

た。他の放射光施設でレーザー電子光を使っている見学者の間では、レーザー電子光の生成が原理的に放射光リングの蓄積ビーム寿命を縮めるという事に対し、それぞれの施設でどの様に対応がされているか、といった問題も話題に上っていた。

レーザー電子光は、レーザー技術の発達、加速器科学、加速器技術の発達による高性能放射光施設の完成によって

実用化された、比較的新しいガンマ線源である。その優れた性質を生かした実験が多様なテーマで行われており、今後ますます新たなデータが期待される。今回のワークショップは大規模な会議ではなかったが、テーマは広範囲にわたり、狭い意味での普段の専門分野から離れたテーマについても議論する事ができ、有意義な会であった。

ICSG2000サテライト・播磨国際ワークショップ報告

宮野 雅司 (理研・播磨研究所)

2000年11月7日、8日にICSG2000のサテライトとしてSPring-8の普及棟・大会議室で「Harima Workshop on Implementation for High-throughput Structure Determination by Protein Crystallography—Present Status and Future Goal—」(Harima Workshop)が開催された。

このワークショップは、構造ゲノム科学の広範な内容をカバーしたフォーラムで簡略された内容の本会議ICSG2000に対して、添付した開催プログラムからもわかるとおり表題通りの実務的な構造ゲノム科学の主要な技術である放射光結晶構造解析技術における自動化技術の最新の世界の状況が展望と実質的な議論ができた会議であった。

参加者は宿泊の限られるSPring-8サイトとしての限界に近い100人以上が国の内外から参加した。参加者のうち、構造ゲノム科学プロジェクトを推進しているアカデミアからはもちろん、構造ゲノム科学ベンチャーのJanet Newman (SGX, San Diego, USA), Ray Stevens (Syrrx/Scripps, San Diego, USA), Harren Jhoti (Astex Cambridge, UK), 結晶解析機器・ソフトのメーカーChris Neilsen (ADSC, San Diego, USA), Tom Oldfield (MSI, York, UK), Joseph Ferrara (MSC, Texas, USA)といったこの分野での先導的技術開発を進めているベンチャー、専業企業からの実際の開発に携わっている第一線の研究者も含めたはじめての世界的ワークショップとなった。現在どのような技術が現実であり、どのような技術開発がなされなくてはならないかが世界の第一線の研究者に共有された。このことで、ますます共同研究の必要性が認識され、講演の間に比較的長く取られた休憩時間、食後のレセプションそして懇親会での実質的な意見交換と今後の共同研究の話が多くなされた。特に、今回のようなワークショップの継続的開催が閉会の挨拶のなかで確認され、Tom Ter-



参加者の写真

williger (LNBL) と Samar Hasnain (Daresbury) の二人が協力して次の開催を約束して閉会することができた。

現在、播磨でも理研構造ゲノミクスイニシャチブ(RSGI <http://rsgi.riken.go.jp/>)の一環としてハイスルーブットファクトリーが計画されているなかで、当日参加者の過半をしめるSPring-8サイトの研究者に対する意識の向上と、これからの動議付けが強くなされたと理解している。

当日の参加者は

		うち海外	企業
招待講演者	23人	18人	5人 (5)
事前登録参加者	46人	15人	13人 (7)
当日登録参加者	40人	0人	12人
総計	109人	32人	33人 (海外)

ハイスルーブットのための放射光タンパク質結晶構造解析技術における効率化と高速化のための自動化技術的の最新の世界の状況と展望の共通の理解に達したこと、そして、つっこんだ議論、そして、現在開発されているシステムの実演のためのデモを含めた国を越えたアカデミックそして企業の壁も越えた今回のワークショップは大きな構造ゲノム科学のうねりの断面を明らかにした。このワークシ

ワークショップでは対象にしなかった蛋白質の発現精製、結晶化のスケールアップと自動化についても議論のなかで重要性が指摘され、また、そのための自動化ロボットの開発を進めてきた Syrrx の現状報告の中からハイスループット化の成功のキーであるとその重要性が共有された。プログラムとアブストラクトは ICSG200 のホームページで公開準備中である (<http://icsg2000.riken.go.jp/spring8.html>)。

