課題名 (タイトル):

血小板凝集のマルチスケール解析

利用者氏名: 塩崎 聖治

所属:社会知創成事業 次世代計算科学研究開発プログラム

次世代生命体統合シミュレーション研究推進グループ 臓器全身スケール研究開発チーム

1. 本課題の研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係

心筋梗塞や脳梗塞等の血栓症の原因となる血 栓は血液中の血小板,赤血球,フィブリン等で構 成されている.動脈中では、血管内での血小板血 栓の形成が血液の凝固系を活性化し, 血栓の形成 が進行する. 血小板血栓の形成初期過程は, 血小 板の血管壁への吸着であり、これを血小板一次凝 集と言う. この一次凝集は血小板表面に存在する 膜糖タンパク GPIba (glycoprotein Iba)と血管内 皮細胞が損傷し, コラーゲンが曝露している部分 に存在している vWF (von Willebrand Factor)の A1 domain と呼ばれる部位との結合によって為 される. 2~4µm の円盤形をしている血小板表面 には1万5千から2万個程度のGPIbaが存在し ており, 血管内壁との吸着面では複数の GPIbα-vWF 結合が形成, 切断を繰り返している. 本研究ではこの血小板一次凝集について, GPIba-vWF 相互作用のタンパク質スケールから、 血小板一次凝集の血流スケールまでを繋ぐマル チスケールシミュレーションを念頭に置き,血小 板/血管壁吸着モデルの構築を行っている. 我々 はこれまでGPIbα-vWF結合をバネで近似したモ デルを用いた解析を行ってきており, 現在, より タンパク質の力学特性に近いエントロピー弾性 モデルを用いた解析,及び分子動力学法を用いて 結合のモデル化を試みている. そして, 臓器全身 スケール研究開発チーム及び細胞スケール研究 開発チームが中心となって開発を進めている血 栓シミュレーターで行っている血流のシミュレ ーションへと繋ぐマルチスケールシミュレーシ ョンを行い, 血栓症の診断や創薬への応用を試み る.

2. 具体的な利用内容、計算方法

血小板/血管壁接触面について, Fig. 1 に示した 相互作用モデルを考えた. GPIbα は血小板細胞膜 上を拡散しているとし、vWF は血管壁に固定さ れており、vWFと結合を形成している GPIba に ついては、拡散せず、膜上を移動しないとした. また、vWF 近くの GPIba は kfの rate で vWF と の結合を形成し、GPIb α -vWF 結合は k_r の rate で切断されるとした.一辺 1500nm の周期境界条 件を適用した正方形の計算領域を考え、その中央 部に 300nm 四方の GPIbα 局在領域を設定した. この局在領域は GPIba の蛍光観察でその存在が 確認されており、血小板/血管壁間の相互作用に 大きな影響を与えている可能性が指摘されてい るものである. 計算領域において 2nm 間隔の格 子を考え、GPIbα はその格子点上を移動するとし た. 計算領域中には vWF との結合を形成できる 格子点を 3600 カ所均等に配置し, 4000 個の GPIba を考え、kinetic Monte Carlo 法を用いて 解析を行った. なお, ここではタンパク質結合の モデルk_t及びk_rとして従来よく用いられる線形バ ネモデルと、タンパク質の力学特性をよく再現で きるエントロピー弾性を考慮したモデルである Worm-like Chain (WLC)モデルを用いて構築し たモデルを比較した.

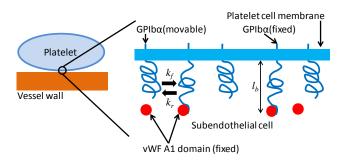


Fig. 1 Schematic illustration of platelet/vessel wall interface.

3. 結果

血小板の吸着力の静的な応答を調べるために, 血小板-血管壁間の距離 Ib を固定し、GPIba の 分布及び結合の数が平衡状態になるまで計算を 行い, 結合数と個々のタンパク質結合の力から吸 着力の時間平均を求めた. *lb*=0 から 50nm まで 1nm 間隔で計算を行い Fig.2 に示す吸着力のプ ロファイルを得た. ここでは GPIbα 局在領域の 密度が通常領域の5倍かつ平衡定数が1×103の場 合について示す. 青線は線形バネモデル, 赤線は WLC モデルを用いた場合で、実線は計算領域中 の局在域 (0.09μm²) での吸着力であり, 点線は 0.09µm² に相当する非局在域での平均の吸着力 である. 血小板-血管壁間の距離が大きくなるに 従って、結合の本数が維持されたまま GPIbα-vWFの1本1本の吸着力が大きくなるた め、始めは全体の吸着力が大きくなる. しかしな がら、kfは小さく、krは大きくなるため、ある時 点から結合の数が減少していき,全体の吸着力は 急激に小さくなった. WLC モデルを用いた場合, 線形バネモデルを用いた場合よりも,吸着力の最 大値は小さくなったが,より離れた距離まで結合 が維持された. 光ピンセットや AFM を用いた引 っ張り試験の結果から、タンパク質の力学特性は WLC モデルでよく表現できることが知られてい る. 線形バネモデルはタンパク質の結合部分に重 点を置いたモデルであるため、WLC モデルより も硬く切れやすいモデルとなっていることが分 かる.

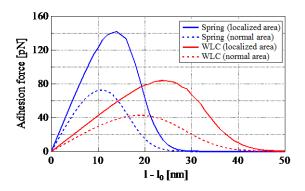


Fig.2 Profile of the adhesion force between a platelet and vessel wall.

4. まとめ

タンパク質結合のエントロピー弾性を考慮した結合・切断モデルを提案し,動的モンテカルロ法を用いた解析によって血小板と血管壁との間のタンパク質結合の本数を統計的に評価し、その吸着力を求め、線形バネモデルとの比較を行った.

5. 今後の計画・展望

現在、タンパク質間相互作用について分子動力 学法を用いた解析を行っており、今後、Potential of Mean Force を用いて GPIba-vWF 結合モデル を構築していく予定である.

平成 24 年度 RICC 利用報告書

平成 24 年度 RICC 利用研究成果リスト

【国際会議、学会などでの口頭発表】

S. Shiozaki and S. Takagi, "Kinetic Monte Carlo Simulation of Platelet Adhesion on a Vessel Wall", 10th World Congress on Computational Mechanics, July 2013, Sao Paulo.

塩崎聖治, 高木周, "分子論的アプローチによる血小板-血管壁間相互作用の解析", 日本機械学会 2012 年度年次大会, 2013 年 9 月, 金沢.