



Quel devenir pour une cellule irradiée: survie ou apoptose ?

Evelyne SAGE

CNRS UMR3348
Institut Curie,
Université de Paris-Sud (XI)
Orsay

Evelyne.Sage@curie.fr

Société Française de RadioProtection (SFRP)
Recherche et Santé
Journée Faibles Doses
Paris, 19 mars 2013

Risques de cancer associés aux faibles doses de radiation

Dommages de d'ADN → mutations → cancer

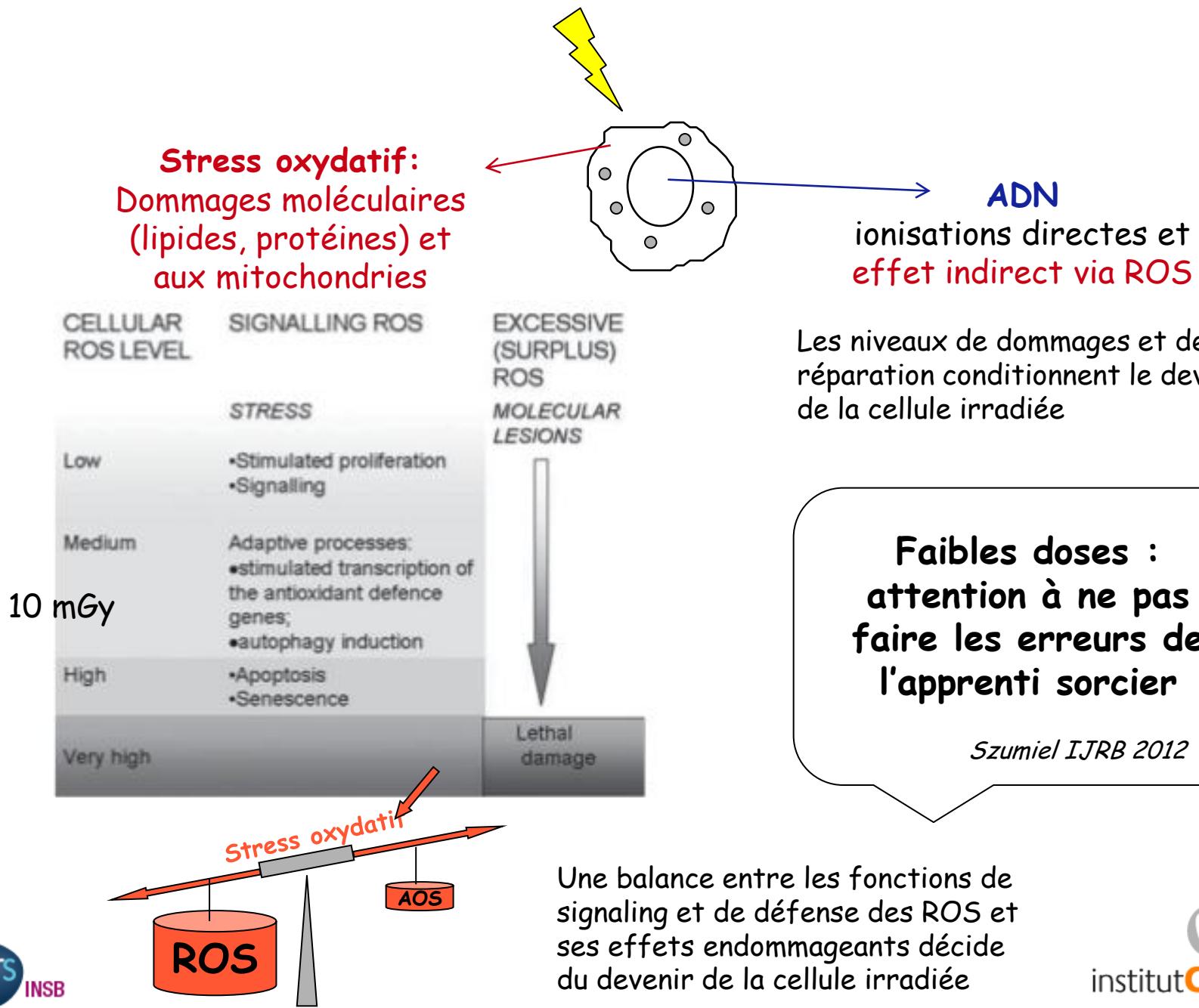
la quantité de dommage est proportionnelle à la dose absorbée
la nature des dommages est la même à faible et forte dose

Les doses les plus faibles soit-elles peuvent accroître la probabilité de développer un cancer

Idée mise à l'épreuve (challenged) :

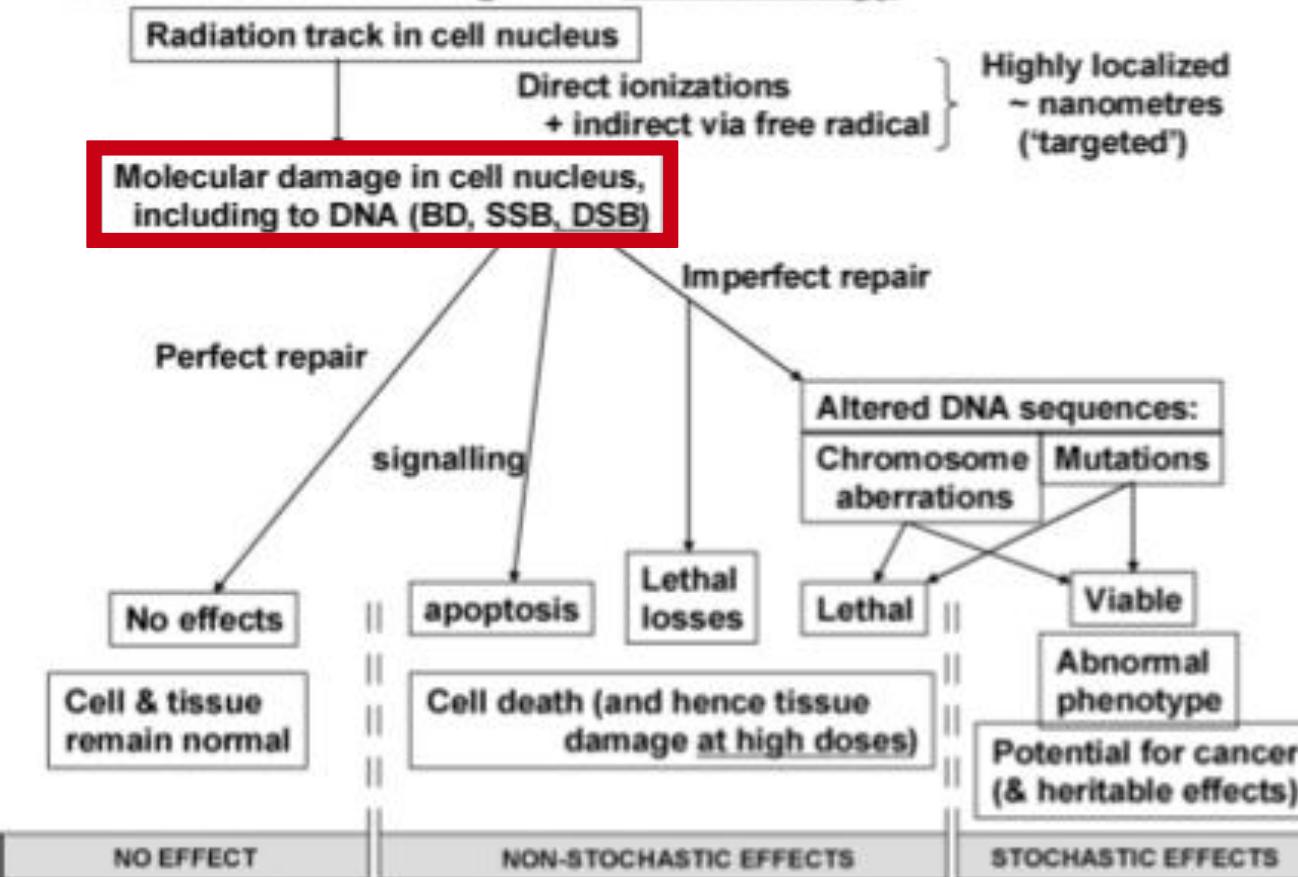
des expositions aux faibles doses de radiation peuvent-elles avoir un effet bénéfique pour la santé : hormésis

