

Diversité moléculaire des effecteurs antimicrobiens chez l'huître creuse *Crassostrea gigas* : mise en évidence et rôle dans la réponse antimicrobienne



This work contributed to the knowledge of the molecular bases of oyster immunity by the characterization of the diversity of three antimicrobials of *C. gigas* and the understanding of the role played by their diversity in the oyster antimicrobial response. Phylogenetic analyses of two antimicrobial peptides (AMPs), Cg-Defensins (Cg-Defens) and Cg-Proline rich peptide (Cg-Prp), and one Bactericidal Permeability Increasing protein, Cg-BPI, led us to the identification of a high diversity for both AMPs. Further analyses showed that this diversity is generated by gene duplication, allelic recombination and directional selection pressures, suggesting their functional diversification. The biological meaning of AMP diversity was investigated for the three major variants of Cg-Defens, which revealed a strong but variable potency against Gram-positive bacteria. We evidenced that oyster defensins kill *S. aureus* through binding to the cell wall precursor lipid II, resulting in the inhibition of peptidoglycan biosynthesis. Finally, transcript expression and localization of oyster antimicrobials after a pathogenic infection evidenced a complex network in their expression profiles in

hemocyte populations and oyster tissues, suggesting a potential interplay between antimicrobials as a result of their colocalization. Indeed, the combination of oyster antimicrobials produced strong synergistic activities that enlarged their antimicrobial spectra. Thus, the diversity of oyster antimicrobials may provide significant means in acquiring functional divergence, probably concerned in the evolutionary arms race between hosts and their pathogens. From our data, it would provide oysters with a higher protection against the potential pathogens from their environment. Ce travail a contribué à la compréhension des bases moléculaires de l'immunité de l'huître creuse par la caractérisation la diversité de trois effecteurs antimicrobiens de *C. gigas* et par l'appréhension du rôle de cette diversité dans les mécanismes de défense. Des analyses phylogénétiques de deux peptides antimicrobiens (AMPs), Cg-Défensines (Cg-Defens) et Cg-Proline rich peptide (Cg-Prp), et d'une protéine de type Bactericidal Permeability Increasing protein, Cg-BPI, nous a permis montrer la grande diversité pour les 2 AMPs, qui est générée par plusieurs mécanismes génétiques et par des pressions de sélection directionnelles, suggérant une diversité fonctionnelle des variants. L'importance biologique de cette diversité a été étudiée pour trois variants de Cg-Defens. Une forte activité antimicrobienne a été mise en évidence contre les bactéries à Gram positive, mais celle-ci diffère selon les variants. De plus, nous avons démontré que le mécanisme d'action des Cg-Defens contre *S. aureus* repose sur l'inhibition de la biosynthèse du peptidoglycane par le piégeage de son précurseur, le lipide II. Finalement, l'expression des transcrits et la localisation de ces effecteurs en réponse à une infection par un *Vibrio* pathogène ont montré un réseau complexe des profils d'expression des différents antimicrobiens, au niveau des populations hématocytaires et des tissus d'huître, suggérant une interaction entre les antimicrobiens du fait de leur colocalisation. La combinaison entre les familles ou entre les variants d'une même famille produit de fortes activités synergiques qui élargissent les spectres d'activité. Ainsi, la diversité produit par la coévolution entre hôte et pathogènes pourrait améliorer l'activité des AMPs d'huître, lui conférant une plus grande protection contre les pathogènes de son environnement.

Auteurs du document : Schmitt, Paulina

Obtenir le document : Université Montpellier 2

Thème (issu du Text Mining) : BIOCHIMIE - CHIMIE, SCIENCES EXACTES SCIENCES HUMAINES

Date : 2010-10-22

Format : text/xml

Langue : Inconnu

Droits d'utilisation : 2010 The author / Univ Montpellier 2, info:eu-repo/semantics/openAccess, restricted use

Télécharger les documents : <https://archimer.ifremer.fr/doc/00028/13906/11072.pdf>

<https://archimer.ifremer.fr/doc/00028/13906/>

Permalien : <https://www.documentation.eauetbiodiversite.fr/notice/diversite-moleculaire-des-effecteurs-antimicrobiens-chez-l-huitre-creuse-crassostrea-gigas-mise-en-e0>