ヒトの心臓突然死の原因となる新たな Na⁺および K⁺イオンチャネル変異の解析

西谷 友重¹,中川 修¹,William A Coetzee²

¹国立循環器病センター研究所分子生理部,²New York University, Langone Medical Center

概 要 乳幼児突然死症候群(SIDS)は、生後 1歳までに乳児が突然死亡する病気であり、世界的にも問題となってい る。その原因の1つとして心臓における様々なイオンチャネル変異が指摘されている。私達は、ニューヨーク監察医事務 所との共同研究により、心臓突然死で亡くなったヒトの心筋サンプルを用いて、不整脈関連遺伝子(Na+, K+, Ca2+チャネル およびその制御因子)について遺伝子解析を行い,未同定変異を同定した。その中で,心臓の活動電位の長さや発火頻 度に重要な役割を担う Na⁺チャネル Nav1.5 に関し未同定変異が生後5週齢で亡くなった乳児で見つかった。そこで本研 究では,これら変異に関し,チャネルの活性異常が起こるのか,その分子・細胞メカニズムは何かについて明らかにするこ とを目的とした。変異は Na⁺チャネルタンパク質をコードする遺伝子 SCN5A の C 末端で 2 箇所, 点突然変異として見出さ れた(変異 A, 変異 B)。 変異体 B はストップコドンを形成するため truncation mutant となった。 そこで, HEK293 細胞にそ れぞれの変異体 A,ダブル変異体 A+B を発現させ,解析を行った。まず変異体 A では電流密度の顕著な低下および 不活性化の遅延が認められた。しかし、活性化のキネティックスや電位依存性、また不活性からのリカバリー時間、持続電 流の大きさに関しては, 野生型(WT)と較べ, 有意な差は認められなかった。 変異体 A の電流密度減少の分子メカニズム を探るため、アビジン・ビオチンシステムを用いて HEK293 細胞の形質膜上および全細胞中の Na⁺チャネルタンパク質の 量をWTと比較した。その結果,変異体Aにおいて細胞表面上のNa⁺チャネルタンパク量が減少していることがわかった。 一方, 全細胞中の Na⁺チャネルタンパク質の量は変化無かったことから, 変異体で転写や翻訳異常, 分解促進が生じた のではなく、主に形質膜への移行が抑制された可能性が示唆された。一方、変異体Bおよび変異体A+Bでは、電流密 度がわずかに減少する以外,ほとんどのパラメータ関し WT と変わらなかった。以上の結果より,今回見つかった Na+チャ ネル変異は、電流量が減少することから突然死の原因であった可能性が高い。

1. 研究目的

乳幼児突然死(SIDS)は、生後 1 歳までに原因不明で 亡くなる突然死である。この 50 年で SIDS の割合は減少し たものの、昨日まで元気だった家族が急に亡くなるといっ た悲しい出来事であるため世界的にも大きな問題となって いる。呼吸障害が認められることが多いため、その原因と して、子どものうつぶせ寝や親の喫煙・飲酒などが考えら れている。また心機能障害も多く認められているが、心臓 の構造には異常がないことから、SIDS の原因の1つとして 心臓における様々なイオンチャネルの変異が寄与するの ではないかと近年指摘されている。

イオンチャネルは心筋において必須の膜タンパク質である。心臓の活動電位の形や細胞内 Ca²⁺の流出入に直

接寄与することから、心拍数や心収縮に大きく影響を与える。従って、イオンチャネルの変異は、わずかな機能異常であっても活動電位に異常を与え、致死的な不整脈をもたらす場合がある。例えば電位依存性 Na⁺チャネルや K⁺ チャネルの活性は、心臓の活動電位の長さや発火頻度に 影響するため、その活性異常は QT 延長症候群やブルガ ダ症候群、またカテコーラミン誘発性多形性心室頻拍 (CPVT)などを引き起こし、失神発作や突然死の原因となる^(1,2)。そこでニューヨーク監察医事務所では、8 年前より 心臓突然死で亡くなった乳幼児の心筋サンプルを用いて、 不整脈関連遺伝子(Na⁺, K⁺, Ca²⁺チャネルおよびそれら 制御因子、具体的には SCN5A, KCNQ1, KCNH2, KCNE1, KCNE2 および RYR2)について遺伝子解析を行 い,未同定の変異をいくつか見出している。申請者らは, 共同研究によりその情報を共有し,その変異がチャネル 活性にどのような影響をもたらすか調べてきた。そして,電 位依存性 Na⁺チャネル(SCN5A/Nav1.5)に関し,2箇所の 未同定変異が生後5週齢で睡眠中に亡くなった乳児で見 つかった。しかし,この変異体により形成される Na⁺チャネ ルの活性が,野生型(WT)と異なるのか,また異なる場合 その分子メカニズムは何なのか明らかでない。そこで本研 究の目的は,これら Na⁺チャネルにおいて見つかった未 同定の変異に関し,①チャネルの活性異常が起こるのか, ②その分子・細胞メカニズムは何かについて,生理学的, 分子・細胞生物学的手法を用いて明らかにすることであ る。

