### 慶應義塾大学学術情報リポジトリ Keio Associated Repository of Academic resouces

Title	X線自由電子レーザーを用いた非結晶サブミクロン粒子のナノメートル分解能構造解析
Sub Title	Structure analysis of non-crystalline particles with sub-micrometer dimensions using X-ray free
	electron laser
Author	中迫, 雅由(Nakasako, Masayoshi)
Publisher	
Publication year	2014
Jtitle	科学研究費補助金研究成果報告書 (2013. )
JaLC DOI	
Abstract	コヒーレントX線回折顕微鏡法は、レンズが不要なイメージング手法であり、X線自由電子レーザ ーの持つ強度と空間コヒーレンスの両方を活用することで、結晶化が原理的に不可能または極め て困難な巨大分子・粒子やその集合体などの構造解析に適用できるものと期待されている。本研 究では、将来的な分子構造解析の可能性の検討、データ処理や構造解析の新しい方法の提案を行 って、結晶化が困難な粒子の構造解析の理論およびソフトウエア基盤構築を試みた。 Coherent X-ray diffraction imaging is a lens-less imaging technique that can visualize the structures of non-crystalline particles with micro- to sub-micrometer dimensions in particular using coherent and intense X-ray pulses provided by X-ray free electron laser. In this research project, we developed theories on three-dimensional images of non-crystalline particles and data processing techniques toward molecular imaging in the future.
Notes	研究種目 : 挑戦的萌芽研究 研究期間 : 2012~2013 課題番号 : 24654140 研究分野 : 数物系科学 科研費の分科・細目 : 物理学・生物物理・化学物理
Genre	Research Paper
URL	https://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara_id=KAKEN_24654140seika

慶應義塾大学学術情報リポジトリ(KOARA)に掲載されているコンテンツの著作権は、それぞれの著作者、学会または出版社/発行者に帰属し、その権利は著作権法によって 保護されています。引用にあたっては、著作権法を遵守してご利用ください。

The copyrights of content available on the KeiO Associated Repository of Academic resources (KOARA) belong to the respective authors, academic societies, or publishers/issuers, and these rights are protected by the Japanese Copyright Act. When quoting the content, please follow the Japanese copyright act.

# 科学研究費助成事業

## 研究成果報告書



平成 26 年 5月 15日現在

機関番号: 3 2 6 1 2
研究種目: 挑戦的萌芽研究
研究期間: 2012 ~ 2013
課題番号: 2 4 6 5 4 1 4 0
研究課題名(和文)X線自由電子レーザーを用いた非結晶サブミクロン粒子のナノメートル分解能構造解析
研究課題名(英文)Structure analysis of non-crystalline particles with sub-micrometer dimensions using X–ray free electron laser
研究代表者
中迫 雅由 ( Nakasako, Masayoshi )
慶應義塾大学・理工学部・教授
研究者番号:3 0 2 2 7 7 6 4
交付決定額(研究期間全体): (直接経費) 3,000,000円、(間接経費) 900,000円

研究成果の概要(和文):コヒーレントX線回折顕微鏡法は、レンズが不要なイメージング手法であり、X線自由電子 レーザーの持つ強度と空間コヒーレンスの両方を活用することで、結晶化が原理的に不可能または極めて困難な巨大分 子・粒子やその集合体などの構造解析に適用できるものと期待されている。本研究では、将来的な分子構造解析の可能 性の検討、データ処理や構造解析の新しい方法の提案を行って、結晶化が困難な粒子の構造解析の理論およびソフトウ エア基盤構築を試みた。

研究成果の概要(英文): Coherent X-ray diffraction imaging is a lens-less imaging technique that can visua lize the structures of non-crystalline particles with micro- to sub-micrometer dimensions in particular us ing coherent and intense X-ray pulses provided by X-ray free electron laser. In this research project, we developed theories on three-dimensional images of non-crystalline particles and data processing techniques toward molecular imaging in the future.

