細胞膜形態形成に関わるタンパク質と細胞骨格制御の研究

末次 志郎

生命の最小単位は細胞であり、細胞は水溶液の中に存在する.脂質二重膜によって細胞の内外 が区別され、その内側で代謝活動を行うことによって細胞が成立する.したがって、脂質二重 膜は生命の定義に関わる構造体である.生命を構成するほかの有機物(糖,タンパク質,核酸) は、重合して高分子となることができる.対照的に、脂質二重膜を構成する脂質は低分子とし て存在する.脂質二重膜を構成する両親媒性の脂質は、水中で疎水性相互作用により膜を形成 する.したがって、両親媒性の脂質分子は相互に連結せず、定まった形態をとることはできな い.しかしながら、細胞の形態は生物種あるいは細胞種によりさまざまである.また、細胞の 中にはさまざまな膜構造が存在する.細胞の持つこれらの膜構造の形成は、主にタンパク質と 脂質二重膜の相互作用によって行われると考えられる.細胞の形態は、大まかに細胞骨格に よって制御され、マイクロメートル未満のサブミクロンスケールでは、脂質膜に直接相互作用 するタンパク質によってなされると考えられる.本稿では、サブミクロンスケールでの BAR ドメインによる脂質膜の形態制御機構と、連動するアクチン細胞骨格制御機構について述べ る.

1. はじめに

細胞は、数十から数百マイクロメートルの大きさで、分 化や環境に応じて変化に富んだ形態をとる、細胞の形態 は、細胞表面の多様な数十から数百ナノメートルのナノス ケール構造、すなわち、陥入構造(クラスリン被覆小孔、 カベオラなど)と突起構造(葉状仮足:ラメリポディア、 糸状仮足:フィロポディアなど)の集合により構成されて いる.これらのナノスケール構造は非常に動的で、ホルモ ンや成長因子などの外部刺激に応答して、数秒から数分で 形成、消失する.その形成と消失はアクチンフィラメント の形成と消失(アクチン重合と脱重合)に依存しているこ とが知られていた.これらの細胞の形態を形成する脂質二 重膜は、両親媒性の脂質により構成されている(図1).

奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科(〒630-0192 奈良県生駒市高山町 8916-5)

Shaping the membrane at submicron scale by BAR proteins and the actin cytoskeleton

Shiro Suetsugu (Graduate School of Biological Sciences, Nara Institute of Science and Technology, 8916-5, Takayama, Ikoma, Nara 630-0192, Japan) 本 然前は 2012 年 麻疾時間また。

本総説は2013年度奨励賞を受賞した.

2. 脂質膜

脂質(lipid)は糖質、タンパク質と並んで生体を構成す る主要な物質群である.脂質は通常、分子中に長鎖脂肪酸 または類似の炭化水素鎖を持つ物質をさす.大きく分類す ると脂肪酸、トリアシルグリセロール、グリセロリン脂質 (リン脂質)、スフィンゴ脂質、コレステロールの5種類が ある.

細胞膜など生体膜を構成する脂質は、リン脂質、スフィ ンゴ脂質、コレステロールである.これらの生体膜を構成 する脂質は疎水性の炭素鎖と、親水性の「頭」を持つ両親 媒性の構造をとる.このため、水溶液中で親水性の部分を 外に向け、炭素鎖を内側にした二重膜である脂質二重膜を 作る.疎水性の部分はほとんどの極性分子(親水性分子な ど)を透過させないため、細胞内外を分ける有効な障壁と なる^{1.2}.

リン脂質には、ホスファチジン酸、ホスファチジルセリ ン、ホスファチジルコリン、ホスファチジルエタノールア ミン、ホスファチジルイノシトール (PI) がある².ホス ファチジルセリンの親水性部分は負に帯電し、生体膜を特 徴づける.リン脂質の中でも特にホスファチジルイノシ トールはそのイノシトール環が PI キナーゼによってリン 酸化修飾を受け、シグナル伝達分子として働く.代表的な 例には、次のようなものがあげられる.リン酸化されたホ



図1 脂質二重膜からなるリポソームと細胞の模式図 脂質膜は厚さおよそ5nmの不定形な袋である.細胞の大きさは、数十µmに達する.細胞 は、サブミクロンスケール(マイクロメートルより小さい)のさまざまな膜構造を含む.

スファチジルイノシトールのうち、ホスファチジルイノシ トール 4,5-二リン酸 $[PI(4,5)P_2]$ はホスホリパーゼ C に よってジアシルグリセロールとイノシトール 1,4,5-三 リン酸 (IP_3) に分解され、それぞれがシグナル伝達物質 として働く³³.ホスファチジルイノシトール 3,4,5-三リン酸 [PI(3)P] やホスファチジルイノシトール 3,4,5-三リン酸 $[PI(3,4,5)P_3]$ は PI3 キナーゼによって産生され、さまざ まなタンパク質の活性を調節する⁴⁾.この機構は、後に述べ る細胞骨格の調節などのシグナル伝達にも関わっている.

スフィンゴ脂質には、スフィンゴリン脂質、セレブロシ ド、ガングリオシドの3種類があり、セレブロシドとガン グリオシドは糖鎖を含む.動物細胞では糖脂質は細胞膜二 重膜の外側に存在し、糖鎖を外側に向けている.糖脂質が 外側にだけ存在するのは糖鎖の付加がゴルジ体の内腔で起 きるためである.ゴルジ体内腔は細胞の外側に相当する⁵⁾.

生体膜はリン脂質を主成分とした脂質二重層でできてい るが、この二重層には相転移温度と呼ばれる閾値があり、 この温度以下ではゲル状態となり流動性は失われる. 生体 膜が生理機能を果たせるのは相転移温度以上の温度であ る. この相転移は、脂質膜の形態変化や脂質膜小胞の形成 に重要であるとの報告がある^{6.7)}. 相転移温度はリン脂質の 脂肪酸炭化水素鎖が短く、不飽和度が高いほど低くなる. また、二重層中にコレステロールが共存すると相転移温度 は消失し、高温での流動性は低下するものの、低温での流 動性を増加させ、常に流動性のある膜の状態を保つ⁸⁾.

生体膜はゾル状の流動性を持った脂質二重層を基本構造 とし、そこに膜タンパク質がモザイク状に結合あるいは貫 通した構造を持つと考えられている.この構造モデルを流 動モザイクモデルと呼ぶ⁹⁾. 膜タンパク質は疎水性のαへ リックスを持ち、この部分が脂質二重層内部の炭化水素鎖 と疎水的相互作用をしている. 膜タンパク質の多くは生体 膜中を自由に移動でき、また、あるものは膜の脂質や別の タンパク質と共有結合で固定されている. このように脂質二重膜を構成する脂質は相互に連結して おらず、常にランダムに運動している.つまり、脂質二重 膜は二次元液体と考えることができる.脂質により構成さ れる膜は、それ自体では特定の形をとることができない. したがって、細胞膜だけでは基本的に球状の形態をとる. 細胞膜は別の構成物(アクチン細胞骨格や、さまざまな膜 結合タンパク質)によって支えられることでさまざまな細 胞特有の形態を作っている^{10~12}.

真核生物では、細胞膜が細胞の最外層にくる場合は、細 胞膜は、細胞膜の内側に存在する細胞骨格によって主に支 えられていると考えられている. 膜タンパク質のあるもの は、細胞膜の内側に形成されている細胞骨格と相互作用し 自由拡散が制限されることが知られている¹³⁾. たとえば、 赤血球では膜内側の編み目構造を作っているスペクトリン に結合した膜タンパク質はほとんど拡散しない. しかし、 さまざまな細胞内小器官において脂質膜の形態を制御する 機構の全体像は不明な点が多い.

膜に存在するタンパク質には膜貫通タンパク質と,脂質 膜へ局在化するための脂質修飾を受けたタンパク質,さら に可溶性のタンパク質がある.前二者は常に脂質膜に存在 すると考えられるが,可溶性タンパク質は,静電的な相互 作用や,疎水性アミノ酸からなる数十アミノ酸の挿入に よって脂質膜と一時的に結合する.対照的に,膜貫通タン パク質には疎水性の高いαヘリックス構造がみられる. また,膜外に露出する部分は極性を持つため,膜タンパク 質は膜脂質と同様に両親媒性分子である.

