

研究技術開発室

Division of Synchrotron Radiation Instrumentation

室長 山本 雅貴

YAMAMOTO, Masaki

タンパク質結晶構造解析は放射光の高輝度かつ波長可変なX線の利用により、実験手法として大幅な進歩を遂げた。第3世代放射光施設 SPring-8 においても、挿入光源や偏向電磁石を光源とする高輝度放射光の利用は構造生物学研究に大きな貢献をしている。当開発室は、SPring-8 の理研構造生物学研究用ビームラインを中心に、微小結晶や超格子結晶からの極限結晶構造解析に向けたビームライン光学系や実験ステーションの装置開発、および迅速回折強度データ収集システムの構築を目指した利用技術開発を進めている。また、4本の理研構造生物学研究用ビームライン (BL26B1&B2, BL44B2, BL45XU) の管理・運転も行っている。

1. 放射光ビームライン高度化に向けた技術開発

(1) 高輝度サジタル集光にむけた偏向電磁石ビームライン光学系の開発 (山本、上野、二澤^{*1}、福本^{*2}、村上^{*2}; 米田 (JAEA)、後藤 (JASRI)、石川 (石川X線干渉光学研究室))

ビームライン光学系の高度化を目指して、サジタル集光光学系のためのフィンクーリング式直接冷却第一結晶の R&D を BL26B2 で行った。この R&D は JASRI、原研、理研共同で実施しているものである。Top-up 運転が可能となった現在では、冷却水のシールに使用している Oリング (エチレンプロピレンゴム) の照射損傷によるシール性能の劣化が以前よりも深刻な問題になってきた。そこで今回、エチレンプロピレンゴムに代わり耐放射線特性に優れる膨張黒鉛材料をシール材として採用した。膨張黒鉛製シール材専用の結晶ホルダを製作し、これにフィンクーリング式の直接冷却第一結晶 (Si 311) を取り付けその分光特性を評価した。分光特性は、Oリング使用時と比較して遜色の無いことが確認された。現在本結晶は、共同で R&D を進めている BL14B1 (原研) に設置されサジタル集光光学系で実際に使用されている。1年間での照射損傷によるシール性能の劣化は認められていない。今後この結果を基に、さらなる要素部品の改良を進めサジタル集光に向けたスタディを継続して行く予定である。

(2) ビームライン自動運転およびメールイン測定システムの開発 (上野、山本、福本^{*2}、村上^{*2}; 長谷川、岡崎 (JASRI))

理研構造ゲノムビームライン I&II (BL26B1&B2) では、サンプルチェンジャー SPACE (SPring-8 Precise Automatic Cryo-sample Exchanger) およびビームライン制御ソフトウェア BSS (Beamline Scheduling Software) を開発してビームライン運転の自動化を図り、構造ゲノム研究に向けたタンパク質結晶試料の迅速回折測定を行っている。2004 年から Web インターフェースを備えたデータベース D-Cha (Database for Crystallography with Home-lab. Arrangement) を開発導入し、大量の試料情報および実験条件、回折データ等の管理を行っている。2005 年秋には D-Cha を SPring-8 のサイト外に公開し、SPACE 専用サンプルトレイに詰めて宅配便で送付されたタンパク結晶試料を受け付ける、メールインデータ測定を開始した。このシステムではビームラインでの実験作業をオペレータが行い、またインターネットを介して実験条件の指定および回

折データのダウンロードを行うことが可能なため、ユーザーは SPring-8 を訪れることなく簡便にビームラインを利用することができるようになった。現在 JASRI と共同で、本ビームラインで開発したシステムを応用し、製薬企業等の外部ユーザーを対象とした商用メールインデータ測定サービスを来年度より開始する予定で準備をすすめている。(3) タンパク質結晶構造解析にむけた高速2次元X線検出器の開発 (山本; 長谷川 (JASRI))

