

# マルチスケールシミュレーションを用いた放射線被ばく影響評価 ～DNA から地球レベルまで～

日本原子力研究開発機構 原子力基礎工学研究部門 佐藤達彦

近年のコンピュータ技術の急速な進展により、計算科学は、理論や実験と並ぶ新たな研究方法として科学技術の発展に多大に貢献している。その中でも、従来は計算資源の観点から実現が困難であったマイクロスケールとマクロスケールの解析手法を組み合わせたマルチスケールシミュレーションが、生命科学、材料工学、気象学など様々な分野で注目されている。

そこで、我々は、マイクロスケールとマクロスケールの放射線挙動解析手法を有機的に統合し、DNA から地球レベルまで、様々なスケールに対する放射線被ばく影響を解析する新たな解析手法の構築を目指した研究を進めている (図1参照)。具体的には、まず、マイクロスケールの放射線挙動解析結果を数学モデル化し、マクロスケールの放射線挙動解析コード PHITS(<http://phits.jaea.go.jp>)に組み込んだ。これにより、DNA や細胞などマイクロレベルでの線量分布を全身スケールで計算可能とした[1]。そして、この機能を用いて、個々の細胞応答を反映させた新たな生物学的線量評価モデルを構築し、粒子線治療の治療効果推定精度を向上させた[2]。また、PHITS を用いて人体スケールや地球スケールの放射線挙動解析シミュレーションを実施し、それらの結果を統合することにより、宇宙飛行士や航空機乗務員の宇宙線被ばく線量を評価する新たな計算モデルを確立した[3,4]。

発表では、これらの研究の中で、図1赤枠で示したテーマを重点的に解説する。

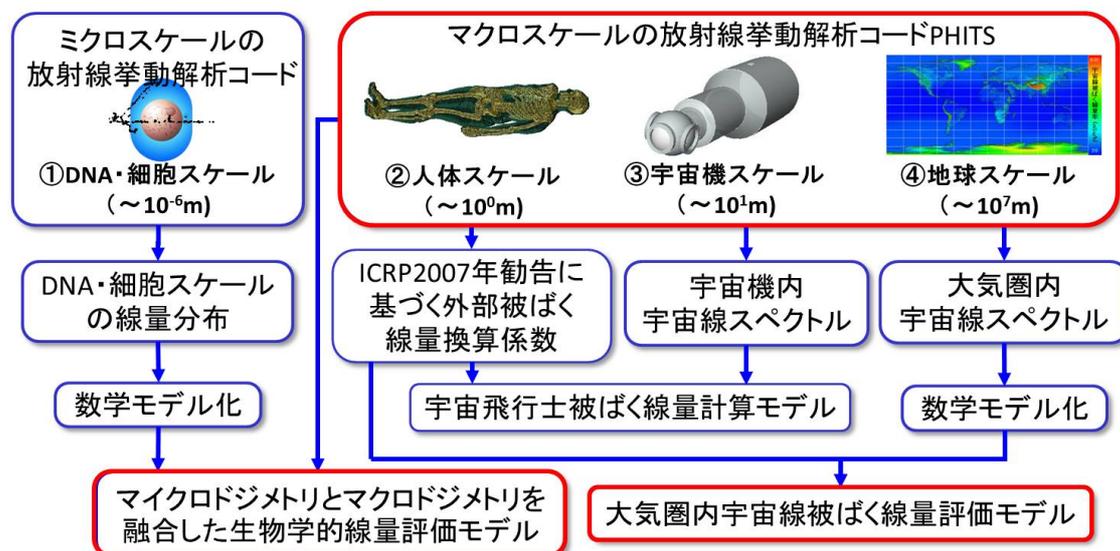


図1 本研究の概要

- [1] T. Sato et al. Radiat. Res. 171, 107 (2009)
- [2] T. Sato and Y. Furusawa Radiat. Res. 178, 341 (2012)
- [3] T. Sato et al. Phys. Med. Biol. 54, 1997 (2009)
- [4] T. Sato et al. Radiat. Res. 170, 244 (2008)