3. 細胞骨格

1) 細胞骨格

細胞骨格は, 真核細胞の細胞質に縦横に張り巡らされた 網目状, 束状, あるいは繊維状の構造であり, タンパク質 によって構成されている. 細胞骨格を構成するタンパク質 は、単量体状態と、重合したフィラメント状態(繊維,あ るいはポリマー状態、タンパク質もアミノ酸が共有結合し たポリマーであるが、ここではタンパク質が非共有結合に よって会合したポリマー状態をさす)の二つの状態をとる. 特筆すべきは、細胞骨格の伸張には極性がある(速く重合 する端と遅く重合する端がある)ことである、細胞骨格の 重合状態を破壊する薬剤で細胞を処理することで細胞が退 縮する事実は、細胞形態の維持に細胞骨格が必要であるこ とを示している.したがって、本来細胞膜は特定の形態を とらず、細胞骨格の形態が細胞形態を決定すると以前から 考えられている.

真核生物の主な細胞骨格には、アクチン、チューブリン (微小管),中間径繊維の3種類が知られている.いずれ も、単量体状態と、繊維状になった重合状態の二つの状態 をとりうるので、必要に応じて繊維の長さを調節できる. 特に細胞壁を持たない動物細胞では、細胞骨格の構造が細 胞形態の決定に重要である.細胞骨格タンパク質の重合と 脱重合による繊維の長さ調節が、細胞の形態をさまざまに 変化させるのに必要であると考えられている.植物や酵母 の細胞形態は細胞壁によって規定されていて、大きく変化 することはないので、細胞骨格は、エンドサイトーシスの ような細胞内の輸送や細胞分裂に主に関わっていると考え られる.また、ミトコンドリア、ゴルジ体などの細胞内膜 小器官は細胞骨格に結合して存在することから、細胞骨格 は細胞内膜系の形も決定していると考えられる¹⁰.

細胞の形は静的なものではなく動的に変化し、細胞が機能を発揮するときや個体発生において細胞が機能すべき場所に移動するときなどのさまざまな局面でダイナミックに変化している.三つの主な細胞骨格(アクチン、微小管、中間径繊維)のなかで、アクチンは細胞の移動先端で最もダイナミックに再構成され、細胞が形を変化させるときの力の発生の基礎となっている¹⁴⁾.アクチンフィラメントが力を発生するためには二つの方法がある.一つはアクチン 重合によりアクチンフィラメントが伸長すること自体によって発生する力であり、もう一つは筋肉に代表されるようにアクチンフィラメントの上でミオシンが運動することによって発生する力である¹⁵⁾.

2) 葉状仮足と糸状仮足

細胞が外に向かって広がるとき、広がっていく細胞膜の 先端(移動先端)でみられるアクチンフィラメントによっ て構成される構造は、主に葉状仮足と糸状仮足である.葉 状仮足(ラメリポディア,lamellipodia)形成においては、 しばしば細胞の移動先端が波打って(ruffling)いて、そ の縁は半円状の円弧を描く.葉状仮足においてアクチン フィラメントは非常に密なメッシュを形成していて、反矢 じり端が外側を向いている(図2).すなわち先端の細胞 膜の直下では激しいアクチン重合が起こり、細胞膜を押し 出すことで細胞膜の波打ちが起こり、細胞の移動先端が伸 展していくと考えられる.この葉状仮足形成には低分子量 G タンパク質 Rac の活性化が重要である¹⁶⁾.

糸状仮足(フィロポディア, filopodia)は、葉状仮足と 異なり移動先端にみられるスパイク(棘)として観察され る.スパイクの中ではアクチンフィラメントは束になって おり、反矢じり端はやはり外側を向いている。糸状仮足形 成には低分子量Gタンパク質Cdc42の活性化が重要であ る^{16,17}.

3) 細胞内でのアクチン重合活性化メカニズム.

アクチンは単量体アクチンと、単量体アクチンが重合し たアクチンフィラメントの二つの形態をとる(図2).移 動先端の仮足では、運動していく方向に向かってアクチン が重合している.アクチンフィラメントは反矢じり端と矢 じり端の二つの端を持つが、速く重合するのは反矢じり端 である.実際の細胞内では、速いアクチン重合が起こる反 矢じり端はすべて細胞の移動する方向、あるいは、脂質膜 が変形していく方向を向いている^{18~22)}.

これらのアクチン重合は制御されていなければならな い.注意すべき点は、アクチンを精製して in vitro で実験 を行う際に、アクチンがある濃度以上で存在すればアクチ ンだけで重合可能であることである.このとき単量体アク チン3個が結合した三量体アクチンを重合核としてアクチ ン重合が起こる.精製アクチンだけの場合、この三量体形 成がアクチン重合開始の律速段階となる.しかしながら、 細胞内のアクチン濃度は三量体形成に必要なアクチン濃度 よりもはるかに高い.

そのため、細胞内では単量体アクチンが自然に重合核 (三量体)を形成してしまわないようさまざまなタンパク 質が単量体アクチンの重合を妨げている.まずあげられる のは単量体アクチンに結合するタンパク質「チモシン(thymosin), プロフィリン (profilin)] である. チモシンやプ ロフィリンはアクチン三量体形成を妨げるだけでなく重合 可能な単量体アクチンを維持してもいる. また、細胞は常 にある程度のアクチンフィラメントを使って自身の形態を 保持している。アクチンフィラメントの片方の端(反矢じ り端)は重合核となる(三量体の端と同じと考えられる) ので、アクチンフィラメントの制御されない伸長を防ぐた め、細胞内では反矢じり端はキャッピングタンパク質とい う名のタンパク質やゲルゾリン (gelsolin) などの反矢じ り端キャップタンパク質によって覆われ重合核とならない よう(伸長しないよう)になっている. さらに、コフィリ ン(cofilin)のようなアクチン脱重合タンパク質が重合し た後時間が経過した ADP 結合型アクチンフィラメントを 脱重合させ、単量体アクチンの量を保っている^{17.23~25)}.

したがって細胞内では常に非常に高い濃度の単量体アク チンが維持されているにも関わらず, in vitro 系のような 単量体アクチンの三量体形成を起点にしたアクチン重合を 開始できない.しかし,いったん重合核が生じると,高い 単量体アクチン濃度のおかげで非常に速いアクチン重合を 起こすことができる.つまり、細胞内におけるアクチン重



図2 WASP ファミリータンパク質と Arp2/3 複合体によるアクチン重合制御 細胞膜直下での Arp2/3 複合体が活性化することによって生じる枝分かれしたアクチンフィラメントは,葉状仮足形成 における細胞膜の伸長に重要である.アクチンフィラメントの太さはおよそ5 nm 程度である.

合の開始はシグナル依存的に重合核を形成することで行われるのである^{17,23~25)}.

4) 重合核形成メカニズム一切断、キャップ除去、Arp2/3 複合体、Formin

生化学的な研究から、アクチンの重合は単量体が三量体 になる過程から始まり、この数分を要する過程が律速段階 であることが知られていた.三量体形成後には重合が自動 的に進むため、三量体形成をアクチン重合における核化反 応と呼ぶ.しかし、この数分を要する律速段階では、細胞 の運動時やエンドサイトーシスの際にみられる即応性のア クチン重合を説明することができなかった^{16,23,25)}.

重合核形成は、キャッピングタンパク質などの反矢じり 端キャップタンパク質を除去するか、三量体アクチンの代 わりの重合核となるタンパク質を用意することにより行わ れる.キャップの除去には二つの方法がある.一つは反矢 じり端を覆っているキャッピングタンパク質を PI(4,5) P2 などのシグナル分子が除去し、反矢じり端を露出させる方 法である。もう一つはキャッピングタンパク質が結合した 反矢じり端を含むアクチンフィラメントを切断し、生成し たアクチンフィラメントの反矢じり端を重合核として用い る方法である²⁶⁾.切断によるアクチン重合の開始にはコ フィリンが重要であると考えられている.コフィリンは LIM キナーゼによってシグナル依存的に制御されてい る²⁷⁾. これらのキャップ除去あるいは切断による重合核形 成が仮足形成のきっかけとなると考えられている.

キャップ除去ではもとからあるアクチンフィラメントの 反矢じり端を利用することが多いが,重合核を新規に作り 出すこともある.重合核の一部となるタンパク質としては Arp2/3 複合体が知られている.Arp2/3 複合体は WiskottAldrich Syndrome protein (WASP), neural WASP (N-WASP) や WASP family verprolin-homologous protein (WAVE) 1, 2, 3をふくむ WASP/WAVE ファミリータンパク質によっ て活性化され、自身を起点としてアクチン重合を開始でき る (WAVE には SCAR という別名もある)^{25,26,28~30)}.

