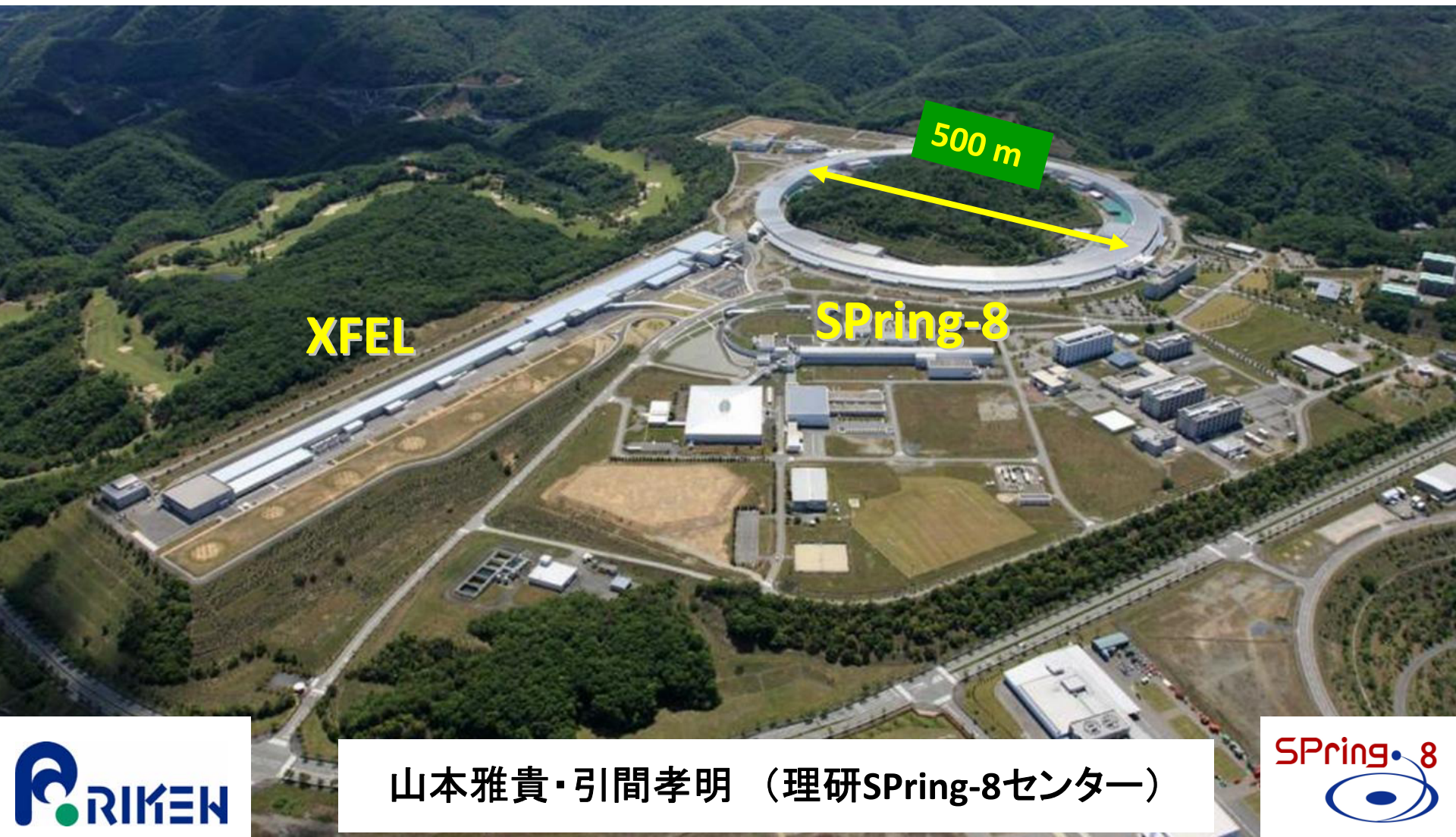


# SPring-8 BL45XU小角散乱実験ステーションの現状 + 〇



山本雅貴・引間孝明（理研SPring-8センター）



# SPring-8の概要



# SPring-8

Super Photon ring 8 GeV

- 設置場所： 兵庫県 播磨科学公園都市
- 建設時期： 平成3年～9年(平成9年10月に供用開始)
- 建設費用： 約1,100億円(供用開始時)
- 施設設置者： 理化学研究所、(日本原子力研究所)
- 運営主体： 財団法人 高輝度光科学研究センター(JASRI)

(1)年間運転時間(平成21年度実績)： 蓄積リング運転時間**5,035時間**、放射光利用時間(ユーザータイム)**4,015時間**

(2)実施課題数

- ① 年間(平成21年)共用BL利用1,391件、専用BL利用513件
- ② 平成9年10月～平成22年3月

合計**1,904件**  
累計**16,344件**

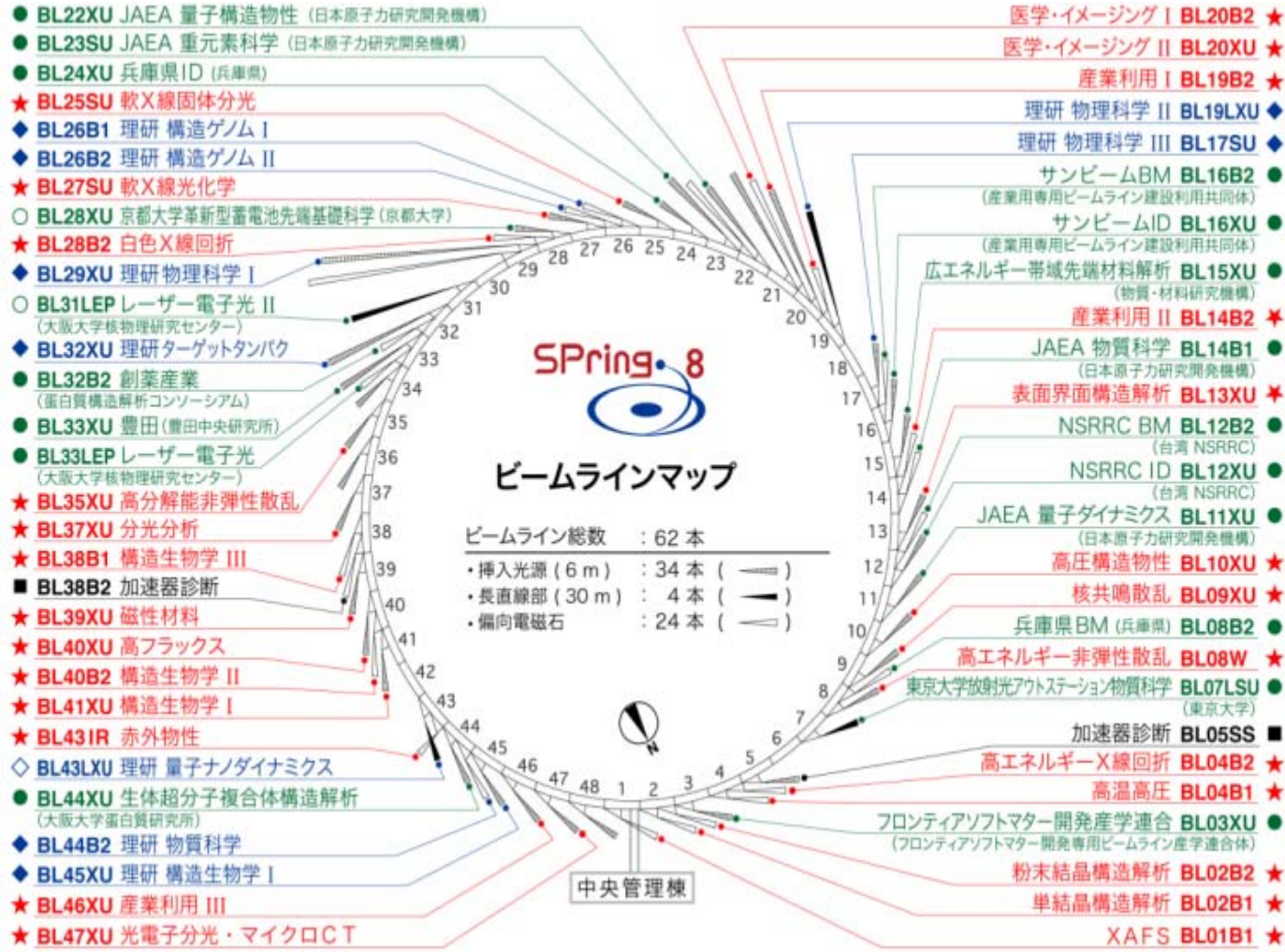
(3)利用者数

- ① 年間(平成21年度)共用BL利用9,033人、専用BL利用3,905人
- ② 平成9年10月～平成22年3月

合計**12,938人**  
累計**110,223人**

**供用開始以来  
利用者数累計  
11万人超**

# SPring-8のビームライン



BL種	稼働中	計画、建設、調整中
共用	★26	
専用	●17	○ 2
理研	◆ 8	◇ 1
加速器診断	■ 2	
合計	53	3
	56	

- ★ : 共用ビームライン
- : 専用ビームライン
- ◆ : 理研ビームライン
- : 加速器診断

(注) ☆、○、◇、□ : 計画・調整、建設中

BL : ビームライン      IR : 赤外光  
 B1, B2 : 偏向電磁石      LEP : レーザー電子光  
 XU : X線アンジュレータ      LXU : 長尺X線アンジュレータ  
 SU : 軟X線アンジュレータ      LSU : 長尺軟X線アンジュレータ  
 W : ウィグラー      SS : 直線部

NSRRC : National Synchrotron Radiation Research Center  
 (財団法人国家同步輻射研究中心、台湾)

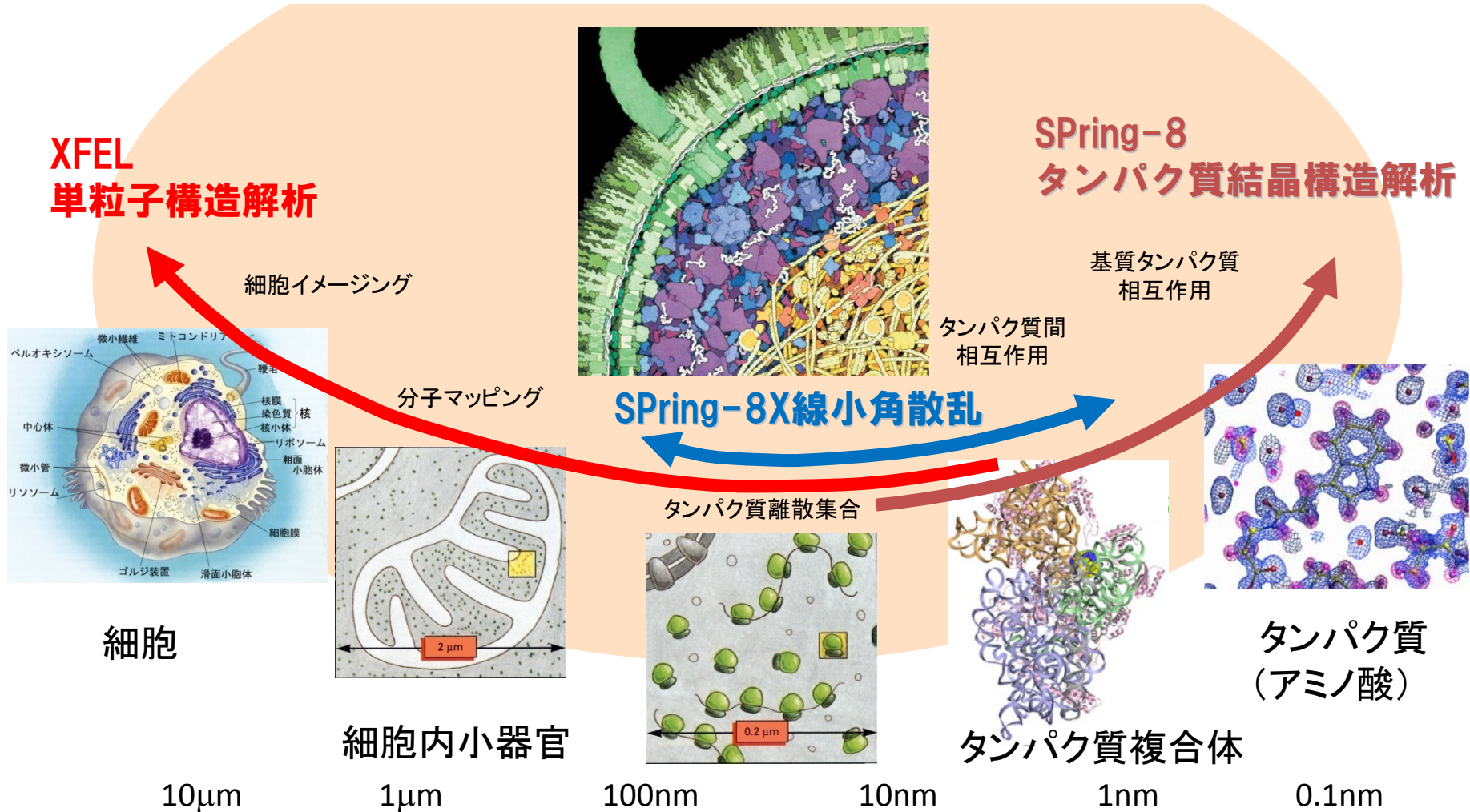
# RIKEN Beamline List

	Beamline No.	Beamline name
1	BL26B1	Structural Genomics 1 (HTP-MX)
2	BL26B2	Structural Genomics 2 (HTP-MX)
3	<b>BL32XU</b>	<b>Targeted proteins (<math>\mu</math>-MX)</b>
4	<b>BL45XU</b>	<b>Structural Biology 1 (SAXS)</b>
5	BL17SU	Coherent Soft X-ray Spectroscopy
6	BL19LXU	SR physics
7	<b>BL29XUL</b>	<b>Coherent X-ray optics</b>
8	BL43LXU	Quantum nano dynamics (Under construction)
9	BL44B2	Materials science



# 生命機能を視る

構造研究・物性研究から**その場**での**直接観察**による機能原理の解明へ  
階層化された複雑な生体システムの機能を直接観察



# X線小角溶液散乱実験はどんな場合に有効か？

## Case 1. 生理学的溶液条件下での姿

分子の形、ドメインやサブユニットの相対配置  
機能単位は多量体？単量体？  
天然変性領域の形状

## Case 2. タンパク質の構造変化

機能発現による構造変化、折れ畳過程

## Case 3. 多重機能要素タンパク質、離合集散タンパク質複合体の姿

難結晶性、分子量がNMR構造解析の上限を超える  
ドメイン、フラグメント毎に原子解像度構造解析

## Case 4. 結晶化が難しいタンパク質の姿を知りたい

## Case 5. 極端条件下での構造

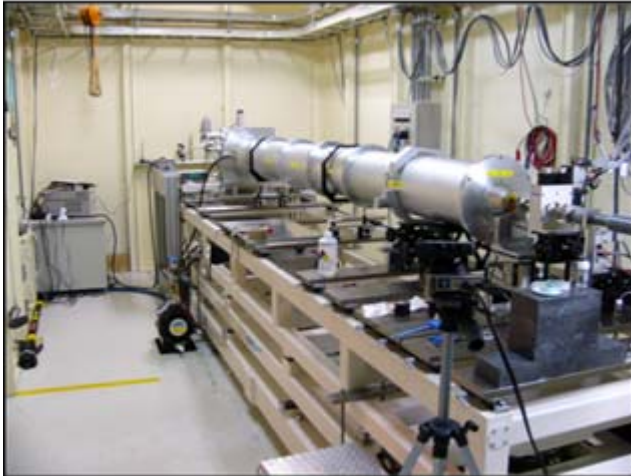
## Case 6. 結晶化、NMR測定前の溶液性状検討



# BL45XU

## - 理研構造生物学 I ビームライン -

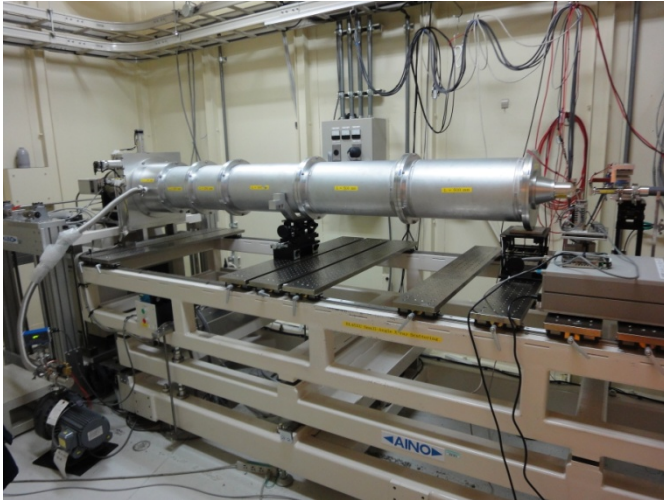
Time-resolved, Micro-beam, Anomalous  
Small-Angle X-ray Scattering (SAXS)



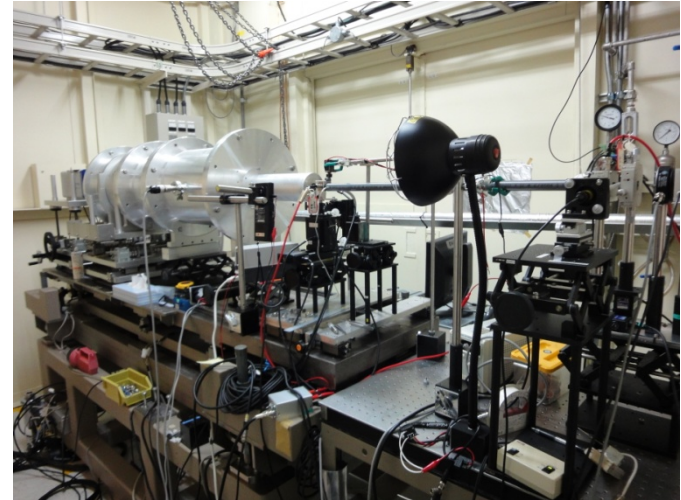
Tandem 1.5 m-undulator,  
Diamond Mono, K-B Mirror  
(7-14 keV, >10<sup>12</sup> photons/s)

Hutch A (Time-resolved SAXS)  
Hutch B (SAXS/WAXD)

# 理研構造生物学Iビームライン(BL45XU)



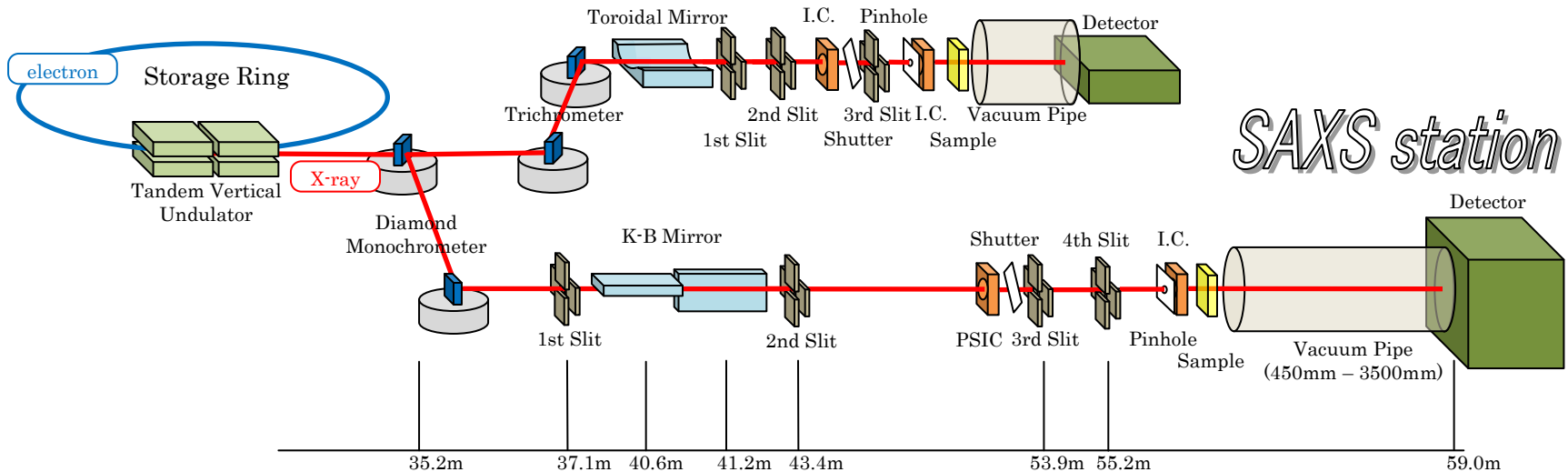
SAXS-station



SWAXS-station

*BL45XU*

*SWAXS station*





## 光源

タンデム垂直アンジュレータ (真空封止、直線偏光(垂直))

