

ビームライン・実験装置 評定票

評価委員名	生命科学分科		
ビームライン名	BL-6A	ビームライン担当者名	五十嵐教之
課題数	やや過多		
混雑度	1.5 倍から 2 倍		
主な研究手法、研究分野とビームライン担当者の位置付け	A 蛋白質結晶構造解析 B 粉末結晶構造解析 c	分野の一人 分野外	

ビームラインの性能等について

適切に保守、整備されて、本来あるべき性能を発揮しているか	5 <u>フル性能を發揮</u>
取扱は容易か	4 <u>やや容易</u>
取扱説明書は整備されているか	4 <u>やや充実</u>
性能・仕様等で特記すべき点、他施設と比較して特記すべき点	本ビームラインは平面ミラーによる鉛直方向の集光と3角形彎曲モノクロメータによる水平方向の集光を組み合わせたX線光学系を採用しており、PFにおける蛋白質結晶構造解析関連のビームラインの中でも特に、X線の平行性とフラックスに優れている。Spring-8と比較すればいずれも及ばないとはいえ、分子量が大きくX線回折能の低い超分子複合体の解析を行う上で十分なレベルにある。阪大蛋白研グループによるチトクロム酸化酵素の解析成功には本ビームラインの光学特性の寄与も大きい。
改良・改善すべき点	1枚振りの分光結晶を用いる光学系では、多波長異常分散法(MAD)で必要とされる十分なエネルギー分解能は確保できないが、ビームラインに挿入したスリットの調整によりある程度の改善は可能である。むしろ波長変更に伴って移動するX線光軸への回折計の調整の問題で、これまでMAD法への対応が遅れたものと思われる。この調整の自動化は適切な検出系と制御ソフトウェアの準備により可能である。ビームライン担当者のプレゼンテーションでも触れられたように、新規に導入した回転傾斜型モノクロメータの自動調整を早期に実現し、合わせて回折計調整ソフトウェアの開発を急がれたい。これによりある程度分子量の大きい蛋白質の結晶に対してもMAD法の適用が可能になる。

実験手法のビームラインとの適合性・研究成果について

※1: 光源、ビームライン光学系と研究手法は適合しているか。

手法 a	適合性 (※1)	5. 最適
	研究成果	5. 極めて高い 蛋白質結晶構造解析に専用のビームラインとして、光源の特性とマッチしたビームライン光学系の設計が行われた。実験ハッチ内部の装置についても光学特性を意識した設計が行われ、世界に誇れるものとなった。
手法 b	適合性 (※1)	4. 適切
	研究成果	3. 妥当 粉末結晶構造解析は本ビームラインの本来の守備範囲ではないが、X線光学系の高い平行性と大型IPが利用可能である点に着目して研究が行われ、優れた成果が得られた。
手法 c	適合性 (※1)	5 最適    4. 適切    3. 妥当    2. やや不適    1. 不適
	研究成果	5 極めて高い    4. 高い    3. 妥当    2. やや低い    1. 低い
総合評価	研究成果	5 極めて高い 世界の状況と比較しての評価、ビームライン性能が律速となっている場合はその指摘
	世界状況と比較しての評価、ビームライン性能が律速となっている場合はその指摘	建設されて15年程度が経過し、日本の蛋白質結晶構造解析の黎明期からこの分野を牽引し、構造生物学の発展に大きく寄与した点は非常に高く評価できる。装置開発、特にIPを利用する巨大分子用ワイセンベルグカメラの開発と、それに平行して進められた利用の拡大は、共同利用施設として理想に近い発展の経過をたどったものと考えられる。PFのスタッフと共同利用者の関係も良好な形で推移した。また最近のCCDの導入により、さらに利用効率の向上が期待できるが、メーカー品の導入は、ややもすると独自の技術開発の可能性の芽を摘み取ることもなにかねない。蛋白質結晶構造解析に関わる方法論の開発という本ビームラインが世界に誇れる歴史を、今後はさらに発展させて新設が計画されているアンジュレータビームラインに生かしていただきたいものである。本ビームラインを主に利用して達成された構造生物学上の成果としては、阪大蛋白研グループによるチトクロム酸化酵素の解析や、蛋白研グループによる転写終結因子DNA複合体の解析など特筆すべきものが多い。

