

BL15 大強度型中性子小中角散乱装置（大観）

1. 概要

この装置は、大強度陽子加速器施設（J-PARC）の物質・生命科学実験施設（MLF）の大強度パルス中性子源の BL15 ポートに設置され、その中性子源から生み出された幅広い波長帯域の中性子ビームを試料に照射し、散乱した中性子波の干渉現象を観測することにより、物質内部のサブナノからミクロなスケールの階層構造や高次構造解析を効率的かつ高精度に実現します。

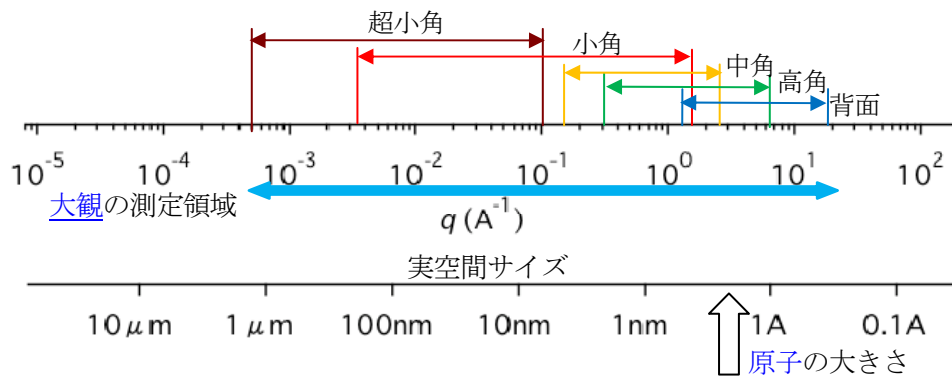


図2. 「大観」の測定波数領域と実空間サイズとの関係

2. 仕様

「大観」は、試料により散乱された中性子を観測するために、小角に加え、中角、高角、背面、超小角バンクを設け、多数のHeガス封入型一次元位置敏感型中性子検出器が、各バンクに二次元検出器面を構成するように配置されています。

照射する中性子の波長は 0.5～8 Å、照射ビームサイズは 10×10mm（標準）で、様々な物質のサブナノメートルの結晶構造情報からミクロンスケールの微細組織情報といったマルチスケールの情報を一回の測定で行うことができます。

試料ステージは、平行移動、回転が可能で、試料環境制御装置としては、作成条件の異なる数多くの試料を効率よく測定するための自動試料交換機（最大試料数 10 個、温度範囲：-25～125℃）、をはじめとして、試料の温度を制御するクライオスタット（ $T_{\min} < 1\text{K}$ ）や高温炉（ $T_{\max} > 1,200\text{K}$ 、真空炉、熱膨張計付）、磁性材料の磁気構造の制御や強磁性を示す鉄鋼材料の磁気散乱成分などに必要な電磁石、生体高分子溶液の水素／重水素コントラストを制御する装置、そして、これらの装置の組合せなどが用意されます。