研究分野: 数物系科学

科研費の分科・細目:物理学・生物物理・化学物理

キーワード: コヒーレントX線回折イメージング X線自由電子レーザー 三次元再構成 非結晶粒子 ナノ構造 シミュレーション 計算物理学 リボソーム

#### 1. 研究開始当初の背景

コヒーレントX線回折顕微鏡法(CXDM: Coherent X-ray Diffraction Microscopy)は、X線 自由電子レーザー(XFEL: X-ray Free Electron Laser)の持つ強度と空間コヒーレンスの両方 を活用することで、結晶化が原理的に不可能 または極めて困難な巨大分子・粒子やその集 合体などの構造解析に適用できるものと期 待されている。同法は、反復的位相回復アル ゴリズムを用いることで、回折パターンの構 造振幅のみから、投影電子密度分布を回復す ることができるという特徴を持つ。

2012年より、米国で XFEL 利用実験が開始 されたが、X線に対する電子の散乱断面積の 小ささを考慮した将来の高分解能構造解析 についての道筋が無く、我が国を含め、現状 のままでは、XFEL 利用が特定の物理分野等 に限られる可能性が否めない。代表者らは, 難しいとされてきた液中試料粒子の回折パ ターンを多数収集して三次元電子密度分布 を再構成する方法を開発する過程で(Phys. Rev. E (2011))、十分な XFEL 入射強度さえ得 られれば、多数の分子複合体が氷包埋された 試料から、複合体分子の三次元構造解析が可 能ではないかとの着想を得た。

また、2012年のSACLA共用開始以来の実験で明らかとなってきた XFEL-CXDM 実験におけるデータ処理や像回復における諸問題を解決して、効率的な利用実験の実用化が望まれるようになった。

#### 2. 研究の目的

本研究は、XFEL を用いた CXDM により、 分子量百万~数百万の巨大分子集合体や材 料粒子についてのナノメートル分解能での 立体構造解析方法の開発を目的とする。現在 利用可能なX線自由電子レーザー実機、集光 光学系、CCD 検出器などの性能とX線散乱で の電子の散乱断面積の両者を考慮しながら、 試料形態とX線照射野への導入方法を考案 し、その実行可能性を大規模なシミュレーシ ョンによって確認する。得られた回折パター ンから三次元電子密度分布を再構成するた めに、X線回折の基礎に立ち返った理論と解 析手順の構築を行いながら、現在の XFEL 光 源に対する本提案方法の適用可能性を探る。 これと並行して、XFEL-CXDM 実験の円滑な 実施を目的として、そこで必要となるデータ 処理やデータ解析に関わる方法論とプログ ラムコードの開発も併せて実施する。

3. 研究の方法

### (1) 実験条件等を考慮した分子複合体に関す

<u>る XFEL-CXDI 構造解析シミュレーション</u> XFEL施設 SACLA で供給されるX線ビーム を空間コヒーレンスを壊さずに集光する場合 のX線パルス強度と試料の散乱断面積を考慮 して、50S リボゾーム粒子と水分子から成る 系について具体的な原子座標モデルを構築し、 回折パターンとそれからの三次元電子密度を 再構成可能か否か検討する。さらに、大腸菌から調製した 70S リボゾームの低温 XFEL-CXDM実験を実施し、現在の入射強度 と必要な入射強度の差異を明らかにする。

### (2)実用的データ処理プログラムの構築

代表者が開発してきた生体単粒子クライオ 試料凍結照射装置を用いた XFEL-CXDM 実験 では、短時間で数万枚の回折パターンが取得 可能である。得られた回折パターンのデータ セットに対して、解析に足る回折パターンの 自動選別、2 台の CCD 検出器からのデータ統 合、回折パターンの対称性評価、位相回復等 の処理過程がある。位相回復では、小角散乱 領域の欠落や将来の三次元再構成に向けた構 造解析法の試行が必要となっている。これら について、実用的データ処理プログラムを開 発する。

