

15^e Colloque Réplication-Réparation-Recombinaison :
Des mécanismes moléculaires aux applications cliniques.

BILAN

May 21-24, 2024
Leucate, France

15th 3R Meeting



Keynotes:

Michael Lichten
Helle Ulrich

Frederic Beckouet
Pascale Bertrand
Maria Moriel Carretero
Gilles Fischer
Miguel Godinho Ferreira
Bernard Lopez
Marie Noëlle Prioleau
Bernardo Reina San Martin
Joanna Timmins

Replication - Repair - Recombination
From Molecular Mechanisms to Clinical Applications

Organizing Committee: Josée Guirouilh-Barbat - Valérie Borde - Anna Campalans -
Françoise Dantzer - Olivier Espeli - Sarah Lambert - Gaëlle Legube - Bertrand Llorente
- Françoise Ochsenbein - Benoit Palancade



Contexte

Le 15^{ème} colloque Réplication-Réparation-Recombinaison (communément appelé le meeting des « 3R ») s'est déroulé du 21 au 24 Mai 2024 à Leucate. Ce colloque, organisé tous les deux ans depuis 1995, rassemble l'ensemble de la communauté scientifique française qui étudie les mécanismes de maintien de la stabilité des génomes. Cette communauté s'intéresse aux mécanismes de la réplication, de la réparation et de la recombinaison de l'ADN, depuis leurs rôles fondamentaux dans le maintien de la stabilité des génomes à leurs dérégulations dans des situations



Lieu du congrès : Le village Club « Les rives de Corbières »

pathologiques telles que le cancer car nombre de ces mécanismes agissent comme des supresseurs de tumeurs. Ce colloque est aussi une occasion unique pour les jeunes chercheurs/chercheuses de cette communauté de présenter et de discuter de leurs travaux devant une assemblée spécialisée et internationale. Ce colloque a réuni 225 participants.

Avec la participation de scientifiques étrangers de renommée internationale, 9 conférenciers français invités et plus de 30 conférences, ce colloque a permis d'aborder des questions fondamentales sur le rôle des mécanismes des 3R dans la prévention de l'instabilité des génomes mais aussi dans la génération des réarrangements génomiques programmés tels que ceux nécessaires à la diversité de la réponse immunitaire ou lors de la recombinaison méiotique. Une des richesses de ce colloque a été d'adresser ces questions fondamentales sur la transmission, la stabilité et les modifications des génomes à travers une grande diversité d'organismes cellulaires (des bactéries à l'homme, en passant par des modèles cellulaires tels que la levure et le poisson zèbre). De nombreuses conférences ont permis d'aborder comment les dérégulations des mécanismes touchant la réplication, la réparation et la recombinaison des génomes contribuent à certaines pathologies humaines, notamment dans le contexte de cancers du sein issus d'une déficiente en BRCA1 ou BRCA2. Suite à l'accumulation de stress de réplication, bon nombre de types tumoraux deviennent addictifs à certains mécanismes de réparation/réplication qui sont alors des talons d'Achille potentiels. Ce colloque a fait émerger des acteurs des mécanismes des 3R comme de nouvelles cibles thérapeutiques anti-cancéreuses.