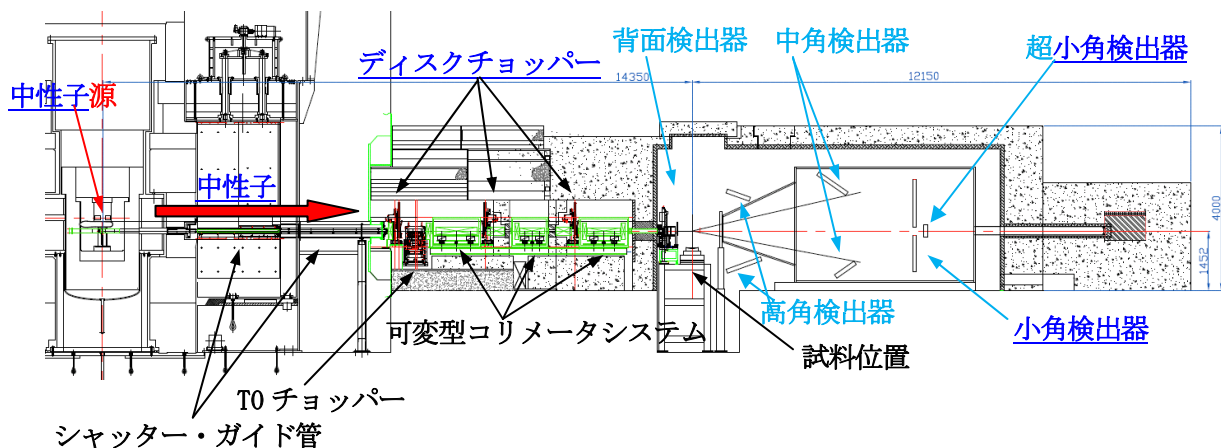


図3. 「大観」の装置構成

3. 解説

「大観」の建設は、特定先端大型研究施設整備費補助金を用いて、2009年度から2011年度までの3カ年の日程で、次の6項目に配慮して進められてきました。

- (1) J-PARCの優れたパルス中性子源性能を活かす。
- (2) 中性子の全飛行長を約20mに抑えて、広い波長帯域の中性子を同時に利用する。
- (3) 試料の形状は、入射ビーム方向に薄い平板を標準とする。標準試料サイズを約 $\phi 10\text{mm} \times 1\text{mm}$ とし、これに対して装置性能を最適化する。
- (4) q 分解能およびその連続性に配慮しながら、広い立体角をカバーするように検出器を設置する。
- (5) 最先端の中性子偏極技術を導入し、第(2)項と関連して、広い波長帯域(約2~8 Å)の偏極中性子を同時に利用する。
- (6) 最先端の中性子集光技術および中性子検出技術を導入し、発生したパルス中性子を高効率に利用するとともに、第(2)項の全飛行長の制約による小角散乱領域での q 分解能の低下を克服する。

高い中性子束と適度なパルス幅を有する広い波長帯域のパルス中性子の利用が「大観」の高い性能を実現するための大前提となっており、従来の小角散乱装置の測定機能が強化されています。また、広い q 領域を扱うため、それに対応した解析ソフトウェアの開発も進められております。

東日本大震災の影響がありましたが、2011年度内には稼働する予定になっています。

4. 想定できる産業応用例

「大観」では、高い空間・時間分解能での小角・広角散乱測定を最先端の偏極・集光中性子光学素子の利用により実現し、幅広い空間スケールの構造を解明することができます。

すなわち、広い波長帯域のパルス中性子の特徴を活かすことで、小角領域から高角領域に及ぶ約4桁もの広い q 領域を高効率かつ高精度で測定することが可能となります。このような広域空間の測定が可能になれば、従来の小角領域の構造解析だけではなく、金属材料、ナノ磁性材料やソフトマター系物質(高分子、ガラス、液晶、水・アルコールなどの液体)などの広い空間(距離)スケールにおける階層構造の解析が高効率・高精度に行えるようになります。

この広域空間の測定のシミュレーションとして、比較的分子量の小さい蛋白質分子の原子座標データからDebyeの式を用いて、広い q 領域における構造因子 $S(q)$ の挙動を評価した例があります(三種類の蛋白質: リゾチーム、ミオグロビン、 β -ラクトグロブリン)。

図4に示すように、これらの $S(q)$ には、慣性半径を特徴づける構造や原子配列を反映した解析ピークを見ることができ、 $q=0.2\sim 2\text{\AA}^{-1}$ の範囲で顕著なプロファイルの変化が見られます。

このように、広い波長帯域の測定データを統一的に解析することができれば、分子形態の情報だけでなく、これまで難しかった蛋白質の2次構造の変化、 β シート構造からhelix構造への転移現象などの解析が可能になると期待されています。

「大観」には、このように広い観測領域での高精度な測定という機能が備えられています。

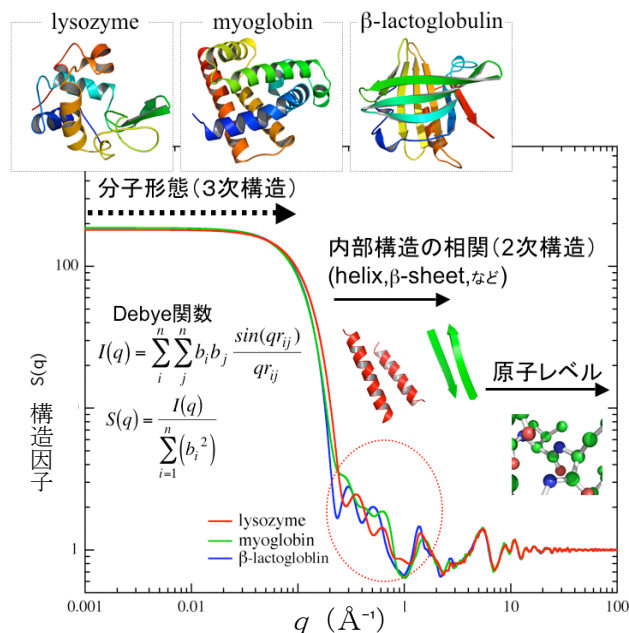


図4. Debye の式を用いて原子座標データから計算した3種類の蛋白質分子の構造因子 $S(q)$

◆ 資料提供 JAEA/KEK/CROSS J-PARC センター

担当者氏名 茨城県技術士会 岸 敦夫