## (3)回折パターンからの位相回復における問題 の検討

波長が極端に短い場合、Ewald 球は平面に 近似できる。一方、現実の XFEL 光源からの X線については、極低分解能でしかこの近似 は成立しない。このため、高分解能回折パタ ーンに現れる Ewald 球面上の回折強度のみか ら構造因子を推定することが不可欠である。 球面と平面を結ぶ数学理論に基づいた、より 物理数学的方法について考察する。

さらに、小角散乱領域のデータ欠損を補っ て電子密度投影像を高効率で回復するため、 従来提案されてきた暗視野位相回復法に回 折パターン対称性を拘束条件に加える方法 を考案し、その実用性をシミュレーションで 検討する。

4. 研究成果

 (1) 実験条件を考慮した分子複合体に関する XFEL-CXDI 構造解析シミュレーション

本研究では、現実的なビームサイズ、試料 形態や検出器性能を考慮しながら、溶媒中粒 子の構造解析プロトコルを拡張した超分子複 合体の nm 分解能構造解析方法を提案し、そ の可能性を計算機シミュレーションによって 探った。シミュレーションで対象とした生体 超分子は、70S リボソームの構成要素でメッ センジャーRNA の遺伝暗号にしたがってポ リペプチド合成をおこなう 50S リボソームサ ブユニットである。同サブユニット 229 個を 広さ 500×500 nm<sup>2</sup>、厚さ 50 nm のアモルファス 氷薄膜に埋包した試料について検討した。こ の試料は、膨大な水分子を含むので、試料全 体の散乱断面積は十分大きい。

Ewald 球による投影定理の適用制限を考慮 し、分解能 0.8 nm までの回折パターンに対し て構造解析シミュレーションを行った。0.8 nm 分解能での構造解析に必要な配置の異な る 50S サブユニット 1832 個を用意し,8 枚の 氷薄膜に 229 個ずつと、化学実験で調整可能 な濃度(46 mg/ml)で分散させた。試料1枚には,約 4.3 億個の水分子と,2.1 千万個の 50S サブ ユニット原子が含まれている(図1)。 OS 比4でポアソンノイズを考慮した場合,0.8 nm 分解能で三次元再構成するには、5×10<sup>16</sup> 光子 数/500×500 nm<sup>2</sup>/パルスの強度が必要であっ た。



図1 229 個の 50S サブユニット粒子を氷包埋 した試料モデル(左)、その回折パターン(中)と 位相回復電子密度図(右)

位相回復によって得た異なる 8 枚の氷薄膜 投影像から 1832 個の 50S サブユニット投影像 を得(図1)、電子顕微鏡分野で開発された単 粒子解析の手法に従って 3.2 nm 分解能で初期 モデル構築し、分解能を 3.2、1.6、0.8 nm と 徐々に上げながら精密化を施して Fourier Shell Correlation で見積もった有効分解能 0.8 nm の最終電子密度モデルを得た。

モデルは結晶構造から計算した 0.8 nm 分解 能の電子密度図と良い一致を示し、Crown view と呼ばれる配向で眺めた場合、Crown の 先端を形成する 50S リボゾーム主構成要素で ある 5S ribosomal RNA の特徴的な二重螺旋構 造、ペプチジルトランスフェラーゼ反応で合 成されたポリペプチド鎖が通り抜けるトンネ ル等、構造上の特徴が良く再現されていた(図 2)。

一方で、回復された三次元電子密度では, 粒子外縁部に存在する ribosome タンパク質の 電子密度が一部欠落していた。これは、投影 電子密度では,溶媒領域内電子密度分布の揺 らぎが投影方向へ積算され,粒子電子密度に も足し込まれてしまうためであり,氷の厚さ 制御が実験の成否の一要因となることも明ら かとなった。



図 2 50S リボゾームの 0.8 nm 分解能三次元 再構成電子密度図(左)と結晶構造モデルから 計算した電子密度図(中)。XFEL-CXDM 実験 で得られた 70S リボソーム氷包埋試料からの 回折パターン(右)。

大腸菌から精製した 70S リボソームの高濃 度試料を作成し、低温 XFEL-CXDI 実験の可 能性を調べたが、現状の強度では、分解能 100 nm 程度がせいぜいであり、nm 分解能での構 造解析は極めて困難であることが判明した (図 3)。

