

www.pibb.ac.cn



# 电离辐射生物标志物γ-H2AX的检测 技术研究进展<sup>\*</sup>

刘 樱 熊忠华 夏斌元 陈 珊\*\* (中国工程物理研究院材料研究所, 绵阳 621907)

**摘要** 电离辐射可导致 DNA 双链断裂,从而使组蛋白H2AX迅速在双链断裂处磷酸化为γ-H2AX。检测细胞中γ-H2AX聚集 处形成的焦点数目可用于评价 DNA 双链断裂情况,且与辐射剂量相关。因此,γ-H2AX可作为电离辐射的生物标志物,用 来评价电离辐射的致突变能力,亦可作为电离辐射生物剂量计,用于估算个体受照剂量。γ-H2AX检测技术在辐射生物学研 究、辐射分子流行病学调查,以及辐射事故应急响应与医学处置等方面具有重要应用价值。本文将重点阐述近十年来国内 外基于电离辐射生物标志物γ-H2AX的检测方法研究进展和应用前景。

关键词 电离辐射, γ-H2AX, 生物标志物, 生物剂量计 中图分类号 Q691.5, R394.7

DOI: 10.16476/j.pibb.2021.0379

在真核生物中,脱氧核糖核酸(DNA)与组 蛋白结合形成核小体,构成染色质的功能单位,而 DNA 双链断裂 (DNA double strand break, DSB) 是电离辐射引起 DNA 损伤的主要形式。当 DNA 双 链发生断裂时,在断裂位点将出现组蛋白H2AX在 39 位丝氨酸(γ-H2AX)的磷酸化。磷酸化的 γ-H2AX在DSB位点累积,同时募集多种参与 DNA损伤修复的分子,形成修复灶,共同参与早 期DNA损伤修复。利用抗磷酸化γ-H2AX的抗体 检测,可建立电离辐射与磷酸化γ-H2AX焦点之间 的关系<sup>[1-2]</sup>。1998年, Rogakou等<sup>[3]</sup>首次发现并报 道了γ-H2AX可作为细胞DNA 双链断裂的快速又 敏感的信号分子,随后的大量研究发现,γ-H2AX 焦点数量在电离辐射发生大约30 min后达到峰值, 在24h内迅速下降并在几天内下降到基线水平,具 体时间取决于相应的辐射剂量, 焦点数量也与辐射 剂量相关<sup>[45]</sup>。采用γ-H2AX焦点法进行剂量估算 需在放射后1~2d内进行,这也使其成为目前时效 性最高的辐射生物标志物之一。因此,近年来, γ-H2AX检测技术在快速辐射剂量估算、辐射应急 分诊等方面的应用价值被国内外广泛重视, 尤其在 精准化、小型化、高通量化等方面开展了诸多研究 工作。

# 1 γ-H2AX常用检测技术

目前,γ-H2AX的检测方法主要包括免疫荧光 法(荧光显微镜和流式细胞术)、酶联免疫吸附测 定法和免疫印迹法等,以上方法均基于免疫细胞化 学技术,其原理为用标记的抗磷酸化γ-H2AX的抗 体对目标细胞的磷酸化γ-H2AX进行定性、定位或 定量检测。

### 1.1 免疫荧光法

免疫荧光法主要利用γ-H2AX 单克隆抗体作为 一抗,与细胞内 DSB 位点处的γ-H2AX 特异性结 合,再加入标记有荧光素的二抗,与一抗形成夹心 结构,利用荧光显微镜或流式细胞术采集荧光信 号,即可分析目标细胞内γ-H2AX 含量(图1)。荧 光显微镜观察是最直观且最便捷的检测技术,既可 以对细胞内γ-H2AX 焦点计数,又可定性获得其荧 光强度大小,从而比较不同剂量下细胞内的 γ-H2AX 含量,但该方法存在主观误差,使得其准

<sup>\*</sup> 国家自然科学基金(11705170)和中国工程物理研究院材料研 究所基金(TP02201709, TCSQ2016310)资助项目。

<sup>\*\*</sup> 通讯联系人。

Tel: 0816-3620126, E-mail: qingmoheng@qq.com 收稿日期: 2021-12-07, 接受日期: 2022-03-15

确度不高,目前已开发有多种图像分析软件对获得 的荧光图像进行分析,可减少人为误差并节约时 间,提高准确性。而流式细胞术可实现大批量样本 中γ-H2AX的测定。



Fig. 1Schematic diagram of immunofluorescence assay for γ-H2AX detection图1免疫荧光法检测γ-H2AX步骤示意图