周期長 37mm

繰り替えし数 37 + 37

光源サイズ 0.394 mm (h) x 0.027 mm(v)

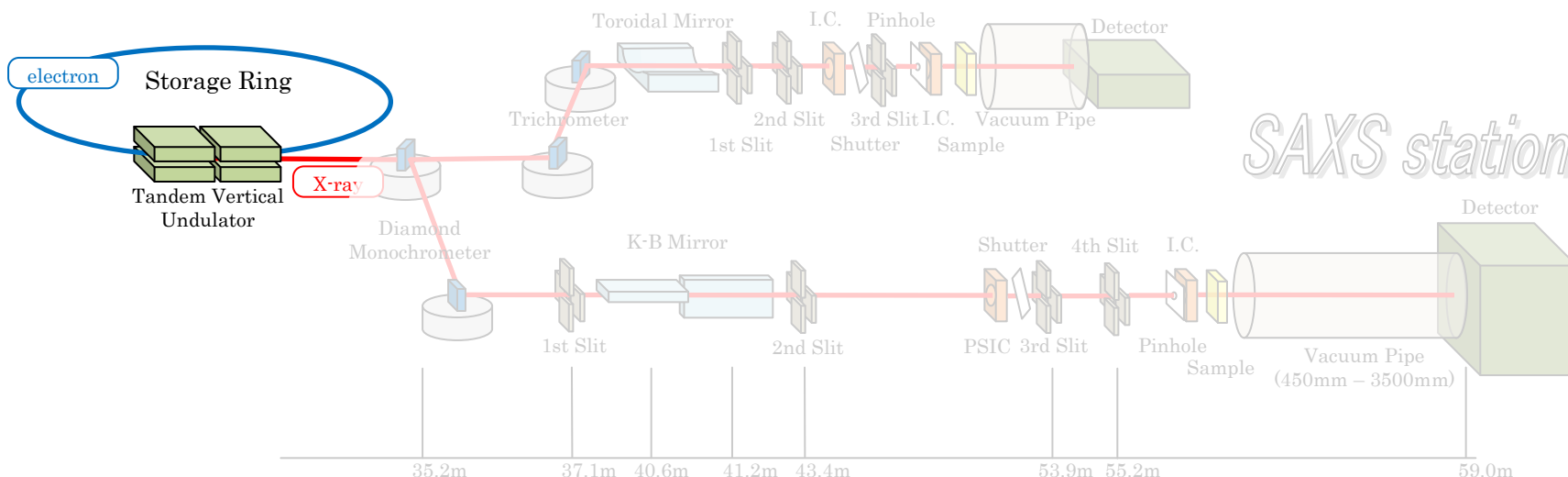
発散角 **0.0195 mrad (h) x 0.00883 mrad (v)**

輝度  **$2.2 \times 10^{18}$  photons/s/mrad<sup>2</sup>/mm<sup>2</sup>/0.1%b.w./100mA @ 12keV**

*BL45XU*

*SWAXS station*

*SAXS station*



## SAXS-station

分光器

ダイヤモンド2結晶分光器  
(ラウエ-ブラッグ配置)

エネルギー

6.7 – 14.0 keV

エネルギー分解能

$\Delta E/E < 10^{-4}$

ミラー

Rh-coated K-Bミラー

ミラー集光比

2.48 : 1

フラックス@試料位置

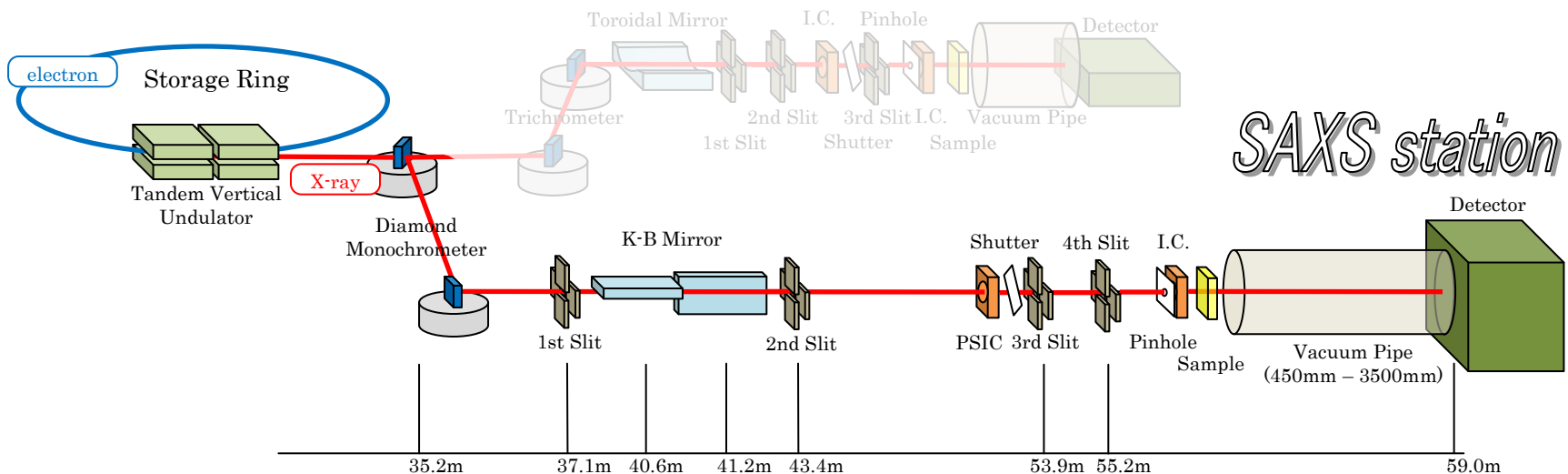
**$\sim 5 \times 10^{11}$  photons/sec (13.8 keV)**

ビームサイズ@検出器面

0.5 mm (h) x 0.2 mm (v)

*BL45XU*

*SWAXS station*





## SWAXS-station

分光器

ダイヤモンド2結晶分光器  
(ブラック-ブラッグ配置)

エネルギー

7.5 – 14.0 keV

エネルギー分解能

$\Delta E/E < 10^{-4}$

フラックス@試料位置

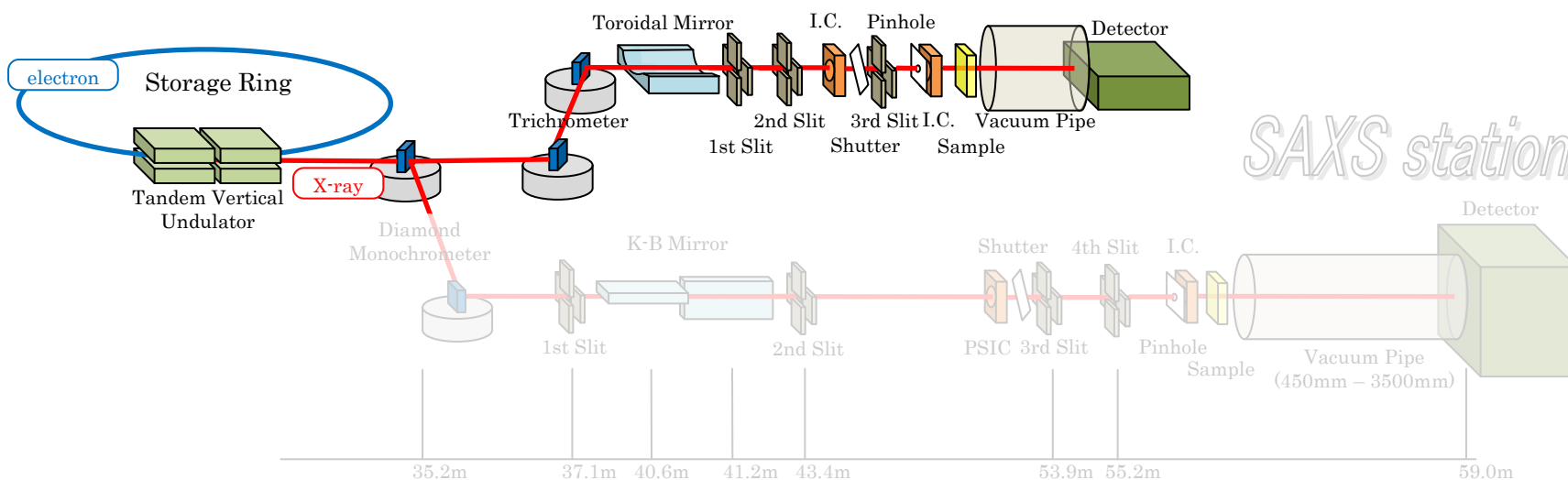
$\sim 2 \times 10^{11}$  photons/sec (12.4 keV)

ビームサイズ@検出器面

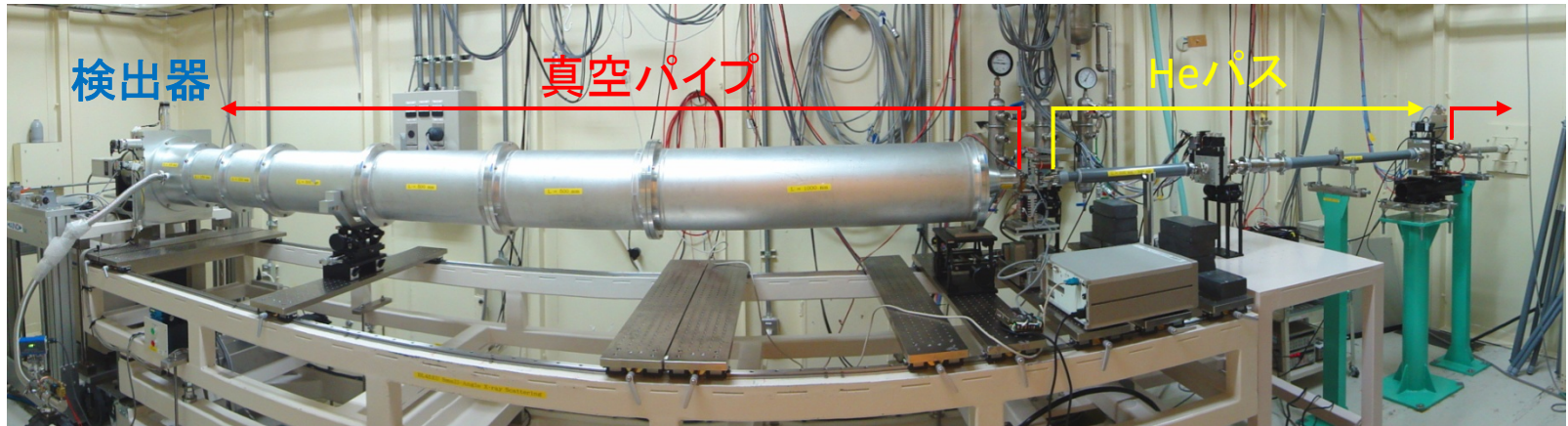
0.3 mm (水平方向) x 0.2 mm (垂直方向)

*BL45XU*

*SWAXS station*



*SAXS station*

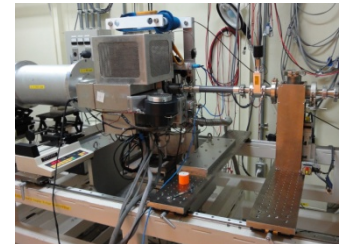


スライド式実験定盤 (4000 x 1050mm<sup>2</sup>)



検出器自動切替  
ステージ

- ・試料周りセットアップの高い自由度  
利用例： 高温断熱セル  
DSC同時測定セル  
FZP集光光学系  
ガストラップ装置  
GI-SAXSステージ etc
- ・カメラ長変更の簡易化 ~60分
- ・検出器変更の迅速化 ~30分



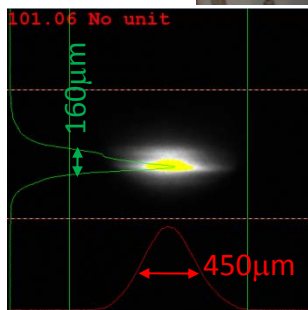
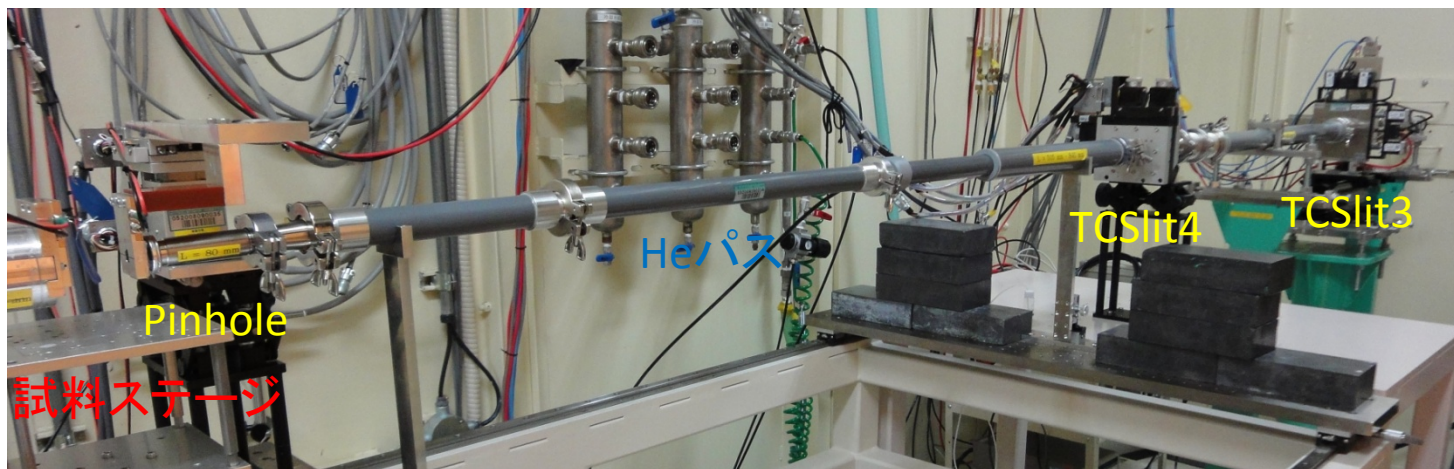
ガストラップ装置

\*1実験当たりのビームタイム24~48時間

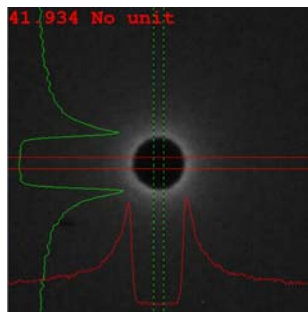
**多種多様な先端研究開発の機器持ち込み要求に対応**



# 実験ステーション内光学系配置

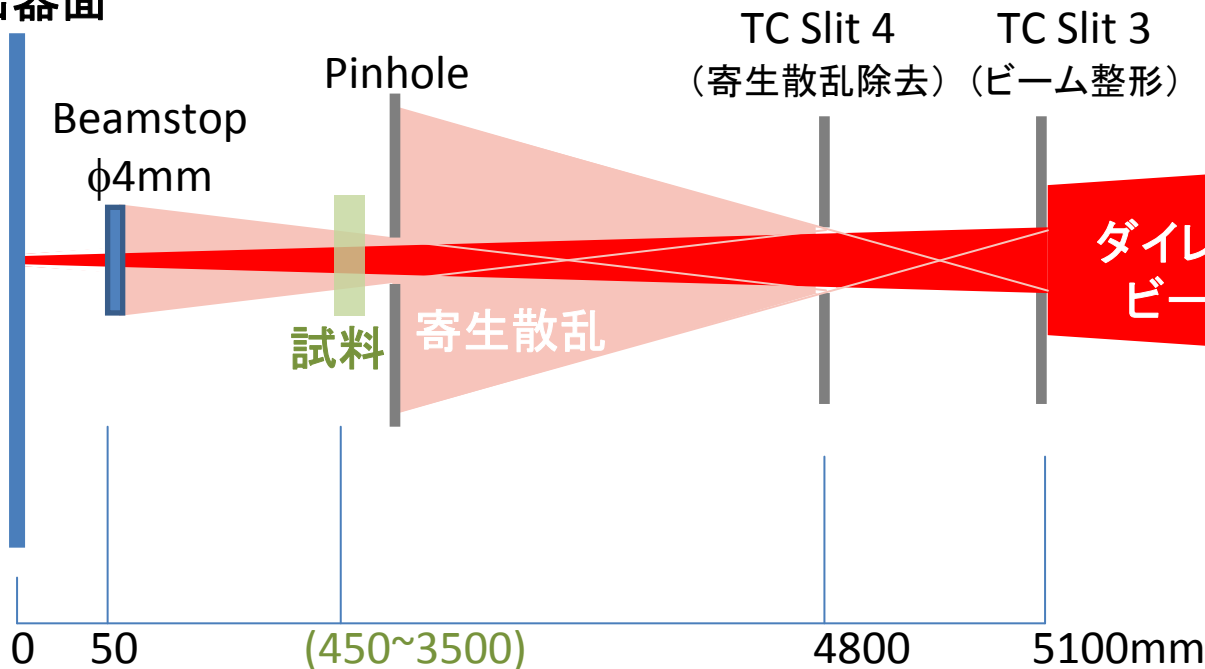


ビームプロファイル



散乱プロファイル

検出器面



安定 ( $\sigma_{I_0} < 0.5\%$ ,  $\sigma_{\text{position}} < 10\mu\text{m}$ )、低発散のX線ビームを供給

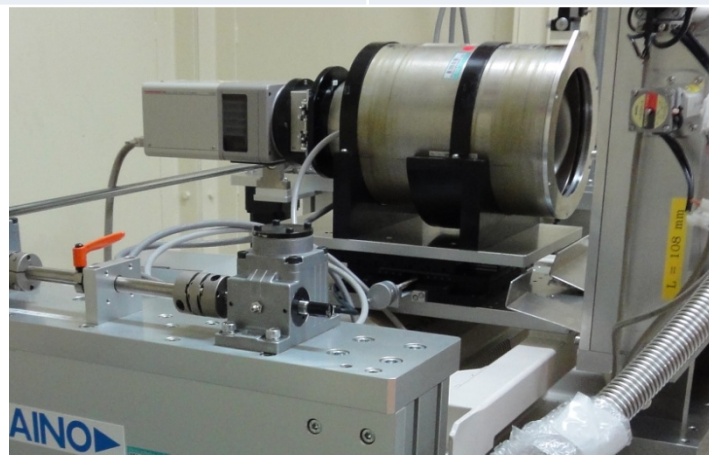


# 検出器

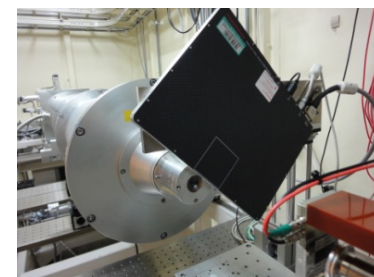
	R-AXIS IV++	6"-X線イメージンテンシファイアー		Flat panel sensor C9728Dk-10
		C4880-10-14A	C7300-12-NR	
形式	IP	フルフレームCCD	インターラインCCD	CMOS
受光面積	300 x 300 mm <sup>2</sup>	φ 150mm		52.8 x 52.8 mm <sup>2</sup>
ピクセルサイズ	100 μm	130 μm	110 μm	50 μm
ダイナミックレンジ	20 bit	14 bit	12 bit	5600
最短露光時間	-	20 msec	91 μsec	3 Hz
最短撮影サイクル	露光時間 + 4 min	露光時間 + 5 sec	76 msec (38 msec)	3 Hz
	<b>大面積、高ダイ ナミックレンジ</b>	<b>高感度、低ノイズ</b>	<b>高感度、サブ秒時 分割</b>	<b>WAXS同時測定用</b>