以上の結果、もし十分な強度の XFEL パル スが照射できれば,超分子複合体の極微量試 料懸濁液から、開発してきた湿度制御装置で 作成した氷薄膜試料に対して低分解能構造解 析を可能とする回折強度データを数十回程度 の露光で収集できることが明らかとなった。

## (2) 実用的データ処理プログラムの構築

現在,数日間のビームタイムで数万枚の回 折パターンが得られ、試料粒子にX線パルス がヒットする率は粒子散布密度に応じて20~ 100%を推移している。このように膨大な回折 データを高速かつ自動で処理すべく、以下の 機能を持つデータ処理ソフトウェア『四天王』 が開発された。

このソフトウェアでは予め各試料の測定前 に得た検出器の暗電流強度を各回折パターン から引き去り、十分な小角強度を持つものを ヒットパターンとして抽出する。また、ビー ムタイムの最初に立方形状酸化銅単粒子の回 折パターンを関数近似し、各検出器でのビー ム中心位置や検出器の相対回転角を決めてお く。これらをもとに選択したデータの小角領 域回折パターンについてFriedel 則による中心 対称性を評価し、先に決定した検出器中心付 近で回折パターン毎に微小に搖動するビーム の位置を精密化後、2 台の検出器のパターン を一つに統合する、統合パターンのトリミン グとビニング処理後,反復的位相回復法によ る像回復を実施する。



図 3 Graphical User Interface によって運用さ れている実用的データ処理プログラムの実行 結果

このソフトウェア整備により、測定終了後 直ちに像回復までの処理を自動で行うことが できるようになった。高計算コストルーチン が並列化されているので、計算機上では、回 折パターン 1000 枚/15 分で位相回復までの処 理が可能である。2013 年 12 月には、入力パ ラメータなどを極力減じた Graphical User Interface によって運用され(図3)、処理結果 の統計や位相回復画像に容易にアクセスでき るので、実験中の試料作成へのフィードバッ クが可能となっている。

# (3)回折パターンからの位相回復における諸問 題の検討

XFELを用いた回折実験は破壊実験であり、 1個の粒子に対するトモグラフィーが不可能 なことから、できれば、1ショットでの回折 パターンから高い分解能で三次元構造を回復 したい。このため、Ewald 球面上の回折強度 と粒子の電子密度の関係についての考察が必 要である。第一に、Ewald 球面上の構造振幅 のみからの構造因子推定、第二に Ewald 球面 上構造因子の逆Fourier変換で得られる電子密 度と粒子の電子密度との関係である。

第一の問題については未だ明るい見通しが 立っていないが、第二の問題に関しては解析 的理論展開が可能であり,粒子の電子密度と Ewald 球面上の構造因子から計算される電子 密度は、Hermit 行列によって関係づけが可能 であった。それゆえ、Ewald 球面上の構造因 子を精度良く推定できれば、エルミート行列 による線形変換を経由して三次元電子密度を 再構成が可能なことが明らかとなり、その実 用化の第一歩としてシミュレーションを展開 し始めたところである。



図4 暗視野像回復法シミュレーションに用い た回折パターン(上左)、暗視野マスクを乗じた 回折パターン(上右)、暗視野像回復で得られた 電子密度投影図(下左)と暗視野回復像を初期 モデルにして回折パターン全体を用いた回復 電子密度投影図(下右)。

XFEL-CXDI 実験では、ビームストップ,検 出器素子の張り合わせギャップといった幾何 学的要因や検出器の飽和等によって,原点お よび低角度領域の回折パターンを記録できな いことが頻繁に起こる。試料外形に関する情 報を含む低角度領域の回折振幅が失われてい ると,従来の位相回復法では、サポート領域 を正確に決定することが難しく、信頼できる 像回復が困難になる。この問題を克服するた め,高角領域の構造振幅のみから、試料の外 形を推定する暗視野位相回復法が提案された。

