#### みにれびゅう

## 細胞膜ホスファチジルセリン-フリッパーゼの活性調節機構

申 惠媛, 高津 宏之

#### 1. はじめに

生体膜は脂質二重層で構成されており、その内葉と外葉においてリン脂質組成の非対称性を有する(図1). 細胞膜において、内葉(細胞質側)はホスファチジルセリン (PS) やホスファチジルエタノールアミン (PE) に、外葉(細胞外側) はホスファチジルコリン (PC) やスフィンゴミエリン (SM) に富んでおり<sup>1)</sup>、内葉と外葉のリン脂質構成の非対称性はリン脂質をフリップーフロップするタンパク質群によって調節される(図1). このタンパク質群には、リン脂質を細胞外側および内腔側からサイトゾル側へとATP依存的にフリップするフリッパーゼとその反対方向にフロップするフロッパーゼおよびATP非依存的に両方向にリン脂質をかき混ぜるスクランブラーゼが含まれる(図1).

リン脂質は主に小胞体膜のサイトゾル側で生合成される。生合成されたリン脂質は小胞体膜の脂質二重層間の脂質量のバランスを保つために内腔側へと輸送(フロップ)される $^{2)}$ が、そのメカニズムはまだわかっていない。PSの場合、生合成される小胞体膜では内腔側にも存在するが、トランスゴルジ、エンドソームのような分泌経路の後期のオルガネラ膜や細胞膜では、ほとんどがサイトゾル側に存在する $^{3)}$ . したがって、生体膜の特定のリン脂質を内腔側(および細胞外)からサイトゾル側へとフリップするフリッパーゼは、このような分泌経路の後期のオルガネラや細胞膜に存在し $^{4)}$ 、脂質二重層間の脂質組成の非対称な分布を調節すると考えられる。本稿では、最近筆者らの研究によって明らかになった細胞膜のPS-フリッパーゼの調節メカニズムについて概説する $^{5)}$ .

京都大学大学院薬学研究科(〒606-8501 京都市左京区吉田下 阿達町46-29)

Regulation mechanism of the PS-flippase ATP11C at the plasma membrane

**Hye-Won Shin and Hiroyuki Takatsu** (Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Kyoto University, 46–29 Yoshida-shimo-adachicho, Sakyo-ku, Kyoto 606–8501, Japan)

本論文の図版はモノクロ (冊子版) およびカラー (電子版) で 掲載

DOI: 10.14952/SEIKAGAKU.2018.900486 © 2018 公益社団法人日本生化学会

### 2. P4-ATPase (脂質フリッパーゼ) とPSの非対称分布

P4-ATPase は P-type ATPase スーパーファミリーのサブファミリーであり、リン脂質を細胞外側から細胞質側へとフリップする膜10回貫通型タンパク質である(図1および図2A). 他のP-type ATPase (Ca-ATPase, H/K-ATPase, Na/K-ATPase, Cu-ATPase など)は陽イオンを輸送し生体膜の内外でイオンの濃度勾配を調節する重要な役割を担っている.一方P4-ATPase は,イオンよりはるかに大きいリン脂質を輸送する特徴がある(表1)<sup>6</sup>. リン脂質のフリッパーゼとして初めて同定されたのがクロマフィン顆粒のATPase II タンパク質で,現在のATP8A1である10. その後,P4-ATPase の細胞内機能,基質特異性および活性調節

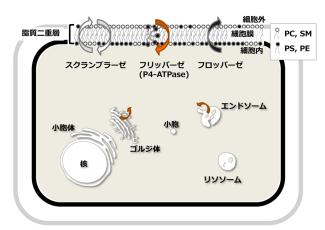


図1 リン脂質フリップ-フロップによる生体膜非対称性の調節 PC:ホスファチジルコリン、SM:スフィンゴミエリン、PS:ホスファチジルセリン、PE:ホスファチジルエタノールアミン.

