

臨床トピックス

最先端の分子病理解析法を日常病理診断へ導入

加留部 謙之輔*

内容紹介

悪性リンパ腫はリンパ球由来の腫瘍で、かつてはやや稀な腫瘍であったが、一貫して増加傾向にあり、報告によってはここ30年で罹患率が2倍近くに増えている¹⁾。他の腫瘍と同じく、リンパ腫もその分類がますます複雑になってきているが、それだけ病態メカニズムが明らかになってきたとも言える。

本稿では、これまで筆者が関わってきた研究を振り返りながら、これからの人体病理学研究の方向性について考えていきたい。

I. 形態診断から遺伝子を組み込んだ複合診断へ

悪性腫瘍の病理診断は、手術や生検で摘出された病変部検体の肉眼像および組織像を基本に成されている。また、40年ほど前から病理学研究に導入されてきた免疫染色は、特定のタンパク質を標的とする抗体を用いて組織内(*in situ*)における発現局在を目で見ることができ、画期的な技術であり、現在では日常病理診断に完全に定着している。さらに、遺伝子の染色体上での転座を狙い撃ちで同定できる fluorescent *in situ* hybridization

(FISH)法、一塩基置換を検出できるサンガーシーケンス法などの分子病理解析法も診断に導入されつつある。

近年では、保険診療として多数の遺伝子を網羅的に解析できるがんゲノム検査が導入され、名古屋大学医学部附属病院もがんゲノム医療中核拠点病院として多くの症例の解析に関与している。以上のように、現在の病理診断はHE染色から始まり、タンパク発現パターン、遺伝子異常パターンを組み込んだ包括的なものになってきていると言える。

II. 最新の分子病理技術を日常診断に応用する—成人T細胞白血病/リンパ腫

上述したように現代の病理診断は、病変を隅々まで解析してから成されているように思える。しかし、まだまだ病変組織において「目に見えない」所見というのは数多く存在する。これらを可視化することは、現代の人体病理学、病理診断学の大きなテーマとなっている。筆者がこれまで主に取り組んだ疾患のひとつ、成人T細胞白血病/リンパ腫(adult T-cell leukemia/lymphoma: ATLL)の研究を例に挙げて述べていきたい。

これはヒトT細胞白血病ウイルス-I型(HTLV-1)によるウイルス関連腫瘍で、同ウイルスは世界的に見ても本邦に有意に高頻度に存在しており、それに伴いATLLの発生頻度も本邦、特に南方の九州、沖縄地区で高くなっている。ATLL以外のウイルス関連腫瘍といえば、Epstein-Barrウイルス(EBV)が関与するリンパ腫、胃がんおよび上

