



ment de traitements plus en adéquation avec l'évolution de la maladie chez chaque patient. \diamond

Analysis of intrahepatic virological events associated to chronic hepatitis B infection

LIENS D'INTÉRÊT

Les auteurs déclarent n'avoir aucun lien d'intérêt concernant les données publiées dans cet article.

RÉFÉRENCES

1. Lavanchy D. Worldwide epidemiology of HBV infection, disease burden, and vaccine prevention. *J Clin Virol* 2005 ; 34 (suppl 1) : S1-3.
2. Fattovich G. Natural history and prognosis of hepatitis B. *Semin Liver Dis* 2003 ; 23 : 47-58.
3. Zhang X, Lu W, Zheng Y, et al. In situ analysis of intrahepatic virological events in chronic hepatitis B virus infection. *J Clin Invest* 2016 ; 126 : 1079-92.
4. Nassal M. Hepatitis B viruses: reverse transcription a different way. *Virus Res* 2008 ; 134 : 235-49.
5. Ganem D, Schneider RJ. Hepadnaviridae and their replication. In : Knipe DM, Howley PM, Griffin DE, et al., eds. *Fields virology*, 4th ed. Philadelphia, PA : Lippincott-Raven Publishers, 2001 : 2923-69.
6. Gao W, Hu J. Formation of hepatitis B virus covalently closed circular DNA: removal of genome-linked protein. *J Virol* 2007 ; 81 : 6164-74.
7. Yang HC, Kao JH. Persistence of hepatitis B virus covalently closed circular DNA in hepatocytes: molecular mechanisms and clinical significance. *Emerg Microbes Infect* 2014 ; 3 : e64.
8. Lentz TB, Loeb DD. Roles of the envelope proteins in the amplification of covalently closed circular DNA and completion of synthesis of the plus-strand DNA in hepatitis B virus. *J Virol* 2011 ; 85 : 11916-27.
9. Lucifora J, Xia Y, Reisinger F, et al. Dégradation spécifique de l'ADN nucléaire responsable de la persistance du virus de l'hépatite B. *Med Sci (Paris)* 2014 ; 30 : 724-6.
10. Werle-Lapostolle B, Bowden S, Locarnini S, et al. Persistence of cccDNA during the natural history of chronic hepatitis B and decline during adefovir dipivoxil therapy. *Gastroenterology* 2004 ; 126 : 1750-8.
11. Levrero M, Zucman-Rossi J. Mechanisms of HBV-induced hepatocellular carcinoma. *J Hepatol* 2016 ; 64 (suppl 1) : S84-101.

NOUVELLE

Les liaisons dangereuses : p53, dyskératose congénitale et anémie de Fanconi

Eléonore Toufektchan¹⁻⁴, Sara Jaber¹⁻⁴, Franck Toledo¹⁻⁴

Les syndromes d'insuffisance médullaire héréditaire

Les syndromes d'insuffisance médullaire héréditaire sont des maladies rares, caractérisées par un défaut de production de cellules hématopoïétiques associé à des malformations physiques et une prédisposition au développement tumoral. Deux de ces syndromes d'insuffisance médullaire majeurs sont la dyskératose congénitale (DC) et l'anémie de Fanconi (AF). Ces pathologies sont causées par des mutations de gènes codant des protéines impliquées dans des mécanismes cellulaires essentiels, respectivement le métabolisme des télomères et la réparation de l'ADN. La DC est ainsi caractérisée par un raccourcissement accéléré des télomères et l'AF par un défaut de réparation des ponts inter-brins de l'ADN. Malgré la distinction des voies moléculaires affectées, la DC et l'AF

montrent de nombreuses similitudes au niveau phénotypique (*Tableau 1*), ce qui complique leur diagnostic clinique et rend complexe la compréhension des mécanismes sous-jacents [1]. De nombreuses études ont été menées pour comprendre les mécanismes cellulaires impliqués dans le développement des syndromes d'insuffisance médullaire héréditaire, notamment via la création de souris mutantes. Mais si l'inactivation chez la souris d'un gène muté chez des patients permet de reproduire certains phénotypes, très peu de modèles ont réellement permis de récapituler l'ensemble des symptômes de ces pathologies. Néanmoins, notre équipe a récemment créé un très bon modèle murin de DC caractérisé, de façon surprenante, par une délétion du domaine C-terminal de la protéine p53, mieux connue pour ses activités anti-tumorales [2].