特に葉状仮足においては、Arp2/3 複合体はアクチン重 合核形成に重要であるだけでなく、アクチンフィラメント の網目状構造を作る基礎ともなる. in vitro で Arp2/3 複合 体と、WASP/WAVE ファミリータンパク質の Arp2/3 複 合体活性化ドメイン (VCA ドメイン). アクチンを混合し 重合条件にすると、70度の角度で枝分かれしたアクチン フィラメントが形成される³¹⁾(図2左). 枝分かれ形成は, すでに存在するアクチンフィラメントの上に Arp2/3 複合 体が新しいアクチンフィラメントの重合核を作ることで生 じる. 試験管内で Arp2/3 複合体によって形成される枝分 かれの角度は、細胞の葉状仮足でみられるアクチンの枝分 かれ角度と同じである32.また,葉状仮足において, Arp2/3 複合体は枝分かれの基部に存在している. 実際に 仮足形成において WAVE ファミリータンパク質および Arp2/3 複合体は必要不可欠であることが示されてい る^{33,34)}. このように葉状仮足形成は Arp2/3 複合体の活性 化によって生じると考えられる.先に述べたように、生体 内ではキャッピングタンパク質によって反矢じり端はすぐ にふさがれてしまう. Arp2/3 複合体は枝分かれしたアク チンフィラメントを作るので、たとえ伸長中の反矢じり端 がキャッピングタンパク質によってふさがれてしまって も、そのフィラメントの側面からアクチンフィラメントを 伸ばすことにより、相互に連結したアクチンフィラメント を効率よく作ることができるので非常に効率的である. キャップ除去によるアクチン重合の開始と、Arp2/3 複合

体によるアクチン重合, 枝分かれしたアクチンフィラメン トの形成は共同して起こると考えられている^{26,35,36)}.

Arp2/3 複合体の活性化をシグナル依存的に行うために は、VCA ドメインが Arp2/3 複合体と相互作用できる状態 と、できない状態の両者が必要である³⁷⁾. WASP, N-WASP の場合は、VCAドメインが分子内のほかのドメインと相 互作用しているので Arp2/3 複合体とは相互作用できな い. この分子内相互作用はほかのタンパク質との相互作用 により壊れ、VCAドメインが Arp2/3 複合体と相互作用で きるようになる²⁸⁾. WAVE の場合は、分子内相互作用では なくほかのタンパク質と WAVE のタンパク質複合体形成 によって WAVE の VCA ドメインと Arp2/3 複合体間の相 互作用が抑制されていると考えられている. たとえば Rac などのタンパク質が WAVE を含むタンパク質複合体に結 合すると、WAVE が複合体中で立体構造変化を起こし、 Arp2/3 複合体と相互作用できるようになると考えられ る³⁸⁾.近年,WASP,N-WASP,WAVE1~3以外の新しい WASP ファミリータンパク質として, WASH, WHAMM, JMY が同定されている.しかしこれらの制御の詳細は明 らかではない16,39,40)

Arp2/3 複合体中では、アクチン様タンパク質である Arp2 と Arp3 がアクチン二量体を模倣して配置しており、 WASP ファミリータンパク質の VCA 領域がもう一つのア クチン単量体を付加することで三量体形成を模倣して、非 常に速くアクチン重合を開始することができる.

それでは、枝分かれのないアクチンフィラメントの束か らなる糸状仮足はどのようにして生じると考えられている のだろうか? 糸状仮足形成には二つのメカニズムが考え られている⁴¹⁾. 一つは Arp2/3 複合体依存的に形成された 分枝(枝分かれした)アクチンフィラメントが東化されて 糸状仮足となるとする考え方である. Arp2/3 複合体に よって生じた分枝アクチンフィラメントは, Fascin やその 他のアクチンフィラメント架橋タンパク質によって東化さ れ糸状仮足となると考えられる. もう一つのメカニズム は、Arp2/3 複合体非依存的に形成されたアクチンフィラ メントが東化されるメカニズムである. Formin homology proteins (formin)/Diaphanous (Dia) や, Ena / Vasodilatorstimulated phosphoprotein (VASP) ファミリータンパク質 が、反矢じり端でのアクチンフィラメントの伸長に関わっ ているとして注目を集めている. Formin は伸長する反矢 じり端に単量体アクチンを呼び込み、自身は反矢じり端に 常に結合して, 逐次的 (processive) にアクチン重合を促 進する. Ena/VASP は、キャッピングタンパク質と拮抗し アクチン重合を促進する.ある種の細胞では, Formin が 糸状仮足の先端に存在し、糸状仮足形成に必要不可欠であ ることが示されている.実際のメカニズムはこの二つのメ カニズムが融合したものであると考えられる。また、複数 の単量体アクチンに同時に結合してアクチン重合を開始で きる spire のようなタンパク質も見つかっているが、どの ようなアクチン細胞骨格形成に関わっているかは明らかで ない42).

5) アクチンコメットと葉状仮足の類似性

アクチンがこのような構造体を形成するための力学的な 力の発生は長く、ミオシンによる収縮力が重要であると考 えられてきた.しかし、力の発生はアクチン重合によるア クチンフィラメントの伸張にある.この解明に重要な役割 を果たしたのが病原体のアクチンコメット運動の発見であ る¹⁵⁾.

細胞内には時折アクチンコメットと呼ばれるアクチン フィラメントからなる構造が、細胞内の何らかの小胞など の移動に伴って観察される.たとえば、エンドサイトーシ スに伴って膜小胞が細胞内を移動するとき、アクチンを重 合させながら彗星(コメット)のように移動するようすが 観察される.あるいは、病原体(赤痢菌やリステリア菌、 ワクシニアウイルスなど)が細胞に感染したとき、これら の病原体は細胞内を、アクチンコメットを形成しながら移 動することによって感染の場を広げている.

このような局面でみられるアクチンコメットは、細胞の 先端でみられる葉状仮足とさまざまな類似点を持ってい る.アクチンコメットにおいても葉状仮足においても、ア クチン重合は運動方向に生じる.すなわち、葉状仮足にお いて、重合して伸びるアクチンフィラメントは細胞膜を突 出させていく.アクチンコメットにおいて、アクチンフィ ラメントは膜小胞や病原体に向かって伸びていきこれらを 押していく.両者においてアクチンフィラメントが運動能 を発生する様式は同じであると考えられる^{15,24,43~46)}.

興味深いことにアクチンコメット形成は、N-WASPを コートしたプラスチックビーズと、溶液中の Arp2/3 複合 体、コフィリン、キャッピングタンパク質、アクチン、プ ロフィリンで再現できることが知られている.すなわち、 これらがアクチン重合により力を発生するための最小ユ ニットである¹⁵⁾.

ノックアウトマウスを用いた解析などにより, N-WASP やWAVEとArp2/3複合体が誘導するアクチン重合は, 増殖因子およびその下流の低分子量Gタンパク質などの 下流に位置し,葉状仮足形成に直接関与していることが示 された^{33.47)}.このアクチン重合の制御は,神経細胞や血管 内皮細胞の形態形成および細胞の移動(すなわち神経ネッ トワークや血管の形成)と,がん細胞の移動現象である浸 潤や転移に重要であった^{34.48.49}.

6) アクチンフィラメントによる力の発生「爪車モデル」

上記のようなアクチンフィラメント形成に伴う力の発生 は、細胞においては移動先端が細胞の外に向かって伸びる 現象として観察される.細胞の移動先端は細胞膜であり、 その直下で伸長しているアクチンフィラメントが細胞膜を 押し出していると考えられる.

古典的には、アクチンフィラメントによる細胞膜のかた ちの変化は爪車(ratchet, ラッチェット)モデルで説明さ れてきた. 爪車とは一方向にのみ回転する歯車のことであ る. もし爪車が十分小さくて熱で揺らいでいたとすると, どちらの方向にも一定の確率で回る. ここで,留め金が回 る方向を固定すると仮定すると,爪車は一方向にしか回ら ない(図3). 爪車が細胞膜で,留め金がアクチンフィラ メントであると考えれば,細胞の移動先端で細胞膜が細胞 骨格の変化に応じて形態変化する機構を説明できる.

