多成分脂質膜におけるマイクロドメインの成長過程

お茶の水女子大学 理学部

今井正幸・増井友美・柳澤実穂

概要

不飽和リン脂質と飽和リン脂質およびコレステロールの3成分からなるモデル生体膜におけ るドメイン構造形成を散乱実験および蛍光顕微鏡観察により検討した。ドメイン形成は数 nm スケールでの核形成過程に始まり、ドメインの衝突・合体により成長していくが、ドメインサ イズがある値にまで成長すると、膜の弾性的性質と強く結合し発芽(budding)と呼ばれるドメイ ンの変形挙動が観察される。この他にもモデル脂質膜でのドメイン清澄には多くの特徴的な振 る舞いが観察されるが、その多くは未解決問題として残っている。

1. はじめに

生命活動を担う基本構成単位である細胞は、その周囲を生体膜によって囲まれ外界と隔てら れている。しかし、この細胞膜は完全に細胞内と外界を遮蔽しているわけではなく、代謝を行 うに必要な物質や情報を内と外との間にやり取りする為に様々な機能性物質(蛋白質や糖鎖な ど)を溶かし込んだ複合膜として存在する。実際の生体膜(赤血球膜)の構成成分の組成を表 1に示す[1]。大きく分けると細胞膜は蛋白質と脂質からなっており、脂質はリン脂質とコレス テロールに分けられる。このリン脂質はグリセロール-3-リン酸を骨格として、1,2 の位置の水 酸基に長鎖脂肪酸がエステル結合したグリセロリン脂質が主成分であり、この他にアミノアル コールを基本骨格としたスフィンゴミエリンの仲間が存在する。このリン脂質の化学構造を見 てみると、その疎水性を担う炭素鎖には不飽和 2 重結合を持たない飽和リン脂質と不飽和 2 重 結合をもつ不飽和リン脂質の2つのタイプが存在する事がわかる。そして、この飽和リン脂質 はコレステロールを取り込んだ形で不飽和リン脂質と細胞膜内で相分離し、ラフト構造と呼ば れる数 nm スケールのドメイン構造を形成することが知られている。この飽和リン脂質ドメイ ンと不飽和脂質ドメインでは、その化学構造に起因して膜厚が異なるため、各々のドメインに 可溶化される蛋白質に選択性が現れ、この選択性が細胞膜の機能発現に重要な役割を果たして

タン	パク質	49.2%		
脂	質	43.6%		
(リン脂質	32.5%	₍ ホスファチジルコリン(PC)	34.7%
			ホスファチジルエタノールアミン(PE)	28.0
			スフィンゴミエリン(Sph)	20.1
Í			ホスファチジルセリン(PS)	14.3
			^し ホスファチジン酸(PA)	2.2
「コレステロール 11.1%				
炭水化物 7.2%				
糖タンパク質として 6.7%				
	糖脂質として	0.5	%	

表1. 赤血球膜の構成成分(重量パーセント)



図1. 飽和リン脂質/不飽和リン脂質/コレステロールを複合膜の巨大リポソームの温度-コレステロール濃度相図を 何種類かの飽和リン脂質の種類に対してプロットしたもの[6]。



図 2. 1:1 に混合した di(18:1)PC/di(16:0)PC のリン脂質膜に加えるコレステロールの分量を変化させた時に観察され たリポソーム膜上のマイクロドメインの様子(6)。

いると考えられている[2,3,4]。

このような背景から、最近、不飽和リン脂質と飽和リン脂質およびコレステロールの3元系 からなるモデル生体膜を用いてドメイン構造形成を調べる研究が盛んになってきている[5,6,7]。 S. Keller のグループのホスファチジルコリン(PC)系のリン脂質を用いたその相挙動に関する実 験[6]では、飽和リン脂質(例えば di(16:0)PC (DPPC))と不飽和リン脂質 (di(18:1)PC (DOPC)) およびコレステロールを様々な割合で混合したリン脂質複合膜の巨大リポソーム (GV: 直径数 +µm)を作成し、蛍光色素で染色した後、リポソーム表面のドメイン構造を蛍光顕微鏡を用い て観察している。図 1 にはこの3成分系の温度-コレステロール濃度相図を飽和リン脂質の種類 を変えて示している。いずれの系においても高温側では均一一相状態であるが、低温側では固 /液ないしは液/液の2 相分離状態である事を示している。1:1 に混合した di(18:1)PC/di(16:0)PC のリン脂質膜に加えるコレステロールの分量を変化させた時に観察され た液/液2 相共存状態におけるリポソーム膜上のマイクロドメインの様子を図2 に示す。用い た蛍光色素はコレステロールが多い領域(コレステロールは飽和リン脂質のドメインに局在化 する)からは排除される性質を有しているので、暗い領域がコレステロールが多い領域であり、 明るい領域がコレステロールが少ない不飽和リン脂質領域であり、脂質膜上で相分離によりド メイン形成を見事に捉える事に成功している。本報告では、モデル生体膜(3 成分脂質膜)に おけるこのマイクロドメインの成長過程について述べる。

