物質科学と放射光

千川 純一

「歴史は繰り返す」という。遺伝情報を担うデオキシリボ核酸 DNA の発見から分子生物学の誕生は、X 線回折の発見が結晶学を原子配列の世界に変えて X 線結晶学が生まれたのと似ている。これら 2 つの分野の展開を対比してみたい。

X 線回折の発見後、すぐに多重散乱が起こる「理想的に完全な結晶」と 1 回しか散乱しない「理想的に不完全な結晶」について回折強度が計算された。この両極値の中間の値を現実の結晶が示し、長い間完全な結晶は実在しないと信じられてきた。1960 年頃半導体シリコン結晶の出現により「完全結晶」の回折が実証され、半導体分野は結晶の完全性を追求してきた。

一方、1 回散乱の回折は薄い結晶に適合し、有機、無機さまざまな結晶の原子配列が決定され、より複雑な構造の解析へと挑戦が続いた。タンパク質では単位胞の原子数は数万個にもなり、それに応じて回折斑点の数も膨大となり、それに入射 X 線が分岐されるため、強力な X 線源が必須となる。つまり、数万個の原子の位置情報を得るためには X 線フォトン数が不可欠で、回折像を得るのに 10^{10} フォトンが必要とされている。DNA の二重らせん構造の決定も当時英国で開発された回転対陰極 X 線発生装置でなされた [ワットソン著:「二重らせん」(江上不二夫・中村桂子訳, 講談社文庫)]。タンパク質の巨大分子の構造解析はシンクロトロン放射光源がなければ不可能である。しかも重要な機能を果たす巨大分子は結晶化が難しく十分に大きい結晶の作製に問題があった。SPring-8 のような高輝度放射光源が出現して大きさ 0.01 mm の結晶でも解析できるようになり、この問題は解消した。現在ではタンパク質分子の構造解析はルーチンワークになり、自動化も始まっている。

そもそもタンパク質分子の構造解析は、遺伝子とそれからつくられるタンパク質分子の機能との間がブラックボックスで機能発現のプロセスを知るためになされてきた。しかし、立体構造だけでは推測の域を出ないので、放射光の白色性を活かしてタンパク質結晶のラウエ回折による動的構造解析の研究が意欲的に進められている。

また、筋肉の運動に伴う構造変化を見る X 線小角散乱の実験もある。一方、細胞内の生命活動を直視する X 線顕微鏡も開発され、その分解能は軟 X 線では 20 nm に、硬 X 線では数百 nm になっている。この分解能は X 線小角散乱が検出する大きい構造周期と重っている。さらに SPring-8 では被写体で散乱される X 線(ハロー状)を測定してフーリエ変換で実像をつくる新しい手法も開発され 30 nm の分解能で大腸菌の撮像に成功した [Miao, *et al.*: *Phys. Rev. B*, **68**, 012201 (2003)]。

ナノテクでも、バイオでも、構造周期が大きくなり、その評価手法として放射光利用技術は大きく進歩した。また、ヒトゲノム解析の進展は当初の 10 万種と予想された遺伝子が 3 万種と判明し、それに続くヒトタンパク質の構造解析も順調に進むものと予想された。ところが遺伝子を大腸菌などに注入してタンパク質をつくらせる従来の方法ではヒトタンパク質分子の生産性が悪く、結晶作製に必要な十分な量が得られないという新たな問題が出てきた。

X 線回折の発見から、結晶の完全化を目指した半導体分野と構造の多様化を追求する化学分野の 2 つに分岐したように、生物の分野でも進化の究極にあるヒトと、動植物の多様性を調べる二手になると思われる。結晶の完全化が突破口になり、シリコン集積回路・コンピュータの開発から壮大なソフトウェアの分野が展開したように、ヒトタンパク質分子の量産を突破口としてゲノムから生命システム・ソフトウェア(心の領域)の新しい分野の展開が期待されるのではあるまいか。

CHIKAWA, Jun-ichi 兵庫県先端科学技術支援センター (678-1205 兵庫県赤穂郡上郡町光都 3-1-1)・所長, 理学博士. 1960 年京都大学大学院理学研究科物理課程修了. 専門は X 線結晶学, 放射光利用技術の総合的研究.

Materials Science and Synchrotron Radiation