R-AXIS IV++

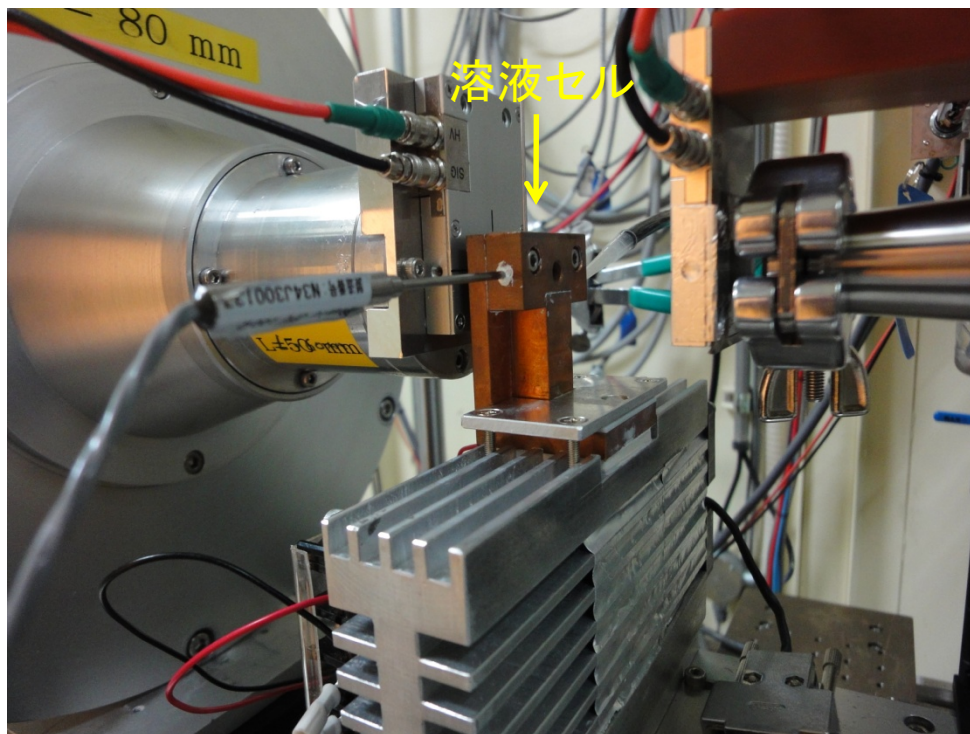


6"-XRII +C4880-10

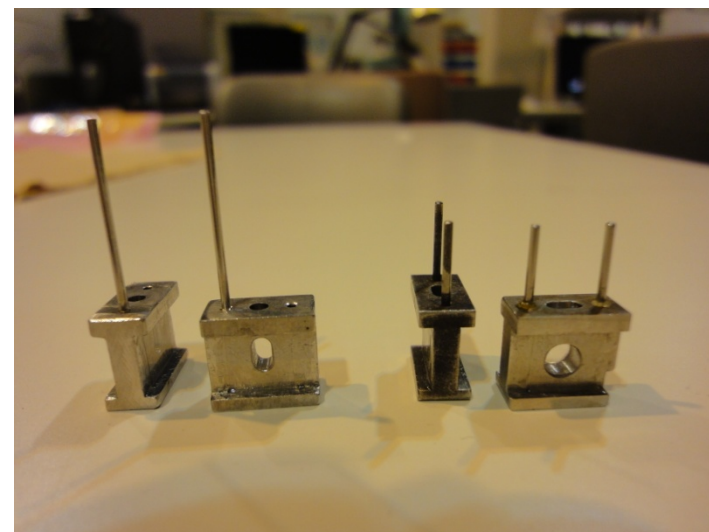


Flat Panel Sensor  
C9728Dk-10

# 溶液試料セル



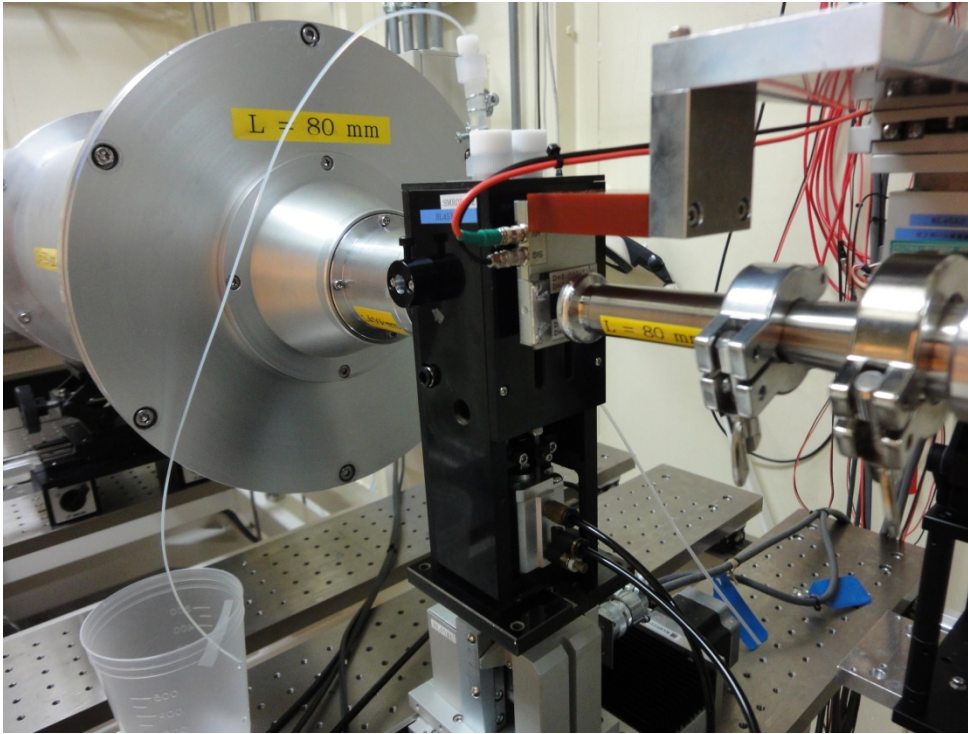
溶液セルホルダー(制御温度:4~80°C)  
XZ電動ステージ付  
\* フローセル等にも対応



20 $\mu$ l溶液セル 50 $\mu$ l溶液セル  
光路長 3mm  
20 $\mu$ m石英窓  
(光路長1mmセルも有)

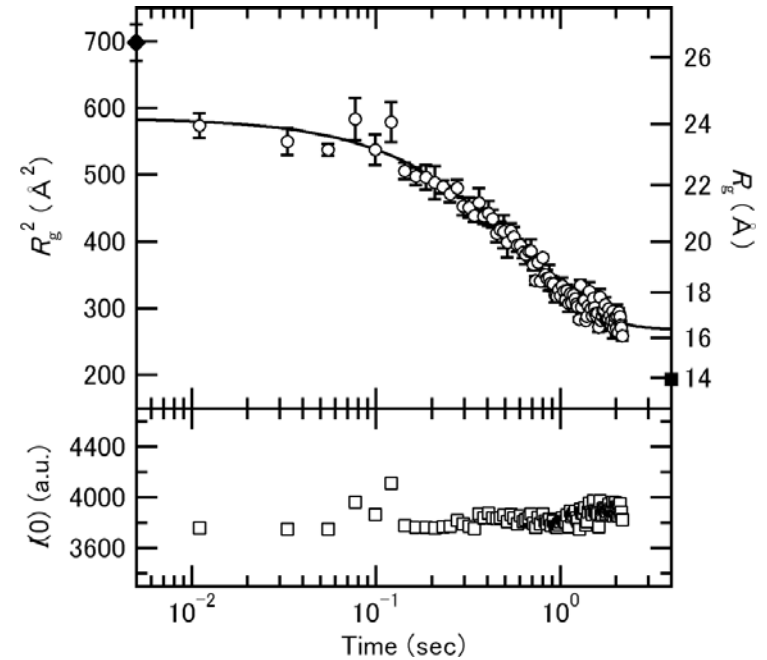
**目的に応じたセルの設計が可能**

# Stopped Flowセル



ユニソク製 Stopped Flowセル

- ・ サファイアキャピラリー  $\phi$  2mm
- ・ 100 $\mu$ l + 100 $\mu$ l 混合



Konuma *et al.* (2011)

II + CCDとの組み合わせで  
数十ミリ秒～ 時分割測定が可能



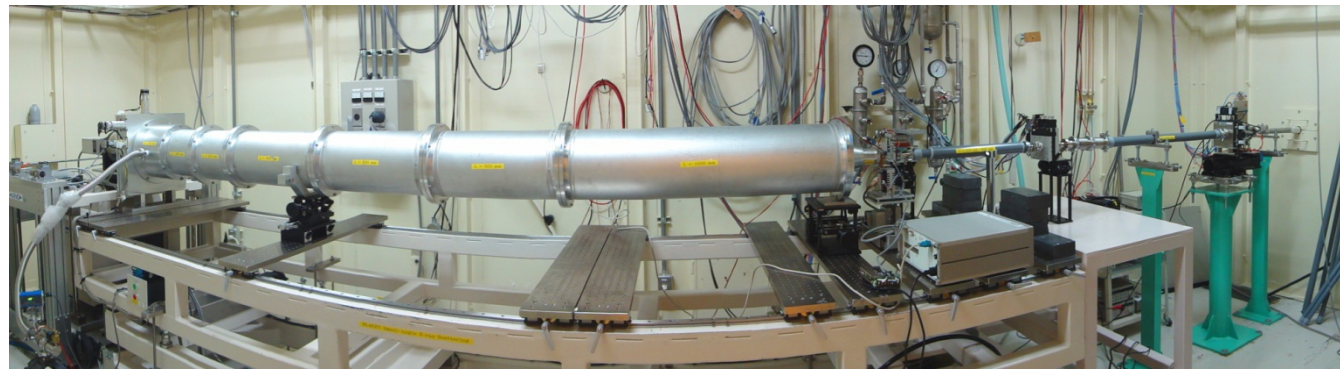
# 検出器-試料距離と測定レンジ

		0.9Å (13.8keV)				1.5Å (8.3keV)			
検出器	カメラ距離 (mm)	D <sub>min</sub> (Å)	D <sub>max</sub> (Å)	Q <sub>min</sub> (Å <sup>-1</sup> )	Q <sub>max</sub> (Å <sup>-1</sup> )	D <sub>min</sub> (Å)	D <sub>max</sub> (Å)	Q <sub>min</sub> (Å <sup>-1</sup> )	Q <sub>max</sub> (Å <sup>-1</sup> )
6"-XRII + C4880-10	450	5.1	141.5	0.044	1.229	8.5	235.8	0.027	0.737
	3500	44.3	1240	0.005	0.142	73.8	2066	0.003	0.085
R-AXIS IV++	450	2.5	141.5	0.044	2.531	4.1	235.8	0.027	1.519
	3500	20.7	1240	0.005	0.304	34.5	2066	0.003	0.182

※500mm単位で調整可、ビームストップφ4mm



カメラ距離450mm



カメラ距離3500mm

2.5 Å < D < 2066 Å ( 0.003 Å<sup>-1</sup> < Q < 2.5 Å<sup>-1</sup> ) の測定が可能

## 構造生物学

静的溶液散乱 小角分解能の向上  
低バックグラウンド、高感度測定  
ハイスループット化

動的溶液散乱 高速時分割、高感度測定

繊維回折 低バックグラウンド

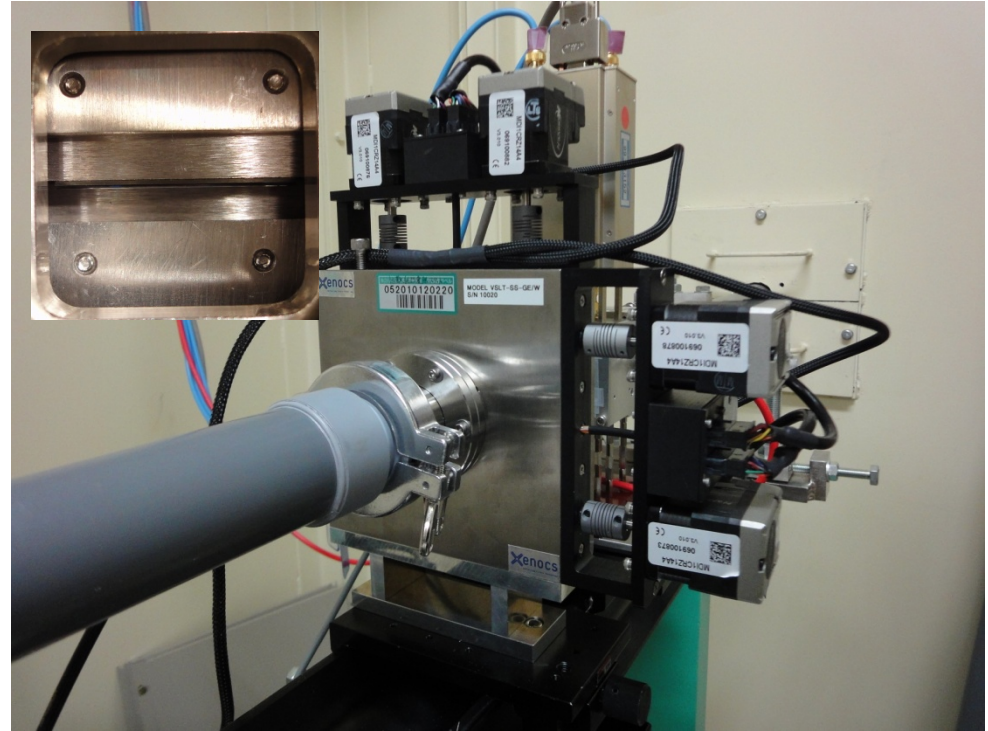
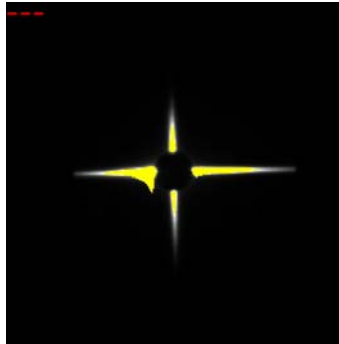
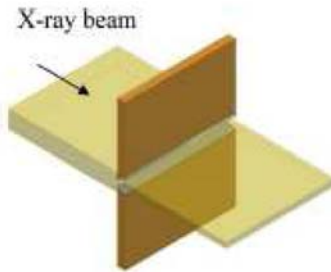
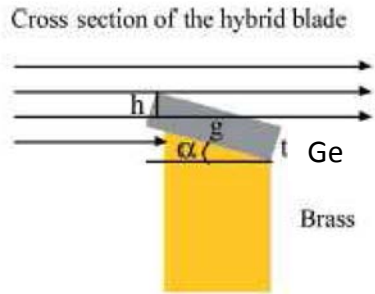
気相散乱 低バックグラウンド、高感度測定  
ビーム安定度の向上

## 材料科学

低角分解能の向上  
マイクロ・ナノビーム

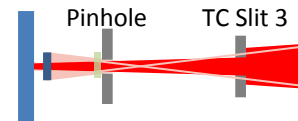
# Scatterless Slit (2011年2月導入)

- Ge単結晶ブレード
- エッジ部の結晶粒界からの寄生散乱除去



Xenocs® Scatterless Slit (TC slit 3)

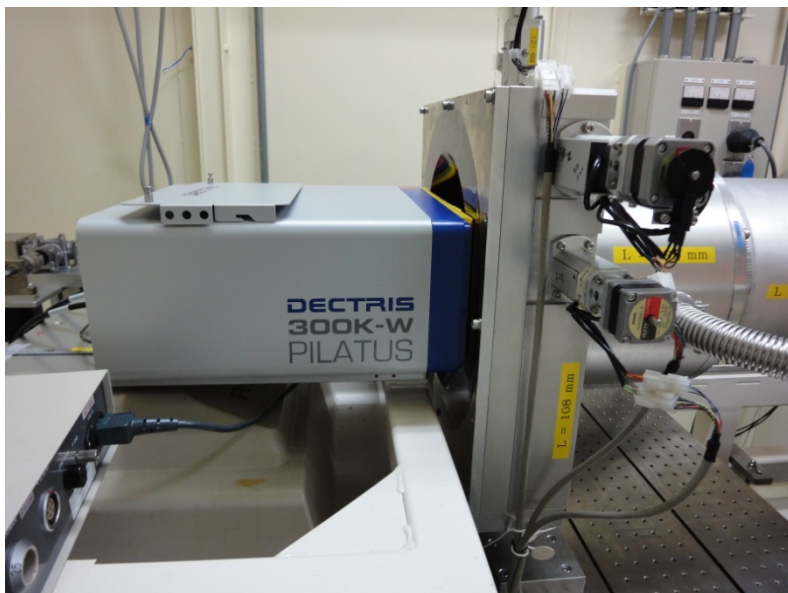
- 光学系の簡素化 (TC slit 4の廃止)
- ビームストップ小径化による小角分解能の向上





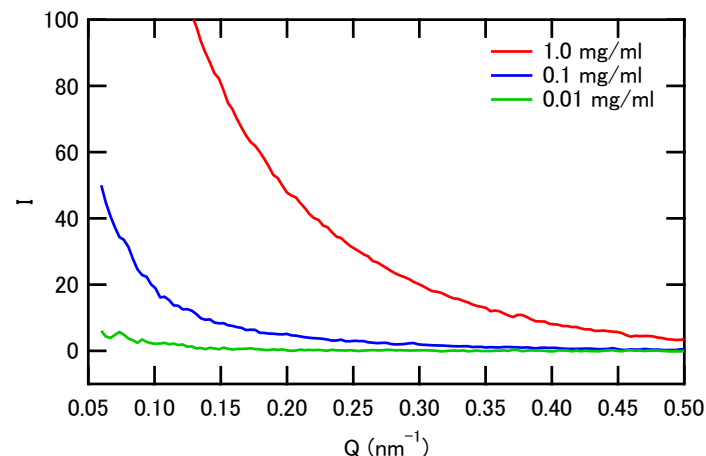
# PILATUS300K-W (2011年3月導入予定)