La persistance d'une instabilité génomique transmissible d'une cellule à l'autre et le phénomène de bystander peuvent-ils ou non augmenter le risque de cancer au delà de l'extrapolation du modèle LNT (Little Mutat res 2010)



Paradigme pour les risques associés aux radiations et à la radioprotection

Conventional Paradigm for Radiobiology:



Etat des connaissances sur les phénomènes radiobiologiques qui ne suivent pas ce paradigme encore insuffisant pour en formuler de nouveaux

Dommages de l'ADN et leur réparation

Types of damage	Number of radio-induced damage per Gy per cell
Oxidized bases	2000
Single strand breaks	1000
Abasic sites	250
Double strand breaks	40
DNA-protein crosslinks	150
Clustered lesions	130 *

dommages oxydatifs isolés:
réparation rapide et fidèle
qqmin à 2-3 hrs
par BER

* For X or γ rays :

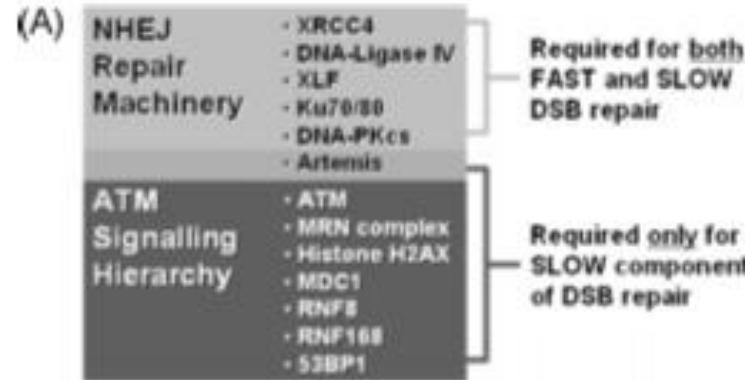
1 DSB / 2 oxybase clusters / 1.3 abasic cluster
augmentent avec le TEL

(Burkart W et al. CR Acad Sci III 1999; 322:89-101;
Ward JF Prog Nucl Acids Res Mol Biol. 1988; 35: 95-125)

* Georgakilas ,...Sutherland, 2004 NAR 32, 5609-5620

Dommages de l'ADN et leur réparation

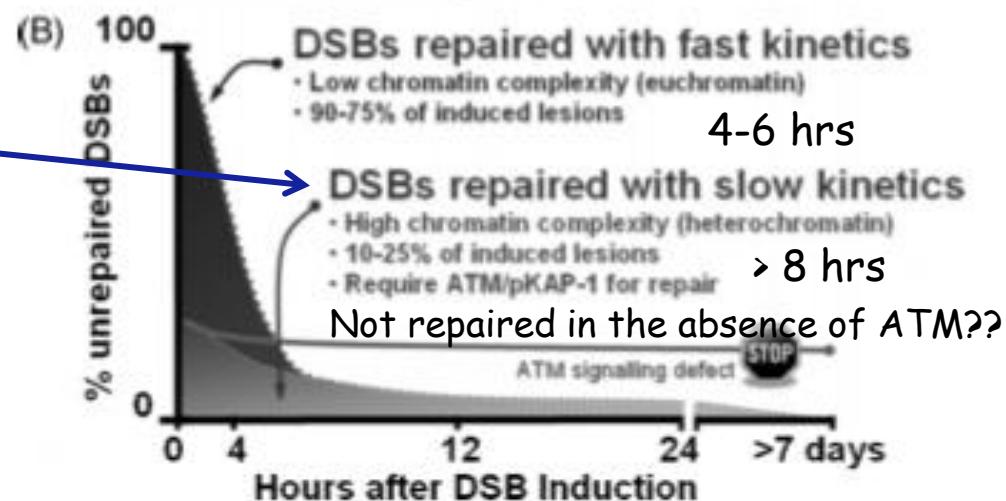
Types of damage	Number of radio-induced damage per Gy per cell
Oxidized bases	2000
Single strand breaks	1000
Abasic sites	250
Double strand breaks	40
DNA-protein crosslinks	150
Clustered lesions	130 *



DSB complexes
DSB clusters

(Burkart W et al. CR Acad Sci III 1999; 322:89-1
Ward JF Prog Nucl Acids Res Mol Biol. 1988; 35: 5

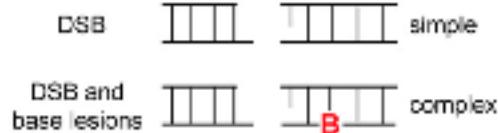
* Georgakilas ... Sutherland, 2004 NAR 32, 5609.



Clustered lesions or Multiply Damaged Sites (MDS):

Accumulation of DNA lesions (≥ 2), including base damage, abasic sites and strand breaks distributed on both strands within 1 or 2 helix turns, produced by a single radiation track

DSB-clustered DNA damage



non-DSB-clustered DNA damage



Eccles et al 2011

In cultured human cells, oxidized base and abasic clusters are slowly repaired compared to DSB

Complex DSB are poorly repaired

Persistent clustered DNA lesions detected in mouse skin 20 weeks after irradiation*