Les participants du meeting des 3R 2024

Le colloque a rassemblé deux conférenciers d'honneur de renommée internationale : [Helle Ulrich](#) (IMB, Mainz Allemagne) qui a présenté ses travaux les plus récents sur la signalisation de l'ubiquitination du PCNA pour permettre le contournement des dommages de l'ADN au cours de la réplication chez la levure *S. cerevisiae*, et [Michael Lichten](#) (NCI, NIH, New York, USA), en séjour sabbatique à l'Institut Curie, qui a présenté l'ensemble de ses travaux portant sur les mécanismes de résolution des intermédiaires de recombinaison au cours de la méiose. A ce programme s'est ajouté les interventions de 9 conférenciers invités : [Frederic Beckouet](#) (CBI, Toulouse, FR) dont les travaux portent sur le rôle des cohésines dans la formation des boucles d'ADN qui structurent l'organisation 3D des génomes ; [Pascale Bertrand](#) (CEA, Fontenay-aux-roses, FR) qui a présenté ses travaux sur le rôle de la LaminB1 et de l'architecture du noyau dans la réparation de l'ADN ; [Maria Moriel Carretero](#) (CRBM, Montpellier, FR) qui nous a révélé le rôle des lipides dans la stabilité des génomes ; [Gilles Fischer](#) (Institut de biologie Paris Seine, Paris, FR) qui s'intéresse aux mécanismes mutateurs et leurs conséquences sur la diversité génétique des espèces ; [Miguel Godinho Ferreira](#) (IRCAN, Nice, FR) qui a découvert un mécanisme inflammatoire dépendant de la voie cGAS-STING responsable de vieillissement prématuré, en absence de telomérase, chez le poisson zèbre ; [Bernard Lopez](#) (Institut Cochin, Paris, FR) qui est un des membres fondateurs du

colloque des 3R et qui a présenté un modèle murin déficient pour la recombinaison RAD51, présentant des signes de vieillissement prématuré sans prédisposition tumorale ; [Marie-Noelle Prioleau](#) (Institut Jacques Monod, Paris, FR) qui a partagé ses travaux portant sur les liens entre réplication de l'ADN et la transcription, notamment pour sélectionner les origines de réplication ; [Bernardo Reina San Martin](#) (IGBMC, Strasbourg, FR) qui a découvert un nouveau facteur régulant la balance entre réparation fidèle et infidèle au cours du processus de diversification des anticorps ; [Joanna Timmins](#) (Institut de biologie structurale, Grenoble, FR) qui a présenté ses nouveaux travaux portant sur la dynamique de réparation des nucléotides chez la bactérie.

Sur la base des résumés soumis au comité d'organisation, 20 conférenciers ont été sélectionnés, essentiellement de jeunes chercheurs, doctorants ou post doctorants, afin de leur donner l'opportunité de présenter, souvent pour leur première fois, leurs travaux dans un congrès d'envergure (voir photo des orateurs).



Les orateurs du colloque des 3R 2024

Un comité d'organisation, issu de différents instituts de recherche français, a pour mission d'établir le programme scientifique du colloque et de coordonner l'organisation logistique de l'événement. Ce comité est en charge de lever les financements nécessaires et d'assurer la promotion de cet événement scientifique tant sur le plan national qu'international. Le comité est composé de :

- Josée Guirouilh-Barbat, Institut Cochin, Paris
- Valérie Borde, Institut Curie, Paris

- Anna Campalans, CEA, Fontenay-aux-Roses
- Françoise Dantzer, Université de Strasbourg, Illkirch
- Olivier Espéli, Collège de France, Paris
- Sarah Lambert, Institut Curie, Orsay
- Gaëlle Legube, CBI, Toulouse
- Bertrand Llorente, CRCM, Marseille
- Françoise Ochsenein, CEA, I2BC, Saclay
- Benoit Palancade, Institut Jacques Monod, Paris.



Le comité d'organisation délibérant l'attribution des prix posters



Déroulement et faits marquants

Le colloque a rassemblé 225 chercheurs académiques, étudiants et post-doctorants, en provenance de France, d'Espagne, d'Angleterre, de Suisse, des Etats-Unis, et d'Allemagne. Six sessions plénières, en Anglais, ont été organisées (voir le programme détaillé en annexe 1) pour aborder les thèmes suivants :

- Replication & Replication Stress
- Genome & Nuclear Organization

- Cell Physiology & Programmed Genome Rearrangements
- 3R at high resolution
- Genome Maintenance, aging & diseases
- Recombination & Genome Plasticity