- 1光子計測
- バックグラウンドノイズなし



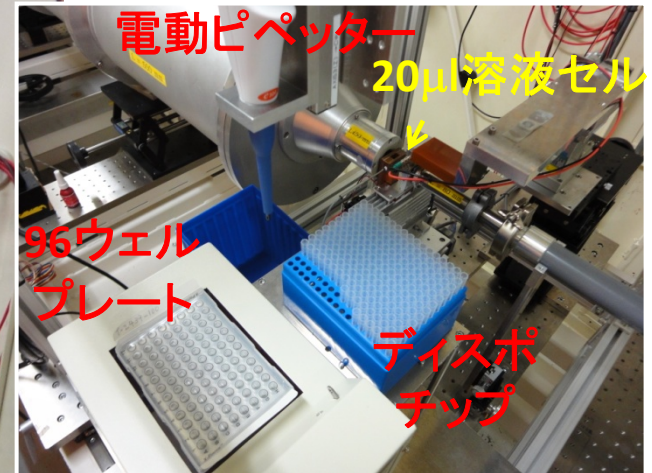
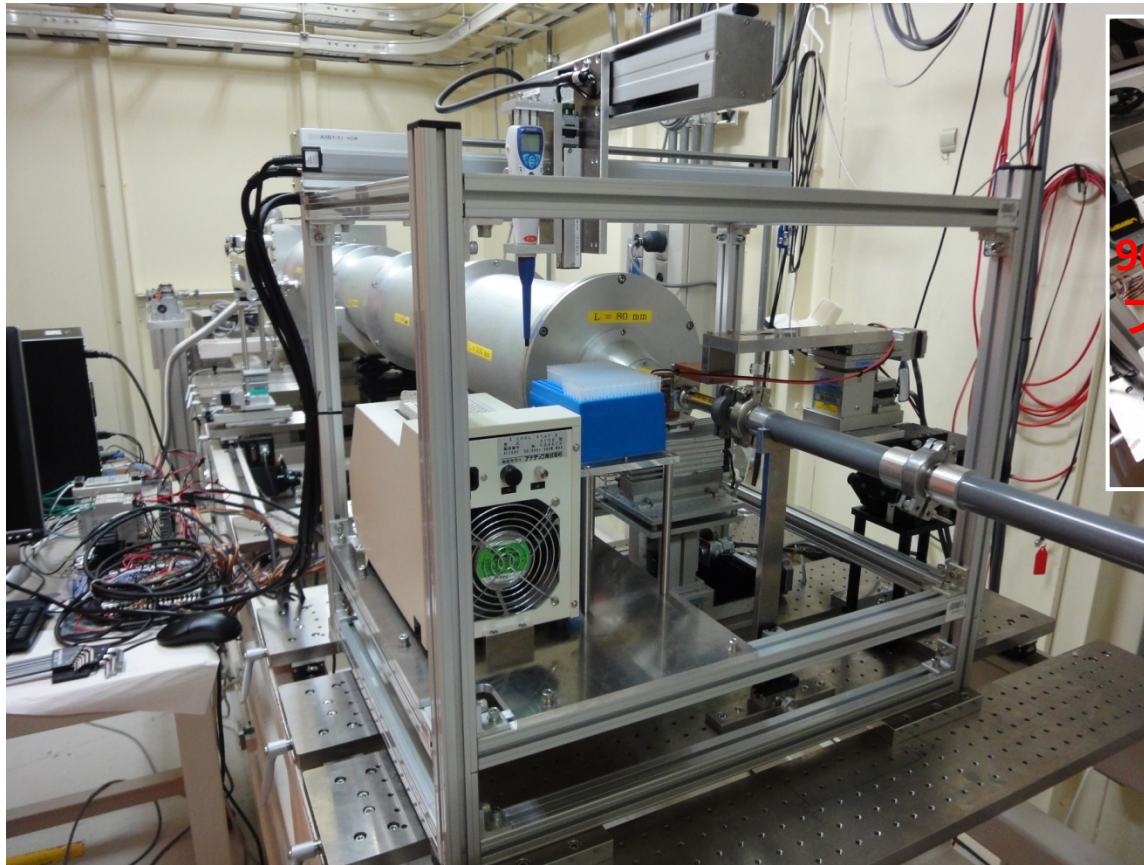
	PILATUS300K-W
形式	フotonカウンティング
受光面積	254 x 33.5 mm <sup>2</sup>
ピクセルサイズ	172 μm
ダイナミックレンジ	20 bit
ピクセル当り計測速度	> 2 x 10 <sup>6</sup> photons/sec
読出し時間	2.7 msec
最短撮影サイクル	200 Hz

- 微弱散乱強度測定
- ミリ秒時分割測定



Thyroglobulin (Mw. 660kDa)の散乱曲線  
露光時間1秒

# 溶液サンプルチェンジャー(開発中)



- モジュール構造による他実験系との排他利用
- 電動ピペッター + ディスポチップ利用でのコンタミの排除
- 96ウェル試料プレートでの試料低温保存
- **創薬スクリーニングなどを含むスループットの向上**

# 溶液サンプルチェンジャー(開発中)



- モジュール構造による他実験系との排他利用
- 電動ピペッター + ディスポチップ利用でのコンタミの排除
- 96ウェル試料プレートでの試料低温保存
- **創薬スクリーニングなどを含むスループットの向上**



# BL45XU-SAXS利用研究の紹介

## 特徴的な解析例

- 時分割測定

  - 長周期: 時計タンパク質

  - 短周期: タンパク質フォールディング

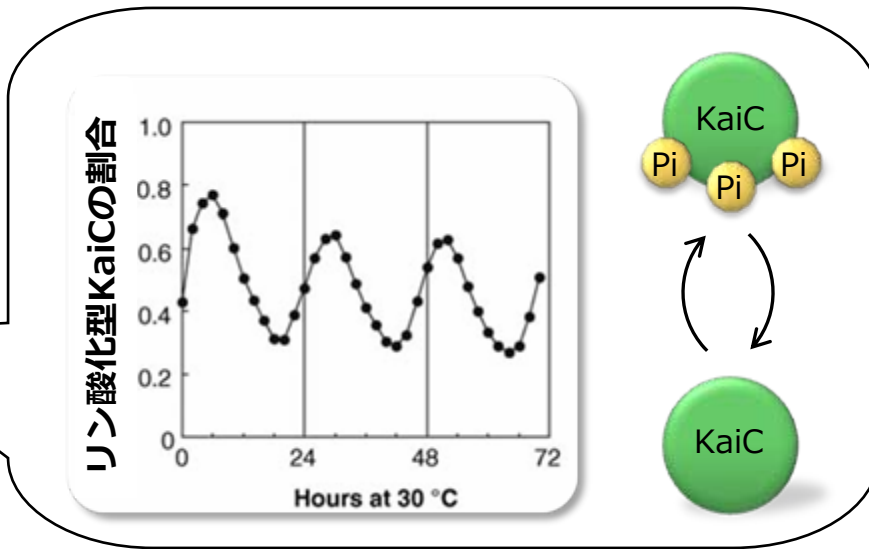
- 微小集光ビームによる繊維内構造研究

- フローセルによる連続測定

- 希薄系 (Gas-Phase) への挑戦

# 試験管内で時を刻むシアノバクテリアの生物時計 SPring 8

KaiBは脱リン酸化を助ける

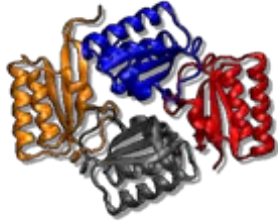


リン酸化型と脱リン酸化型を24時間周期で行ったり来たりする！ ⇒ 時計そのものの  
**秋山 (名大 / 理研)**

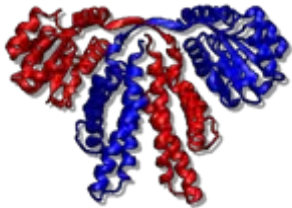
# 試験管内で時を刻むシアノバクテリアの生物時計

×線結晶構造解析

(3次元的に整列した分子)



KaiB  
(11kDa × 4量体)



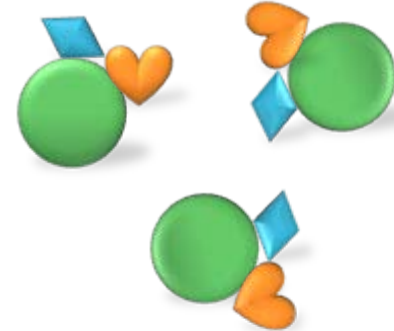
KaiA  
(33kDa × 2量体)



KaiC  
(58kDa × 6量体)

×線小角散乱

(溶液中で自由に動く分子)



長所 . . . 生理的な溶液中での測定  
リアルタイム計測

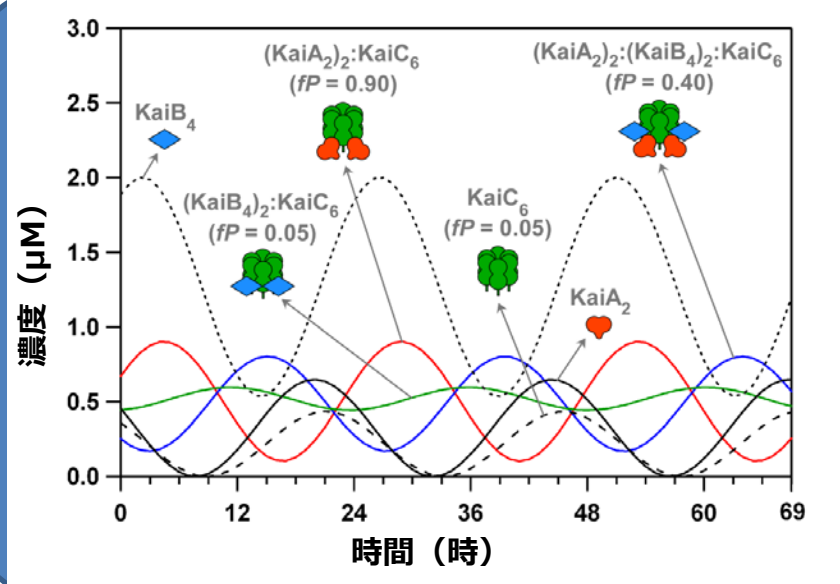
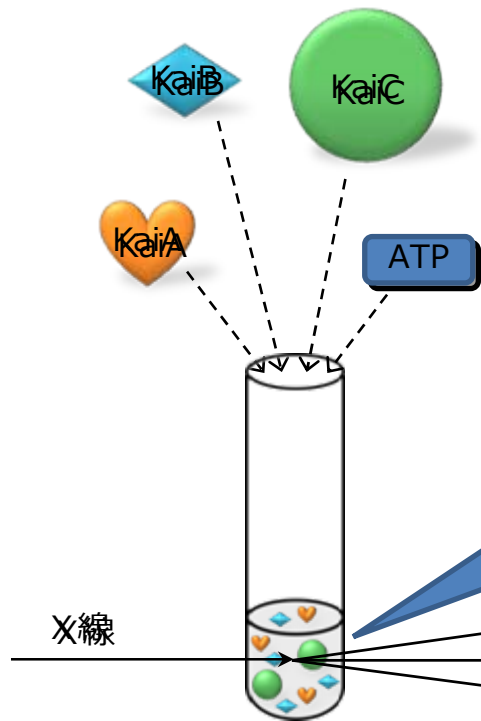
短所 . . . 分子の形しかわからない

Kaiタンパク質の振る舞いを  
その場で観察できる!

Kaiタンパク質の構造が個々に解明されても、  
なぜ時計として機能するかわからない。



# 試験管内で時を刻むシアノバクテリアの生物時計



シアノバクテリアはタンパク質分子の  
運動をもとに時間を測る！

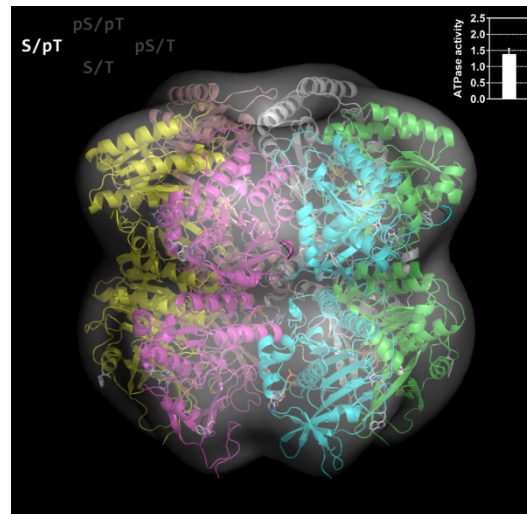
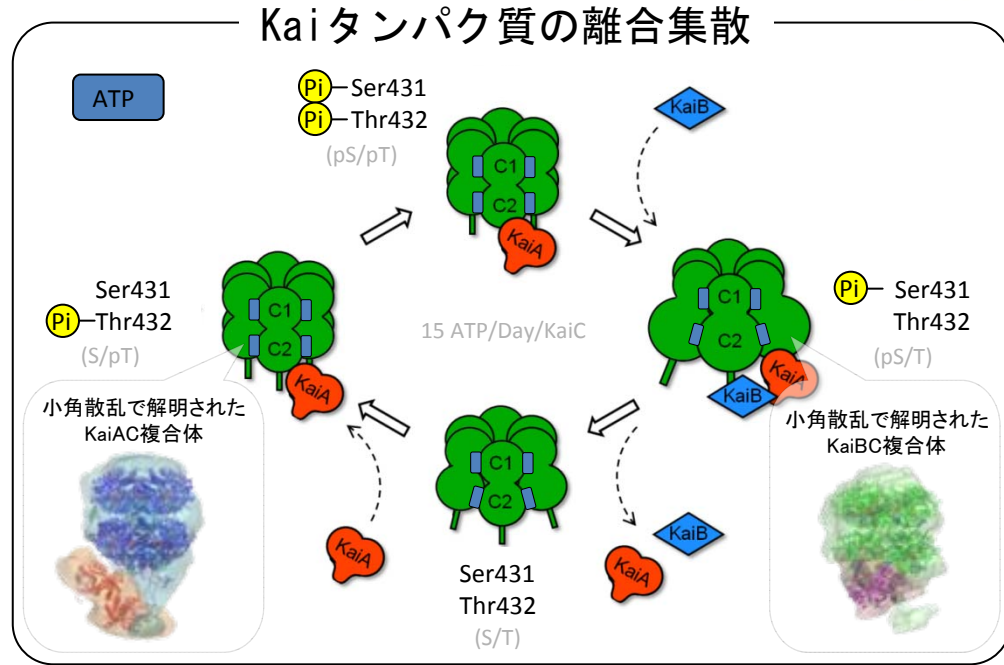
# 試験管内で時を刻むシアノバクテリアの生物時計

## 主な研究成果

- ・ 藍藻の時計タンパク質 (KaiA、KaiB、KaiC) とATPを混ぜると、KaiCのリン酸化状態が24時間周期で振動する。
- ・ Kaiタンパク質の離合集散をX線小角散乱で実時間計測し、時を刻む分子機構を解明した。
- ・ X線小角散乱技術を向上させ、離合集散系を解明するための計測分析として成熟させた。
- ・ KaiCの概日性分子鼓動を可視化(世界初)。まるで心臓が拍動するかのように、形状をリズムカルに膨張・収縮させつつ24時間を刻む。

## 今後の展望

- ・ KaiCのC1リングにあるATPase活性が周期決定因子である可能性が高い。
- ・ 時間と空間の両次元に分解能を向上させた溶液中での計測分析技術の開発。



日本発の研究として高く評価された。Faculty 1000 of Biologyとして推薦を受けた。

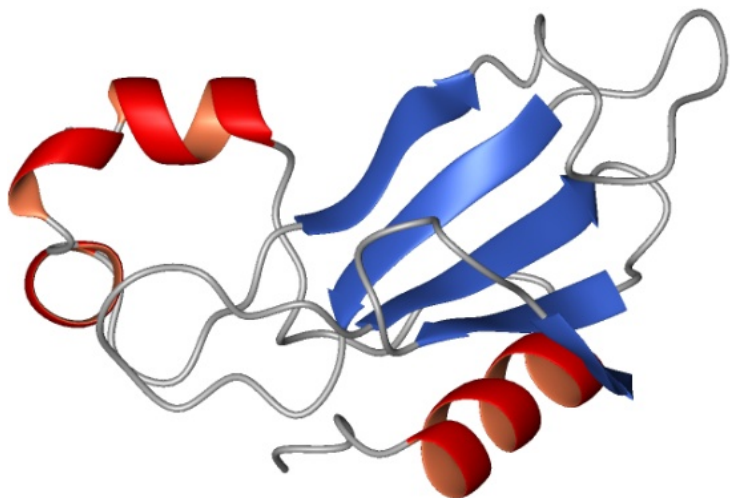
1. Yamada *et al.*, *J. Mol. Biol.* **362**, 123 (2006).
2. Akiyama *et al.*, *Mol. Cell* **29**, 703 (2008).
3. Inaba *et al.*, *J. Biol. Chem.* **283**, 35042 (2008).
4. Akiyama S., *J. Appl. Cryst.* **43**, 237 (2010).
5. Murayama *et al.*, *EMBO J.* **30**, 68 (2011).

I. SAS Young Scientist Prize (2006年7月).  
 II. 日本生物物理学会 若手奨励賞 (2007年12月).  
 III. 文部科学大臣表彰 若手科学者賞 (2008年4月).

秋山 (名大／理研)

# SAXSによるバルナーゼの折り畳み機構の解明

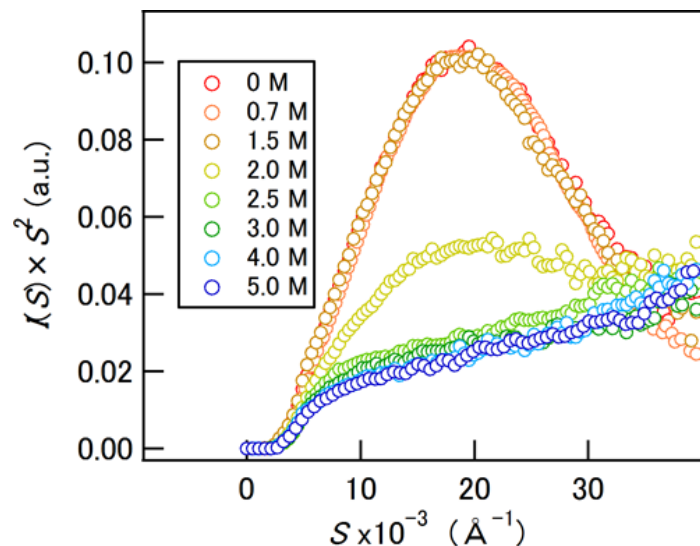
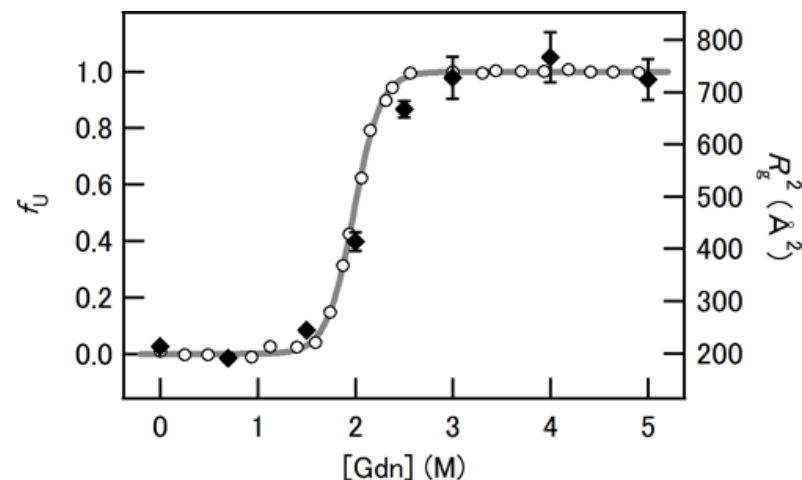
## バルナーゼの構造



- 110アミノ酸残基
- 3個のPro残基 (trans型)