They may lead to mutations, chromosomal instability and cell death

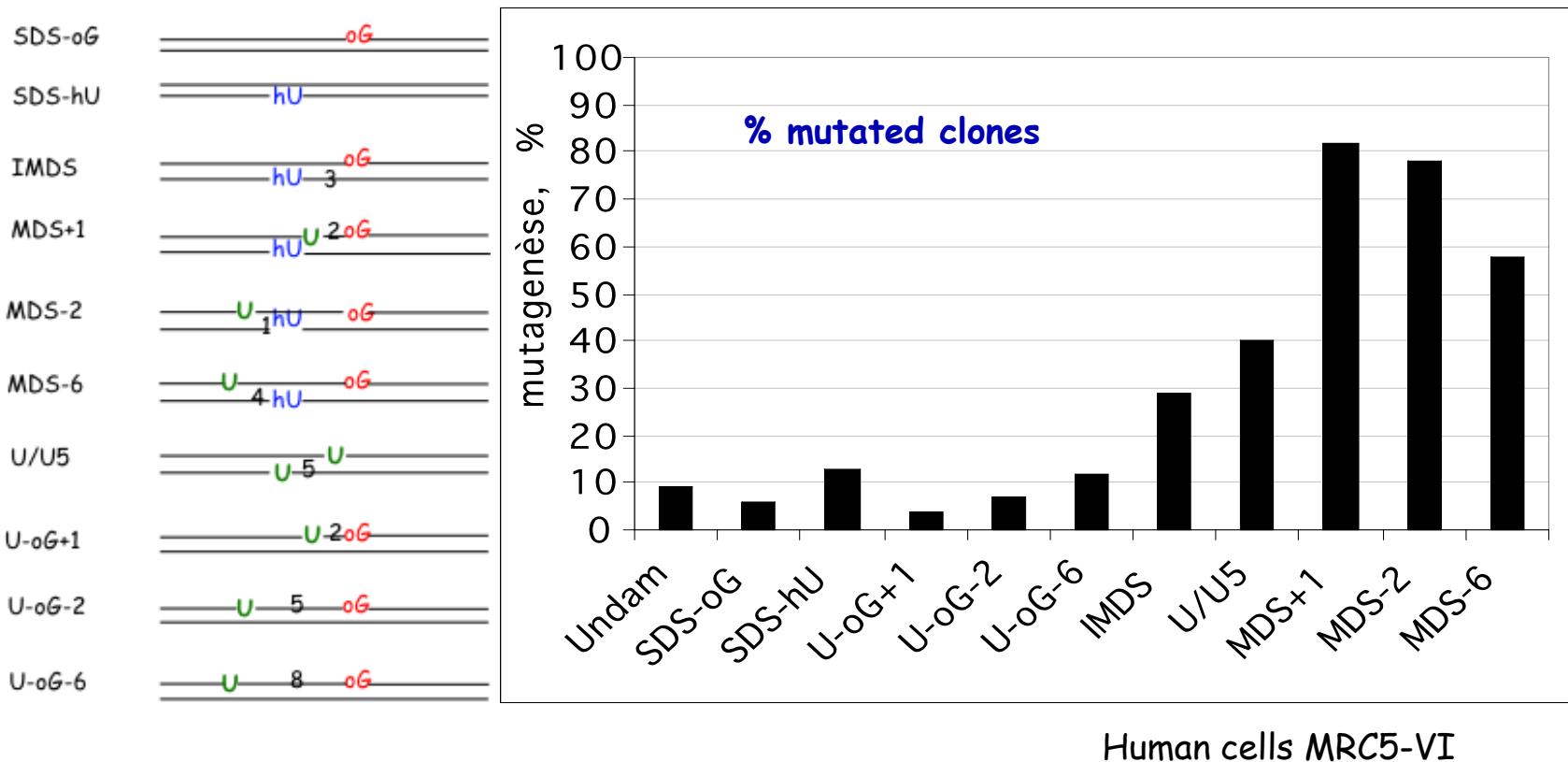
For review :

L Eccles, P O'Neill, M Lomax, Mutat. Res. 711, 134-141, 2011

E Sage & L Harrison, Mutat. Res. 711, 123-133, 2011

* Gollapalle et al, Radiat Res 167, 207-2016, 2007

Mutagenesis is drastically enhanced at MDS



2 lesions on same strand (U-oG) : poorly mutagenic

2 opposite lesions (IMDS, U/U) : mutation level more than additive (x 1.5-2)

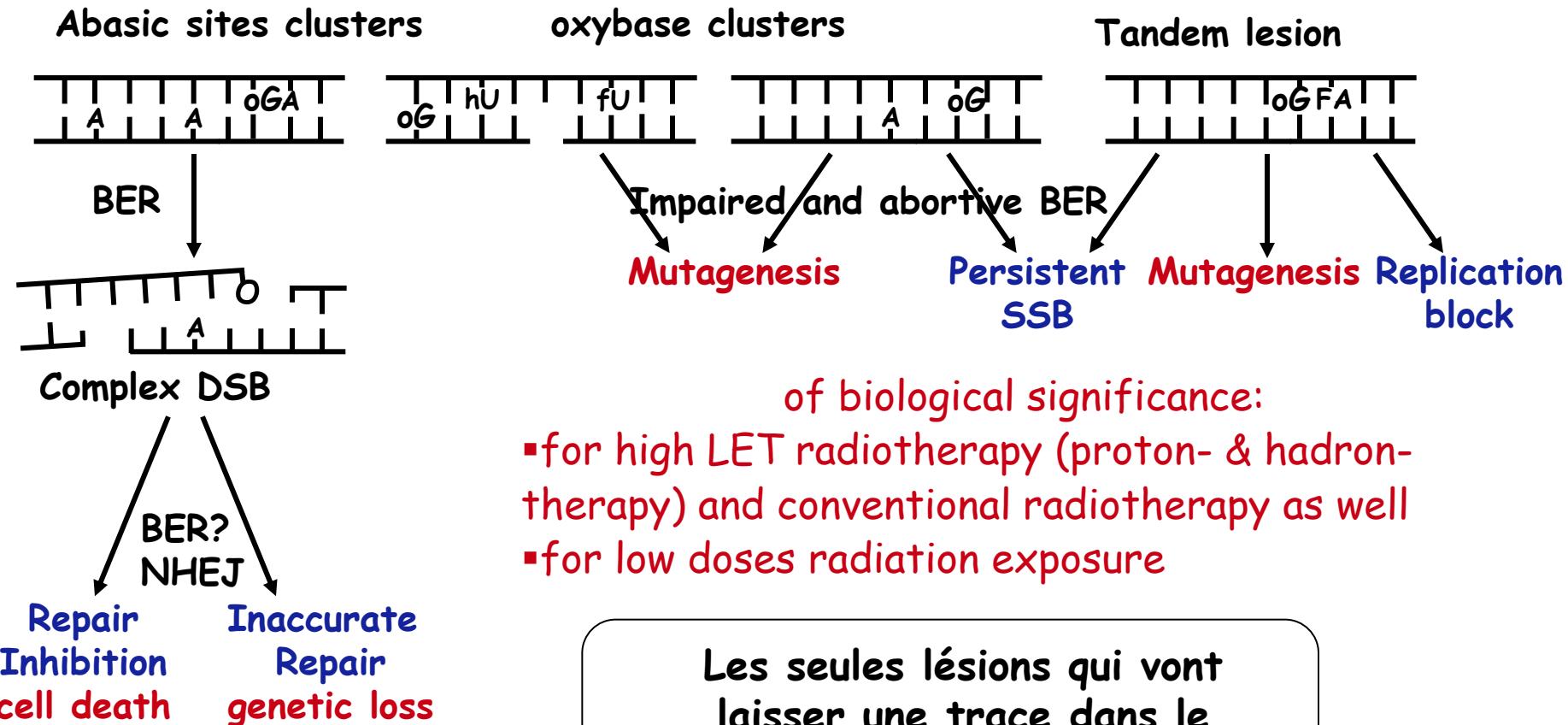
3 opposite lesions (MDS): mutagenesis x3-4 but decreases when distance between lesions increase (MDS-6)

