

А.К. Чигасова^{1,2,3}, А.Н. Осипов^{1,2}

A.K. Chigasova^{1,2,3}, A.N. Osipov^{1,2}

**Анализ фокусов фосфорилированного гистона H2AX в радиобиологии: обзор
литературы**

Analysis of phosphorylated histone H2AX foci in radiobiology: a literature review

Ключевые слова: γ H2AX, повреждения ДНК, репарация ДНК, ионизирующие излучение

Key words: γ H2AX, DNA damage, DNA repair, ionizing radiation

¹ Федеральный медицинский биофизический центр им. А.И. Бурназяна ФМБА России,
Москва

² Федеральный исследовательский центр химической физики им. Н.Н. Семенова РАН,
Москва

³ Институт биохимической физики им. Н.М. Эмануэля РАН, Москва

¹ State Research Center - Burnasyan Federal Medical Biophysical Center of Federal Medical Biological Agency, Moscow, Russia

² N.N. Semenov Federal Research Center for Chemical Physics, Russian Academy of Sciences
Moscow, Russia

³ Institute of Biochemical Physics of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

Контактное лицо: Андреян Николаевич Осипов, andreyan.osipov@gmail.com

Information about the authors:

A.K. Chigasova, <http://orcid.org/0000-0001-7288-7155>

A.N. Osipov, <http://orcid.org/0000-0001-5921-9056>

СОДЕРЖАНИЕ

Введение

Общая характеристика гистона H2AX

Природа спонтанных (фоновых) фокусов γ H2AX

Образование фокусов γ H2AX в облученных клетках

Влияние структуры хроматина на образование и деградацию радиационно-индукционных фокусов γ H2AX

Влияние фазы клеточного цикла на образование и деградацию радиационно-индукционных фокусов γ H2AX

Остаточные радиационно-индукционные фокусы γ H2AX

Заключение

CONTENTS

Introduction

General characteristics of histone H2AX

Sources of spontaneous (background) γ H2AX foci

Formation of γ H2AX foci in irradiated cells

The influence of chromatin structure on the formation and degradation of radiation-induced γ H2AX foci

The influence of cell cycle phase on the formation and degradation of radiation-induced γ H2AX foci

Residual radiation-induced γ H2AX foci

Conclusion

Введение

В 1953 году в журнале «Nature» опубликовано фундаментальное открытие Ф. Крика и Д. Уотсона о структуре дезоксирибонуклеиновой кислоты (ДНК), являющейся носителем наследственного кода клетки. Стало известно, что ДНК состоит из двух равнозначных цепей. Такая структура обеспечивает резерв надежности, так как в случае поломки (разрыва одной из цепей) вторая используется как матрица для восстановления целостности с соблюдением точной последовательности азотистых оснований. Несопоставимо сложнее развиваются процессы репарации в случае разрыва обеих цепей ДНК, которые могут возникать в результате воздействия различных эндогенных и экзогенных факторов (радиационное воздействие, химические соединения и др.). На пути изучения этих процессов основной методической трудностью становится поиск надежного метода определения двунитевых разрывов (ДР) ДНК. С 1973 года были предложены различные способы определения ДР ДНК, основанные на изменении физико-химических характеристик ДНК: метод гель-фильтрации [1], метод седиментации или ультрацентрифугирование в нейтральном градиенте сахарозы [2], метод пульс гель электрофореза [3], метод электрофореза ДНК единичных клеток (ДНК-комет) [4]. Однако чувствительность этих методов крайне низка (в зависимости от метода от нескольких Гр и даже десятков Гр) [5]. Для решения этой проблемы начиная с 1998 г активно развиваются технологии непрямого анализа ДР ДНК, основанные на иммуноцитохимическом анализе количества динамических микроструктур, образующихся в местах репарации ДР ДНК и состоящих из белков, участвующих в репарации этих повреждений [5]. Эти микроструктуры получили название фокусы (англ. foci). Наибольшее развитие получил иммуноцитохимический анализ фокусов фосфорилированного корового гистона H2AX (γ H2AX). Количественный анализ фокусов γ H2AX в настоящее время считается самым чувствительным методом анализа репарации ДР ДНК и позволяет детектировать увеличение количества сайтов репарации ДР ДНК при дозах облучения всего в несколько мЗв [6].

Общая характеристика гистона H2AX

В 1998 году было опубликовано сообщение Rogakou E.P et al. о том, что в клетках в первую минуту после воздействия рентгеновского излучения на месте образования ДР появляются фосфорилированные формы корового гистона H2AX [7].

H2AX является членом семейства гистонов H2A, одного из пяти семейств гистонов, которые участвуют в упаковке и организации ДНК в хроматине.

Как и многие клеточные белки, гистон H2AX подвергается ряду химических реакций. Он может быть ацетилирован по лизину-5 [8, 9]; биотинилирован по лизину-9 и -13 [10];

убиквитилирован по лизину-119 [9] и фосфорилирован по серину-1[8] и -139 [7], а также по тирозину-142 [11].

При этом отмечено, что лишь некоторые реакции имеют значение при образовании ДР ДНК [12]. К примеру, в обычных условиях (без воздействия повреждающих факторов) фосфорилирование H2AX происходит по тирозину-142, а при появлении ДР ДНК моментально запускается его дефосфорилирование, которое в свою очередь, является предпосылкой для фосфорилирования H2AX по серину-139. Когда происходит фосфорилирование H2AX по тирозину-142, сродство серина-139 к факторам ответа на повреждение ДНК (MDC1, MRE11 и Rad50) значительно снижается и происходит связывание с проапоптотическим фактором JNK1. В этой связи было высказано предположение, что статус фосфорилирования по тирозину-142 является определяющим фактором судьбы клетки после повреждения ДНК [11].

Кроме того, убиквитилирование H2AX по лизину-119 с его предшествующим ацетилированием по лизину-5 способствуют высвобождению H2AX из хроматина под действием комплекса Tip60 и UBC13 после образования ДР ДНК, вызванных ионизирующими излучениями, в результате чего, изменяется структура хроматина, и ДР становятся более доступными для белков репарации [9].