SPring-8 のタンパク質結晶構造解析ビームラインでは、多くの場合 X 線検出器の速度により測定時間が決定されている。また、微小結晶構造解析に対応した微小振動写真法では通常と比べて 100 倍の回折イメージが必要であり、X 線検出器の高速化が今まで以上に重要である。開発室では、積分型 X 線検出器として X 線用 CMOS センサーを利用したフラットパネル検出器の開発を行っている。CMOS センサーの利点は、読み出しが速く CCD に比べて仕組みが簡単な点である。フラットパネル検出器は非破壊検査用の市販品に低エネルギー対応および高空間分解能化改良を加えたもので、その検出感度の直線性・空間一様性・空間分解能など基本性能は充分なものであった。今年度はフラットパネル検出器としての低ノイズ化を進めるためにアクティブピクセル型の検出器を試作した。今後は試作器をビームラインに設置して、放射光およびタンパク結晶試料を用いた性能試験を継続していく予定である。

2. 構造生物学に関わる諸技術の開発

(1) 高輝度放射光による放射線損傷の解明 (山本、上野; 清水、長谷川 (JASRI))

SPring-8 をはじめとする第3世代放射光施設の挿入光源より発生する超高輝度放射光は、微小結晶構造解析やデータ収集迅速化などで大きな成果を上げる一方でサンプルの放射線損傷という大きな問題を引き起こしている。高輝度放射光による放射線損傷の原因は、光吸収による温度上昇と放射線相互作用による化学的損傷に大別でき、温度上昇については低温測定技術の開発によりほぼ克服されている。しかし、放射線とサンプルの相互作用による化学的損傷は放射光をプローブとして構造解析を進める限り避けることが出来ない。タンパク質結晶の放射線損傷に対するX線光子エネルギーの影響を調べるため、アンジュレータ光源を持つBL41XUを利用して、9つのエネルギー

(6.5, 7.1, 8.3, 9.9, 12.4, 16.5, 20.0, 24.8, 33.0 keV) でニワトリ卵白リゾチームの回折データ測定、及び、構造解析を行った。エネルギーごとに一つずつ結晶を準備し、X線露光時間 1 秒の回折強度イメージを 180 枚、12~15 データセット連続して収集した。各エネルギーで吸収線量と結晶格子定数やモザイク角の変化量の関係を調べてみたところ、蛋白質結晶の放射線損傷は吸収線量により規定されることが示唆され、どのエネルギーにおいても 10^6 Gy 以上の吸収線量において放射線損傷が増大することが明らかとなった。

(2) 複素誘電率測定による結晶化過程の測定と外部交流電場による結晶化の制御 (山本、引間)

可溶性タンパク質は分子表面に様々な極性を持つアミノ酸残基を有しており、溶媒中では永久双極子を持つ誘電体としてランダムな回転・並進運動を行なっている。開発室では、タンパク質が永久双極子をもつ回転体であることに着目し複素誘電率測定によりタンパク質結晶化の初期過程を動的に追跡することを試みている。また、タンパク質結晶化溶液に交流電場を印加することで溶液中のタンパク質分子の会合状態に揺動を与え結晶化の促進を試みている。本年度は、タンパク質溶液の複素誘電率特性を測定すると共に、伝導度の高いタンパク質結晶化溶液にも対応できるよう結晶化促進装置の改良を進めた。

(3) 赤外線レーザー光ピンセットによる微小結晶操作 (山本、引間)

多くの放射光施設において、ミクロン角のビームサイズを利用した微小結晶を用いた蛋白質結晶構造解析が可能になりつつある。しかし、蛋白質結晶を結晶プレートの液滴からすくい上げる作業は現在のところ人が行うしかない。1~10 μ m 角の微小結晶は、人が取り扱うにはあまりにも小さく、また、衝撃にも弱い。そこで、我々は微小結晶を測定用に自動マウントする微小結晶操作システムの構築を行っている。このシステムは赤外線レーザー光ピンセットと実体顕微鏡による構成を検討している。本年度は集光レンズを利用した光ピンセットの実用性を調べた。これまでに 100 μ m 角の蛋白質結晶を掴んで動かすことに成功し、その結晶を用いて問題なく構造解析ができることを確認した。赤外線レーザーでは光学的損傷なしに蛋白質結晶を取り扱えることが証明できたが、結晶化溶液に界面活性剤の添加が必要であるなど、実用化への課題は残されている。今後は狭いスペースや小さな液滴、様々な形状の結晶試料の操作を可能できるよう開発を継続していく予定である。