2. 研究方法

<u>2.1 部位特異的変異体の作製</u>

電位依存性 Na⁺チャネル変異は C 末端に 2 箇所あり, これら, それぞれの変異体(変異体 A, 変異体 B)および 両方を有する変異体(変異体 A+B)を作製した。ヒト Nav1.5 cDNA/pcDNA3.1 は University of Copenhagen の Dr. Nicole Schmitt よりいただき, 部位特異的変異体作製 キット(Quickchange II XL, Aligent Technologies, Santa Clara, CA)および下記2つのプライマーを用いて PCR 法 にて作製した。

変異体 A 作製用プライマー:

5'-GCCAAGCCCAACGAGATAAGCCTC-3'

変異体 B 作製用プライマー:

5'-AGGATGCCCCTGAGTGAGAGGGCCTC-3'

なお,変異体 B はストップコドンを形成するため,切断型 変異体となっている。

変異はシークエンスにて確認した。

2.2 細胞培養および遺伝子導入

HEK293 細胞は, 10%ウシ胎児血清(FBS)およびペニ シリン・ストレプトマイシン入りの Dulbecco's Modified Eagle Medium (DMEM)培地(Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA)にて培養した。細胞は, 35 mmの培養皿中 で 70-80% コンフルーエントになるまで培養し, Lipofectamine 2000 試薬(Life Technologies, Carlsbad, CA) を用いて2 µgの DNAを遺伝子導入した。2 µg のうち, 1.8 µg はヒト Nav1.5-pcDNA3.1 であり, 0.2 µg は GFP プラスミ ドである。後者はパッチクランプの際,どの細胞が遺伝子 導入されたか確認するため導入した。

2.3 パッチクランプ法を用いた電気生理学的解析

HEK293 細胞は遺伝子導入後,48 時間でパッチクラン プ法による電気生理学的解析に用いた。全細胞(ホール セル) 電流を 8-pole Bessel ローパスフィルターにてフィル タリングした後 (-3dB @ 1 Hz; Frequency Devices Inc.), デ ジタル化(3 kHz; DigiData 1550A, Axon Instruments) する ことにより測定した(Axopatch 200B; Axon Instruments)。 内径 1.5 mm のホウケイ酸ガラス(World Precision Instruments)で1.5-2.5 MΩの抵抗値を持つパッチ電極を 作製し,下記の組成のピペット内液を充填した。 (mmol/L): 10 KCl, 105 CsF, 10 NaCl, 10 HEPES, 10 EGTA, 10 TEA-Clを含む溶液を 2N CsOH で pH=7.2 に 合わせた。外液は(mmol/L): 137 NaCl, 5.4 KCl, 10 HEPES, 0.5 MgCl₂, 1.8 CaCl₂ を含む溶液を 2N NaOH で pH=7.4に合わせた。3.3 mVの液間電位差の補正は行っ ていない。全細胞の静電容量および直列抵抗は 80%以 上に補正を行った。電流は、細胞の大きさの指標である 電気容量で割ることにより,電流密度として補正した。