Центральным звеном многочисленных сигнальных путей, активируемых в ответ на ДР ДНК, является фосфорилирование гистона H2AX по серину-139. Присоединение фосфата происходит к кислороду серина в гамма- положении, поэтому модифицированная форма широко упоминается как γH2AX. Обнаружено, что γH2AX концентрируется в течение 20 секунд с момента образования ДР ДНК на расстояние до 2 Мб от места повреждения [7] и после иммуноцитохимического окрашивания проявляется в виде ярких точек, вследствие чего они получили название фокусов белков репарации. В настоящее время признано, что каждый фокус γH2AX представляет собой сайт репарации одиночных или множественных ДР ДНК [13] в результате которого фосфорилируется около 2000 молекул H2AX [14].

Природа спонтанных (фоновых) фокусов γH2AX

В клетках всегда присутствует фоновый уровень фокусов фосфорилированного гистона H2AX. Для каждого вида и линии клеток уровень спонтанных фокусов γH2AX является в определенной мере стационарной характеристикой [15, 16]. Так, уровень спонтанных фокусов γH2AX в ядрах фибробластов человека меняется в пределах от 0,2 до 2,6 фокусов/ядро [17]. Поскольку фокус γH2AX маркирует ДР ДНК, то объяснением существенного различия (в 5-50 раз) в количестве фоновых фокусов γH2AX можно считать

коллапс репликативной вилки в S-фазе клеточного цикла. Еще одной причиной возрастания числа фокусов γH2AX могут быть повреждения ДНК на концевых участках хромосом или теломерах в процессе старения клеток [18]. Так, в результате многих циклов деления, когда клетка проходит через S-фазу, теломерная ДНК становится короче на 100-150 нуклеотидов, поскольку во время репликации ДНК невозможно точное копирование самых концов теломерной ДНК и, в результате, остаются очень короткие теломеры, которые не могут эффективно защищать концы хромосомальной ДНК. Так, Herbig U. et al. (2006) было показано, что более 80% стареющих фибробластов бабуина имели фокусы γH2AX, индуцированные дисфункцией теломер [19]. Кроме того, для каждой линии клеток, характерно определенное количество повреждений ДНК, ассоциированных с теломерами [20].

Важно отметить, что значение фонового уровня фокусов γH2AX не зависит от доли белка H2AX в пule гистона H2A, включающего все его варианты (H2A1, H2A2, H2A-Bbd, H2AX и H2AZ), в составе нуклеосом. По данным Rogakou E.P. et al. (1998) в нормальных фибробластах человека около 10% H2AX присутствует в пule гистона H2A, 2% H2AX от общего количества H2A в лимфоцитах и HeLa клетках и до 25% в опухолевой клеточной линии глиомы человека (SF268) [7]. В то же время в работе Markova E. et al. (2007) было установлено, что в опухолевых клетках линии HeLa количество спонтанных фокусов γH2AX и значительно выше, чем в нормальных клетках (фибробlastы линии VH-10) [21].

Наибольшее влияние на фоновый уровень фокусов γH2AX в клеточной популяции, по данным MacPhail S.H. et al. (2003), оказывает распределение клеток по клеточному циклу [15]. Costes S. et al. (2006) подтвердили этот феномен на фибробластах человека линии НСА-2 и показали, что около 11% ядер необлученных (контрольных) клеток содержат спонтанные фокусы γH2AX, причем из них доля пролиферирующих клеток составляла 9,2%, а непролиферирующих - 1,5%. Кроме того, были выявлены качественные (по размерам) и количественные различия в образовании спонтанных фокусов γH2AX. Пролиферирующие клетки содержали мелкие фокусы γH2AX и их количество колебалось в пределах от 1 до 69 в ядре. В непролиферирующих клетках наблюдались крупные фокусы γH2AX и их количество было весьма незначительно - от 1 до 4 в ядре [22]. Годом ранее на большом количестве клеточных линий McManus K. и Hendzel M. (2005) установили, что крупные фокусы фосфорилированного белка H2AX проявляют существенную солокализацию с репарационными белками, в то время как, солокализация между мелкими фокусами γH2AX и белками репарации практически отсутствовала [23]. Выявленная McManus K. и Hendzel M.

(2005) закономерность хорошо согласовывалась с ранее опубликованной работой Rogakou E.P. et al (1999) в том, что мелкие фокусы γ H2AX присущи митотическим клеткам из-за большего уплотнения в них хроматина, препятствующего транспорту ферментов к репарируемым структурам-мишеням в ДНК [14].

Образование фокусов γ H2AX в облученных клетках

Повреждения ДНК, появившиеся в результате воздействия ионизирующего излучения на клетки, вызывают образование микроскопически видимых агрегатов ядерных белков, то есть радиационно-индуцированных фокусов (РИФ). Эти фокусы представляют собой скопления белков, которые образуются в области ДР ДНК после воздействия ионизирующего излучения. Rogakou E.P. et al. (1998) удалось зарегистрировать индукцию γ H2AX даже через 20 сек после γ -облучения клеток яичников китайского хомячка (линии CHO) [7].. Причем половина от максимальных значений достиглась за первую минуту, а максимум зарегистрировали к 10-ой мин. Этот максимум РИФ γ H2AX сохранялся 30 мин, а затем в течение нескольких часов происходило уменьшение количества γ H2AX до контрольных значений [7]. Близкие результаты получены Rogakou E. P et al. (1999) на нормальных фибробластах кожи индийского мунтжака (*Muntiacus muntjak*) [14]. Через 1 мин после воздействия γ - излучения в дозе 600 мГр появлялись мелкие фокусы γ H2AX. Через 9 мин после облучения они становились более яркими и крупными, и достигали максимальной яркости и размера через 30 мин после облучения [14]. Эти данные свидетельствуют о том, что в начале фосфорилируются молекулы H2AX вблизи участка ДР ДНК, а позднее включаются молекулы на более удаленных расстояниях от места повреждения ДНК. В работе Lobrich M. et al. (2010) было отмечено, что максимальное число фокусов γ H2AX формируется через 3 мин после воздействия ИИ, но подсчет затруднен в это время из-за их малых размеров [6].

Costes S.V. et al. (2006) установили, что размеры и количество радиационно-индуцированных фокусов различаются в зависимости от дозы и продолжительности облучения, а также исследуемого белка. После облучения фибробластов человека линии HCA2 в дозе, равной или превышающей 300 мГр, не удалось обнаружить изменений в размере РИФ в течение 2-х часов. Резкое увеличение размера РИФ по сравнению с контролем регистрировалось после снижения дозы до 100 мГр [22].

