

PHITS飛跡構造シミュレーションに 基づくDNA損傷推定

DNA damage estimation based on PHITS track-structure simulation

第2回EGS5-Geant4-PHITS合同研究会 2025年5月16日(金)14:40-15:00

松谷悠佑^{1,2)}, 赤松憲³⁾, 小川達彦¹⁾, 中野敏彰³⁾, 鹿園直哉³⁾, 甲斐健師¹⁾, 佐藤達彦¹⁾



¹⁾日本原子力研究開発機構,²⁾北海道大学保健科学研究院, ³⁾量子科学技術研究開発機構

Introduction

- 電離放射線により発生する初期のDNA損傷は、放射線の飛跡構造 (種類・エネルギー)に依存し、物理と化学過程後に発生する。
- 多くのDNA損傷は修復されるが、一部の損傷は修復されず、細胞死や 染色体異常などの後発の放射線影響を引き起こす。

P1



放射線の飛跡構造に基づき、DNA損傷発生メカニズムを解明できれば、 後発の放射線影響(細胞死・染色体異常・発がん)の正確な理解につながる





Introduction

 医療・生命科学・防護分野への応用を目指す場合、様々な条件下で 照射された細胞を効率的に予測する必要がある。 P2

DNA

model

<従来の方法の問題点>

- ① 細胞核内のDNAの体系を考慮する場合, DNAに放射線がヒットせず,計算コストが莫大
- ② 化学過程(ラジカルとDNAの反応)を計算する場合, ケミカルコードの計算コストが莫大



Purpose

PHITSを用いてDNA損傷収量を効率的に推定できる解析モ デルを開発

PHITS Prticle and Heavy Ion Transport Code System

* Model was depicted by the PHITS code (https://phits.jaea.go.jp/indexj.html)

PHITS

PHITS Track-Structure modeとは?

PHITSの中での電離・励起の扱い

✓ 連続エネルギー損失近似(CSDA): 数多くのイベントを1つにまとめて再現
 ✓ 飛跡構造解析モード(TS mode): 個別のイベントを全て再現



DNA損傷や発光応答などミクロスケールでの放射線影響メカニズム研究に応用

Y. Matsuya et al. Phys. Med. Biol. 66, 06NT02 (2021)



PHITS-TS modeの種類

水中の原子相互作用のシミュレーションを可能にするモード

✓ PHITS-ETS: 電子飛跡構造モード(PHITSオリジナルモデル)液相水専用
 ✓ PHITS-KURBUC: KURBUCアルゴリズムに基づくイオン飛跡構造モード液相水専用
 ✓ ITSART: 任意物質や任意放射線に対応したイオン飛跡構造モード



Methods (1): DNA損傷予測モデルの開発

電離・励起の座標のみを使用してDNA損傷数を推定するモデルを開発!



PHITS Matsuya Y., Kai T., Sato T et al. J. Appl. Phys. 126, 124701 (2019) doi:10.1063/1.5115519

Methods (2): 複雑なDNA損傷予測モデルの開発

DSBサイト周辺の電離・電子励起数を追加解析して、複雑なDSBも推定



Results (1): 電子線照射後のDNA損傷予測

PHITS-ETSモードを使用して電子線によるイベント(電離・電子励起)を計算

P7

DSBとDSB末端にBDがある複雑なDSBを計算し、測定データと比較



Matsuya Y., et al. Phys. Med. Biol. 67, 215017 (2022); Matsuya Y, et al. Int. J. Mol. Sci. 2020, 21(5), 1701

Results (2): 陽子線照射後のDNA損傷予測

- PHITS-KURBUCモードを使用して陽子線による電離と電子励起を計算
- 陽子線のエネルギーとDSB数, DSBの深さ依存性を計算し、実測データと比較



Matsuya Y., Kai T., Parisi A. et al. Phys. Med. Biol. 67, 215017 (2022)



Methods (3): DNA損傷距離の推定と解析

- 予測モデル:電離と励起の距離を解析 → DNA損傷間の距離の予測
- FRET により2個の脱塩基(APサイト)の距離は測定可能*→推定値と比較

Case I

$$R_{i,opp} \approx \sqrt{(0.33i)^2 + 2(a + d)^2 \{1 + \cos(\frac{\pi}{5}i)\}}$$

Case II
 $R_{i,sam} \approx \sqrt{(0.33i)^2 + 2(a + d)^2 \{1 - \cos(\frac{\pi}{5}i)\}}$
 $i = l: \equiv \equiv \equiv \equiv 0$
 $L = l = \equiv \equiv \equiv 1$
 $L + (\frac{R}{R_0})^6 \Rightarrow (opp (case 1) or sam (case II))$
 $R_0: Förster distance (i.e., 4.4 nm)$
 $E_{obs} = \sum_{l=0}^{2686} (\frac{1}{2}(E_{i,opp} + E_{i,sam})p_i)$
 $\exists z \models 0 \exists y \neq 1 > Tr y \exists y > tr S = 183 (2015) 105-113; Akamatsu K, et al. Apal Bioanal Chem 413 (2021) 1185-1192$

птэ

Results (3): APサイト間距離の解析結果

- 電離と励起の距離をサンプリングすることで、APサイト間の距離の予測
- FRET により2個の脱塩基(APサイト)の距離は測定可能*→推定値と比較



電離と励起の解析により、DNA損傷間距離の予測にも成功 → 今後,化学過程を考慮した予測モデルの開発も進める

* Akamatsu K, et al. Radiat Res 183 (2015) 105-113; Akamatsu K, et al. Anal Bioanal Chem 413 (2021) 1185-1192

Summary

- ✓ 電離や励起の空間パターンを解析することで、低LET放射線(e⁻, H⁺)の DNA損傷発生数の再現に成功! DNA損傷予測モデル開発に成功!
- ✓ 高LET放射線により発生する、乾燥/低酸素条件下のDNA損傷数も 電離励起の空間パターンが重要であることがわかった。
- ✓ 今後, 化学過程を考慮したDNA損傷予測モデルの開発を進めることで, DNA損傷発生メカニズムの正確な理解へつなげることが期待できる。



物理・化学過程を考慮して効率的に予測するモデル開発へ! 将来的に、DNA損傷から染色体異常や発がんの予測を目指す



ご清聴頂き誠にありがとうございました

本研究は下記より研究助成頂きました。この場を借りてお礼申し上げます。



令和4年度科学研究費助成事業「放射線飛跡構造の空間パターンに 基づくDNA損傷予測システムの開発」(課題番号: 23K2499803)

令和5年度科学研究費助成事業「原子スケールから迫る放射線影響の根源的な理解」(課題番号: 23K0463513)



国家課題対応型研究開発推進事業 令和6年度原子カシステム研究開発事業(若手)「水の放射線分解を模擬するシミュレーションコードの開発」