

放射光を利用したシルクの構造解析

沼田圭司

理化学研究所環境資源科学研究センターバイオ高分子研究チーム 〒351-0198 埼玉県和光市広沢 2-1

増永啓康

高輝度光科学研究センター 回折・散乱推進室 〒679-5198 兵庫県佐用郡佐用町光都 1-1-1

要旨

蜘蛛の糸などを構成するシルクタンパク質は、代表的な構造タンパク質であり、アミノ酸配列に代表される化学構造から、自己組織化により形成される階層構造まで、多様な要因が、最終的な材料の物性を決定している。本稿では、SPring-8を利用したシルクの構造解析に関して、筆者らが取り組んできた研究内容を概説する。

1. はじめに

クモやカイコなどの一部の生物種が生産するシルクと呼ばれる構造タンパク質は、結晶成分としてベータシート構造を形成することで、網目状の分子構造に剛直性を持たせ、強度と伸びを兼ね備えた特異的な機械的物性を達成している¹⁾。近年では、日本を中心としたアジア諸国のコンソーシアムにより、カイコの繭糸を利用した物性の多様性が報告されるなど、高分子素材としてのシルクが再評価されている²⁾。この繭糸の構造評価には、SPring-8のWAXS測定が含まれている (Fig. 1)。また、アミノ酸配列の解明や、化学合成したモデルペプチドとカイコ繭糸の物性の比較検討により、材料設計に有用な知見を引き出すことに成功している。例えば、シルクの結晶構造を構成す

るアミノ酸配列と、シルク繊維の熱分解温度の相関から、シルク素材の熱物性を分子レベルから設計する知見が示されている³⁾。また、水への感受性を高めるアミノ酸配列が明らかとなり、水への耐性が比較的高い遺伝子組み換えシルクなどの開発指針も示されている⁴⁾。また、合成高分子と複合化することで、シルク材料の欠点である耐水性やバリア性などを改善できることも報告されている⁵⁾。このように、シルクをはじめとした構造タンパク質の物理的および機械的性質を制御するために欠かせない基礎情報が、徐々に整備されてきている。

2. 紡糸機構

シルクタンパク質は、ベータシート構造を周期的に形成

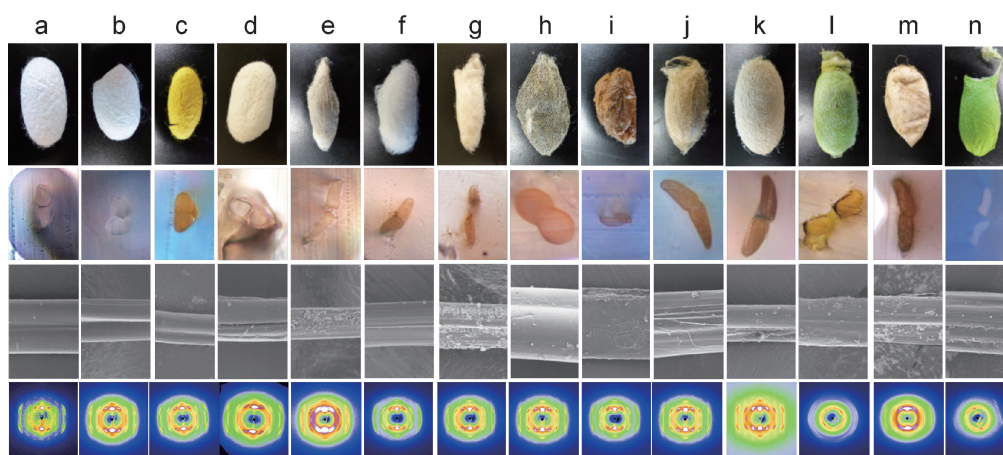


Fig. 1 Morphologies of the different silks used in this study. *First row*, representative photographs of cocoons (not to scale); *second row*, representative photomicrographs showing cross-sections of silk fibres embedded in cyanoacrylate glue; *third row*, representative SEM images of fibre surfaces; *fourth row*, WAXS reflection patterns of the different silks. (a) *B. mori* Japan; (b) *B. mori* China; (c) *B. mori* Thailand; (d) *B. mori* India; (e) *A. pernyi* Japan; (f) *A. pernyi* China; (g) *A. yamamai*; (h) *A. assama*; (i) *S. c. ricini* Japan; (j) *S. c. ricini* India; (k) *S. c. pryeri*; (l) *A. aliena*; (m) *R. fugax*; (n) *S. jonasii*.²⁾

することで、特異的な物性を達成することに成功している。クモの糸、特に、牽引糸と呼ばれるライフラインは、その軽量かつ強靱な物性から、高強度構造材料など幅広い分野への応用が期待されている。一方で、その紡糸機構は未だ明らかになっておらず、クモの糸を人工的に紡糸する技術が効率的に開発されない要因の一つに挙げられている。そのため、クモ糸の形成過程におけるシルクタンパク質の構造変化を明らかにし、クモ糸の紡糸機構を解明することは、人工的なクモ糸の開発や、有機溶剤を使わない環境低負荷型の加工プロセスの実現に向けて非常に重要な課題である。