表1 14種類のヒトP4-ATPaseの基質特異性<sup>8-10)</sup>

P4-ATPase	基質	P4-ATPase	基質
ATP8A1	PS>PE	ATP10A	PC
ATP8A2	PS>PE	ATP10B	不明
ATP8B1	PC	ATP10D	不明
ATP8B2	PC	ATP11A	PS, PE
ATP8B3	PS?	ATP11B	不明
ATP8B4	不明	ATP11C	PS>PE
ATP9A	不明		
ATP9B	不明		

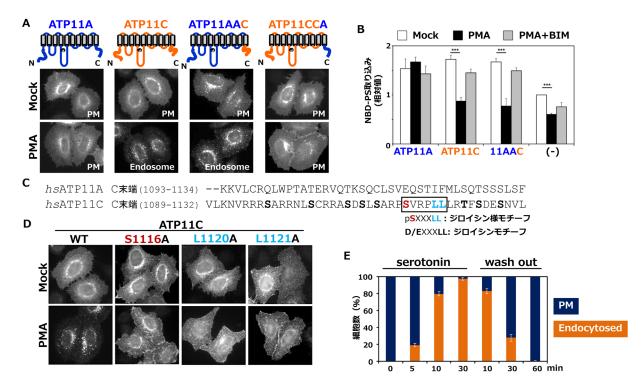


図2 ATP11Cのダウンレギュレーションメカニズム

(A)C末端にHAタグを融合させたATP11A, ATP11CおよびそれぞれのC末端置換変異体をHeLa細胞に発現させ、PMA 処理後の局在変化を観察した。(B)ATP11A, ATP11C, ATP11AACをBa/F3細胞(Pro Bリンパ球)に安定発現させ、PMA およびPMAとBIM同時処理による細胞膜のPS-フリップ活性を測定した(\*\*\*p<0.001). PMA: phorbol 12-myristate 13-acetate(PKC活性化剤),BIM: bisindolylmaleimide-1(PKC阻害剤). (C)ヒトATP11AとATP11CのC末端領域のアミノ酸配列.ATP11CのSerとThr残基(太字),Ser1116(赤太字),Leu1120とLeu1121(水色太字). (D)ATP11CのC末端領域のSer1116, Leu1120, Leu1121をそれぞれAlaに置換した点変異体をHeLa細胞に発現させ、PMA処理後の局在変化を観察した。(E)ATP11C-HAと5-HT2A(セロトニン受容体)をHeLa細胞に安定発現させ、セロトニン処理後(serotonin)のATP11Cの局在変化およびセロトニンを除去した後(wash out)の局在変化を観察した.ATP11Cが細胞膜に局在する細胞(紺色バー)とエンドソームおよび細胞膜に局在する細胞(橙色バー)の割合を棒グラフで示した.

メカニズムの研究は主に酵母の遺伝学的研究が先行するなか、哺乳類における P4-ATPase の研究はほとんど進んでこなかった。そのなかで筆者らは、ヒトの P4-ATPase の細胞内局在を決定し、細胞膜に局在する P4-ATPase の安定発現細胞を用いてそのフリップ活性および基質特異性を NBD (nitrobenzoxadiazole) で蛍光標識されたリン脂質を用いて明らかにしてきた $^{4,8,9}$ . これまでに明らかになっている P4-ATPaseの基質を表1にまとめた $^{4,6,8-10}$ . しかしながらこれらの P4-ATPase の活性がどのように調節されているかは不明である.

生体膜の全リン脂質のうち5~10%を占めるPSは、定常状態においてほとんどが細胞膜の内葉に存在する.このPSの非対称分布はP4-ATPaseによって形成・維持されている.PSの細胞表面への露出がアポトーシスを起こした細胞および活性化した血小板や赤血球でみられることはよく知られており、PSの露出にはスクランブラーゼの活性化とフリッパーゼの不活性化が必要であることが示唆されている<sup>11)</sup>.実際、アポトーシスを起こした細胞において.

PSの露出には細胞膜のPS-フリッパーゼであるATP11Cがカスパーゼによって切断され、不活性化されることが必要であると報告された $^{12}$ . しかしながら、このように死んで除去される細胞ではなく、生細胞におけるPS-フリッパーゼの調節メカニズムは不明であった.

#### 3. PS-フリッパーゼATP11Cのフリップ活性調節

筆者らは、細胞膜のPS-フリッパーゼであるATP11Cが  $Ca^{2+}$  依存性プロテインキナーゼ C (PKC) の活性化によってエンドサイトーシスされることを見いだした、細胞膜の ATP11Cは  $Ca^{2+}$  イオノフォア (A23187) 処理または PKC 活性化剤の PMA (phorbol 12-myristate 13-acetate) 処理によってエンドサイトーシスされ(図2A)、このエンドサイトーシスは PKC 阻害剤の処理によって阻害された.一方で、別の細胞膜の PS-フリッパーゼである ATP11A は、同様の条件下でエンドサイトーシスされなかった(図2A)ことから ATP11C が  $Ca^{2+}$  依存性 PKC の活性化によって特異

