研究成果報告書 科学研究費助成事業



研究成果の概要(和文):本研究では、イオンビーム生物影響の理解を深めるために、DNA損傷の局在性、特に 二本鎖切断(DSB)未端構造に着目して研究を行った。既存の線量分布計算コードを発展させ精密な電離や励起の 位置情報を得て、DNAに生じる損傷の数と位置とを推定した。また、蛍光共鳴エネルギー移動を利用した損傷局 在性評価法や原子間力顕微鏡を用いた損傷DNAの一分子観察によって、イオンビーム誘発DNA損傷の局在性を実験 的に明らかにした。これらの研究によりイオンビーム生物影響メカニズム解明のための基盤となる成果を得るこ とができた。

研究成果の学術的意義や社会的意義 エネルギー付与からDNA損傷の修復までの過程を統一的に取り扱い、イオンビーム生物影響メカニズム解明のた めの第一歩となる成果を得た。革新的なシミュレーション、及び、新たな実験法の開発によって得られた本研究 成果は、これまでブラックボックスであったイオンビームによるエネルギー付与と生物影響の関係を解明する基 盤となるものであり、関連分野でのインパクトが極めて大きい。今後本研究で得られた成果を基盤に研究を進展 させることにより、イオンビーム生物影響の理解が大いに進むと考えられる。

研究成果の概要(英文): In order to deepen the understanding of the biological effects of ion particles, we focused on the localization of DNA damage, especially at DSB ends. The dose distribution calculation code was further improved to obtain information on precise positions of ionizations and excitations, and the location of damage induced in DNA was simulated. In addition, the localization of ion beam-induced DNA damage was clarified experimentally by the novel methods based on fluorescence resonance energy transfer and single-molecule observation with an atomic force microscope. From these studies, we gained valuable insights on the mechanism of biological effects of ion particles.

研究分野: 放射線遺伝学

キーワード: DNA損傷 局在性 イオンビーム シミュレーション FRET 原子間力顕微鏡

1版

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等に ついては、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

1.研究開始当初の背景

局所的に複数個の損傷が生じる「クラスターDNA 損傷」は、放射線生物影響の主要な原因の一つと考えられており、我々を含む研究グループらにより、クラスターDNA 損傷の微細構造が生物学的に重要であることが明らかになりつつあった。しかしながら、どのようなクラスターDNA 損傷がイオンビーム生物影響に関与しているかについては、不明な点が多く残されていた。その原因の一つに、エネルギー付与に依存して決まるはずのクラスターDNA 損傷を構成する個々の損傷の空間的な位置や化学構造に関する情報が乏しかったことがあげられる。

低い線エネルギー付与(LET)の放射線の場合、エネルギー付与により主に電離や電子励起、ま たその後に生じるラジカル等によって DNA 損傷が生成されるという考え方が定着し、実験的に もこれを支持する数多くの結果が蓄積されてきた。この考え方を外挿し、時に飛跡付近(コア) に 1-10 MGy を超えるような極めて高い線量を与える高 LET 放射線であるイオンビームにおい ては、DNA 損傷のクラスター化の頻度やクラスター内に含まれる DNA 損傷数が増加すると仮 定されてきた。すなわち、高 LET 放射線での大きな生物学的効果比(RBE)は、塩基損傷や脱塩 基部位をもつ「複雑な」二本鎖切断(DSB)が再結合されにくいために生じる、と一般的に予想さ れていた。しかしながら、DNA 損傷(特にその局在性)に関してエネルギー付与との直接的な 関係は十分調べられてはいなかった。この原因は(1)実験的に DNA 損傷の局在性を定量的に測 定する手法がなかったこと、(2)DNA 損傷生成機構(特に二次電子の働き)の理解が不十分で あったこと、及びそれらに起因して、(3)シミュレーションと実験値の比較が十分にできなかっ たこと、にある。特に放射線生物影響に深く関与する DSB 末端に関しては、(1)放射線照射ゲノ ム DNA に対する実験手法が存在せず、(2)塩基損傷や脱塩基部位が付随する DSB 末端は再結合 されにくいと断定できる直接的な証拠はなく、加えて、(3)イオンビーム誘発 DSB では多様な末 端構造をもつ DSB を一つの分子集団としてまとめて取り扱う、という研究レベルにあった。以 上のような研究背景であったため、イオンビーム生物影響メカニズムはブラックボックス化し たままであり、分子レベルでの理解が進んでいるとは言い難い状況にあった。

