7.1.2 低線量率γ線連続照射オス親マウスの仔・孫への影響

-生殖細胞突然変異のゲノムワイド検索-

Transgenerational Effects in Mice Exposed to Continuous Low-Dose-Rate Gamma-Rays – Genome-Wide Approach for Germ Cell Mutation –

> 小倉 啓司,田中 聡, タナカ イグナシャ III ブラガ,一戸 一晃,小木曽 洋一 生物影響研究部

Keiji OGURA, Satoshi TANAKA, Ignacia BRAGA-TANAKA III, Kazuaki ICHINOHE, Yoichi OGHISO Department of Radiobiology

Abstract

To elucidate whether germ cell mutations induced by chronic γ -ray exposure at low-dose-rates can be inherited by offspring, 8-week-old male specific-pathogen-free (SPF) C57BL/6J mice were exposed to γ -rays at a high-dose-rate of 889 mGy/min for 9 minutes, equivalent to a total dose of 8000 mGy at a low-dose-rate of 20 mGy/22 hr/day for about 400 days. Genome-wide molecular comparisons were made to identify mutations that may have been newly generated and inherited by offspring from a parent. These newly identified mutations were then classified based on their nucleotide sequences for comparison between irradiated and non-irradiated control groups. Here we show preliminary examination results on reliability of the array CGH method.

1. 目的

本実験調査は低線量率γ線を長期連続照射した オスマウスと非照射メスマウスとを交配し、その 仔・孫を得、これらのマウスより採取された尾組織 試料を用いて、染色体の欠失・挿入等ゲノムの変化 を高い精度で網羅的に解析してオス親への低線量率 放射線照射の仔・孫に及ぼす影響を明らかにするこ とを目的とする。

2. 方法

放射線照射がどのような突然変異を誘発するか を調べるためには、交配するオス親マウスとメス親 マウスがもともと持っている蓄積された変異と新規 突然変異(自然に誘発される自然突然変異、放射線 照射によって新たに誘発される放射線誘発突然変 異)を検出し、分別することが必要である (UNSCEAR, 2001)。そこで、現在利用できる中で ゲノムに含まれている変異の検出感度が最も高い方 法であるオリゴマイクロアレイ CGH 法の有効性を 検討した。

このため、高頻度に新規突然変異が起きると考え られる高線量率(0.9 Gy/min)・高線量(8 Gy)γ線 を照射したオスマウスと非照射オスマウスをそれぞ れ非照射メスマウスと1週間同居させ、交尾確認後 16~19 日にメス親から胎子マウスを摘出するポジ ティブコントロール実験を行った。オス親は交尾後、 メス親は胎子マウス採取後にそれぞれ尾組織をサン プリングした。親マウスの尾組織、胎子マウス全組 織からそれぞれゲノム DNA の抽出を行った。

オリゴマイクロアレイ CGH 法により効率的に新 規突然変異を検出することができるかどうかを検討 するため、ポジティブコントロール実験で得られた ゲノム DNA を用いたオリゴマイクロアレイ CGH 法 による実験を開始した。最初に非照射オスマウス (C1♂)とメスマウス(C1♀)、および、その子供である 7 匹の胎子マウス(C1F1-1~-7)を用いて行ったオリ ゴマイクロアレイ CGH 法によって得られた結果を 解析することによって突然変異の検出を試みた。オ リゴマイクロアレイ CGH 法では一対のサンプルを それぞれ Cy3 または Cy5 で蛍光標識し、競合ハイブ リダイゼーションを行う。そこで、一対のサンプル を Cy3/Cy5、Cy5/Cy3 と標識の組み合わせを変えた 2 回の実験データを利用して蓄積された変異、自然突 然変異ならびに放射線誘発突然変異を分別する解析 方法の検討を行った。

3. 成果の概要

オリゴマイクロアレイ CGH 法の有効性を検討す るためにポジティブコントロール実験を行い、高線 量率・高線量γ線照射および非照射のオス親マウス と、交配に用いたメス親マウスの尾組織ならびに胎 子マウスの全組織からそれぞれ遺伝子変異解析用ゲ ノム DNA を抽出・精製した。このゲノム DNA を用 いたオリゴマイクロアレイ CGH 法によるデータの 蓄積を開始した。蓄積されたデータのうち非照射対 照群のひとつがいであるオス親マウス、メス親マウ スとその仔マウス7匹について、合計28回分のオリ ゴマイクロアレイ CGH 法の結果を用いて解析方法 の検討を試みた。その結果、仔マウスに両親由来の 変異候補1601個と新規変異候補4個をそれぞれ抽出 したが、変異候補抽出の精度を高めるために一対の サンプルに対するオリゴマイクロアレイ CGH 法の 繰り返し回数を増やす必要があることが判明した。

引用文献

UNSCEAR (2001) United Nations Scientific Committee on the Effects of Atomic Radiation UNSCEAR 2001 Report to the General Assembly, with Scientific Annex



Fig. 1 Log₂ transformed ratios are plotted by CGH Analytics 3.4 (Agilent Tech.). Vertical lines represent the whole genome (lower figure), the fourth chromosome (middle figure), and part of the fourth chromosome (upper figure). Gains and losses are represented in the array CGH profiles on the opposite side across zero. The green belt in the upper figure suggests a deletion region in C1 female.

C1d F1-1

F1-

0.027 -0.093

0.145 0.175

0.032 0.219

0.024 0.165

-0.063 -0.107

-0.089 -0.099

0.185 0.122

-0.175 -0.214

0.094 -0.007

0.018 -0.095

0.041 0.063

0.068 -0.085

0.177 -0.018

-0.027

0.021 0.052

0.006 -0.099

-0.072

0 133



-0.025 -0.034

0.106 0.165

-0.173 0.028

-0.130 0.108

0.069 -0.011

0.221 -0.026

-0.235 0.131

-0.260 -0.011

0.127 0.158

-0.021

-0.265

0.131 0.101

-0.025 0.197

0.104 0.036

0.152 0.088

-0.271 0.073

0.185 0.07

100

C1d

0.110

0.29



F1-6 F1-1

F1-1

-0.052 -0.098

0.105 0.024

-0.031 0.053

0.071 0.172

0.162 -0.184

-0.048 0.100

0.090 0.046

-0.166 -0.116

0.014 0.182

-0.126 -0.040

-0.186 -0.06

0.140 0.12

-0.042 -0.115

0.018 0.28

-0.061

F1-5

F1-5 F1-6

0.284

0.00

0.273

0.28

0.054

1.043

0.430

0.265

0.012

0.03

0.042

-0.374 -0.256 -0.196 0.025 -0.273

<-0.3	+0.3	: Norr	malized in	itensity	(candid	late)							
-0.3<	<0.3	: Norr	malized in	itensity	(irregul	ar in ca	indidate)					
-0.3<	0.3	: Norr	malized in	itensity	(irregul	ar in no	n-candi	date)					

Array CGH analysis was performed between non-irradiated C1 \bigcirc , \bigcirc and their progenies. The red boxed probe IDs represent the deletions shown in Fig. 2. A combination of Cy3 -labeled normal mouse and Cy5-labeled deletion mouse usually showed normalized intensities in each probe of more than 0.3, whereas the reverse combination showeded normalized intensities in each probe of less than -0.3. Irregular results accounted for 4.2 % (13/ 300). Combinations between normal mice or deletion mice usually show normalized intensities.