細胞膜は熱によってある振幅で揺らいでいる.熱で揺ら ぐ細胞膜がアクチンからみて遠くに位置するとき、アクチ ンフィラメントと細胞膜の間の空間が広がる. ここにアク チンフィラメントが伸びていくと、揺らいでいる細胞膜が 戻ってくる空間が存在しなくなる500. このような機構で, アクチンフィラメントの形成が細胞膜を押し出すことがで きると考えられている. ここで重要なのはアクチンフィラ メントが細胞膜より十分固くて、しかも固定されていない と、細胞膜が戻ってきたときにせっかく伸びたアクチン フィラメントが押し戻されてしまうと考えられることであ る. しかし, 仮足内のアクチンフィラメントは, Arp2/3 による枝分かれやアクチンフィラメント架橋タンパク質に よって相互に連結していて、とても大きな質量になってい る. さらに、アクチンフィラメントは接着装置とつながっ ていて、細胞外ともつながっている、したがって、アクチ ンフィラメントは、十分固く細胞膜によって押し戻される ことはないと考えられている. すなわち、細胞形態変化の 本質は、熱揺らぎが一方向に増幅したものと考えることが できる.

脂質膜を直接変形し膜の形態を規定する脂質膜の鋳 型タンパク質

細胞膜の裏側を詳しく観察すると、アクチンフィラメン トがほぼすべての膜構造の近傍に存在し、かつ、WASP ファミリータンパク質と Arp2/3 複合体によって形成され ていることが判明した.たとえば、クラスリン被覆小孔が 切断され小胞となる過程ではアクチン重合が駆動力を発揮 する⁵¹⁾.しかし、上述のナノスケールの膜構造を正確に形 成するには、その近傍でアクチンが重合するだけでは不十 分である.このことはアクチン重合促進タンパク質と膜脂 質を仲介するタンパク質の存在を示唆した.

Bin-amphiphysin-Rvs167 (BAR) ドメインは,動物の amphiphysin と Bin,および対応する酵母タンパク質 Rvs167 と Rvs161 の N 末端に同定された保存性ドメインとして初めて記述された.ショウジョウバエでは, amphiphysin の 変異は,T管形成に障害を誘導し,BAR ドメインによる 脂質膜の形態形成の誘導が解明されるきっかけの一つと なった⁵²⁰.

BAR ドメインは脂質結合ドメインであり, in vitro で人 工の脂質二重膜を変形し, 膜管状 (チューブ) 構造を作る ことができる. 2004 年に McMahon らのグループによって amphiphysin の BAR ドメインの立体構造が明らかにされ



図3 爪車 (ラッチェット) モデル

爪車は一方向にしか回らない.もし爪車が非常に小さく、熱で揺らいでいるとすると、留め金が一方向の回転しか許さないため、平均すると一方向に回ることになる.図2のモデルでは、細胞膜の揺らぎによって生じた空間にアクチンフィラメントが伸長し、その空間を埋めることで、細胞膜が変形していくと考えられる.すなわち、アクチンフィラメントが爪車となると考えられる.

た⁵³⁾. BAR ドメインのα ヘリックス束はバナナ形の立体 構造を持ち,その内側の脂質膜結合面の立体構造に基づく カーブ内側の半径と, *in vitro* でみられる膜管状構造の半 径はほぼ一致していた.このため,脂質膜の形態形成にお いてはバナナ形の立体構造が重要であると考えられ,タン パク質の立体構造と脂質膜の形態の関連性が示唆された (図 4).

我々は、N-WASP や WAVE がそのアミノ酸配列の中央 にポリプロリンを持つため、多数の SH3 ドメイン含有タ ンパク質と結合すると予想した.我々は結合タンパク質を 探索し、FBP17、CIP4、Toca-1、PACSIN2、IRSp53 などを 同定した⁵⁴⁻⁵⁸⁾.これらは C 末端側に SH3 ドメイン、N 末 端側に機能未知のコイルドコイル領域を持っていた.我々 はこの N 末端領域が、BAR ドメインと機能の類似した新 規の脂質結合ドメインであることを突き止めた^{54,55)}.この ドメインを持つタンパク質は、アミノ酸配列の保存性およ び機能の類似性から、BAR ドメインに近縁であり、現在 では総称して BAR ドメイン含有タンパク質(BAR タンパ ク質)と呼ぶ.BAR ドメインは、(狭義の) BAR ドメイ ン、F-BAR ドメイン、I-BAR ドメインの三つのファミ リーに便宜的に分けられ、これらを総称して BAR ドメイ ンスーパーファミリーと呼ぶ^{12,16,51,59~61}(図4).

FBP17 や CIP4 の BAR ドメインは, F-BAR ドメインに 分類される.研究の当初, FBP17 や CIP4 の N 末端領域を 細胞に過剰発現させたところ,顕著な細胞膜の陥入が観察 された.この陥入構造は,核を中心に放射状であったた め,当初は微小管との結合が予想された.しかし,人工の 脂質膜小胞(リポソーム)と FBP17 や CIP4 の N 末端領 域を混合したところ,不定形のリポソームが一定の直径の 管状構造に変化した^{54,55,62}.したがって,BARドメイン は,脂質膜の形状を変化させるドメインであると考えられ る.

構造解析技術の発展に伴い, BARドメインに類似した ドメインが arfaptin をはじめとした多数のタンパク質に存 在することが判明した.また,これらのドメインは脂質膜 への結合という共通の機能を持っている.すべての BAR ドメインは,二量体が一つの単位として機能すると考えら れている.すべての BAR タンパク質は二量体を構成し, 合わせて 6 本の α へリックスが束を形成している.

BARドメイン二量体は、αへリックス束の片側面の静 電的な相互作用により脂質膜に結合することが基本であ る^{53,54,62)}.しかし、BARドメインスーパーファミリーの中 には静電的相互作用に加えて、αへリックス束の外に突き 出した両親媒性 α へリックスや、疎水性アミノ酸を含む 突起(くさび:wedge)などを持ち、それらの脂質膜への 挿入が膜結合および変形に寄与するものもある.このよう な例には、endophilinや amphiphysin、PACSIN があげられ る^{56,63~65)}. 膜形状を変形させる BARドメイン以外のタン パク質ドメインとして、ENTHドメインが知られている. ENTHドメインは、両親媒性へリックスの挿入のみで膜の 形状を変形させる.したがって両親媒性へリックスの挿入 は、それを持つタンパク質が集積する膜形状の形成に重要 な役割を果たすと考えられる^{66,67} (図 5).

BARドメインには、立体構造上の明瞭な脂質結合ポ ケットは存在しない.したがって脂質結合特異性は弱く, 正電荷を持った脂質に結合すると考えられる.正電荷を



図4 BAR タンパク質

BAR ドメインは二量体を一単位とする. 図に示した立体構造はいずれも二量体である. この 二量体はポリマー形成を行い, それがさらにらせんを形成することで, 脂質膜チューブを形 成する.



図5 BAR タンパク質による膜変形とダイナミン, Arp2/3 複合体との協働作業 それぞれの細胞内小器官に局在する BAR ドメインの代表例. FBP17 と endophilin については, クライオ電子 顕微鏡で確かめられた膜チューブ上での BAR ドメインの集合様式を示す. 脂質膜との相互作用様式が明らか になっているものについては脂質膜も示す. BAR タンパク質は, 多くの場合 N-WASP や WAVE などの Arp2/3 複合体活性化タンパク質と, 膜を切断するタンパク質であるダイナミンと協働する.

持った脂質には、ホスファチジルセリンのほか、PI(4,5)P₂ に代表されるリン酸化されたホスファチジルイノシトール がある.ホスファチジルセリンは細胞膜に豊富に含まれて いるので、それだけでも BAR ドメインの結合に十分であ るが、より強い正電荷を持つリン酸化されたホスファチジ ルイノシトールが、より強い BAR ドメインの細胞膜局在 化作用を持つと考えられる⁵⁵.

興味深いことに、ドメインの立体構造を比較するとα ヘリックス束のバナナ形のカーブの曲率に多様性があるこ とが確認できる.この構造上の曲率は *in vitro* で形成する 膜管状構造の半径,さらに細胞内で規定する膜曲率に対応 していると考えられている.また、これらのドメインを有 するタンパク質 (BAR タンパク質)のドメイン構成も多 様である.SH3ドメイン、Gタンパク質のGTPaseを活性 化する GAPドメインのほか、BARドメインとともに脂質 に結合する PXドメインや PHドメインが多くみられる. また、GEFドメイン、PDZドメイン、チロシンキナーゼ ドメインなど、特徴的なものも存在する.このような多様 な曲率と多様なドメイン構成は、膜の種類(すなわち細胞 膜と、ゴルジ体、エンドソームなどの内膜)および膜上の 微細形態の多様性に対応し、微細形態の制御や機能の発揮 を担っていると考えられる^{51.61.69}(図5).

