

# La molécule du mois : le complexe YES de phiX174

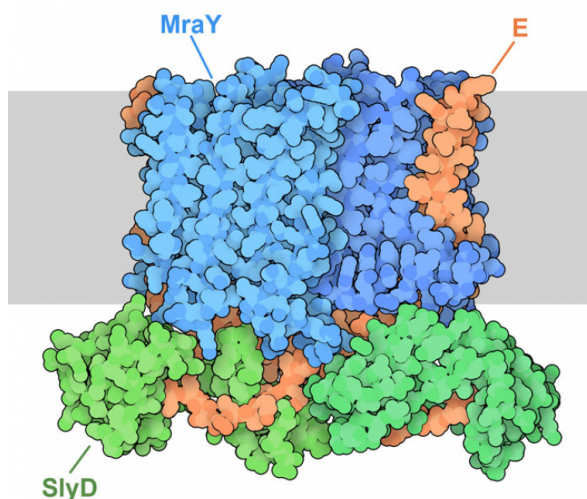
Publié le 26.04.24 | Par [David S. Goodsell](#)

**Le bactériophage phiX174 produit une petite protéine qui tue les bactéries.**

Les bactériophages sont des prédateurs naturels des bactéries. Un bactériophage se fixe à la surface d'une bactérie et y injecte son génome, qui est souvent composé d'un seul brin d'ADN. Ce génome dirige ensuite la construction d'un grand nombre de nouvelles copies du bactériophage, qui sortent de la cellule et la tuent. Les bactériophages sont omniprésents dans l'environnement et la plupart des bactéries sont attaquées par de nombreux types de bactériophages. Par exemple, deux bactériophages bien étudiés s'attaquent à la bactérie *Escherichia coli* : T4 et phiX174.

## 1. Franchir la paroi

Une fois que les bactériophages se sont multipliés à l'intérieur d'une cellule, ils sont confrontés à un défi : comment en sortir ? Les cellules bactériennes sont souvent entourées d'une couche de **peptidoglycane**, un réseau résistant de chaînes de protéines et de sucres. Les bactériophages ont donc besoin de protéines capables d'altérer cette enveloppe protectrice. Le bactériophage T4 utilise le **lysozyme**, une enzyme qui rompt les chaînes de peptidoglycane. Le bactériophage phiX174, quant à lui, fabrique une petite protéine, appelée protéine E, qui bloque la machinerie qui construit la gaine de peptidoglycane.



**Figure 1 - Le complexe YES**

Le complexe YES est composé de MraY (bleu), de la protéine E de phiX174 (orange) et de SlyD (vert). La membrane interne de la bactérie est représentée en gris.

Auteur(s)/Autrice(s) : David S. Goodsell et RCSB PDB Licence : [CC-BY](#) Source : [RCSB PDB](#)