В связи с этим возникает вопрос о форме зависимости количества РИФ γ H2AX от дозы облучения. В настоящее время принято считать линейной зависимость количества фокусов γ H2AX от дозы ИИ. В 2003 году Rothkamm K. и Lobrich M., пользуясь

иммуноцитохимическим методом, установили линейную зависимость числа фокусов γ H2AX при дозах облучения от 1 до 2000 мГр [13]. Прямую зависимость количества фокусов γ H2AX от дозы облучения в диапазоне 10-3000 мГр обнаружили Costes S.V. et al. [22], а позднее Asaithamby A. и Chen D. J. (2009) подтвердили для диапазона 5-1000 мГр [24]. В 2006 году Mahrhofer H. et al. также отметили линейную закономерность количества фокусов γ H2AX от дозы облучения на 10-ти нормальных и опухолевых клеточных линиях, применив большие дозы (1000–4000 мГр) [25]. Прямая зависимость количества фокусов от дозы ИИ в диапазоне 10-5000 мГр была установлена также для двух белков маркеров ДР ДНК (γ H2AX и 53BP1) в исследовании Markova E. et al (2007) [21].

Вместе с тем появились исследования, в которых не подтверждается линейная зависимость между дозой облучения и образованием РИФ γ H2AX. Авторы описывают формирование плато по ходу зависимости «доза-эффект» и объясняют его проявлением баланса между одновременно происходящими в клетках процессами индукции и reparации ДР ДНК [26, 27]. Аналогично, в исследовании зависимости «доза-эффект» с другим маркером ДР ДНК - белком 53BP1 было показано, что количество радиационно-индуцированных фокусов не пропорционально дозе облучения [28]. Так, выход фокусов при облучении в дозах 100 мГр и 1000 мГр составил 73 фокус/клетка/Гр и 28 фокус/клетка/Гр, соответственно. Повышенный уровень фокусов белка 53BP1 при облучении в малых дозах может быть обусловлен тем, что при небольшом количестве ДР даже незначительный вклад дополнительных ДР образующихся, например, при коллапсе репликативных вилок оксидативными повреждениями ДНК [29], является значимым для расчета относительного выхода фокусов.

Установлено, что процесс reparации ДР ДНК начинается с реакции фосфорилирования гистона H2AX, роль которого заключается в привлечении белков reparации к месту разрыва ДНК, и зависит от активности киназ семейства фосфатидилинозитол-3-киназ, а именно, ataxia telangiectasia mutated (ATM) (продукт гена, связанного с наследственным синдромом атаксии-телеангидракзии), ataxia telangiectasia and Rad3-related (ATR) (ATM- и Rad3-родственная киназа), а также ДНК-зависимой протеинкиназы (ДНК-ПК) [30].

Существует несколько представлений об участии киназ в reparации ДР ДНК. В 2000 году в работе Paull T.T. et al., выполненной на клетках, подвергнутых рентгеновскому облучению, была показана прямая зависимость между низким уровнем ATM и существенным снижением выхода фокусов γ H2AX [31]. Через год результаты, полученные в исследованиях

Burma S. et al. (2001), позволили однозначно определить ATM как основную киназу, участвующую в фосфорилировании H2AX. Авторы предположили, что она является одной из самых ранних киназ, которая активируется в ответе клетки на образование ДР ДНК. В случаях отсутствия ATM некоторое количество гистона H2AX фосфорилируется ДНК-ПК [32]. Процесс фосфорилирования гистона H2AX в хроматине иллюстрирует рисунок, адаптированный из работы Stucki M. et al. [33]. В 2005 году Peng Y. et al. показали, что дефицит в клетках ДНК-ПК проявляется снижением активности ATM, что в свою очередь сказывается на уменьшении фосфорилирования H2AX [34]. Этот феномен был подтвержден позднее в исследованиях Srivastav M. et al. (2009) [35]. Результаты, полученные An J. et al. (2010) также свидетельствуют о том, что ДНК-ПК играет не менее важную роль, чем ATM в фосфорилировании H2AX. Обе киназы функционально дополняют друг друга во время фосфорилирования H2AX в ответ на повреждение ДНК, вызванное ИИ [36]. Так, в работе Flassig R.J. et al. отмечено, что фосфорилирование гистона H2AX происходит в две фазы: вначале под действием киназы ДНК-ПК, а позднее при участии ATM. Такое двухфазное фосфорилирование H2AX способствует поддержанию сигнала о наличии повреждения ДНК для надежного его обнаружения [37].

Участие киназы ATR в образовании γ H2AX установлено Ward I.M. и Chen J. (2001) при возникновении двойных разрывов нити ДНК в результате коллапса репликативных вилок [38]. Следует отметить, что при репарации радиационно-индуцированных ДР ДНК вслед за активацией ATM и образованием одноцепочечной ДНК запускается активация ATR [39].

В опубликованных исследованиях называются разные сроки появления фосфорилированного белка H2AX и его максимального проявления, при этом активность киназ играет решающую роль в фосфорилировании H2AX. Так, в исследованиях An J. et al. (2010), использовавших для облучения дозу 4 Гр, увеличение автофосфорилирования ДНК-ПК, а также фосфорилирование белка H2AX регистрировали в первые 15-60 мин после образования ДР ДНК [36]. По данным Abramenkovs A. и Stenerlöw B. (2017) оценка изменения количества фосфорилированной ДНК-ПК дает лучшее представление о репарации ДР ДНК в первые 30 мин после индукции повреждения, чем анализ фокусов γ H2AX [40]. В плане оценки значимости киназ интересно сообщение Suzuki K. et al. (2006), которые отметили, что фокусы фосфорилированной киназы ATM (pATM) являются лучшим биологическим маркером радиационно-индуцированных ДР ДНК, чем фокусы γ H2AX особенно при воздействии ИИ в диапазоне малых доз (до 100 мГр) [41]. Фокусы pATM хорошо солокализируются с фокусами γ H2AX. Результаты этой солокализации согласуются с

