**PF研究会「ERLサイエンスワークショップ II」** 平成23年4月27、28日

## ナノビームを用いた構造生物学の 将来像

# Prospects of structural biology research using nano beam

高エネルギー加速器研究機構 物質構造科学研究所 放射光科学研究施設 構造生物学研究センター

若槻壮市

## ERL戦略

- 何故ERLでなくてはならないか?
  - 人工光合成、触媒、スピントロニクスに集中
  - 10psecから100fsecのダイナミクスが必須
  - エネルギー・環境問題解決
  - 放射光コミュニティー外の強力な研究者をサポーターに - 産業界への働きかけ
- ・規模、予算、スケジュール: 3GeV、300億円、20
  20年運転開始
  - ビームラインは競争的・外部資金、PF、PF-ARから移設
  - 運転は20~30MW、30億円/年
  - 2期計画として3.5GeV、200億円、7GeV XFEL-O

2011-04-21

## アウトライン

- 1. イントロダクション
- 2. タンパク質複合体のダイナミクス:タンパク質 翻訳後修飾と輸送
- 3. 生命素子アトミックイメージング研究イニシア チブ
- 4. 超高精細・高速2次元ピクセル検出器開発



構想生命科学研究 最終目標:実時間、in-situ生体素子の原子 座標ダイナミクスの解明

#### 有核細胞内のオルガネラとタンパク質



タンパク質:青、リボソーム:マジェンタ、DNA: 赤、RNA オレンジ, 脂質:黄色、炭水化物:緑

David S. Goodsell, Scripps Institute, http://www.scripps.edu/mb/goodsell/



## **Roadmap of Japanese PX beam lines**



## ナノクリスタル応用研究

放射光X線を用いた生体高分子結晶の構造解析現状、課題、将来の課題 標準的な結晶現状限界点微小結晶 100ミクロン程度10<sup>12</sup>個タンパク質10<sup>9</sup>個タンパク質10<sup>6</sup>個



#### 高難度ターゲットタンパク構造解析のための2本の相 補的な専用ビームライン開発および関係技術開発 H22年度よりマイクロビームビームラインの供用開始 H24年度からは創薬等支援技術基盤プラットフォーム 招高輝度マイクロビームビームラインの開発(理研) 低エネルギーマイクロビームビームラインの開発(高エネ機構) 結晶構造解析における位相決定の現状 超微小結晶、不均質結 世界最高 超高輝度 軽原子SAD法 重原子MAD法 晶・クラスター結晶の構 マイクロビームの実現 異常散乱元素の導入 天然分子の結晶 ・遺伝子工学(SeMet等) マイクロビームを用いた微小結晶から高精度データ収集 ·経験的手法(浸漬法等) X-ray 低エネルキ X線照射 X線照射 X-ray 経原子(硫黄等)からの異常散乱シグナル 重原子誘導体を作成する必要があるが、測定は比 異常散乱元素(重原子)の導入は必要なく、試料調 微小結晶に適合したサイズの 低品質微小結晶中の 較的容易で位相を精度よく決定できる 整の手間を大幅に削減できる 高輝度ビームによるデータ収集 良質部からデータ収集 測定・解析が厳しく成功例は僅か 名くのタンパク管の構造決定に成功 Beam profiles at sample position(12.4 keV) 1.00E+22 1 00F+21 --- Wire scan profile 低エネルギー(4keV近傍)で 1 00E+20 1 00F+19 高輝度ビームを実現 horizontal vertical 1 00F+18 1.00E+17 1.00E+16 -8 -6 -4 -10 -8 -6 -4 -2 0 2 Position (um) -2 0 2 4 Resisting (um) 軽原子SAD法による標識 1.00E+15 Beam size(FWHM) 0.9 μm(H) x 0.9 μm(V) 結晶不要の構造解析 1.00E+14 0 5000 10000 15000 20000 Energy (eV) 6.2 x 10<sup>10</sup> photons/sec Photon flux 光源エネルギースペクトル