得られたデータは全て pClamp 10.5 ソフトウェアにて解 析し OriginPro 9(OriginLab, Northampton, MA)を用いて グラフ化した。電流-電圧曲線(I-V カーブ)は測定した電 圧を横軸に最大電流量を縦軸にプロットした。定常状態 における活性化および不活性化カーブは、ピーク電流を 駆動力(すなわち,測定した時の電圧-Na+の逆転電位) で割ることによりコンダクタンス(電気伝導力)を求め,これ を,最大コンダクタンスを1として標準化することによりプロ ットした。このようにして得られた活性化および不活性化カ ーブに対し、下記のボルツマン方程式によりカーブフィッ ティングを行った。y = 1/{1 + exp[(Vm - V½)/k]} + A, ここ で, y は標準化された Na⁺のコンダクタンスまたは電流, Vm は先行パルス電位, V½は活性化または不活性化の 中間値を与える電位,そして k は傾き, A はベースライン で常に0に固定してある。減少する電流は、2次指数関数 の方程式 INa = [Af * exp(tf/tf)] + [As * exp(ts/ts)] により カーブフィットを行った。不活性化からのリカバリーカーブ は, -20 mV で測定したピーク電流を, 同じく-20 mV の条 件パルスの際,得られたピーク値で割り,条件パルスから の時間に対してプロットした。標準化した電流値は2次指

数関数方程式でカーブフィッティングを行った。ここで, τ はリカバリータイムの時定数である。

<u>2.4 ビオチン化法</u>

WT および変異型 Nav1.5 チャネル遺伝子を HEK293 細胞に導入し,48 時間後に 0.5 mg/mL of EZ Link Sulfo-NHS-SS-Biotin/PBS (Pierce Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA)を添加することにより(30 min, 4℃),細胞表面タンパク質をビオチン化した。その後,100 mM glycine を添加することにより(10 min, 48°C),余剰 のビオチンを消去した。さらに、Lysis buffer を加えて細胞 を可溶化した(1 h,48°C)。遠心後(14,000 g, 30 min, 4℃),上清を NeutrAvidin beads (Pierce) で固定化した(一 晩,4℃)。ビオチン化されたタンパク質を遠心により沈殿さ せ,洗浄後,2x Laemmli sample buffer (Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA+ 5% β-Mercaptoethanol)で溶 出した(室温,1 時間)。ビオチン化されたタンパク質は Western blot により解析を行った。

2. 5 Western Blotting

同量のタンパク量を含むサンプルを sample buffer+5% β-Mercaptoethanol に溶解し, 4-15% polyacrylamide gel に アプライして電気泳動を行った。PVDF 膜に転写後, 5% milk in TBS-Tween (0.05%)で1時間ブロッキング, その後, 1次抗体(4 \mbox{C} , 一晩), 2次抗体(室温, 1時間)を加えてイ ンキュベートし, 化学発光法によりシグナルを検出した。

<u>2.6 蛍光免疫法</u>

ガラスカバースリップ上に HEK-293 細胞を培養し,48 時間後,4% paraformaldehyde で固定化した(15 min,室 温)。0.1% Triton X-100 /PBS で 10 分間,透過処理を行っ た後,5% normal goat serum でブロッキングした(室温,30 分)。その後,1次抗体でインキュベートし(4℃,一晩),蛍 光タンパク質結合型2次抗体で処理を行った(室温,1時 間,暗所)。十分洗浄後,共焦点ユニットのついた倒立型 顕微鏡(Olympus 1X81, equipped with 60×/1.42 oil immersion objective lens)を用いて細胞を観察した。イメー ジは FV10-ASW imaging software を用いて取得し, Adobe Photoshop を用いてさらなる解析を行った。

<u>2.6 抗体</u>

使用した次抗体は、マウスモノクローナル抗電位依存 性 Na⁺チャネル抗体(1:5,000; K58/35, Sigma Aldrich, St. Louis, MO),マウスモノクローナル抗 GAPDH 抗体 (1:10,000; GAPDH-71.1, Sigma),ウサギポリクローナル 抗ビオチン抗体(1:10,000; ab53494, Abcam, Cambridge, MA)である。2次抗体は、IRDye 800CW 標識ヤギ抗マウ ス抗体(1:10,000; LI-COR Biosciences, Lincoln, NE), HRP 標 識 ロバ抗ウサギ抗体(1:20,000; Jackson ImmunoResearch, West Grove, PA)ならびに Cy3-標識ヤ ギ抗マウス抗体(1:400; Jackson ImmunoResearch, West Grove, PA)である。

<u>2.6 統計解析</u>

得られた結果は mena±SEM で表した。統計学的解析 は2つのグループ間での比較は unpaired Student's t-test により, また2つより多いグループ間での比較は ANOVA を用いた。p < 0.05のものを統計学的に有意と判定した。