основной ролью ATM в раннем распознавании ДР ДНК. Так, в исследованиях Bakkenist C.J. и Kastan M.B. (2003) зарегистрирован максимальный уровень рATM через 5 мин после воздействия ИИ в дозе 0,5 Гр [42]. Kitagawa R. и Kastan M.B. (2005) продолжив исследование, уточнили, что при дозе облучения 0,5 Гр в клетке фосфорилируется более 50% ATM быстрее, чем за 5 мин [43]. В исследовании Yamauchi M. et al. на нормальных диплоидных клетках человека линии HE49 было обнаружено много мелких фокусов рATM (36,9 фокус/клетка) через 15 мин после облучения в дозе 1 Гр. Их количество уменьшилось до контрольных значений через 24 ч [44]. Используя несинхронизированные клетки человека, подвергнутые облучению в дозах широкого диапазона (0,1 - 1 Гр), Suzuki K. et al. (2006) регистрировали через 30 мин максимальное число фокусов рATM (50 фокус/клетка/Гр) при фоновом количестве 0,2 фокуса на клетку [41]. Если в качестве модели исследования использовали фибробласты кожи линии GM38, а регистрацию результатов проводили с использованием проточной цитометрии, то максимум рATM выявлялся через 2 ч при дозе облучения 0,5 Гр [45].

Влияние структуры хроматина на образование и деградацию радиационно-индукционных фокусов γH2AX

Белки хроматина, изменяя способ укладки ДНК, способны регулировать процесс ее репарации. Так, было показано, что репарация ДНК от ДР происходит с более медленной кинетикой в гетерохроматине, чем в эухроматине [46]. Для эффективной репарации ДНК необходима релаксация структуры хроматина, поскольку конденсированный хроматин не дает возможности распространения фосфорилированного H2AX в ответ на повреждение ДНК [47]. Cowell I. G. et al. (2007) показали, что фосфорилирование H2AX по серину-139-му различается в зависимости от степени конденсации хроматина и происходит преимущественно в эухроматине [48]. Kruhlak M. et al. (2006), применив электронную микроскопию, обнаружили уменьшение плотности хроматина на 30-40% в регионах, расположенных по обе стороны от ДР ДНК [49]. Плотность уменьшалась за счет АТФ- зависимого ремоделирования хроматина первичными сенсорами ДР ДНК (комплексом Rad17-RFC, состоящим из Rad17 и четырех небольших субъединиц репликативного комплекса RFC (RFC2, RFC3, RFC4, RFC5) и комплексом 9-1-1, включающим RAD9, HUS1 и RAD1) [50]. Изменения структуры хроматина, как показали Bakkenist C. J. и Kastan M. B. (2003), активировали киназу ATM [42], которая, в свою очередь, взаимодействует с белком KAP-1, создающим существенный барьер для репарации ДР ДНК в гетерохроматине, и, тем самым, киназа ATM вызывает релаксацию хроматина для обеспечения доступа белков

репарации к месту разрыва [46]. По данным Ziv Y. et al. (2006) ATM-зависимое фосфорилирование КАР-1 происходило в первые 30-60 мин после образования ДР ДНК [51]. Важно отметить, что ДР ДНК сохранялись в клетках, в которых фосфорилирование КАР-1 киназой ATM отсутствовало [52]. Аналогичные результаты были получены для маркера ДР - белка γH2AX. После облучения клеток в дозах 250-2000 мГр и ингибирования ATM доля γH2AX, связанная с гетерохроматином, составляла 60-70%, в то время как при активной киназе ATM была примерно 25% [46]. Таким образом, геометрия укладки ДНК в клетках и ее связь с белками хроматина влияют на количественный выход радиационно-индукционных фокусов γH2AX.

Влияние фазы клеточного цикла на образование и деградацию радиационно-индукционных фокусов γH2AX

Известно, что белок H2AX после образования ДР ДНК фосфорилируется во всех клетках, находящихся в разных фазах клеточного цикла, однако, число фокусов γH2AX в зависимости от фазы цикла заметно варьирует. К примеру, после облучения клеток γ-лучами в дозе 2 Гр РИФ γH2AX образуются в большем количестве в S- и G2- фазах по сравнению с G1 [53]. Аналогичная зависимость РИФ γH2AX от стадии, в которой находится клетка во время облучения, была продемонстрирована в работе Bee L. et al. (2013) при радиационном воздействии на клетки двух доз: 0,5 и 5 Гр [54]. Что касается клеток, находящихся в стадии митоза, то по данным Markova E. et al. (2007), в них количество фокусов было статистически значимо меньше, чем в клетках в стадии интерфазы [21].

Остаточные радиационно-индукционные фокусы γH2AX

Как правило, максимальное количество фокусов γH2AX наблюдается примерно через 0,25-1 час после облучения [55]. После чего количество радиационно-индукционных фокусов уменьшается экспоненциально, но при этом даже через 24 часа после облучения может сохраняться небольшое количество фокусов. Такие фокусы в литературе называют остаточными (англ. residual) [56, 57]. В зависимости от дозы ИИ, от 10% до 70% клеток содержат остаточные фокусы γH2AX через 24 ч после облучения [58]. К этому времени их количество составляет 5-10 % от максимального значения, наблюдавшегося через 0,5 часа после радиационного воздействия [58]. После облучения покоящихся лимфоцитов в дозах более 1000 мГр доля остаточных фокусов γH2AX через 24 часа составляла 13%, а через 48 часов – 6,6% от наблюдавшихся через 30 мин после воздействия.

Наряду с дозой радиационного воздействия на длительное пребывание в клетках РИФ влияет структура хроматина. Так, ДР ДНК, локализованные в гетерохроматине, могут привести к длительному сохранению РИФ [46].

Существенный вклад в количество остаточных фокусов оказывает фаза клеточного цикла, во время которой происходило радиационное воздействие. К примеру, γ -облученные покоящиеся клетки, восстановившие ДР, во время последующей репликации ДНК сохраняли вторично образованные ДР в течение более длительного периода по сравнению с ДР, индуцированными первично [59]. Об этом же свидетельствуют исследования Alessio N. et al. (2014), установивших наибольшее количество остаточных фокусов γ H2AX в покоящихся мезенхимальных стволовых клетках костного мозга человека через 48 ч после облучения в дозах 40-2000 мГр [60].