8

## Systems biology of protein-protein interaction network



Many of protein-protein interactions are transient = weak ( $K_D$ =1~100  $\mu$ M) but specific. Hence difficult to crystallize



Taken from Rua et al., Nature 2005





Time lapse imaging (1.5 mi

Tubulation by Arl1/Arfaptin

Golai

Nucleus



#### **Ubiquitin signals in NF-kB activation** Input signals **Multiple agonists 1st Ub signal** Lys63 chain TAB213 2nd Ub signal Lys63??? TAK1 **NEMO: NF-kB essential** NEMO modifier <u>ΙΚΚα</u> ΙΚΚβ **3rd Ub signal** Lys48 chain Immune response, **Ι-**κΒ inflammation, and cell p65 p50 division **DNA transcription**

## **NEMO** is a long alpha helical dimer

### How does linear ubiquitin binding activate IKK $\alpha$ and IKK $\beta$ ?



B) Bagneris C., et al., *Mol. Cell* (2008)

C) Current work, Rahighi, Ikeda et al., S. Wakatsuki, Ivan Dikic, Cell (2009)

D) Cordier F., et al., J. Mol. Biol. (2008)

## New Ubiquitin World with Accelerator Technologies



#### 生命動態システム科学推進に資する原子座標ダイナミクス研究

## 3. 生命素子アトミックイメージング研究 イニシアチブ

東京大学大学院 理学系研究科 濡木理 京都大学大学院 医学系研究科 岩田想 大阪大学 蛋白質研究所 高木淳一 高エネルギー加速器研究機構 フォトンファクトリー 若槻壮市



生命素子アトミックイメージング研究イニシアチブ



## ナノクリスタル応用研究

X線自由電子レーザー(XFEL)を用いて、これまで全く不可能であった数十個のタンパク質 からなるナノクリスタルの結晶構造解析が可能になり、構造生物学にパラダイムシフト をもたらす可能性。励起光と組み合わせることで生体物質の構造ダイナミクスに迫るこ とも可能か。



☆XFELを利用したフェムト秒タンパク質ナノ結晶構造解析

#### ナノクリスタル応用研究

- ナノ結晶:蛋白質を数十~数千個しか含まない超微小結晶
- 可視化、ハンドリング、構造解析ともにほとんど不可能と思われていた。
- XFEL計画の副産物(単粒子構造解析がもともとの生物系プロジェクト)で、ごく 少数のサイエンティストのみが細々とつづけていた。
- LCLS(スタンフォードのX線自由電子レーザー)で昨年来急激に進展
- 60人以上の国際チーム:スタンフォード、アリゾナ州立大学、バークレー、マック スプランク研究所(ドイツ ハンブルク、ミュンヘン)、ウプサラ大学(スウェーデン)、DESY/CFEL(ハンブルク)等
- Diffract & Destroy(放射線損傷で破壊されるまえに測定)
- 実験装置、解析手法とも新機軸:研究が端緒についたばかり。開発要素が非常に多く、新規参入でも勝算大。
- 数十人の研究人口がここ半年で10倍に。今後数千人になっていく可能性大
- 既に米国製薬会社数社が2011年1月のバークレー会議に参加

## 光合成:短パルス性能を活かした放射光研究 高速現象をスナップショット OR 非破壊連続露光で捉える



Umena, et al. N. Kamiya, Nature, 2011

Kurisu et al., Science, 2003



## 光合成:短パルス性能を活かした放射光研究 高速現象をスナップショット OR 非破壊連続露光で捉える

Water oxidation



#### Comparison of ERL, SASE-FEL and XFEL-O



(brilliance : photons/mm<sup>2</sup>/mrad<sup>2</sup>/0.1%/s @ 10 keV)

