◁研究会報告▷

第5回生物物理と放射光に関する国際会議 (BSR-95) に参加して

山本 雅貴 (理化学研究所生物物理)

表記の国際会議が8月21日から25日の5日間フランスのグルノーブルにおいて開催され，約160名の参加者があった。本会議は，前回1992年に筑波で開催されたもので，参加された方も多いと思います。グルノーブルはパリからTGV直通で約3時間，距離にして約500km東南に位置しており，一般には映画“白い恋人たち”で描かれていた1968年冬期オリンピックの開催地として知られている。また，グルノーブルは第三世代放射光施設として実験が開始されているESRF (European Synchrotron Radiation Facility) のお膝下であり，ILL (Institute Laue Langevin) の研究用原子炉などで研究者にもなじみ深い町である。

会議はグルノーブル市街の中心からトラムと呼ばれる近代的な路面電車に乗って約20分の郊外に位置するグルノーブル大学のキャンパスにおいて行われた。会議内容は放射光の基盤技術の話，様々な生体関連の放射光利用アプリケーション，生体高分子の構造研究のセッションにより構成されていた。発表は，口頭発表とポスター発表が同時に行われ，特にポスター発表の時間は用意されていないセッションが大部分であった。会期中は全ポスターのスペースが確保されており，全てのポスターを見ることが出来るように配慮されていたが，発表者を掴まえて詳細を聞くことが出来なかったのは残念であった。

初日21日は，午前中Opticsのセッションで ESRF, APS (Advanced Photon Source), SPrin-8の各第三世代放射光施設における光学素子の開発状況についての発表が行われ，光学素子の熱負荷問題が，シリコン結晶の液体窒素冷却やダイヤモンド結晶等により克服されつつある状況が報告された。また，ESRFのA. Snigirevからはブラッグフレネル光学系の報告が行われ，位相差顕微法やサブミクロン領域でのブラッグフレネル光学系の集光特性を利用したマイクロプローブ法での実験結果が示され，生体分子への応用の可能性を感じさせるものであった。

午後はX-ray Microscopy and Microfocusと蛋白質結晶構造解析の2つのセッションが平行して行われた。ここでの結晶構造解析のセッションは，大きく分けて蛋白質のダイナミックスの発表と第三世代放射光施設で計画されている蛋白質結晶構造解析用ビームラインの発表が行われた。現在，結晶構造解析による蛋白質のダイナミックスに関する手法として，ラウエ法と散漫散乱法が考えられており，その両手法に関する発表が行われた。ラウエ法では，シカゴ大学のK. Moffatのグループの研究成果には目を見張るものがあり，ESRFでのアンジュレーターを光源としたシングルバンチモードでの実験には驚かされた。蛋白質結晶構造解析用ビームライン計画のセッションでは，ALS (Advanced Light Source) での多目的蛋白質結晶構造解析ビームライン，我々が建設中であるSPring-8での理研ビームライン，ESRFでの蛋白質結晶構造解析専用ビームラインの3ビームライン計画についての報告が行われた。これら3ビームライン計画はすべて挿入光源を使用している点など共通点が数多く見られ，興味深いもの

(C) 1995 The Japanese Society for Synchrotron Radiation Research

であった。

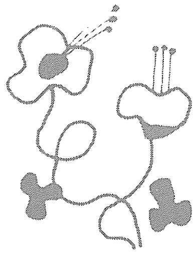
2日目の午前は溶液散乱と医学利用の2つのセッションが平行して進められた。午後には，ESRFの見学が行われた。実験ホール内ではインハウススタッフに案内される形でMicro Focus (BL1), High Brilliance (BL4), Circular Polarisation (BL6), Dragon with Polarisation Selectivity (BL26), MAD (BL19) の各ビームラインを見学した。当日リングは運転中で共同利用実験が行われており，光学ハッチと一部の実験ハッチは内部を見ることは出来なかった。実験ホールは想像するほどの広さはないが，分光器用の備え付けの液体窒素供給装置により第三世代放射光施設らしさを感じる事が出来た。

3日目の午前はDetectorのセッションが行われた。発表は主に2次元検出器に関するもので，X線イメージインテンシファーヤー（II）を利用したCCD検出器と蛍光板・ファーバー光学系を利用したCCD検出器について，良好な実験結果が得られており，イメージングプレートの欠点を補う面からCCD検出器が注目された。また，フラットパネル検出器と呼ばれる医療用に新しく開発されているピクセル検出器の発表も行われ，その将来性は期待度充分であった。

午後にはFiber Diffraction Iと蛋白質結晶構造解析の2つのセッションが行われた。蛋白質構造解析のセッションでは多波長異常分散法（MAD）についての概説をパーデュー大学のJ. Smithがおこない，MAD法の有効性を力説していた。

午後8時からはバンケットがバスチューユ城塞で行われた。バスチューユ城塞からは，グルノーブル市街を一望でき，川の中州に位置するESRFのリングも見おろすことが出来た。バンケットは終始なごやかな雰囲気で，おいしいワインとフランス料理を味わいながら日付が変わるまで続けられた。

4日目は，午前中にAbsorption Spectroscopyのセッションが，午後にはFiber DiffractionとMacromolecular Crystallographyの2つのセッションが行われた。

最終日である5日目は午前中のセッションだけで，Hot Structureの報告が行われた。エール大学のP. Siglerにより蛋白質の折れ畳みを助ける働きを持つシャペロニンと呼ばれる巨大蛋白質GroELの構造解析の発表が行われた。また，マックスプランク研究所のH. Michelと阪大・蛋白研の山口により，ほぼ同時期に解析されたシトクロムc酸化酵素の構造解析の発表が行われた。この2つの発表は，それぞれ会期中に出版されたネーチャー誌とサイエンス誌の表紙を飾ったものであり，本会議を締めくくるに相応しい内容であった。

以上，会議全体について簡単に紹介したが，“生物物理と放射光に関する国際会議”という会議名どうりに，内容は盛りだくさんで，放射光における生物関連研究の奥の深さを垣間みる思いがした国際会議であった。今回の会議から，ESRFでの実験結果が見られるようになってきており，今後APS, SPring-8等の新しい放射光施設が運転を開始するにつれて，生物関連分野でもさらなる進展が期待される。