—Key words—
悪性リンパ腫, 分子病理, 診断病理, 成人T細胞白血病/リンパ腫

* Kennosuke Karube: 名古屋大学大学院医学系研究科
臓器病態診断学 / 名古屋大学医学部附属病院病理部

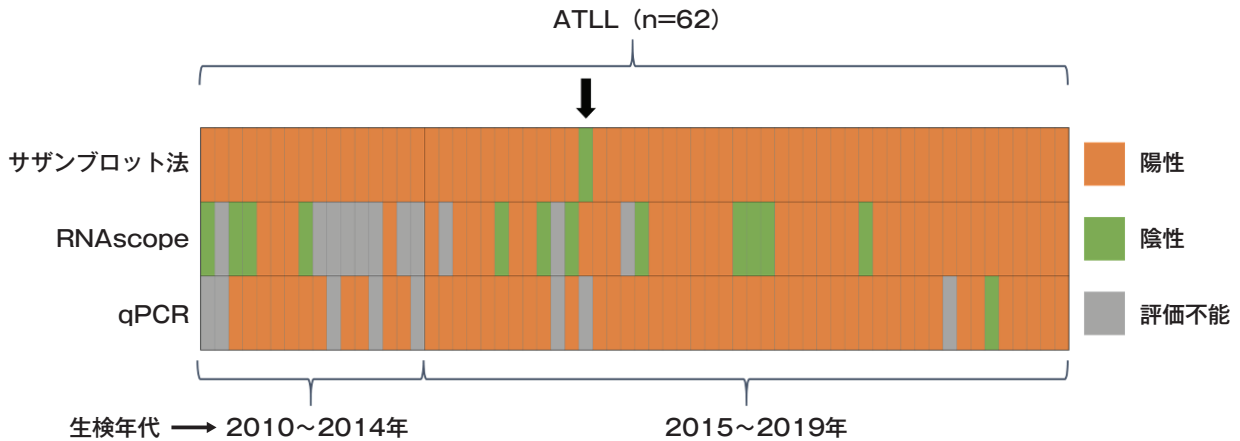


図1 ATLLの診断における、サザンプロット法、HTLV-1-RNAscope、HTLV-1-qPCRを比較したもの

縦の列は各症例を示し、年代別に左から古い順に並んでいる。HTLV-1-RNAscope法とHTLV-1-qPCR法を組み合わせることでSBH法をほぼ代替できることがわかる。古い年代の標本はRNAscope法よりもqPCR法の方が検出感度は高い。矢印の症例はSBH法で陰性と判断されたが、RNAscope法でウイルスが検出され、SBH法における偽陰性が明らかになったものである。

(文献6より引用)

咽頭がん、ヒト乳頭腫ウイルス(human papilloma virus: HPV)が関与する子宮頸がんがよく知られている。これらの病理診断においては、原因ウイルスを直接同定する方法が日常診断でも普及している。

EBVに関しては、感染細胞内にはウイルスが産生する特殊なRNA(EBV-encoded small RNA: EBER)が大量に含まれており、通常の*in situ* hybridization法で容易に検出することができる²⁾。HPVに関しては、EBERのように大量に存在するRNAはまだ確認されていないが、HPVが細胞周期に関与するRbタンパクの働きを抑えるため、代償的にがん抑制遺伝子であるp16タンパクの発現が上昇することを利用して、p16の免疫染色がHPV感染を示す指標として用いられている³⁾。

一方、HTLV-1に関しては、これまで診断に使用できる存在量の多いRNAや、ウイルス感染細胞に特異的に発現するタンパクは同定されないままであった。HTLV-1の腫瘍細胞への感染を証明するためには、サザンプロット法でウイルスDNAを同定することがgold standardであったが、複雑な手技のため通常の院内検査室で行うのは困難なことが多く、外注検査会社か大学の実験室に依頼することが必要であり、結果として検査結果の取得には1カ月近くかかっていた。

そこで我々は、2010年初頭に開発された超高感度のRNA *in situ* hybridization法(RNAscope[®])を用いて、比較的少量でもHTLV-1感染に特異的なmRNAを検出する試みを始めた⁴⁾。HTLV-1が感染細胞において発現を誘導するmRNAとして代表的なものにtaxとHTLV-1 bZIP factor(HBZ)がある。しかし、前者はATLLの腫瘍細胞において高率にDNAの欠損が認められるため、必ずしも発現していない一方、後者は腫瘍化しても100%発現が保たれるとの報告があり⁵⁾、この知見に基づいてHBZに対する検査系の確立を試みた。この検出法がうまくいかなかった場合を見込んで、HTLV-1のDNAを直接検出するPCR法(HTLV-1-qPCR法)も同時に行い、両者の結果をサザンプロット法と比較した。結果として、HBZ-RNAscope法は感度約70%であり、HTLV-1-qPCR法と組み合わせることでサザンプロット法を代替し得る検査系を確立することができた(図1)⁶⁾。HBZ-RNAscope法は感度70%であったが、これは検体の古さによることが大きく、直近2年(2018~2019年)の生検標本ではほぼ100%検出可能であった。これは、通常生検直後に行われる日常病理診断では十分使用可能な方法であると言える。