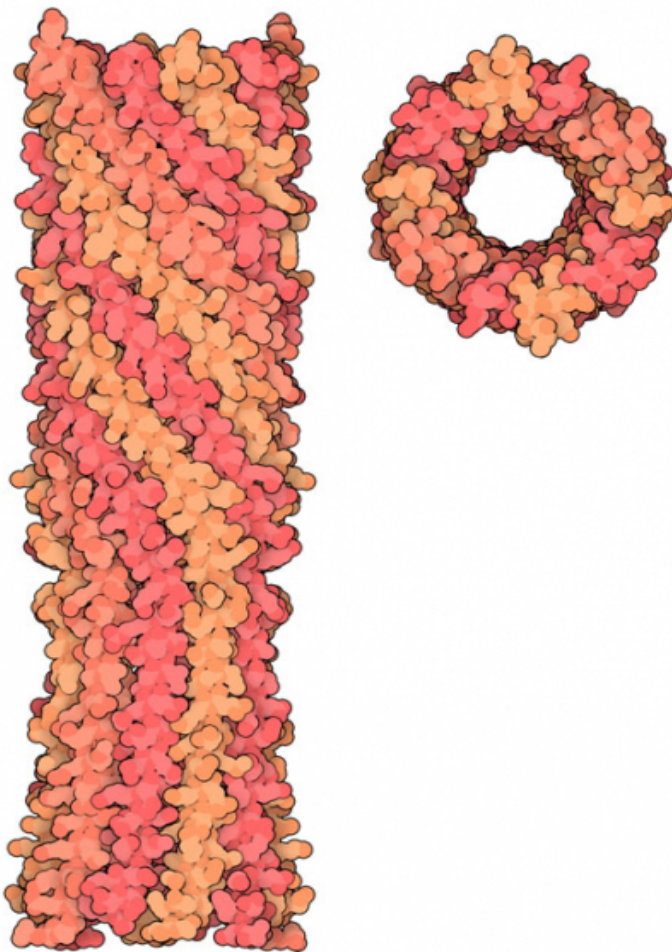
## 2. La protéine E

L'entrée [8g02](#) de la banque de données sur les protéines (PDB) révèle le mode d'action de la protéine E (Figure 1) [\[1\]](#).

Elle se lie à l'enzyme bactérienne *MraY*, qui joue un rôle central dans la synthèse du peptidoglycane. *MraY* fixe de petits précurseurs du peptidoglycane à un support lipidique. Le lipide permet à d'autres protéines de déplacer facilement le précurseur à l'extérieur de la cellule et de l'attacher aux chaînes de peptidoglycane en cours d'élongation. La protéine E bloque ce processus en se liant à *MraY* et en recouvrant le site actif. La protéine E recrute également une deuxième protéine, la protéine chaperon *SlyD*, qui obstrue encore davantage le site actif de *MraY*. L'ensemble du complexe, comprenant *MraY*, la protéine E et *SlyD*, a été appelé le complexe YES.

### 3. La thérapie par les phages

Dans la mesure où les phages tuent les bactéries, ils peuvent être utiles pour traiter les infections qu'elles causent [2]. La phagothérapie est utilisée depuis plus d'un siècle, avec le traitement précurseur de la dysenterie à l'aide de phages en 1919. Elle est tombée en désuétude dans la médecine occidentale après la découverte de la pénicilline et d'autres antibiotiques. Les antibiotiques présentent des avantages majeurs : ils sont faciles à administrer et ciblent souvent un large éventail de bactéries [1]. Cependant, l'émergence récente de souches bactériennes résistantes aux antibiotiques a ravivé l'intérêt pour la thérapie par les phages, qui peut constituer une alternative efficace pour les infections pour lesquelles il n'existe pas d'antibiotiques efficaces.



**Figure 2 - Domaine tubulaire de la protéine H de phiX174**

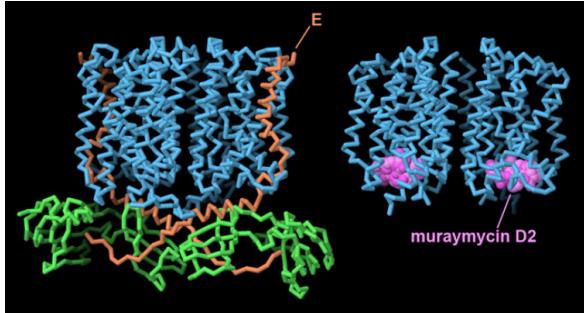
Auteur(s)/Autrice(s) : David S. Goodsell et RCSB PDB  
Licence : CC-BY Source : RCSB PDB

### 4. L'injection d'ADN par les bactériophages

Les parois cellulaires bactériennes posent également des problèmes lors des premières étapes de l'infection par les bactériophages. De nombreux bactériophages, tels que T4, ont des queues élaborées qui se lient à la surface des bactéries et injectent leur ADN à travers la paroi. PhiX174 adopte une approche plus simple. Il code une protéine qui forme un tube à la dernière minute, construisant ainsi, à travers la paroi cellulaire, un chemin juste assez grand pour l'ADN. L'entrée PDB [4jpp](#) montre la partie de la protéine qui forme le tube [3].

