

研究成果報告書

研究テーマ (和文)	分子生態学的アプローチによるクモ造網行動で用いる多様な糸タンパクの合成機構解明			
研究テーマ (英文)	Towards understanding the biosynthesis pathway of spider silk protein from the molecular ecological approaches			
研究期間	2019年 ~ 2022年	研究機関名 慶應義塾大学		
研究代表者	氏名	(漢字)	河野暢明	
		(カタカナ)	コウノブアキ	
		(英文)	Nobuaki Kono	
	所属機関・職名		慶應義塾大学・特任准教授	
共同研究者 * 2名をこえる場合は、【別紙追加用紙】(P3)に3人目以降を追記してください。	氏名	(漢字)		
		(カタカナ)		
		(英文)		
	所属機関・職名			
	氏名	(漢字)		
		(カタカナ)		
		(英文)		
所属機関・職名				
概要 (600字~800字程度にまとめてください。)				
<p>生物由来のバイオマテリアルを新素材として人工利用するという近年の流れは、エネルギー問題解決の糸口にもなり、ある種の産業革命と云われている。中でもクモ糸には非常に多くの注目が集まっている。クモ糸の最大の魅力はクモ1個体が硬い糸や柔らかい糸など7種類もの性質が異なる糸を作るという多様性である。特にその多様な糸が用いられるシーンは網を張る時だと言われている。しかしながら、クモが実際に色々な糸をどのように作り・使い分けているのかを分子レベルではほとんど理解できていない。そこで本研究課題ではクモの造網行動を追いながら、作られた糸の組成解析を行うとともに、その糸を作り出す時のクモ体内タンパクや代謝物質を測定し、クモ糸作り分けに関する分子生物学的な理解を目指した。</p> <p>研究成果としてまず、クモの造網行動を分子レベルで明らかにするべく、ゲノム、トランスクリプトーム、プロテオームを組み合わせたマルチオミクス解析により、網構造に関する分子基盤の整備を行った。円状の網を作る糸遺伝子の全レパートリーをカタログ化し、その分子進化系統を明らかにした(Kono <i>et al.</i>, 2020, <i>Scientific Reports</i>)。また対象種を国外にまで広げ、ジョロウグモ近縁種4種や、世界一強い糸を作るダーウィンスバークスパイダーのゲノム配列を決定し、糸の強さを支える因子の存在を明らかにした(Kono <i>et al.</i>, 2021, <i>Open Biology</i>; Kono <i>et al.</i>, 2021, <i>Mitochondrial DNA Part B</i>; Kono <i>et al.</i>, 2021, <i>PNAS</i>)。さらにクモ糸遺伝子のアミノ酸組成の特徴を他種と比較するべく、ミノムシ3種の糸遺伝子レパートリーを整理し、クモ糸をクモ糸たらしめるアミノ酸モチーフを発見した(Kono <i>et al.</i>, 2021, <i>Zoological Letters</i>)。以上の成果をまとめ、クモ糸の強さを支える因子として SpiCE という新奇物質を同定し、人工クモ糸材に混ぜ、その物性を劇的にあげることに成功した(Kono <i>et al.</i>, 2021, <i>PNAS</i>)。</p>				

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）						
雑誌	論文課題	Multicomponent nature underlies the extraordinary mechanical properties of spider dragline silk				
	著者名	Nobuaki Kono et al.	雑誌名	Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America		
	ページ	e2107065118	発行年	2 0 2 1	巻号	118 (31)
雑誌	論文課題	The balance of crystalline and amorphous regions in the fibroin structure underpins the tensile strength of bagworm silk				
	著者名	Nobuaki Kono et al.	雑誌名	Zoological Letters		
	ページ	11	発行年	2 0 2 1	巻号	7 (1)
雑誌	論文課題	Darwin's bark spider shares a spidroin repertoire with <i>Gaerostis extrusa</i> but achieves extraordinary silk toughness through gene expression				
	著者名	Nobuaki Kono et al.	雑誌名	Open Biology		
	ページ	210242	発行年	2 0 2 1	巻号	11 (12)
雑誌	論文課題	The complete mitochondrial genome of <i>Trichonephila clavipes</i> (Araneae: Araneidae)				
	著者名	Nobuaki Kono et al.	雑誌名	Mitochondrial DNA Part B		
	ページ	2986~2988	発行年	2 0 2 1	巻号	6 (10)
雑誌	論文課題	Spidroin profiling of cribellate spiders provides insight into the evolution of spider prey capture strategies				
	著者名	Nobuaki Kono et al.	雑誌名	Scientific Reports		
	ページ	15721	発行年	2 0 2 0	巻号	10 (1)
図書	書名					
	著者名					
	出版社		発行年		総ページ	

英文抄録（100語～200語程度にまとめてください。）

We established the molecular basis of web formation behavior in spiders by conducting a multi-omics analysis of the genome, transcriptome, and proteome analyses. We catalogued the entire repertoire of spider silk genes that make up the circular webs and clarified their molecular evolutionary phylogeny (Kono *et al.*, 2020, *Scientific Reports*). We have also expanded our target species beyond Japan, sequencing the genomes of four related species of golden silk orb-weavers and Darwin's bark spider, which produces the strongest threads in the world, and have identified factors that support thread strength (Kono *et al.*, 2021, *Open Biology*; Kono *et al.*, *Mitochondrial DNA Part B*; Kono *et al.*, 2021, *PNAS*). Furthermore, to compare the amino acid composition of spider silk genes with other species, we organized the silk gene repertoires of three species of bagworm and discovered the amino acid motifs that make spider silk spider silk (Kono *et al.*, 2021, *Zoological Letters*). In summary, we identified a novel substance, SpiCE, as a factor supporting the strength of spider silk and succeeded in dramatically improving its mechanical properties by mixing it into artificial spider silk (Kono *et al.*, 2021, *PNAS*).