

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。なお、当室の室長は 9 月 30 日までは神谷信夫が勤務し、10 月 1 日付けで山本雅貴が就任した。また 10 月 1 日より、当室の英語名を Division of Bio-Crystallography Technology から Division of Synchrotron Radiation Instrumentation に変更した。

1. 放射光ビームライン高度化にむけた技術開発 (引間, 山本, 八木 *1, 長谷川 *1, 豊川 *1, 鈴木 *1; 二澤 *2, 上野 *2, 石川 (石川 X 線干渉光学研究室); 内藤 (横山構造分子生物学研究室))

放射光ビームラインを利用したタンパク質結晶構造解析の適応範囲の拡大や迅速構造解析などの高度化に向けて、当室ではビームライン光学系から実験ステーション機器に至るまで多様な装置の研究開発を進めている。

(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

偏向電磁石ビームラインの輝度向上に向けたサジタル集光光学系の X 線フラックス強度は、第一結晶の結晶性に大きく左右され熱負荷による結晶歪の最小化が重要である。理研構造ゲノムビームライン II (BL26B2) では直接冷却結晶 (Si 111 反射) を取り付けるため新型のフィンクーリング式直接冷却結晶ホルダを開発することで、サジタル集光光学系で要求される広い横方向のビームを均一に反射させることが可能となった。その上で改良型の第二結晶ベンダーをインストールしその集光性能を評価した。新型結晶ホルダとの組み合わせにより高効率の横集光が可能となり、8 keV から 28 keV のエネルギー範囲で試料位置における集光ビームの横方向の半値幅は約 250 μm 以下であった。また、湾曲平面ミラーと組み合わせた二次元集光では、集光ビームの縦方向の半値幅は約 150 μm 以下の結果が得られた。この二次元サジタル集光光学系の X 線フラックス強度は通常光学系の約 2.5 倍であった。また、分光器にコンプトンシールドの設置、水冷配管の振動対策を施し、出射 X 線の強度および出射位置の長期安定性が大幅に向上した。

(2) 放射光ビームライン用凍結結晶サンプルチェンジャー (SPACE) の開発

構造ゲノム科学研究では、膨大な数のタンパク質についての立体構造決定が目標の 1 つである。理研構造ゲノムビームラインでは、膨大な結晶サンプルに対し最も効率よく迅速かつ簡便に回折強度データ収集を行うためにサンプルチェンジャー (SPACE) を中心とした自動回折データ収集シス

テムの開発を進めた。本年度より導入された自動回折データ収集システムによりビームライン実験の負担を軽減するとともに、ヒューマンエラーを排除して、データ精度の向上が期待される。また、結晶サンプルの品質に対する正しいスクリーニング結果の蓄積をも可能にする。これらにより、放射光ビームラインの利用効率の最適化およびアウトプットの最大化が可能である。

(3) X 線回折同時測定用タンパク質顕微分光装置の開発
放射光ビームラインでのタンパク質結晶構造解析の一般化により、今まで以上に精密な構造機能関連の実験データが必要とされている。また、高輝度放射光を用いた X 線回折測定ではタンパク質の放射線損傷やエネルギー励起による測定サンプルの構造変化が予想される。そのため、X 線回折測定時の他手法でのサンプル同時測定は測定中のサンプル状態およびその変化を知る重要な手がかりとなる。構造生物学ビームライン II (BL44B2) には様々なサンプル状態観測装置を設置可能な自由度の高い回折計を設置している。BL44B2 では従来から組立て式の顕微分光装置で実験可能であったが、より簡便に測定が可能な取扱いの簡単な一体式タンパク質結晶用顕微分光装置を新たに開発導入した。

(4) タンパク質結晶構造解析にむけた高速二次元 X 線検出器の開発

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、検出器高速化がより重要である。開発室では、積分型と光子計数型の高速二次元 X 線検出器の開発を進めている。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

ものである。今後は、さらなる低ノイズ化を進める。光子計数型のシリコンピクセル検出器は高感度/低ノイズと高速読取が可能な次世代二次元 X 線検出器である。JASRI-PSI の国際協力により開発が進められている光子計数型ピクセル検出器 PILATUS SMD を用いて JASRI 検出器チームと共に構造生物学ビームライン II (BL44B2) にてタンパク質結晶 X 線回折測定へのピクセル検出器の応用の可能性を評価している。

