

SPring-8 構造生物ビームラインにおける高速高精度回折データ測定方法の開発と
リモートデータ測定システムの開発

**Development of Rapid and Accurate Data Collection System and Remote Data
Collection System at SPring-8 Structural Biology Beamlines**

長谷川和也¹, 平田邦生², 清水伸隆^{1,2}, 馬場清喜¹, 引間孝明²,
古川行人¹, 上野剛², 前田大輔², 熊坂崇^{1,2}, 山本雅貴^{1,2}

Kazuya Hasegawa¹, Kunio Hirata², Nobutaka Shimizu^{1,2}, Seiki Baba¹, Takaaki Hikima²,
Yukito Furukawa¹, Go Ueno², Daisuke Maeda², Takashi Kumasaka^{1,2}, Masaki Yamamoto^{1,2}

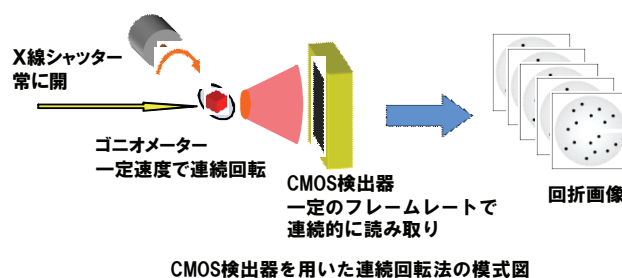
(¹SPring-8/JASRI, ²理研 放射光科学総合研究センター)

(¹SPring-8/JASRI, ²RIKEN SPring-8 Center)

e-mail: kazuya@spring8.or.jp

放射光の高輝度X線を用いたタンパク質結晶の回折データ測定は、高い精度で回折強度データ測定が行えることや短時間でデータ測定が可能であるなどの利点があるため、いまや X 線結晶解析法によるタンパク質構造決定に欠くことができない。しかしながら、利用可能な放射光ビームタイムが有限であるため、放射光構造生物ビームラインでは測定を効率的に行うことができる測定系の構築が求められている。そのため、SPring-8 の構造生物ビームラインでは、サンプルチェンジャーSPACE^[1]やビームライン制御ソフトウェア BSS^[2]の開発を行い回折データ測定の自動化・高速化を図ってきた。現在、さらなるビームラインの高度化のために以下のような技術開発を進めている。

1 つ目は、X線 CMOS 検出器を用いた高速で高精度な回折データ測定方法の開発である。この測定方法では測定が開始すると X 線シャッターを常に開けた状態にし、試料を載せたゴニオメーターを一定速度で回転しながら、一定のフレームレートでX線 CMOS 検出器を読み出すことで回折データを得る。このため、従来の振動写真法のように、検出器読み取りにともなうデッドタイムや、シャッターの開閉とゴニオメーターの回転の同期不良にともなう精度の劣化がないため、高速で高精度な回折データ測定が可能である。この測定手法は、とくに、回折強度の S/N 向上を目的とした微小角振動法と組み合わせることで威力を発揮する。



2 つ目は、遠隔地からビームラインを利用した回折データ測定を可能にするためのリモートデータ測定システムの開発である。すでに、SPring-8 に来所せずに回折データを得る手段として、Webデータベース D-Cha^[3]を利用したメール測定を導入している。この手法はオペレーターが試料のセンタリングを行い、ユーザーが D-Cha に登録した測定条件をもとに測定を行うものであるが、良質な結晶を用いたルーチン的なデータ測定においては有効な手段であった。しかしながら、今後増加すると予想される膜タンパク質など良好な結晶を作成することが困難な試料の場合、試料の性質を熟知した研究者が自ら結晶のスクリーニングや X 線照射位置のスキニングなどを行い、その上で、測定試料や照射位置の選択、測定条件の決定をリアルタイムで行うことができる測定システムが必要となる。そこで、現在、ユーザー認証を備えビームラインでの放射線安全等を担保した堅牢で安全なリモートシステムの開発を進めている。また、リモート

ト実験のための新しいユーザーインターフェースの開発も実施している。

Reference

- [1] Ueno G. *et al.* (2004) *J. Appl. Cryst.*, **37**, 867-873
- [2] Ueno G. *et al.* (2005) *J. Synchrotron Rad.*, **12**, 380-384
- [3] Okazaki N. *et al.* (2008) *J. Synchrotron Rad.*, **15**, 288-291