Up to 80% of mutated clones for MDS

Sedletska & Sage to be published

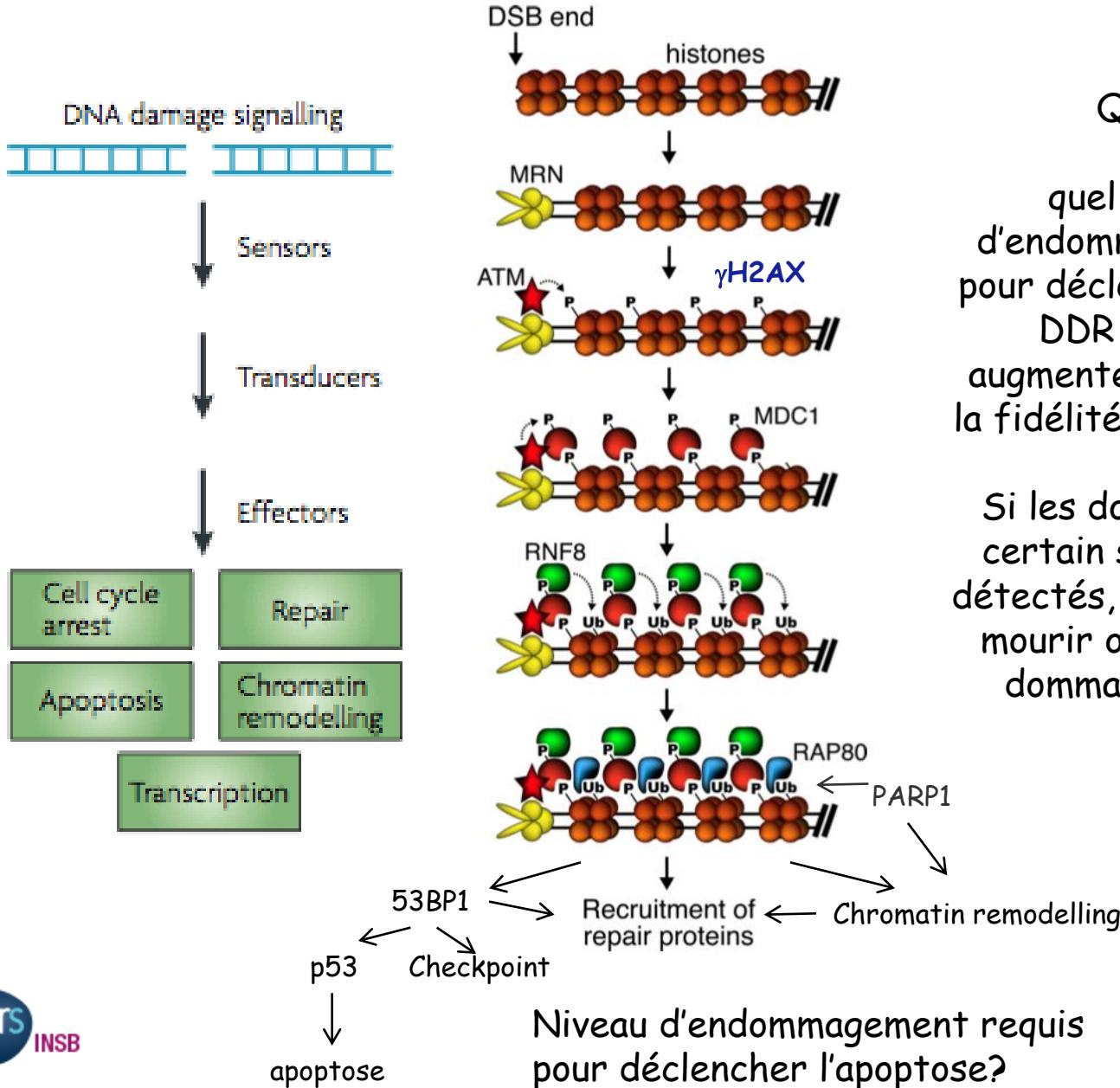
More generally: biological consequences of clustered DNA damage in eukaryotes

Non-DSB Bistranded Lesion



Les seules lésions qui vont laisser une trace dans le génome à faible dose !

Réponse cellulaire aux dommages (DSB)



Questions:

quel est le niveau d'endommagement requis pour déclencher la réponse DDR et donc pour augmenter l'efficacité et la fidélité de la réparation?

Si les dommages sous un certain seuil ne sont pas détectés, la cellule pourrait mourir ou accumuler des dommages génétiques

Induction and repair of DSB at low doses of X rays

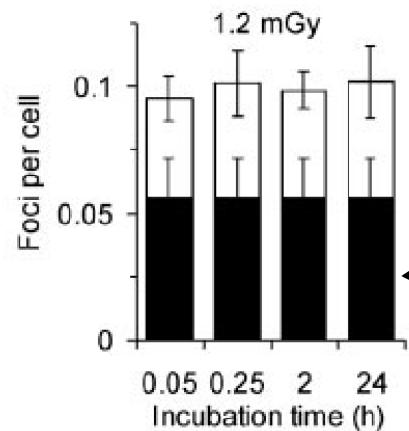
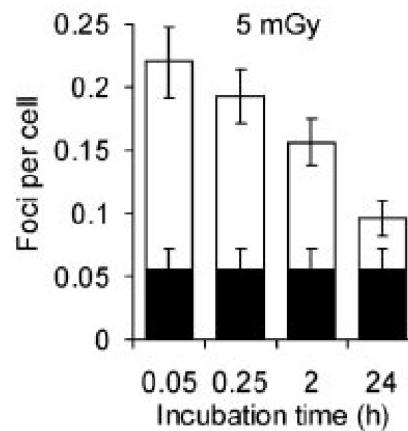
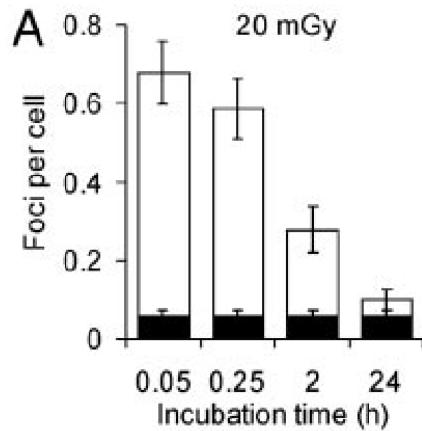


γ -H2AX foci

at 2 Gy, 200 mGy, 20 mGy : efficient repair

at 5 mGy repair is slower and less efficient

at 1,2 mGy, 0.1 DSB formed per cell. (1 every 10 cells) : no repair at 24h and persist up to 7 days, then cell death by apoptosis



Background in the absence of irradiation : 0.05 DSB per cell

At very low dose no repair (no signalling, thus cell death?)

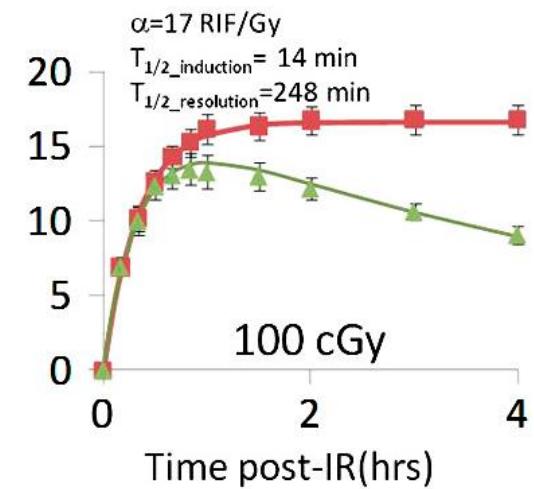
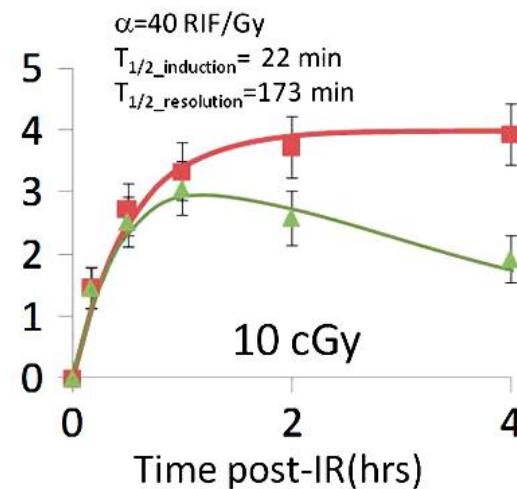
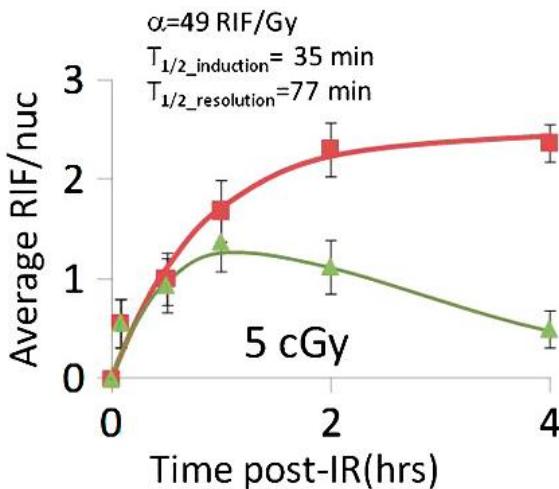
Réponse DDR dès 1 mGy détectée par les foyers γ -H2AX

