

生技類國家級核心設施  
同步輻射蛋白質結晶學核心設施

計畫編號：NSC 100 — 2319 — B — 213 — 001

執行期間：100 年 05 月 01 日至 101 年 08 月 31 日

計畫主持人：陳建德

設施經理：簡玉成

計畫參與人員：

趙俊雄、陳彥儒、姜政宏、曾建璋、周重光、楊淑雯、李姿玲、  
陳懿慧、林岳宏、黃怡珍、黃婉婷、柯金伶、蔡瑞齡、李宜靜、  
邱采綺、黃楨盈

## 中文摘要：

本核心設施為一服務導向的國家級研究設施，設置目標為提供世界級的高效能同步輻射蛋白質結晶學設施，供台灣生醫相關學研界使用，以提升其研究成果的質與量，加強其國際影響力與競爭力。本設施包括一座多波長異常色散 (Multi-wavelength Anomalous Dispersion, MAD) 光束線 BL13B1，主要供解析新的蛋白質結構用，以及一座單色光 (Monochromatic, Mono) 光束線 BL13C1，主要供快速晶體篩選用。不論是基礎研究的學術界或是商業應用的產業界人士皆歡迎使用，使用者可填寫使用申請計畫書，經由同儕審查機制取得使用本設施的時段。過去一年的成果分項簡述如下：

### (一)用戶服務：

累計用戶群成長到 91 群，包含 61 個台灣用戶群，15 個新加坡用戶群，7 個日本用戶群，5 個泰國用戶群，1 個韓國用戶群，1 個香港用戶群及 1 個大陸用戶群。100 年度計畫執行期間(100/05/01~101/8/31)用戶群共進行了 388 次實驗，現場訓練 1,707 人次，使用時間共 12,946 小時，服務使用率佔核心可用時間的 88% 以上。

### (二)用戶成果：

100 年到 101/08/31 止，用戶共產出 77 篇 SCI 論文(平均<IF> = 5.6)，其中 22 篇為高影響力( $IF \geq 4.8$ , Top 15%)論文，包括一篇 Science 期刊論文，一篇 Nature 期刊論文，一篇 Angew. Chem. Int. Edit.期刊論文，二篇 Nat. Chem. Biol.期刊論文，二篇 Plant Physiol.期刊論文，二篇 Biochem. J.期刊論文，三篇 P. Natl. Acad. Sci. USA 期刊論文，四篇 Acta Crystallogr. D 期刊論文，六篇 Nucleic Acids Res.期刊論文；另外產出 82 篇會議摘要/論文，36 篇學位畢業論文，發表成果共計 195 篇。解析出的新蛋白質結構共有 122 個。

### (三)用戶訓練與支援：

沒有訓練有素的人員從旁支援，最好的軟硬體將無法發揮至極致，這是無庸置疑的。組織並訓練一個強而有力的使用者支援團隊，是使本設施發揮最高效能的重要手段之一。這些支援人員提供一週六天 (週一停機維修)一天 12 小時 (週末 8 小時)的光束線現場支援，協助使用者快速地收集數據。若使用者為新用戶，支援人員會在使用前另外提供 4 小時的講解與示範指導。若使用者無法自己進行實驗，在取得雙方同意下，支援人員可提供代收數據的服務。100 年度計畫執行期間(100/05/01~101/8/31)，現場受訓人次達 1707 人次，進行了 388 次實驗。

### (四)設施推廣：

為協助各用戶群新進人員在短期內能迅速獲得使用蛋白質結晶學的基本知識及技巧，以促進其研究進度及品質，本設施定期為現有用戶群舉辦蛋白質結晶學訓練課程。100 年度計畫執行期間，於 100/9/6-9 及 101/08/13-19 舉辦了兩場分別為 4 天及 5 天的蛋白質結晶學訓練課程，內容包含課程及實機操作，共超過 100 人報名，錄取學員 32 名，含 4 位博士後研究員，17 位博士生、9 位碩士生及 2 位研究助理。

本核心設施於 94 年完成建置開放以來，設施之性能已達原規劃的世界級水準，各項相關活動如用戶使用需求、研究成果、技術研發、教育訓練及設施推廣皆蓬勃發展，漸有成效。預期用戶群數目、論文發表數目仍會繼續成長，設施運轉人員將更致力於自動化程度的加強，使用效率的提昇，以滿足學術界及產業界的需求。

## Abstract in English:

Synchrotron Radiation Protein Crystallography (SPXF) is a 100 % service-orientated core facility. The goal of this core is to provide a world-class protein crystallography facility for domestic research in structural biology and structural genomics. The SPXF facility contains a Multi-wavelengths Anomalous Dispersion (MAD) beam line for unknown structure determinations, and a monochromatic (Mono) beam line for fast crystal screening and high-resolution structure study. The performance of the reporting period is listed below:

- Service Statistics:

Over the last year the number of user groups accommodated at the SPXF has grown to 91 groups including 61 domestic groups, 15 groups from Singapore, 7 groups from Japan, 5 groups from Thailand, 1 group from Korea, 1 group from Hong Kong, 1 group from China, and 388 experiments have been performed, 1707 users have been trained, and 12946 hours of beamtime has been delivered to users. 88 % effect of core is for service.

- Statistics of User Publications:

The publication summary for 2011-2012/8/31 shows 77 SCI papers ( $\langle IF \rangle = 5.6$ ) published including 22 high-profile ( $IF > 4.8$ , Top 15%) papers, 82 conference abstracts/proceedings published, and 36 theses published for 195 total publications. Total 116 protein structures have been deposit to the Protein Data Bank (PDB) from SPXF beamlines.

- User Training and Support:

The best hardware and software are inefficient if well-trained support staffs are not available to assist the user. To assemble a user support team is one of the most important issues to keep this facility running in the most efficient way. The support staffs provide 12 hours a day, 6 days a week on-site user supports to help user collecting high-throughput data. In addition, there will be a 4 hours on-site training tutorials for each visiting research group. 1707 users have been trained and supported, and 388 experiments have been conducted over the reporting period.

- Facility Dissemination:

To disseminate experimental techniques of macromolecular crystallography to researchers or graduate student who has no previous experience but with an interest in using this specific method to further the scope of their research, two Protein Crystallography Training Course was held on 2011/9/6-9 and 2012/08/13-17. This Training Course provides lecture programs and hands-on training. More than 100 scientists and students have submitted their applications, 32 people have been selected to participate the lecture and hands-on practice.

In summary, SPXF is a good facility for high throughput protein crystallography. Good quality MAD diffraction data can be easily collected to facilitate the determination rate of protein structures. Many excellent science results are obtained by using this facility. Future developments in software and hardware will no doubt improve the capability of this facility. It is expected that the number of user groups, trained users, publications, and service demands will continuously grow in future.