現在、クモの大瓶状腺内のシルク、即ち紡糸前のシルクの構造は、液晶だという説と高濃度ミセル溶液であるという説が提唱されている。最近の筆者らの一連の研究結果は、液晶だという説を支持している。シルクタンパク質は、その両末端であるN末端とC末端の構造が、分子間の相互作用に寄与し、糸の形成が進行することが知られている。一方で、N末端とC末端の間に存在する繰り返し配列は、グリシンを多く含む非晶領域がポリプロリンIIヘリックス構造を形成し、糸の形成過程における剪断力および脱水により結晶領域のベータシート構造の形成を支援していることが、溶液NMRの研究結果から示唆されている⁶⁾。さらに、グリシンを多く含む非晶領域がポリプロリンIIヘリックス構造を形成することで、シルクタンパク質の非特異的な凝集を防ぐことに寄与していると推察している。

大型放射光 SPring-8 を利用した研究成果により、新しい知見も明らかになっている。紡糸前後のジョロウグモの

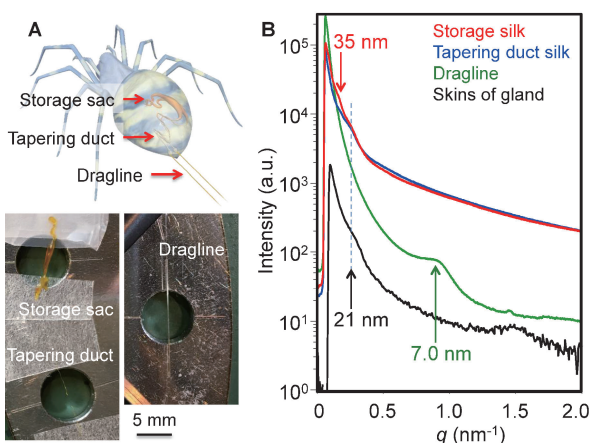


Fig. 2 (Color online) The anatomy and SAXS analyses of the spider gland and dragline silks. (A) The anatomy of the storage sac, tapering duct and dragline and the samples used for the X-ray scattering measurements. The samples were attached immediately after they were removed from *N. clavata*. (B) One-dimensional (1D) SAXS profiles of the storage silk (red), tapering duct silk (blue), dragline silk (green) and gland skin (black). Each arrow indicates the size of the structure assigned to the peak.⁷⁾

シルクタンパク質を小角X線散乱 (SAXS) により解析した結果、ミセルとは異なり、周期構造を有しないタンパク質の集合体が形成されていることが明らかとなった。また、広角X線解析 (WAXS) から、紡糸直前のタンパク質溶液 (液晶状態) では、結晶であるベータシート構造が顕著には形成されていないことも示唆された (Fig. 2)⁷⁾。さらに、原子間力顕微鏡 (AFM)、走査型電子顕微鏡 (SEM) を利用した形態観察、および複屈折測定などから、100 nm 程度の液晶性の顆粒が紡糸過程で形成され、マイクロフィブリルを構築していることが示されている。SPring-8 45XU の小角X線散乱測定から、周期的な構造、特にミセル特有の散乱は確認できなかった。この結果から、シルクが形成する顆粒状の構造体は、ミセルではなく乱れた構造を有する分子集合体であることが明らかとなった。

3. ベータシート構造

紡糸機構のような複雑なプロセス以外にも、放射光を利用した構造解析は利用されている。シルク繊維の最も基本的かつ重要な骨格として、ベータシート構造が挙げられる。この結晶性の構造体は、シルクの種類により結晶格子が僅かに異なる。我々の研究グループは、過去の研究例を参考に^{8,9)}、日本由来の天蚕と呼ばれる *Antheraea yamamai* シルク繊維の結晶構造を報告している (Fig. 3)¹⁰⁾。空間群は、 $P2_1-C_2^2$ とし、各面間隔から結晶格子は $a=10.72 \text{ \AA}$, $b=9.73 \text{ \AA}$, c [fiber axis] = $6.80 \pm 0.05 \text{ \AA}$ と算出している。

また、形成された糸が、延伸などにより変形する際の動的な構造変化についても、SPring-8 にて解析されている。シルクの機械的特性や光学的性質を実現するためには、ベータシート構造の組成や配向が重要であることが知られている。ジョロウグモ *Nephila clavipes* 由来の牽引糸および横糸、家蚕 *Bombyx mori* の繭糸を試料として用い、WAXS のタイムラプス測定を行うことで、延伸過程におけるシルク繊維の構造解析を進めた¹¹⁾。延伸前の構造解