Rothkamm K., Löbrich M. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 2003, 100, 5057-5062

Evidence for formation of DNA repair centers and dose-response nonlinearity in human cells

Publication de Costes et col : Neumaier et al PNAS 109, jan 2012, 443-448

RX 0.1 à 1 Gy - MCF10A - foyers (RIF) 53BP1 - time-lapse



Conclusions

The total number of RIF was not proportional to dose, was relatively lower at higher doses (73 vs 28 RIF/Gy at 0.1 and 1 Gy respectively)

RIF induced at low doses appeared more slowly and were resolved faster than after 1Gy

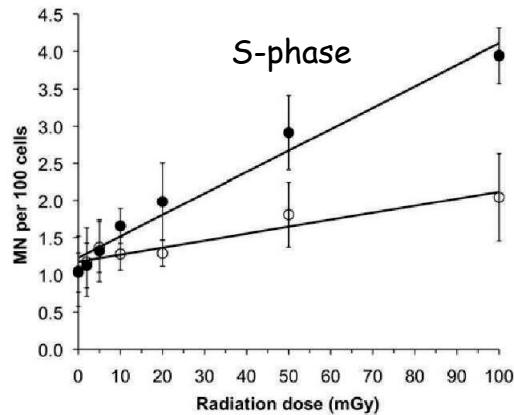
Average RIF diameter of 0.64 μm for both high & low doses

Altérations génétiques - instabilité génomique

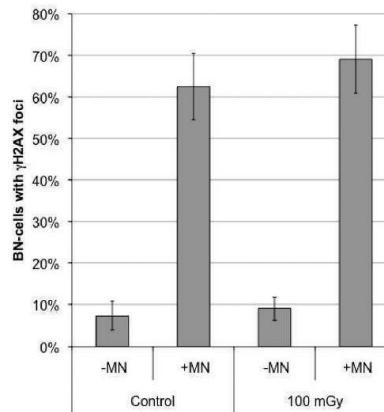
No threshold for the induction of chromosomal damage at clinically relevant low doses of X-Rays (2 - 100 mGy)

micronoyaux (MN)
après 1^{ère} mitose

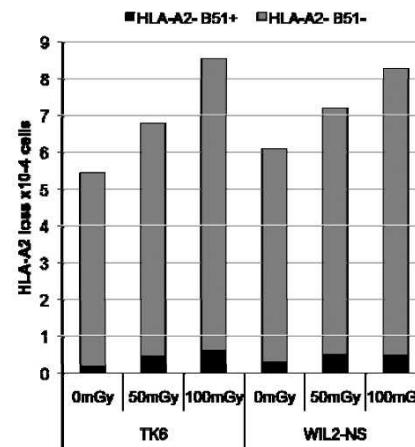
Cellules destinées à mourir? Pas sûr!



MN avec foci γ H2AX
(= DSB non-réparées)



LOH (up to 1 Mb)
après plusieurs divisions



0.5% des DSB ne seraient pas refermées par la machinerie de réparation, quelque soit la dose (contexte chromatinien ou complexité des lésions multiples)
Perte d'hétérozygotie dans des cellules viables !

Une fraction des cellules endommagées par de faibles doses de radiation peut survivre au prix d'un RISQUE accru d'instabilité génomique qui pourrait conduire par ex à une perte d'hétérozygotie de gènes suppresseurs de tumeur

Anomalies chromosomiques, détectées par FISH, et aneuploidie apparaissent plusieurs générations après 50 - 500 mGy de rayons X type mammographie, dans des cellules porteuses de mutation BRCA1 et BRCA2

Frankenberg-Schwager & Gregus IJRB 88, 846 (2012)

Pour des doses > 0.5 Gy, ces anomalies ont disparu après plusieurs doublages, par élimination de la population proliférante , ce qui n'est pas le cas pour des doses < 0.5 Gy !

Effets retardés de l'instabilité chromosomique dans la descendance des cellules humaines hétérozygotes pour BRCA après exposition aux faibles doses mais pas aux doses élevées de R-X

Les R-X de type mammographie déposent 4-5 fois plus de dose/hit que les rayons $\gamma^{60}\text{Co}$

Les faibles doses sont plus efficaces pour induire une instabilité génomique et les faibles doses de radiation de haut TEL sont plus efficaces que les radiations de bas TEL

Les altérations épigénétiques, méthylation de l'ADN et expression des miRNA après irradiation à faible et haut TEL (0,1-1 Gy)

Sur cellules hybrides hamster/homme; R-X 2 keV/ μ m 0,5 - 1 Gy; Fe 150 keV/ μ m 0,1 - 1 Gy

Analyse dans clones chromosomiquement stables (16-20 générations)

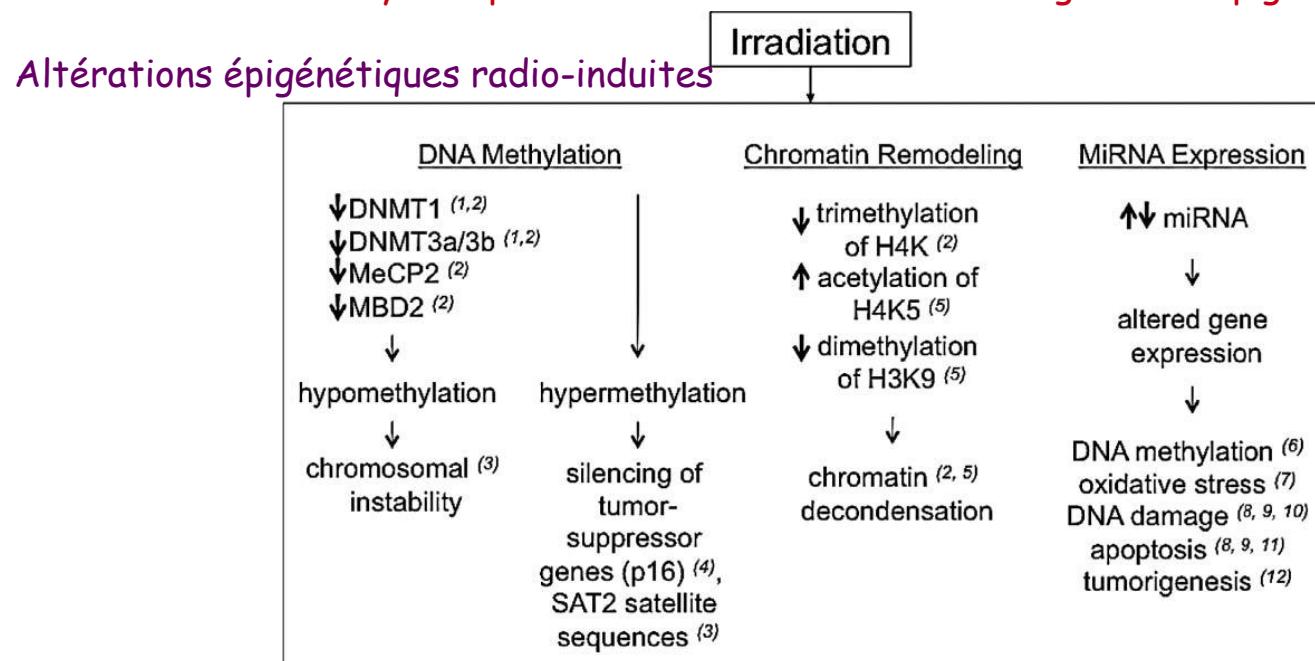
Endpoints : methylation locus spécifique et à CpG et non-CpG et expression de miRNA

hypo > hyperméthylation et tendances différentes entre haut et faible TEL, (dose-dépendance?)

miRNA altérés impliqués dans remodelage de la chromatine, DNA méthylation, apoptose

Un plus grand nombre de miRNA altérés après R-X (6) que radiation haut TEL (3)

ROS et stress oxydant pourraient contribuer à ces changements épigénétiques



...le lien manquant pour comprendre l'instabilité génétique et la cancérogénèse radio-induites ???