バルナーゼは折り畳み途中に**中間体**を形成することが知られている

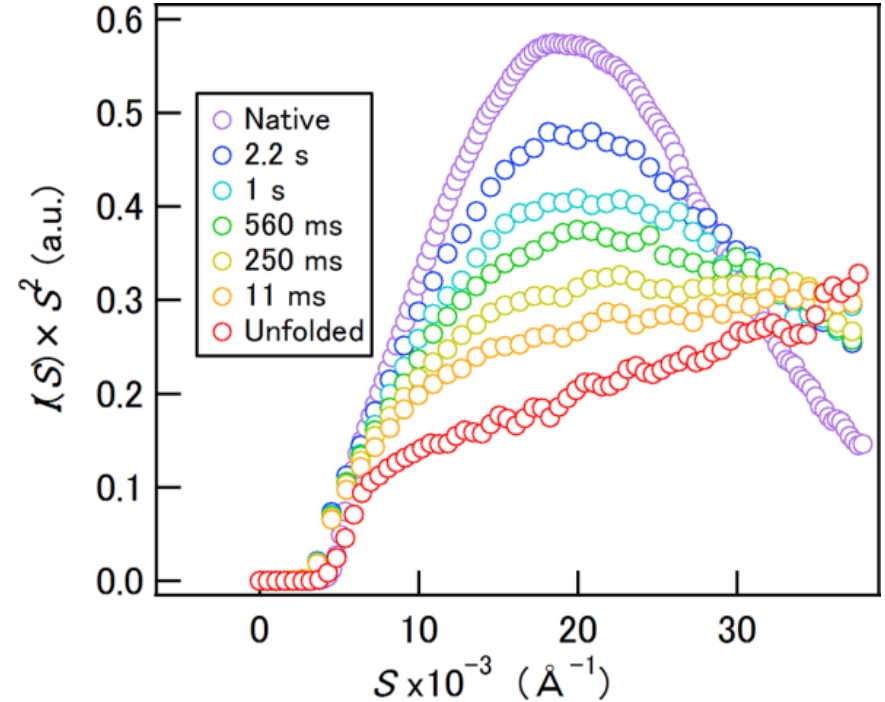
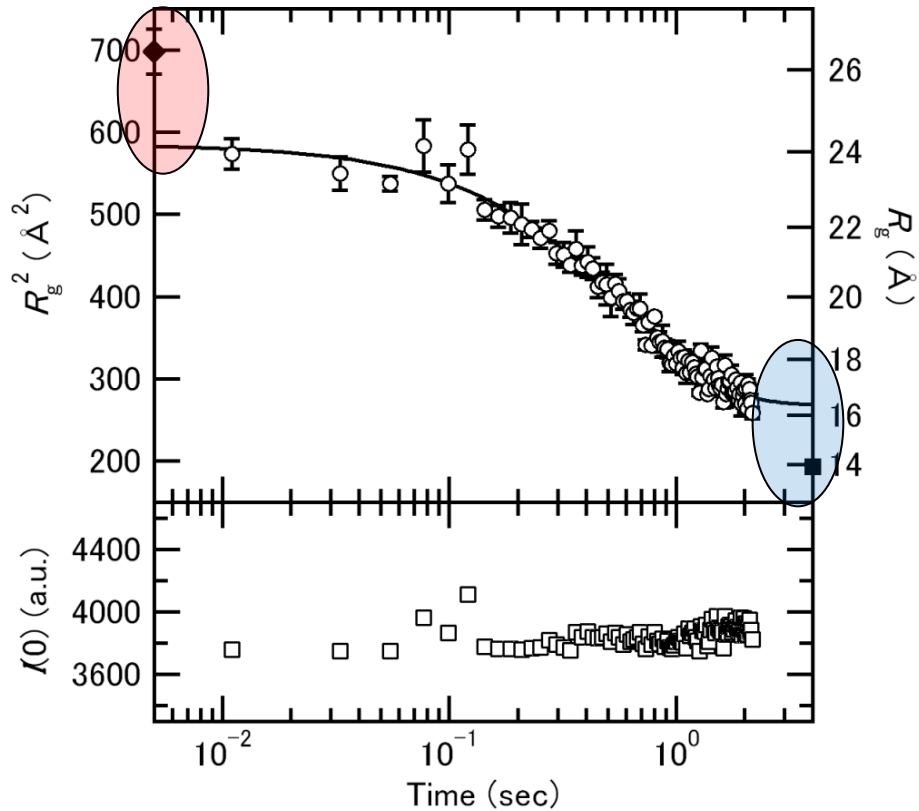
## 変性による蛍光強度および $R_g$ 変化





# SAXSによるバルナーゼの折り畳み機構の解明

## 折り畳みによるポリペプチド鎖の収縮



バースト相において**わずかに収縮**した中間体を形成する  
 折り畳み反応が**遅い**中間体も存在する

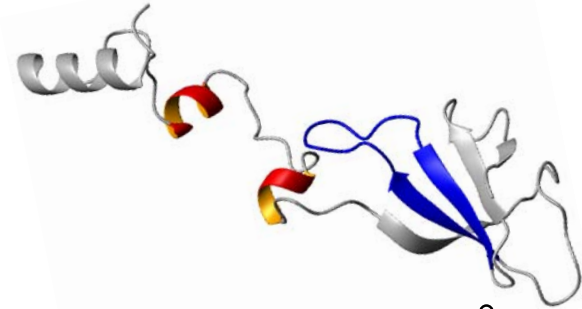
# SAXSによるバルナーゼの折り畳み機構の解明

変性状態



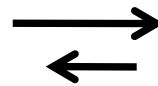
$26.9 \pm 0.7 \text{ \AA}$

中間体 (trans型Pro)



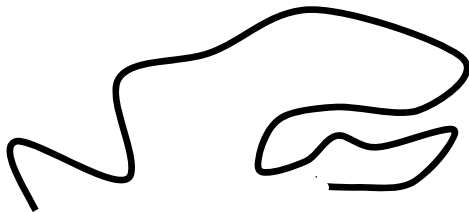
$23.9 \pm 0.2 \text{ \AA}$

< 10 ms



> 2 s  $\updownarrow$

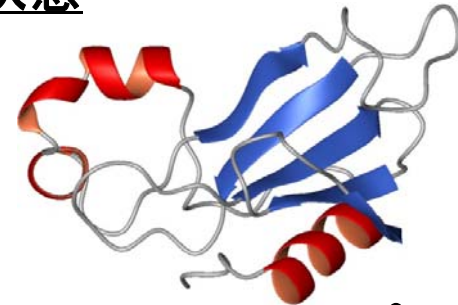
中間体 (cis型Pro)



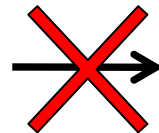
$25.7 \pm 0.6 \text{ \AA}$

$\updownarrow$   $0.56 \pm 0.02 \text{ s}$

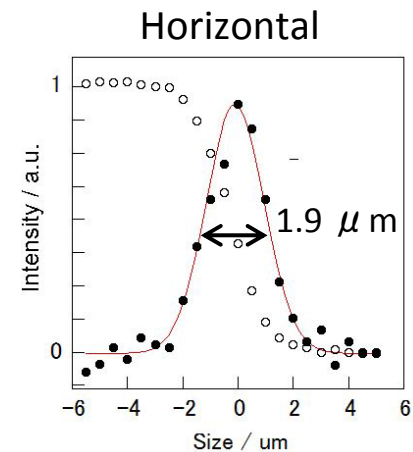
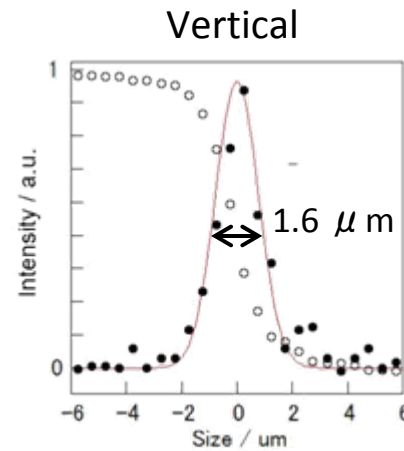
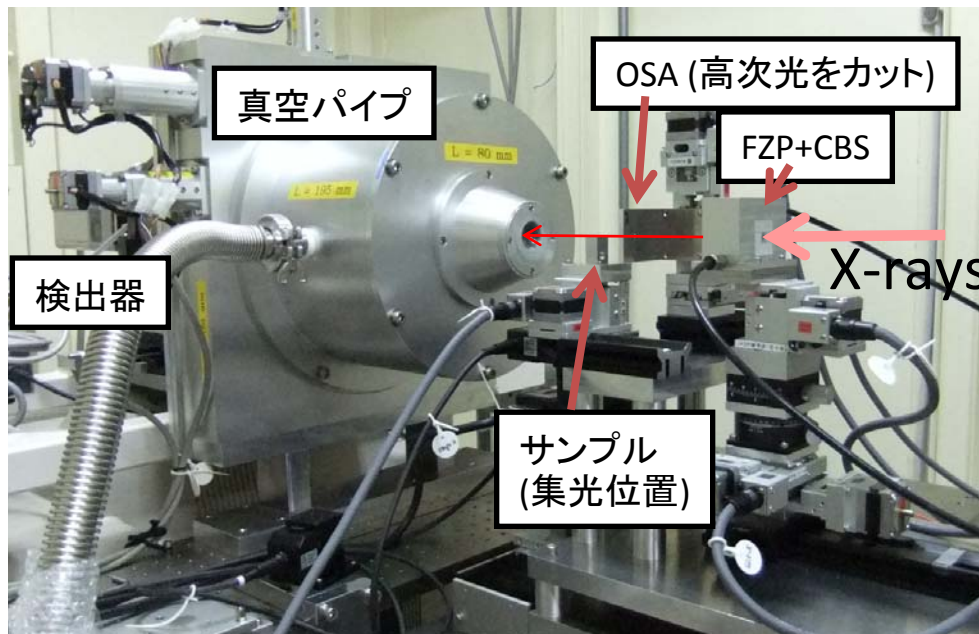
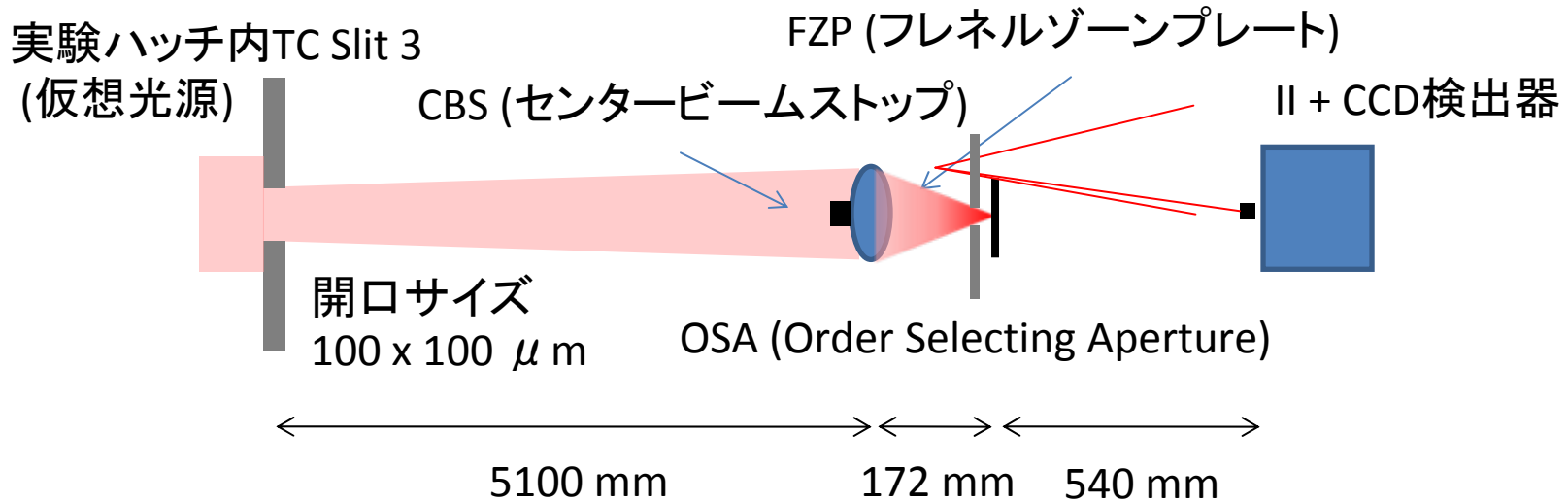
天然状態



$13.8 \pm 0.02 \text{ \AA}$



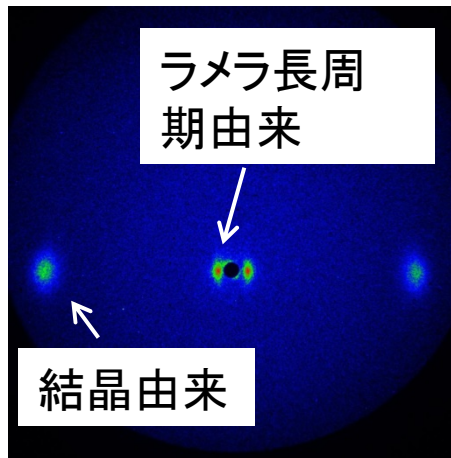
# マイクロビームGISAXS計測システムの開発



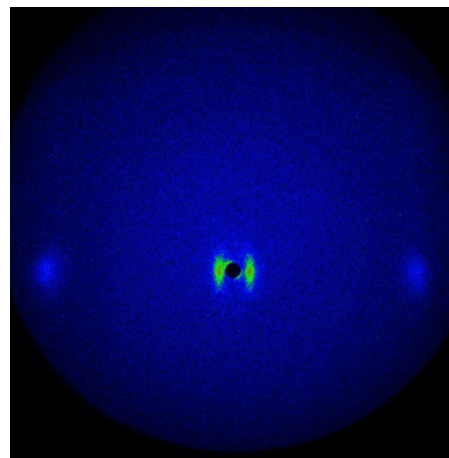


# マイクロビームGISAXS計測システムの開発

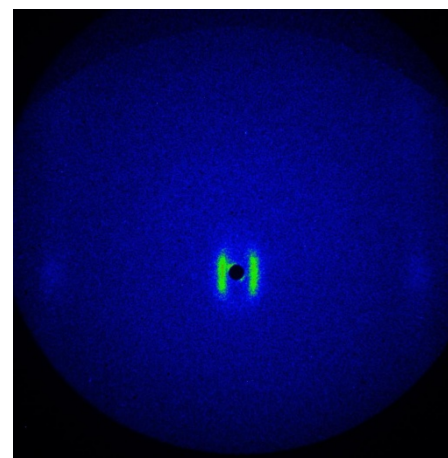
繊維最表面



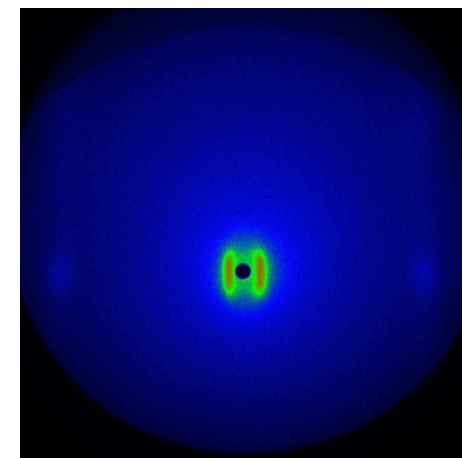
表面から10  $\mu\text{m}$



中心付近



通常サイズのビーム  
100  $\mu\text{m}$  X 100  $\mu\text{m}$



試料直径  
c.a. 200  
 $\mu\text{m}$

繊維軸

微結晶  
ラメラ

skin

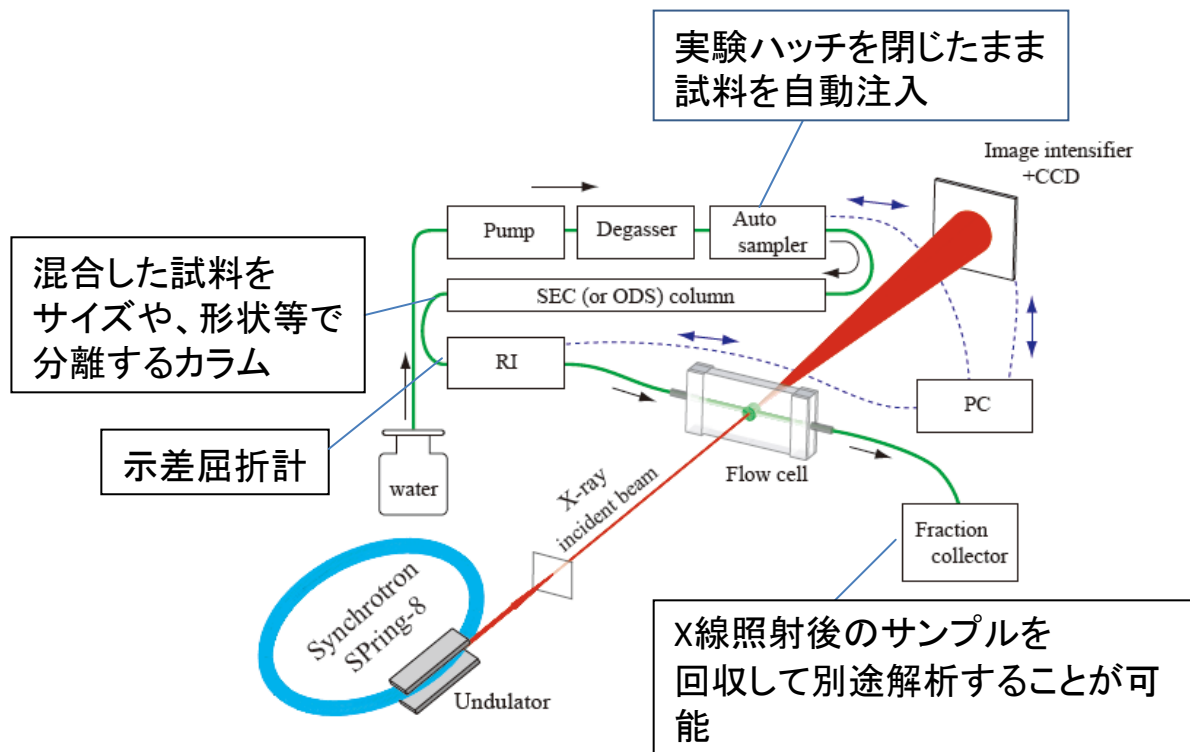
core

繊維最表面近傍ほど反射は小さく明瞭である。

→ 繊維最表面近傍(skin部)は、中心部(主としてcore部)と比較して、結晶性が高く、分子鎖およびラメラ(微結晶)の配向性が高い。ラメラ晶と非晶は繊維軸に平行に交互積層しているが、繊維最表面近傍ほど隣接ラメラが並列する秩序性が高い。



# 混合系(弱会合性)溶液のSAXS測定



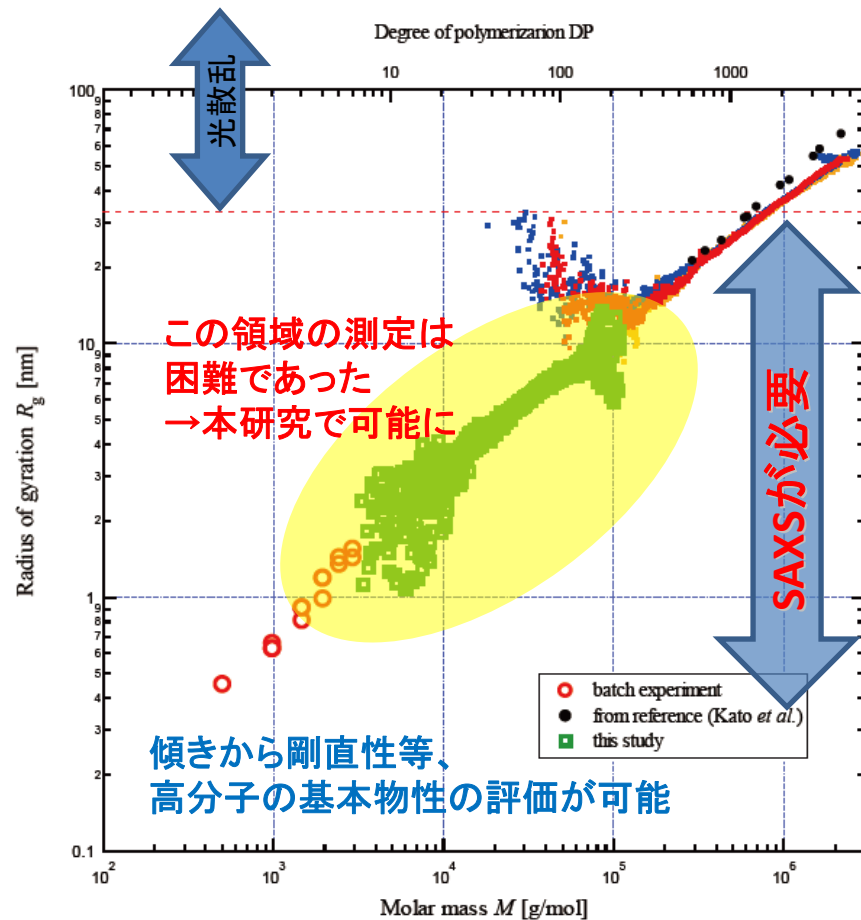
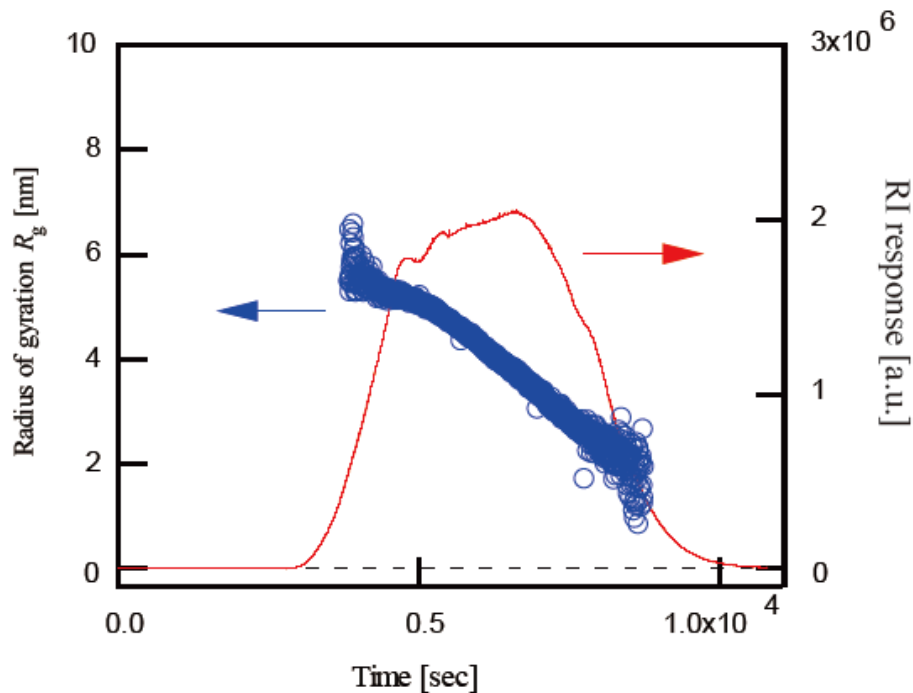
フローセル  
(旧型)