2.研究の目的

本研究では、イオンビーム生物影響の理解を深めるために、DNA 損傷の局在性、特に DSB 末 端の分子構造解明が必要と考えて研究を進めた。放射線照射によって生成される二次電子の挙 動、及び、局所的に付与される高精度なエネルギー分布を、異なるエネルギー・イオン種におい て系統的に明らかにするとともに、局所線量に依存した DNA 損傷生成を考慮し、DSB 末端構 造をシミュレートすることを目的とした。一方で、DNA 損傷の局在性を評価する実験的手段が ないため、その開発を試みた。新たに開発した手法を駆使し、局所線量の増加に伴う直接作用・ 高密度ラジカルの寄与の増大に依存して生じると予測される DNA 損傷に焦点を絞り実験を行 い、その収率および局在性を明らかにすることを目指した。また、イオンビーム誘発 DSB 末端 における塩基損傷、脱塩基部位等の DNA 損傷を DNA 一分子レベルで調べ、DSB 末端構造の 線質依存性を局所線量分布と対応させて系統的に明らかにすることを狙った。これら一連の研 究により、致死や突然変異に深く関与する DNA 損傷の局在性や DSB 末端の分子構造に関する 情報を得て、イオンビーム生物影響に関与する DNA 損傷の実体に迫りたいと考えた。

3.研究の方法

イオンビーム生物影響の原因となる DNA 損傷の実体を解明するため、本研究はシミュレーションと実験の 2 つのアプローチで進めた。

シミュレーションにおいては、これまでブラックボックスであった、イオンビームの軌道付近 の DNA 損傷生成機構の解明を目指し、コード開発やモンテカルロ計算を行った。具体的には、 まず個々の分子の電離や励起、さらに電子の個々の運動を扱えるモンテカルロコードを開発し た。次に、得られた計算コードを、µm スケール以上のマクロスケールで調べることができる放 射線挙動計算コード「PHITS」に組み込み、線量分布計算コードを発展させた。さらに、発展さ せた PHITS コードによって電離や励起の位置情報を得て、DNA に生じる損傷の位置と数を見 積もるシミュレーションを進めた。

実験においては、放射線のエネルギー付与に依存した DNA 損傷構造の解明のため、DNA 損 傷の収率及び局在性を評価する方法を開発し、研究を行った。損傷の局在性の評価には、脱塩基 部位に特異的に結合する蛍光プローブを用いて、標識された脱塩基部位間で生じる蛍光共鳴エ ネルギー移動(FRET)から調べる手法を適用した。実際には、実験の高感度化及び高効率化のた め、蛍光異方性を指標として蛍光標識した放射線照射 DNA の FRET 効率を算出し、DNA 損傷 の局在性を調べた。さらに、DSB 末端構造の解明のため、DNA 損傷を可視化し、DSB 末端を 含む DNA 損傷分布を DNA 一分子で調べる実験系の開発を行った。細胞内 DNA に生じた DNA 損傷を調べるためには、細胞から損傷を含む DNA を抽出し、その後濃縮する必要があった。そ こで本研究では、新たに損傷 DNA 濃縮法を確立し、濃縮された損傷 DNA 分子を原子間力顕微 鏡で観察することにより、放射線誘発ゲノム DNA 損傷の収率と DNA 損傷の修復を調べた。