Sage 's team

Lab. Biology of Radiation

CNRS UMR 3348, Institut Curie, Univ. Paris-Sud XI, Orsay (France)

Yuliya Sedletska, post-doc

Stanislav Kozmin, post-doc

Séverine Eon-Marchais, post-doc

Grégory Eot-Houllier, doc

Marta Gonera, doc

Anne Reynaud-Angelin, assistant

Laboratoire des Lésions des Acides Nucléiques

INAC/SCIB, CEA-UJF, CEA-Grenoble (France)

Jean Luc Ravanat

Didier Gasparutto

**Institut de Radiobiologie Cellulaire et Moléculaire, CEA, Fontenay aux
Roses (France)**

Pablo Radicella

Centre de Biophysique Moléculaire, CNRS, Orléans (France)

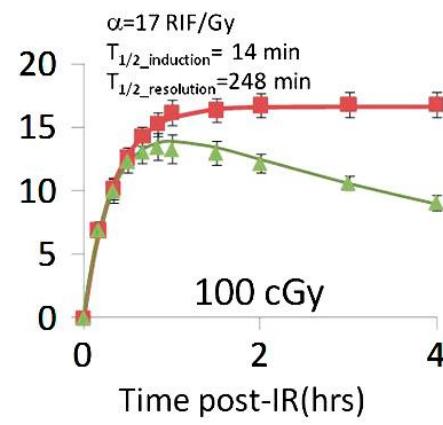
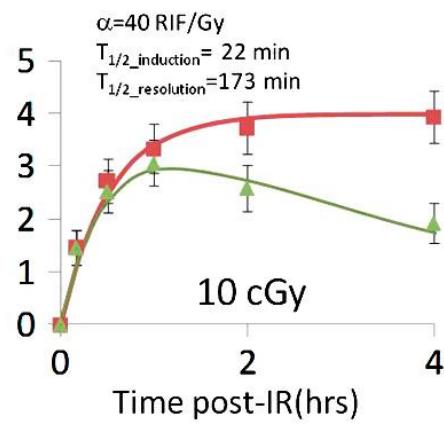
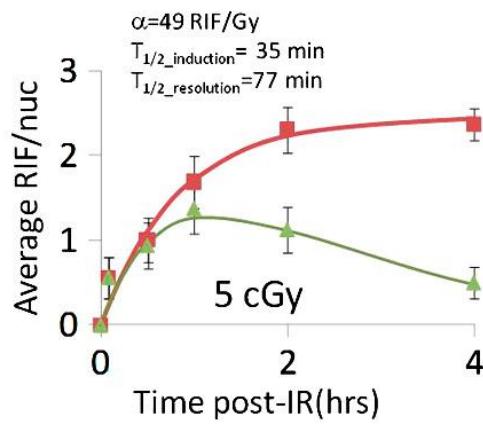
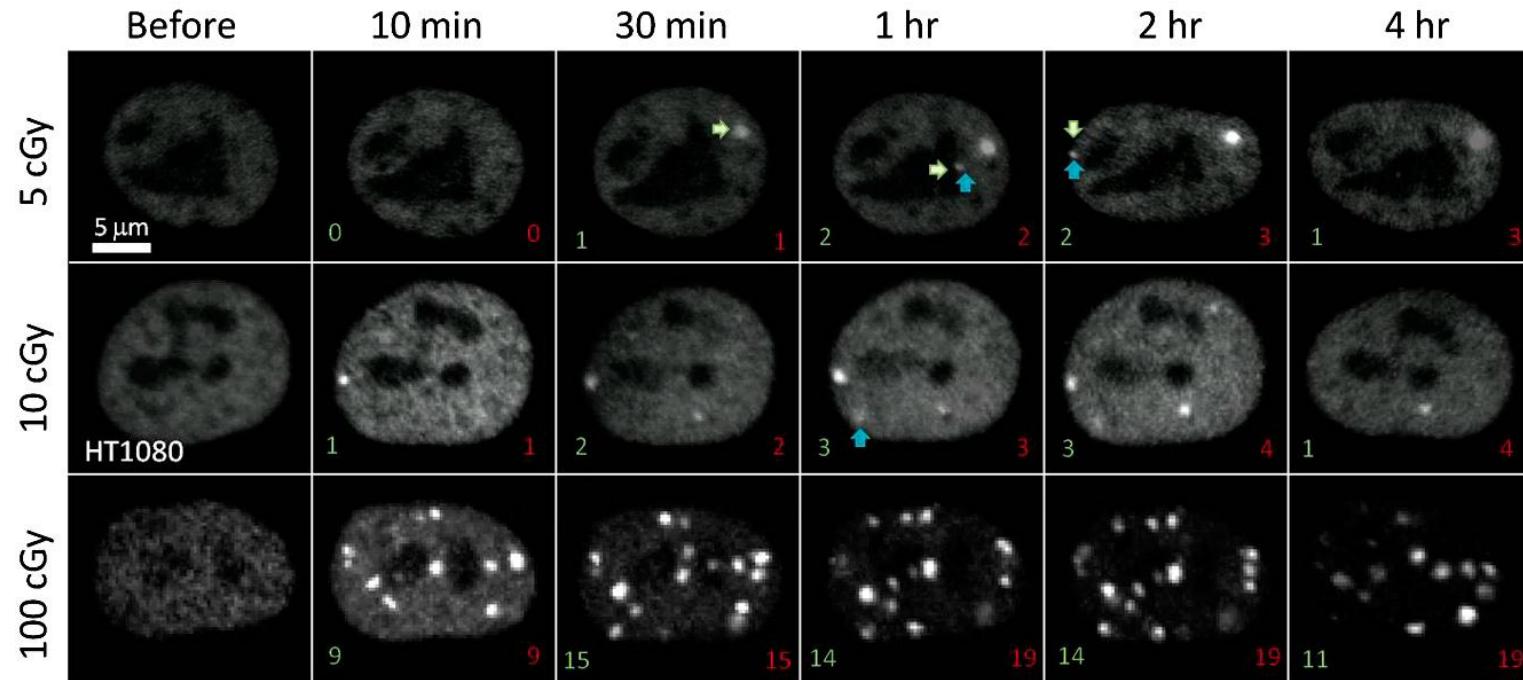
Bertrand Castaing