我々はさらに、回折パターンが有する小角 領域のFriedel 対称性が、より効率的な暗視野 像回復を可能とすることを見出した。これま でに作成したソフトウェアにこのアイデアを 実装した。タンパク質分子構造に関する膨大 なシミュレーションによって、従来法からの 優位性を示すともに(図 4)、XFEL-CXDI 実 験データに対する暗視野像回復の有効性を明 らかにできた。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計11件)

- (1) 原著論文
- R. Xu, H. Jiang, C. Song, J. A. Rodriguez, Z. Huang, C.-C. Chen, D. Nam, J. Park, M. Gallagher-Jones, S. Kim, S. Kim, A. Suzuki, Y. Takayama, T. Oroguchi, Y. Takahashi, J. Fan, Y. Zou, T. Hatsui, Y. Inubushi, T. Kameshima, K. Yonekura, K Tono, T. Togashi, T. Sato, M. Yamamoto, M. <u>Nakasako, M</u>. Yabashi, T. Ishikawa and J. Miao, Single-shot 3D structure determination of nanocrystals with femtosecond X-ray free electron laser pulses. Nature Communications, 查読有, 印刷中, 2014.
- ② Y. Sekiguchi, T. Oroguchi, Y. Takayama and <u>M. Nakasako</u>, Data processing software suite SITENNO for coherent X-ray diffraction imaging using X-ray free electron laser SACLA, Journal of Synchrotron Radiation, 査読有, 21, 2014, 600-612.

doi:10.1107/S1600577514003439
③ Y. Takahashi, A. Suzuki, N. Zettsu, T. Oroguchi, Y. Takayama, Y. Sekiguchi, A. Kobayashi, M. Yamamoto and <u>M. Nakasako</u>, Statistical coherent diffraction imaging analysis of shape-controlled nanocrystals with focused hard x-ray free electron laser pulses, Nano Letter, 查読有, *13*, 2013, 6028–6032.

dx.doi.org/10.1021/nl403247x

④ <u>M. Nakasako</u> 他19名, KOTOBUKI-1 apparatus for cryogenic coherent X-ray diffraction imaging, Review of Scientific Instruments, 査読有, 84, 2013, 093705 (11 pages).

doi: 10.1063/1.482212

5 T. Oroguchi and <u>M. Nakasako</u>, Three-dimensional structure determination protocol for noncrystalline biomolecules using x-ray free-electron laser diffraction imaging, Physical Review E, 査読有, 87, 2013, 022712 (15 pages). DOI: 10.1103/PhysRevE.87.021227

- Y. Takayama and <u>M. Nakasako</u>, Humidity-controlled preparation of frozen-hydrated biological samples for cryogenic coherent X-ray diffraction microscopy, Review of Scientific Instruments, 査読有, 83, 2012, 054301 (6 pages). doi: 10.1063/1.4718359
- (2) 解説・総説
- <u>中迫雅由</u>他14名,X線自由電子レーザ ーを用いた非結晶粒子のコヒーレント X線回折イメージング実験,日本結晶学 会誌,査読有,56,2014,27-35. http://www.crsj.jp/digitalBook/CrSJ-56-01/ \_SWF\_Window.html
- <u>中迫雅由</u>,山本雅貴,先端的X線光源に よる細胞の空間階層イメージング,パリ ティ,28 (7),2013,16-19.
   http://pub.maruzen.co.jp/book\_magazine/m agazine/parity-back/parity2013/2013\_07/13 07\_cont.html
- ③ <u>中迫雅由</u>他7名,コヒーレントX線回折 イメージング構造解析理論の開発と展 望,放射光,査読有,26,2013,11-25. http://www.jssrr.jp/journal/26-1.html
- ④ <u>中迫雅由</u>他 13 名, X線自由電子レーザ ーを用いた非結晶粒子のコヒーレント X線回折イメージング実験,オプトロニ クス,368,2012,101-106. http://www.optronics.co.jp/magazine/opt.ph p?year=2012&month=8
- <u>中迫雅由</u>他13名,非結晶粒子のコヒーレントX線回折イメージング、レーザー研究,査読有,40,2012,680-686.

