

## 熱による放射線増感作用における遺伝子発現変化

### Changes in gene expression during radiosensitization by hyperthermia

\*澤田 優<sup>1</sup>、小林 美佳<sup>2</sup>、田口 明糸<sup>2</sup>、近岡 洋子<sup>2</sup>、和田 洋一郎<sup>2</sup>、上坂 充<sup>3</sup>

<sup>1</sup>東京大学 システム創成学専攻,<sup>2</sup>東京大学 アイソトープ総合センター,

<sup>3</sup>東京大学 原子力国際専攻

キーワード：遺伝子発現解析、X線、セシウム 157、qRT-PCR、RNAseq、放射線

癌の治療法の一環として、温熱療法を放射線療法と併用する集学的治療が行われているが温熱療法の放射線増強効果の分子機序はまだ解明されていない。そこで、RNA-seq、qPCR などを用いた細胞実験で当該分子機序を明らかにする。

#### 1. 緒言

乳がん治療に使われる放射線治療は、温熱を加えることによって治療効果が向上すると知られている。しかし、温熱療法が腫瘍の放射線感受性を高める分子機序について、遺伝子レベルでは解明されていない。そこで本研究実験では、放射線照射の影響を、熱の有無により比較し、温熱による効果を明らかにすることを目的とする。癌細胞株を用いて、条件ごとに遺伝子発現プロファイルを取得し、比較することにより温熱効果の解明を試みた。

#### 2. 実験と解析

まず乳がん細胞株として MCF7 細胞を用い、Cs157 を用いた放射線照射を行った。従来遺伝子発現変化が起きると知られている 5 つの遺伝子について、Control 群、RT (Radiation Treatment) 、

HT(Hyperthermia Treatment) 群、

Combination 群にグループ分けして五日間の

放射線照射及び温熱処理ののち qRT-PCR を行った。しかしながら、既知の変動遺伝子群において温熱効果による変動を認めなかった。そこで、網羅的遺伝子発現解析を行うために、それぞれの条件において、RNA を抽出し、高速シーケンサによる RNA-sequencing (RNA-seq) を行った。取得された遺伝子発現プロファイルと比較することによって、温熱効果によって変動する遺伝子群の抽出を行った。

#### 3. まとめ

本発表では、温熱処理によって発現が増加した遺伝子群と低下した遺伝子群について概説し、推測される分子機序について紹介する。

[1] M R Horsman ,et al. Cline Oncology, Aug 2007.

[2] Punit Kaure et al. Cancers (Basel), Sep 2011.

\*Suguru Sawada<sup>1</sup>, Mika Kobayashi<sup>2</sup>, Akasi Taguchi<sup>2</sup>, Yoko Chikaoka<sup>2</sup>, Yoichiro Wada<sup>2</sup>, Mitsuru Uesaka<sup>3</sup>

<sup>1,3</sup>Univ. of Tokyo,<sup>2</sup>Isotope Science Center,

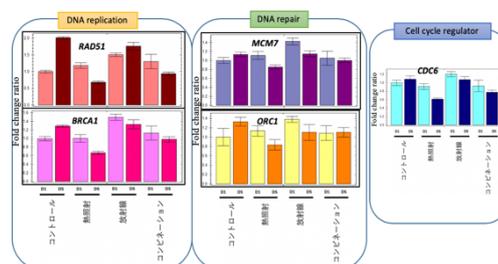


図1 qRT-PCR