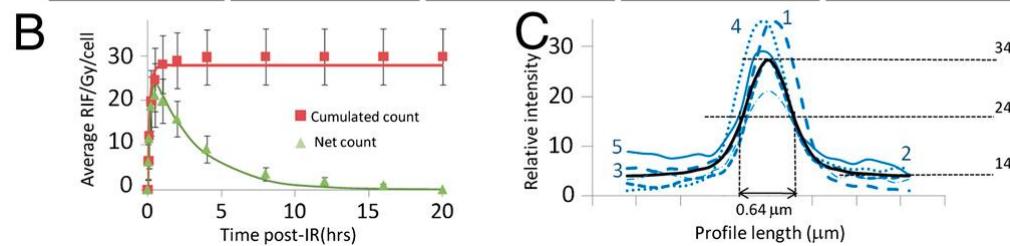
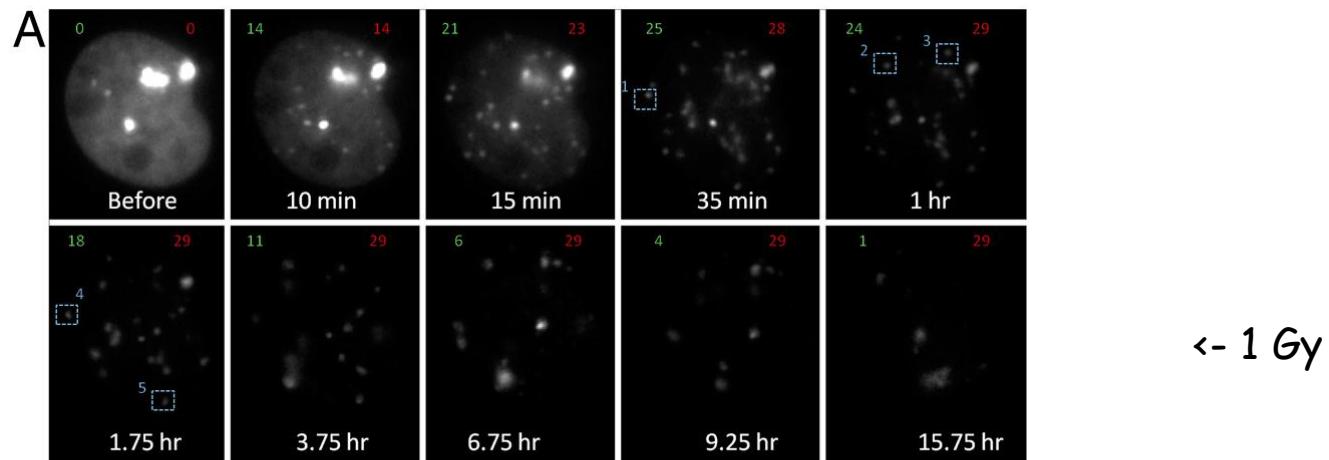
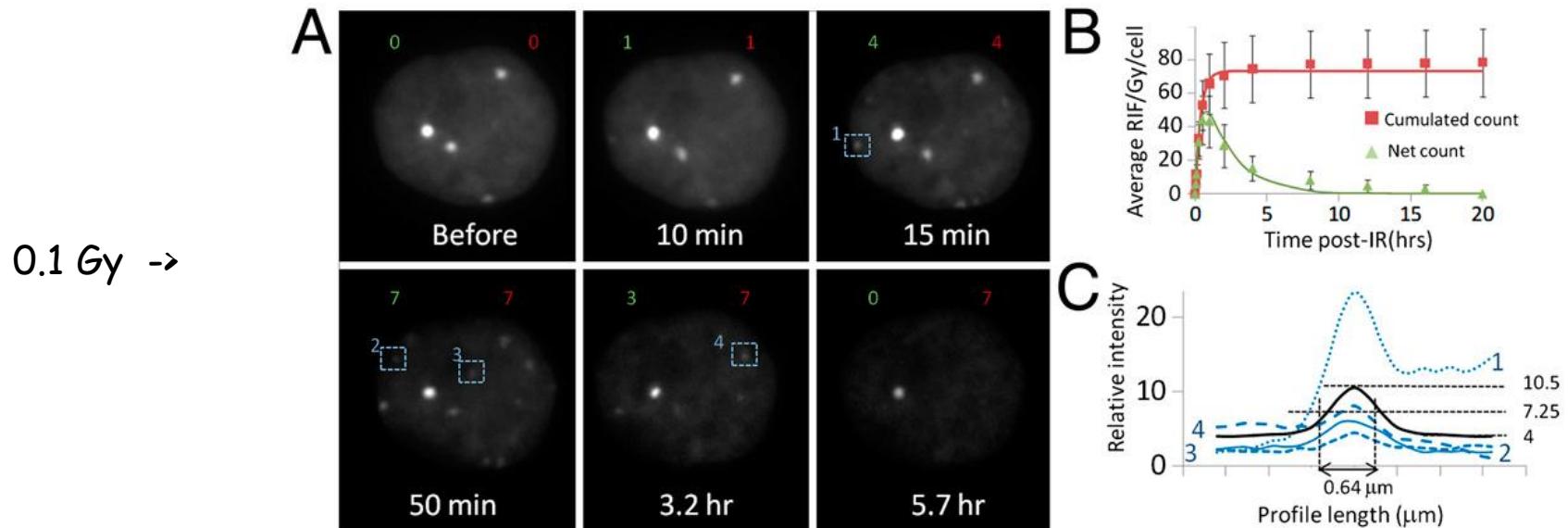
Serge Boiteux