   thtp://www.lsj.or.jp/laser/40/40\_9.pdf

〔学会発表〕(計 37 件)

- (1) 国際会議·学会招待講演
- ① <u>M. Nakasako</u>他 21 名, Cryogenic CXDI experiments for non-crystalline particles using KOTOBUKI-1 apparatus at SACLA: the present status and future plan, 6-th Workshop on FEL Science, Tainan, Taiwan, 4 November, 2013.
- ② <u>M. Nakasako</u>他 21 名, Coherent X-ray diffraction imaging of non-crystalline particles with sub-micrometer dimensions, Modeling biomolecular systems in cellular environment, Kyoto, Japan, 31 October, 2013.
- ③ <u>Nakasako</u> 他 19 名, KOTOBUKI-1 apparatus for cryogenic coherent X-ray diffraction imaging at SPring-8 and SACLA, The 7-th Asia Oceania Forum for Synchrotron Radiation Research, Himeji, Japan, 22 September, 2013

- ④ <u>M. Nakasako</u>, Cryogenic X-ray diffraction for illustrating hierarchical structures in cells, International Symposium on Protein Folding and its Biological Significance, Okazaki, Japan, 5 March, 2013.
- ⑤ <u>M. Nakasako</u>他 14 名, Cryogenic CXDI of non-crystalline particles at SACLA, 4-th Japan-France Joint Seminar, Harima, Japan, 9 January, 2013.
- ⑥ <u>M. Nakasako</u>, 他 3 名, Possibility of CXDI of bio-molecular assemblies using X-ray free-electron laser, 5-th Workshop on FEL Science, Gyeongju, Korea, 29 October, 2012.
- ⑦ <u>M. Nakasako</u> 他 12 名, Cryogenic CXDI of non-crystalline particles at SACLA, COHERENCE 2012, Fukuoka, 18 June, 2012.
- (2) 国内会議·学会招待講演
- ① <u>中迫雅由</u>,低温X線構造解析の展開 蛋 白質水和構造解析からコヒーレントX線 回折イメージングまで, 超高速光エ レクトロニクス研究会・光波シンセシス 研究グループ研究会・理研シンポジウム, 和光,2013 年 12 月 11 日
- <u>中 迫 雅 由</u>, X 線 自 由 電子 レーザー SACLA で開く新しい構造研究の地平"第
   40 回日本臨床バイオメカニクス学会, 神戸, 2013 年 11 月 22 日
- ③ <u>中迫雅由</u>他13名, クライオ試料照射装置"壽壱号"を用いた SACLA での低温コ ヒーレントX線回折イメージング実験, 蛋白質科学会,鳥取,2013年6月12日
- ④ <u>中追雅由</u>, SACLA で拓く新しい構造研究, SPring-8 一般公開, 播磨, 2013 年 4 月 27 日
- ⑤ <u>中迫雅由</u>,山本雅貴,XFEL コヒーレン トX線回折イメージング実験の現状と 将来,レーザー学会学術講演会第 33 回 年次大会,姫路,2013年1月28日
- ⑦ <u>中迫雅由</u>, SACLA と京-ミクロなもの の姿と動きを調べる-, 芦屋市市民講座, 芦屋, 2012 年 11 月 17 日
- (8) 中迫雅由、コヒーレントX線回折イメージングによる非結晶粒子の構造解析,計算物質科学イニシアティブシンポジウム、 柏, 2012 年 10 月 23 日
- <u>中迫雅由</u>, SACLA と SPring-8 を利用した 非結晶粒子のコヒーレント X 線回折イ メージング,バイオ産業情報化コンソー シアム,東京, 2012年9月26日
- ⑩ <u>中迫雅由</u>, X線波の干渉で分子の姿・か