2. 構造生物学に関わる諸技術の開発 (引間, 山本; 二澤 *2, 上野 *2, 福本 *2 (石川 X 線干渉光学研究室))

放射光ビームラインを利用した構造生物学研究の直面する諸問題についての研究および技術開発を進めている。

(1) 高輝度放射光による放射線損傷の解明

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光は、微小結晶構造解析やデータ収集迅速化など成果を上げる一方でサンプルの放射線損傷が大きな問題となっている。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できない。精密構造解析によりサンプルに対する放射線損傷の影響を調べた結果、測定データから統計精度の悪化、回折強度の減少や格子体積の増大が観測されている。サンプル精密構造から各アミノ酸残基の温度因子変化を調べ、システインや酸性側鎖アミノ酸での大きな温度因子変化を観測した。また、ジスルフィド結合では切断された電子密度も観測されている。今後少しでも放射線損傷を低減するために、2 次的に生成するフリーラジカルを捕捉するラジカルスカベンジャー等の利用も視野に入れた実験手法の開発を進める。

(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

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・並進運動を行っている。当室では、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. SPring-8 構造生物学ビームラインを管理運転 (引間, 中島 *2, 松 *2, 山本; 河野 (城生体金属科学研究室); 神谷 (三木生物超分子結晶学研究室); 内藤 (横山構造分子生物学研究室); 藤澤, 伊藤, 前田 (前田構造生物化学研究室); 上野 *2, 二澤 *2, 福本 *2, 村上 *2, 石川 (石川 X 線干渉光学研究室); 北村 (北村 X 線超放射研究室))

当室では、SPring-8 の構造生物学研究用理研ビームラインの保守および運転を実施するとともに、構造解析研究についてユーザーへの技術支援を行っている。

(1) 理研構造生物学ビームライン I (BL45 XU); 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、本年度もユーザーへの技術支援は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) 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。現在は、主に構造機能相関研究のための単色 X 線を利用した回折実験に利用されている。本年度は、分光器の経時劣化防止のために改修と再調整を行い、ビームラインコンディションを初期の状態に回復した。また、操作性向上に向けた制御系の改良を実施している。

(3) 構造ゲノムビームライン (BL26B1&B2) は構造ゲノム研究に特化したビームラインであり、本年度から BL26B2 ではサンプルチェンジャー (SPACE) を利用した自動運転を実施している。BL26B2 では、自動運転対応のためのサンプルチェンジャー (SPACE) の改良と並行して、制御ソフト高度化とデータベース作成を進めている。CCD 検出器の高速化およびソフトウェア高度化を行い安定稼働している。

*1 訪問研究員, *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 instrumentation for SPring-8 beamlines

A new focusing X-ray optics was devised on the Structural Genomics Beamline II (BL26B2) for protein crystallography. Combination of the sagittal focusing by crystal monochromator with vertical focusing mirror reduced the vertical and horizontal beam size down to 250 μm and 150 μm , respectively. The SPring-8 Precise Automatic Cryo-sample Exchanger (SPACE) has been developed and implemented at BL26B2 to cope with a large number of structural determinations needed for the structural genomics research. A compact and user-friendly microspectrophotometer that could measure the absorbance of a protein crystal in parallel with the X-ray diffraction measurement was developed to elucidate a correlation between the structural and its function in the Structural Biology Beamline II (BL44B2). We have evaluated two high-speed X-ray detectors, which are the flat panel detector using CMOS sensor and the silicon pixel detector. The fundamental characteristics of the CMOS detector such as linearity, uniformity, and spatial resolution showed satisfactory. Further improvement to reduce the noise is expected. For application of the silicon pixel detector to

protein crystallography, the prototyped detector was evaluated to collect the diffraction data at BL44B2 and the data would be comparable with a common CCD detector.

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. The radiation damage on protein crystals caused by a high-brilliant X-ray beam has become an unavoidable problem on utilizing the third-generation synchrotron facilities. Research for new methodologies to reduce the radiation damage is underway. In an effort to develop new methods of enhancing protein crystallization, we have investigated the protein nucleation process in an alternating electric field. 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.