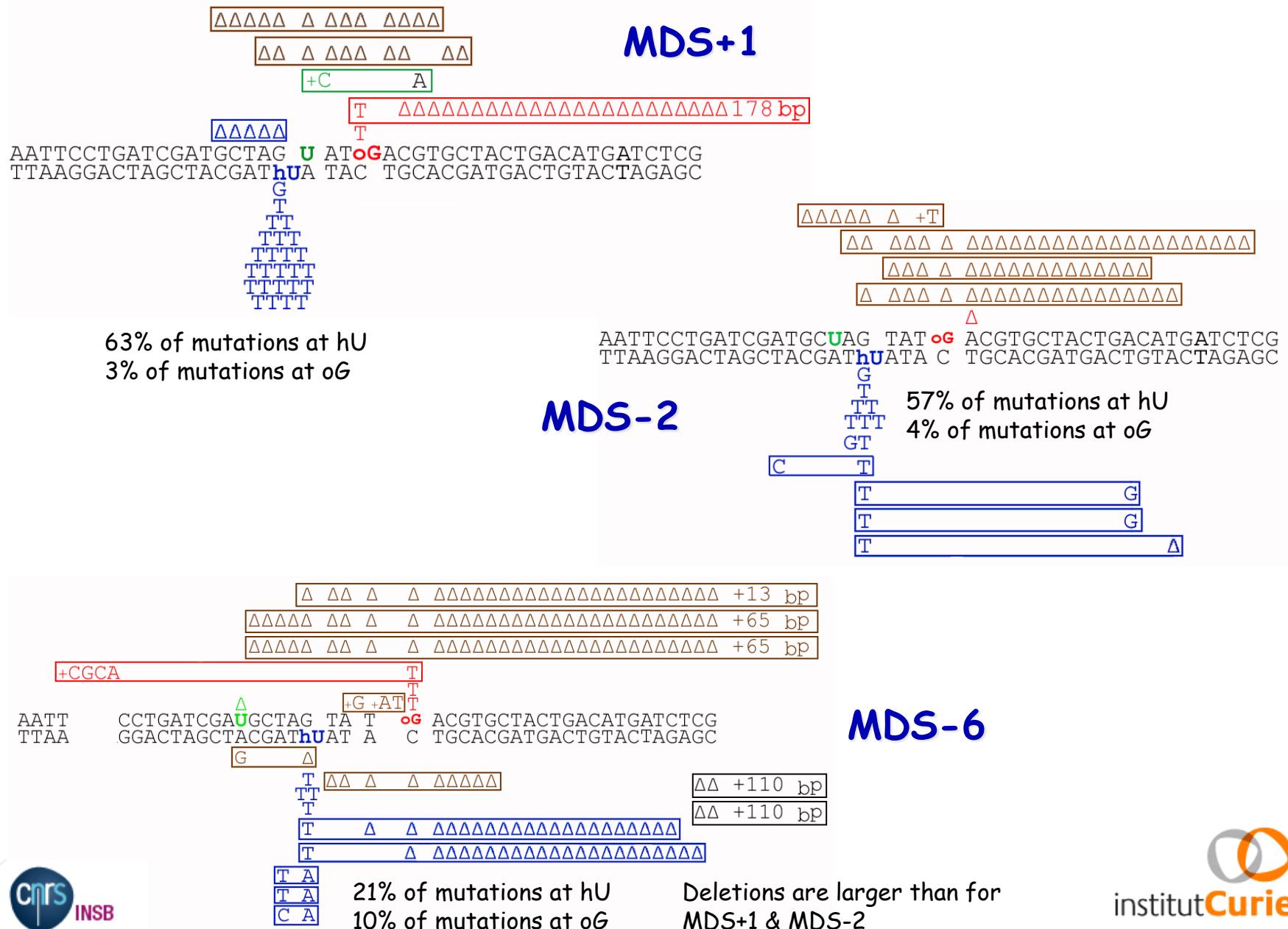


Thank you





Mutation spectra of MDS-U/hU/oG



Mutation spectra of MDS

AATTCTGATCGAT GCTA G TATGACGTGCTACTCACATGATCTCG
 TTAAGGACTAGCTA CGAT**hu**TACTGCACGATGAGTGTACTAGAGC
^T
^T
^{TT}
 +A **T**

△
△
T C CT
T E

AATTCTGATCGATGCTAG TAT**CG** ACGTGCTACTGACATGATCTCG
TTAAGGACTAGCTACGAT**hU**ATAC TGCACGATGACTGTACTAGAGC

IMDS

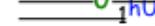
AATTCTGATCGATGCTAGTATGACGTGC **C** UACTCACATGATCTCG
TTAAGGACTAGCTACGATCATAC **U** GCACGATGAGTGTACTAGAGC

The diagram illustrates a DNA sequence structure. At the top, a green bracket spans the entire sequence. Below it, a horizontal line with vertical ends represents the DNA backbone. The sequence consists of three main regions: a terminal repeat of 15 bp (labeled '+15 bp'), a central region of 167 bp (labeled '+167 bp'), and another terminal repeat of 75 bp (labeled '+75 bp'). The terminal repeats are composed of a series of small triangles representing nucleotides.

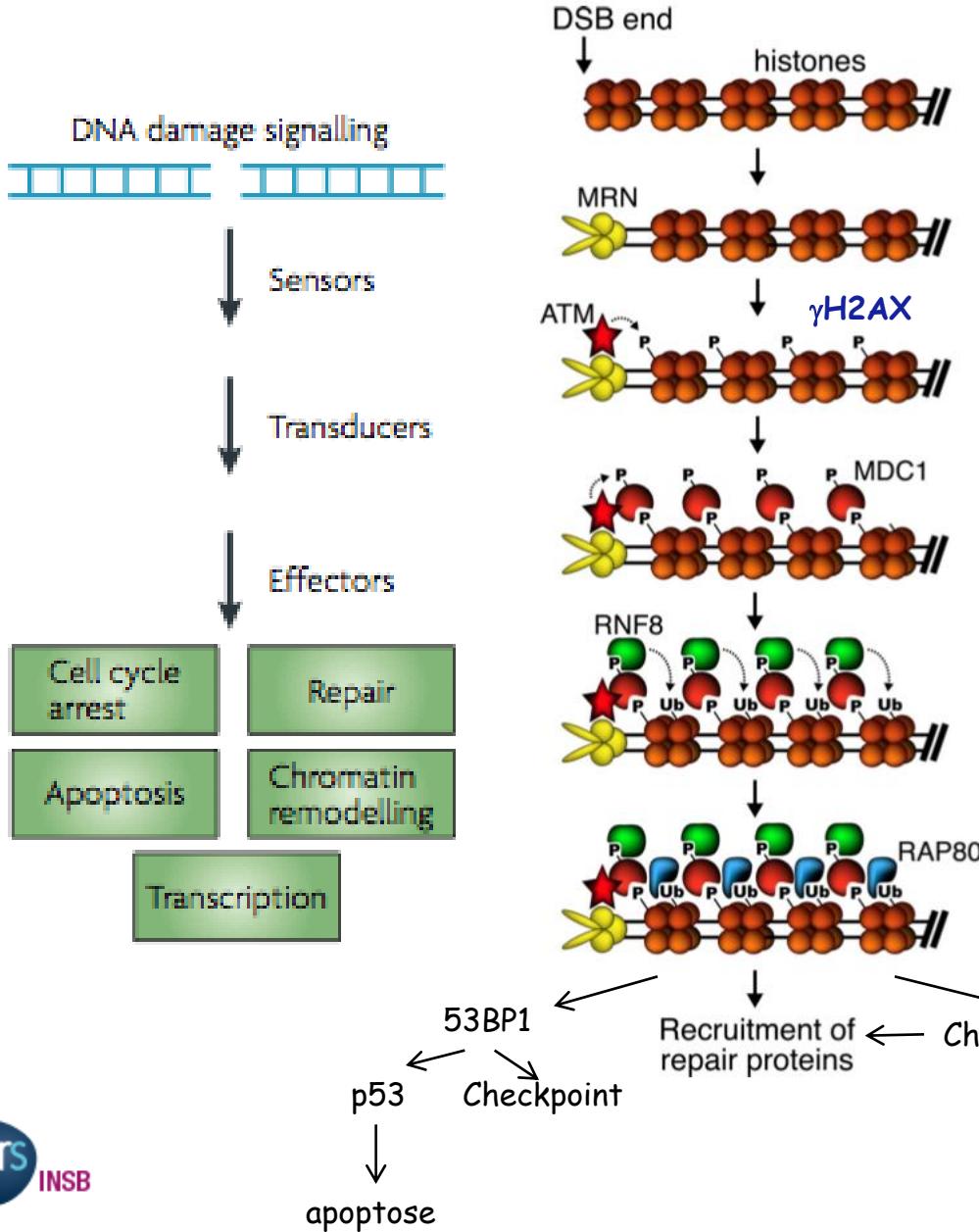
U/U5

Mutagenesis is drastically enhanced at MDS

SDS-0G	<u>oG</u>
SDS-hU	<u>hU</u>
IMDS	<u>hU</u> <u>3</u> <u>oG</u>
MDS+1	<u>hU</u> <u>U</u> <u>2</u> <u>oG</u>
MDS-2	<u>U</u> <u>1</u> <u>hU</u> <u>oG</u>
MDS-6	<u>U</u> <u>4</u> <u>hU</u> <u>oG</u>
U/U5	<u>U</u> <u>5</u> <u>U</u>
U-0G+1	<u>U</u> <u>2</u> <u>oG</u>
U-0G-2	<u>U</u> <u>5</u> <u>oG</u>
U-0G-6	<u>U</u> <u>8</u> <u>oG</u>

SDS-oG		oG
SDS-hU		hU
IMDS		hU 3 oG
MDS+1		hU U 2 oG
MDS-2		U 1 hU oG
MDS-6		U 4 hU oG
U/U5		U 5 U
U-oG+1		U 2 oG
U-oG-2		U 5 oG
U-oG-6		U 8 oG

Réponse cellulaire aux dommages (DSB)



Importance des modifications épigénétiques

Les modifications des histones constituent un **code histone** qui permet de sélectionner les interactions contrôlées dans le temps, et dirige le recrutement des protéines impliquées dans la signalisation du dommage et dans la réparation et de sélectionner la voie de réparation