たちを調べる,理研/JASRI サイエンス サマーキャンプ,播磨,2012年8月1日

- <u>中迫雅由</u>, XFEL のバイオ・イメージング 研究への応用(基調講演),兵庫県立大 学先端技術セミナー2012、姫路、2012 年4月27日
- <u>中 迫 雅 由</u>, X 線 自 由 電 子 レーザー (SACLA)を用いたバイオサイエンスの 展開,味の素株式会社イノベーション研 究所セミナー,川崎,2012 年 4 月 10 日
- (3) 国際会議・学会口頭・ポスター発表
- ① T. Yoshidome 他 3 名, Classification protocol of projection images by manifold: Toward analysis of dynamics of particles with coherent x-ray diffraction imaging, Biophysics Society Annual Meeting, San Francisco, USA, February, 2014
- ② A. Kobayashi 他3名, Image reconstruction from diffraction patterns in coherent X-ray diffraction imaging using the dark-field phase-retrieval method, The 7-th Asia Oceania Forum for Synchrotron Radiation Research, Himeji, Japan, 22 September, 2013
- ③ Y. Sekiguchi 他3名, SHITENNO software suite for processing diffraction patterns coherent X-ray diffraction data collected using X-ray free electron laser SACLA, The 7-th Asia Oceania Forum for Synchrotron Radiation Research, Himeji, Japan, 22 September, 2013
- ④ Y. Takayama,他12名, Humidity-controlled preparation of frozen-hydrated, non-crystalline particles for cryogenic coherent X-ray diffraction imaging, COHERENCE 2012, Fukuoka, 18 June, 2012.
- (4) 国内会議・学会口頭・ポスター発表
- 関ロ優希他3名, SACLA-CXDI実験デ ータ処理ソフトウェア「四天王」の現状 と将来"(JSR14学生発表賞受賞)第27 回日本放射光学会年会・放射光科学合同 シンポジウム,広島, 2014年1月13日
- 2 橋本早紀他4名, CXDI位相回復の成 否評価方法,第27回日本放射光学会年 会・放射光科学合同シンポジウム,広島, 2014年1月13日
- ③ 小林周 他4名,中心対称性を考慮したコヒーレントX線回折パターンの暗視野位相回復,第27回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム,広島,2014年1月13日
- ④ 高山裕貴,他4名,生体粒子のコヒーレントX線回折イメージングにおける金コロイド粒子を利用した回折シグナル増幅及び位相決定法の開発,第27回日

本放射光学会年会・放射光科学合同シン ポジウム,広島,2014年1月13日

- ⑤ 高橋幸生 他8名, XFEL コヒーレント回 折イメージングによる金属ナノ粒子の 組織と粒度分布の複合解析,第27回日 本放射光学会年会・放射光科学合同シン ポジウム,広島,2014年1月13日
- ⑦ 高山裕貴 他 14 名, Humidity-controlled preparation of frozen-hydtrated biological samples for cryogenic coherent X-ray diffraction imaging using XFEL, 第 51 回日本生物物理学会年会,京都,2013 年 10 月 28 日
- ⑨ 小林周他3名,暗視野位相回復法による コヒーレントX線回折パターンからの 像再生(JSR13学生発表賞受賞),第26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,2013年1月12日
- 10 関ロ優希他3名,クライオ試料固定照射装置を用いて得られるXFEL-CXDIデータ処理ソフトウェアの開発(JSR13学生発表賞),第26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,2013年1月12日
- M. Nakasako 他 11 名, Cryogenic Coherent X-ray Diffraction Imaging of non-Crystalline Particles using SACLA, 生 物物理学会第 50回年会, 名古屋, 2012年 9月 23日
- T. Oroguchi and <u>M. Nakasako</u>, A protocol for structure analysis of non-crystalline particles with X-ray free electron laser, 生 物物理学会 第50回年会,名古屋,2012 年9月23日

[その他]

ホームページ等

http://www.phys.keio.ac.jp/guidance/labs/nakasa ko/nakasako-lab.html

6.研究組織
 (1)研究代表者
 中迫雅由(NAKASAKO Masayoshi)
 慶應義塾大学・理工学部・教授
 研究者番号: 30227764