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. BL44B2 is a bending-magnet beamline designed for three applications; conventional protein crystallography, X-ray absorption fine structure analysis of biological macromolecules, and time-resolved protein crystallography. Structural Genomic Beamlines (BL26B1&B2) have implemented the automatic operation with the sample changer SPACE.

Staff

Head

Dr. Masaki YAMAMOTO (from October, 2004)

Dr. Nobuo KAMIYA (up to September, 2004)

Members

Dr. Takaaki HIKIMA

Mr. Taiji MATSU*

Mr. Hiroki NAKAJIMA*

* Contract Technical Scientist

in collaboration with

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

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

Dr. Yuichiro MAÉDA (Struct. Biochem. Lab.)

Dr. Nobuo KAMIYA (Biol. Supramol. Crystallogr. Lab.)

Dr. Yoshihito TANAKA (Coherent X-Ray Opt. Lab.)

Dr. Tetsuro FUJISAWA (Struct. Biochem. Lab.)

Dr. Hisashi NAITOW (Struct. Mol. Biol. Lab.)

Dr. Yoshiaki KAWANO (Biometal Sci. Lab.)

Dr. Kazuki ITO (Struct. Biochem. Lab.)

Dr. Atsushi NISAWA (Coherent X-Ray Opt. Lab.)

Mr. Go UENO (Coherent X-Ray Opt. Lab.)

Dr. Yuji FUKUMOTO (Coherent X-Ray Opt. Lab.)

Mr. Hironori MURAKAMI (Coherent X-Ray Opt. Lab.)

Ms. Miki FUJIO (Coherent X-Ray Opt. Lab.)

Visiting Members

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

Dr. Kazuya HASEGAWA (Res. Util. Div., JASRI)

Dr. Tame JEREMY (Grad. Sch. Sci., Yokohama City Univ.)

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

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

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

Dr. Sam-Yong PARK (Grad. Sch. Sci., Yokohama City Univ.)

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

Dr. Masayo SUZUKI (Beamline Div., JASRI)

Dr. Hidenori TOYOKAWA (Beamline Div., JASRI)

Dr. Naoto YAGI (Beamline Div., JASRI)

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

誌 上 発 表 Publications

[雑誌]

(原著論文) *印は査読制度がある論文

Nakagawa A., Miyazaki N., Taka J., Naito H., Ogawa A., Fujimoto Z., Mizuno H., Higashi T., Watanabe Y., Omura T., Cheng H. R., and Tsukihara T.: "The atomic structure of Rice dwarf virus reveals the self-assembly mechanism of component proteins", *Structure* **11**, 1227–1238 (2003). *

Ueno G., Yamamoto M., Hirose R., Ida K., Kanda H., Miyano M., Kumasaka T., and Ishikawa T.: "High throughput protein crystallography at RIKEN structural genomic beamlines", *AIP Conf. Proc.* **705**, 1209–1212 (2004). *

Vasil'ev S., Shen J. R., Kamiya N., and Bruce D.: "The orientations of core antenna chlorophylls in photosystem II are optimized to maximize the quantum yield of photosynthesis", *FEBS Lett.* **561**, 111–116 (2004). *

Ueno G., Hirose R., Ida K., Kumasaka T., and Yamamoto M.: "Sample management system for a vast amount of frozen crystals at SPring-8", *J. Appl. Cryst.* **37**, 867–873 (2004). *

Takeda K., Miyatake H., Park S., Kawamoto M., Kamiya N., and Miki K.: "Multi-wavelength anomalous diffraction method for I and Xe atoms using ultra-high-energy X-rays from SPring-8", *J. Appl. Cryst.* **37**, 925–933

(2004). *

Suzuki H., Nojiri M., Kamiya N., and Noguchi T.: “Thermal equilibrium of two conformations in photosensitive nitrile hydratase probed by the FTIR band of nitric oxide bound to the non-heme iron center”, *J. Biochem.* **136**, 115–121 (2004). *

Nakai T., Nakagawa N., Maoka N., Masui R., Kuramitsu S., and Kamiya N.: “Ligand-induced conformational changes and a reaction intermediate in branched-chain 2-oxo acid dehydrogenase (E1) from *Thermus thermophilus* HB8, as revealed by X-ray crystallography”, *J. Mol. Biol.* **337**, 1011–1033 (2004). *

Yagi N., Yamamoto M., Uesugi K., and Inoue K.: “A large-area CMOS imager as an X-ray detector for synchrotron radiation experiments”, *J. Synchrotron Rad.* **11**, 347–352 (2004). *

Zako T., Funatsu T., and Yohda M.: “Kinetic analysis of interactions between archaeal prefoldin and chaperonin”, *Recent Res. Devel. Biophys.* **3**, 475–483 (2004).