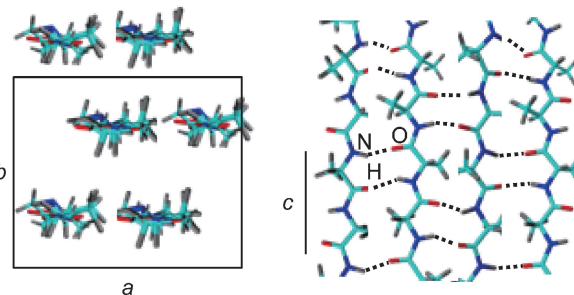


Fig. 3 (Color online) Antiparallel β -pleated sheet structure with an orthogonal unit cell with dimensions $a = 10.72 \text{ \AA}$, $b = 9.73 \text{ \AA}$, c (fiber axis) = $6.80 \pm 0.05 \text{ \AA}$.¹⁰⁾

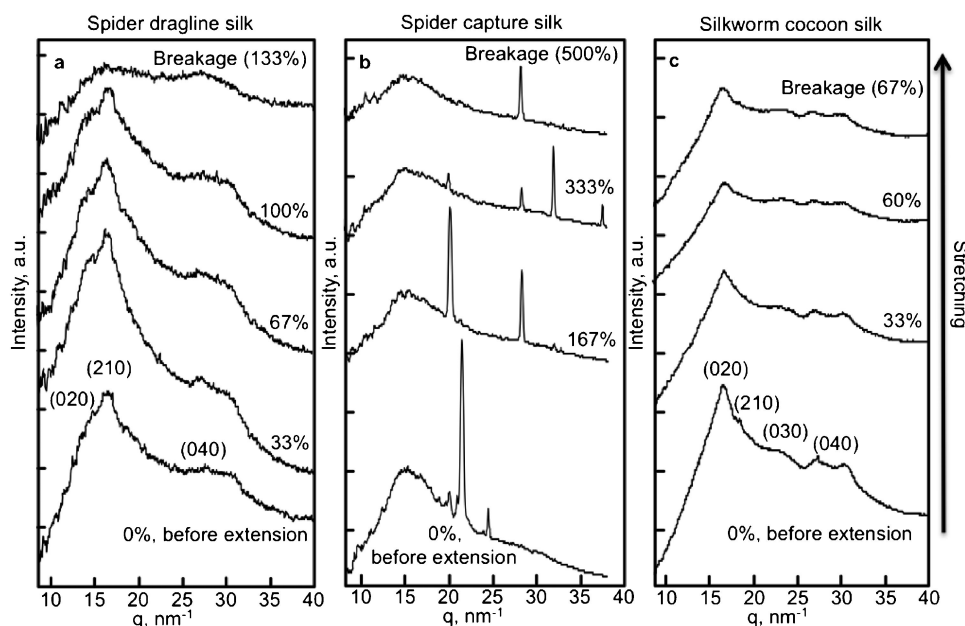


Fig. 4 One-dimensional WAXS profiles derived from the 2D WAXS patterns of spider dragline silk (a), spider capture silk (b) and silkworm cocoon silk (c) before and during stretching deformation. The bottom profiles are original profiles before the stretching deformation. Moving from the bottom to top profiles represents the samples as they were stretched until breakage. The profiles were assigned Gaussian functions for a broad peak due to a halo and the Bragg reflections (020)/(210)/(040) in dragline silk (a) and (020)/(210)/(030)/(040) in silkworm silk (c).¹¹⁾

析では、牽引糸は、ベータシート構造由来の散乱パターンが観察された。横糸は結晶性の散乱パターンが観察されず、非晶性の繊維であることが改めて確認された。一方で、カイコの繭糸も、ベータシート構造が支配的な結晶構造を有していることが明らかとなり、過去のカイコ繭由来のシルクの構造と良い一致を示した。クモの牽引糸は延伸過程において、ベータシート構造がさらに形成され、延伸配向による結晶化が誘起される一方で、クモの横糸は、完全な非晶繊維であり、延伸によってベータシートなどの結晶構造が誘起されることは無かった (Fig. 4)。また、カイコ由来のシルク繊維は、延伸による結晶化が顕著には観察されず、延伸前から結晶化が十分に誘起されていることが示唆された。これらの結果から、牽引糸は、延伸過程において結晶化が進むことで、牽引糸の過度な延伸や破断を防ぐ役目を果たしており、横糸は結晶を誘起させないことで、クモの餌を捕獲するために必要な巣の透明性を維持する役割があると考えられる。また、カイコ由来のシルク繊維は結晶化が十分に誘起されており、外部刺激から繭内部を保護するために、結晶化度の高い構造を形成していることが明らかとなった。