BAR ドメインの立体構造には多様性があり、その差異

に応じて誘導される膜構造も異なっている.たとえば, FBP17 と CIP4 はクラスリン被覆小孔の, PACSIN2 はカベ オラの陥入構造の形成にそれぞれ関与する^{55,57}.

糸状仮足や葉状仮足などの突起構造は、クラスリン被覆 小孔などの陥入構造とは変形方向が逆向きである. IRSp 53 などは inverse BAR(I-BAR)ドメインと呼ばれる BAR ドメインと類似構造のドメインを持つ. しかし、I-BAR ド メインの立体構造はバナナ状に湾曲していないため、脂質 結合面が凸面であり、そのため突起構造を形成する^{54,69,70}.

結晶構造や電子顕微鏡像の解析により,FBP17とCIP4 のBARドメインは二量体としてバナナ状の立体構造の凹 側の表面を介して脂質膜に結合し,さらにらせん状に集 合・整列することで,脂質膜を管状に変形することが明ら かになった⁶²⁰.この整列様式の解明には,FBP17やCIP4 のBARドメインの立体構造を決定するときに見いだされ たタンパク質結晶中での分子会合が大きな助けとなった. 結晶はいうまでもなくタンパク質が整列した状態であるの で,タンパク質どうしに何らかの一定の相互作用が存在す る.FBP17やCIP4のF-BARドメインの場合には,BAR ドメインの二量体の端どうしに相互作用がみられた.らせ んを形成するために必要な,BARドメインの側面での相 互作用は結晶中にはみられなかったが,立体構造上重ね合 わせることのできる表面が推定でき,のちにクライオ電子 顕微鏡で証明された^{63,64)}. この二つの(端点と側面)の相 互作用により, BAR ドメインは脂質膜の表面でらせんを 形成し, 脂質膜から定まった直径の管状構造を形作ると考 えられている (図 5).

5. BARドメインと細胞の持つ膜構造

次に, BAR ドメインの関与が指摘されている細胞の膜 構造についていくつか代表的な例を述べる(図5参照).

 クラスリン被覆小胞/小孔のエンドサイトーシスの場合 クラスリンを介したエンドサイトーシスは、細胞が細胞 外の物質を取り込む過程のうち、最もよく研究されている 主要な過程である^{TII}. 極性を持つ分子あるいは大きな分子 は、疎水性の物質か構成される細胞膜を通り抜けることが できない. このため細胞表面に結合した物質はエンドサイ トーシスにより細胞膜ごと細胞内に引き込まれて細胞内に 輸送される. 特に、タンパク質のような大きな細胞外物質 が結合する細胞膜上の受容体の多くは、細胞膜直下に存在 するクラスリンタンパク質と直接または間接的に結合して いる. 受容体に細胞外のリガンド物質が結合すると、クラ スリン被覆小孔は深くなり細胞質の中に陥入し、ダイナミ ン(dynamin) およびアクチン細胞骨格の働きにより、細 胞膜ごと切断され小胞として細胞内に回収される(図6).

クラスリン被覆小孔は、この受容体のエンドサイトーシ スシグナルを受け、クラスリン被覆が集合することによ り、平面状の細胞膜が陷入して形成されると考えられてき た、クラスリン被覆小孔には多数の BAR タンパク質が局 在することが知られている.脂質結合面の曲率が緩いもの から順に、FCHo1/2、CIP4、FBP17、SNX9、endophilin、 amphiphysin の局在が知られている^{72,73)}.クラスリンとの共 局在の計時変化の詳細な観察から、興味深いことにはじめ に最も曲率の緩い FCHo1/2 が共局在し,おおむね曲率が 強くなる順で局在化していくことが報告されている.この 知見は,エンドサイトーシス小孔がくびれて切断に向かう 過程で,BAR タンパク質が厳密にクラスリン被覆小孔の 直径を制御していることを示唆しており大変興味深い.

FCHo1/2 は、SH3 ドメインを持たないが、クラスリン 被覆小孔に局在するほかの BAR タンパク質は SH3 ドメイ ンを持っている. FCHo1/2 は、その代わりにクラスリン のアダプタータンパク質である eps15 などと結合する. し たがって、クラスリンでなく FCHo1/2 がはじめに局在化 し、クラスリン被覆小孔を形成することも提唱されてい る⁷⁴.

クラスリンとの共局在の経時観察によると、アクチン重 合や N-WASP の集積はクラスリン被覆小孔の切断の直前 にみられ、ダイナミンの集積は切断時にみられる.クラス リン被覆小孔が切断されクラスリン被覆小胞になる過程で は、アクチン重合とダイナミンによる小胞の切断が生じ る.通常の細胞培養の条件(細胞膜に張力がかかっていな い状態など)では、小胞の形成にアクチン重合は必要なく、 ダイナミンによる切断活性のみで十分であると考えられて いる.しかし、アクチン重合とクラスリン被覆小孔の周り のアクチンフィラメント形成は、膜に張力がかかった状態 での小胞形成に必要不可欠であると考えられている⁷⁵.

2) カベオラの場合

カベオラは細胞膜のくぼみであり, 陥入して小胞となっ て細胞内に輸送されることで, 細胞外の液体を細胞内に輸 送する役割を持つと考えられる^{76,77)}.小胞となるときには ダイナミンにより切断される.またさまざまなシグナル伝 達に関する受容体やチャネル,トランスポーターの集積す る場所でもある.最近は,機械的な伸張等に応じて細胞膜 の表面積を増大させるための「しわ」である可能性も示唆



図6 WASP ファミリータンパク質と BAR タンパク質の協働 アクチンフィラメントは、クラスリン被覆小孔においても膜変形の方向に伸長し、その作用は BAR タンパク質 と、N-WASP との結合に依存していると考えられる. 646

されている⁷⁸⁾.

caveolin がこの小胞の主要な構成タンパク質である⁷⁹⁾. caveolin は、クラスリンと異なり膜への挿入部位を持つ. したがって、caveolin は膜小胞として細胞膜に運ばれ、細 胞膜上で集合することでカベオラを形成すると考えられ る.カベオラへの関与が指摘されている BAR タンパク質 には、PACSIN2、PACSIN3、NOSTRIN がある^{57,80)}.

3) 糸状仮足の場合

糸状仮足は細胞が移動する際に移動先端でみられる、細 胞移動の方向に向かって伸びるアクチンフィラメントに富 む構造体であり, 葉状仮足と異なり移動先端にみられるス パイク(棘)として観察される40.スパイクの中ではアク チンフィラメントは束になっているが反矢じり端はやはり 外側を向いている.糸状仮足形成には低分子量 G タンパ ク質 Cdc42 の活性化が重要であり、アクチン重合によっ て形成される. IRSp53 や MIM は, I-BAR ドメインを持 ち、その突起膜の形成活性が糸状仮足形成に関わっている と示唆されている^{59,69)}. I-BAR ドメインが形成する突起膜 に相当する膜管状構造は、糸状仮足の構造に相似してい る⁸¹⁾. しかしながら, アクチン重合と膜変形の共同作用が どのように制御されているのか,あるいは,膜の形態形成 がアクチン重合と独立して生じるのかは、いまだ明らかで はない. また近年. srGAP タンパク質に見いだされた F-BAR ドメインが糸状仮足様の膜変形を誘導するとの報告 があった⁸²⁾. F-BAR ドメインはこれまで, 膜管状構造を形 成する、すなわち、膜陥入構造を形成すると考えられてい たので、これまでの BAR ドメインタンパク質の作用機序 に当てはまらない膜変形機構の発見である可能性がある. しかし、srGAPのF-BARドメインの立体構造は明らかで はなく、その機序は明らかではない.