¹Génétique de la suppression tumorale, Équipe Labellisée Ligue, Institut Curie, Centre de recherche, 26, rue d'Ulm, 75248 Paris Cedex 05, France ;
²Sorbonne Universités, UPMC, Université Paris 6, Paris, France ;
³CNRS UMR 3244, Paris, France ;
⁴PSL Research University, Paris, France.
franck.toledo@curie.fr

La protéine p53 régule le métabolisme des télomères

La protéine p53 est un facteur de transcription stabilisé et activé en réponse à divers stress cellulaires, qui régule l'expression de nombreux gènes cibles impliqués dans la sénescence, l'apoptose ou encore la régulation du métabolisme énergétique. Cette protéine, dont le gène humain *TP53* est inactivé dans 50 à 70 % des cancers sporadiques [3], exerce un rôle anti-tumoral majeur. Toutefois, p53 est impliquée dans de nombreux autres processus physiologiques, tels que la fertilité ou le vieillissement, et sa dérégulation jouerait un rôle dans diverses pathologies comme le diabète et les maladies neuro-dégénératives [4]. Le modèle murin p53^{Δ31}, qui exprime une protéine p53 hyperactive tronquée de son domaine C-terminal, récemment généré par notre équipe, a permis

	Dyskératose congénitale	Anémie de Fanconi
Phénotypes cellulaires		
Raccourcissement télomérique	✓	✓ ^a
Défauts de réparation de l'ADN	✓ ^b	✓
Instabilité chromosomique	✓	✓
Phénotypes cliniques		
Retard de croissance	✓	✓
Hyperpigmentation cutanée	✓	✓
Leucoplasie orale	✓	✗
Dystrophie unguéale	✓	✗
Microphthalmie	✗	✓
Anomalies du squelette	✗	✓
Tâches « café au lait »	✗	✓
Insuffisance médullaire progressive	✓	✓
Fibrose pulmonaire	✓	✗
Malformations cardiaques	✗	✓
Hypertrophie cardiaque	✓	✗
Microcéphalie	✓	✓
Hypoplasie cérébelleuse	✓	✗
Atrophie testiculaire	✓	✓
Maladies hépatiques et gastro-intestinales	✓	✗
Prédisposition au développement tumoral		
Carcinomes de la sphère ORL et ano-génitale	✓	✓
Leucémies	✓	✓
Myélodysplasie	✓	✓
Carcinomes de la peau et du tube digestif	✗	✓
Tumeur mammaire ou de l'ovaire	✗	✓ ^c
Tumeur du cerveau et du rein	✗	✓ ^d

Tableau 1. Comparatif dyskératose congénitale (DC)/anémie de Fanconi (AF). ✓ : phénotype caractéristique des patients DC ou AF ; ✗ : phénotype non retrouvé chez les patients DC ou AF ; ✓ : phénotype retrouvé chez des patients atteints de variants sévères de DC. ^a : phénotype retrouvé chez des patients mutés pour *FANCD2* (*Fanconi anemia complementation group D2*). ^b : phénotype retrouvé chez des patients mutés pour *RTEL1* (*regulator of telomere elongation helicase 1*). ^c : phénotype retrouvé chez des patients mutés pour *FANCS/BRCA1* (*breast cancer 1*), *FANCD1/BRCA2* et *FANCN/PALB2* (*partner and localizer of BRCA2*). ^d : phénotype retrouvé chez des patients mutés pour *FANCD1/BRCA2*, *FANCN/PALB2* et *FANCI/BRIP1/BACH1* (*BRCA1-interacting protein 1* ou *BRCA1-associated C-terminal helicase*). ORL : oto-rhino-laryngologie.