的にエンドサイトーシスされることがわかった. エンド サイトーシスされたATP11Cは初期エンドソームやリサイ クリングエンドソームに局在し、後期エンドソームには ほとんど局在しないことから、エンドサイトーシスされた ATP11Cは、分解されず細胞膜へリサイクルされる可能性 が考えられた(後述). ATP11Cのエンドサイトーシスに必 須な領域を同定するために、ATP11AとATP11CのN末端 およびC末端を置換したキメラタンパク質を作製し解析し たところ、C末端領域を置換したATP11AACはPMA処理 によってエンドサイトーシスされる一方で、ATP11CCAは エンドサイトーシスされないことがわかった(図2A). し たがって、ATP11CのエンドサイトーシスにはそのC末端 が不可欠であることが判明した.次に、細胞膜における PS-フリッパーゼの活性を測定したところ、PKC活性化に よって内在性のPS-フリップ活性が低下した [図2B(-)]. さらに、ATP11Cを安定発現している細胞では、コント ロールに比べPS-フリップ活性が上昇したが、その上昇し た活性はPMA処理によって低下した. しかしながら, AT-P11Aを安定発現する細胞では、上昇したPS-フリップ活性 がPMA処理により低下しなかった. 一方で、ATP11AAC キメラを安定発現する細胞では、コントロールに比べ上 昇したPS-フリップ活性がPMA処理によって低下した(図 2B). すなわち、ATP11CおよびATP11AACキメラタンパ ク質がPMA処理によってエンドサイトーシスされること で細胞膜のPS-フリップ活性が低下したと考えられた. こ のようなPMA 処理によるPS-フリップ活性の低下は、PKC 阻害剤(bisindolylmaleimide-1:BIM)を同時に処理するこ とで回復した (図2B). したがって、 $Ca^{2+}$ 依存性PKCの 活性化によってATP11Cがエンドサイトーシスされると細 胞膜におけるPS-フリップ活性が減少することが示唆され た.

#### 4. ATP11CのC末端領域のジロイシン様モチーフの同定

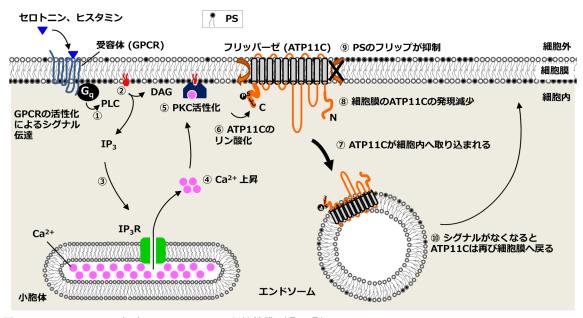
ATP11CのC末端領域にはPKCによってリン酸化される可能性のある9個のSerおよびThr残基が存在し(図2C), そのうち8残基のリン酸化がホスホプロテオームデータベースに登録されていた。そこで、9個すべてのSerおよびThrをそれぞれAlaに置換した変異体を作製し、エンドサイトーシスに必要な残基を調べたところ、ATP11CのSer1116をAlaに置換するとPKC活性化によってエンドサイトーシスされないことが判明した(図2D). 興味深いことに、このSerの下流には三つのアミノ酸をはさんでLeuが二つあることがわかった(図2C). ジロイシンモチーフ(D/EXXXLL)(図2C)は、さまざまな膜タンパク質のサイトゾル領域に存在し、クラスリンアダプタータンパク質のAP-2と結合することでエンドサイトー

シスのシグナルとして機能する<sup>13)</sup>. したがって, Ser1116 がPKCによってリン酸化されるとジロイシン様モチー フ (pSXXXLL) として機能する可能性が考えられた (図 2C). そこで、二つのLeuをそれぞれAlaに置換した変異 体を作製した. これらのATP11Cの変異体は、PMA存在下 でエンドサイトーシスされないことが明らかになった(図 2D). さらにSer1116のリン酸化を模倣するようにSerを Aspに置換すると定常状態でもATP11Cが細胞膜だけでな く細胞内のエンドソームに局在することがわかった。した がって、Ser1116がPKC活性化によってリン酸化されると pSXXXLLがジロイシン様モチーフとして機能し、ATP11C がエンドサイトーシスされることが示された. 紙面の都 合上データーは割愛するが、クラスリンをノックダウンし た細胞では、PMAあるいはA23187処理によるATP11Cの エンドサイトーシスが阻害されることから、ATP11Cはク ラスリン依存的にエンドサイトーシスされることがわかっ た. また、種々のPKCのアイソフォームのノックダウン 実験を行った結果、ATP11CはPKCαの活性化によってエ ンドサイトーシスされ、ダウンレギュレーションされるこ とがわかった.