3. SPring-8 構造生物学ビームラインを管理運転

(1) 理研構造生物学ビームライン I (BL45 XU) (山本、引間、中島*2; 藤澤、伊藤、前田 (前田構造生物化学研究室)、石川 (石川 X 線干渉光学研究室)、北村 (北村 X 線超放射物理学研究室))

結晶構造解析ブランチはダイヤモンドトリクロメータを利用した多波長異常分散法による解析に特化したビームラインである。本年度も引き続きダイヤモンド分光器を中心にビームラインの保守を実施している。また、小角散乱ブランチは溶液からの X 線の散乱情報に基づいて生体巨大分子のドメイン構造やドメイン間での構造変化研究に利用されており、本年度も引き続きユーザーへの技術支

援を前田構造生物化学研究室に依頼した。

(2) 構造生物学ビームライン II (BL44B2) (山本、引間、二澤*1、松*2; 石川 (石川 X 線干渉光学研究室)、北村 (北村 X 線超放射物理学研究室))

BL44B2 は生体巨大分子の動的結晶構造解析と X 線吸収スペクトロスコピー (XAFS) との兼用ビームラインとして建設された。本年度は制御システムの更新と、分光器の入れ替えを中心としたビームライン光学系の大幅な改修を進めた。制御システムの更新により、実験ステーションの CCD 検出器を除くコンポーネントを VME 化し理研構造ゲノムビームラインで開発した BSS の導入によりビームライン機器一括制御が可能となった。またビームライン光学系改修においては、利用度の低い白色光実験を廃止し、標準二結晶分光器、 γ ストップおよび下流シャッタを更新した。改修に伴い 2005B からは単色光実験専用のビームラインとして運用している。

(3) 構造ゲノムビームライン (BL26B1&B2) (山本、上野、村上*2、福本*2; 石川 (石川 X 線干渉光学研究室)、北村 (北村 X 線超放射物理学研究室)、長谷川 (JASRI))

BL26B1、B2 は構造ゲノム研究に特化したビームラインであり、サンプルチェンジャー SPACE やビームライン制御ソフトウェア BSS の開発により、大量試料の迅速自動測定を実施している。本年度は BL26B1 において定常的なユーザー運転、また BL26B2 において自動運転システムによる運用を行ったほか、Web データベース D-Cha を利用した SPring-8 サイト外からの試料受付 (メールイン・データ収集) を実施し、これまで順調に稼動している。現在本システムを応用した商用メールイン事業開始に向けて準備中である。

*1 大型放射光協力研究員、*2 協力技術員

The Division of Synchrotron Radiation Instrumentation has two major missions. One is research and development of new technologies for structural biology and beamlines. This includes the instrumentation of beamline optics, experimental station, sample handling and X-ray detectors, and the methodology of data collection and structure determination. Another is the operation of four RIKEN structural biology beamlines.

1. Research and development of instrumentations for SPring-8 beamlines

Radiation-proof fluorocarbon gasket was devised and tested for the new sealing material of cooling-water for the first monochromator crystal at BL26B2. The characteristic feature of the monochromatized beam was confirmed to be comparable with conventional sealing method with rubber O-ring. At BL26B2 automatic beamline operation has been started with sample auto-changer robot to cope with a large number of structural determinations needed for the structural genomics research. The web database D-Cha made the beamline possible to accept samples from outside SPring-8. For research and development of high-speed data collection system, we have been developing a two dimensional x-ray detector applying a flat panel CMOS sensor. CMOS sensor has advantages of fast readout and simple fabrication compared with CCD. In this year,

we have made a prototype of a new active pixel sensor to improve the readout noise level.