d'associer p53 à une nouvelle fonction majeure : la régulation du métabolisme des télomères [2]. En effet, nous avons montré que les souris homozygotes *p53^{Δ31/Δ31}* récapitulent les phénotypes cliniques et moléculaires du syndrome de DC, et que p53 régule l'expression de plusieurs gènes mutés dans cette pathologie [2, 5] (→). (→) Voir la Nouvelle de S. Jaber et al., m/s n° 12, décembre 2013, page 1071

p53 régule également la voie Fanconi de réparation de l'ADN

L'étude initiale du modèle murin *p53^{Δ31}* a permis d'évaluer l'expression de 10 gènes mutés chez des patients atteints de DC [2]. Mais la maintenance des télomères dépend de plusieurs dizaines de protéines, ce qui nous a récemment incités à étendre cette étude à un éventail plus large de gènes codant des protéines impliquées dans le métabolisme des télomères. Parmi 42 nouveaux candidats, nous avons ainsi identifié 7 gènes dont l'expression diminue significativement lorsque l'activité de p53 augmente [6]. Parmi eux, le gène qui présente la plus forte répression est le gène murin *Fancd2* (*Fanconi anemia complementation, group d2*), homologue du gène humain *FANCD2¹*, qui code une protéine centrale de la voie de l'AF. La voie Fanconi de réparation de l'ADN compte 21 protéines FANC, réparties en 3 complexes protéiques nécessaires à la réparation de lésions particulières, appelées ponts inter-brins. La régulation négative de *Fancd2* par p53 chez la souris nous a fortement intrigués car, chez l'homme, l'inactivation d'un seul des gènes *FANC* est suffisante pour induire l'AF, présentant de nombreux traits phénotypiques semblables à la DC, la pathologie modélisée par les souris *p53^{Δ31/Δ31}*. Par ailleurs, *Rtel1* (*regulator of telomere elongation helicase 1*), l'un des gènes mutés dans la DC et précé-

¹ Par convention, les gènes murins sont écrits en italique avec la première lettre en majuscule, les gènes humains sont en italique avec toutes les lettres en majuscule, et les protéines des deux espèces sont en majuscules.