## XFEL-Oを使ったナノクリスタル解析の 可能性

- XFEL-Oの高繰り返し1MHzはナノクリスタルジェット (100kHz~1mHz)とよくマッチ。 Cf: SASE-XFEL の 60~100Hz
- ・1パルスに含まれる10<sup>9</sup>光子を数十ナノメートルまで集光すれば、LCLS実験の光子数に匹敵するか?
- これが実現すれば毎秒 1データセット(100万イ メージ)を収集し、構造解析。⇒ 1日86400データ セット
- (cf: Neutze simulationで完全にcoulomb explosionの 起こるレベル: 4x10<sup>8</sup> photons/nm<sup>2</sup>)

## ナノクリスタル応用研究

- ナノ結晶(蛋白質を数十~数千個しか含まない超微小結晶)構造解析法の開発
- 多様体解析を細胞イメージングに取りいえる ことで、不均一系の時・空間再構成を行う可能 性
- 実験装置、解析手法とも新機軸:研究がその端緒についたばかり。開発要素が非常に多く、新規参入でも勝算大。
- 全く新規な超高速構造決定法としての展開から創薬へも直結。

#### <u>ナノクリスタル ダイナミクス</u>

可視光レーザーによるマイクロ秒ポンプ&プローブ実験。10 マイクロ秒までの時間差。将来的にはテラヘルツ光による化 学結合特異的な励起による動的構造解析にも応用







多様体解析によるランダムシーケンスデータからの動画再構成 時空間へテロジェネイティー問題の根本的解決の可能性

#### 相関構造解析法研究

【目的】生命素子の現実の姿を捉えるには、分解能や特性の異なる複数の構造解析手法 を組み合わせ、それらの「相関(correlation)」を用いて多面的に解析することが必要で ある。そのような「多次元的」な方法論を確立するとともに、単一手法では到達不可能 なレベルの生命機能解明を目指す。



☆独立した手法から得られたデータをシームレスにつなぎ合わせる

#### 細胞機能場分子構造研究

【目的】細胞の中で生命素子は複合体、さらに巨大分子複合体を形成することで統合され た生物機能を果たしている。巨大分子複合体は、調製や再構成、構造解析もきわめて 困難であるが、その構造が生命機能と直結するためにきわめて重要なターゲットであ る。そのような巨大分子複合体の解析手法を確立することで、生命の本質的な理解を 目指す。



☆生きた状態に最も近い巨大分子複合体の構造解析手法を確立

#### 化学反応場構造研究

【目的】細胞の中で生命素子は電子を伝達したり、化学反応を触媒することで新規の分子 を創出したり分解・リサイクルを行うことで、生命機能を維持している。計算科学と連携 し、グリーンサステイナビリティーにも直結する化学反応場の解析手法を確立すること で、生命の本質的な理解と応用を目指す。



☆計算科学と連携する化学反応場の構造解析手法を確立

## 4. 超高精細・高速2次元ピクセル 検出器開発 DEPFETプロジェクト

高エネルギー加速器研究機構

物質構造科学研究所 若槻壮市、松垣直宏、清水伸隆

**素粒子原子核研究所** 後田裕、田中秀治、樋口岳雄

Max Planck Institute for Physics, Munich Hans–Günther Moser



## 研究開発目標

検出器	画素数	実効空間分解能	読み出しスピード	ダイナミックレンジ	読み出し形式
CCD	1600万	90 µm	300 msec	4桁	時間積分型
ハイブリッ ドピクセル	600万	170 μm	3 msec	6桁	高速連続型
DEPFET	800万	25 μm	<b>20</b> μsec	7桁	時間積分型
		(4~7倍Up)	(高速連続型) (150倍Up)	(積分型) 大桁数	高速連続型 切り替え可