4. 人工的に調製したシルク材料

天然のシルク繊維に加えて、人工的に紡糸したシルク繊維の構造解析も SPring-8 にて行っている。有機溶剤を利

用した人工シルクの紡糸などは、Holland らの総説に良くまとめられている¹²⁾。人工シルク紡糸過程では、シルク溶液を固化させてベータシート結晶化を進行させる過程と、その後、糸を巻き取ることでベータシート結晶を配向化させる過程の2つの段階を経る。アルコール系溶媒は、シルクのベータシート結晶化の誘起に優れているが、その結晶化速度が速すぎるため、天然繊維と同様なベータシート結晶化と繊維軸に沿った分子配向が達成できていないことが、人工紡糸技術の問題点として挙げられる。一方で、シルク水溶液を利用した紡糸例は多くない。代表的な報告は、Rising らの酸性緩衝液を利用した紡糸であるが、繊維の構造解析などは詳細には行われていない¹³⁾。シルクタンパク質は水に容易には直接溶解しないが、臭化リチウムのような高濃度のカオトロピック溶媒に対しては溶解性を示し、水で透析処理をすることで、シルクの水溶液を一時的に調製することが可能である。筆者らは、このシルク水溶液を用いて、天然の *B. mori* 繊維と同程度のタフネスを有する人工シルク繊維と、その構造解析結果について報告している¹⁴⁾。ここで言うタフネスとは、糸を破断するために必要なエネルギー量である。そこで筆者らは、シルクを非晶の状態に固化させた後、その後の巻き取り過程で糸の結晶化と配向化を進行させることを検討した。ここで重要な発見が、テトラヒドロフラン (THF) を凝固浴とすることで、シルクを非晶状態で固化できることを見出した点である。THF で固化することで、ベータ

シート構造を誘起せずに繊維化可能であることを WAXS 測定から確認している。その結果、THF を凝固浴とした人工紡糸を行い、光沢のある、表面が滑らかな糸を調製した (Fig. 5)。得られた糸の強度は巻き取り速度に依存して向上し、高速での紡糸によって、強度を 0.22 ± 0.01 GPa にまで向上できた。一方、延伸度に関しては、中速度の巻き取りの場合に最大値を示した。その延伸度 $67.0 \pm 12.2\%$

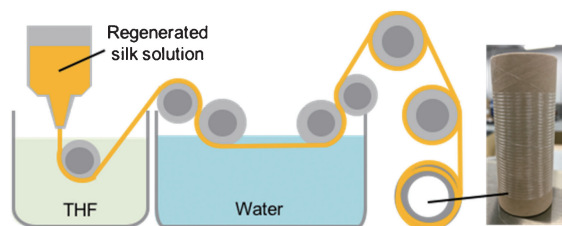


Fig. 5 (Color online) Amorphous silk fiber spinning system and the resultant taken-up silk fiber.¹⁴⁾

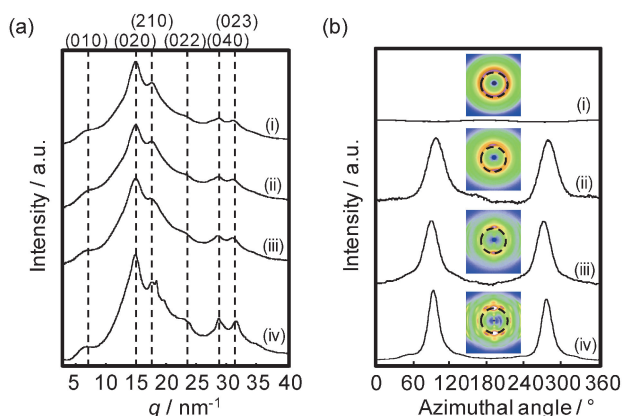


Fig. 6 (Color online) Structural analyses of silk fibers by WAXS. (a) One dimensional radial integration profiles and (b) azimuthal intensity profiles of the radially integrated (020) peak of postdrawn silk fibers with different draw-down ratios: (i) 1, (ii) 3 and (iii) 4.5, compared with profiles of (iv) native *B. mori* fiber. Broken lines in (a) represent the positions of WAXS peaks from crystal regions. Broken-line circles in (b) indicate the profiles used to obtain the azimuthal intensity profiles.¹⁴⁾

は、天然のカイコ繭糸より2.5倍大きい値であった。タフネスに関しては、延伸度と類似した傾向を示し、中速度での紡糸の場合に最大値 0.10 GJ/m³ を示し、天然カイコ繭糸と比べて1.5倍向上した。WAXS 解析の結果、人工紡糸した糸の結晶化度は、天然の糸よりも低かったが、高速で紡糸した場合の配向度は天然の糸と同等であった (Fig. 6)。結晶化度が低い一方で、ベータシート結晶が配向したことで延伸度が天然と比較して向上し、その結果としてタフネスの値が天然糸を凌駕したと考えられる。

