

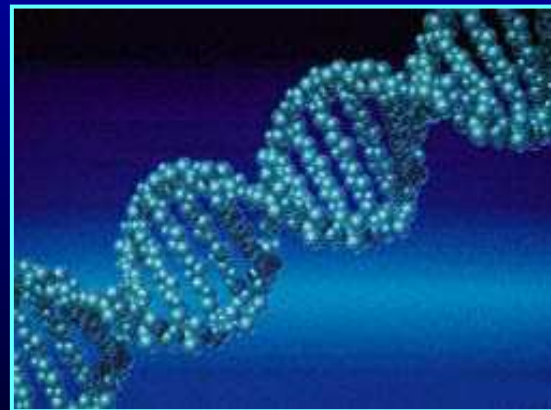
Ifremer



Analyse du génome de PAV1, le premier virus de l'*archaea* hyperthermophile *Pyrococcus abyssi*

Claire GESLIN, Karen ROUAULT, Gaël ERAUSO, Mélusine GAILLARD,
Marc LE ROMANCER, Didier FLAMENT et Daniel PRIEUR

UMR CNRS 6197, 29280 PLOUZANE



Plan

PAV1, le premier virus de l'*archaea* hyperthermophile *Pyrococcus abyssi*

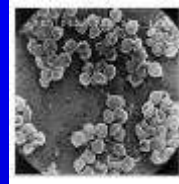
Quel intérêt d'étudier le génome de PAV1 ?

L'étude du génome de PAV1

Conclusion et perspectives

PAV1, le premier virus de l'archaea hyperthermophile *Pyrococcus abyssi*

Hôte : *Pyrococcus abyssi*



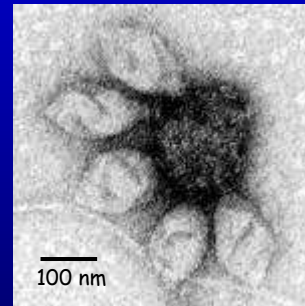
Origine : bassin nord-fidjien (- 2000 m)



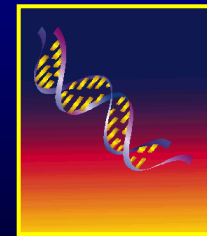
Forme : citron

Taille : 120 nm \times 80 nm

Enveloppe : protéolipidique

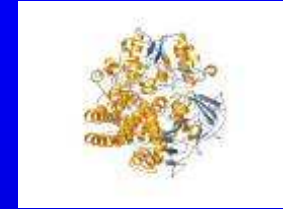
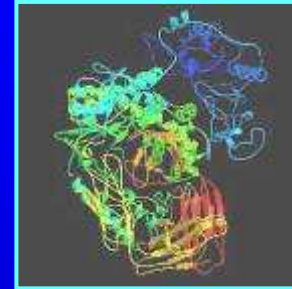


Génome : ADN double brin circulaire de 18kpb



Quel intérêt d'étudier le génome de PAV1 ?

Nouvelles protéines thermostables



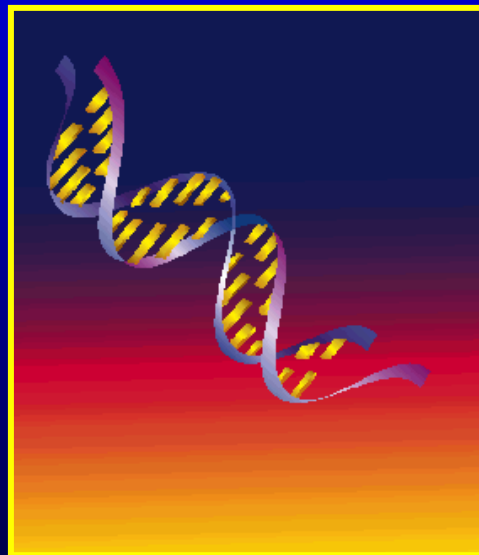
Séquence complète d'un virus
archéen thermophile