### 実験装置の性能等について

使用している実験装置名(a)	巨大分子用ワイセンベルグカメラ I P読み取り装置
適切に保守、改善されて、本来あるべき性能を發揮しているか	<u>5フル性能を發揮</u>
取扱は容易か	<u>4. やや容易</u>
取扱説明書は整備されているか	<u>3. 普通</u>
性能、仕様等で特記すべき点	共同利用を前提とし、蛋白質の格子定数や回折分解能の幅広い変化に対応できるように設計されている。I Pは富士フィルムが開発し、蛋白質結晶構造解析の分野でも世界をリードしたX線検出器であり、その特性をよく考慮してカメラの設計が行われた。I Pが開発されてから十数年にわたり実動し、日本を含め世界の構造生物学の発展に寄与した。
改良・改善すべき点	蛋白質結晶構造解析用の検出器としてCCDが主流となった現在も、I PにはCCDを凌ぐ優れた特性がある。CCDがとくいとす自動高速読み出しを実現し、目的による検出器の使い分けを実現することが望ましい。

使用している実験装置名(b)	Quantam 4R
適切に保守、改善されて、本来あるべき性能を發揮しているか	<u>4ほぼ性能を發揮</u>
取扱は容易か	<u>4. やや容易</u>
取扱説明書は整備されているか	<u>4. やや充実</u>
性能、仕様等で特記すべき点	画像データの読み取り時間が秒のオーダーであり、一連の測定に要する時間を短縮できる点が最大のメリットといえる。I Pを利用する回折系や読み取り装置と異なり、機械的駆動部分を持たないことは、読み取りの高速化に寄与しているばかりでなく、耐久性の点でも優れている。蛍光体によるにじみが少なく空間分解能の点でI Pより優れている。
改良・改善すべき点	CCDは感度とダイナミックレンジ、有感面積ではI Pに劣る。ほぼ完成した技術であり改良の余地は少ないが、蛍光体の工夫による感度の向上の可能性は残されている。

使用している実験装置名(c)	クライオストリームクーラー
適切に保守、改善されて、本来あるべき性能を發揮しているか	<u>5フル性能を發揮</u>
取扱は容易か	<u>4. やや容易</u>
取扱説明書は整備されているか	<u>4. やや充実</u>
性能、仕様等で特記すべき点	液体窒素を用いて低温窒素ガスを発生させ、蛋白質結晶試料の温度を100Kに保つことで、X線損傷をドラスティックに押さえることを可能にした装置であり、構造生物学の発展には不可欠のものであったと言える。
改良・改善すべき点	これまで利用してきた装置は液体窒素の定期的な補給が必要、低温エリヤがやや狭い、低温ガス導管に着氷した場合のメンテナンスがやや困難など、新しく開発された空気中の窒素を分離して用いる製品にくらべ、使い勝手にやや問題があった。ビームライン担当者のプレゼンテーションでも触れられたように、新しい製品への早期の変更が望まれる。

### 今後のビームラインのあり方について

今後の計画の妥当性について	Spring-8の存在を前提とする現状では、蛋白質結晶構造解析用ビームラインをPFリングまたはARリングのアンジュレータポートに新設しようとする計画は妥当である。構造生物学は今後ますます、より困難な対象へと目標をシフトさせつつ発展すると考えられ、光源としての性能向上が不可欠なためである。ただし新規のビームラインが複数実現して、時代の要請に答えられるようになるまでには数年の時間を要すると考えられるので、その間は本ビームラインをPFの主力として維持、発展させる必要がある。フラックスの大きい回転傾斜型モノクロメータとCCD回折計を制御して、より大きな分子量の蛋白質に対するMAD実験を早期に実現すべきである。
今後5年間に	<u>余裕があれば予算投入</u>
その他今後の計画に付いての意見	制御ソフトウェアの体系をBL18Bと共通化することは、両ビームラインを共通に利用するユーザーにとって好ましい。