4.研究成果

(1)PHITS の飛跡構造解析モードの開発

低エネルギー二次電子の 微細な挙動解析を実現する 計算コードを独自に開発し た。計算結果の一例を図 1(a)に示す。本コードを利用 すると、水和電子の正確な 位置や還元的 DNA 損傷の 誘発位置が推定可能に輸 送計算コード PHITS に 装し、PHITSの電子飛跡構 造解析モードを開発した。 さらに、既存の飛跡構造解 析コード KURBUC を PHITS に実装することで、



陽子・炭素線の飛跡構造解析モードを開発した。計算結果の一例を図1(b)に示す。これにより、 炭素イオントラックコア近傍の現実的な高線量分布を計算可能にした。PHITSの飛跡構造解析 モードを利用すると、水への放射線照射の結果生じる電離・励起位置をナノスケールでシミュレ ーション予測可能となる。これらの科学的知見・解析技術は、放射線 DNA 損傷研究の基礎基盤 となる。本計算機能はすでに一般公開されている。現在、世界各国で多くのユーザーが利用し始 め、今後の波及効果が十分に見込める重要な成果となった。さらに、独自に開発したイオン飛跡 構造解析コードのシミュレーション結果から、動径線量分布の解析式を導出し、PHITS に実装 した。

(2)PHITS コードを活用した DNA 損傷推定 シミュレーション

低エネルギー電子線の挙動を考慮した詳 細な飛跡構造の計算結果を活用して、DNA スケールにおける電離・励起の空間パターン を解析し、DNA 損傷の発生位置と数を推定 した。この DNA 損傷シミュレーションでは、 X 線により発生する二次電子線に焦点を当 て、孤立損傷(一本鎖切断(single-strand) break, SSB)・塩基損傷 (base damage, DB) や複雑な損傷(二本鎖切断(double-strand break, DSB)・クラスター塩基損傷 (clustered BD, cBD)) さらには塩基損傷 を含む DSB の発生数を定量化した。その結 果、低 LET 放射線である X 線の場合、全 DNA 損傷(主鎖切断・塩基損傷)に対する複 雑な DNA 損傷(DSB・cBD)の含有率は 6.9% であることが示され、同条件下における実測 結果の再現に成功した ((図2(A), 文献1)。 また、推定結果から、発生する全 DSB の 43.5%は、塩基損傷を伴うクラスターDSBで あることも示され、原子間力顕微鏡により測 定された DSB 末端構造の実測値の傾向と良 好な一致を得た(図2(B),文献1)。このこ とは、放射線により発生する DNA 損傷の複 雑さは、二次電子線飛跡上で発生する電離励

(A) 孤立損傷と複雑な損傷の割合



※ _____:複雑なDNA損傷(二本鎖切断・クラスター塩基損傷)







起の空間密度により決定されることを示している。以上より、放射線の物理特性から複雑なDNA 損傷の収率を推定可能なコードの開発に成功し、実験的に測定されるクラスター損傷の生成メ カニズムの解明に一歩近づいた。

(3)FRET 解析による DNA 損傷の局在性評価



を用いた。さらに、DNA 中の脱塩基部位(AP) と選択的に共有結合する AlexaFluor®488 C5-Oamine を用いて AP への蛍光分子標識を行った。蛍光標識 DNA 試料の蛍光異方性測定を行い、 1 kbp あたりの平均生成 AP 数と蛍光異方性の関係を調べたところ(文献 2,3) 線では損傷 がランダムに配置した時の理論値より蛍光異方性が低く、FRET 効率が増加していることが明 らかとなった(図3)。このことは、 線で FRET が生じやすくなることを示しており、局在化 した AP を誘発することを示している。さらに、イオンビームでは 線より蛍光異方性の値が低 く、LET の値に依存して蛍光異方性が下がることがわかった。これらの結果は、放射線の LET の増大に伴って FRET 効率が高くなることを示しており、誘発される DNA 損傷が局在化しや すくなることが明らかとなった。単一のトラックで生じる損傷間の平均距離は、2 MeV/u へリ ウムイオン、0.52 MeV/u へリウムイオン、0.37 MeV/u 炭素イオンの各々に関して、21.1 bp、 19.4 bp、18.7 bp と算出され、イオンビーム誘発損傷の局在化を反映している結果となった。こ れらの結果より、高い LET によって DNA 損傷が局在化して誘発されることを実験的に示すこ とができた。