Parmi les conférences sélectionnées sur résumé, on peut noter des interventions particulièrement pertinentes en biologie du cancer pour comprendre les mécanismes fondamentaux qui limitent l'instabilité génétique, un élément déclencheur du processus tumoral : [Annabel Quinet](#) (IRCM, CEA, Fontenay-aux-roses, FR) a dévoilé ses travaux portant sur le rôle de la polymérase PrimPol dans la réactivation de la synthèse d'ADN en condition de stress réplicatif, notamment en réponse au cisplatine, un agent utilisé en chimiothérapie ; [Jeremy Lebreton](#) (MRC Human Genetics unit, Edinburgh, UK) a présenté des résultats révélant un nouveau rôle de la condensine dans la prévention de l'expression des sites fragiles ; [Michael Cox](#) (University of Wisconsin-Madison, USA) a mis en évidence des relations fonctionnelles entre la topologie du génome bactérien et la formation de brèches d'ADN simple brin derrière la fourche de réplication ; [Amani Shreim](#) (IAB, Grenoble, FR) a partagé ses découvertes portant sur un inhibiteur de la machinerie d'épissage des ARNs, SPHINX31, qui altère la voie de signalisation ATR pour sensibiliser des carcinomes pulmonaires non-à-petites cellules (NSCLC) ayant acquis des résistances ; [Mégane Da Mota](#) (Institut de Génétique Humaine, Montpellier, FR) a mis en évidence un rôle fonctionnel de condensine avec les topo-isomérases pour faciliter la réversion de fourche de réplication en condition de stress réplicatif ; [Lise-marie Donnio](#) (Pathophysiologie et génétique des neurones et des muscles, Lyon, FR) a dévoilé ses travaux qui mettent en évidence une réorganisation des nucléoles en réponse aux dommages de l'ADN et l'identification de nouveaux facteurs impliqués dans ce processus ; [Madison Lenormand](#) (Institut Pasteur, Paris, FR) a mis au point une approche en microscopie en cellule unique pour suivre en temps réel le couplage entre l'activation des mécanismes de surveillance et la réparation des cassures double-brin chez la levure ; [Maxime Heintzé](#) (Institut Imagine, Paris, FR) a réussi à récapituler *ex vivo* les étapes de transformation successives des sarcomes d'Ewing, fournissant ainsi de nouveaux modèles de sarcomagenèse ; [Sophie de Tocqueville](#) (Institut Imagine, Paris, FR) a identifié des mutations du facteur ZCCHC8 associés à des problèmes de maintien de la taille et de l'intégrité des télomères chez de nouveaux patients.

Au cours de ce colloque, la société française de génétique (SFG) a été présentée par [Cyril Ribeyre](#) et la société française du cancer (SFC) par [Sarah Lambert](#).

Ce colloque a été marqué par un hommage rendu à notre collègue [Angelos Constantinou](#), décédé le 20 janvier 2024, hommage rendu par [Pierre-Henri Gaillard](#) (CRCM, Marseille, FR) et [Jihane](#)

Basbous (IGH, montpellier, Fr). Angelos, directeur de recherche à l'INSERM, était chef d'équipe à l'institut de génétique humaine à Montpellier. *« Angelos Constantinou était un biochimiste de renommée mondiale, spécialisé dans les mécanismes de réparation de l'ADN. C'était un chercheur hors pair, combinant une grande rigueur scientifique avec une remarquable créativité. Récemment, persuadé que les modèles classiques d'interaction protéine-protéine ne permettaient pas de rendre compte de la complexité des échanges moléculaires impliqués dans la réparation de l'ADN, il avait initié un projet très ambitieux visant à établir un nouveau paradigme dans le domaine. Après plusieurs années d'effort et au-delà de toute attente, son équipe est parvenue à démontrer que des condensats moléculaires se forment au niveau de lésions de l'ADN, suite à l'auto-assemblage contrôlé de facteurs de réparation. Ces travaux pionniers ont donné lieu à plusieurs publications majeures, qui ont eu un retentissement très important dans la communauté scientifique. Angelos était aussi un excellent pédagogue et un formidable collègue »*. Angelos a fait partie du comité d'organisation du colloque des 3R pendant 8 ans. Sa disparition laisse un vide immense au sein de la communauté scientifique.



