

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 101 — 2319 — B — 213 — 001

執行期間：101 年 05 月 01 日至 102 年 08 月 31 日

計畫主持人： 羅國輝

設施經理：簡玉成

計畫參與人員：

簡玉成、趙俊雄、陳彥儒、姜政宏、曾建璋、周重光、陳懿慧、
劉怡君、黃婉婷(Tina)、李姿玲、黃怡珍、柯金伶、蔡瑞齡、
李宜靜、黃婉婷(Rita)、李紹瑜、黃彥能、邱采綺、黃楨盈、
陳慧珊

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。本設施包括兩座多波長異常色散 (Multi-wavelength Anomalous Dispersion, MAD) 光束線 BL13B1 及 BL15A1，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：

至 102/08/31 止，累計用戶群成長到 92 群，包含 62 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。101 年度計畫執行期間(101/05/01~102/08/31)用戶群共進行了 402 次實驗，現場訓練 1,755 人次，使用時間共 14,496 小時，服務使用率佔核心可用時間的 85.9% 以上。

(二)用戶成果：

101 年到 102/08/31 止，用戶共產出 88 篇 SCI 論文(平均<IF> = 6.034)，其中 31 篇為高影響力(IF ≥ 4.8, Top 15%)論文，包括一篇 Nature 期刊論文，一篇 Nat Immunol.，十篇 Acta Crystallogr. D 期刊論文，一篇 Angew. Chem. Int. Edit.期刊論文，一篇 EMBO J. 期刊論文，四篇 P. Natl. Acad. Sci. USA 期刊論文，八篇 Nucleic Acids Res.期刊論文，一篇 PLoS Pathog 期刊論文，一篇 Plant J.期刊論文，二篇 J. Med. Chem.期刊論文，一篇 J. Virol.期刊論文；另外產出 77 篇會議摘要/論文，47 篇學位畢業論文，發表成果共計 212 篇。解析出的新蛋白質結構共有 127 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。這些支援人員提供每一光束線一週六天 (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。101 年度計畫執行期間 (101/05/01~102/08/31)，現場受訓人次達 1,755 人次，進行了 402 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。101 年度計畫執行期間，於 101 年 08/13-17 及 09/03-07 舉辦了兩場分別為 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 1 位博士後研究員，18 位博士生、11 位碩士生及 2 位研究助理；於 102 年 08/12-16 及 08/26-30 舉辦了兩場分別為 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 位教授，5 位博士後研究員，8 位博士生、12 位碩士生及 3 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 two Multi-wavelengths Anomalous Dispersion (MAD) beam lines 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 92 groups including 62 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 402 experiments have been performed, 1755 users have been trained, and 14496hours of beamtime has been delivered to users. 85.9% effect of core is for service.

- Statistics of User Publications:

The publication summary for 2012-2013/08/31 shows 88 SCI papers ($\langle IF \rangle = 6.034$) published including 31 high-profile ($IF > 4.8$, Top 15%) papers, 77 conference abstracts/proceedings published, and 47 theses published for 195 total publications. Total 117 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 each beam line 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. 1755 users have been trained and supported, and 402 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, four Protein Crystallography Training Course was held on 2012/08/13-17, 2012/09/03-07, 2013/08/12-16 and 2013/08/26-30. These Training Courses provides lecture programs and hands-on training. More than 200 scientists and students have submitted their applications, 64 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.