## フローセルによる連続測定

- 会合しやすい系でも分離後の単独鎖測定が容易
- 既存の分離技術と相性が良く、カラム等で各成分を分離精製した直後に測定が可能

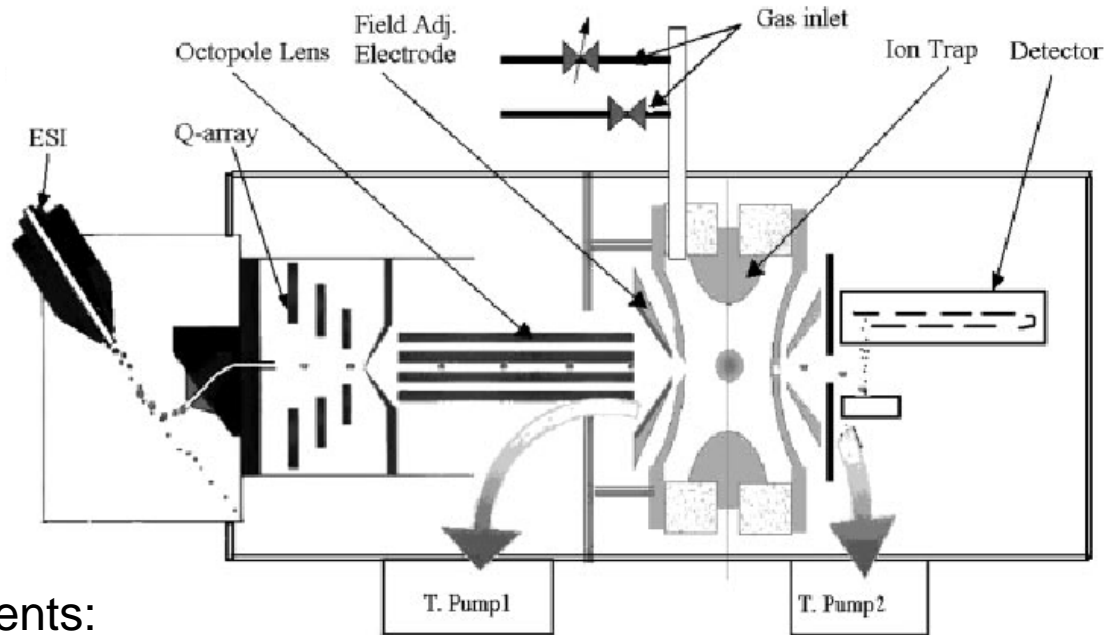


# 混合系(弱会合性)溶液のSAXS測定



光散乱の検出限界である20nm以下の分子の回転半径、  
形状、剛直性等がシームレスに評価可能





### Scheme of events:

- ESI source generates ions continuously
- Quadrupole used either as continuous guide to pass most of the ions through to the trap **or** select and trap ions with  $m/z$  ratio
- Ion trap is filled with ions (limit: space-charge effects within trap)
- Cooling by introduction of pulse of Helium
- Isolation of ions of interest (ejecting all others)
- **X-ray interaction**
- Ejection
- Mass analysis of surviving ions

a few ms

30 ms

10 ms

**user defined**

1 ms

20 - 200 ms

## The challenges ...

SAXS on solutions of biomolecules (e.g. proteins):

**$10^{11} - 10^{13}$  particles (in 1-2 mm<sup>3</sup>)**

minimum number of ions which can still be detected on MS detector:

**a few 100s of particles**

maximum number of ions which can be trapped ("*trapping capacity*"):

**$10^6 - 10^7$  particles**

High-throughput ion trap mass spectrometer:

**reliable and efficient trapping of ions**

Weak scattering signal from biomolecules:

**powerful x-ray source**

Low background from experimental set-up:

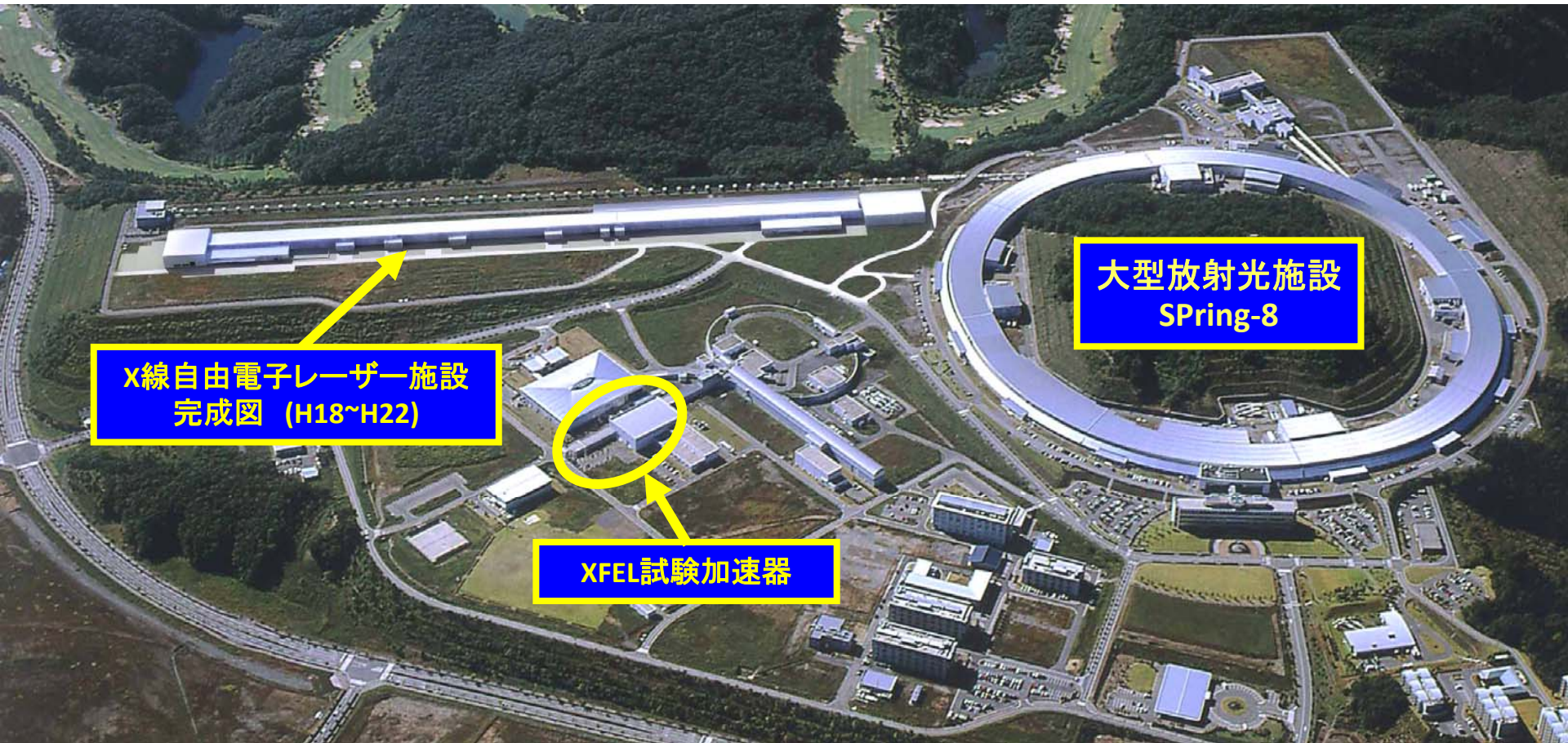
**complete integration of DIT in beamline**

# XFELの利用

国家基幹技術

# X線自由電子レーザー施設

“XFEL : X-ray Free Electron Laser” @ SPring-8



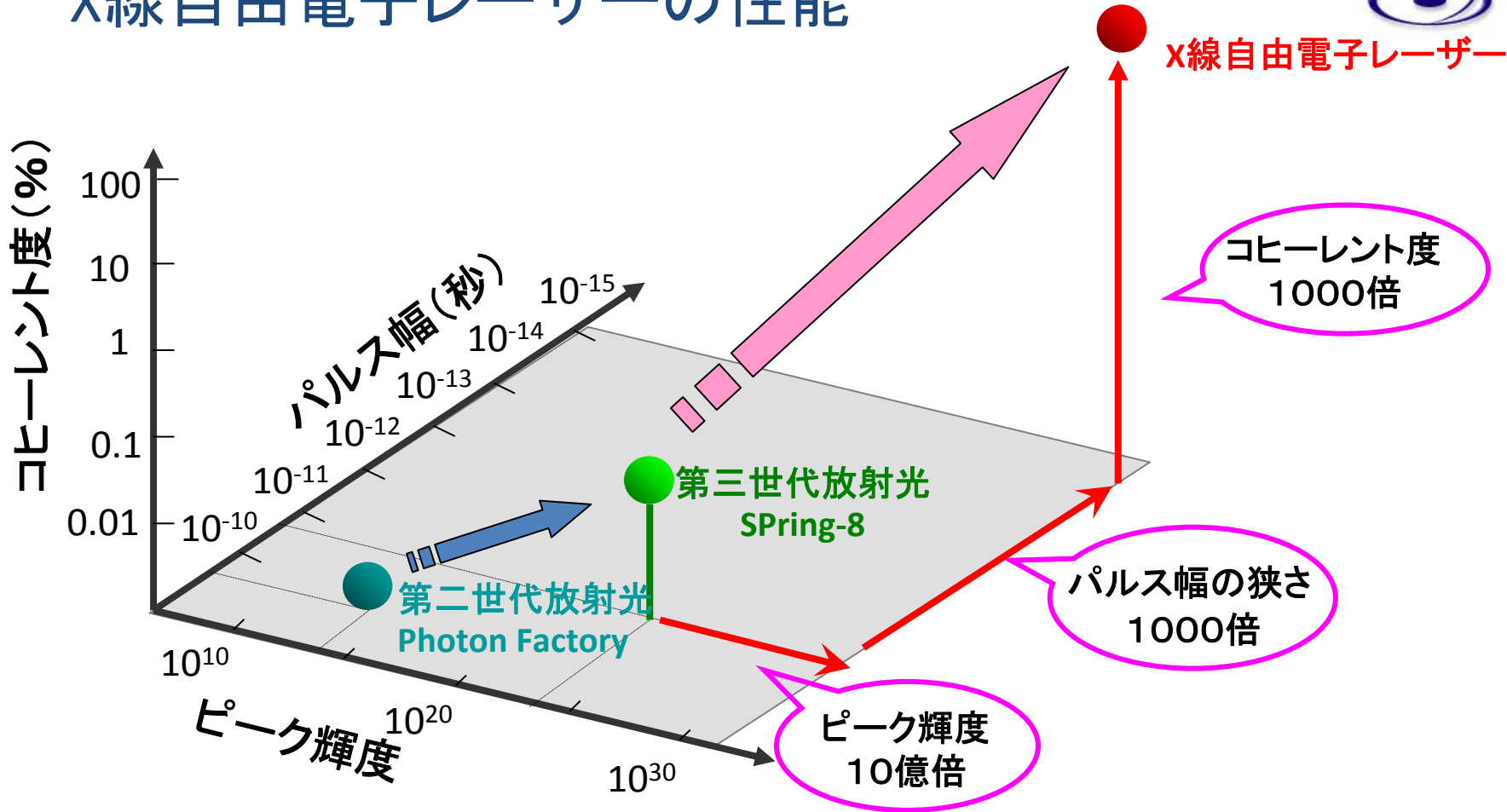
大型放射光施設  
SPring-8

X線自由電子レーザー施設  
完成図 (H18~H22)

XFEL試験加速器



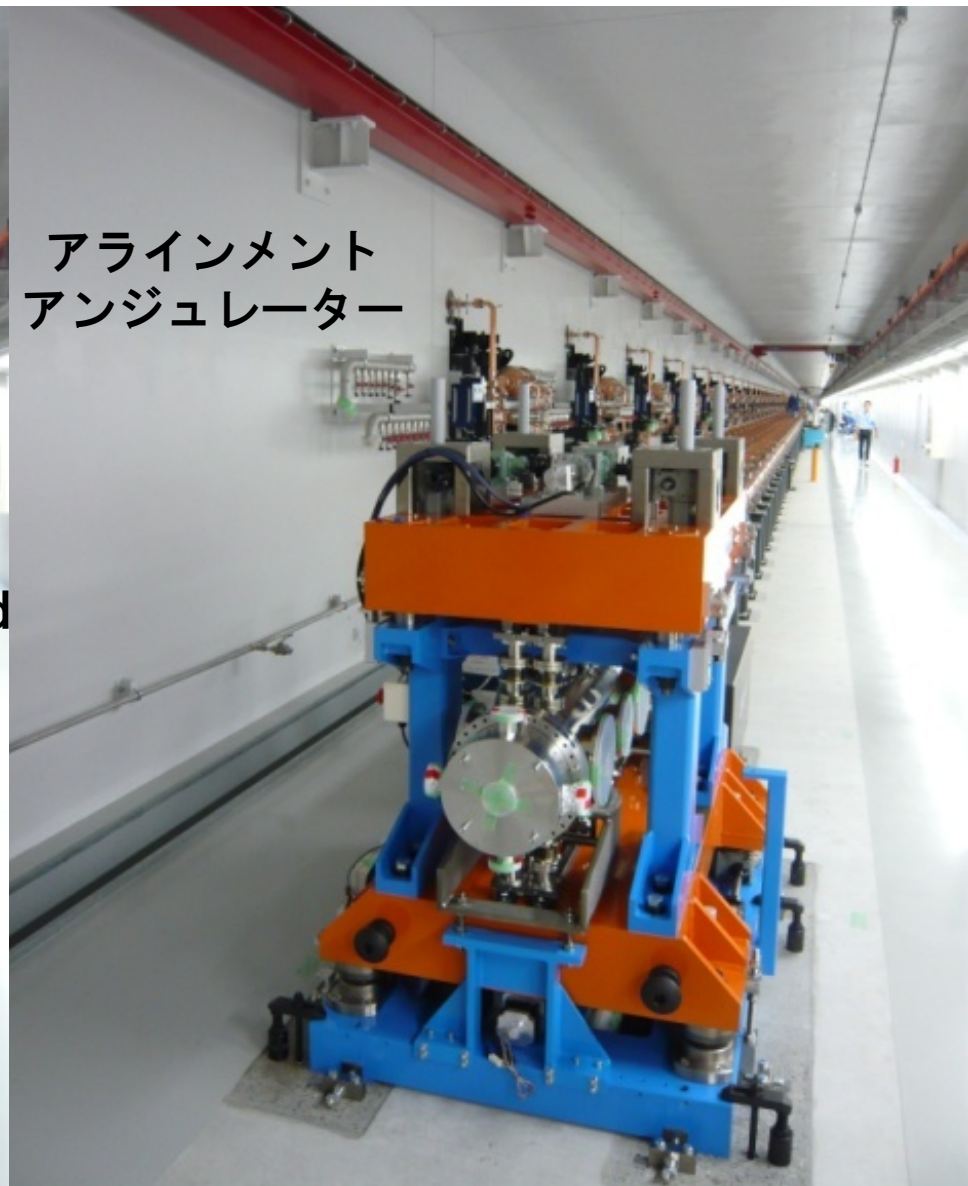
# X線自由電子レーザーの性能



## X線自由電子レーザー (波長0.06 nm の硬X線を発振) の特徴

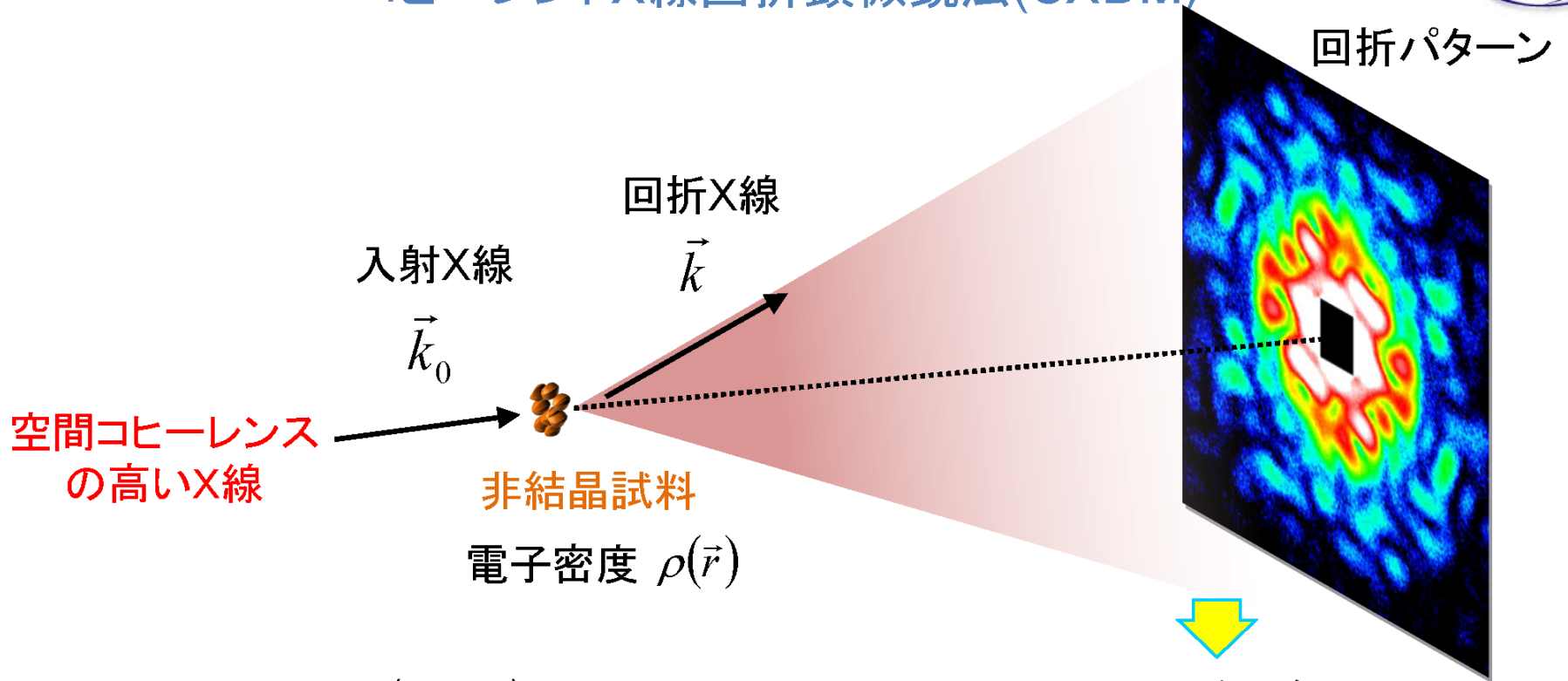
- ◎ 強いピーク輝度 [SPring-8の10億倍]
- ◎ 狭いパルス幅 [SPring-8の1000倍 = fsec パルス (10兆分の1秒)]
- ◎ 高いコヒーレンス度 [SPring-8の1000倍 = コヒーレント度100%]