# 1.2 酶联免疫吸附法

酶 联 免 疫 吸 附 试 验 (enzyme linked immunosorbent assay, ELISA) 是酶免疫测定技术 中应用最广的技术。用于检测 $\gamma$ -H2AX的主要原理 是以 $\gamma$ -H2AX的单克隆抗体作为 $\gamma$ -H2AX捕获抗体, 组装在固相载体(如聚苯乙烯微量反应板)上,当 含 $\gamma$ -H2AX的标本被捕获后,加入辣根过氧化物酶 (horseradish peroxidase, HRP) 标记的检测抗体,

形成夹心结构。再加入酶标底物(即TMB溶液) 和终止液即可通过在450 nm波长处测吸光度(A) 值获得标本中γ-H2AX的含量(图2)。无论在定量 分析精确度上,还是标本处理流程上,ELISA都较 荧光显微镜和流式细胞术更具优势,且可采用酶标 仪和96孔板进行高通量测定,因此,近年来也被 广泛用于γ-H2AX的测定。



Fig. 2 Schematic diagram of enzyme linked immunosorbent assay for γ-H2AX detection 图2 酶联免疫吸附法检测γ-H2AX步骤示意图

# 1.3 蛋白质免疫印迹法

蛋白质免疫印迹是将电泳分离后的细胞或组织 总蛋白质从凝胶转移至固相支持硝酸纤维素膜 (nitrocellulose membrane, NC膜)或聚偏二氟乙烯 (polyvinylidene, PVDF)上形成印迹膜,印迹膜 上的目标蛋白可以被特异性抗体识别并捕获。同时,利用酶或同位素标记的二抗作为信标,经过底物显色或放射自显影可对被捕获的目标蛋白进行信号示踪(图3)。



Fig. 3Schematic diagram of Western blot for γ-H2AX detection图3免疫印迹法检测γ-H2AX步骤示意图

γ-H2AX的检测结果可反映出DSB损伤修复情况,其具有检测周期短、特异性与灵敏度较高的优点,可满足辐射剂量估算和辐射应急分诊的应用需求。目前,改进γ-H2AX检测技术,主要涉及减少 采样量和检测时间、借助新型显微镜技术、传统技术改进、检测自动化以及其他增强检测效果的方法 等,目的均为尽可能在更短时间、更少样品量和更 高通量的情况下获得更清晰的检测结果。

#### 2.1 样品量

辐射事故后,为尽早对受照人群进行初步剂量 估计和早期分诊,需要在同一时间内对尽可能多的 样本进行快速评估,因此检测时所需的样品量及其 处理时间十分关键。常规检测方法需要从装有若干 毫升体积血液样品的肝素管中,通过Ficoll密度梯 度离心法获得足够多的淋巴细胞,再进行随后的洗 涤、分离和固定步骤。Sowa等<sup>[6]</sup>比较了经静脉穿 刺和Ficoll密度梯度离心获得的外周血单个核细胞 (peripheral blood mononuclear cells, PBMCs) 和指 尖毛细管血中分离的单个核细胞(capillary blood mononuclear cells, CBMCs),同时利用间接免疫 荧光法分析γ-H2AX焦点情况,发现CBMCs可替 代PBMCs用于DSB分析。而Wojewodzka等<sup>[7]</sup>通 过改变样品处理参数来评估其对γ-H2AX 焦点的影 响,并优化出一种理论上可应用于指尖血的微量测 定方案。Moquet等<sup>[8]</sup>已开发出一种检测方法,只 需少于0.1 ml的血液样品,在理论上也可以实现手 指穿刺取样。该方法可将96个样品的处理时间从 常规方法的15h减少为约4h。但是需要牺牲细胞 数和焦点清晰度。Heylmann和Kaina<sup>[9]</sup>则通过将 指尖血注入肝素化的微量红细胞压积玻璃毛细管 中,然后将其涂抹于玻片上,即可实现分析一滴血 液中的γ-H2AX 焦点来检测 DNA 损伤,该方法简 单、快速、廉价,允许大量的血液采样和长期存 储,适用于人类和动物群体中遗传损伤的快速和大 规模筛选。Johnston等<sup>[10]</sup>开发了一种不需要对血 液样品进行过滤、富集或纯化的全血免疫分析方 法,分析结果在0~5 Gy的剂量范围内呈线性关系, 理论上可以将这种分析从实验室扩展到野外。

