

BL-10C における蛋白質の溶液 X 線散乱データの評価

An assessment study on solution X-ray scattering 2D-data of proteins at BL-10C

○渡邊康・農研機構食総研、猪子洋二・阪大院基礎工

[背景・目的] BL-10C は、ベンディングマグネットを光源とし2結晶モノクロメータ+湾曲シンドリカルミラー(1:1 集光)を光学系に採用していることから、低バックグランドが実現できている。このため、これまでタンパク質・酵素などの溶液散乱測定や合成高分子の静的測定および遅い反応の時分割測定の実験に供されてきた。BL-10C では、その光学系の特性から散乱・回折像の記録に1次元 PSPC を使用してきた。そのため中角領域で統計精度の高い散乱データが得られない難点があった。その状況を改善するために、昨年度に2次元検出器 R-AXIS VII(リガク(株)、IP 自動読み取り検出器)の導入試験を開始し、本年度には一般課題での利用が可能となった。本発表では、蛋白質溶液についての BL-10C の疑似点収束光学系における2次元検出器の測定データの評価について報告する。

[実験方法] 散乱測定装置の設定は、2次元検出器用のビームストッパー(6mm 径)および検出器前カプトン窓(250mm 径)付きフランジを用いて定法に従った。S1スリットのサイズを約 $1 \times 1 \text{mm}^2$ に調整して、疑似点収束光学系のコリメーションを行い、検出器は1次元検出器 PSPC あるいは2次元検出器 R-AXIS VIIを使用した。試料は、牛血清アルブミン(1%水溶液)とウマ脾臓アポフェリチン(0.5%水溶液)を使用した。

[結果・考察] BL-10C は左右の集光をしていない疑似点収束光学系であるため、2次元検出データの小角散乱領域について、上下方向($\pm 30^\circ$)の積算データの方が、左右方向($\pm 30^\circ$)の積算データよりわずかに分解能が良かった。他の散乱角領域は、上下、左右、および全周囲積算データの重なりは良好であった。さらに、同設定での PSPC の利用による測定データとの比較においては、中(高)角散乱領域の S/N がきわめて良好であった。これらの結果は、蛋白質水溶液のような分散溶液の静的測定には2次元検出器の導入のメリットが十分にあったことを示している。今後、ビームストッパーのサイズや形状、検出器前フランジ窓などをさらに工夫することにより、BL-10C の光学系に適した測定法の高度化を展開する意義が見いだせた。