*

(総説)

上野剛, 山本雅貴: “理研構造ゲノムビームライン (BL26B1 & B2) の自動化”, *SPring-8 利用者情報* **9**, 102–106 (2004).

山本雅貴: “SPring-8 における蛋白質結晶構造解析”, *蛋白質核酸酵素* **49**, 1809–1815 (2004).

河本正秀, 酒井久伸, 井田孝, 上野剛, 山本雅貴: “高輝度放射光によるタンパク質結晶構造解析の現状と問題点”, *放射光* **17**, 330–337 (2004).

[単行本・Proc.]

(総説)

山本雅貴: “SPring-8 におけるタンパク質結晶構造解析”, *ゲノミクス・プロテオミクスの新展開: 生物情報の解析と応用*, 加藤郁之進ほか (編), エヌ・ティー・エス, 東京, pp. 606–611 (2004).

口頭発表 Oral Presentations

(国際会議等)

Kamiya N. and Shen J. R.: “Crystal structure analysis of photosystem II from *synechococcus vulcanus* at BL41XU of SPring-8”, SRRC 8th Users Meet. and Workshop on Application of Synchrotron Radiation in Biology, Hsinchu, Taiwan, Nov. (2002).

Kamiya N., Naito H., and Shen J. R.: “Crystal structure analysis of photosystem II complex from *thermosynechococcus vulcanus*”, Int. Workshop on Structural Chemical Biology of Membrane Protein Complex Functions, (Himeji Institute of Technology), Harima, Apr. (2004).

Kamiya N., Kawano Y., and Nojiri M.: “Time-resolved crystallography with the large-angle oscillation technique on a photoreactive nitrile hydration enzyme, NHase”, RIKEN-CCLRC Daresbury Symp.: Structural Biology, Daresbury, UK, May (2004).

Shen J. R., Naito H., and Kamiya N.: “Crystal structure of

photosystem II from *Thermosynechococcus vulcanus* and its functional implications”, Int. Satellite Meet. in honour of Professor Norio Murarta in conjunction with 13th Int. Congr. on Photosynthesis (PHOTOSYNTHESIS and POST-GENOMIC ERA), Quebec, Canada, Aug. (2004).

Yagi N., Yamamoto M., Uesugi K., and Inoue K.: “A large-area CMOS imager as an X-ray detector for synchrotron radiation experiments”, 8th Int. Conf. on Biology and Synchrotron Radiation (BSR2004), (Himeji City, RIKEN, and others), Himeji, Sept. (2004).

Uchiyama T., Kounosu A., Sato T., Ueno G., Yamamoto M., Tanaka N., Iwasaki T., and Kumasaka T.: “Crystal structure of Sulredoxin, a Rieske protein from *Sulfolobus tokodaii*”, 8th Int. Conf. on Biology and Synchrotron Radiation (BSR2004), (Himeji City, RIKEN, and others), Himeji, Sept. (2004).

Kohyama T., Nishikawa T., Tokuhisa T., Okumura H., Matsui Y., Sakai K., Murakami M., Adachi S., Kamiya N., and Takeda K.: “Crystallographic studies of the photoreaction intermediates of bacteriorhodopsin: Water translocation during the proton pumping cycle”, 8th Int. Conf. on Biology and Synchrotron Radiation (BSR2004), (Himeji City, RIKEN, and others), Himeji, Sept. (2004).

Hasegawa K., Shimizu N., Ueno G., Kawamoto M., and Yamamoto M.: “Current status of SPring-8 BL38B1, a beamline for protein crystallography”, 8th Int. Conf. on Biology and Synchrotron Radiation (BSR2004), (Himeji City, RIKEN, and others), Himeji, Sept. (2004).

Kawamoto M., Sakai H., Nisawa A., Goto S., Yamamoto M., Ishikawa T., and Ueki T.: “Current status of SPring-8 BL41XU (Structural Biology I)”, 8th Int. Conf. on Biology and Synchrotron Radiation (BSR2004), (Himeji City, RIKEN, and others), Himeji, Sept. (2004).