#### 2.2 超分辨显微镜技术

通过光学检测在单细胞水平上评估电离辐射暴露后的 DNA 损伤反应和修复动力学,是γ-H2AX 检测技术中常用的方法之一。近年来,借助新型超 分辨显微镜技术,可以在纳米尺度上研究电离辐射 在单细胞中的分子效应<sup>[11]</sup>。在生物标本中,纳米 标记的分子结构可以精确到10 nm(可见光波长的 1/50), 这属于单个核小体、抗体、受体等的范围。 而单分子定位显微镜(single molecule localization microscopy, SMLM) 是目前最流行的超分辨技术 之一。大多数单分子定位显微镜方法依赖于单个荧 光团分子的随机光谱调制,如光活化定位显微镜 (photo-activated localization microscopy, PALM), 荧光 PALM (fluorescence PALM, FPALM)、随机 光学重建显微镜(stochastic optical reconstruction microscopy, STORM)、直接 STORM (direct STORM, dSTORM)、基态耗尽显微镜 (ground state depletion microscopy followed by individual molecule return, GSDIM)等。最近的大多数研究 主要集中在对暴露于不同剂量γ射线辐射并在辐射 暴露后不同时间点固定的细胞中,γ-H2AX特异性 抗体进行 SMLM 研究 [12-16]。

·1929·

## 2.3 图像分析软件

提高光学检测水平可以更深入地对DNA损伤 机制进行基础科学研究,但这些超分辨显微镜的使 用会不同程度增加检测成本和时间,并不适用于现 场和快速检测。而对获得的荧光图像进行准确地自 动图像分析则不仅可以缩短分析时间,也可减少人 为误差。使用图像处理和分析的自动γ-H2AX分析 已被证明比人工分析的准确度和平行性高,因为人 工分析不能提供诸如核的大小或焦点的强度等额外 信息[17-18]。焦点的量化和表征理论上需要统计大 量的细胞来确保结果的可信度,因此这需要利用合 适的图像分析软件,例如包含有图像预处理和转 换、有效信息的提取,以便进行进一步的数据分 析<sup>[18]</sup>。目前,已开发有多种基于显微镜图像的开 源或闭源的自动分析软件,包括ImageJ<sup>[19-20]</sup>、 DeepFoci<sup>[21]</sup> CellProfiler<sup>[22-24]</sup> FociCounter<sup>[25]</sup> FoCo<sup>[26]</sup>、FocAn<sup>[27]</sup>等,均能对基于γ-H2AX的细 胞图像进行分析。开源软件相较闭源软件,因其具 有可访问的源代码,使得用户可根据特定的需求对 参数进行修改;分析过程透明可视化;免费提供给 科研工作者使用等优点,成为许多科研工作中优先 考虑使用的软件。表1比较了几种常用图像分析软 件所具备的功能, ImageJ和CellProfiler可提供多种 插件,进行批量处理,同时可获得逐步分析的结 果; DeepFoci和FocAn可分析共聚焦显微镜获得的 3D多通道数据,从而分析三维立体结构下的焦点

分布情况; FociCounter 仅可获得焦点及焦点强度 等简单数据,但软件分析操作较为直观简洁。基于 图像分析软件获得的结果会因参数设置的不同而存 在明显差异,后续研究中需要建立统一的评判 标准。

软件名称	功能						
	提供插件	批处理	逐步分析	补偿不均匀照明/清晰度	3D多通道数据		
ImageJ	$\checkmark$	$\checkmark$	$\checkmark$	×	×		
DeepFoci	×	$\checkmark$	$\checkmark$	$\checkmark$	$\checkmark$		
CellProfiler	$\checkmark$	$\checkmark$	$\checkmark$	$\checkmark$	×		
FociCounter	×	$\checkmark$	×	×	×		
FoCo	$\checkmark$	$\checkmark$	$\checkmark$	×	×		
FocAn	$\checkmark$	$\checkmark$	$\checkmark$	×	$\checkmark$		