4) 葉状仮足の場合

葉状仮足は細胞が移動する際に移動先端でみられる、細 胞移動の方向に向かってのびるアクチンフィラメントに富 む構造体であり、しばしば細胞膜が波打って(ruffling)お り、その縁は半円状の円弧を描く、アクチンフィラメント は非常に密なメッシュをなしていて、反矢じり端が外側を 向いている. すなわち先端の細胞膜の直下では激しいアク チン重合が起こり、細胞膜を押し出すことで細胞膜の波打 ちが起こり、細胞の移動先端が伸展していくと考えられ る¹⁶⁾. 葉状仮足形成には低分子量 G タンパク質 Rac の活性 化が重要である. 葉状仮足には特に WAVE2 が, Arp2/3 複合体を介してアクチン重合を誘導することが知られてい る^{16,23)}. I-BAR タンパク質である IRSp53 は, WAVE2 に結 合し葉状仮足に局在することから、葉状仮足においても I-BARによる膜変形活性が機能している可能性がある⁶⁹. 葉状仮足の先端は、現在のところ、平面状に膜が伸長して いくと考えられている.しかし、葉状仮足の先端は、細か に波うった膜構造をとっている可能性があり、それらが、

I-BARの形成する突起状の膜突起構造である可能性がある.また,試験管内ではF-BARタンパク質であるCIP4 が,陷入構造に対応する膜の形態を誘導するにも関わら ず,神経細胞においては葉状仮足の先端に局在し機能する ことが知られている⁸³.この意義もまだ明らかではない.

5) エンドソーム, ゴルジ体

細胞内膜系における BAR タンパク質の役割は, ほかの 細胞内小器官と比べてそれほど明らかにはなっていない. しかし, エンドソーム形成には, APPL1 や SNX1, SNX4, SNX8, SNX9, SNX18 の関与が報告されている^{84~86)}. ゴル ジ体形成には, BAR ドメインのみからなるタンパク質で ある Arfaptin が関与する^{87,88)}.

先に述べたように, BAR ドメインはほとんどの場合, SH3 ドメインと組み合わさって一つのタンパク質を構成 している. その SH3 ドメインの結合タンパク質としてよ く解析されているものに, 先に述べた Arp2/3 複合体の制 御タンパク質である WASP ファミリータンパク質があげ られる. また, もう一つの主要な SH3 ドメイン結合タン パク質に, 膜を切断するタンパク質であるダイナミンがあ げられる (図 5).

ダイナミンは, 脂質膜を切断する活性を持つ GTPase で あり⁸⁹⁾,単独で膜切断を行うことができる⁹⁰⁾. BAR タンパ ク質とダイナミンが結合することは,ダイナミンの局在化 と膜切断もまた, BAR タンパク質によって制御されてい ることを示唆している. BAR タンパク質が結合した膜管 状構造は,ダイナミンによって切断されうる. したがって 両者は協働していると考えられる^{91,92)}.

我々は、特に BAR タンパク質とアクチンフィラメント の関連についても解析を進め、BAR タンパク質が脂質膜 を特定の形態に変化させると同時に, N-WASPや WAVE を導入してアクチンフィラメントの形成を誘導することを 見いだした^{93.94)}. WASP や WAVE の解析では, 葉状仮足が 主に用いられた.先に述べたように葉状仮足では,アクチ ンフィラメントの先端が伸長することで膜を前に押し出し ていくと考えられている.ところが、クラスリン被覆小胞 では、N-WASPと Arp2/3 複合体によるアクチン重合の関 与が指摘されているにも関わらず,細胞膜は陷入方向に, すなわち、葉状仮足とは逆の方向に変形する. このこと は、アクチンフィラメントの伸長方向を膜に対して規定す る因子の存在を示唆していた.私は、このようなアクチン フィラメントの方向性を決定する分子実態が BAR タンパ ク質なのではないかと考え, N-WASPと Arp2/3 複合体を 含むアクチン重合の再構成系に, F-BAR タンパク質の FBP17とリポソームを加え、アクチン重合を測定した.

驚くべきことに, FBP17 のリポソームへの結合親和性は, リポソームの大きさ(直径)に依存していた. さらに, ア クチン重合の誘導もリポソームの直径に依存していた⁹⁴⁾. すなわち, アクチン重合の程度は, BAR タンパク質が結 合するリポソームの大きさ, あるいは, BAR タンパク質 が膜チューブ構造を形成する程度に依存していると考えら れた⁹⁴⁾. 膜のチューブ構造の表面には, BAR タンパク質 がらせんを形成していると考えられる.

次に形成されたアクチンフィラメントのようすを電子顕 微鏡で観察したところ、アクチンフィラメントは平均して 膜のチューブの長軸に直角な方向に、すなわち、アクチン フィラメントの伸長端は膜チューブを細くする方向に伸び ていることを見いだした⁹³.したがって、葉状仮足でも陥 入構造でも、アクチンフィラメントの伸長方向は、脂質膜 の形態変化の方向と一致していることが示唆された.実際 の細胞内のクラスリン被覆小孔でも、このアクチンフィラ メントの伸長方向は確認されている^{32,95}.すなわち、鋳型 タンパク質が柔らかい脂質膜の形態を厳密に規定し、続い てアクチンフィラメントがナノスケール構造の骨組みとな ることが推測された.

BARドメインは二量体となり、さらに膜の管状構造の 上でらせん状のポリマーを形成している.したがって、ア クチン重合を誘導する WASP ファミリータンパク質とダ イナミンは、非常に高濃度で近傍に集積すると考えられ⁶⁸⁾ 両者には共同作用が推測される.ダイナミンは Arp2/3 複 合体を含むアクチン細胞骨格に直接働きかけることが示唆 されているが、実際の細胞内で BAR ドメインを持つタン パク質、ダイナミン、WASP ファミリータンパク質がど



図7 BAR タンパク質によるシグナル伝達制御

BAR タンパク質は, BAR ドメインと SH3 ドメインのユニット からなっている. したがって BAR タンパク質は, in vitro で観 察されたように, 細胞内でもポリマーを形成する可能性があ り, その場合, 高濃度でのシグナル伝達のための足場を形成す る可能性がある. ここでは, SH3 ドメインは規則正しく並ぶは ずであり, シグナル伝達の質的な変化が誘導されることが推定 される. のように共同しているか、今後の解析が待たれる(図7).

また、このようなポリマー形成が細胞内で実際にみられ るのか、どのようなきっかけで生じるのかは明らかではな い、細胞内のシグナル伝達を担うタンパク質でこのような ポリマー形成を行うものはこれまでに知られていなかっ た.したがって、BAR タンパク質は、分子集合を制御す ることで、まったく新しいシグナル伝達制御を行う可能性 を持っている. BAR タンパク質の担うタンパク質の高濃 度集積は、局在タンパク質の性質を変化させる可能性があ る.いうまでもなく、多くの物質は高濃度では溶液状態か ら不溶化した結晶、またはゾル状態へとその物性が変化す る. このような物性の変化が、SH3ドメインに結合する 多様なリガンドが混在した状態で生じるかどうかには疑問 の余地が残る.しかしながら、少なくとも試験管内では高 濃度の SH3 ドメインの集積がシグナル伝達を非連続的に 変化させることが、アクチン重合の再構成系により示され ている⁹⁶⁾. したがって、実際の BAR ドメインおよび BAR タンパク質の分子集積を細胞内で確かめていくことが必要 である.

7. おわりに

このように BAR ドメインが担う分子集積や膜変形が細 胞内において想定された機序で行われているかどうか,今 後検証する必要がある.もしポリマー形成が行われている とすれば,その高濃度での SH3 ドメインの集積は,今ま で想定されていなかったものであり,その意義の解明が必 要とされる.同時に,BAR タンパク質のポリマー形成の 制御機構を明らかにしていく必要がある.このように, BAR タンパク質の振る舞いから示唆されることは,細胞 膜の形態は BAR ドメインタンパク質のようなタンパク質 集積を反映したものであるということである.したがっ て,細胞の形態は,細胞内の生体反応の場を指し示す可能 性がある.

謝辞

本総説を書く機会を与えていただいた先生方に感謝致し ます.本研究は、東京大学医科学研究所,竹縄忠臣名誉教 授の研究室および東京大学分子細胞生物学研究所,奈良先 端科学技術大学院大学において,おおくの先生方の協力の 下に行われました.また,共同研究として,横山茂之 理 研上席研究員,白水美香子 理研チームリーダー,嶋田睦 九州大学准教授,村山和隆 東北大学准教授ら多数の共同 研究者の助けを借りて行われました.この場でお礼を申し 上げさせていただきたいと思います.

献

1) Lemmon, M.A. (2008) Nat. Rev. Mol. Cell Biol., 9, 99-111.

文

 Vance, J.E. & Steenbergen, R. (2005) Prog. Lipid Res., 44, 207–234.