2. マイクロドメイン形成の初期過程

生体膜においては、ラフト構造はナノメータースケールで存在すると考えられており、飽和 リン脂質、不飽和リン脂質、コレステロールを混合したモデル生体膜で観察されるマイクロメ ータースケールでのドメインが本当にナノメータースケールで安定に存在し得るのかを知る事 は、ラフト構造とマイクロドメイン構造との関係を知る上で非常に重要である。この目的のた め、我々は 10nm サイズの均一ベシクルを作成し、この極小ベシクル上でのドメイン形成を中 性子小角散乱法により追跡した。まず始めに、極小ベシクルのサイズと多分散性を調べるため、 軽水素化脂質で作成した極小ベシクルの重水溶液の中性子小角散乱を測定した(図3)。

ベシクルは球殻構造を有しており、内水相の半径を R_i 、ベシクルの外殻半径 R_o (2 分子膜の 厚みを δ とすると $R_o = R_i + \delta$)と表すと、系からの散乱強度I(q)は

$$I(q) = \rho_v \int_0^\infty f(r) P(q, r) dr S(q)$$
(1)

で表される。ここでρ,はコロイド粒子の数密度、f(r)は球状コロイド粒子の多分散性を表す式で、 ここでは Schultz 分布を仮定した次式を用いた。

$$f(r) = \frac{(z+1)^{z+1}}{R_0 \Gamma(z+1)} \left(\frac{r}{R_0}\right)^z \exp(-(z+1)r/R_0)$$
(2)

ここで R_0 は $R_0 = (R_c + a)/2$ で表されるコロイド半径、 $\Gamma(x)$ はガンマ関数である。z は次式で表される多分散性を表すパラメーターである。

 $z+1 = 1/p^2 = \langle r \rangle^2 / (\langle r^2 \rangle - \langle r \rangle^2)$ (3)

また、P(q,r)は半径 rのベシクルの形状因子であり、水相、脂質 2 分子膜相の散乱長密度をそれ $ぞn b_{w}$, b_wとすると形状因子は次のように書ける。



図3 極小ベシクルの重水溶液の中性子小角散乱曲線



図4 コントラストマッチさせた試料からの中性子 小角散乱曲線

$$P(q) = \{(b_w - b_l) \frac{4\pi R_i^3}{3} f(qR_i) + (b_l - b_w) \frac{4\pi R_o^3}{3} f(qR_o)]\}^2$$
(4)
$$f(x) = \frac{3(\sin x - x \cos x)}{x^3}$$
(5)

これらの式を用いて実験から得られた散乱曲線を fitting すると、ベシクルの外殻半径 R_o =10nm、 2分子膜の膜厚 δ =3.7nm、p=0.15 の値が得られ、ほぼ均一な極小ベシクルが形成している事が 分かった。

この様な極小ベシクルにおけるドメイン形成を観察するには、一般に用いられている蛍光顕 微鏡法ではサイズが小さすぎ不可能である。そこで、我々は重水素化ラベルした脂質分子を用 いるコントラスト変化中性子小角散乱法を用いて、nm スケールでのマイクロドメイン形成を 調べた。ここでは、極小ベシクルを重水素化した DPPC(DPPC-d62)と軽水素化 DOPC とコレス テロールを用いて作成し、その脂質膜の平均の散乱長密度と一致する様に軽水と重水を混合し た水を用いて散乱実験を行った。実験はまず、充分高温(60℃)で脂質膜を均一一相状態にし た上で温度を下げて、相分離温度(図1参照)の直上(30℃)で散乱曲線を測定した。次に。 温度を相分離温度以下に下げて、相分離に伴う構造形成を散乱法により追跡した。図4には30℃ で測定した均一一相状態の脂質膜ベシクルからの散乱曲線と相分離温度以下の 24℃ にて測定 したドメイン形成後の散乱曲線を時間発展の形で示している。30℃ では膜からの散乱長密度と 溶媒からの散乱長密度が一致しているので、膜からの散乱は観察されない。一方 24℃ におい ては、q=0.02Å⁻¹(q は散乱ベクトルの絶対値)付近にピークを持つ散乱曲線が観察され、その プロファイルは時間に依存せずほぼ一定であった。この事は、形成したドメインが平衡状態に あることを意味している。平衡状態については、ドメインが budding により分裂してより小さ なベシクルとして水中に浮かんでいる場合と、budding せずに膜内で完全に2つの領域に分離 してしまっている場合の2つの場合が考えられる。図4の 24℃ の散乱曲線のピーク位置は図 3の球状ベシクルからの散乱曲線に観察される 0.04Å⁻¹ 付近のピーク位置よりも低角側であり、 またその関数型もベシクルから予想される関数型とは異なることから、ドメインは budding せ ずに膜内で完全に2つの領域に分離した状態であると考えた。そこで、図5に示すような散乱 長密度分布を考え、その形状因子は次の様に計算する事ができる。