Важным фактором, влияющим на уровень остаточных фокусов, является эффективность работы белков репарации и белковых фосфатаз 2A (PP2A) и PP4, которые ответственны за дефосфорилирование γ H2AX [61, 62]. В работе Löbrich M. et al. (2010) было показано, что клеточные линии, имеющие дефекты в белках репарации, сохраняют больше ДР ДНК в течение 7 дней после облучения в дозах 3 и 80 Гр [6].

Существующая оценка прогностической значимости остаточных фокусов противоречива. По мнению Banath, J.P. et al. (2010), присутствие в клетках остаточных фокусов γ H2AX или RAD51 через 24 ч после облучения свидетельствует об их нежизнеспособности [63]. Alessio N. et al. (2015) в исследованиях на мезенхимальных стволовых клетках костного мозга человека наблюдали только дозозависимое снижение жизнеспособности (по тесту клоногенной активности) у клеток, имеющие остаточные фокусы. Облучение клеток в дозе 2000 мГр по сравнению с дозой 40 мГр приводило к уменьшению роста колоний [60]. Оппонирующие результаты приведены Sak A. et al. (2005). На 4-х клеточных линиях ими не выявлено корреляции между клоногенной выживаемостью и долей клеток, которые сохраняли остаточные фокусы белков γ H2AX после их облучения в дозе 2 Гр [64]. Mahrhofer H. et al. (2006) на 10 нормальных и опухолевых клеточных линиях также не обнаружили связи между долей клеток с долгоживущими фокусами γ H2AX, индуцированными ИИ в дозах 1-4 Гр, и их клоногенной активностью [25].

Недавно с использованием «hockey stick» модели показано наличие статистически значимого дозового порога для остаточных фокусов γ H2AX через 24, 48 и 72 ч после облучения фибробластов кожи человека [57]. Рассчитанные пороговые дозы близки к

квазипороговой дозе D_q, характеризующей ширину плечевой области на кривой клоногенной выживаемости облучённых фибробластов.

Таким образом, сведения о значении остаточных фокусов в облученных клетках неоднозначны. Приводятся доказательства в пользу как снижения жизнеспособности клеток, в которых сохраняется большое и при том дозозависимое количество остаточных фокусов, так и об отсутствии их заметного влияния на клоногенность клеток.

Заключение

Анализ литературы позволил убедиться в несомненных достоинствах и информативности количественного анализа радиационно-индукционных фокусов γ H2AX. К достоинствам можно отнести: 1) крайне высокую чувствительность, позволяющую детектировать эффекты облучения в малых и сверхмалых дозах; 2) возможность анализа пространственного распределения сайтов репарации ДНК по объему каждого клеточного ядра; 3) возможность исследования отклика на облучение каждой клетки в асинхронных/гетерогенных клеточных популяциях. Однако результаты, полученные с использованием этого метода, требуют корректной интерпретации. Нужно четко понимать, что количество и кинетика фокусов γ H2AX могут существенно отличаться от количества и кинетики пострадиационных изменений ДР ДНК. В настоящее время метод активно используется не только в радиобиологии, но и в онкологии, токсикологии, фармакологии, геронтологии и смежных областях науки.

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest. The authors declare no conflict of interest.

Финансирование

Исследования выполнены в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (№ 1024122500008-3, шифр FFZE-2025-0030).

Funding

The research was carried out within the framework of the state task of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (No. 1024122500008-3, code FFZE-2025-0030).

Участие авторов

Статья подготовлена с равным участием авторов.

Contribution.

Article was prepared with equal participation of the authors.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ / REFERENCES

1. Ahnstrom G, Erixon K. Radiation induced strand breakage in DNA from mammalian cells. Strand separation in alkaline solution. International journal of radiation biology and related studies in physics, chemistry, and medicine. 1973;23(3):285-9.
2. Blocher D. DNA double strand breaks in Ehrlich ascites tumour cells at low doses of x-rays. I. Determination of induced breaks by centrifugation at reduced speed. International journal of radiation biology and related studies in physics, chemistry, and medicine. 1982;42(3):317-28.
3. Schwartz DC, Cantor CR. Separation of yeast chromosome-sized DNAs by pulsed field gradient gel electrophoresis. Cell. 1984;37(1):67-75.
4. Osipov A, Arkhangelskaya E, Vinokurov A, Smetanina N, Zhavoronkov A, Klokov D. DNA Comet Giemsa Staining for Conventional Bright-Field Microscopy. International journal of molecular sciences. 2014;15(4):6086-95. doi: 10.3390/ijms15046086.
5. Bushmanov A, Vorobyeva N, Molodtsova D, Osipov AN. Utilization of DNA double-strand breaks for biodosimetry of ionizing radiation exposure. Environmental Advances. 2022;8. doi: 10.1016/j.envadv.2022.100207.
6. Lobrich M, Shibata A, Beucher A, Fisher A, Ensminger M, Goodarzi AA, et al. gammaH2AX foci analysis for monitoring DNA double-strand break repair: strengths, limitations and optimization. Cell Cycle. 2010;9(4):662-9. doi: 10.4161/cc.9.4.10764.
7. Rogakou EP, Pilch DR, Orr AH, Ivanova VS, Bonner WM. DNA double-stranded breaks induce histone H2AX phosphorylation on serine 139. The Journal of biological chemistry. 1998;273(10):5858-68.
8. Pantazis P, Bonner WM. Quantitative determination of histone modification. H2A acetylation and phosphorylation. The Journal of biological chemistry. 1981;256(9):4669-75.
9. Ikura T, Tashiro S, Kakino A, Shima H, Jacob N, Amunugama R, et al. DNA damage-dependent acetylation and ubiquitination of H2AX enhances chromatin dynamics. Molecular and cellular biology. 2007;27(20):7028-40. doi: 10.1128/MCB.00579-07.