# X線自由電子レーザーの8 GeV線形加速器



X線波長：0.06 nm、ピーク輝度：SPring-8の10億倍、  
パルス幅：80 fsec 以下、完全空間コヒーレンス、パルス間隔：60 Hz

# コヒーレントX線回折顕微鏡法(CXDM)



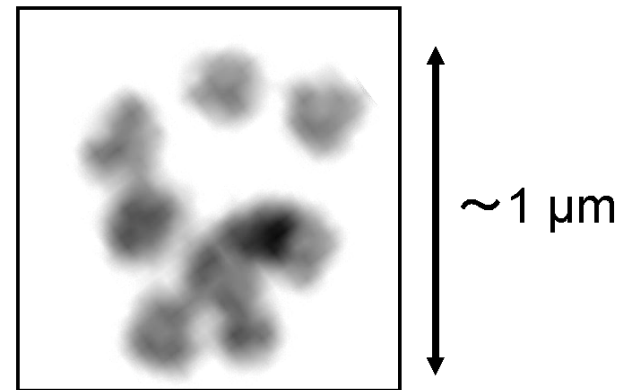
散乱ベクトル  $\vec{S} = (\vec{k} - \vec{k}_0) / 2\pi$

構造因子 
$$F(\vec{S}) = \int \rho(\vec{r}) \exp(2\pi i \vec{r} \cdot \vec{S}) d^3 r$$

$$= |F(\vec{S})| \exp(i\alpha(\vec{S}))$$

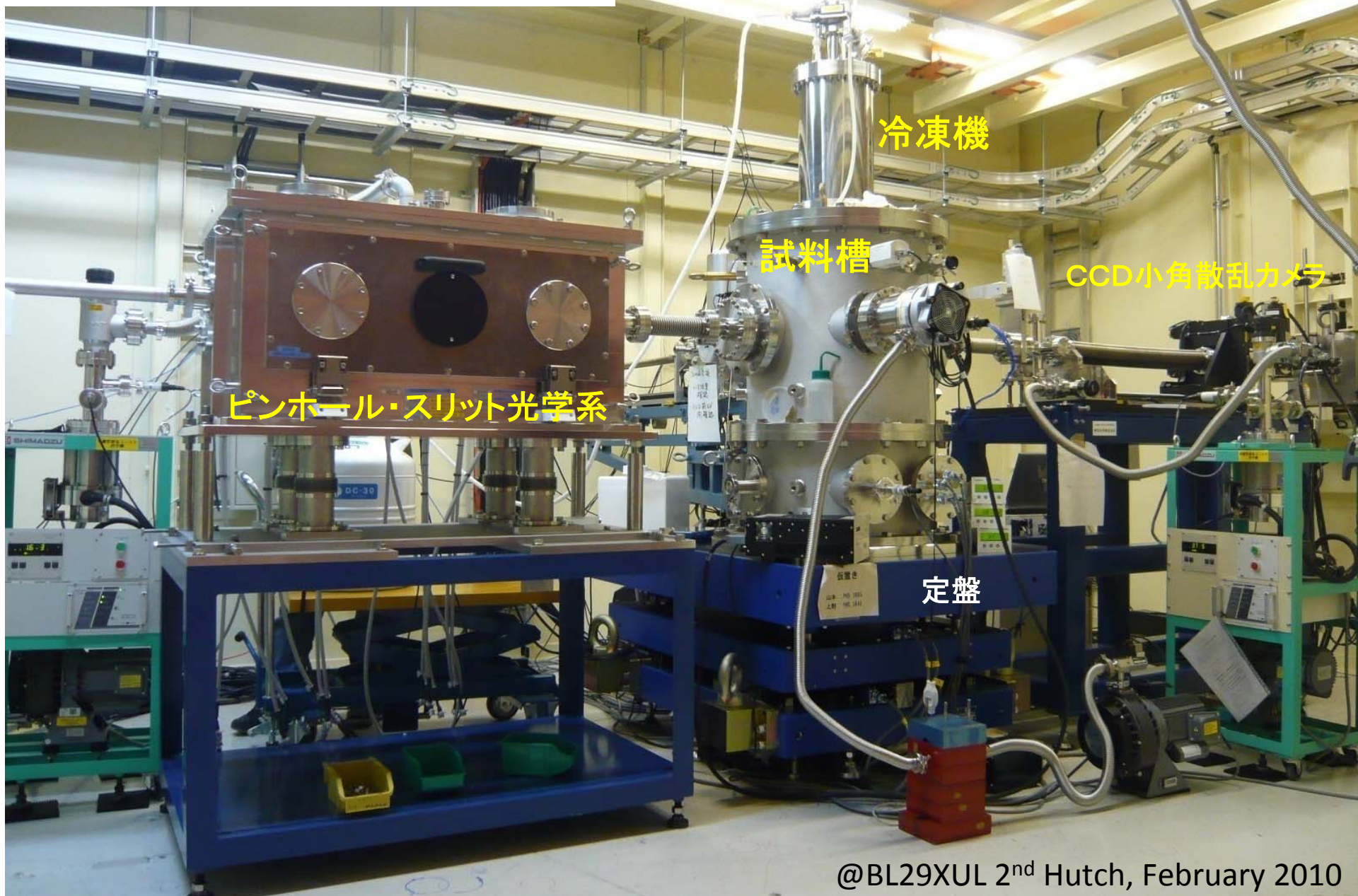
回折強度 
$$I(\vec{S}) = F(\vec{S}) \cdot F^*(\vec{S}) = |F(\vec{S})|^2$$

位相回復アルゴリズムによる  
投影電子密度推定





# 寿命号を用いた CXDM 実験 @BL29XUL



ピンホール・スリット光学系

冷凍機

試料槽

CCD小角散乱カメラ

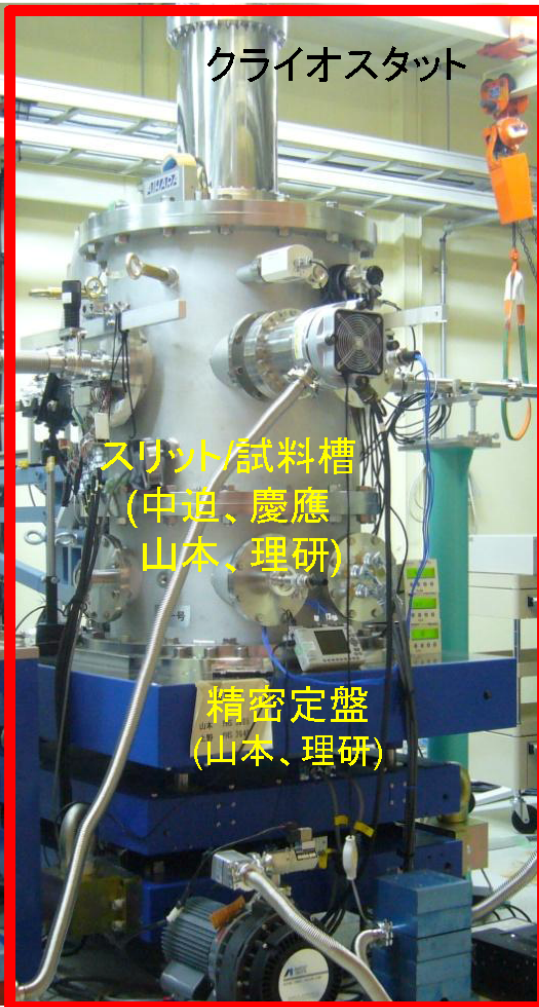
定盤



# 試料冷却下X線照射装置 壽一号



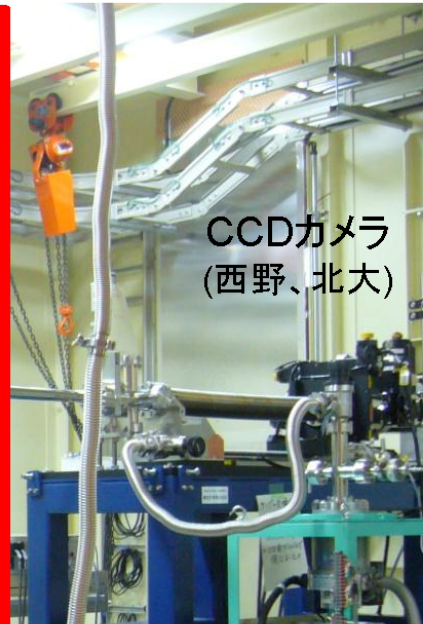
スリット・ピンホール  
(西野、北大)



クライオスタット

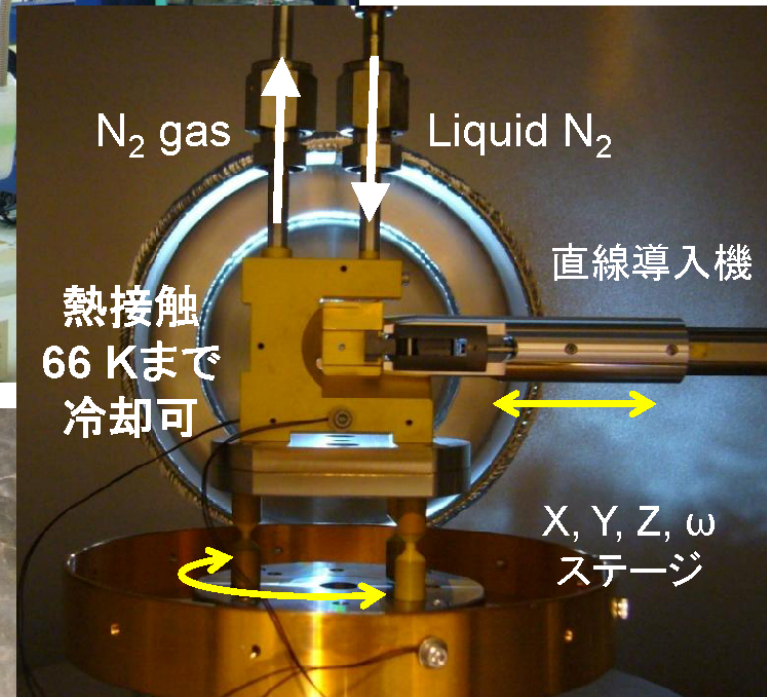
スリット/試料槽  
(中迫、慶應  
山本、理研)

精密定盤  
(山本、理研)



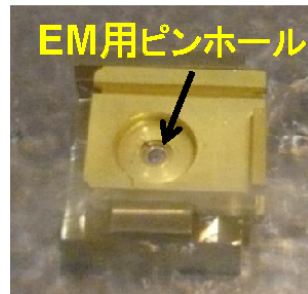
CCDカメラ  
(西野、北大)

試料槽下流側より



試料粒子を乗せたEM用ピンホールを  
液体窒素中でホルダーにセット  
C-ringで固定

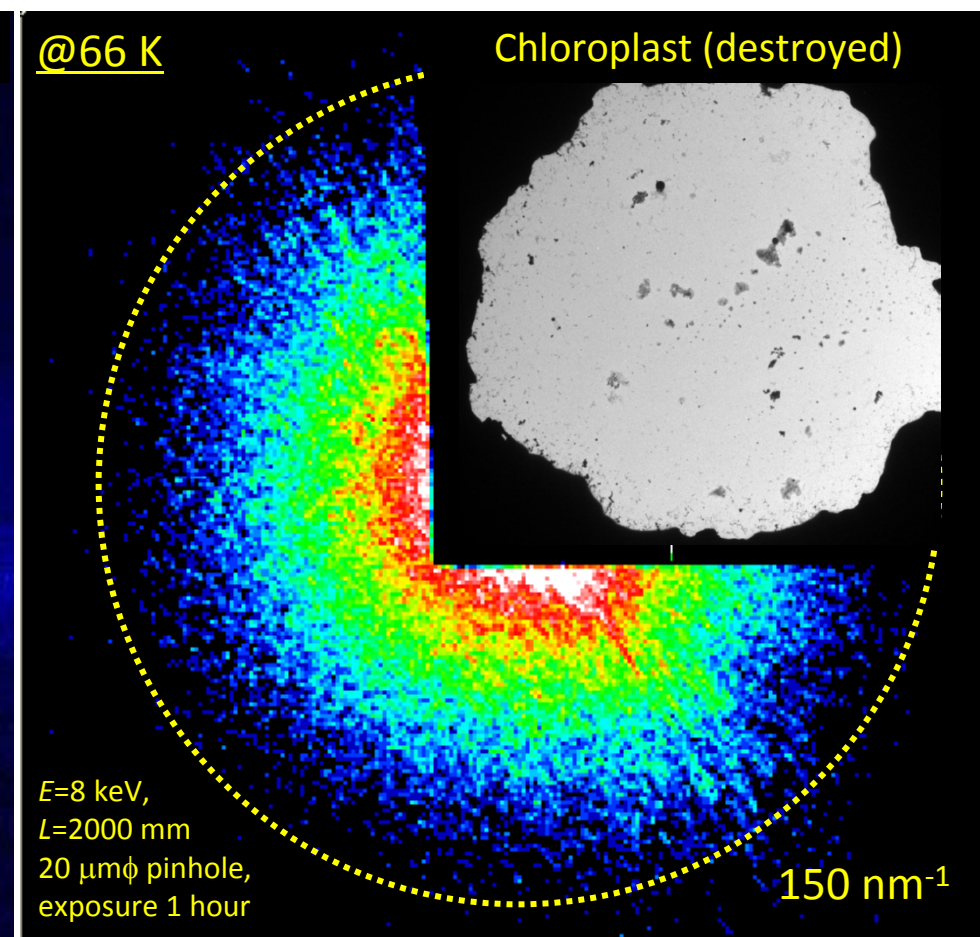
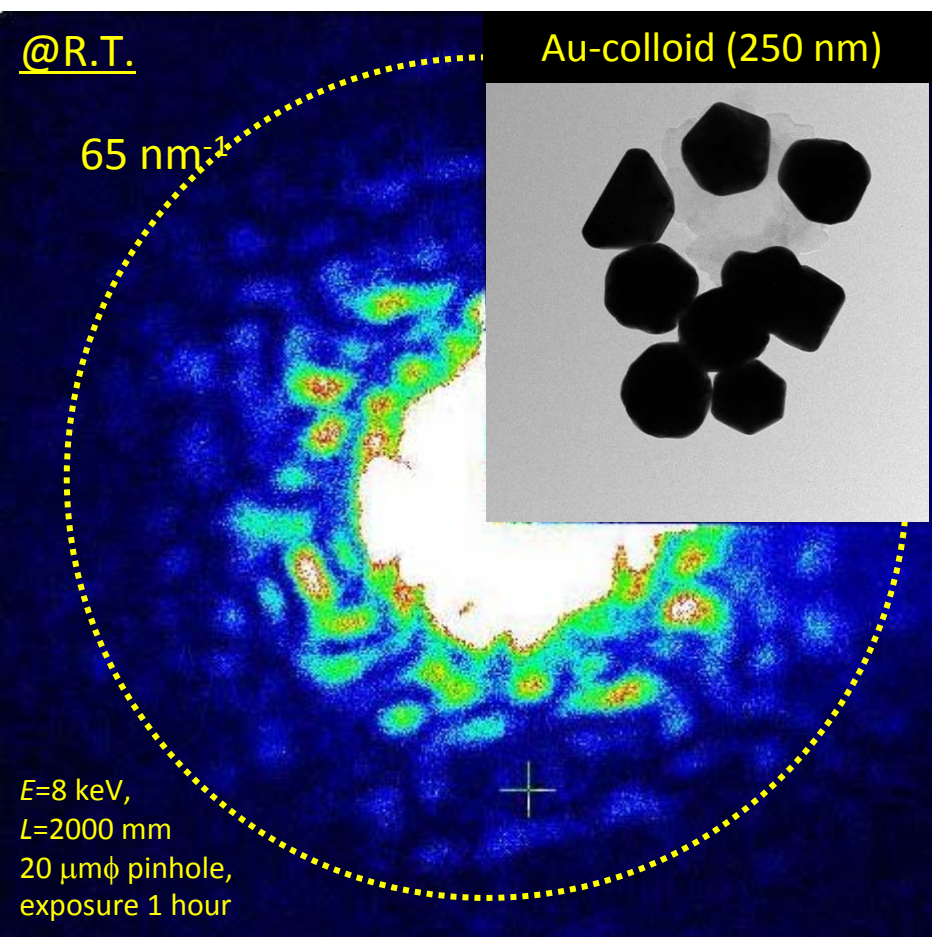
C-ring



EM用ピンホール



# サブミクロン非結晶粒子からのコヒーレントX線回折パターン

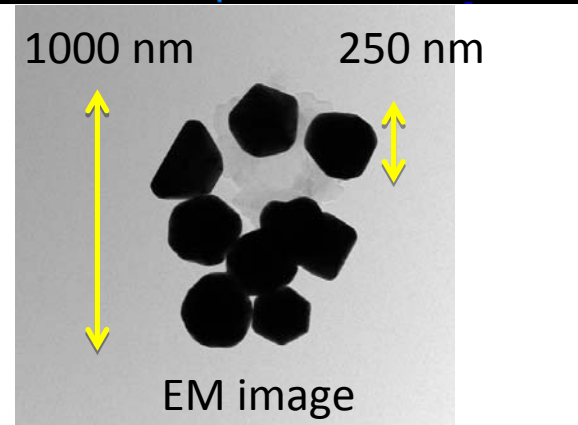
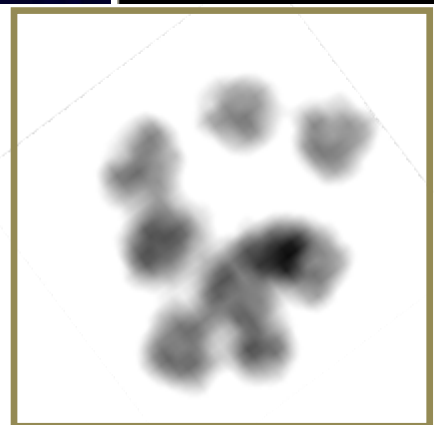


実験回折パターンからの位相回復  
(HIO + shrink wrap)

Resolution: 60.5 nm

Retrieved image 512<sup>2</sup> (E ~1.3%)

慶應 坂本



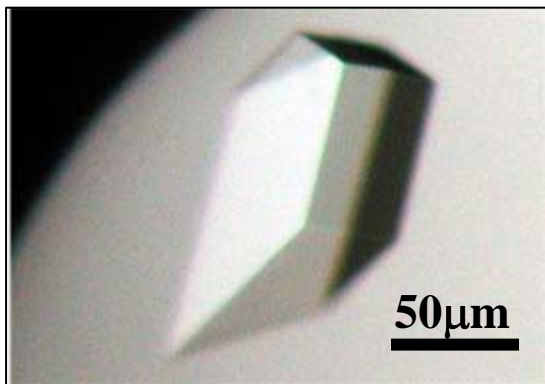
# マイクロビームの利用 微小結晶構造解析

# Protein micro-crystallography

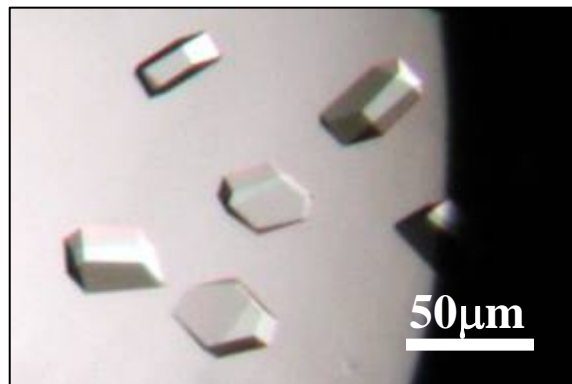
X-ray crystallography of proteins related to human disease and aging.