## 5. Le complexe YES et les antibiotiques

De nombreux antibiotiques s'attaquent aux enzymes bactériennes qui construisent la paroi de peptidoglycane. Par exemple, la [pénicilline](#) bloque les enzymes qui relient les précurseurs entre eux pour former le réseau. L'antibiotique naturel muraymycine D2 se lie à MraY ([5ckr](#)), bloquant le site actif de manière similaire à la protéine E de phiX174 [\[4\]](#).



**Figure 3 - L'antibiotique naturel muraymycine D2 se lie à MraY, bloquant le site actif de manière similaire à la protéine E de phiX174**

Auteur(s)/Autrice(s) : David S. Goodsell et  
RCSB PDB Licence : [CC-BY](#) Source : [RCSB PDB](#)

## 6. Pour aller plus loin

Le site PDB-101 propose :

1. un court article de synthèse [sur la biologie structurale des virus](#) ;
2. une sélection de ressources [sur la résistance aux antibiotiques](#) ;
3. une sélection de ressources sur [les virus](#).

Ce texte correspond à la traduction par Pascal Combemorel de l'article [Molecule of the Month: PhiX174 YES Complex](#) [\[5\]](#) écrit par David S. Goodsell et paru en avril 2024 sur le site [PDB-101](#), le portail éducatif de la base de données sur les protéines ([PDB](#)). Les notes de bas de page sont du fait du traducteur.

## AUTEUR(S)/AUTRICE(S)

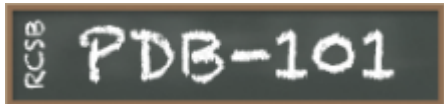
David S. Goodsell

Professeur de bioinformatique à l'Institut de recherche Scripps et professeur à l'université Rutgers, où il occupe le poste de responsable de la vulgarisation scientifique à la banque de données sur les protéines du RCSB.

## LICENCE DU TEXTE DE L'ARTICLE



## PARTENAIRE(S)



Cet article est publié en partenariat avec le site PDB-101, le portail éducatif de la base de données sur les protéines (PDB).

[PDB-101](#)

## NOTES

1

NdT : L'utilisation d'antibiotiques à spectre large pose cependant le problème de l'émergence de résistances. Voir l'article [La résistance aux antibiotiques](#) de Planet-Vie.

## BIBLIOGRAPHIE

1

Orta, A. K., Riera, N. ., Li, Y. E., Tanaka, S. ., Yun, H. G., Klaic, L. ., & Clemons, W. M. (2023). The mechanism of the phage-encoded protein antibiotic from  $\Phi$ X174. *Science*, *381*, eadg9091. <http://doi.org/10.1126/science.adg9091> (Original work published 2026)

2

Strathdee, S. A., Hatfull, G. F., Mutalik, V. K., & Schooley, R. T. (2023). Phage therapy: From biological mechanisms to future directions. *Cell*, *186*, 17–31. <http://doi.org/10.1016/j.cell.2022.11.017> (Original work published 2026)

3

Sun, L. ., Young, L. N., Zhang, X. ., Boudko, S. P., Fokine, A. ., Zbornik, E. ., ... Fane, B. A. (2014). Icosahedral bacteriophage  $\Phi$ X174 forms a tail for DNA transport during infection. *Nature*, *505*, 432–435. <http://doi.org/10.1038/nature12816> (Original work published 2026)

4

Chung, B. C., Mashalidis, E. H., Tanino, T. ., Kim, M. ., Matsuda, A. ., Hong, J. ., ... Lee, S.-Y. . (2016). Structural insights into inhibition of lipid I production in bacterial cell wall synthesis. *Nature*, *533*, 557–560. <http://doi.org/10.1038/nature17636> (Original work published 2026)

5

Goodsell, D. . (2024). PhiX174 YES Complex. *RCSB Protein Data Bank*. [http://doi.org/10.2210/rcsb\\_pdb/mom\\_2024\\_4](http://doi.org/10.2210/rcsb_pdb/mom_2024_4) (Original work published 2026)