

## X線とクライオ電顕のサンプル調製法の違い

西澤 知宏  
東京大学理学系研究科

直接検出器の登場など、近年の電子顕微鏡におけるブレイクスルーの波に乗って、構造生物学の分野ではX線結晶構造解析に従事していた研究者がこぞって低温電子顕微鏡単粒子解析法へと乗り換えるといった潮流が見られる。しかしながら、国内における電子顕微鏡の設置台数はいまだ不十分な状態であり、興味はあるけどどのようなアプローチをしてよいかわからない、そもそも電子顕微鏡に触れたことがないといったような研究者も多いのではないかと思う。そのため、単粒子解析に適した対象分子とはどのようなものなのか、どのようなスクリーニングの基準で電子顕微鏡による撮影を行うべきなのか（そもそもどういふ場合であったらデータ収集を行う価値すらないのか）、そういう根本的な部分の情報ですらあまり共有されていないのが現状である。そこで、本講演では、当研究室において単粒子解析を目指す際に、試料の良し悪しをどのようにして判断しているのか、また、グリッド凍結や顕微鏡撮影時、その後の解析においてどのような点に注意して進めているか、従来のX線結晶構造解析と比較してどのような違いがあるのかという点に関して紹介し、情報共有できればと思っています。解析プログラムに関しても現状では **relion** が主軸にはなっているが、他にもいくつか **user-friendly** なものが登場してきている。これらの使用には研究室ごとに少しずつ異なる流儀を持つところもあり、唯一解があるというよりは対象分子の性質によって違う手法を試してみることのほうが重要であったりすることが多い。**Interactive** な議論をして、今後の国内での電顕コミュニティにおける情報共有を促進するようなものになればと期待しています。