# 5. GPCRのシグナルによるATP11Cのダウンレギュレーション

このようなCa<sup>2+</sup>依存的なPKC活性化によるATP11Cの ダウンレギュレーションが生理的条件下で行われている かどうかを調べるために、Gq共役型のGタンパク質共役 受容体 (GPCR) のシグナル伝達経路に着目した. Gq共 役型GPCRが活性化されると細胞内カルシウム濃度が上昇 しPKCが活性化される(図3). セロトニン受容体のうち、 Gg共役型である5-HT2A受容体とATP11CをHeLa細胞に 安定に発現させ、セロトニン刺激によるATP11Cの動態を 観察した. 図2Eで示すように、セロトニンを処理すると ATP11Cがエンドサイトーシスされることがわかった. ま た、BAPTA-AMの添加により細胞内Ca<sup>2+</sup>をキレートする とセロトニン処理による ATP11C のエンドサイトーシスが 阻害されることから、GPCRのシグナルによる細胞内カル シウム濃度の上昇によって、ATP11Cがエンドサイトーシ スされることが示された. さらに、処理したセロトニン を除去すると細胞内に取り込まれたATP11Cが再び細胞膜 へとリサイクルされることがわかった(図2E, wash out). したがって、Ca<sup>2+</sup>シグナル依存的にエンドサイトーシスさ れたATP11Cは、シグナルがオフになると再び細胞膜へリ サイクルされることが示された.

これまでの結果を図3にまとめた。①~④のシグナル依存的な細胞内 $Ca^{2+}$ 濃度の上昇による⑤PKCの活性化が,⑥ATP11CのC末端のSer1116をリン酸化し,ジロイシン



**図3** GPCR のシグナル伝達による ATP11C の調節機構 (①~⑩)

様モチーフを形成する.その後、⑦ATPIICはクラスリン依存的にエンドサイトーシスされ、⑧細胞膜から一時的にエンドソームへ隔離されることで、⑨細胞膜のPS-フリップ活性が低下する.⑩シグナルがオフになるとATPIICが再び細胞膜へリサイクルされることで細胞膜のPS分布の恒常性に寄与すると考えられた.筆者らは本研究によって初めてシグナル依存的なP4-ATPaseの活性調節メカニズムを示した.しかしながら、この調節機構の生理的意義に関してはまだ不明である.

#### 6. おわりに

PSの露出は、アポトーシスを起こした細胞や活性化した血小板や赤血球などの死にゆく細胞のみならず、正常な細胞でも起こる。脱分極したクロマフィン細胞におけるPSの露出は、代償性エンドサイトーシスに関与する<sup>14)</sup>.活性化した免疫細胞においてもPSが露出し、筋細胞や破骨細胞の融合のときにもPSの露出が必要である<sup>11,15)</sup>.活性化された血小板や赤血球およびアポトーシスを起こした細胞のPS露出は、スクランブラーゼの活性化とフリッパーゼの不活性化を必要とする<sup>11)</sup>.したがって、生細胞においても局所におけるシグナル依存的なPSの露出にはス

クランブラーゼの活性化とP4-ATPase(ATP11C)のダウンレギュレーションがセットになっていると考えられる. さらに、速やかなPS露出の回復のためには、細胞膜からエンドソームにいったん隔離したATP11Cを再びリサイクルするシステムが効率的であると考えられる. このようなシグナル依存的なATP11Cの調節メカニズムがどのような生理機能に関与するかを解明するのが今後の興味深い課題である.

#### 文 献

- Murate, M., Abe, M., Kasahara, K., Iwabuchi, K., Umeda, M., & Kobayashi, T. (2015) Transbilayer distribution of lipids at nano scale. *J. Cell Sci.*, 128, 1627–1638.
- Montigny, C., Lyons, J., Champeil, P., Nissen, P., & Lenoir, G. (2016) On the molecular mechanism of flippase- and scramblase-mediated phospholipid transport. *Biochim. Biophys. Acta*, 1861(8 Pt B), 767–783.
- Fairn, G.D., Schieber, N.L., Ariotti, N., Murphy, S., Kuerschner, L., Webb, R.I., Grinstein, S., & Parton, R.G. (2011) High-resolution mapping reveals topologically distinct cellular pools of phosphatidylserine. *J. Cell Biol.*, 194, 257–275.
- Takatsu, H., Baba, K., Shima, T., Umino, H., Kato, U., Umeda, M., Nakayama, K., & Shin, H.-W. (2011) ATP9B, a P4-ATPase (a Putative Aminophospholipid Translocase), Localizes to the