- 3) Berridge, M.J. & Irvine, R.F. (1989) Nature, 341, 197-205.
- Vanhaesebroeck, B., Guillermet-Guibert, J., Graupera, M., & Bilanges, B. (2010) Nat. Rev. Mol. Cell Biol., 11, 329–341.
- 5) Balla, T. (2013) Physiol. Rev., 93, 1019–1137.
- Simunovic, M., Mim, C., Marlovits, T.C., Resch, G., Unger, V. M., & Voth, G.A. (2013) *Biophys. J.*, 105, 711–719.
- Roux, A., Cuvelier, D., Nassoy, P., Prost, J., Bassereau, P., & Goud, B. (2005) *EMBO J.*, 24, 1537–1545.
- Veatch, S.L. & Keller, S.L. (2005) Biochim. Biophys. Acta (BBA) - Mol. Cell Res., 1746, 172–185.
- 9) Singer, S.J. & Nicolson, G.L. (1972) Science, 175, 720-731.
- 10) Antonny, B. (2011) Annu. Rev. Biochem., 80, 101-123.
- 11) McMahon, H.T. & Gallop, J.L. (2005) Nature, 438, 590-596.
- 12) Shen, H., Pirruccello, M., & De Camilli, P. (2012) *Cell*, 150, 1300, 1300 e1301–1302.
- 13) Kusumi, A., Nakada, C., Ritchie, K., Murase, K., Suzuki, K., Murakoshi, H., Kasai, R.S., Kondo, J., & Fujiwara, T. (2005) Annu. Rev. Biophys. Biomol. Struct., 34, 351–378.
- 14) Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K., & Walter, P. (2008) Molecular Biology of the Cell, 5th ed., Garland Publishing.
- 15) Loisel, T.P., Boujemaa, R., Pantaloni, D., & Carlier, M.F. (1999) *Nature*, 401, 613–616.
- 16) Takenawa, T. & Suetsugu, S. (2007) Nat. Rev. Mol. Cell Biol., 8, 37–48.
- 17) Pollard, T.D., Blanchoin, L., & Mullins, R.D. (2000) Annu. Rev. Biophys. Biomol. Struct., 29, 545–576.
- 18) Kondo, H. & Ishiwata, S. (1976) J. Biochem. (Tokyo), 79, 159–171.
- 19) Woodrum, D.T., Rich, S.A., & Pollard, T.D. (1975) J. Cell Biol., 67, 231–237.
- 20) Hayashi, T. & Ip, W. (1976) J. Mechanochem. Cell Motil., 3, 163–169.
- 21) Pollard, T.D. & Cooper, J.A. (1986) Annu. Rev. Biochem., 55, 987–1035.
- 22) Oosawa, F. & Asakura, S. (1975) Thermodynamics of the Polymerization of Proteins, Academic Press.
- 23) Pollard, T.D. & Borisy, G.G. (2003) Cell, 112, 453-465.
- 24) Pantaloni, D., Le Clainche, C., & Carlier, M.F. (2001) Science, 292, 1502–1506.
- 25) Suetsugu, S. & Takenawa, T. (2003) Int. Rev. Cytol., 229, 245–286.
- 26) Suetsugu, S., Miki, H., & Takenawa, T. (2002) Cell Motil. Cytoskeleton, 51, 113–122.
- 27) Yang, N., Higuchi, O., Ohashi, K., Nagata, K., Wada, A., Kangawa, K., Nishida, E., & Mizuno, K. (1998) *Nature*, 393, 809–812.
- 28) Rohatgi, R., Ma, L., Miki, H., Lopez, M., Kirchhausen, T., Takenawa, T., & Kirschner, M.W. (1999) Cell, 97, 221–231.
- 29) Miki, H., Suetsugu, S., & Takenawa, T. (1998) EMBO J., 17, 6932–6941.
- 30) Suetsugu, S., Miki, H., & Takenawa, T. (1999) Biochem. Biophys. Res. Commun., 260, 296–302.
- 31) Fujiwara, I., Suetsugu, S., Uemura, S., Takenawa, T., & Ishiwata, S. (2002) *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, 293, 1550– 1555.
- 32) Svitkina, T.M. & Borisy, G.G. (1999) J. Cell Biol., 145, 1009–1026.
- 33) Suetsugu, S., Yamazaki, D., Kurisu, S., & Takenawa, T. (2003) Dev. Cell, 5, 595–609.
- 34) Yamazaki, D., Suetsugu, S., Miki, H., Kataoka, Y., Nishikawa, S., Fujiwara, T., Yoshida, N., & Takenawa, T. (2003) *Nature*, 424, 452–456.
- 35) Suetsugu, S., Miki, H., Yamaguchi, H., Obinata, T., & Takenawa, T. (2001) J. Cell Sci., 114, 4533–4542.
- 36) Co, C., Wong, D.T., Gierke, S., Chang, V., & Taunton, J.

(2007) Cell, 128, 901–913.

- 37) Kim, A.S., Kakalis, L.T., Abdul-Manan, N., Liu, G.A., & Rosen, M.K. (2000) *Nature*, 404, 151–158.
- 38) Chen, Z., Borek, D., Padrick, S.B., Gomez, T.S., Metlagel, Z., Ismail, A.M., Umetani, J., Billadeau, D.D., Otwinowski, Z., & Rosen, M.K. (2010) *Nature*, 468, 533–538.
- 39) Rottner, K., Hanisch, J., & Campellone, K.G. (2010) Trends Cell Biol., 20, 650–661.
- 40) Firat-Karalar, E.N. & Welch, M.D. (2011) Curr. Opin. Cell Biol., 23, 4–13.
- 41) Mattila, P.K. & Lappalainen, P. (2008) Nat. Rev. Mol. Cell Biol., 9, 446–454.
- 42) Quinlan, M.E., Heuser, J.E., Kerkhoff, E., & Mullins, R.D. (2005) Nature, 433, 382–388.
- 43) Suzuki, T., Miki, H., Takenawa, T., & Sasakawa, C. (1998) EMBO J., 17, 2767–2776.
- 44) Welch, M.D., Iwamatsu, A., & Mitchison, T.J. (1997) Nature, 385, 265–269.
- 45) Cameron, L.A., Footer, M.J., van Oudenaarden, A., & Theriot, J.A. (1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 96, 4908–4913.
- 46) Suetsugu, S., Miki, H., Yamaguchi, H., & Takenawa, T. (2001) Biochem. Biophys. Res. Commun., 282, 739–744.
- 47) Suetsugu, S., Hattori, M., Miki, H., Tezuka, T., Yamamoto, T., Mikoshiba, K., & Takenawa, T. (2002) *Dev. Cell*, 3, 645–658.
- 48) Sawa, M., Suetsugu, S., Sugimoto, A., Miki, H., Yamamoto, M., & Takenawa, T. (2003) J. Cell Sci., 116, 1505–1518.
- 49) Kurisu, S., Suetsugu, S., Yamazaki, D., Yamaguchi, H., & Takenawa, T. (2005) Oncogene, 24, 1309–1319.
- 50) Feynman, R.P., Leighton, R.B., & Sands, M. (1966) The Feynman Lectures on Physics, vol. 1, chap. 46, Addison-Wesley.
- 51) Suetsugu, S. & Gautreau, A. (2012) *Trends Cell Biol.*, 22, 141–150.
- 52) Razzaq, A., Robinson, I.M., McMahon, H.T., Skepper, J.N., Su, Y., Zelhof, A.C., Jackson, A.P., Gay, N.J., & O'Kane, C.J. (2001) *Genes Dev.*, 15, 2967–2979.
- 53) Peter, B.J., Kent, H.M., Mills, I.G., Vallis, Y., Butler, P.J., Evans, P.R., & McMahon, H.T. (2004) Science, 303, 495– 499.
- 54) Suetsugu, S., Murayama, K., Sakamoto, A., Hanawa-Suetsugu, K., Seto, A., Oikawa, T., Mishima, C., Shirouzu, M., Takenawa, T., & Yokoyama, S. (2006) *J. Biol. Chem.*, 281, 35347–35358.
- 55) Tsujita, K., Suetsugu, S., Sasaki, N., Furutani, M., Oikawa, T., & Takenawa, T. (2006) *J. Cell Biol.*, **172**, 269–279.
- 56) Shimada, A., Takano, K., Shirouzu, M., Hanawa-Suetsugu, K., Terada, T., Toyooka, K., Umehara, T., Yamamoto, M., Yokoyama, S., & Suetsugu, S. (2010) FEBS Lett., 584, 1111–1118.
- 57) Senju, Y., Itoh, Y., Takano, K., Hamada, S., & Suetsugu, S. (2011) J. Cell Sci., 124, 2032–2040.
- 58) Ho, H.Y., Rohatgi, R., Lebensohn, A.M., Le, M., Li, J., Gygi, S.P., & Kirschner, M.W. (2004) *Cell*, 118, 203–216.
- 59) Scita, G., Confalonieri, S., Lappalainen, P., & Suetsugu, S. (2008) Trends Cell Biol., 18, 52–60.
- 60) Suetsugu, S., Toyooka, K., & Senju, Y. (2010) Semin. Cell Dev. Biol., 21, 340–349.
- 61) Safari, F. & Suetsugu, S. (2012) Membranes, 2, 91-117.
- 62) Shimada, A., Niwa, H., Tsujita, K., Suetsugu, S., Nitta, K., Hanawa-Suetsugu, K., Akasaka, R., Nishino, Y., Toyama, M., Chen, L., Liu, Z.J., Wang, B.C., Yamamoto, M., Terada, T., Miyazawa, A., Tanaka, A., Sugano, S., Shirouzu, M., Nagayama, K., Takenawa, T., & Yokoyama, S. (2007) *Cell*, 129, 761–772.
- 63) Frost, A., Perera, R., Roux, A., Spasov, K., Destaing, O., Egelman, E.H., De Camilli, P., & Unger, V.M. (2008) *Cell*, 132, 807–817.