3. 研究結果

3.1 Nav1.5 チャネル遺伝子配列の変異

睡眠中に突然死した生後 5 か月の女の子の Nav1.5 チャネルをコードする遺伝子 SCN5A の配列をチェックしたところ, 2つの点突然変異(Fig. 1 の変異 A および変異 B) を発見した(論文投稿前なので, 変異の位置は A および



Fig. 1. 心臓突然死を起こした少女の Nav1.5, alpha-subunit に認められた変異 A および変異 B の位置

Bとした)。変異 A はシトシンがグアニンに、また変異 B は シトシンがチミンに変異していた。その結果、変異体 A は C 末端の3番目のアルファへリックスの領域でグルタミン残 基がグルタミン酸に、変異体 B はストップコドンを形成する ため以降の配列が欠失した truncation mutant になることが わかった。

<u>3.2 Nav1.5 チャネルピーク電流の大きさ</u>

これら変異が Nav1.5 チャネルの活性にどのような影響 を及ぼし、それが乳幼児突然死に関連するかどうかにつ いて、WT および変異体を HEK293 細胞に発現させてホ ールセル電流を測定した。変異体に関しては、変異体 A および変異体 B,さらに両方の変異を持つ変異体 A+B を作製して検討を行った。Na⁺チャネル電流は、-120 mV の保持電位からテストパルス電位(-80 mV から+60 mV ま で 10 mV ごとに設定)を 175 mS 間アプライすることにより 活性化した(Fig. 2 A)。そして各テスト電位におけるピーク 電流をテスト電位に対してプロットし、電流一電圧曲線を 得た(Fig. 2 B)。WT に較べ,変異体 A の Na⁺チャネル電 流は-30 mV 以上のテスト電位において著しくピーク電流 の大きさが減少していた。例えば,-20 mV でのピーク電流 の値は,WT で-705.3±78.83 pA/pF(n=17)に対し変異 体 A では-312.2±35.89 pA/pF(n=6; p<0.05)であった。 一方,変異体 B 及び変異体 A+B に関しては,わずかに 減少傾向が認められたものの(変異体 A で-549.0±81.19, pA/pF, n=14,変異体 A+B で-581.3±71.41, pA/pF(n= 8)),統計学的な有意差は無かった。

<u>3.3 Nav1.5 持続電流</u>

別の実験で,不活性化の起こらない持続電流 (sustained current,または late current)に関しても検討を 行った。持続電流は,-20 mV で活性化後 175 mS におけ る電流で,しかも Nav1.5 チャネル阻害剤であるテトロドトキ シン(TTX)感受性の電流として,WT と変異体で比較した。 Table 1 に示すように,不活性化しない持続電流は不活性 化するピーク電流の 0.9-1.7%であり,これらはWT と変異



Fig. 2. A:野生型(WT), 変異体 A, 変異体 B および変異体 A+B による Na⁺電流。B: 電流一電圧曲線。

Table 1

Nav1.5	Peak Current (pA/pF)	n	Persistent Current (% of max peak I _{Na})	n	Steady-state Inactivation V _{1/2} (mV)	Slope (mV)	n	Steady-state Activation V _{1/2} (mV)	Slope (mV)	n	Recovery Fast Time Constant (ms)	Recovery Slow Time Constant (ms)	n
WT	-705±79	17	1.4±0.7	5	-79±3.2	5.9±0.5	7	-33±1.7	-5.3±0.3	16	-5.7±0.9	34±12	6
変異体 A	-312±36	6	0.9±0.5	5	-83±1.9	5.5±0.3	6	-35±1.8	-5.8±0.6	5	-5.9±1.2	39±19	6
変異体 B	-549±82	14	1.7±0.8	5	-77±3.2	6.1±0.4	9	-33±1.6	-5.5±0.5	12	-5.2±0.7	56±28	5
変異体 A+B	-581±71	8	0.6±0.3	5	-81±2.2	5.6±0.2	7	-35±1.7	-6.1±0.3	8	-5.2±0.6	69±27	7

3.4 活性化と不活性化のキネティックス(速度論的解

<u>析)</u>

Na⁺チャネル活性化および不活性化速度をWTと変異体で比較するため,まず電流のピーク値を1として normalizeした(Fig. 3 A)。活性化に関し,ピークまでの時間を各テスト電位で調べたところ,いずれもWTと変異体で統計学的差は認められなかった(Fig. 3 B)。一方,不活性化に関しては,変異体AはWTに較べ遅延していたようなので(Fig. 3 A)2次指数関数方程式でカーブフィットを行ったところ,早いコンポーネント(構成成分)はいずれの電位でも変化は無かったが,遅いコンポーネントにおいて+20 mV で有意な遅延が認められた(Fig. 3 C)。