2. Research and development of new techniques for structural biology

To overcome the difficulty of structural biology, research of data collection under high-brilliant X-ray beam and protein crystallization are being executed. According to the amount of radiation dose, structural disorders such as scission of disulfide bonds, enlargement of the Debye-Waller factors on cysteines and other acidic amino residues are observed. Quantitative analyses to study the X-ray photon energy dependency of radiation damage have been executed. Radiation damage in protein crystals has been found to depend on its total absorbed photon dose and the approximate critical dose for a crystal should be around 10^6 Gy. In an effort to develop new methods of enhancing protein crystallization, we have investigated the protein nucleation process in an alternating electric. This year dielectric properties of several crystallization buffers were determined and the dynamical changes of protein crystallization processes were examined in relation to the buffer characteristics. Automatic microcrystal picking up system, which adopts optic tweezers with 1064 nm wavelength laser, is under development. The laser tweezers with the condensing lens enabled to manipulate protein crystals with the size in 100 μ m range without critical damages.

3. Operation of the RIKEN Structural Biology Beamlines

Our division supports user experiments and beamline operations of four RIKEN structural biology beamlines: BL26B1&B2, BL44B2 and BL45XU. BL45XU is a branch undulator beamline designed for protein crystallography (BL45XU-PX) and small-angle X-ray scattering of biological macromolecules (BL45XU-SAXS). The maintenance and user support services for BL45XU-SAXS have been entrusted to the Structural Biochemistry Laboratory. In this year, the control system of BL44B2 has been updated with VME bus modules and control software BSS. Beamline optics including monochromator, have been updated to make the beamline specialize in monochromatic X-ray diffraction experiment. Structural Genomic Beamlines (BL26B1&B2) have implemented the automatic operation with the sample changer SPACE and have started the mail-data collection accepting samples from outside SPring-8 by developing the web database D-Cha. Commercial mail-in service utilizing this system is in preparation.

Staff

Head

Dr. Masaki YAMAMOTO

Members

Dr. Takaaki HIKIMA

Dr. Go UENO

Dr. Atsushi NISAWA*

Mr. Taiji MATSU*

Mr. Hironori MURAKAMI*

Dr. Yuji FUKUMOTO*

Mr. Hiroki NAKAJIMA*

*Contract Technical Researcher

in collaboration with

Dr. Tetsuya ISHIKAWA (Coherent X-Ray Optics Lab.)

Dr. Hideo KITAMURA (Coherent Synchrotron Light Source Physics Lab.)

Dr. Yuichiro MAEDA (Structural Biochemistry Lab.)

Dr. Tetsuro FUJISAWA (Structural Biochemistry Lab.)

Dr. Kazuki ITO (Structural Biochemistry Lab.)

Visiting Members

Dr. Shunji GOTO (Beamline Div., JASRI)

Dr. Keisuke HAMADA (Sch. Med., Yokohama City Univ.)

Dr. Kazuya HASEGAWA (Research & Utilization Div., JASRI)

Dr. Koh IDA (Sch. Sci., Kitasato Univ.)

Dr. Takashi KUMASAKA (Dept Life Sci., Tokyo Inst. Technol.)

Dr. Hiroyuki MOTOSHIMA (Fac. Agri., Saga Univ.)

Dr. Masayoshi NAKASAKO (Grad. Sch. Sci., Keio Univ.)

Dr. Kazuhiro OGATA (Sch. Med., Yokohama City Univ.)

Mr. Nobuo OKAZAKI (Research & Utilization Div., JASRI)

Dr. Masaaki SHIINA (Sch. Med., Yokohama City Univ.)

Dr. Nobutaka SHIMIZU (Research & Utilization Div., JASRI)

Dr. Eiki YAMASHITA (Inst. Protein Res., Osaka Univ.)

Dr. Yasuhiro YONEDA (SR Research Unit, JAEA)

Dr. Keiichi WATANABE (Fac. Agri., Saga Univ.)

Trainees

Mr. Guntur FIBRIANSAH (Dept Life Sci., Tokyo Inst. Technol.)

Mr. Tadashi GANBE (Dept Life Sci., Tokyo Inst. Technol.)

Mr. Tomotaka MORIGUCHI (Sch. Sci., Kitasato Univ.)

Mr. Takashi OCHI (Grad. Sch. Sci., Keio Univ.)