図5 極小ベシクルでのマイクロドメイン構造とそれを表す座標系。

$$P(q) = \Phi(q)^{2}$$

$$\Phi(q,R) = \int_{R-\delta}^{R} \int_{0}^{2\pi} \int_{0}^{\pi} \rho(\theta) e^{iqr\cos\theta} r^{2}\sin\theta \, dr d\theta d\phi$$

$$= 2\pi \int_{R-\delta}^{R} \{\int_{0}^{\theta} \rho_{1} e^{iqr\cos\theta} r^{2}\sin\theta \, d\theta + \int_{\theta_{c}}^{\pi} \rho_{2} e^{iqr\cos\theta} r^{2}\sin\theta \, d\theta\} dr$$

$$(7)$$

この形状因子を用いて 24℃ での散乱曲線を fit した結果を図4中に実線で示しており、この形 状因子は得られた散乱曲線を凡そ再現している事がわかる。この fitting から得られたベシクル の外殻の半径は 10 nm、ドメインの面積分率を規定する開き角は 65°となり、この状況を模式図 で表すと図6の様になり、nm スケールで安定にマイクロドメインが形成することがわかった。

また、図7には、このコントラストマッチさせた極小ベシクルからの散乱曲線の温度依存性 を示している。相分離温度から温度が離れるに従って、散乱強度が増大するものの、その関数 型はほぼ同じであり、またそのピーク位置も温度によって殆ど変化しないことがわかる。この ことは、温度によって、ドメインの形状やサイズが殆ど変化しない事を意味している。一方、 散乱強度の増大は、ドメインの形状やサイズが殆ど変化しない事から散乱コントラストの変化 にその原因があると考えられる。すなわち、相分離温度に近い所の温度では、形成した重水素 化飽和リン脂質ドメインと軽水素化不飽和リン脂質マトリックスの間の散乱長密度差が小さく なっていると考えられる。これはドメイン内およびマトリックス内の組成が温度によって変化 している事を意味し、相分離温度に近い温度領域では、ドメインの内部にはまだ多くの軽水素 化不飽和リン脂質が残っているが、相分離温度から離れるに従って、ドメイン内での軽水素化 不飽和リン脂質が減少して行く事を表している。

また、この散乱データからマイクロドメインの核形成過程について考えてみる。2 次元膜上 での相分離に対する安定核サイズ *R**は、ドメイン形成による単位面積あたりの安定化エネルギ ーをδμで表すと、



図6 散乱曲線の解析から得られた 極小ベシクルのドメイン構造モデル



図7 コントラストマッチさせた試料からの中性子 小角散乱曲線の温度依存性

$$2\pi R^* \sigma - \pi t R^{*2} \rho \delta \mu = 0$$
 (8)
により表される。ここで、 ρ は密度である。今、 $\delta \mu$ が次のような温度依存性を持つとする

$$\delta\mu = \frac{\delta h(T_c - T_x)}{T_{c}} \tag{9}$$

ここで、*bh* は相分離に対する潜熱であり、*T*。は相分離温度、*Tx* は実験温度である。この式を(8) 式に代入すると、*R**の温度依存性として次の式が得られる。

$$R^* = \frac{2\sigma}{\rho \delta h (T_c - T_x)} \tag{10}$$

すなわち、安定核サイズは相分離温度に近づく程大きくなる事が分かる。もし、極小ベシクル 上に出来るドメイン・サイズがこの安定核サイズよりも小さくなると、安定なマイクロドメイン は形成されず、ドメインからの散乱は消失するはずであり、この温度では散乱コントラストも ゼロになる点として現れる。この事から、散乱強度の温度依存性をプロットして強度がゼロに なる温度、約 28℃ がこの温度に対応し、ここが安定核サイズが大凡 10nm 程度であると考える ことができる。

3. マイクロドメイン形成の中・後期過程

核形成により生まれたマイクロドメインはその後、衝突・合体を繰り返しながら成長する。 不飽和リン脂質飽和 リン脂質、コレステロールの 3 成分モデル脂質膜(巨大ベシクル:GV)に おいて蛍光顕微鏡観察された成長過程を図 8 に示す。ここで、図中に示した時間スケールは参 考の為に示したものであり、実際のドメイン成長のタイムスケールは観察しているベシクルの 個体差によって大きく変わる事に注意されたい。μm スケールから観察され始めたドメインは 時間とともに成長を続け、図2、8に示すようなドメインの粗大化過程を示すが、後期過程に