Angelos Constantinou, chercheur INSERM, chef d'équipe à l'Institut de Génétique Humaine, Montpellier.



Le colloque s'est achevé par un dîner de gala, suivi de sa traditionnelle soirée dansante, opportunité pour chacun d'exprimer d'autres talents.

La soirée dansante



Les sessions posters et les prix

Dans sa tradition, ce colloque est attaché à donner un espace de temps important aux présentations sous forme de poster. Un peu plus de 110 posters furent présentés durant quatre sessions de huit heures au total. Grâce au soutien de nos sponsors, 6 prix ont récompensé les meilleurs posters.



Les sessions posters

Prix de la Société Française de Génétique

Victoria ROJAT

Automated measurement of replication fork velocity in the human genome using nanopore sequencing. IBENS, Département de biologie, École Normale Supérieure, Université PSL, CNRS, INSERM, Paris, Doctorante, équipe de Olivier Hyrien, direction par Benoit Le Tallec.

Les travaux de Victoria portent sur l'utilisation du séquençage Nanopore pour cartographier et extraire la vitesse des fourches de réplication individuelle détectées par l'incorporation d'un analogue de thymidine (BrdU). Cette méthode permet de calculer la vitesse moyenne de la fourche dans les cellules humaines, quantifie précisément le ralentissement de la fourche induit par les inhibiteurs de réplication (hydroxyurée et aphidicoline) et montre une excellente reproductibilité, soulignant sa précision et sa robustesse.

Amélie BESOMBES

DciA secures bidirectional replication initiation.

Institut Jacques Monod, Paris, Doctorante, équipe de Jean Luc Ferrat.

Les travaux d'Amélie visent à comprendre comment s'établit la réplication bidirectionnelle des chromosomes bactériens à partir d'une origine de réplication unique. Amélie démontre que DciA

est essentiel pour assurer l'initiation bidirectionnelle de la réplication chez les bactéries, en contraignant les extrémités de l'ADN en cours de synthèse et en empêchant une cascade d'événements conduisant à la dégradation du chromosome associée à l'initiation accidentelle de la réplication unidirectionnelle.

Jérôme SAVOCCO

Study of the role of Rad54 and Rdh54 in genome-wide homology search.

ENS-Lyon, Post-doctorant, Equipe Aurèle Piazza.

La réparation des cassures double-brin de l'ADN par recombinaison homologue repose sur l'identification d'une molécule d'ADN homologue intacte à utiliser comme modèle. La recherche d'homologie dépend de l'action d'un filament nucléoprotéique, produit de l'assemblage de la recombinase Rad51 et de protéines associées sur l'ADN généré par résection au site de la cassure double brin. Les résultats de Jérôme suggèrent que Rad54 favorise la recherche d'homologie à la fois en stimulant l'association et la dissociation du filament nucléoprotéique, réaction à laquelle s'oppose Rdh54.

Prix de la SFG : Jérôme Savocco, Victoria Rojat, Amélie BESOMBES



Prix du comité scientifique

Laura CHAPTAL

Exploring the Molecular Factors Influencing Cohesin Retention at Transcription Sites.

Institute of Human Genetics, Montpellier, Doctorante, Equipe Armelle Lengronne.

Au cours des dernières décennies, des expériences de séquençage par immunoprécipitation de la chromatine ont montré que les cohésines sont presque exclusivement situées dans la zone de convergence des gènes transcrits de manière opposée. Les nouvelles études de séquençage Hi-C ont révélé la présence de boucles d'ADN dont les bases correspondent à l'enrichissement en

cohésines. Bien que la localisation de la cohésine soit connue depuis près de 20 ans, le mécanisme contribuant à son accumulation spécifique dans les zones de convergence des gènes n'est pas connu. Lorsque Laura a perturbé le processus de terminaison de la transcription, elle a observé un changement clair dans la distribution de la cohésine le long des gènes transcrits. Cela souligne l'importance du site de libération de la machinerie de transcription dans la détermination du positionnement de la cohésine.