繊維だけでなく、シルクタンパク質の水溶液をフィルム状に成型した試料を用いて、環境制御型の WAXS 測定も行われている。温度制御や、DSC との同時測定、湿度制御など、様々な環境条件において測定を行ってきた。一例として、湿度と温度を同時に制御し、WAXS を測定した結果を Fig. 7 に示す¹⁵⁾。低湿度 (RH6%) 条件の40°Cではヘリックス由来の格子面間隔0.47 nm のピークが観察された。その後、シルクフィルムの加熱に伴い、220°C付近からベータシート構造に由来する格子面間隔0.45 nm と0.37 nm のピークが確認された。一方で、高湿度条件 (RH75%) で測定した場合、昇温処理以前にベータシートに由来するピークが観察された。このことから、シルク分子鎖は水分子と水素結合を形成した結果、シルク分子鎖間の水素結合数が減少することで、シルク分子の運動性が向上し、ベータシート結晶が誘起されることが示唆された。さらに、シルクの機械的強度に水分子が与える影響について、各湿度条件にて引張試験を行った結果、相対湿度97%で処理したフィルムは破断までの延伸度が大きく向上していることが分かった。そこで、各湿度条件下の結晶化度、延伸度、強靱性の関係を調べたところ、相対湿度の上昇につれて、結晶化度は増加し、同時に延伸度と強靱性が向上することが分かった¹⁵⁾。一般に、高分子材料は結晶化度の増加に伴い、延伸度は低下するが、シルクの場合、水分子が結晶化度と延伸度を向上させた。これは水の可塑化作用によって結晶化が促進された一方で、アモルファス領域では分子鎖の運動性が向上し、柔軟性を向上させたことによると考えられる。

シルクを材料として利用する際に、用途に合わせて物性

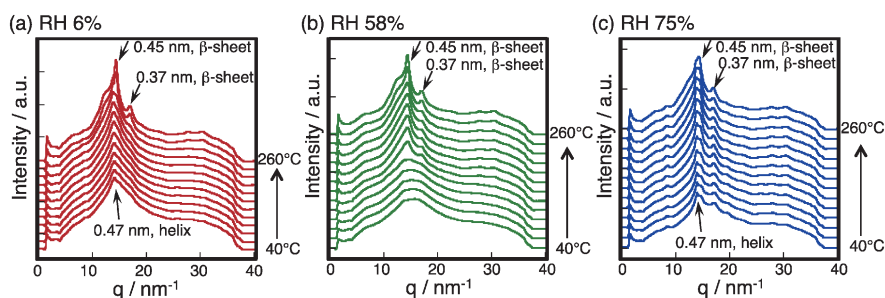


Fig. 7 (Color online) WAXS data of *B. mori* silk films incubated at (a) RH 6%, (b) RH 58%, and (c) RH 75% during the heating process. Each WAXS profile was measured at 20°C intervals from 40 to 260°C.¹⁵⁾

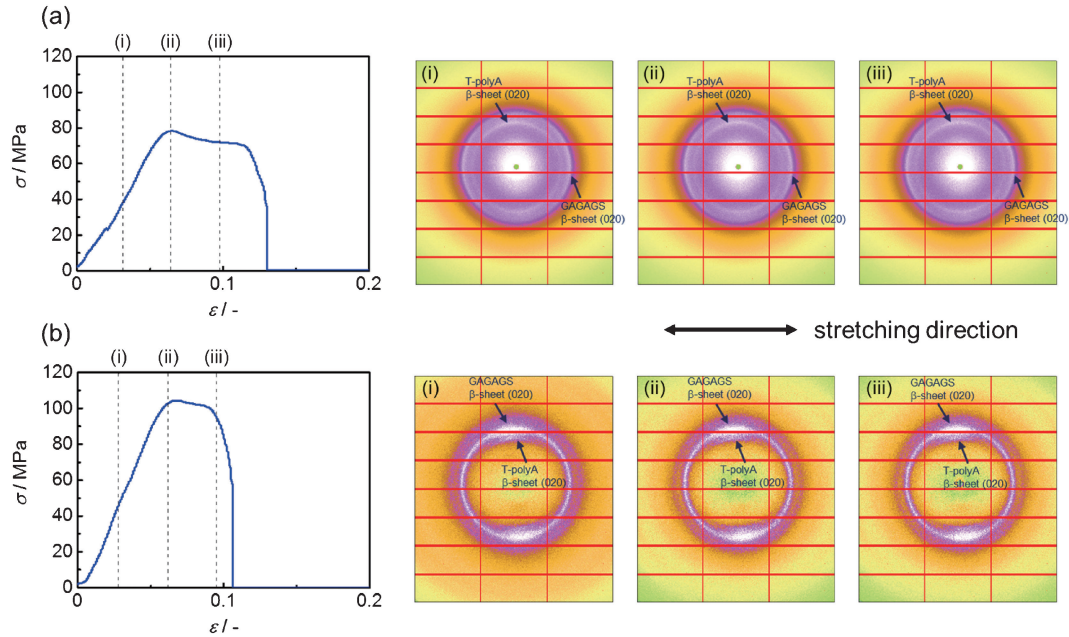


Fig. 8 (Color online) Stress-strain curves with 2D WAXS profiles collected at specific time points for the silk composite film containing T-polyA with pre-stretching ratios of (a) 75% and (b) 100%.¹⁷⁾