Ms. Mariko Tsuji (Sch. Sci., Kitasato Univ.)

誌 上 発 表 Publications

[雑誌]

(原著論文) *印は査読制度がある論文誌

Nakasako M. , Iwata T. , Inoue K. , and Tokutomi S. : "Light-induced global structural changes in phytochrome A regulating photomorphogenesis in plants", *FEBS J.* 272, 603--612 (2005). *

Nakasako M. , Matsuoka D. , Zikihara K. , and Tokutomi S. : "Quaternary structure of LOV-domain containing polypeptide of *Arabidopsis* FKF1 protein", *FEBS Lett.* 579, 1067--1071 (2005). *

Ye M. , Shima F. , Muraoka S. , Liao J. , Okamoto H. , Yamamoto M. , Tamura A. , Yagi N. , Ueki T. , and Kataoka T. : "Crystal Structure of M-Ras Reveals a GTP-bound "Off" State Conformation of Ras Family Small GTPase", *J. Biol. Chem.* 280, No. 35, pp.31267--31275 (2005). *

Ueno G. , Kanda H. , Kumasaka T. , and Yamamoto M. : "Beamline Scheduling Software: administration software for automatic operation of the RIKEN structural genomics beamlines at SPring-8", *J. Synchrotron Rad.* 12, 380--384 (2005). *

Nakamura K. , Someya Y. , Kumasaka T. , Ueno G. , Yamamoto M. , Sato T. , Takeda N. , Miyamura T. , and Tanaka N. : "A Norovirus Protease Structure Provides Insights into Active and Substrate Binding Site Integrity", *J. Virol.* 79, No. 21, pp.13685--13693 (2005). *

Ishijima J. , Uchida Y. , Kuroishi C. , Tsuzuki C. , Takahashi N. , Okazaki N. , Yutani K. , and Miyano M. : "Crystal structure of alanyl-tRNA synthetase editing-domain homolog (PH0574) from a hyperthermophile, *Pyrococcus horikoshii*

OT3 at 1.45 Å resolution", *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics* 62, No. 4, pp.1133--1137 (2006). *

(総説)

山本 雅貴, 城 宜嗣 : "SPRING-8の発信するバイオ研究", *バイオサイエンスとインダストリー* 63, No. 4, pp.255--260 (2005).

[単行本]

(原著論文) *印は査読制度がある論文誌

Nakasako M. and Tokutomi S. : "Tertiary and quaternary structures of phytochrome A", *Light Sensing in Plants*, Springer, Tokyo, pp.43--49 (2005). *

(総説)

引間 孝明, 村上 公英, 木村 祐二, 鈴木 利昭, 神谷 信夫 : "蒸気拡散法を用いた全自動タンパク質結晶化・観察システムの開発", *タンパク質の結晶化: 回折構造生物学のために*, 京都大学学術出版会, 京都, pp.298--306 (2005).

山本 雅貴 : "タンパク質X線結晶構造解析における放射光利用", *遺伝子医学MOOK別冊 分子生物学実験シリーズ: 図・写真で観るタンパク構造・機能解析実験実践ガイド*, 株式会社 メディカル ドウ, 大阪, pp.67--73 (2005).

口 頭 発 表 Oral Presentations

(国際会議等)

Nishino Y., Miao J., Kohmura Y., Yamamoto M., Takahashi Y., Koike K., Ebisuzaki T., and Ishikawa T. : "Toward Sequential Image Reconstruction with Large Area Detector in Hard X-Ray Diffraction Microscope", *International Workshop on Phase Retrieval and Coherent Scattering (Coherence 2005)*, Porquerolles, France, June (2005).

Nishino Y., Miao J., Kohmura Y., Yamamoto M., Koike K., Ebisuzaki T., and Ishikawa T. : "Hard X-ray Diffraction Microscopy at SPRING-8", 8th International Conference on X-ray Microscopy (XRM2005), Himeji, July (2005).

Yamamoto M., Ueno G., Hirose R., Ida K., and Kumasaka T. : "Automated Operation of Protein Crystallography Beamlines at the SPRING-8", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).