Seulement 6 sur 20

Evolution des virus et de leur génome



L'analyse du génomme de PAV1



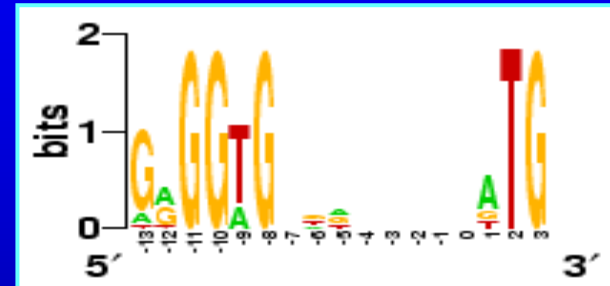
La prédiction des gènes

Recherche des cadres ouverts de lecture (ORFs)

4 programmes différents :

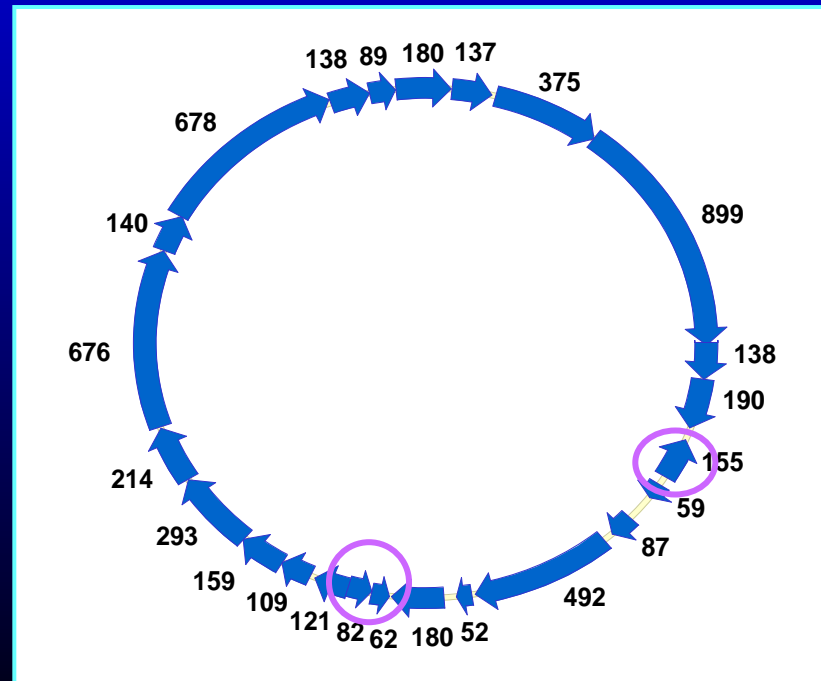
- GLIMMER
- FGENESV
- GeneMark.hmm
- Méthode heuristique de GeneMark

Recherche des RBS (RBS Finder, ELPH)



24 gènes prédits

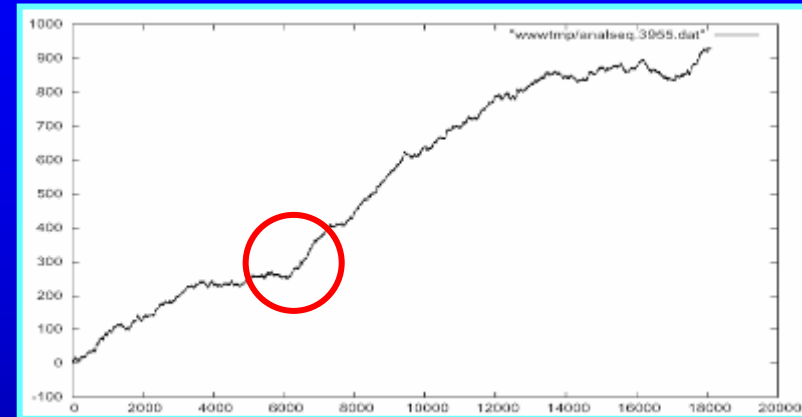
21 sur le brin +
3 sur le brin -



La recherche d'une origine de réplication

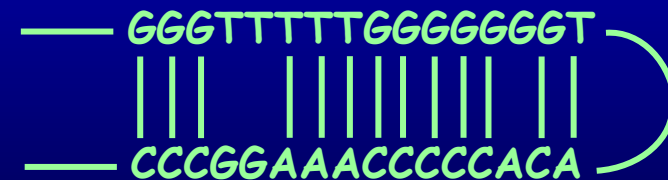
Indice 1 :

D'après le biais cumulatif en G+C,
zone d'inflexion vers 6500 pb
(profil atypique)



Indice 2 :