(4)原子間力顕微鏡を用いた DSB 末端解析

イオンビームの生物影響 の原因を考える上では、細 胞内に生じる DNA 損傷の 局在性の詳細を知る必要 がある。一方で、DNA 損 傷の修復まで解析するこ とを考慮すると、可能な限 り低線量での検出が望ま しい。そこで、損傷を持つ DNA 断片を濃縮する手法 を確立した。細胞にX線も しくは 500 MeV/u Fe イオ ンを照射してから抽出し たDNAに塩基除去修復酵 素である Ogg1 及び Nth を作用させ、酸化型プリン 損傷及び酸化型ピリミジ ン損傷を AP に変換した。 AP をビオチン化した



aldehyde reactive probe(ARP)で標識し、ストレプトアビジン結合磁化ビーズに吸着させ、損傷 を含む DNA を精製した。この操作によって、DNA 損傷を含む断片を約 100 倍濃縮することが 可能となった。この方法によって濃縮された損傷 DNA を原子間力顕微鏡で観察した結果、DNA 損傷として、孤立損傷、2 つの損傷が近接して存在するクラスターDNA 損傷、3 つ以上の損傷 を有するクラスターDNA 損傷、一つ以上の損傷を有する DSB 末端、の 4 つのタイプが検出さ れた。クラスターDNA 損傷はX線より鉄イオンの方が誘発されやすいことがわかった。さらに、 照射後残存する損傷率から各損傷の修復効率を調べた。意外なことに、照射後 18 時間で X 線及 び鉄イオン誘発クラスターDNA 損傷はその大半が消失し、クラスターDNA 損傷を構成する損 傷数に依存して修復が困難になることはなかった。一方、DSB 末端に DNA 損傷を有するタイ プの損傷では、X 線に比べ鉄イオンでは修復されにくく、長期間細胞内に残ることが明らかとな った。我々は DSB 末端での DNA 損傷数が修復の困難さに関連していると推察している。これ までにこのタイプの損傷は解析する方法が無く、その修復に関して実験的な裏付けがなかった が、本研究により初めて明らかにすることができた。本研究結果は、イオンビーム生物影響メカ ニズム解明に寄与する大きな一歩であると考えられる。

以上本研究では、シミュレーションと実験を組み合わせ、エネルギー付与から DNA 損傷の局 在性、特に DSB 末端構造に着目して研究を行った。エネルギー付与から DNA 損傷の修復まで の過程を統一的に取り扱い、イオンビーム生物影響メカニズム解明のための基盤となる成果を 得ることができた。革新的なシミュレーション、及び、新たな実験法の開発によって得られた本 研究成果は、関連分野でのインパクトが極めて大きい。今後本研究で得られた成果を基盤に研究 を進展させることにより、イオンビーム生物影響の理解が大いに進むと考えられる。

引用文献

- 1. A simplified cluster analysis of electron track structure for estimating complex DNA damage yields. Matsuya, Y., Nakano, T., Kai, T., Shikazono, N., Akamatsu, K., Yoshii, Y., Sato T. *Int J Mol Sci.*, 21, 1701 (2020).
- 2. New method for estimating clustering of DNA lesions induced by physical/chemical mutagens using fluorescence anisotropy. Akamatsu, K., Shikazono, N., Saito, T. *Anal Biochem.* 536, 78-89 (2017).
- 3. Fluorescence anisotropy study of radiation-induced DNA damage clustering based on FRET. Akamatsu K, Shikazono N, Saito T., *Anal. Bioanal. Chem.* 413,1185-1192 (2021).