10. Chew YC, Camporeale G, Kothapalli N, Sarath G, Zempleni J. Lysine residues in N-terminal and C-terminal regions of human histone H2A are targets for biotinylation by biotinidase. *The Journal of nutritional biochemistry*. 2006;17(4):225-33. doi: 10.1016/j.jnutbio.2005.05.003.
11. Xiao A, Li H, Shechter D, Ahn SH, Fabrizio LA, Erdjument-Bromage H, et al. WSTF regulates the H2A.X DNA damage response via a novel tyrosine kinase activity. *Nature*. 2009;457(7225):57-62. doi: 10.1038/nature07668.
12. Pinto DM, Flaus A. Structure and function of histone H2AX. *Sub-cellular biochemistry*. 2010;50:55-78. doi: 10.1007/978-90-481-3471-7_4.
13. Rothkamm K, Lobrich M. Evidence for a lack of DNA double-strand break repair in human cells exposed to very low x-ray doses. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2003;100(9):5057-62. doi: 10.1073/pnas.0830918100.
14. Rogakou EP, Boon C, Redon C, Bonner WM. Megabase chromatin domains involved in DNA double-strand breaks in vivo. *The Journal of cell biology*. 1999;146(5):905-16.
15. MacPhail SH, Banath JP, Yu Y, Chu E, Olive PL. Cell cycle-dependent expression of phosphorylated histone H2AX: reduced expression in unirradiated but not X-irradiated G1-phase cells. *Radiation research*. 2003;159(6):759-67.
16. Bonner WM, Redon CE, Dickey JS, Nakamura AJ, Sedelnikova OA, Solier S, et al. GammaH2AX and cancer. *Nature reviews Cancer*. 2008;8(12):957-67. doi: 10.1038/nrc2523.
17. Wilson PF, Nham PB, Urbin SS, Hinz JM, Jones IM, Thompson LH. Inter-individual variation in DNA double-strand break repair in human fibroblasts before and after exposure to low doses of ionizing radiation. *Mutation research*. 2010;683(1-2):91-7. doi: 10.1016/j.mrfmmm.2009.10.013.
18. Nakamura AJ, Chiang YJ, Hathcock KS, Horikawa I, Sedelnikova OA, Hodes RJ, et al. Both telomeric and non-telomeric DNA damage are determinants of mammalian cellular senescence. *Epigenetics & chromatin*. 2008;1(1):6. doi: 10.1186/1756-8935-1-6.
19. Herbig U, Ferreira M, Condel L, Carey D, Sedivy JM. Cellular senescence in aging primates. *Science*. 2006;311(5765):1257. doi: 10.1126/science.1122446.
20. Nakamura AJ, Redon CE, Bonner WM, Sedelnikova OA. Telomere-dependent and telomere-independent origins of endogenous DNA damage in tumor cells. *Aging*. 2009;1(2):212-8. doi: 10.18632/aging.100019.
21. Markova E, Schultz N, Belyaev IY. Kinetics and dose-response of residual 53BP1/gamma-H2AX foci: co-localization, relationship with DSB repair and clonogenic survival. *International journal of radiation biology*. 2007;83(5):319-29. doi: 10.1080/09553000601170469.

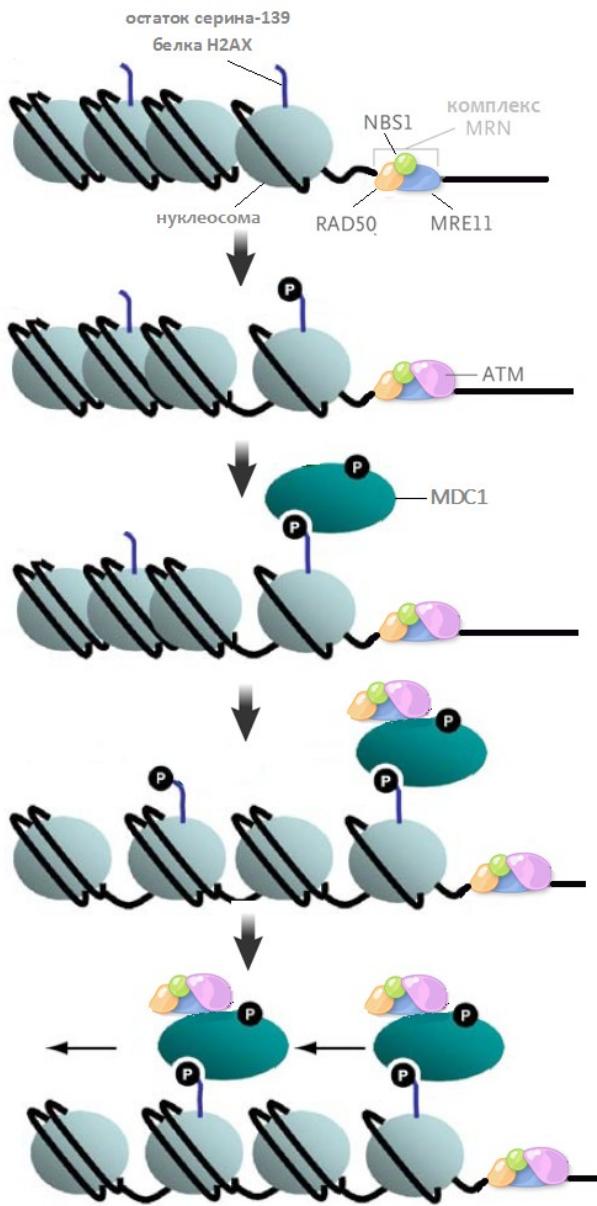
22. Costes SV, Boissiere A, Ravani S, Romano R, Parvin B, Barcellos-Hoff MH. Imaging features that discriminate between foci induced by high- and low-LET radiation in human fibroblasts. *Radiation research*. 2006;165(5):505-15. doi: 10.1667/RR3538.1.
23. McManus KJ, Hendzel MJ. ATM-dependent DNA damage-independent mitotic phosphorylation of H2AX in normally growing mammalian cells. *Molecular biology of the cell*. 2005;16(10):5013-25. doi: 10.1091/mbc.E05-01-0065.
24. Asaithamby A, Chen DJ. Cellular responses to DNA double-strand breaks after low-dose gamma-irradiation. *Nucleic acids research*. 2009;37(12):3912-23. doi: 10.1093/nar/gkp237.
25. Mahrhofer H, Burger S, Oppitz U, Flentje M, Djuzenova CS. Radiation induced DNA damage and damage repair in human tumor and fibroblast cell lines assessed by histone H2AX phosphorylation. *International journal of radiation oncology, biology, physics*. 2006;64(2):573-80. doi: 10.1016/j.ijrobp.2005.09.037.
26. Schollnberger H, Mitchel RE, Crawford-Brown DJ, Hofmann W. Nonlinear dose-response relationships and inducible cellular defence mechanisms. *Journal of radiological protection : official journal of the Society for Radiological Protection*. 2002;22(3A):A21-5.
27. Kotenko KV, Bushmanov AY, Ozerov IV, Guryev DV, Anchishkina NA, Smetanina NM, et al. Changes in the number of double-strand DNA breaks in Chinese hamster V79 cells exposed to gamma-radiation with different dose rates. *International journal of molecular sciences*. 2013;14(7):13719-26. doi: 10.3390/ijms140713719.
28. Neumaier T, Swenson J, Pham C, Polyzos A, Lo AT, Yang P, et al. Evidence for formation of DNA repair centers and dose-response nonlinearity in human cells. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2012;109(2):443-8. doi: 10.1073/pnas.1117849108.
29. Masuda Y, Kamiya K. Molecular nature of radiation injury and DNA repair disorders associated with radiosensitivity. *International journal of hematology*. 2012;95(3):239-45. doi: 10.1007/s12185-012-1008-y.
30. Durocher D, Jackson SP. DNA-PK, ATM and ATR as sensors of DNA damage: variations on a theme? *Current opinion in cell biology*. 2001;13(2):225-31.
31. Paull TT, Rogakou EP, Yamazaki V, Kirchgessner CU, Gellert M, Bonner WM. A critical role for histone H2AX in recruitment of repair factors to nuclear foci after DNA damage. *Current biology : CB*. 2000;10(15):886-95.