 Table 1 Comparison of image analysis software functions
 表1 图像分析软件功能比较

#### 2.4 检测新技术

成像流式细胞术(imaging flow cytometry, IFC)将光学显微镜和流式细胞术的优势结合,使 研究人员在快速分析大量细胞的同时,可根据细胞 形态学结果辅证分析结果。Lee 等<sup>[28]</sup>开发出一种 基于成像流式细胞术的快速、高通量γ-H2AX 检测 方法,用于评估电离辐射暴露后人外周血细胞 DNA 双链断裂修复动力学,结果分析与已有文献 的理论曲线相符<sup>[5]</sup>。基于成像流式细胞术建立的 γ-H2AX 检测方法可以提供一个高通量的实用平 台,通过预测个体放射敏感性和与放疗相关的不良 反应风险,促进精准医疗。

对于像磷酸化组蛋白γ-H2AX这类特定蛋白质 的相对定量分析,酶联免疫吸附试验和免疫印迹法 都需要先将细胞裂解后提取总蛋白质方可进行后续 实验。细胞酶联免疫吸附法(cell enzyme-linked immunosorbent assay, cell-ELISA)和细胞内免疫 印迹法(in cell Western, ICW)则无需裂解细胞, 而是在细胞原位检测目标蛋白质,相较于传统方 法,省略了前期细胞裂解物的制备、制胶、电泳以 及转膜等费时又易出错的步骤,也极大减少了因裂 解细胞获取总蛋白质时造成的损失,具有特异、灵 敏及操作简便等特点。Matsuzaki等<sup>[29]</sup>和Tronnet 等<sup>[30]</sup>分别利用这两种方法对检测γ-H2AX进行了 尝试,并建立了一套灵敏便捷的检测方法。

近年来,利用高效液相色谱串联质谱技术 (high liquid chroma-tography-tandem mass spectrometry, LC-MS/MS)对γ-H2AX磷酸化位点 进行定量检测,可实现细胞内γ-H2AX定量分析, 该方法于2015年由 Matsuda等<sup>[31]</sup>建立,军事科学 院军事医学研究院毒物药物研究所谢剑炜研究员课 题组<sup>[32]</sup>亦建立和评估了γ-H2AX质谱定量检测技 术在细胞基因毒性方面的应用,并获得了DNA损 伤及修复动力学曲线,在化合物的基因毒性测试中 显示了可行性及优越性。

# 3 自动化/便携式设备研制

改进生物剂量估算方法的检测速度和效率,有 助于在出现放射性事故时提高救援速率,保存有限 医疗资源,遏制大规模的恐慌。因此需要研制出可 快速自动甚至便携式的生物剂量估算系统,用以评 估可能的大量个人辐射照射剂量。

现有的商品化的自动化免疫荧光分析及显微系 统如 AKLIDES<sup>[33]</sup>、Europattern<sup>[34]</sup> 和 Nova View<sup>[35]</sup> 等,均可在一定程度上实现γ-H2AX生物剂量测定 部分自动化,从而缩短时间,提高效率。Garty 等[36-39]研制出一种基于机器人的自动生物剂量检 测工具 (rapid automated biodosimetry tool, RABIT),利用多种先进技术,实现了 $\gamma$ -H2AX生 物剂量测定从样品分离到荧光成像全流程自动化。 测试结果表明, RABiT可在18h工作周期内完成 对5859个生物样本的测定。而针对现场辐射剂量 生物测定, Bensimon Etzol等<sup>[40-42]</sup>搭建了一种可操 作和便携移动的生物剂量测量设备 DosiKiT, 可基 于血液和毛囊样本对辐射受照人群进行事故现场测 量,从而获得全身和局部的剂量评估。Zhong 等<sup>[43]</sup>则以微流控技术为基础,设计制作了一种便 携式的集成设备,简化了γ-H2AX免疫荧光染色的

方案,可在室温下40 min内实现全自动γ-H2AX免疫荧光染色,实验结果呈线性剂量响应关系,具有

自动化、高效、经济实用等特点。以上三者的比较 总结于表2中。

Table 2	Compa	rison of automation/portable devices	
	表2	自动化/便携式设备比较	

名称	功能			ht. E	
	自动化	便携性	效率	行只是	
RABIT	$\checkmark$	×	325.5个样本/h	全自动、高样本吞吐量	
DosiKiT	×	$\checkmark$	从采样到剂量估算全流程45 min	现场检测、全身及局部剂量快速评估	
微流控设备	$\checkmark$	$\checkmark$	40 min内全自动染色	全自动、高效经济实用	