5.主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計22件(うち査読付論文 19件 / うち国際共著 3件 / うちオープンアクセス 4件)

1.著者名	4.巻
Matsuya Yusuke, Nakano Toshiaki, Kai Takeshi, Shikazono Naoya, Akamatsu Ken, Yoshii Yuji, Sato	21
Tatsuhiko	
2.論文標題	5 . 発行年
A Simplified Cluster Analysis of Electron Track Structure for Estimating Complex DNA Damage	2020年
Yields	
3.雑誌名	6.最初と最後の頁
International Journal of Molecular Sciences	1701 ~ 1701
「掲載論文のDOI(デジタルオブジェクト識別子)	査読の有無
10.3390/ijms21051701	有
「オープンアクセス	国際共著
オープンアクセスとしている(また、その予定である)	-

1.著者名	4. 巻
Moribayashi Kengo	43
2 . 論文標題	5 . 発行年
Application of simple formulas to track potential in heavy-ion-beam simulation	2018年
3 . 雑誌名	6 . 最初と最後の頁
Transactions of the Materials Research Society of Japan	267~270
掲載論文のDOI(デジタルオブジェクト識別子)	査読の有無
10.14723/tmrsj.43.267	有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著

1.著者名	4.巻	
K. Akamatsu, N. Shikazono, T. Saito	536	
2.論文標題	5 . 発行年	
New method for estimating clustering of DNA lesions induced by physical/chemical mutagens using	2017年	
fluorescence anisotropy		
3.雑誌名	6.最初と最後の頁	
Anal. Biochem.	78-89	
掲載論文のD01(デジタルオプジェクト識別子)	査読の有無	
10.1016/j.ab.2017.08.007	有	
オープンアクセス	国際共著	
オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	-	

1.著者名	4.巻
E. Sage, N. Shikazono	107
2.論文標題	5.発行年
Radiation-induced clustered DNA lesions: Repair and mutagenesis	2017年
3. 雑誌名	6.最初と最後の頁
Free Radic. Biol. Med.	125-135
掲載論文のDOI(デジタルオブジェクト識別子)	査読の有無
10.1016/j.freeradbiomed.2016.12.008	有
オープンアクセス	国際共著
オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	該当する

1.著者名	4 .巻
K. Moribavashi	146
2.論文標題	5 . 発行年
Effect of the track potential on the motion and energy flow of secondary electrons created from heavy-ion irradiation	2018年
3.雑誌名	6.最初と最後の頁
Radiat Phys Chem	68-72
	00-12
掲載論文のDOI(デジタルオブジェクト識別子)	査読の有無
10.1016/j.radphyschem.2018.01.017	有
オープンアクセス	国際共著
オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	
1.著者名	4 . 巻
T.Kai, A.Yokoya, M.Ukai, K.Fujii, T.Toigawa, R.Watanabe	20
2 . 論文標題 A Significant role of non-thermal equilibrated electrons in the formation of deleterious complex DNA damage	5 .発行年 2018年
3. 雑誌名	6.最初と最後の頁
Phys. Chem. Chem. Phys.	2838-2844
掲載論文のDOI(デジタルオブジェクト識別子)	査読の有無
10.1039/c7cp06903k	有
	国際共著
1.著者名 T. Sato, Y. Iwamoto, S. Hashimoto, T. Ogawa, T. Furuta, S. Abe, T. Kai, P.E. Tsai, N. Matsuda, H. Iwase, N. Shigyo, L. Sihver, K. Niita	4.巻 55
2 . 論文標題	5 .発行年
Features of Particle and Heavy Ion Transport Code System (PHITS) Version 3.02	2018年
3.雑誌名	6.最初と最後の頁
J.Nucl.Sci.Technol.	684-690
掲載論文のDOI(デジタルオブジェクト識別子)	査読の有無
10.1080/00223131.2017.1419890	有
オープンアクセス	国際共著
オープンアクセスとしている(また、その予定である)	該当する
1.著者名	4 . 巻
K. Akamatsu, N. Shikazono, T. Saito	413
2 . 論文標題	5 .発行年
Fluorescence anisotropy study of radiation-induced DNA damage clustering based on FRET	2020年
3.雑誌名	6 . 最初と最後の頁
Analytical and Bioanalytical Chemistry	1185~1192
掲載論文のDOI(デジタルオプジェクト識別子)	査読の有無
10.1007/s00216-020-03082-w	有
オープンアクセス	国際共著
オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	