の改質を行うことは必須であり、化学修飾法やコンポジット化など様々な方法でシルク材料の改質が報告されている。筆者らは、シルクと同じく生分解性であり、ベータシート形成能を有するテレケリック型ポリアラニンを添加剤として加えることで、機械的物性の容易な向上を目指した。我々は、化学酵素重合により合成したテレケリック型ポリアラニンがその特殊な構造から通常の線状ポリアラニンとは異なるモルフォロジーを持つ結晶構造を形成することを見出している¹⁶⁾。*B. mori*由来のシルクフィルムへ、テレケリック型ポリアラニンを添加することで、フィルム全体の力学物性および構造へ与える影響と、フィルムの機械的強度および結晶構造の相関について調べた¹⁷⁾。5 wt%のテレケリック型ポリアラニンを添加した HFIP シルク溶液および無添加のシルク溶液からキャストを行い、2種類のシルクフィルムを作製し、延伸処理を施した。テレケリック型ポリアラニンを添加したシルクフィルムでは引張強度が大きく向上した。このような効果は、クモ糸由来のシルクを用いても報告されている¹⁸⁾。Fig. 8に引張試験とWAXSの同時測定を SPring-8にて実施した際の結果を示す。テレケリック型ポリアラニンを加えることで、*B. mori*シルクに特徴的な GAGAGS 配列由来の逆平行ベータシート構造による回折ピークに加えて、ポリアラニン由来の逆平行ベータシート構造による回折ピークが観測され、シルク由来のベータシート構造とは異なる結晶ドメインを形成していることが示唆された。この新たな結晶形成が、破壊伸びと破壊強度に強く影響しており、テレケリック型ポリアラニンの添加剤としての有用性を明示している。

5. 化学酵素重合への展開

最後に、シルクを模倣した高分子素材を、試験管内で酵素触媒により合成する研究に関する SPring-8 の利用例を紹介する。我々は2段階の化学合成的手法を用いて、クモ糸タンパク質のアミノ酸配列に類似した一次構造を持つ人工ポリペプチドを合成できることを報告している¹⁹⁾。まず、アミノ酸エステルを出発原料として、結晶領域であるポリアラニン配列およびグリシンを多く含む非晶配列を、化学酵素重合という酵素を触媒とした重合反応により合成した。科学酵素重合については、他の総説を参照されたい²⁰⁻²²⁾。次に、これらのポリペプチドブロックを重縮合によりさらに連結することで、クモ糸タンパク質が持つ繰り返し配列に似た構造を持つマルチブロックポリペプチドを合成することに成功している。このシルクを模倣したマルチブロックポリペプチドは、ポリアラニン配列由来の逆平行ベータシート構造を形成し、天然のクモ糸に類似した結晶性を示すことが確認されている (Fig. 9)。ポリアラニンやグリシンとロイシンの共重合体では、シルクと大きく異なる二次構造を示すが、マルチブロックにすることで、はじめてシルクに類似した二次構造を示す。特に、ポリアラニン配列の存在比がクモ糸のシルクに近いマルチブロックポリペプチドでは、天然のシルクタンパク質と同様に、マイクロフィブリルを形成することが原子間力顕微鏡観察により確認されている。化学酵素重合を利用することで、ナイロンユニットや非天然のアミノ酸をポリペプチドの配列に共重合化することが可能になってきた^{23,24)}。ペプチドにナイロンを組み込み、その融解挙動を WAXS と

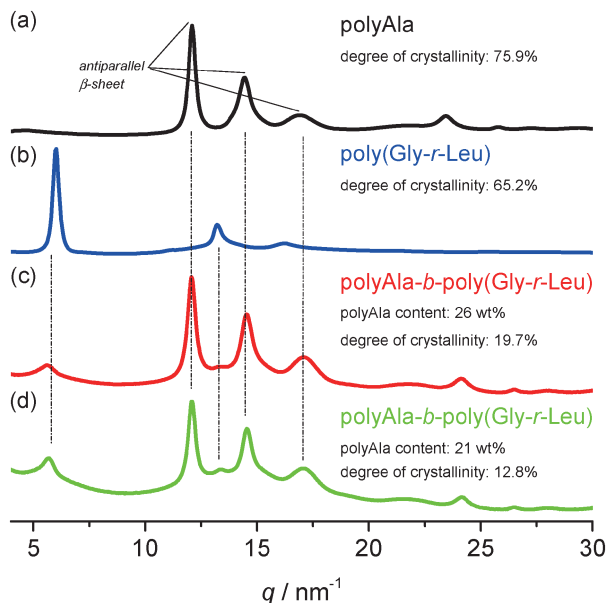


Fig. 9 (Color online) WAXS profiles of (a) polyAla, (b) poly(Gly-*r*-Leu), and polyAla-*b*-poly(Gly-*r*-Leu) with polyAla content of (c) 26 wt% and (d) 21 wt%.¹⁹⁾