幸いにして、多くの参加者から、大成功の会議であるとお褒めをいただいたこと、さらには感謝さえされたことは開催した一員として感激した。そして、この会議を成功に導いた ICSG2000 のスタッフそして理研の事務方の方々、理研播磨研究所の秘書の方々、そしてなにより構造生物物理研究室のメンバーなどお世話になった方々に改めて深く感謝するとともに、多くの至らなかった点をご容赦いただきたい。

ワークショップのプログラム

SR Facilities Chair: Nobuo Kamiya (RIKEN/Spring-8)

Photon Factory Structural Biology Program

Soichi Wakatsuki (PF/KEK)

Public beamlines for protein crystallography in

Spring-8

Naoto Yagi (JASRI/Spring-8)

Beamline Automation

Chair: Shintaro Misaki (Shionogi Co., Ltd.)

Structural Biology Center—Synchrotron Facility for Macromolecular Crystallography at the Advanced Photon Source

Andrzej Joachimiak (APS/ANL)

High-throughput diffraction data collection and analysis

Peter Kuhn (SSRL)

NW Structure Genomic Centre (Pathogens Genomes)

Samar S. Hasnain (Daresbury Lab.)

Recovery of Non-productive Beamline with Precision Robotics: A 5x Multiplier for Improving Beamline Throughput and Efficiency

John P. Rose (Univ. Georgia)

Automated Data Collection

Chair: Atsuo Suzuki (Nagoya Univ.)

Detector Systems for High Throughput Structural Genomics Beamlines

Christopher Nielsen (Area Detector Systems Corp.)

Development of High-Speed Imaging Plate Detector

Masaki Yamamoto (RIKEN/Spring-8)

Robotic Sample Handling and Computational Control for Maximizing Throughput for Synchrotron-based Structural Biology

Thomas N. Earnest (LBNL)

Automated Data Processing

Chair: Dmitry Vassilyev (RIKEN Harima)

Data Collection and Processing in Structure

Genomics Era

Wladek Minor (Univ. Virginia)

Automated Data Collection and Processing for Structural Genomics Beamlines

Christopher Nielsen (Area Detector Systems Corp.)

Automated Phasing

Chair: Atsushi Nakagawa (Osaka Univ.)

An Automated Structure Determination system Incorporating SHARP, ARP/wARP and BUSTER

Gerard Bricogne (MRC LMB)

SOLVE—Automated MIR and MAD structure determination

Thomas C. Terwilliger (LANL)

Elves: a user-friendly expert system for macromolecular x-ray crystallography

James Holton (Univ. California, Berkeley)

MAD/SAD

Chair: Toshiyuki Shimizu (Nara Inst. Sci. Tech.)

Overview of MAD Phasing

Craig Ogata (BNL)

Protein Structure Determination from Native Crystal Using Single-wavelength Anomalous Scattering Data

Zhi-Jie Liu (Univ. Georgia)

Quick structure determination using anomalous scattering effect

Atsushi Nakagawa (Osaka Univ.)

Automated Model Fitting

Chair: Wladek Minor (Univ. Virginia)

Distributed-Computing Environment for Crystallographic Automation, A Distributed System for Automation of Macromolecular Structure

Duncan E. McRee (Scripps Res. Inst.)

From electron density maps to function

Thomas J. Oldfield (Molecular Simulations Inc.)

ARP/wARP: Procedures for automated model building and refinement

Anastassis Perrakis (EMBL, Grenoble)

Structural Bioinformatics

Chair: Takao Matsuzaki (Mitsubishi Chemical)

Protein structure comparison using the Markov transition model of evolution

Takeshi Kawabata (Natl. Inst. Genetics)

Industrial Application

Chair: Takao Matsuzaki (Mitsubishi Chemical)

Protein Structure Factory

Uwe Mueller (Protein Structure Factory)

High Throughput X-ray Crystallography [HTX™] for Drug Discovery

Harren Jhoti (Astex Tech. Ltd.)

Structural Genomics at Structural GenomiX

Janet Newman (Structural GenomiX)

Development of high throughput technologies for protein crystallography and structure based drug design

Raymond Stevens (Syrrix Inc.)