## 4 总结与展望

随着核技术在国防事业、能源产业、农林业及 医学诊断治疗中越来越广泛的应用, 大规模暴露于 电离辐射环境的风险也在增加。辐射事故应急处置 要求快速对受照人员进行剂量评估,基于DNA损 伤的γ-H2AX生物剂量测定方法可在较短时间内对 辐照剂量进行估算,从而达到快速筛分受照人群以 便于应急医学处置的目的。本文总结了近10年来 国内外基于电离辐射生物标志物γ-H2AX的检测方 法研究进展,作为电离辐射生物标志物,为缩短检 测时间,提高检测效率,对γ-H2AX检测过程中的 样品量、自动化图像分析技术、检测新技术等方 面,国外学者均开展了一定深度的研究,国内学者 则侧重于方法的应用和机制的研究, 在检测技术改 进方面仍存在差距与不足。在快速辐射剂量估算、 辐射应急分诊方面,建立快速准确,可便携自动化 的高通量γ-H2AX生物剂量测定方法是γ-H2AX作 为电离辐射生物标志物未来最重要的研究方向之 一,且具有极高的应用潜力。

#### 参考文献

- Stope M B. Phosphorylation of histone H2A. X as a DNA-associated biomarker (Review). World Acad Sci J, 2021, 3:3
- [2] Raavi V, Perumal V, Paul S F D. Potential application of γ-H2AX as a biodosimetry tool for radiation triage. Mutat Res Rev Mutat Res, 2021, 787:108350
- [3] Rogakou E P, Pilch D R, Orr A H, et al. DNA double-stranded breaks induce histone H2AX phosphorylation on serine 139. J Biol Chem, 1998, 273(10): 5858-5868
- [4] Kuo L J, Yang L X. γ-H2AX-a novel biomarker for DNA doublestrand breaks. In vivo, 2008, 22(3): 305-309
- [5] Rothkamm K, Horn S. gamma-H2AX as protein biomarker for radiation exposure. Ann Ist Super Sanita, 2009, 45(3): 265-271

- [6] Sowa M, Reddig A, Schierack P, et al. Phosphorylated histone 2AX foci determination in capillary blood mononuclear cells. J Lab Precis Med, 2018, 3:45
- [7] Wojewodzka M, Sommer S, Kruszewski M, *et al.* Defining blood processing parameters for optimal detection of γ-H2AX foci: a small blood volume method. Radiat Res, 2015, **184**(1): 95-104
- [8] Moquet J, Barnard S, Rothkamm K. Gamma-H2AX biodosimetry for use in large scale radiation incidents: comparison of a rapid '96 well lyse/fix' protocol with a routine method. PeerJ, 2014, 2(1): e282
- [9] Heylmann D, Kaina B. The γH2AX DNA damage assay from a drop of blood. Sci Rep, 2016, 6(1): 22682
- [10] Johnston M L, Young E F, Shepard K L. Whole-blood immunoassay for γH2AX as a radiation biodosimetry assay with minimal sample preparation. Radiat Environ Biophys, 2015, 54(3): 365-372
- Lee J H, Hausmann M. Super-resolution radiation biology: from bio-dosimetry towards nano-studies of DNA repair mechanisms// Behzadi P. DNA-damages and Repair Mechanisms. Rijeka: IntechOpen, 2021:43
- [12] Depes D, Lee J H, Bobkova E, *et al.* Single-molecule localization microscopy as a promising tool for γ H2AX/53BP1 foci exploration. Eur Phys J D, 2018, 72: 158
- [13] Hausmann M, Neitzel C, Bobkova E, *et al.* Single molecule localization microscopy analyses of DNA-repair foci and clusters detected along particle damage tracks. Front Phys, 2020, 8:473
- [14] Hausmann M, Wagner E, Lee J H, *et al.* Super-resolution localization microscopy of radiation-induced histone H2AXphosphorylation in relation to H3K9-trimethylation in HeLa cells. Nanoscale, 2018, **10**(9): 4320-4331
- [15] Liddle P, Jara-Wilde J, Lafon-Hughes L, et al. dSTORM microscopy evidences in HeLa cells clustered and scattered gammaH2AX nanofoci sensitive to ATM, DNA-PK, and ATR kinase inhibitors. Mol Cell Biochem, 2020, 473(1): 77-91
- [16] Varga D, Majoros H, Ujfaludi Z, et al. Quantification of DNA damage induced repair focus formation via super-resolution dSTORM localization microscopy. Nanoscale, 2019, 11(30): 14226-14236
- [17] Ruprecht N, Hungerbühler M N, Böhm I B, et al. Improved

identification of DNA double strand breaks: γ -H2AX-epitope visualization by confocal microscopy and 3D reconstructed images. Radiat Environ Biophys, 2019, **58**(2): 295-302