Yamashita E., Yoshimura M., Matsugaki N., Yamamoto M., Yoshikawa S., Nakagawa A., and Tsukihara T.: “Macromolecular assemblies beamline at SPring-8”, 8th Int. Conf. on Biology and Synchrotron Radiation (BSR2004), (Himeji City, RIKEN, and others), Himeji, Sept. (2004).

Ueno G., Hirose R., Ida K., Kumasaka T., and Yamamoto M.: “Sample management system of frozen crystals at the SPring-8 RIKEN Structural Genomics Beamlines”, 8th Int. Conf. on Biology and Synchrotron Radiation (BSR2004), (Himeji City, RIKEN, and others), Himeji, Sept. (2004).

Kawano Y., Hashimoto K., and Kamiya N.: “Time-resolved crystallography with the large-angle oscillation technique on a photoreactive nitrile hydration enzyme, NHase”, 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), Washington DC, USA, Nov. (2004).

Zako T., Yoshida T., Murase Y., Kanzaki T., Ide N., Iizuka R., Funatsu T., and Yohda M.: “Interaction analysis between hyperthermophilic chaperonin and prefoldin using

- SPR sensor”, Biophysical Soc. 49th Ann. Meet., Long Beach, USA, Feb. (2005).
(国内会議)
- 内藤久志, 高潤一郎, 宮崎直幸, 小川輝, 中川敦史, 月原富武, 藤本瑞, 水野洋, 萩原恭二, 東貴彦, 渡邊康雄, 大村敏博: “イネ萎縮ウイルスの主要キャプシド蛋白質の構造”, 平成 16 年度日本植物病理学会大会, 福岡, 3 月 (2004).
- 中井忠志, 中川紀子, 真岡伸子, 増井良治, 倉光成紀, 神谷信夫: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来グリシン開裂系 P タンパクの結晶構造”, 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第 3 回連携研究会, (理研), 播磨, 7-8 月 (2004).
- 沈建仁, 内藤久志, 神谷信夫: “膜タンパク質複合体の結晶化と結晶構造: 光化学系 II 酸素発生複合体”, 日本学術振興会回折構造生物第 169 委員会 第 14 回研究会, (日本学術振興会), 仙台, 9 月 (2004).
- 河野能顕, 藤澤哲郎, 内藤久志, 引間孝明, 伊藤和輝, 秋山修志, 中島寛樹, 飯塚崇, 松泰司, 神谷信夫: “理研構造生物学ビームライン (BL44B2, BL45XU) の現状”, 第 8 回 SPring-8 シンポジウム「利用技術に関するワークショップ: 最新の検出器とその応用」, (JASRI, SPring-8 利用者懇談会), 播磨, 10 月 (2004).
- 河野能顕, 中島寛樹, 藤澤哲郎, 伊藤和輝, 秋山修志, 飯塚崇: “理研構造生物学ビームライン I (BL45XU) の現状”, 第 8 回 SPring-8 シンポジウム「利用技術に関するワークショップ: 最新の検出器とその応用」, (高輝度光科学研究センター), 播磨, 10 月 (2004).
- 河野能顕, 橋本浩一, 野尻正樹, 東常行, 神谷信夫: “LOT 法を用いた Fe-NHase の光活性化過程と基質類似化合物結合過程の追跡”, 日本結晶学会平成 16 年度年会, 吹田, 11 月 (2004).
- 長谷川和也, 酒井久伸, 清水伸隆, 河本正秀, 上野剛, 山本雅貴: “SPring-8 BL38B1 の現状”, 日本結晶学会平成 16 年度年会, 吹田, 11 月 (2004).
- 河本正秀, 清水伸隆, 酒井久伸, 二澤宏司, 後藤俊治, 山本雅貴, 石川哲也, 植木龍夫: “SPring-8/BL41XU の現状”, 日本結晶学会平成 16 年度年会, 吹田, 11 月 (2004).
- 平田邦夫, 清水伸隆, 山本雅貴, 加藤健一, 高田昌樹: “マキシマムエントロピー法における低分解能データの電子密度への寄与”, 日本結晶学会平成 16 年度年会, 吹田, 11 月 (2004).