Présence d'une séquence
palindromique vers 6500 pb

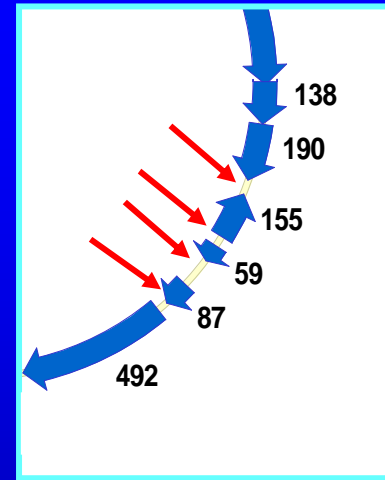


L'analyse du génome de PAV1

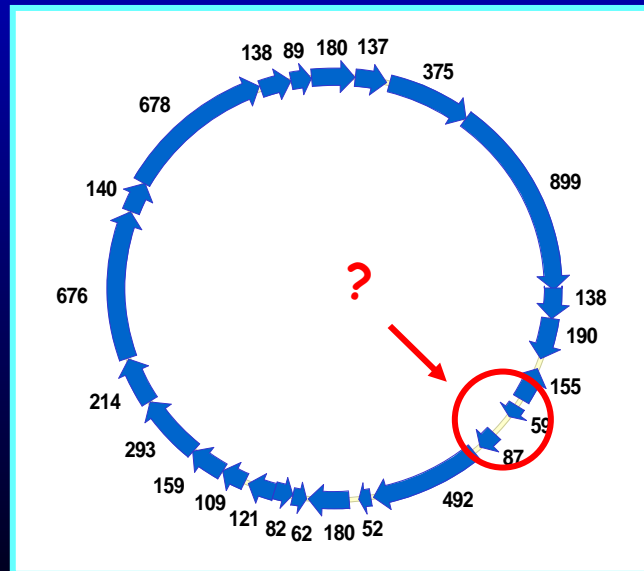
La recherche d'une origine de réplication

Indice 3 :

Régions intergéniques plus étendues entre 5400 et 7000 pb



Localisation potentielle de l'origine de réplication du virus



Réplication unidirectionnelle

Quel mode de réplication ?

Par cercle roulant ? { Réplication unidirectionnelle
Cas de certains génomes viraux (ϕ X 174)



Recherche d'un intermédiaire de réplication simple brin



Signal
aspécifique

Pas de réplication
par cercle roulant
mais ...

... peut-être
 θ unidirectionnel ?
déplacement de brin ?

La recherche d'une réplicase virale

Quels candidats potentiels
à une telle fonction ?



Aucune homologie de
séquence mais ...



... 2 gènes comportant
un motif ATPase qui
existe sur les
polymérases



Protéine de 899 aa
+
Taille importante



Nouvelle enzyme
multifonctionnelle ?



Protéine de 492 aa

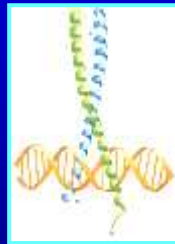


Nouvelle famille de
réplicase ?

La régulation de la transcription

2 signatures de régulateurs transcriptionnels

2 motifs
Leucine Zipper

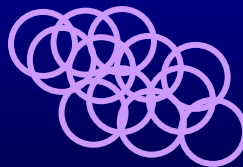


1 motif RHH
(famille CopG)