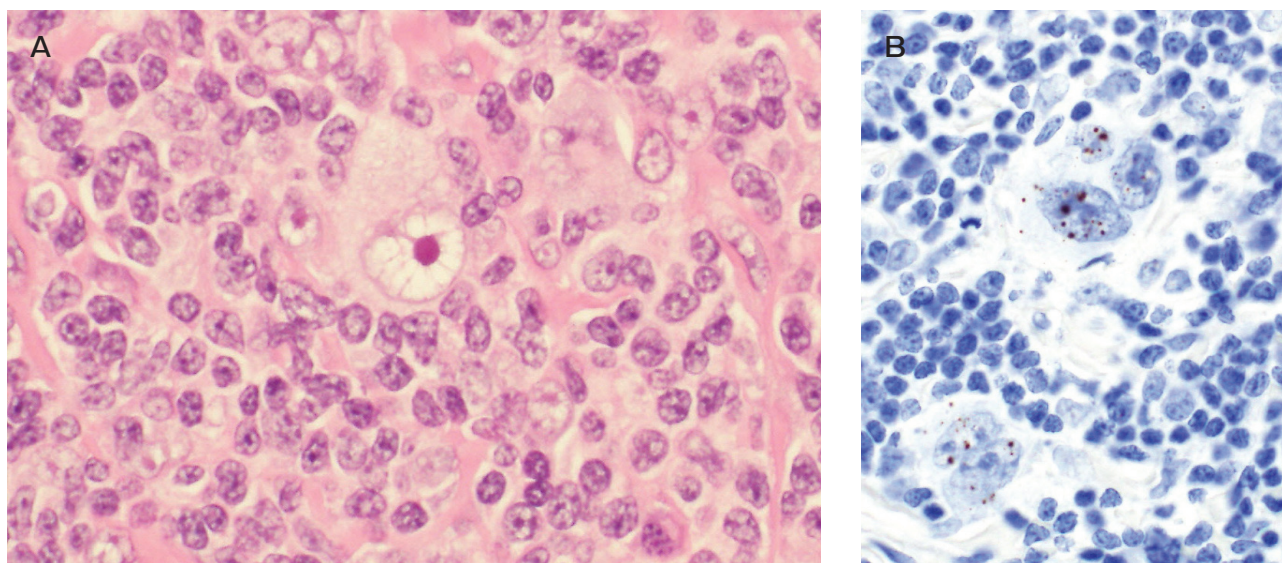


図2 ATLL-HHの組織像

A：大型で核小体明瞭な HRS 細胞が認識できる (HE 染色, $\times 400$)。B：HRS 細胞に HBZ の発現が確認できる (HBZ-RNA scope, $\times 400$)。

(筆者提供)

Ⅲ. HTLV-1 の「見える化」がもたらした新規病態の発見

上記の HBZ-RNA scope 法, HTLV-1-qPCR 法を組み合わせることで, これまでサザンブロットの結果が出るまで約 1 カ月かかっていた ATLL の診断が劇的(数日)に短縮された。さらに, 顕微鏡で直接ウイルスを「見る」ことができ, 病理診断におけるストレスも大きく軽減した。日常診断においても HTLV-1 キャリアの患者の場合は積極的に HBZ-RNA scope を行っていた。

ここでようやく新規病態の発見の話に進むが, その前にホジキンリンパ腫を紹介したい。これは約 200 年近く前に同定された, 人類で最も古くから認識された悪性リンパ腫である。組織学的な特徴として, 大型で明瞭な核小体を有する Hodgkin & Reed-Sternberg (HRS) 細胞の出現が挙げられる(図 2A)。HRS 細胞の由来は長らく正体不明であったが, 技術の進歩により B 細胞由来であることがわかり, また約 40% の症例では EBV の感染が確認される⁷⁾。日常病理診断でしばしば遭遇する疾患であり, 稀なものではない。