〔学会発表〕 計40件(うち招待講演 6件/うち国際学会 11件)

1.発表者名
鹿園直哉、赤松憲、中野敏彰

2.発表標題

放射線誘発クラスターDNA損傷の直接観察とその修復

3.学会等名 日本放射線影響学会第63回大会

4.発表年 2020年

1 . 発表者名

Ken Akamatsu, Naoya Shikazono

2.発表標題

Study of radiation-induced clustered DNA damage by fluorescence anisotropy measurement based on Forster resonance energy transfer

3 . 学会等名

16th International Congress of Radiation Research(国際学会)

4 . 発表年

2019年

1.発表者名 森林健悟

2.発表標題

重イオンビームの新規動径線量シミュレーションモデル:従来のモデルとの比較

3 . 学会等名

日本物理学会2019年秋季大会

4 . 発表年 2019年

1.発表者名

Naoya Shikazono, Ken Akamatsu

2.発表標題

Measurement and mutagenic potential of clustered DNA lesions

3.学会等名

15th International Workshop on Radiation Damage to DNA(招待講演)(国際学会)

4 . 発表年 2018年

1.発表者名 赤松憲

93.14 JEA

2.発表標題

重粒子線によって生じる難修復性複雑DNA損傷の構造的特徴

3.学会等名 原子衝突学会第43回年会(招待講演)

4 . 発表年 2018年

1.発表者名

甲斐健師、米谷 佳晃

2.発表標題 水の放射線分解で誘発された低エネルギー電子の動的挙動解析

3.学会等名日本物理学会2018年秋季大会

4.発表年 2018年

1.発表者名

甲斐健師、佐藤達彦、Thiansin Liamsuwan、Hooshang Nikjoo

2.発表標題 PHITSにおけるイオンの飛跡構造計算機能の開発

3.学会等名第66回応用物理学会春季学術講演会

4 . 発表年

2019年

1.発表者名

N. Shikazono, K. Akamatsu

2.発表標題

Detection and mutagenic potential of clustered DNA lesions

3 . 学会等名

17th International Symposium on Microdosimetry(国際学会)

4 . 発表年 2017年

1.発表者名

甲斐健師

2.発表標題 動的モンテカルロ法を用いた凝縮相における低速電子の微視的挙動

3 . 学会等名 第31回固体飛跡検出器研究会(招待講演)

4.発表年

2017年

〔図書〕 計1件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6.研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	佐藤 達彦 (Sato Tatsuhiko)	国立研究開発法人日本原子力研究開発機構・原子力科学研究 部門 原子力科学研究所 原子力基礎工学研究センター・研 究主席	
	(30354707)		
研究分担者	森林 健悟 (Moribayashi Kengo)	国立研究開発法人軍于科子技術研究開発機構・軍于王茚科子 領域・上席研究員(定常)	
	(70354975)	(82502)	
研究分担者	赤松 憲 (Akamatsu Ken)	国立研究開発法人量子科学技術研究開発機構・量子生命科学 領域・グルーブリーダー(定常)	
	(70360401)	(82502)	
研究分担者	甲斐 健師 (Kai Takeshi)	国立研究開発法人日本原子力研究開発機構・原子力科学研究 部門 原子力科学研究所 原子力基礎工学研究センター・研 究主幹	
	(70403037)	(82110)	

7.科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8.本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況