また定常状態の活性化における電位依存性について, 各電位におけるコンダクタンスを電位に対してプロットし, ボルツマン方程式でカーブフィットすることにより求めた。 その結果, WT では Na⁺チャネルは-60 mV 付近から活性 化されはじめ, 0 mM でピークに達し, V_{1/2}(最大電流の 50%の電流を与える電位)は-33 mV であった。どの変異 体もほとんど活性化の電位依存性は変わらなかった(Fig. 4A)。

定常状態の不活性化の電位依存性についても、「方法」 に従って解析を行った(Fig. 4 B)。WT の Na⁺チャネルは -100 mV から-30 mV で不活性化され、V_{1/2}(最大不活性 化の 50%の電流を与える電位)は-79 mV であった。変異 型 A およびダブル変異型 A+B でわずかな脱分極方向 の電位依存性のシフトが認められたが、統計学的には有 意差は無かった(Fig. 4 B および Table 1)。

不活性化からのリカバリータイムに関して通常用いる 2 パルスプロトコールで調べた結果, WT と変異体でほとん ど違いは認められなかった(Fig. 5 および Table 1)。

<u>3.5 Nav1.5 チャネルの形質膜へのトラフィキング</u>

変異体 A において, 活性化・不活性化のキネティックス がほとんど変化していないにもかかわらず, 著しい Na⁺チ ャネル電流の低下が認められたことから, 変異体 A では 形質膜におけるチャネルの数が減少している可能性が浮 上した。私達はこの可能性について検討するため, 形質 膜のビオチン化実験を行った。HEK293 細胞に WT およ び変異体 A を遺伝子導入し, 細胞表面タンパク質をビオ チン化した後, 溶解し, NeutrAvidin agarose beads にて回



Fig. 3. Na+チャネル活性化,不活性化のキネティックス

収した。全細胞溶解液およびビオチン化されたタンパク質 溶解液のNav1.5に対するイムノブロットは、それぞれトータ ルおよび形質膜におけるNav1.5チャネル量を反映してい る(Fig. 6 A)。トータル量は変わらないものの、形質膜に おけるNav1.5チャネル量はWTに較べて変異体Aで著しく 減少していた(Fig. 6 A)。一方、ハウスキーピングタンパク 質であるGAPDHの量は、全細胞溶解液ではWTと変異体 で変わらなかったため、総タンパク量はそれほど変わらな い事、またビオチン化群でGAPDHが認められなかったこ とから、ビオチン化群が細胞表面タンパク質に特異的なも





Fig. 4. A:Steady-state activation および B:Staedy-state inactivation の電位依存性

Fig. 5. Recovery from inactivation



Fig. 6. A:ビオチン化したタンパク質および総タンパク質のWestern Blotting。B:免疫蛍光法。HEK293 細胞にWTまたは変異体 A を遺伝子導入し, Nav1.5 のタンパク質の局在をみたもの。

のであることが示唆された。また、ビオチンに対するイムノ ブロットも等量のサンプルがイムノブロットに用いられたこと を示している。一方、変異体Bおよび変異体A+Bではこ のような細胞表面におけるNa⁺チャネルタンパク量の違い は認められなかった(データ示さず)。

そこで、WTおよび変異体Aについて細胞内局在を蛍 光免疫法で調べた。WTのNa⁺チャネルは、形質膜に強い シグナルが検出された。一方、変異体Aは形質膜というよ りもむしろ細胞質内にシグナルが認められた(Fig. 6 B)。 ビオチン化の実験と合わせて考えると、変異体Aは細胞表 面にあるNa⁺チャネルの数が少ないため、電流量が減少 したのではないかと考えられた。

