クモ類の網羅的シーケンシング

○荒川和晴1、河野暢明1、藤原正幸1、中村浩之2、伊藤雄介2、冨田勝1（1慶大・先端生命研, 2スパイバー(株)）

クモ糸はその強靭さや再生可能性などから、次世代の高機能構造タンパク素材として注目されている。我々は革新的研究開発推進プログラム（ImPACT・鈴木PM）の一部として、クモ糸の高機能発現メカニズムを明らかにするため、網羅的な遺伝子配列の取得を進めている。クモ類はゲノムサイズが数GBと大きいため、本研究では超並列シーケンサーを用いたde novoトランスクリプトームシーケンシングによって発現している遺伝子に限定してRNAの配列解析を行い、最終的に1,000サンプルの決定を目指している。得られた配列を系統解析し、また同時に進行しているプロジェクトから得られるクモ糸の網羅的物性測定データと照らし合わせることによって、特定の物性に寄与する配列構造を明らかにできると考えている。本プロジェクトから得られた配列は、最終的には公共データベースにて公開する予定である。本発表ではこの網羅的シーケンシングプロジェクトの概略及び、現状での進捗について紹介する。