DEPFET (<u>DE</u>pleted <u>P</u>-channel <u>FET</u>)ピクセル検出器



## ① 大型DEPFET開発のための準備研究

#### 小型DEPFETを用いて構造生物学研究に最適な 大型DEPFET開発のための準備研究を行う

① - I 極小ピクセルによるタンパク質微小結晶からの X線回折像の高精細測定

膜タンパク質や超分子複合体など構造生物学上重要な高 難度タンパク質の微小結晶からの高精細回折パターン。

 ① - Ⅱ 高速読み出しによるタンパク質溶液からのX線 散乱像の時分割測定

タンパク質フォールディングや光応答など数十μsオーダーでのタンパク質の構造変化を解析。

#### 大型DEPFET検出器のためのパラメータ最適化

- 位置分解能、感度とその一様性、およびダイナミックレンジなどの評価
- 従来の検出器との性能比較



性能試験用小型DEPFET検出器 6.4mm×0.8mm、25µm角: 256×64ピクセル



20マイクロ秒溶液散乱によるサイエンス展開

- 蛋白質の折りたたみ初期過程
  - (現状)msecオーダーで変性状態(ランダムコイル状態)から主鎖構造が大きく収縮したコンパクトな状態が形成。ヘリックスなどの2次構造形成という従来のモデルを覆す結果。その形成機構は全く未解明。
  - (期待される効果)20マイクロ秒溶液散乱測定により 新たな折りたたみ機構の解明が可能に。
- 大面積化による高分解能ダイナミクスの解明
  - (従来)溶液散乱の高速時分割測定の現状はあくま で小角領域(おおよそ25Å分解能)の解析のみ。分 子の大きさ、分子量、かなり大きな外形情報のみ
  - (期待される結果)高角度で一たにより「分子の結合 →ドメインの再配置→相互作用状態→解離」のダイナ ミクス

## ② 大型DEPFET検出器の設計・開発



(3) 構造生物学の新展開



## まとめと展望

- サブミクロンビーム、短パルスX線ビームによる生命素子アトミックイメージング研究⇒原子座標ダイナミクスを生命動態システム科学と組み合わせて構造生命科学へ
- 1MHz XFEL-Oを使ってナノクリスタルから1日数千データセット(構造)収集の可能性?
- DEPFET:素粒子物理学分野の最先端の測定技術を構造生物学に応用し、 最高性能の検出器システムを構築することで構造生命科学研究を新展開
- XPCSへの応用



翻訳後修飾の認 識分子との超分 子複合体の結晶 化はさらに困難



シグナルソームなど複合体系の溶 液中のドメイン間、複合体離合集 散ダイナミクス、キネティクス

ヌクレオソーム超分子複合体の 結晶構造⇒エピジェネティクス

KEK-PF	構造生物学研究センター
--------	-------------

構造生物学	吉槻壮市	<mark>センター長(教授)</mark> ビームライン&ロボティクス
<u>加藤龍一(准教授)</u> 川崎政人(助教⇒准教 伊原健太郎(ポスドク研究 工藤紀雄(ポスドク研究 牧尾尚能(ポスドク研究 Simin Rahighi(ポスドク研究 G崎誠司(ポスドク研究 Simon Miller(ポスドク研究 上島珠美(研究員) 青木民枝(研究補助員 太田智弥(研究補助員	: <u>授(5/1)</u> 研究員) 究員) 究員) 研究員) 研究員) (明究員)	五十嵐教之(准教授) X線ビームライン全般      清水伸隆(特別准教授) SAXS      平木雅彦(研究機関講師) ロボティクス      松垣直宏(助教)    BL-5, BL1      山田悠介(助教)    AR-NE3, BL17      Leo Chavas (助教)    AR-NW12      笹島久美子(研究補助員)    波部正景(研究補助員)      波部正景(研究補助員)    人保田孝幸(研究補助員)      内藤眞志(研究補助員)    日邊嶺(研究補助員)      市書載(研究補助員)    日泉嶺(研究補助員)
<b>総合研究大学院大学</b> 大久保健 中村健介 松井拓人	<b>東京大学</b> メディカル ゲノム専攻 櫻井哲也	川崎健一(研究補助員) 黒屋 浩太郎(研究補助員) 小澤 雅司(研究補助員)
		121 11 121 121 121 121 121 121 121 12