図8 巨大ベシクルで観察されるマイクロドメインの成長過程

入ると、膜上におけるドメイン成長過程に特徴的な budding (発芽) 現象と呼ばれる、膜の弾 性的性質と強く結合したドメインの変形現象が観察される。図 8 に示している様に相分離によ りマイクロドメインが形成すると、各ドメインは衝突・融合を繰り返しながら成長するが、ド メインがある程度の大きさにまで成長すると、突然膜の外側に飛び出す様に変形を始め、膜の 外側に瘤状のベシクル (この状態を incomplete budding と呼ぶ)を形成し、最終的にこのベ シクルは親ベシクルから離脱して、一つの小さな球状ベシクル (この状態を complete budding と呼ぶ)として浮遊する様になる。

この budding 現象は、理論的には形成されたドメイン状膜のもつ曲げ弾性率とドメイン境界 における線張力を考える事により理解できる。この変形したドメイン膜を記述する構造パラメ ーターを図 9 のようにとる。*C*=1/*R*を膜ドメインの曲率、*C*₀を膜の自発曲率、κを曲げ弾性率 とおくと、平面膜からお椀状に変形した膜の弾性エネルギーは

$$F_{bend} = A \frac{1}{2} \kappa (2C - 2C_0)^2 = 2\pi \kappa (LC - LC_0)^2$$
(11)

となる。一方線張力からの寄与は、円状境界線の長さを $2\pi N$ で表すと $N = L\sqrt{1-(LC/2)^2}$ の関係から、線張力を σ として

$$F_{edge} = 2\pi N\sigma = 2\pi\sigma L\sqrt{1 - (LC/2)^2}$$
(12)

により与えられる。今、特徴的な陥入長 $\xi = \kappa / \sigma$ を導入すると、 $\overline{F} = (F_{bend} + F_{edge})/2\pi\kappa$ で表される無次元化されたドメインの全エネルギーは

$$\overline{F} = (LC - LC_{0})^{2} + (L/\xi)\sqrt{1 - (LC/2)^{2}}$$
(13)

により表される。図 10 には例えば対称性 2 分子膜のような C_0 が 0 の場合に対する換算自由エ ネルギー \overline{F} を換算曲率 *LC* の関数として示している。 *LC* = ±2 というのは完全に芽(bud)が球に まで成長したことに対応する事に注意すると、*L/E*が小さい時 \overline{F} は *LC*=0 で最小値をもち、平





図9 Buddingを記述するモデル

図10 自発曲率が0の場合の換算自由エネルギー曲線 をドメインサイズの関数としてプロット。

面状のマイクロドメインが安定であることを示しているが、 L/ξ の値が大きくなると、次第に平面膜は準安定になり、代わって $LC = \pm 2$ の分裂した球状ドメインが安定状態となり、 $L/\xi=8$ では、平面膜は不安定化して自発的に球状ドメインが形成される(+,-の符号は budding の方向が内側か外側かを表している)。 (13)式より形成した膜ドメインが完全に球形 bud を形成する為の臨界ドメインサイズ L^* は

 $L^* \approx 4\xi$

(14)

で与えられる。通常リン脂質膜のκは 10⁻¹⁹J 程度、σは 10⁻¹²N 程度なので *L**は 0.4μm となる。 しかし、実験では図 8 にもみられるように、数μm の大きさを持つマイクロドメインが普通に 観察されており、このモデルとの定量的な不一致がある事が分かる。このドメイン成長中・後 期過程における成長ダイナミクスの研究はまだ始まったばかりであり、今後の研究の進展が望 まれる領域である。

参考文献

[1] 大西俊一 生体膜の動的構造 東京大学出版会 (1993).

[2] D. Brown, and J.K. Rose, Cell, 68, 533 (1992).

[3] M. Sargiacomo, M. Sudol, Z. Tang, and M.P. Lisnti, J. Cell Biol. 122, 789 (1993).

[4] B. Alberts, A. Johnson, J. Lewis, M. Raff, K. Roberts, P. Water, Molecular Biology of the Cell 4th edition, Grland Science, New York, 2002.

[5] K. Simons, and E. Ikonen, Nature(London) **387**, 369 (1997).

[6] S.L. Veatch, and A.L. Keller, Phys. Rev. Lett. 89, 268101 (2002).

[7] T. Baumgart, S. T. Hess, and W. W. Webb, Nature 425, 821 (2003).

[8] R. Lipowsky, J. Phys. II France 2, 1825 (1992).