Prix Fondation ARC

Louise Galey

Contribution of ATR/Chk1 signaling activated during G2 phase following RS to the maintenance of genome stability.

Institut Gustave Roussy, Villejuif, Doctorante, Equipe Olivier Gavet.

Le stress de réplication est une caractéristique fréquente des lésions précancéreuses et cancéreuses liées à l'activation d'oncogènes et constitue une force motrice de l'instabilité chromosomique. Le stress de réplication déclenche l'activation du point de contrôle de la réplication de l'ADN, notamment la voie de signalisation ATR-Chk1, qui ralentit la progression du cycle cellulaire et stabilise les fourches de réplication bloquées et permet l'activation d'origines dormantes contribuant à l'achèvement de la réplication de l'ADN. Pour quantifier la signalisation ATR/Chk1 en temps réel dans des cellules vivantes individuelles Louise a développé un bio-senseur de l'activité de Chk1 basé sur le FRET. Au cours d'une croissance non perturbée, une activité de Chk1 basale est maintenue tout au long de la phase S, empêchant une entrée mitotique prématurée avant l'achèvement de la réplication de l'ADN. Le stress de réplication déclenche une sur-activation de Chk1, retardant la progression de la phase S. Chk1 s'inactive invariablement lorsque la réplication de l'ADN se termine et que les cellules entrent en phase G2.

Prix de la Société française du cancer

Marco GRILLO

Deciphering the causes and consequences of centromere aberrations in human cells.

Institut Curie, Paris, Doctorant, Equipe Daniele Fachinetti

La plupart des tumeurs humaines présentent des caryotypes très complexes qui vont d'un nombre anormal de chromosomes à une aneuploïdie des bras chromosomiques et à des translocations chromosomiques des bras entiers. Ces résultats suggèrent la présence d'événements de cassure dans la région (péri)centromérique, la constriction primaire qui sépare le chromosome en un bras « p » et un bras « q ». Dans son projet, en induisant des cassures dans les centromères par différents moyens dans des cellules humaines, Marco étudie la ou les voies nécessaires pour

promouvoir des événements de translocations de bras entiers, dans le but d'étudier l'impact de ces types de réarrangements centromériques sur la fonctionnalité du centromère.



De gauche à droite :
Louise Gallet, Prix poster de la fondation ARC.
Marco Grillo, prix de la SFC.
Laura Chaptal, Prix du comité scientifique.



Bilan budgétaire et sponsors.

Comme pour les éditions précédentes, le bilan financier du colloque est à l'équilibre. Le comité d'organisation est attaché à maintenir des frais d'inscription abordables pour les jeunes chercheurs/chercheuses grâce au soutien des différents sponsors. Les recettes comprennent deux grands secteurs distincts : les inscriptions des participants et les ressources extérieures issues de nos sponsors. Le comité d'organisation tient à remercier :

[BGI Genomics](#)

[Cancer Research for PErsonalized Medicine \(CARPEM\)](#)

[Le Canceropole Provence-Alpes-Côte d'Azur](#)

[Commissariat à l'Énergie Atomique et aux Énergies Alternatives \(CEA\), Division de la Recherche Fondamentale \(DRF\), Programme de Radiobiologie.](#)

[Le Centre de recherche en cancérologie de Marseille \(CRCM\)](#)

EMBO

Fondation ARC pour la Recherche sur le Cancer

Institut Jacques Monod

Institut de biologie Intégrative pour la cellule (I2BC)

LABEX Descartes Who am I

La LIGUE contre le cancer

LUMICKS

NOVOGENE

Société française du cancer (SFC)

Société française de génétique (SFG)

SIRIC EPICURE Institute Gustave Roussy (IGR)

VAZYME



premc.org/3r-meeting-2024



En résumé

La quinzième édition du colloque Réplication-Réparation-Recombinaison a remporté un vif succès avec une adhésion importante de la communauté des 3R. Ce colloque est une opportunité exceptionnelle pour cette communauté d'échanger et de discuter des avancées de la recherche dans cette thématique, tant sur le plan cognitif et fondamental que sur le plan des applications potentielles en santé, notamment en biologie du cancer. La prochaine édition est prévue pour 2026 avec un comité d'organisation en partie renouvelé.