Teh A., Yamamoto M., Kimura M., Yamaguchi I., Tanaka N., and Kumasaka T. : "Crystal Structure of Inhibitor-bound Mouse Cytidine Deaminase at 1.5 Å", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).

Muraoka S., Yamamoto M., Yagi N., Ueki T., Ye M., Shima F., Liao J., Okamoto H., Tamura A., and Kataoka T. : "Crystal Structure of the Small G Protein M-Ras and its Implications", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).

Hasegawa K., Yamamoto M., and Yagi N. : "Data Collection System for Protein Crystallography using CMOS Image Sensor", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).

Hirata K., Muraoka S., Suenaga K., Tanaka H., Yamamoto M., Takata M., and Kigoshi H. : "Molecular Basis for Antitumor Effect of Actin-aplyronine A Complex", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).

Nakagawa A., Yamashita E., Yoshimura M., Suzuki M.,

Yamamoto M., and Tsukihara T. : "SR Beamline for Macromolecular Assembly Crystallography Operated by IPR at SPRING-8", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).

Shimizu N., Kawamoto M., Hasegawa K., Sakai H., Nisawa A., Shimizu T., Nakatsu T., Kato H., and Yamamoto M. : "Ultra-high Resolution Measurement at BL41XU of SPRING-8", 20th Congress of the International Union of Crystallography (IUCr2005), Florence, Italy, Aug. (2005).

Toyokawa H., Suzuki M., Mizumaki M., Kimura S., Ikeda N., Hikima T., Nakajima H., Kamiya N., Bronnimann C., Henrich B., Hulsen G., and Eikenberry E. F. : "A Single-photon Counting Pixel detector and its examinations at SPRING-8", *International Workshop on Semiconductor Pixel Detectors for Particle and Imaging (PIXEL 2005)*, Bonn, Germany, Sept. (2005).

(国内会議)

西野 吉則, Jianwei M., 香村 芳樹, 高橋 幸生, 山本 雅貴, 小池 邦昭, 戎崎 俊一, 石川 哲也 : "X線回折顕微鏡における逐次的像再生", PF研究会「X線位相利用計測における最近の展開II」, (KEK), つくば市, 5月 (2005).

田中 義人, 林 雄二郎, 桐村 知行, 入江 正浩, 上野 剛, 山本 雅貴, 石川 哲也 : "高輝度放射光を用いた有機結晶の時間分解X線回折法", 文部科学省化学研究費補助金特定領域研究「分子系の極微構造反応の計測とダイナミクス」第3回公開シンポジウム, 札幌, 7月 (2005).

内山 琢郎, 島村 達郎, 石嶋 潤, 西堀 英治, 坂田 誠, 熊坂 崇, 宮野 雅司 : "Toho-1 beta-lactamaseの超高分解能X線結晶構造解析", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

中村 健太郎, 染谷 雄一, 熊坂 崇, 上野 剛, 山本 雅貴, 佐藤 孝雄, 武田 直和, 宮村 達雄, 田中 信夫 : "Norovirus ORF1 polyprotein 産物に対する構造研究", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

清水 伸隆, 河本 正秀, 長谷川 和也, 酒井 久伸, 平田 邦生, 村岡 真, 二澤 宏司, 山本 雅貴 : "SPRING-8 共用ビームラインBL41XUの現状", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

上野 剛, 廣瀬 雷太, 長谷川 和也, 岡崎 伸生, 熊坂 崇, 山本 雅貴 : "SPRING-8 構造生物学ビームライン/ビームライン自動運転の現状", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

吉村 政人, 鈴木 守, 山下 栄樹, 山本 雅貴, 吉川 信也, 中川 敦史, 月原 富武 : "SPRING-8 生体超分子複合体結晶構造解析ビームライン (BL44XU)", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

酒井 久伸, 石井 美保, 福井 達, 田中 良太郎, 間山 皇, 坂本 達亮, 武部 英樹, 鶴岡 信彦, 長谷川 和也, 清水 伸隆, 岡崎 伸生, 山本 雅貴, 石川 哲也 : "SPRING-8における測定イメージのオンライン配信計画: メールインデータ測定後のImage Data Transfer", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