4.考察

NY監察事務所は、生後5か月で睡眠中に突然死した 女児のNa⁺チャネルにおいて,2つの点突然変異体を見 つけた。私達は、これら変異体について解析を行った。電 位依存性Na+チャネル以外,他の不整脈に関連するどの イオンチャネルにも変異は認められなかった⁽³⁾。Na⁺チャ ネル変異はバイオインフォーマティクスの観点から,非常 に有害であると予測されていたが,実際の機能解析はさ れていなかった。私達は、Nav1.5変異チャネルのゲイティ ングについて解析を行った。変異体Aでは、不活性化の 遅い方の時定数が顕著に増加していたが,その他のパラ メータ, すなわち不活性化からのリカバリー時間, 定常状 態における活性化・不活性化の電位依存性,また持続電 流に関し、WTとほとんど差は認められなかった。また、他 の変異体(BおよびA+B)は、どのパラメータもWTとほと んど差は認められなかった。以上の結果より、これらのC末 端変異はNa⁺チャネルの開閉にはあまり強い影響を与え ないのではないかと推測される。

生物学的に最も興味深いのは,変異Aによる著しい電 流密度の減少(44%)である。ビオチン化実験の結果から, この点突然変異が形質膜のチャネル数の減少によるもの であることが示された。Nav1.5チャネルの総タンパク量は WTと変異体とで変わらなかったことから,転写や翻訳の 変化,あるいはタンパク質の分解ではないことが示された。 すなわち,形質膜へのトラフィキング(移行)が阻害された ことが示唆される。免疫蛍光法の結果から、変異体Aのチ ャネルタンパク質が形質膜から減少したことのみならず, 細胞質内に大きな集積が認められた。これは、ミスフォー ルドしたタンパク質によく認められる現象である⁽⁴⁾。変異体 Aはブルガダ症候群でも認められた変異であり、今回認め られた突然死も、それが原因である可能性がある。変異体 Aがなぜ、トラフィキング異状を起こしているかは不明であ る。しかし、A領域を含むNa⁺チャネルのC末端領域 (1773-2016残基)は、様々な制御因子と結合することが知 られている。例えば、FHF(fibroblast growth factor homologous factor)やカルモジュリンなどが結合することが 報告されている^(5, 6)。このうち、FHFは実際、Nav1.5チャネ ルの機能とトラフィキングを制御すること、またFHFのノック ダウンにより、Na⁺チャネルの形質膜発現が抑制されること によりNa⁺電流が減少することが報告されている⁽⁷⁾。

Nav1.5チャネルはPDZドメインを介してシントロフィンや チロシン脱リン酸化酵素であるPTPH1やSAP97などと結合 し、Na⁺チャネルの生物学的特性を決定していることが知 られている⁽⁸⁾。従って、今回、変異体Bがこういったタンパ ク質と結合しないにもかかわらず、WTとそれほど電流密 度も変わらず、キネティックスも変わらなかったのは驚きで ある。先行研究では、Nav1.5のC末端がチャネルの活性 化、不活性化の電位依存性、また持続電流に大きな役割 を担っていることが報告されている。しかし、これらの研究 ではC末端の大部分が欠損している。一方、Cormierらの 報告では、L1921がストップコドンになると、変異体Bと同 様、電流密度の減少以外、キネティックスに変化は無かっ たことから欠損領域の大きさに依存している可能性があ る。

C末端にストップコドンをもたらす変異Bにより,わずか に電流密度が減少した(WTの~73%)。興味深いのは, 変異体A+Bが変異体Aのみで認められた顕著な電流密 度の減少を示さない事である。このことは、C末端が無いこ とがNa⁺チャネルのトラフィッキング欠陥を補填することを 意味する。このような例は他にも報告されている。例えば、 よくある遺伝子多形であるH558RやQ1077欠損は、SIDS やLQT3症候群,拡張型心筋症、またブルガダ症候群に おけるNav1.5チャネル活性をやわらげる働きが有ることが 報告されている^(9,10)。

NY監察事務所から得られる情報だけでは、この2つの 変異が同じ染色体上に有るのか、異なる染色体上に有る のか明らかでない。いずれにしても、変異体Aも変異体B も電流密度が低下しており、また、変異体A+Bも低下している。これらが突然死を起こした患者に悪影響を及ぼさないはずはない。

他の研究同様, 私達の実験系も異種発現系であり, 実際の心筋細胞とは異なる。心臓に発現している他の制御 因子や結合タンパク質が, さらに変異体の性質を変える 可能性がある。本研究で見いだされた Na⁺チャネルの変 異は, 心臓突然死の原因の1つであると示唆されるが, そ のメカニズム解明には更なる研究が必要である。