- [18] Schneider J, Weiss R, Ruhe M, et al. Open source bioimage informatics tools for the analysis of DNA damage and associated biomarkers. J Lab Precis Med, 2019, 4: 1-27
- [19] Kataoka Y, Bindokas V P, Duggan R C, et al. Flow cytometric analysis of phosphorylated histone H2AX following exposure to ionizing radiation in human microvascular endothelial cells. J Radiat Res, 2006, 47(3-4): 245-257
- [20] Zlobinskaya O, Dollinger G, Michalski D, *et al.* Induction and repair of DNA double-strand breaks assessed by gamma-H2AX foci after irradiation with pulsed or continuous proton beams. Radiat Environ Biophys, 2012, 51(1): 23-32
- [21] Vicar T, Gumulec J, Kolar R, *et al*. DeepFoci: deep learning-based algorithm for fast automatic analysis of DNA double strand break ionizing radiation-induced foci. Comput Struct Biotechnol J, 2021, 19: 6465-6480
- [22] González J E, Lee M, Barquinero J F, et al. Quantitative image analysis of gamma-H2AX foci induced by ionizing radiation applying open source programs. Anal Quant Cytol Histol, 2012, 34(2): 66-71
- [23] Valente M, Voisin P, Laloi P, et al. Automated gamma-H2AX focus scoring method for human lymphocytes after ionizing radiation exposure. Radiat Meas, 2011, 46(9): 871-876
- [24] Roch-Lefèvre S, Valente M, Voisin P, et al. Suitability of the r-H2AX assay for human radiation biodosimetry. Curr Topics in Ionizing Radiation Research, 2012, 2:21-30
- [25] Jucha A, Wegierek-Ciuk A, Koza Z, *et al.* FociCounter: a freely available PC programme for quantitative and qualitative analysis of gamma-H2AX foci. Mutat Res, 2010, 696(1): 16-20
- [26] Lapytsko A, Kollarovic G, Ivanova L, et al. FoCo: a simple and robust quantification algorithm of nuclear foci. BMC Bioinformatics, 2015, 16: 392
- [27] Memmel S, Sisario D, Zimmermann H, et al. FocAn: automated 3D analysis of DNA repair foci in image stacks acquired by confocal fluorescence microscopy. BMC Bioinformatics, 2020, 21(1): 27
- [28] Lee Y, Wang Q, Shuryak I, et al. Development of a highthroughput gamma-H2AX assay based on imaging flow cytometry. Radiat Oncol, 2019, 14(1): 150
- [29] Matsuzaki K, Harada A, Takeiri A, et al. Whole cell-ELISA to measure the gammaH2AX response of six aneugens and eight DNA-damaging chemicals. Mutat Res, 2010, 700(1-2): 71-79
- [30] Tronnet S, Oswald E. Quantification of colibactin-associated genotoxicity in HeLa cells by In Cell Western (ICW) using