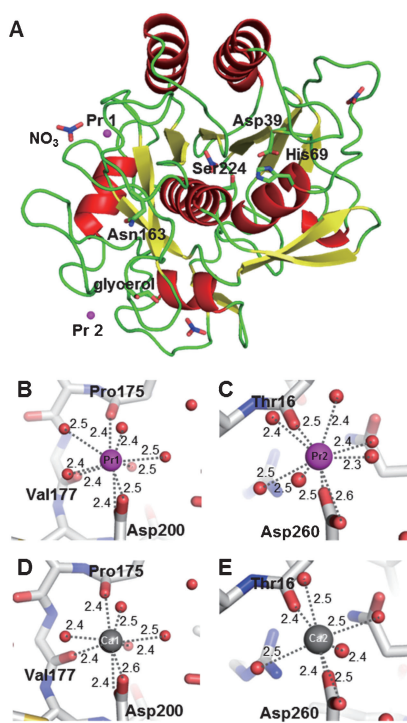


Fig. 10 (Color online) Crystal structures of proteinase K. (A) Overall structure of Pr-derivatized proteinase K, depicted as a ribbon diagram. Nitrate molecules, glycerol molecules, and active residues are depicted as licorice models. Bound Pr ions are depicted as pink spheres. (B, C) Close-up view of Pr and (D, E) Ca ion binding sites. Pr ions, Ca ions, and water molecules are depicted as pink, gray, and red spheres, respectively.²⁶⁾

DSCの同時測定により確認している²⁵⁾。これら、化学酵素重合の触媒であるタンパク質分解酵素の改変も行っており、重元素を酵素に配位させることで、熱的な安定性を向上させることに成功している²⁶⁾。この修飾した酵素の構造解析も SPring-8 にて実施しており、構造と機能の相関を明らかにするために有用な手段となっている (Fig. 10)。現在、重合機構に関しては、計算科学を中心に明らかにしようとしているが、将来的には SACLA も含めて、実験的に重合機構を明らかにしたい。

6. まとめ

SPring-8 をはじめとした大型放射光と、シルクのような微細な天然材料を標的とした研究テーマは非常に相性が良く、比較的短期間で、多くの新しい知見を得ることが可能である。一方で、光による素材や構造の分解という問題も常に共存しており、自分が解析したい構造をリアルタイムで解析できているか、注意深く解析する必要がある。筆者らは、今後も、動的な構造解析を中心に、シルク素材の解析を継続したいという希望を抱いているが、SPring-8 を中心とした放射光施設の事情もあり、いつまで利用できるのか、いつまでこの研究が継続できるのか、心配の種は尽きない。

謝辞

本研究の推進に関してサポート頂きました、理化学研究所 SPring-8 センターの引間孝明研究員、菅原道泰研究員に感謝致します。本研究は、SPring-8 の研究課題として行われたものである。また、本研究の一部は、内閣府 ImPACT、科研費、理研エンジニアリングネットワークの支援を受けて行われた。

参考文献

- 1) C. Holland, K. Numata, J. Rnjak-Kovacina and F. P. Seib: *Adv. Healthc. Mater.* **8**, e1800465 (2018).
- 2) A. D. Malay, R. Sato, K. Yazawa, H. Watanabe, N. Ifuku, H. Masunaga, T. Hikima, J. Guan, B. B. Mandal, S. Damrongsakul and K. Numata: *Sci. Rep.* **6**, 27573 (2016).
- 3) J. M. Ageitos, K. Yazawa, A. Tateishi, K. Tsuchiya and K. Numata: *Biomacromolecules* **17**, 314 (2016).
- 4) A. D. Malay, K. Arakawa and K. Numata: *PLoS One* **12**, e0183397 (2017).
- 5) K. Numata, N. Ifuku and A. Isogai: *Polymers* **10**, 459 (2018).
- 6) N. A. Oktaviani, A. Matsugami, A. D. Malay, F. Hayashi, D. L. Kaplan and K. Numata: *Nat. Commun.* **9**, 2121 (2018).
- 7) T. Y. Lin, H. Masunaga, R. Sato, A. D. Malay, K. Toyooka, T. Hikima and K. Numata: *Biomacromolecules* **18**, 1350 (2017).
- 8) R. E. Marsh, R. B. Corey and L. Pauling: *Biochim. Biophys. Acta* **16**, 1 (1955).
- 9) Y. Takahashi, M. Gehoh and K. Yuzuriha: *International Journal of Biological Macromolecules* **24**, 127 (1999).