Micro-beam optimized for Micro-crystal

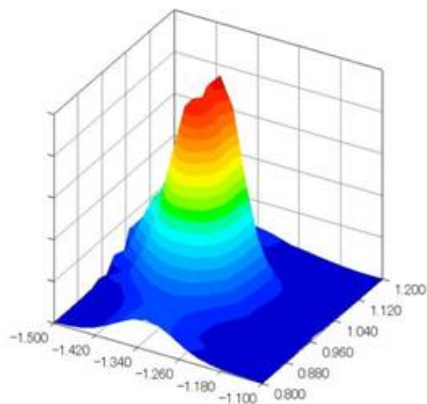
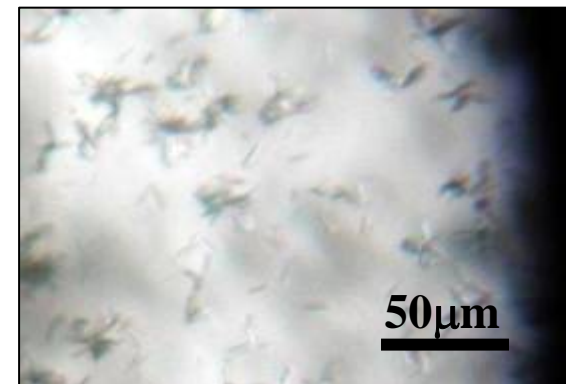
**Standard**  
**>50 $\mu$ m**




**Current Limit**  
**20~30 $\mu$ m**



**Micro-crystal**  
**<10 $\mu$ m**



 **Target Crystals**

- |                       |                                |   |
|-----------------------|--------------------------------|---|
|                       | <b>Current</b>                 | <b>Target Beam Size</b>                                   |
| • <b>Beam Size</b>    | <b>30<math>\times</math>30</b> | <b>1<math>\times</math>1</b> $\mu$ m <sup>2</sup>         |
| • <b>Flux density</b> | <b>10<sup>9</sup></b>          | <b>10<sup>10</sup></b> photons/sec./ $\mu$ m <sup>2</sup> |





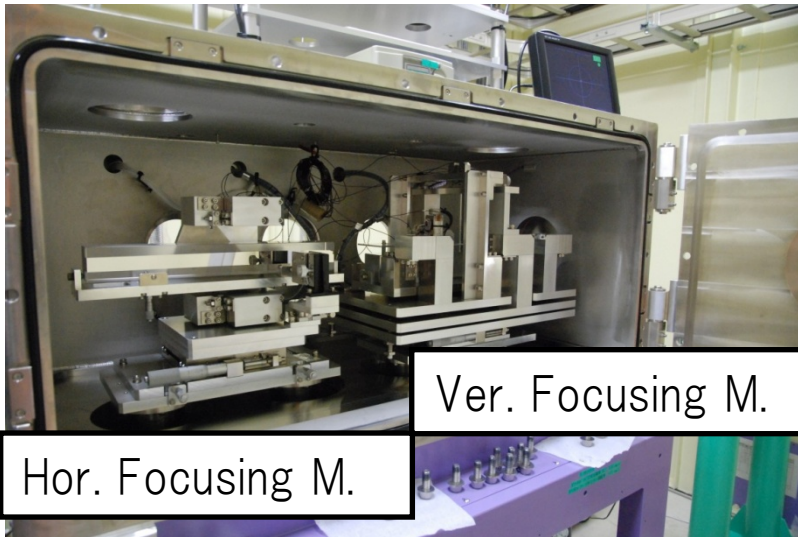
# Design concept of BL32XU



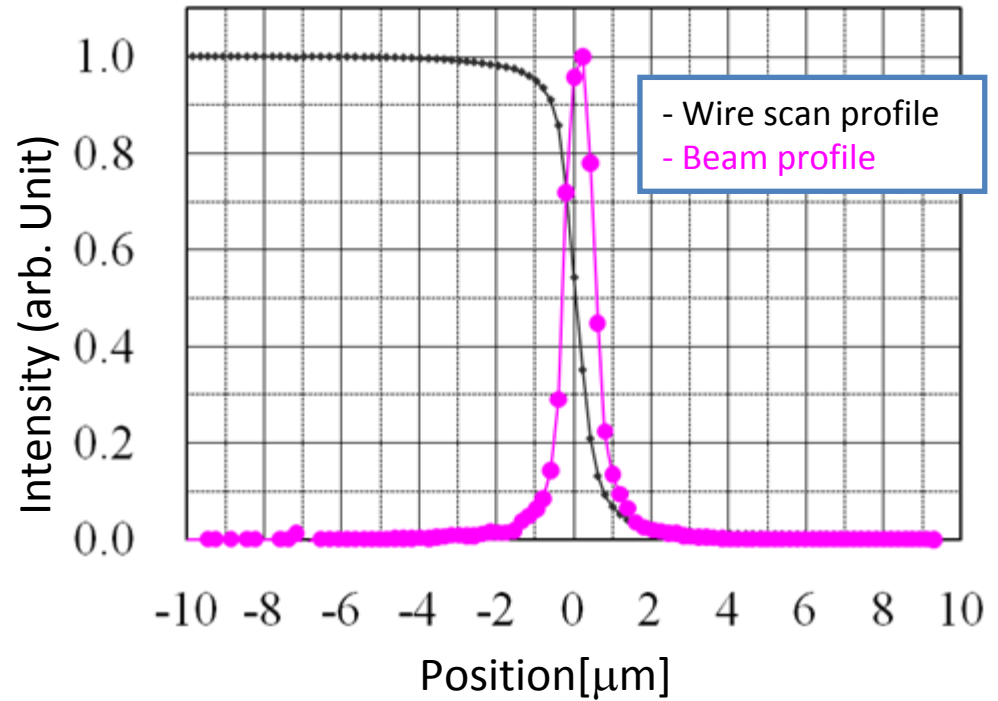
1. Brilliant source
2. Simple components
3. Focusing X-rays with large magnification factor
4. Changeable beam size at sample position

# Focusing beam size @ BL32XU

EEM-mirrors  
(Osaka Mirror)



Vertical Beam Profile at 12.4keV



Beam Size(FWHM)

0.9 μm(H) x 0.9 μm(V)

Photon Flux

$6.2 \times 10^{10}$  photons/sec

# Challenges in the World

## Comparison with micro-MX beamlines

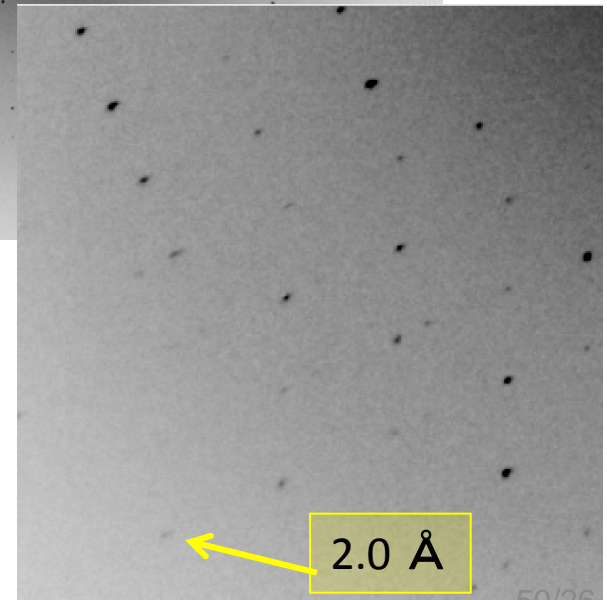
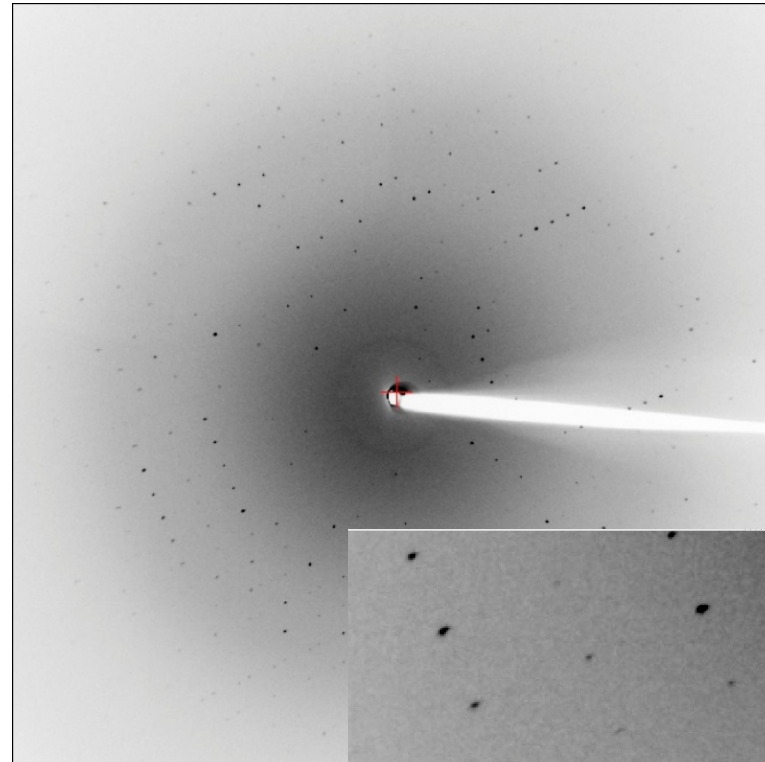
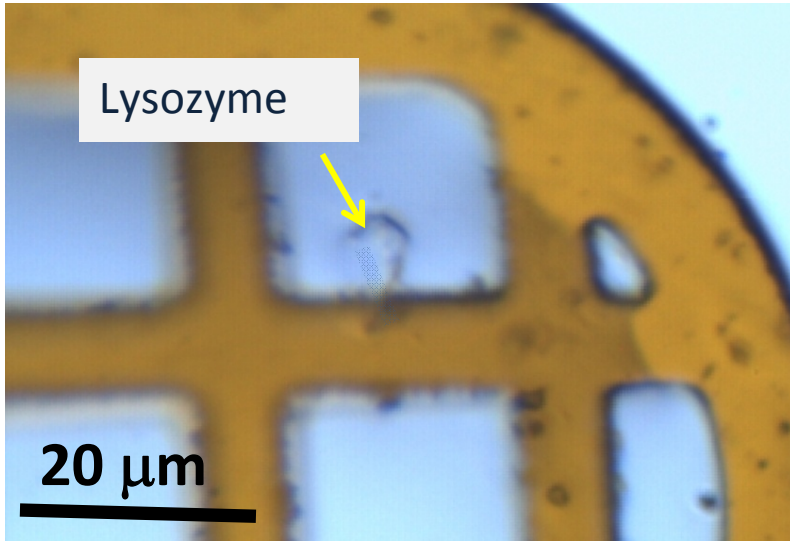
Facility	Beamline	Vert ( $\mu\text{m}$ )	Width ( $\mu\text{m}$ )	Flux (phs/sec)	Flux density (phs/sec/ $\mu\text{m}^2$ )
APS	23-ID-B	4.8	6.2	$4.7 \times 10^{10}$	$1.6 \times 10^9$
ESRF	ID23-2	7.5	5	$4.0 \times 10^{11}$	$1.1 \times 10^{10}$
	<b>ID13</b>	<b>1.0</b>	<b>1.0</b>	<b><math>1.0 \times 10^{10}</math></b>	<b><math>1.0 \times 10^{10}</math></b>
SLS	X06SA	25	5	$1.0 \times 10^{12}$	$8.0 \times 10^9$
	X10SA	50	5	$1.0 \times 10^{12}$	$4.0 \times 10^9$
SPring-8	<b>BL32XU</b>	<b><u>0.9</u></b>	<b><u>0.9</u></b>	<b><u><math>6.2 \times 10^{10}</math></u></b>	<b><u><math>7.6 \times 10^{10}</math></u></b>
		<b>19.3</b>	<b>7.2</b>	<b><math>6.7 \times 10^{12}</math></b>	<b><math>4.8 \times 10^{10}</math></b>
	BL41XU	$\Phi 12 \mu\text{m}$		$2.8\text{E}+11$	$2.5 \times 10^9$

**BL32XU can utilize  
the smallest and highest flux density beam in the world**

<http://biosync.rcsb.org/international.html>

(Nov. 29, 2009)

# The first diffraction image (09/12/04)

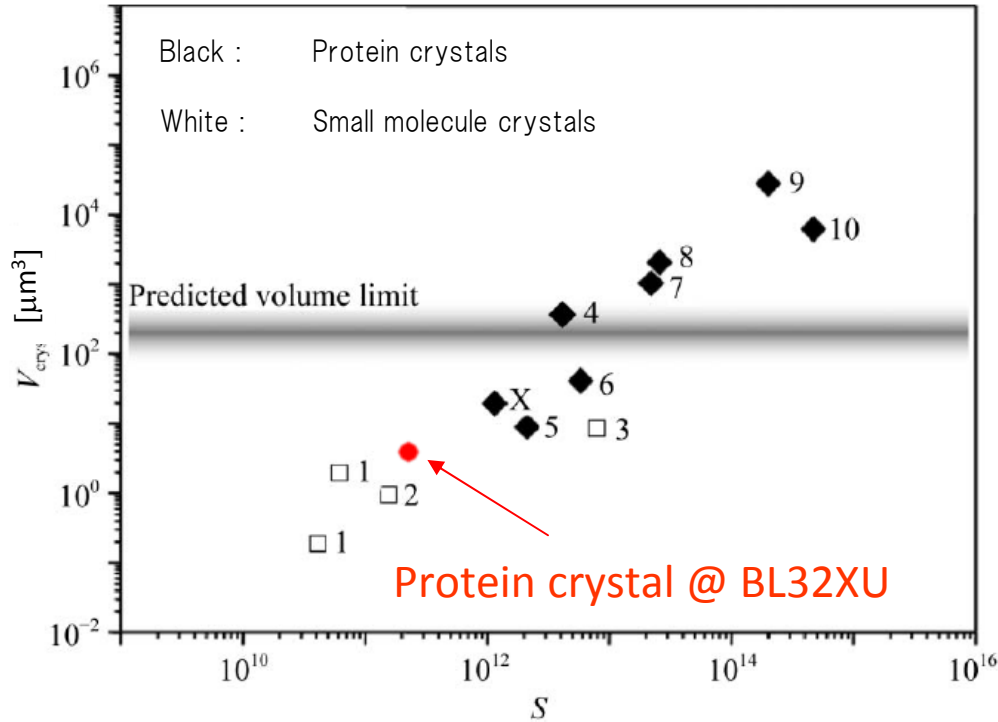


Crystal : Lysozyme 5μm crystal  
 Beam : 1μm square,  
 with  $2.6 \times 10^{10}$  photons/sec.  
 Exposure time : 1 sec.  
 Resolution limit : 2.0 Å



# Data collection limit by crystal size

*Acta Cryst.* (2008), D64, 158-166



Formula of diffraction power

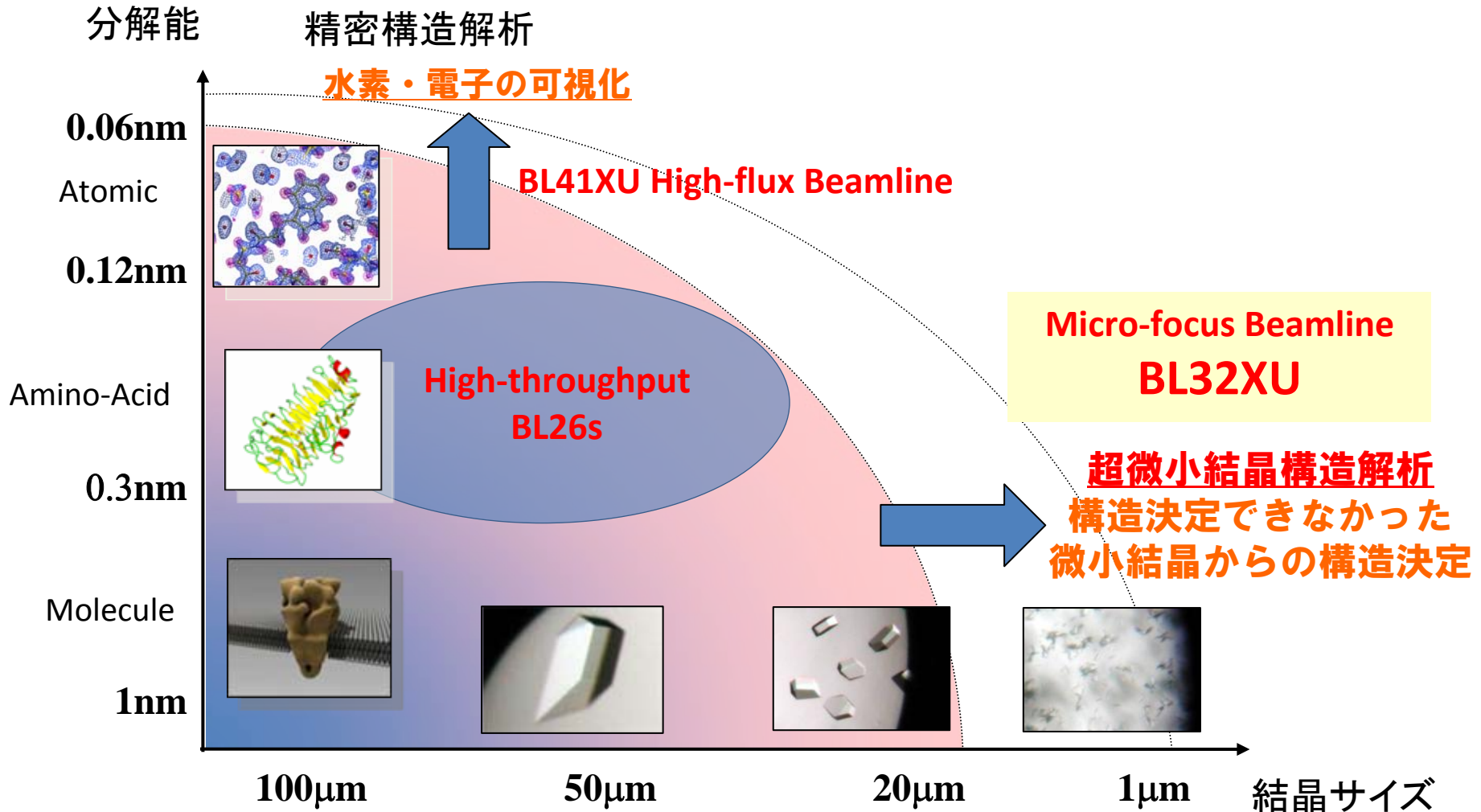
$$S = (F_{000} / V_{\text{cell}})^2 \times \lambda^3 \times V_{\text{cryst}}$$

We collect a 2 Å resolution data from 1x1x2 μm<sup>3</sup> lysozyme crystal.

**7 × 10<sup>6</sup> copies of unit-cell**

**BL32XU open  
the new field of Protein micro-crystallography**

# 放射光タンパク質結晶構造解析の展開 さらに構造を知る



# 謝辞 & 共同研究者

BL45XU-SAXS ユーザ

名古屋大・秋山グループ

岐阜大・藤澤グループ

京都工芸繊維大・佐々木グループ

理研和光・前田ナノバイオ研究室

Liverpool大・G. Grossmanグループ

全てのユーザの皆様

BL45XU-SAXS スタッフ

- ・ 引間 孝明
- ・ 伊藤 和輝(現リガク)
- ・ 八木 直人(JASRI)
- ・ 佐藤 衛(横浜市大)
- ・ 山本 雅貴

CXDM(BL29XUL)

- ・ 中迫 雅由(慶応大)
- ・ 高山 裕貴(慶応大)
- ・ 山本 雅貴
- ・ 引間 孝明
- ・ 米倉 功治
- ・ 西野 吉則(北大)
- ・ 前島 一博(遺伝研)
- ・ 高橋 幸生(阪大)

BL32XU

- ・ 平田 邦生
- ・ 河野 能顕
- ・ 橋本 浩一
- ・ 二澤 宏司
- ・ 村上 博則
- ・ 上野 剛
- ・ 山本 雅貴