5. 文 献

- Kass, R. S. The channelopathies: novel insights into molecular and genetic mechanisms of human disease. *J Clin Invest* **115**, 1986-1989, doi:10.1172/JCI26011 (2005).
- 2 Brugada, J., Brugada, R. & Brugada, P. Channelopathies: a new category of diseases causing sudden death. *Herz* **32**, 185-191, doi:10.1007/s 00059-007-2976-1 (2007).
- 3 Wang, D. *et al.* Cardiac channelopathy testing in 274 ethnically diverse sudden unexplained deaths. *Forensic Sci Int* 237, 90-99, doi:10.1016/j.forsciint.2014.01.014 (2014).
- 4 Markossian, K. A. & Kurganov, B. I. Protein folding, misfolding, and aggregation. Formation of inclusion bodies and aggresomes. *Biochemistry (Mosc)* 69, 971-984 (2004).

- 5 Abriel, H. Cardiac sodium channel Na(v)1.5 and interacting proteins: Physiology and pathophysiology. J Mol Cell Cardiol 48, 2-11, doi:10.1016/j.yjmcc. 2009.08.025 (2010).
- 6 Abriel, H. & Kass, R. S. Regulation of the voltage-gated cardiac sodium channel Nav1.5 by interacting proteins. *Trends Cardiovasc Med* 15, 35-40, doi:10.1016/j.tcm.2005.01.001 (2005).
- 7 Wang, C. *et al.* Fibroblast growth factor homologous factor 13 regulates Na+ channels and conduction velocity in murine hearts. *Circ Res* **109**, 775-782, doi:10.1161/CIRCRESAHA.111.247957 (2011).
- 8 Petitprez, S. *et al.* SAP97 and dystrophin macromolecular complexes determine two pools of cardiac sodium channels Nav1.5 in cardiomyocytes. *Circ Res* 108, 294-304, doi:10.1161/CIRCRESAHA. 110.228312 (2011).
- 9 Ye, Y. W. *et al.* Fibroblast growth factor receptor 4 regulates proliferation and antiapoptosis during gastric cancer progression. *Cancer* **117**, 5304-5313, doi:10.1002/cncr.26207 (2011).
- 10 Cheng, J. *et al.* SCN5A rare variants in familial dilated cardiomyopathy decrease peak sodium current depending on the common polymorphism H558R and common splice variant Q1077del. *Clin Transl Sci* 3, 287-294, doi:10.1111/j.1752-8062.2010.00249.x(2010).

No. 1547

Novel Na⁺ and K⁺ Channel Mutations Responsible for Human Cardiac Sudden Death

Tomoe Nishitani¹, Shigeo Wakabayashi¹, William A. Coetzee²

¹Department of Molecular Physiology, National Cardiovascular Center Research Institute ²New York University, Langone Medical Center, Departments of Pediatrics

Summary

Sudden infant death syndrome (SIDS), defined as the death of an individual before his or her first birthday, is a major concern in the world. In Japan, the infant mortality rate is 1 death per 6000-7000 live birth. One of the mechanisms underlying SIDS is various mutations in ion channels, because ion channels determine action potential shape, intracellular Ca²⁺ influx/efflux and contractility, thus mutation of ion channels is often responsible for cardiac arrhythmia. By collaboration with the New York City Office of the Chief Medical Examiner, we discovered genetic variation in the SCN5A gene, coding for the Nav1.5 Na⁺ channel, to be associated with a case of SIDS of a five month-old girl who died suddenly in her sleep. Two point mutations occurred at the C terminus of SCN5A gene (mutation A and mutation B). Mutation B results in introduction of a premature stop codon and truncation of the C-terminus. We examined the effects of these mutations when expressed in HEK293 cells, individually or combined, on Nav1.5 channel function and trafficking. The mutation A drastically reduced the Na^+ channel current density (~ 44% of wild type) and slowed the Na^+ current inactivation rate. On the other hand, the mutation B and double mutation had negligible effects. None of the mutations affected the voltage dependence of steady-state activation and inactivation or influenced the late Na⁺ current or the recovery from inactivation. Our data with biochemical and immunofluorescent approaches demonstrated that the mutation A decrease the amount of Na⁺ channel protein at the plasma membrane without changing them in whole cells. These results suggest that mutation A caused trafficking defects rather than transcription or translation defects, or enhancement of degradation. Taken together, these data demonstrate that mutation A was sufficient to produce a severely dysfunctional Nav1.5 channel, which likely is a major contributing factor to the sudden death of this SIDS victim.