長谷川 和也, 岡崎 伸生, 上野 剛, 福本 祐史, 村上 博則, 酒井 久伸, 廣瀬 雷太, 山本 雅貴 : "SPRING-8構造生物学ビームラインへのメールイン測定システムの導入", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

岡崎 伸生, 長谷川 和也, 上野 剛, 福本 祐史, 村上 博則, 廣瀬 雷太, 酒井 久伸, 山本 雅貴 : "SPRING-8構造生物学ビームライン/メールインデータ収集実現のための

統合システム", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

岡崎 伸生, 仲野 徳, 桑井 麻希, 佐藤 伸哉, 満足 美穂, 倉光 成紀, 白水 美香子, 新海 暁男, 横山 茂之: "Thermus thermophilus HB8 由来機能未知タンパク質 TT1045、および TT1515のX線結晶構造解析", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

山本 雅貴: "トリクロマティック多波長異常分散法およびデータ収集の自動化に関する開発研究", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

平田 邦生, 城 宜嗣, 月原 富武, 中川 敦史, 福山 恵一, 和田 啓, 山本 雅貴, 田中 宏志, 高田 昌樹: "マキシマムエントロピー法によるタンパク質結晶構造解析できること、できないこと", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

清水 哲哉, 中津 亨, 清水 伸隆, 佐藤 衛, 栗原 和男, 宮入 一夫, 奥野 智旦, 新村 信雄, 山本 雅貴, 加藤 博章: "リング銀葉病菌由来エンドポリガラクトンナーゼの超高分解能X線結晶構造解析と高分解能中性子結晶構造解析", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

中津 亨, 清水 哲哉, 中野 博明, 小橋 信行, 柴田 洋之, 山本 雅貴, 佐藤 貴久, 佐々木 勝成, 加藤 博章: "微小タンパク質結晶X線回折装置の開発(2)", 日本結晶学会2005年度年会および総会, 姫路, 12月 (2005).

二澤 宏司, 福本 祐史, 村上 博則, 上野 剛, 山本 雅貴, 米田 安宏, 竹下 邦和, 後藤 俊治, 石川 哲也: "BL26B2におけるサジタル集光光学系のための分光器改良II", 第19回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 名古屋, 1月 (2006).

酒井 久伸, 石井 美保, 福井 達, 田中 良太郎, 間山 皇, 坂本 達亮, 武部 英樹, 鶴岡 信彦, 長谷川 和也, 清水 伸隆, 岡崎 伸生, 山本 雅貴, 石川 哲也: "SPring-8における測定イメージのオンライン配信計画: メールインデータ測定後のImage Data Transfer", 第19回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 名古屋, 1月 (2006).

長谷川 和也, 岡崎 伸生, 上野 剛, 福本 祐史, 村上 博則, 酒井 久伸, 廣瀬 雷太, 山本 雅貴: "SPring-8タンパク質結晶解析ビームラインへのメールイン測定システムの導入", 第19回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 名古屋, 1月 (2006).

河本 正秀, 清水 伸隆, 長谷川 和也, 酒井 久伸, 平田 邦生, 村岡 真, 二澤 宏司, 山本 雅貴: "SPring-8共用ビームラインBL41XUの現状", 第19回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 名古屋, 1月 (2006).

上野 剛, 廣瀬 雷太, 長谷川 和也, 岡崎 伸生, 熊坂 崇, 山本 雅貴: "SPring-8構造生物学ビームライン/ビームライン自動運転の現状", 第19回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 名古屋, 1月 (2006).

岡崎 伸生, 長谷川 和也, 上野 剛, 福本 祐史, 村上 博則, 廣瀬 雷太, 酒井 久伸, 山本 雅貴: "SPring-8構造生物学ビームライン/メールインデータ収集実現のための統合システム", 第19回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 名古屋, 1月 (2006).

西野 吉則, 高橋 幸生, 山本 雅貴, 石川 哲也: "X線回折顕微法のための真空仕様イメージングプレート検出器の開発", 第19回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 名古屋, 1月 (2006).