Régulation d'une
protéine
initiatrice de la
réplication

50 à 70
copies

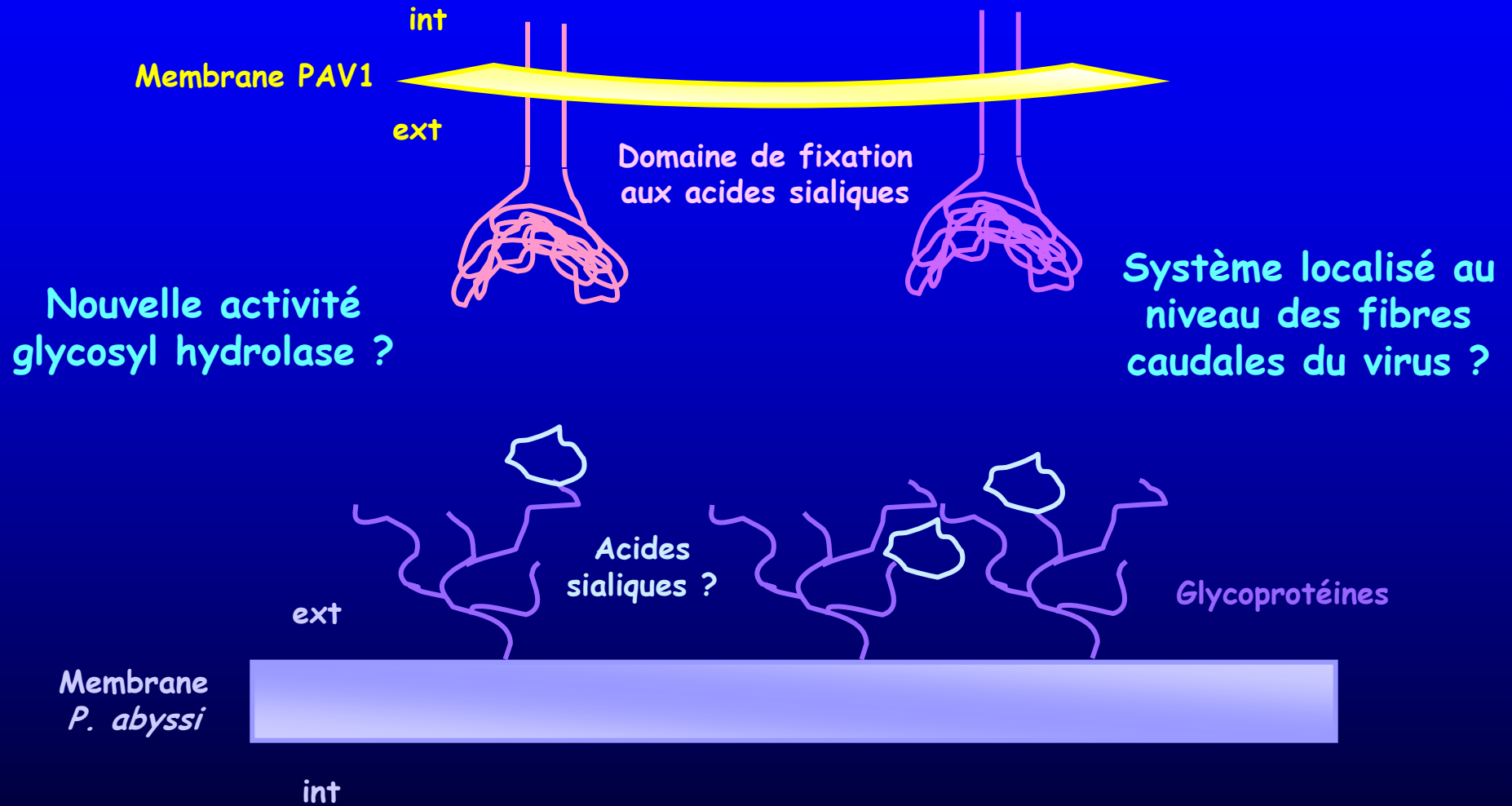


peu de
virions



Forte régulation des fonctions retardées ?

