Protéine kinase R et résistance des chauves-souris aux virus

Publié le 29.12.22 | Par Marie Gontier Ramette

Chez les chauve-souris, l'évolution particulière du gène codant la protéine kinase R, impliquée dans la réponse antivirale innée, pourrait expliquer la capacité de ces animaux à résister à de nombreux virus.

Les chauves-souris ont la particularité de résister à de nombreux virus, un phénomène rare chez les mammifères qui intéresse d'autant plus les scientifiques que ces êtres vivants peuvent héberger des virus transmissibles aux êtres humains. Pour comprendre les mécanismes sous-jacents, une équipe de chercheurs s'est intéressée au gène *EIF2AK2* codant la protéine kinase R (PKR) [1]. Cette enzyme, présente chez tous les mammifères, joue un rôle fondamental dans la réponse immunitaire antivirale innée. En effet, d'une part, elle reconnaît le matériel génétique viral présent dans le cytoplasme d'une cellule infectée et déclenche la synthèse d'interférons de type I. D'autre part, sa synthèse dans les cellules voisines, sous l'effet des interférons, permet de stopper la traduction du matériel génétique viral et donc de bloquer la multiplication du virus.

L'étude révèle que les chauves-souris possèdent plusieurs copies fonctionnelles du gène *EIF2AK2* contrairement aux autres mammifères qui n'en ont qu'une. Toutes sont issues d'un gène ancestral commun. La comparaison de la séquence de ce gène chez différentes espèces de mammifères a permis de mettre en évidence des sites à évolution rapide. Cependant, alors que ces sites sont généralement regroupés dans le domaine kinase de la protéine (une région essentielle à la transduction du signal), ils sont dispersés chez les chauves-souris et se retrouvent à la fois dans le domaine kinase ainsi que dans le domaine de liaison à l'ARN viral. Les mutations affectant ces régions diffèrent selon les espèces et auraient permis de contourner les mécanismes d'échappement mis en place par les virus. Ces mutations auraient donc été sélectionnées positivement. Leur accumulation, combinée aux duplications du gène *EIF2AK2*, auraient ainsi permis aux chauves-souris de présenter une réponse immunitaire innée efficace face à un large éventail de virus. L'acquisition de leur multirésistance serait donc le fruit d'une longue coévolution avec les virus, auxquels elles sont confrontées depuis leur apparition, il y a environ 60 millions d'années.

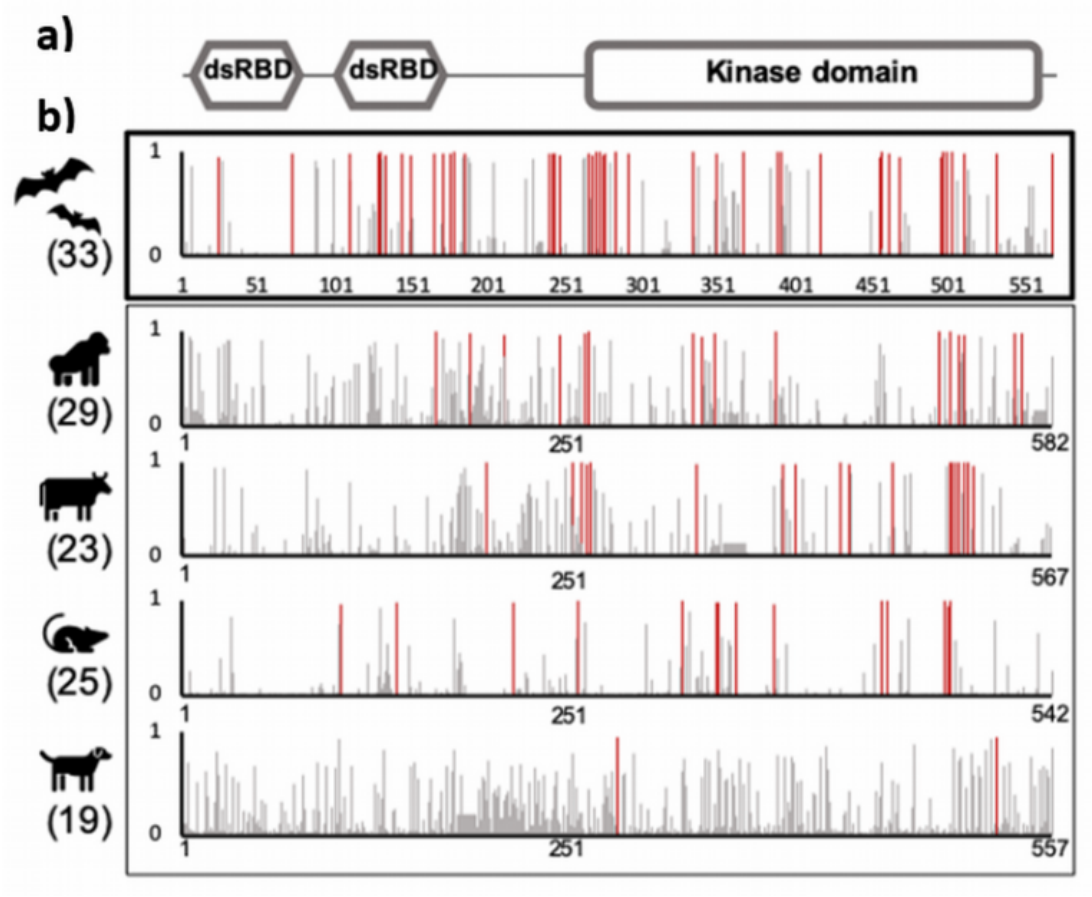


Figure 1 - Comparaison du gène codant la protéine PKR dans différents groupes de mammifères
a) Mise en évidence des domaines qui composent le gène *EIF2AK2*. *dsRBD* correspond au domaine de liaison à l'ARN double brin et *kinase domain* à la région responsable de la transduction du signal.
b) Localisation des sites à évolution rapide (en rouge) dans le gène *EIF2AK2* de différents groupes de mammifères. Les valeurs entre parenthèses correspondent aux nombres d'espèces étudiées dans chaque groupe.

Auteur(s)/Autrice(s) : Jacquet et coll., 2022 – Licence : CC-BY-NC – Source : Science Advances

CRÉDITS

AUTEUR(S)/AUTRICE(S)

Marie Gontier Ramette

Professeure agrégée de SVT

RELECTURE SCIENTIFIQUE

Comité de rédaction

Ensemble de personnes impliquées dans l'écriture et la relecture des actualités de Planet-Vie.

MISE EN LIGNE

Pascal Combemorel

Agrégé de SVT, il est le responsable éditorial du site Planet-Vie depuis septembre 2016.

LICENCE DU TEXTE DE L'ARTICLE

Creative Commons - Attribution - Partage dans les mêmes conditions

BIBLIOGRAPHIE

1. Jacquet, S. ., Culbertson, M. ., Zhang, C. ., Filali, A. E., Mory, C. D. L. M., Pons, J.-B. ., ... Etienne, L. . (2022). Adaptive duplication and genetic diversification of protein kinase R contribute to the specificity of bat-virus interactions. *Science Advances, 8,* eadd7540. http://doi.org/10.1126/sciadv.add7540 (Original work published 2026)