- 橋本浩一, 河野能顕, 神谷信夫: “嫌気条件下で結晶化した活性型鉄含有ニトリルヒドラーゼの反応中心構造”, 日本結晶学会平成 16 年度年会, 吹田, 11 月 (2004).
- 清水伸隆, 清水哲哉, 酒井久伸, 中津亨, 加藤博章, 山本雅貴: “蛋白質の超高分解能構造解析”, 日本結晶学会平成 16 年度年会, 吹田, 11 月 (2004).
- 前山正孝, 山崎幹緒, 杉本邦久, 太田弘道, 佐々木勝成, 三浦圭子, 上野剛, 山本雅貴: “微小焦点 X 線発生技術の低分子化合物構造解析への適用”, 日本結晶学会平成 16 年度年会, 吹田, 11 月 (2004).
- 上野剛, 廣瀬雷太, 井田孝, 熊坂崇, 山本雅貴: “理研構造ゲノムビームラインの自動運転”, 日本結晶学会平成 16 年度年会, 吹田, 11 月 (2004).
- 二澤宏司, 米田安宏, 福本祐史, 村上博則, 藤尾美紀, 上野剛, 山本雅貴, 古川行人, 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”, 第 18 回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 鳥栖, 1 月 (2005).
- 米田安宏, 二澤宏司, 上野剛, 福本祐史, 村上博則, 藤尾美紀, 山本雅貴, 古川行人, 竹下邦和, 後藤俊治, 石川哲也: “BL26B2 へのベンダーのインストール”, 第 18 回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 鳥栖, 1 月 (2005).
- 長谷川和也, 酒井久伸, 清水伸隆, 河本正秀, 上野剛, 山本雅貴: “SPring-8 BL38B1 の現状”, 第 18 回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 鳥栖, 1 月 (2005).
- 河本正秀, 清水伸隆, 長谷川和也, 酒井久伸, 二澤宏司, 後藤俊治, 山本雅貴, 石川哲也, 植木龍夫: “SPring-8/BL41XU の現状”, 第 18 回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 鳥栖, 1 月 (2005).
- 山下栄樹, 吉村政人, 鈴木守, 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”, 第 18 回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 鳥栖, 1 月 (2005).
- 矢橋牧名, 後藤俊治, 玉作賢治, 山崎裕史, 依田芳卓, 山本雅貴, 石川哲也: “ダイヤモンド二結晶分光器の立ち上げと評価”, 第 18 回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 鳥栖, 1 月 (2005).
- 豊川秀訓, 引間孝明, 中島寛樹, 神谷信夫, 鈴木昌世, 水牧仁一朗, 木村滋, 池田直, Christian B., Eikenberry E. F., Hulsen G.: “光子計数型ピクセル検出器を用いた構造解析実験の現状”, 第 18 回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 鳥栖, 1 月 (2005).
- 清水伸隆, 清水哲哉, 酒井久伸, 中津亨, 加藤博章, 山本雅貴: “蛋白質の超高分解能構造解析”, 第 18 回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 鳥栖, 1 月 (2005).
- 上野剛, 廣瀬雷太, 井田孝, 熊坂崇, 山本雅貴: “理研構造ゲノムビームライン自動運転の現状”, 第 18 回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, 鳥栖, 1 月 (2005).
- 河野能顕, 橋本浩一, 野尻正樹, 東常行, 神谷信夫: “LOT 法を用いた Fe-NHase の光活性化過程と基質類似化合物結合過程の追跡”, 理研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1 月 (2005).
- 引間孝明, 豊川秀訓, 中島寛樹, 鈴木雅世, 神谷信夫: “タンパク質結晶構造解析に向けた光子計数型ピクセル検出器の現状”, 理研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1 月 (2005).
- 橋本浩一, 河野能顕, 神谷信夫: “嫌気条件下で結晶化した活性型鉄含有ニトリルヒドラーゼの反応中心構造”, 理研シンポジウム「構造生物学 (X): これからの構造生物学における新ツール」, 播磨, 1 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: “放射光を用いた時間分解 X 線回折法によるフォトクロミック結晶格子変化の観測”, 文部科学省科学研究費補助金特定領域研究「極微構造反応」第 2 回公開シンポジウム, 吹田, 2 月 (2005).