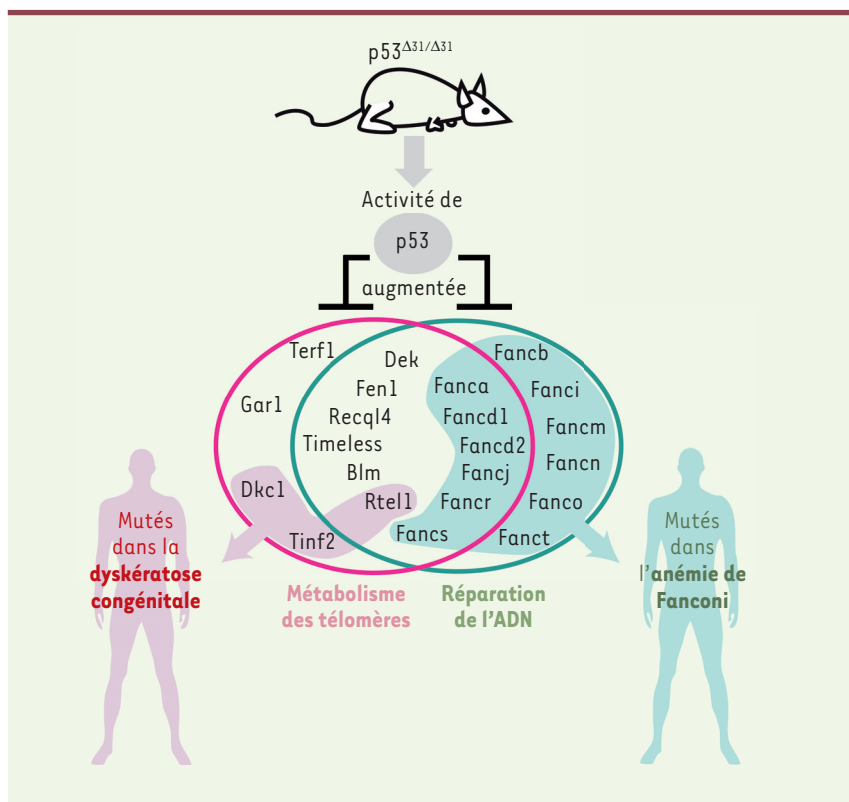


Figure 1. Le modèle murin $p53^{\Delta31/\Delta31}$ révèle que la protéine p53 régule l'expression de 22 gènes impliqués dans le métabolisme des télomères et/ou la voie Fanconi de réparation de l'ADN. Sept des 12 gènes impliqués à la fois dans la régulation des télomères et la réparation de l'ADN sont mutés chez l'homme, chez des patients atteints de DC ou d'AF. Adapté de [6]. *Blm* : Bloom syndrome gene ; *Dkc1* : dyskeratosis congenita 1 ; *Fanca, b, d1, d2, i, j, m, n, o, r, s* ou *t* : Fanconi anemia complementation group a, b, d1, d2, i, j, m, n, o, r, s, ou t ; *Fen1* : Flap endonuclease 1 ; *Gar1* : homolog of *S. cerevisiae* glycine and arginine rich 1 ; *Recq14* : RecQ like helicase 4 ; *Rtel1* : regulator of telomere elongation helicase 1 ; *Terf1* : telomeric repeat binding factor 1 ; *Tinf2* : Terf1-interacting nuclear factor 2.

demment identifiés comme réprimés par p53 [2], code une hélicase apparentée à FANCI. De plus, *Blm* (Bloom syndrome gene) et *Fen1* (Flap endonuclease 1), deux autres gènes nouvellement trouvés comme réprimés par p53, codent respectivement une hélicase et une endonucléase interagissant avec des protéines FANCI [13] (→).

(→) Voir la Synthèse de E.L. Dubois et al., m/s n° 6-7, juin-juillet 2016, page 598

Ces observations nous ont conduits à évaluer plus précisément l'impact de p53 sur l'expression des gènes *Fanc*. Nous avons ainsi identifié 11 autres gènes *Fanc* réprimés suite à la suractivation de p53 [6]. Nous avons, de

plus, montré que les cellules $p53^{\Delta31/\Delta31}$ sont hypersensibles à la mitomycine C², un agent induisant des ponts interbrins, ce qui se manifeste par un nombre accru d'aberrations chromosomiques et d'échanges entre chromatides sœurs [6], des caractéristiques typiquement retrouvées dans les cellules de patients atteints d'AF [7].

Ainsi, l'ensemble des résultats obtenus par l'étude du modèle murin $p53^{\Delta31}$ nous a permis d'associer p53 à la régulation du métabolisme des télomères,

² Antibiotique issu de *Streptomyces caespitosus*, il s'agit d'un agent alkylant qui interagit avec l'ADN et est utilisé en chimiothérapie.

mais également à celle de la voie Fanconi de réparation de l'ADN. Ces régulations constitueraient un système de rétrocontrôle positif selon le modèle suivant [6] : p53 réprime l'expression de nombreux gènes impliqués dans ces deux voies cellulaires, ce qui induit des défauts de régulation des télomères et de réparation de l'ADN qui, en retour, activent p53. Lorsque la protéine p53 est sauvage, cette boucle de régulation est contrebalancée par la dégradation de p53 par MDM2 (murine double minute 2), un régulateur majeur et gène cible de p53. En revanche, la délétion du domaine C-terminal de p53 atténuerait sa régulation négative par MDM2, ce qui conduirait à une hyperactivation de p53 et provoquerait un défaut accru dans le maintien des télomères et la réparation de l'ADN. Ceci expliquerait pourquoi les souris $p53^{\Delta31/\Delta31}$ développent une DC, mais aussi pourquoi les cellules de ces souris présentent également des phénotypes caractéristiques de l'AF.

p53 réduit la frontière entre DC et AF

Les régulations négatives de la biologie des télomères et de la voie Fanconi de réparation de l'ADN sont de nouvelles fonctions qui semblent bousculer l'idée généralement admise de p53 comme gardien du génome. Néanmoins, ces régulations permettraient de faciliter l'entrée en apoptose de cellules dont le génome est altéré.

La suractivation de p53 favorise des dérégulations à l'origine de la DC et de l'AF. Ce mécanisme commun pourrait expliquer la confusion clinique possible entre ces deux syndromes d'insuffisance médullaire. En effet, des défauts télomériques ont été observés chez certains patients atteints d'AF présentant une mutation de *FANCD2* [8]. À l'inverse, des cellules de patients souffrant du syndrome Hoyeraal-Hreidarsson, un variant sévère de la DC, et mutées pour *RTEL1*, peuvent présenter une hypersensibilité à la mitomycine C [9]. Il a également été récemment montré que des mutations de *BRCA1* (breast cancer 1 ou *FANCS*)