La reconnaissance hôte-virus



La structure du virion

SDS-PAGE des protéines de PAV1



3 protéines détectées

→ 37 kDa

→ 15 kDa

→ 6 kDa

Micro-séquencage

Correspondance avec une protéine prédite *in silico*

↓
Segments membranaires

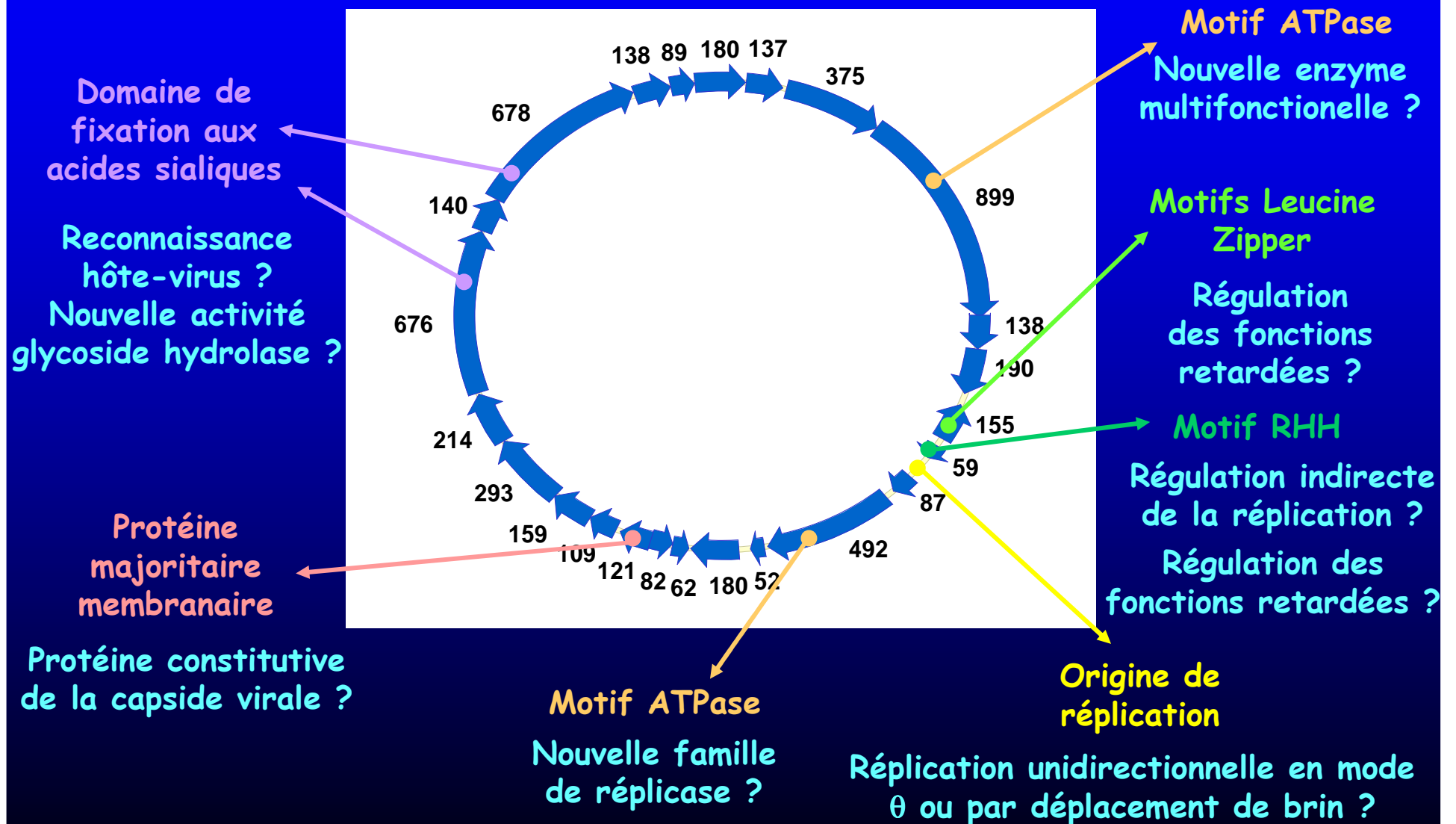
+

Protéine majoritaire

Proteine constitutive de la capside ?

Conclusion

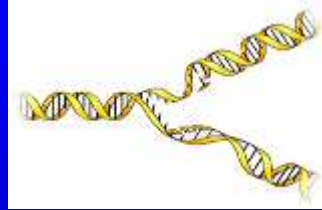
Moitié des gènes non assignée et scores faibles



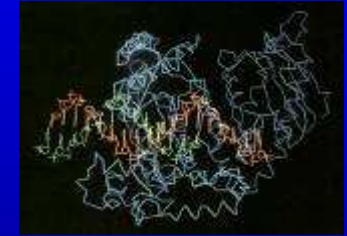
Perspectives

Étudier le cycle viral et sa régulation

- Déterminer l'origine et le mode de répllication

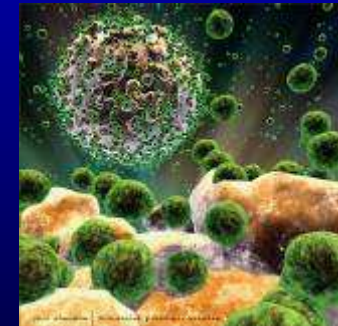


- Rechercher les protéines impliquées dans la répllication



- Cartographie des transcrits et recherche des cibles des régulateurs

- Élucider le mode de fixation du virus à son hôte



- Déterminer la structure de la capsid virale