Annexe : programme scientifique

Day 1: Tuesday May 21, 2024

17:00 – 18:10 Session 1: Replication and Replication stress

Chairs: Sarah Lambert & Josée Guirouilh-Barbat

17:00-17:05 Introduction

17:05- 17:40 The EMBO Keynote lecture.

Helle Ulrich (IMB, Mainz, Allemagne)

Ubiquitin signaling and synthetic lethality in DNA damage bypass

17:40 - 17:55 Annabel Quinet (IRCM, CEA Fontenay aux roses)

Repriming: an emerging mechanism of replication stress response relevant to cancer

17:55 – 18:10 Jeremy Lebreton (MRC Human Genetics Unit, The University of Edinburgh)

Condensin depletion underlies chromosome lesions at common fragile sites

19:15-21:00 Dinner

20:30-23:00 Poster Session I: poster numbers 1-63

Day 2: Wednesday May 22, 2024

8:50 – 10:00 Session 1: Replication and Replication stress

Chairs: Sarah Lambert & Josée Guirouilh-Barbat

8:50 – 9:10 Marie-Noelle Prioleau (Institut Jacques Monod, Paris)

Interactions between replication origins and transcription

9:10 – 9:25 Michael Cox (University of Wisconsin-Madison)

Controlling Genome Topology with Sequences that Trigger Post-replication Gap Formation During Replisome Passage: The E. coli RRS Elements

9:25 – 9:40 Amani Shreim (Institute for Advanced Biosciences (IAB))

SPHINX31, a SRPK1 inhibitor, regulates the ATR/DNA-PKcs/CHK1 replicative checkpoint to inhibit cell growth in NSCLC cells

9:40 – 9:55 Mégane Da Mota (Institute of Human Genetics, Montpellier)

Condensin collaborates with topoisomerases at replication forks to facilitate fork reversal in response to replication stress

9:55 - 10:00 Presentation of the SFC (Société Française du Cancer)

10:00-10:30 Coffee break

10:30 - 12:00 Session 2: Genome and nuclear organization

Chairs: Gaëlle Legube and Benoit Palancade

10:30 – 10:50 Frederic Beckouet (CBI, Toulouse)

Mechanisms controlling cohesin dependent loops

10:50 – 11:05 Lise Dauban (Netherlands Cancer Institute)

Genome - nuclear lamina interactions are multivalent and cooperative

11:05 – 11:20 Axel Delamarre (Memorial Sloan Kettering Cancer Center, Molecular Biology Program, New York, USA)

Proximity Copy Paste (PCP): A new method to map the 3D organization of chromatin

11:20 – 11:35 Lise-Marie Donnio (Pathophysiology and Genetics of Neuron and Muscle)

Nucleolar homeostasis after DNA damage: Role of NM1 protein, a new SMN partner.

11:35 - 11:55 Pascale Bertrand (CEA Fontenay-aux-Roses)

Lamin B1 and genome stability

11:55 - 12:10 Tribute to Angelos Constantinou (Pierre-Henri Gaillard, Jihane Basbous)

12:10 – 14:00 Lunch

14:00 - 16:00 Poster Session I (continued): poster numbers 1-63

16:00 – 16:30 Coffee Break

16:30 – 17:55 Session 3: Cell physiology and Programmed genome rearrangements

Chairs: Anna Campalans & Olivier Espéli

16:30 – 16:50 María Moriel-Carretero (CRBM, Montpellier)

Stage for lipids in replication, recombination and repair

16:50 – 17:05 Emilie Mylne (Institut Curie)

Unbiased characterization of proteins associated to homologous recombination-repair DNA synthesis

17:05 – 17:20 Jacques Serizay (IBENS, École Normale Supérieure)

Rescuing replication during the multiciliation cell cycle variant

17:20 – 17:35 Calum Johnston (LMGM-CBI, CNRS)

The RecA-directed recombination pathway of natural transformation initiates at chromosomal replication forks in the pneumococcus.