32. Burma S, Chen BP, Murphy M, Kurimasa A, Chen DJ. ATM phosphorylates histone H2AX in response to DNA double-strand breaks. *The Journal of biological chemistry*. 2001;276(45):42462-7. doi: 10.1074/jbc.C100466200.
33. Stucki M, Jackson SP. gammaH2AX and MDC1: anchoring the DNA-damage-response machinery to broken chromosomes. *DNA repair*. 2006;5(5):534-43. doi: 10.1016/j.dnarep.2006.01.012.
34. Peng Y, Woods RG, Beamish H, Ye R, Lees-Miller SP, Lavin MF, et al. Deficiency in the catalytic subunit of DNA-dependent protein kinase causes down-regulation of ATM. *Cancer research*. 2005;65(5):1670-7. doi: 10.1158/0008-5472.CAN-04-3451.
35. Shrivastav M, Miller CA, De Haro LP, Durant ST, Chen BP, Chen DJ, et al. DNA-PKcs and ATM co-regulate DNA double-strand break repair. *DNA repair*. 2009;8(8):920-9. doi: 10.1016/j.dnarep.2009.05.006.
36. An J, Huang YC, Xu QZ, Zhou LJ, Shang ZF, Huang B, et al. DNA-PKcs plays a dominant role in the regulation of H2AX phosphorylation in response to DNA damage and cell cycle progression. *BMC molecular biology*. 2010;11:18. doi: 10.1186/1471-2199-11-18.
37. Flassig RJ, Maubach G, Tager C, Sundmacher K, Naumann M. Experimental design, validation and computational modeling uncover DNA damage sensing by DNA-PK and ATM. *Molecular bioSystems*. 2014;10(7):1978-86. doi: 10.1039/c4mb00093e.
38. Ward IM, Chen J. Histone H2AX is phosphorylated in an ATR-dependent manner in response to replicational stress. *The Journal of biological chemistry*. 2001;276(51):47759-62. doi: 10.1074/jbc.C100569200.
39. Blackford AN, Jackson SP. ATM, ATR, and DNA-PK: The Trinity at the Heart of the DNA Damage Response. *Molecular cell*. 2017;66(6):801-17. doi: 10.1016/j.molcel.2017.05.015.
40. Abramenkovs A, Stenerlow B. Measurement of DNA-Dependent Protein Kinase Phosphorylation Using Flow Cytometry Provides a Reliable Estimate of DNA Repair Capacity. *Radiation research*. 2017;188(6):597-604. doi: 10.1667/RR14693.1.
41. Suzuki K, Okada H, Yamauchi M, Oka Y, Kodama S, Watanabe M. Qualitative and quantitative analysis of phosphorylated ATM foci induced by low-dose ionizing radiation. *Radiat Res*. 2006;165(5):499-504. doi: 10.1667/RR3542.1.
42. Bakkenist CJ, Kastan MB. DNA damage activates ATM through intermolecular autophosphorylation and dimer dissociation. *Nature*. 2003;421(6922):499-506. doi: 10.1038/nature01368.

43. Kitagawa R, Kastan MB. The ATM-dependent DNA damage signaling pathway. *Cold Spring Harbor symposia on quantitative biology*. 2005;70:99-109. doi: 10.1101/sqb.2005.70.002.
44. Yamauchi M, Oka Y, Yamamoto M, Niimura K, Uchida M, Kodama S, et al. Growth of persistent foci of DNA damage checkpoint factors is essential for amplification of G1 checkpoint signaling. *DNA repair*. 2008;7(3):405-17. doi: 10.1016/j.dnarep.2007.11.011.
45. Enns L, Rasouli-Nia A, Hendzel M, Marples B, Weinfeld M. Association of ATM activation and DNA repair with induced radioresistance after low-dose irradiation. *Radiation protection dosimetry*. 2015;166(1-4):131-6. doi: 10.1093/rpd/ncv203.
46. Goodarzi AA, Noon AT, Deckbar D, Ziv Y, Shiloh Y, Lobrich M, et al. ATM signaling facilitates repair of DNA double-strand breaks associated with heterochromatin. *Molecular cell*. 2008;31(2):167-77. doi: 10.1016/j.molcel.2008.05.017.
47. Kim JA, Kruhlak M, Dotiwala F, Nussenzweig A, Haber JE. Heterochromatin is refractory to gamma-H2AX modification in yeast and mammals. *The Journal of cell biology*. 2007;178(2):209-18. doi: 10.1083/jcb.200612031.
48. Cowell IG, Sunter NJ, Singh PB, Austin CA, Durkacz BW, Tilby MJ. gammaH2AX foci form preferentially in euchromatin after ionising-radiation. *PloS one*. 2007;2(10):e1057. doi: 10.1371/journal.pone.0001057.
49. Kruhlak MJ, Celeste A, Dellaire G, Fernandez-Capetillo O, Muller WG, McNally JG, et al. Changes in chromatin structure and mobility in living cells at sites of DNA double-strand breaks. *The Journal of cell biology*. 2006;172(6):823-34. doi: 10.1083/jcb.200510015.
50. Sancar A, Lindsey-Boltz LA, Unsal-Kacmaz K, Linn S. Molecular mechanisms of mammalian DNA repair and the DNA damage checkpoints. *Annual review of biochemistry*. 2004;73:39-85. doi: 10.1146/annurev.biochem.73.011303.073723.
51. Ziv Y, Bielopolski D, Galanty Y, Lukas C, Taya Y, Schultz DC, et al. Chromatin relaxation in response to DNA double-strand breaks is modulated by a novel ATM- and KAP-1 dependent pathway. *Nature cell biology*. 2006;8(8):870-6. doi: 10.1038/ncb1446.
52. Goodarzi AA, Kurka T, Jeggo PA. KAP-1 phosphorylation regulates CHD3 nucleosome remodeling during the DNA double-strand break response. *Nature structural & molecular biology*. 2011;18(7):831-9. doi: 10.1038/nsmb.2077.
53. Beucher A, Birraux J, Tchouandong L, Barton O, Shibata A, Conrad S, et al. ATM and Artemis promote homologous recombination of radiation-induced DNA double-strand breaks in G2. *The EMBO journal*. 2009;28(21):3413-27. doi: 10.1038/emboj.2009.276.