- trans-Golgi Network in a CDC50 Protein-independent Manner. J. Biol. Chem., 286, 38159–38167.
- Takatsu, H., Takayama, M., Naito, T., Takada, N., Tsumagari, K., Ishihama, Y., Nakayama, K., & Shin, H.-W. (2017) Phospholipid flippase ATP11C is endocytosed and downregulated following Ca<sup>2+</sup>-mediated protein kinase C activation. *Nat. Commun.*, 8, 1423
- Lopez-Marques, R.L., Theorin, L., Palmgren, M.G., & Pomorski, T.G. (2014) P4-ATPases: Lipid flippases in cell membranes. *Pflugers Arch.*, 466, 1227–1240.
- Zachowski, A., Henry, J.P., & Devaux, P.F. (1989) Control of transmembrane lipid asymmetry in chromaffin granules by an ATP-dependent protein. *Nature*, 340, 75–76.
- Naito, T., Takatsu, H., Miyano, R., Takada, N., Nakayama, K., & Shin, H.-W. (2015) Phospholipid flippase ATP10A translocates phosphatidylcholine and is involved in plasma membrane dynamics. *J. Biol. Chem.*, 290, 15004–15017.
- Takatsu, H., Tanaka, G., Segawa, K., Suzuki, J., Nagata, S., Nakayama, K., & Shin, H.-W. (2014) Phospholipid flippase activities and substrate specificities of human type IV P-type ATPases localized to the plasma membrane. *J. Biol. Chem.*, 289, 33543– 33556

- Andersen, J.P., Vestergaard, A.L., Mikkelsen, S.A., Mogensen, L.S., Chalat, M., & Modaly, R.S. (2016) P4-ATPases as phospholipid flippases-structure, function, and enigmas. *Front. Physiol.*, 7, 275.
- 11) Bevers, E.M. & Williamson, P.L. (2016) Getting to the outer leaflet: Physiology of phosphatidylserine exposure at the plasma membrane. *Physiol. Rev.*, **96**, 605–645.
- 12) Segawa, K. & Nagata, S. (2015) An apoptotic 'Eat me' signal: Phosphatidylserine exposure. *Trends Cell Biol.*, **25**, 639–650.
- 13) Bonifacino, J.S. & Traub, L.M. (2003) Signals for sorting of transmembrane proteins to endosomes and lysosomes. *Annu. Rev. Biochem.*, **72**, 395–447.
- 14) Ory, S., Ceridono, M., Momboisse, F., Houy, S., Chasserot-Golaz, S., Heintz, D., Calco, V., Haeberlé, A.M., Espinoza, F.A., Sims, P.J., et al. (2013) Phospholipid scramblase-1-induced lipid reorganization regulates compensatory endocytosis in neuroendocrine cells. *J. Neurosci.*, 33, 3545–3556.
- Verma, S.K., Leikina, E., Melikov, K., Gebert, C., Kram, V., Young, M.F., Uygur, B., & Chernomordik, L.V. (2018) Cellsurface phosphatidylserine regulates osteoclast precursor fusion. *J. Biol. Chem.*, 293, 254–270.

#### 著者寸描

●申 惠媛(しん へうぉん)



京都大学大学院薬学研究科准教授. 博士 (理学).

■略歴 韓国出身. 韓国国立慶北大学校生物学科卒業,同校修士課程修了. 筑波大学生物科学研究科細胞工学学際カリキュラム博士課程修了. ドイツEMBL・マックスプランク研究所のポスドク研究員,金沢大学薬学部助手,京都大学大学院薬学研究科助教,生命科学系キャリア

パス形成ユニットグループリーダーなどを経て2012年より現職

- ■研究テーマと抱負 生体膜の表裏の膜脂質の組成変化による 細胞機能の調節および多細胞系の高次機能の調節メカニズムを 理解したい.
- ■ウェブサイト http://www.pharm.kyoto-u.ac.jp/hshin/ShinIndex. html

■趣味 アウトドア, バレエ.

●高津 宏之(たかつ ひろゆき)

京都大学大学院薬学研究科研究員. 博士 (理学).

- ■略歴 愛知県出身,2001年筑波大学大学院生物科学研究科博士課程修了.
- ■研究テーマと抱負 フリッパーゼの活性がアポトーシスだけではなく様々な生命現象に結び付くはずだという考えのもとに、日々細胞と対話中.
- ■趣味 スケート.