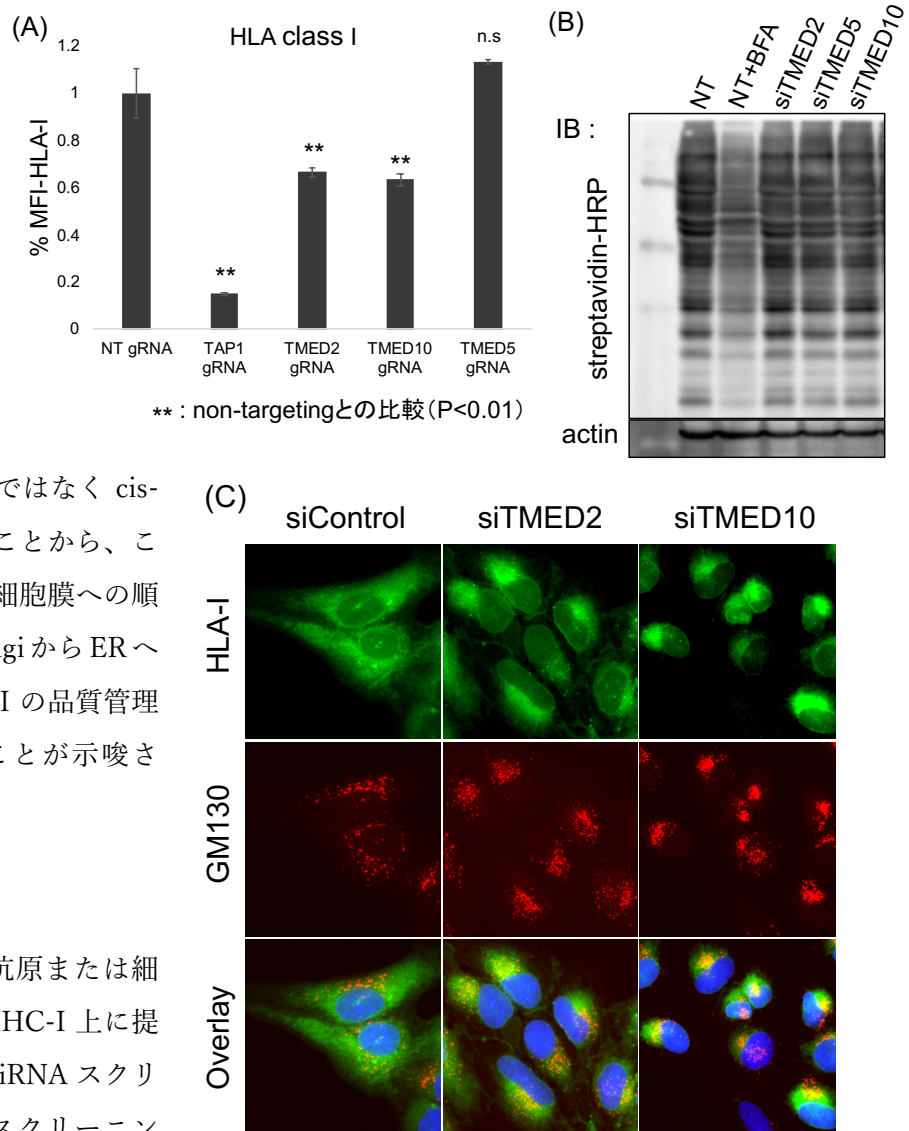


図4 TMED2とTMED10がMHC-Iの積荷受容体として働く (A) 記載された遺伝子のgRNAを導入し、HLA-Iの発現をフローサイトメーターにより定量した(n=3)。 (B) 細胞膜タンパク質をビオチン化ラベルし、イムノプロットティングを行った。 (C) HLA-Iの局在をcis-GolgiマーカーのGM130との共局在により観察した。