17:35 - 17:55 Bernardo Reina San Martin (IGBMC, Strasbourg)

Fam72a regulates the balance between error-prone and error-free DNA repair during antibody diversification.

17:55 - 19:15 Wine tasting

19:15-21:00 Dinner

20:30-23:00 Poster Session II: poster numbers 64-125

Day 3: Thursday May 23, 2024

8:50-10:00 Session 4: 3R at high resolution

Chairs: Olivier Espéli and Françoise Ochsenbein

8:50 – 9:10 Joanna Timmins (Institut de Biologie Structurale, Grenoble)

Structural insight into the dynamics of bacterial nucleotide excision repair

9:10– 9:25 Florian Roisé-Hamelin (University of Lausanne (UNIL))

Plasmid recognition and cleavage by the DNA-measuring SMC JET nuclease

9:25 – 9:40 Madison Lenormand (Institut Pasteur)

Dissecting DNA Double-Strand Break Repair by Single-Cell Analysis

9:40– 9:55 Dalila Saulebekova (Institut Curie)

Role of RIF1 in replication initiation dynamics: insights from high-throughput single- molecule origin mapping

9:55 – 10:00 Presentation of the SFG (Société Française de Génétique)

10:00 – 10:30 Coffee Break + photo

10:30 – 11:55 Session 5: Genome maintenance, aging and disease

Chairs: Anna Campalans and Benoit Palancade

10:30 – 10:50 Miguel Ferreira (IRCAN, Nice)

cGAS-STING is responsible for premature aging in telomerase deficient zebrafish

10:50 – 11:05 Maxime Heintzé (Institut Imagine)

Role of somatic mutations and chromoplexy in Ewing sarcomagenesis

11:05 – 11:20 Myriam Ruault (Curie Institute)

Esc1-mediated telomere anchoring regulates telomere spatial organization upon metabolic transitions in yeast

11:20 – 11:35 Sophie de Tocqueville (Imagine Institute)

Functional characterization of novel ZCCHC8 mutations associated with telomere biology disorders

11:35 – 11:55 Bernard Lopez (Institut Cochin, Paris)

RAD51 prevents ageing but favors oncogenesis and can promote genetic instability through a homology-independent process

12:00 – 14:00 Lunch

14:00-16:00 Poster Session II (continued): poster numbers 64-125

16:00 – 16:30 Coffee Break

16:30 – 18:10 Session 6: Recombination and genome plasticity

Chairs: Valérie Borde & Bertrand Llorente

16:30 – 16:50 Gilles Fischer (Institut de Biologie Paris Seine, Paris)

Transient phenotypic mutators in yeast colonies and their impact on the specie genetic diversity

16:50 – 17:05 Rajeev Kumar (Institut Jean-Pierre Bourgin, INRAE)

The functional analysis of a non-canonical BRCA2 in Homologous recombination repair

17:05 – 17:20 Yasmina Djeghmoum (ENS Lyon - CNRS)

Donor transcription is a cis-acting anti-recombination mechanism that promotes genome stability

17:20 – 17:35 Raphaël Mangione (Institut Jacques Monod)

DNA discontinuities predate DNA:RNA hybrid accumulation

17:35 – 18:10 Keynote Closing lecture:

Michael Lichten (NCI, NIH, New York, USA)

A garden of forking paths: branching, switching and reversal in meiotic recombination

18:10 – 20:00 Cocktail and best poster prizes from Société Française de Génétique, Société Française de Cancérologie and Fondation ARC

20:00 – 21:30 Dinner

22:00 - 00:30 Dancing

Day 4: Friday May 24, 2024

9:30, 12:00 & 14:00 Departure of shuttles for the Narbonne Train station.