現在でも覚えている第 1 例は, 上述の HBZ-

RNA scope 法に関する論文発表も終え, 技師の手法も安定してきた時期に遭遇した。69 歳, 男性でリンパ節腫大を主訴に生検, 組織上は典型的なホジキンリンパ腫であった。しかし, EBER *in situ* hybridization は陰性で, B 細胞マーカーが陰性であるなど通常と異なる特徴を有していた。また, HTLV-1 キャリアであるとのことから, とりあえず HBZ-RNA scope を行った。その結果, HRS 細胞において HTLV-1 感染が世界で初めて証明された(図 2B)。この現象を初めて顕微鏡で見た時, すごく興奮したことを覚えている。

その後, HTLV-1 キャリアに発生したホジキンリンパ腫を沖縄県内の病院で集積し, 同様の病態 (adult T-cell leukemia with HTLV-1 infected HRS-like cells: ATLL-HH) を 8 例同定することができた。これらの症例における HRS 細胞は第 1 例と同様に B 細胞系マーカーが陰性で, CD4 などの T 細胞関連マーカーがしばしば陽性になること, EBV はまったく関与しないこと, 予後が通常型ホジキンリンパ腫よりも悪いことが判明した⁸⁾。

以上の所見をもって, ATLL-HH はホジキンリンパ腫に類似する新規疾患概念と考えられる。細胞の性質から, T 細胞系の HRS 細胞を伴う病態

と思われる。これは HRS 細胞が B 細胞由来であるというこれまでの概念を覆すものだが、それだけに、シングルセル解析を含めた詳細な解析が必要であるとの指摘を受けており、今後の研究課題として取り組む予定である。

おわりに

以上、HBZ-RNAscope 法の開発と日常病理診断への導入により、これまでに認識されなかった病態の発見に至った一連の研究について述べた。HBZ-RNAscope 法は新しい検査法だが、そのプローブは市販のものを用いただけで、新技術を開発したのではない。ただ、リンパ腫の診断に応用しただけである。しかし、この方法を日常病理診断に導入したことは世界的にも先駆けたものであり、それにより新規病態を同定するに至った。

筆者は、基礎研究の成果を日常診断にいかに応用するかを常に考え、「使えそう」な技術を感度、特異度を中心に多方面から確認し、病理診断検査としての質を向上させることを主な目的として研究を行ってきた。名古屋大学には世界一流の基礎研究、研究技術が集積している。これらの技術に応用し、この地で次の時代の病理診断分野を開拓していきたいと考えている。

利益相反

筆者は、中外製薬株式会社およびエーザイ株式会社より講演料を受けている。

文 献

- 1) Ye X, et al : Long-term time trends in incidence, survival and mortality of lymphomas by subtype among adults in Manitoba, Canada : a population-based study using cancer registry data. *BMJ Open* 2017 ; 7 : e015106.
- 2) Howe JG, et al : Localization of Epstein-Barr virus-encoded small RNAs by in situ hybridization. *Proc Natl Acad Sci* 1986 ; 83 : 9006-9010.
- 3) Sano T, et al : Expression status of p16 protein is associated with human papillomavirus oncogenic potential in cervical and genital lesions. *Am J Pathol* 1998 ; 153 : 1741-1748.
- 4) Wang F, et al : RNAscope: a novel in situ RNA analysis platform for formalin-fixed, paraffin-embedded tissues. *J Mol Diagn* 2012 ; 14 : 22-29.
- 5) Satou Y, et al : HTLV-I basic leucine zipper factor gene mRNA supports proliferation of adult T cell leukemia cells. *Proc Natl Acad Sci USA* 2006 ; 103 : 720-725.
- 6) Takatori M, et al : A new diagnostic algorithm using biopsy specimens in adult T-cell leukemia/lymphoma: combination of RNA *in situ* hybridization and quantitative PCR for HTLV-1. *Mod Pathol* 2021 ; 34 : 51-58.
- 7) Weniger MA, et al : Molecular biology of Hodgkin lymphoma. *Leukemia* 2021 ; 35 : 968-981.
- 8) Karube K, et al : Clinicopathological features of adult T-cell leukemia/lymphoma with HTLV-1-infected Hodgkin and Reed-Sternberg-like cells. *Blood Adv* 2021 ; 5 : 198-206.