- 10) K. Numata, R. Sato, K. Yazawa, T. Hikima and H. Masunaga: *Polymer* **77**, 87 (2015).
- 11) K. Numata, H. Masunaga, T. Hikima, S. Sasaki, K. Sekiyama and M. Takata: *Soft Mat.* **11**, 6335 (2015).
- 12) A. Koeppel and C. Holland: *ACS Biomater. Sci. Eng.* **3**, 226 (2017).
- 13) M. Andersson, Q. Jia, A. Abella, X. Y. Lee, M. Landreh, P. Purhonen, H. Hebert, M. Tenje, C. V. Robinson, Q. Meng, G. R. Plaza, J. Johansson and A. Rising: *Nat. Chem. Biol.* **13**, 262 (2017).
- 14) K. Yazawa, A. D. Malay, N. Ifuku, T. Ishii, H. Masunaga, T. Hikima and K. Numata: *Biomacromolecules* **19**, 2227 (2018).
- 15) K. Yazawa, K. Ishida, H. Masunaga, T. Hikima and K. Numata: *Biomacromolecules* **17**, 1057 (2016).
- 16) K. Tsuchiya and K. Numata: *Macromol. Biosci.* **16**, 1001 (2016).
- 17) K. Tsuchiya, H. Masunaga and K. Numata: *Biomacromolecules* **18**, 1002 (2017).
- 18) K. Tsuchiya, T. Ishii, H. Masunaga and K. Numata: *Sci. Rep.* **8**, 3654 (2018).
- 19) K. Tsuchiya and K. Numata: *ACS Macro Lett.* **6**, 103 (2017).
- 20) S. Shoda, H. Uyama, J. Kadokawa, S. Kimura and S. Kobayashi: *Chem. Rev.* **116**, 2307 (2016).
- 21) K. Numata: *Polym. J.* **47**, 537 (2015).
- 22) K. Tsuchiya and K. Numata: *Macromol. Biosci.* **17**, 1700177 (2017).
- 23) K. Tsuchiya and K. Numata: *Chem. Commun.* **53**, 7318 (2017).
- 24) K. Yazawa and K. Numata: *Polymers* **8**, 194 (2016).
- 25) K. Yazawa, J. Gimenez-Dejoz, H. Masunaga, T. Hikima and K. Numata: *Polym. Chem.* **8**, 4172 (2017).
- 26) K. Yazawa, M. Sugahara, K. Yutani, M. Takehira and K. Numata: *ACS Catal.* **6**, 3036 (2016).

著者紹介



沼田圭司

理化学研究所 チームリーダー

E-mail: keiji.numata@riken.jp

専門: バイオ高分子の生合成と構造解析

【略歴】

2003年3月, 東京工業大学 工学部 高分子工学科 卒業。2007年9月, 東京工業大学大学院総合理工学研究科物質科学創造専攻博士後期課程修了および博士(工学)の学位取得。2008年4月~2010年3月, 日本学術振興会 海外特別研究員 Tufts University, USA。2010年4月~2012年3月, 理化学研究所 上級研究員。2012年4月~現在, 理化学研究所 チームリーダー。



増永啓康

高輝度光科学研究センター 主幹研究員

E-mail: masunaga@spring8.or.jp

専門: 放射光小角X線散乱法を利用した高分子構造評価

【略歴】

1997年3月, 東京工業大学 工学部 高分子工学科 卒業。2003年3月, 東京工業大学大学院理工学研究科有機・高分子物質専攻博士後期課程修了および博士(工学)の学位取得。2003年4月~2005年8月, 北九州産業学術推進機構 研究員。2005年9月~2018年3月, 高輝度光科学研究センター 研究員。2018年4月~現在, 高輝度光科学研究センター 主幹研究員。

SPring-8 mediated structural analysis of silk materials

Keiji NUMATA

Biomacromolecules Research Team, RIKEN Center for Sustainable Resource Science
2-1 Hirosawa, Wako-shi, Saitama, 351-0198, Japan

Hiroyasu MASUNAGA

Research & Utilization Division, Japan Synchrotron Radiation Research Institute
1-1-1, Kouto, Sayo-cho, Sayo-gun, Hyogo 679-5198, Japan

Abstract Silk protein (fibroin) is one of the structural proteins and composes spider dragline and web in nature. The primary structure such as amino acid sequence and hierarchical structures of silk materials are key factors to determine their physical and biological properties. In this review, we introduce our recent updates on the structural analyses of silk materials by using SPring-8 synchrotron facility.