gamma-H2AX as a Marker. Bio-protocol, 2018, 8(6): e2771

- [31] Matsuda S, Ikura T, Matsuda T. Absolute quantification of γH2AX using liquid chromatography – triple quadrupole tandem mass spectrometry. Anal Bioanal Chem, 2015, 407(18): 5521-5527
- [32] 瞿敏敏,陈佳,张雅姣,等.基于γ-H2AX 检测的两种基因毒性 体外测试方法的比较研究.分析化学,2021,49(12):2039-2047 Qu M M, Chen J, Zhang Y J, et al. Chinese Journal of Analytical Chemistry, 2021,49(12):2039-2047
- [33] Runge R, Hiemann R, Wendisch M, et al. Fully automated interpretation of ionizing radiation-induced γH2AX foci by the novel pattern recognition system AKLIDES®. Int J Radiat Biol, 2012, 88(5): 439-447
- [34] Yoo I Y, Oh J W, Cha H S, *et al*. Performance of an automated fluorescence antinuclear antibody image analyzer. Ann Lab Med, 2017, 37(3): 240-247
- [35] Schouwers S, Bonnet M, Verschueren P, et al. Value-added reporting of antinuclear antibody testing by automated indirect immunofluorescence analysis. Clin Chem Lab Med, 2014, 52(4): 547-551
- [36] Chen Y, Zhang J, Wang H, et al. Design and preliminary validation of a rapid automated biodosimetry tool for high througput radiological triage. Proc ASME Des Eng Tech Conf, 2009, 49002: 61-67
- [37] Garty G, Chen Y, Salerno A, *et al.* The RABIT: a rapid automated biodosimetry tool for radiological triage. Health Phys, 2010, 98(2): 209-217
- [38] Garty G, Chen Y, Turner H C, *et al*. The RABiT: a rapid automated biodosimetry tool for radiological triage. II. Technological developments. Int J Radiat Biol, 2011, 87(8): 776-790
- [39] Garty G, Bigelow A W, Repin M, et al. An automated imaging system for radiation biodosimetry. Microse Res Tech, 2015, 78(7): 587-598
- [40] Bensimon Etzol J, Bouvet S, Bettencourt C, *et al.* DosiKit, a new immunoassay for fast radiation biodosimetry of hair and blood samples. Radiat Res, 2018, **190**(5):473-482
- [41] Bensimon Etzol J, Valente M, Altmeyer S, *et al.* DosiKit, a new portable immunoassay for fast external irradiation biodosimetry. Radiat Res, 2018, **190**(2): 176-185
- [42] Entine F, Bensimon Etzol J, Bettencourt C, et al. Deployment of the DosiKit system under operational conditions: experience from a french defense national nuclear exercise. Health Phys, 2018, 115(1):185-191
- [43] Zhong R, Hou L, Zhao Y, *et al.* A 3D mixing-based portable magnetic device for fully automatic immunofluorescence staining of γ -H2AX in UVC-irradiated CD4+ cells. RSC Adv, 2020, 10(49): 29311-29319

·1933·

# Progress in Detection of Ionizing Radiation Biomarker y-H2AX\*

LIU Ying, XIONG Zhong-Hua, XIA Bin-Yuan, CHEN Shan\*\*

(Institute of Materials, China Academy of Engineering Physics, Mianyang 621907, China)

#### **Graphical abstract**



**Abstract** Ionizing radiation can lead to DNA double-strand breaks, resulting in rapid phosphorylation of histone H2AX to  $\gamma$ -H2AX at the location of double-strand breaks. The number of focal points formed at  $\gamma$ -H2AX aggregations in cells can be applied to the evaluation of DNA double-strand breaks, and is correlated with the radiation dose. Therefore,  $\gamma$ -H2AX can be used as a biomarker to evaluate the mutagenicity of ionizing radiation. It can also be used as a biological dosimeter of ionizing radiation to estimate individual exposure dose. Conventional detection methods of  $\gamma$ -H2AX aggregations include enzyme linked immunosorbent assay (ELISA), Western blot and indirect immunofluorescence assay (IFA), the fluorescent focus of which can be detected by fluorescence microscopy and flow cytometry. Through the investigation of literatures in the past ten years, most of the research work focus on the decrease of sample volume, the development of super-resolution microscopy to

<sup>\*</sup> This work was supported by grants from The National Natural Science Foundation of China (11705170) and the Foundation from Institute of Materials CAEP (TP02201709, TCSQ2016310).

<sup>\*\*</sup> Corresponding author.

Tel: 86-816-3620126, E-mail: qingmoheng@qq.com

Received: December 7, 2021 Accepted: March 15, 2022

obtain sharper images of  $\gamma$ -H2AX aggregations, various image analysis softwares to achieve automation detection and new detection techniques. Research on automation/portable devices is critical to realize point-of-care testing for radiation accident emergency response and medical treatment. In terms of rapid radiation dose estimation and radiation emergency triage, the establishment of a rapid, accurate, portable and automated high-throughput  $\gamma$ -H2AX biological dosimetry is one of the most important research directions. As a biomarker of ionizing radiation in the future,  $\gamma$ -H2AX detection technology has important application value in radiation biology research, radiation molecular epidemiology, radiation accident emergency response and medical treatment. This paper discusses the research progress and application prospect of detection methods based on ionizing radiation biomarker  $\gamma$ -H2AX.

**Key words** ionizing radiation, γ-H2AX, biomarker, biological dosimeter **DOI:** 10.16476/j.pibb.2021.0379