

がん遺伝子の比較解析より同定されたメラノーマ転移促進遺伝子; *NEDD9*

高木 聡

多くのがん細胞で生じる染色体の異常は、その悪性化に寄与することが知られている。しかし、広範な染色体上から異常を見つけ出し、悪性化の鍵となる遺伝子を特定することは容易ではない。今回著者らは、メラノーマを誘導するモデルマウスを用い、高転移性メラノーマの染色体異常を比較解析することで、機能未知とされていたタンパク質 *NEDD9* が転移に大きく寄与していることを明らかにした。また、*NEDD9* はヒトのメラノーマにおいても転移を亢進することが確認された。モデルマウスを用いたがん遺伝子の比較解析や、新たながん関連遺伝子の同定など、興味深い内容が記されていたので紹介する。

紹介論文

Comparative Oncogenomics Identifies *NEDD9* as a Melanoma Metastasis Gene.

Kim, M., *et al.* and Chin, L. (Dana-Farber Cancer Institute, MA)

Cell, **125**: 1269-81 (2006)

要旨

多くのヒトがん細胞では染色体に異常が生じている。今回、メラノーマを誘導するモデルマウスを用い、単離した高転移性メラノーマの染色体異常を比較解析することで、染色体上の特定の領域が増幅されていること、また、ヒトのメラノーマの染色体でも同様の増幅が生じていることを特定した。さらに、増幅された染色体領域内の共通した遺伝子として、p130CAS 関連タンパク質である *NEDD9* が同定された。*NEDD9* は正常及びトランスフォームしたメラノサイトの *in vitro* における浸潤能、*in vivo* における転移能を亢進し、その機能として、FAK と相互作用することで接着斑の形成に寄与していることが示唆された。また、原発巣よりも、転移巣由来のメラノーマにおいて *NEDD9* の高発現が確認された。これらの結果より、がん遺伝子の比較解析は、ヒトメラノーマの転移を制御するがん関連遺伝子の同定を簡便にする有用な武器となり得ることが示された。

参考論文

1. Essential role for oncogenic Ras in tumor maintenance.

Chin, L., *et al.* and DePinho, R. A. (Harvard Medical School, MA)

Nature, **400**: 468-72 (1999)

2. Cross-Species Oncogenomics in Cancer Gene Identification

Peerper, D., and Berns, A. (The Netherlands Cancer Institute)

Cell, **125**:1230-33 (2006)