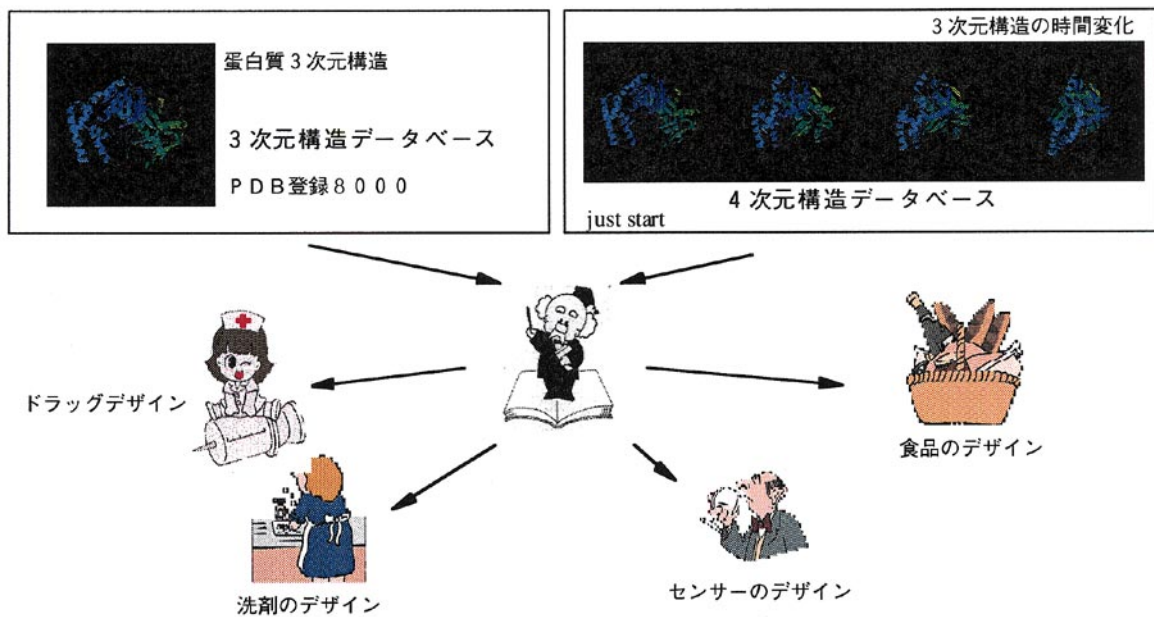


Development of automatic system for protein
crystal data collection at high speed with high
accuracy and high resolution by use of SR x-rays
放射光による生体高分子結晶構造解析用高速高
精度高分解能自動データ収集システムの開発



プロジェクトリーダー 大 嶋 建 一
筑波大学 物質工学系 教授



1. 研究の目的

生体高分子の静的並びに動的3次元構造は、生命に係わるすべての機能や維持機構を理解するための基礎であり、それを分子の大きさによらず非常に高精度で解析できる方法はX線結晶構造解析しかない。この方法は良質な結晶を必要とし、又結晶学についての専門的な知識が必要であったため、長年専門家にまかされていた。しかし、近年関連分野の研究が進み、更に3次元構造を基礎にして、分子設計による新薬の開発等、応用分野の研究が盛んに行われるようになった結果、3次元構造はこれまでの生命科学の基礎としての需要から、次世代の産業の基盤としても考えられるようになり、X線結晶構造解析はますます重要性を増し専門家以外の研究者にも解析できる必要性が増している。これに答えるためには技術革新が非常に重要である。近年この研究分野を爆発的に広げるのに貢献したものに強力な平行性が高くしかも白色である放射光の出現がある。そして、放射光利用に最も適したものとして世界的に認められているものに我々が開発した巨大分子用ワイセンベルグカメラによるデータ収集システムがある。このカメラは貴重で強力な放射光を最大限活用することを目標にしてデザインされているが、自動化されていないため、通常実験には3人は必要である。そこでこの性能を保持したまま自動化できれば1人でも実験でき、さらに精度の高いデータを収集することが可能になる。

本研究の目的は生体高分子のX線結晶構造解析において、基礎的に最も重要である回折強度データを放射光X線を利用し、イメージングプレート(IP)を用いた高分解能まで高精度で収集できる高速でしかも自動化されたデータ収集システムとアレイ型CCD検出器を用いたリアルタイム測定装置の開発を行う。