54. Bee L, Fabris S, Cherubini R, Mognato M, Celotti L. The efficiency of homologous recombination and non-homologous end joining systems in repairing double-strand breaks during cell cycle progression. *PLoS one*. 2013;8(7):e69061. doi: 10.1371/journal.pone.0069061.
55. Belov O, Chigasova A, Pustovalova M, Osipov A, Eremin P, Vorobyeva N, et al. Dose-Dependent Shift in Relative Contribution of Homologous Recombination to DNA Repair after Low-LET Ionizing Radiation Exposure: Empirical Evidence and Numerical Simulation. *Curr Issues Mol Biol*. 2023;45(9):7352-73. doi: 10.3390/cimb45090465.
56. Osipov A, Chigasova A, Yashkina E, Ignatov M, Fedotov Y, Molodtsova D, et al. Residual Foci of DNA Damage Response Proteins in Relation to Cellular Senescence and Autophagy in X-Ray Irradiated Fibroblasts. *Cells*. 2023;12(8). doi: 10.3390/cells12081209.
57. Osipov A, Chigasova A, Belov O, Yashkina E, Ignatov M, Fedotov Y, et al. Dose threshold for residual γH2AX, 53BP1, pATM and p-p53 (Ser-15) foci in X-ray irradiated human fibroblasts. *International Journal of Radiation Biology*. 2025;101(3):254-63. doi: 10.1080/09553002.2024.2445581.
58. Vaurijoux A, Voisin P, Freneau A, Barquinero JF, Gruel G. Transmission of persistent ionizing radiation-induced foci through cell division in human primary cells. *Mutation research*. 2017;797-799:15-25. doi: 10.1016/j.mrfmmm.2017.03.003.
59. Minakawa Y, Atsumi Y, Shinohara A, Murakami Y, Yoshioka K. Gamma-irradiated quiescent cells repair directly induced double-strand breaks but accumulate persistent double-strand breaks during subsequent DNA replication. *Genes to cells : devoted to molecular & cellular mechanisms*. 2016;21(7):789-97. doi: 10.1111/gtc.12381.
60. Alessio N, Del Gaudio S, Capasso S, Di Bernardo G, Cappabianca S, Cipollaro M, et al. Low dose radiation induced senescence of human mesenchymal stromal cells and impaired the autophagy process. *Oncotarget*. 2015;6(10):8155-66. doi: 10.18632/oncotarget.2692.
61. Chowdhury D, Keogh MC, Ishii H, Peterson CL, Buratowski S, Lieberman J. gamma-H2AX dephosphorylation by protein phosphatase 2A facilitates DNA double-strand break repair. *Molecular cell*. 2005;20(5):801-9. doi: 10.1016/j.molcel.2005.10.003.
62. Chowdhury D, Xu X, Zhong X, Ahmed F, Zhong J, Liao J, et al. A PP4-phosphatase complex dephosphorylates gamma-H2AX generated during DNA replication. *Molecular cell*. 2008;31(1):33-46. doi: 10.1016/j.molcel.2008.05.016.
63. Banath JP, Klokov D, MacPhail SH, Banuelos CA, Olive PL. Residual gammaH2AX foci as an indication of lethal DNA lesions. *BMC cancer*. 2010;10:4. doi: 10.1186/1471-2407-10-4.

64. Sak A, Stueben G, Groneberg M, Bocker W, Stuschke M. Targeting of Rad51-dependent homologous recombination: implications for the radiation sensitivity of human lung cancer cell lines. *British journal of cancer*. 2005;92(6):1089-97. doi: 10.1038/sj.bjc.6602457.



Распознавание ДР ДНК комплексом MRN:
RAD50 связывается с ДНК
NBS1 связывается с ATM и транспортирует ATM к месту разрыва
MRE11 взаимодействует с белком супрессором опухоли CtIP

ATM активируется и фосфорилирует белки на участке повреждения ДНК, включая H2AX около разрыва

MDC1 связывается с γH2AX, защищает ее от дефосфорилирования

MDC1 привлекает к себе комплекс MRN и фосфорилированную ATM

ATM фосфорилирует соседний H2AX, т.о. происходит распространение фосфорилированного H2AX

Рисунок. Схема фосфорилирования H2AX (адаптировано из Stucki M. et al. [33])

MRN – Mre11-Rad50-Nbs1- репаративный комплекс, осуществляющий репарацию ДР ДНК

NBS1 – белок, кодируемый геном NBS, мутация в этом гене ассоциирована с наследственным заболеванием **Nijmegen Breakage Syndrome** (синдром хромосомной неустойчивости Неймегена)

Rad50 – белок, принимающий участие в рекомбинации и рекомбинационной репарации гомологичных ДНК

MRE11 - белок, участвующий в гомологичной рекомбинации, поддержании длины теломер и репарации ДР ДНК

MDC1 – белок, привлекающий в область ДР ДНК белки репарации