- 64) Mim, C., Cui, H., Gawronski-Salerno, J.A., Frost, A., Lyman, E., Voth, G.A., & Unger, V.M. (2012) Cell, 149, 137–145.
- 65) Wang, Q., Navarro, M.V., Peng, G., Molinelli, E., Lin Goh, S., Judson, B.L., Rajashankar, K.R., & Sondermann, H. (2009) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 106, 12700–12705.
- 66) Itoh, T., Koshiba, S., Kigawa, T., Kikuchi, A., Yokoyama, S., & Takenawa, T. (2001) *Science*, 291, 1047–1051.
- 67) Ford, M.G., Mills, I.G., Peter, B.J., Vallis, Y., Praefcke, G.J., Evans, P.R., & McMahon, H.T. (2002) *Nature*, 419, 361–366.
- 68) Suetsugu, S. (2013) Semin. Cell Dev. Biol., 24, 267-271.
- 69) Suetsugu, S., Kurisu, S., Oikawa, T., Yamazaki, D., Oda, A., & Takenawa, T. (2006) J. Cell Biol., 173, 571–585.
- 70) Mattila, P.K., Pykalainen, A., Saarikangas, J., Paavilainen, V. O., Vihinen, H., Jokitalo, E., & Lappalainen, P. (2007) J. Cell Biol., 176, 953–964.
- 71) McMahon, H.T. & Boucrot, E. (2011) Nat. Rev. Mol. Cell Biol., 12, 517–533.
- 72) Taylor, M.J., Perrais, D., & Merrifield, C.J. (2011) *PLoS Biol.*, 9, e1000604.
- 73) Merrifield, C.J., Perrais, D., & Zenisek, D. (2005) Cell, 121, 593–606.
- 74) Henne, W.M., Boucrot, E., Meinecke, M., Evergren, E., Vallis, Y., Mittal, R., & McMahon, H.T. (2010) *Science*, 328, 1281– 1284.
- 75) Boulant, S., Kural, C., Zeeh, J.C., Ubelmann, F., & Kirchhausen, T. (2011) Nat. Cell Biol., 13, 1124–1131.
- 76) Parton, R.G. & del Pozo, M.A. (2013) Nat. Rev. Mol. Cell Biol., 14, 98-112.
- 77) Parton, R.G. & Simons, K. (2007) Nat. Rev. Mol. Cell Biol., 8, 185–194.
- 78) Sinha, B., Koster, D., Ruez, R., Gonnord, P., Bastiani, M., Abankwa, D., Stan, R.V., Butler-Browne, G., Vedie, B., Johannes, L., Morone, N., Parton, R.G., Raposo, G., Sens, P., Lamaze, C., & Nassoy, P. (2011) Cell, 144, 402–413.
- 79) Rothberg, K.G., Heuser, J.E., Donzell, W.C., Ying, Y.S., Glenney, J.R., & Anderson, R.G. (1992) *Cell*, 68, 673–682.
- 80) Schilling, K., Opitz, N., Wiesenthal, A., Oess, S., Tikkanen, R., Muller-Esterl, W., & Icking, A. (2006) Mol. Biol. Cell, 17, 3870–3880.

- 81) Suetsugu, S. & Itoh, Y. (2012) J. Jpn. Biochem. Soc., 84, 30-35.
- 82) Guerrier, S., Coutinho-Budd, J., Sassa, T., Gresset, A., Jordan, N.V., Chen, K., Jin, W.L., Frost, A., & Polleux, F. (2009) *Cell*, 138, 990–1004.
- 83) Saengsawang, W., Mitok, K., Viesselmann, C., Pietila, L., Lumbard, D.C., Corey, S.J., & Dent, E.W. (2012) *Curr. Biol.* 22, 494–501.
- 84) Zoncu, R., Perera, R.M., Balkin, D.M., Pirruccello, M., Toomre, D., & De Camilli, P. (2009) *Cell*, 136, 1110–1121.
- 85) Knaevelsrud, H., Soreng, K., Raiborg, C., Haberg, K., Rasmuson, F., Brech, A., Liestol, K., Rusten, T.E., Stenmark, H., Neufeld, T.P., Carlsson, S.R., & Simonsen, A. (2013) *J. Cell Biol.*, 202, 331–349.
- 86) van Weering, J.R., Verkade, P., & Cullen, P.J. (2010) Semin. Cell Dev. Biol., 21, 371–380.
- 87) Gehart, H., Goginashvili, A., Beck, R., Morvan, J., Erbs, E., Formentini, I., De Matteis, M.A., Schwab, Y., Wieland, F.T., & Ricci, R. (2012) Dev. Cell, 23, 756–768.
- 88) Tarricone, C., Xiao, B., Justin, N., Walker, P.A., Rittinger, K., Gamblin, S.J., & Smerdon, S.J. (2001) *Nature*, 411, 215–219.
- 89) Faelber, K., Held, M., Gao, S., Posor, Y., Haucke, V., Noe, F., & Daumke, O. (2012) *Structure*, 20, 1621–1628.
- 90) Roux, A., Uyhazi, K., Frost, A., & De Camilli, P. (2006) Nature, 441, 528–531.
- 91) Neumann, S. & Schmid, S.L. (2013) J. Biol. Chem., 288, 25119–25128.
- 92) Meinecke, M., Boucrot, E., Camdere, G., Hon, W.C., Mittal, R., & McMahon, H.T. (2013) J. Biol. Chem., 288, 6651– 6661.
- 93) Suetsugu, S. (2009) FEBS Lett., 583, 3401-3404.
- 94) Takano, K., Toyooka, K., & Suetsugu, S. (2008) EMBO J., 27, 2817–2828.
- 95) Collins, A., Warrington, A., Taylor, K.A., & Svitkina, T. (2011) Curr. Biol., 21, 1167–1175.
- 96) Li, P., Banjade, S., Cheng, H.C., Kim, S., Chen, B., Guo, L., Llaguno, M., Hollingsworth, J.V., King, D.S., Banani, S.F., Russo, P.S., Jiang, Q.X., Nixon, B.T., & Rosen, M.K. (2012) *Nature*, 483, 336–340.

著者寸描■

●末次志郎(すえつぐ しろう)
奈良先端科学技術大学院大学バイオサイ



エンス研究科教授.博士(理学). ■略歴 1974年広島県に生る.97年東京 大学理学部卒業.2002年博士(理学), 同年東京大学医科学研究所助手(竹縄忠 臣研究室),東京大学分子細胞生物学研究 所を経て,14年より現職. ■研究テーマと抱負 細胞の形態形成と

細胞機能の関連の研究を行っています. 特にまだ未解明の細胞におけるナノスケールの分子集合と脂質 膜の形態形成の関連に焦点を当てたいと考えています. ■ウェブサイト http://bsw3.naist.jp/suetsugu/

■趣味 登山, 旅行, スキー.

35.82) Guerrier, S., Coutinho-Budd, J., Sassa, T., Gresset, A., Jordan,