# la molécule du mois : l’injectisome

publié le 18.06.24 |par david s. goodsell

**les bactéries du genre salmonella injectent un mélange de protéines effectrices dans les cellules, ce qui inactive leurs défenses.**

**nous vivons en symbiose avec une vaste communauté de bactéries. cette interaction est le plus souvent amicale. les bactéries présentes dans l’environnement recyclent les déchets organiques et les organismes morts. les bactéries situées dans notre corps nous aident à digérer nos aliments et nous fournissent des nutriments essentiels. parfois, l’interaction est moins agréable. par exemple, les bactéries du genre *salmonella* envahissent nos cellules et s’y reproduisent, provoquant des maladies mortelles comme la fièvre typhoïde. dans le cadre de leur stratégie pathogène, ces bactéries injectent plusieurs dizaines de types de protéines effectrices à l’aide d’une aiguille moléculaire appelée injectisome. ces protéines injectées neutralisent les défenses de la cellule et modifient leur métabolisme en favorisant la croissance de la bactérie à l’intérieur de la cellule infectée [1].**

## 1. injecter des effecteurs

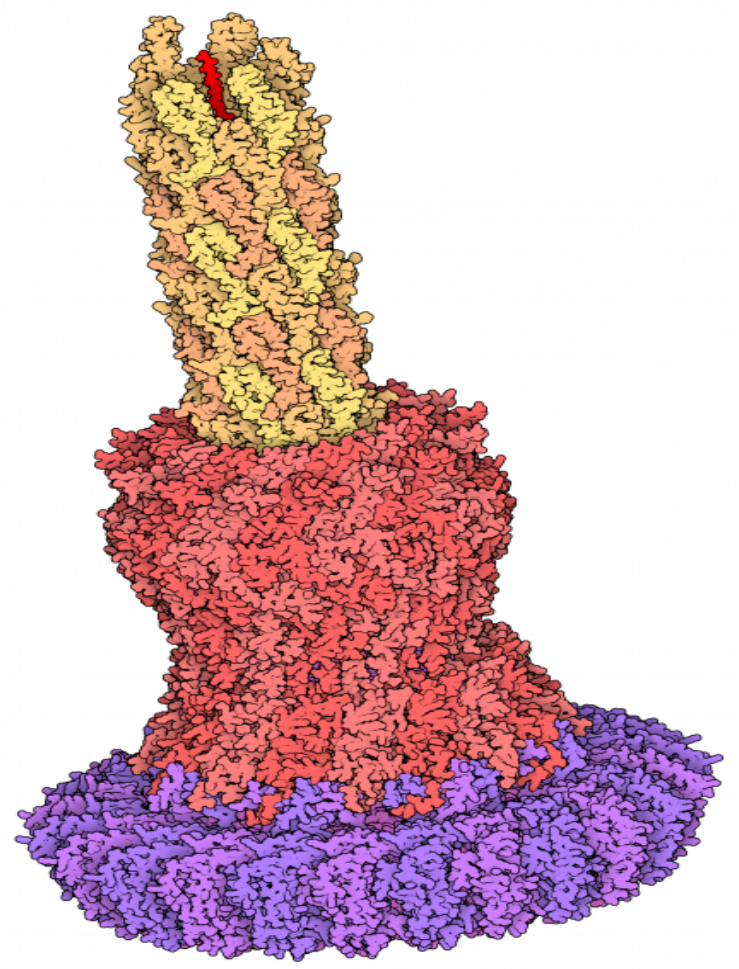


figure 1 - le complexe de l’aiguille de l’injectisome d’une bactérie du genre salmonella
une petite partie de la protéine effectrice sptp est visible en rouge en haut, à l’intérieur du tube étroit de l’aiguille.

auteur(s)/autrice(s) : david s. goodsell et rcsb pdb licence : cc-by source : rcsb pdb

l’entrée 7ah9 de la banque de données sur les protéines (pdb) comprend la partie centrale de l’aiguille de l’injectisome de *salmonella enterica* [2]. il s’agit d’une fine aiguille dont le pore central est juste assez grand pour laisser passer une chaîne protéique dépliée. une porte moléculaire, illustrée plus en détail sur la figure 3, contrôle le passage des protéines effectrices à travers l’aiguille. la structure comprend également plusieurs grands anneaux de protéines qui ancrent l’aiguille dans la paroi bactérienne, ce qui permet à la bactérie d’en positionner plusieurs contre une même cellule qu’elle tente d’infecter.

l’injectisome complet comprend également une grande plateforme de tri à l’intérieur de la bactérie, qui n’est pas représentée sur la figure 1. cette plateforme sélectionne uniquement les protéines effectrices appropriées et gère l’ordre dans lequel elles sont injectées. leur sécrétion se fait en trois étapes. tout d’abord, les composants de l’injectisome lui-même sont sécrétés, construisant l’aiguille et d’autres composants. ensuite, un ensemble de protéines est sécrété et forme un complexe de translocation (ou translocon) à travers la membrane plasmique de la cellule infectée. enfin, l’injectisome s’arrime à ce translocon et injecte les protéines effectrices restantes dans le cytoplasme de la cellule infectée.

## 2. geler l’action

la structure présentée en figure 1 a été déterminée par cryomicroscopie électronique et comprend la protéine effectrice sptp, une enzyme qui déphosphoryle les tyrosines des protéines cellulaires et qui inactive également plusieurs protéines dépendantes du gtp. les chercheurs ont dû faire preuve d’ingéniosité pour observer le transit de la protéine sptp, car les protéines effectrices mettent généralement moins d’une seconde à passer à travers l’aiguille. pour cela, ils ont attaché la protéine fluorescente verte (gfp) à une extrémité de la protéine sptp. l’injectisome étant incapable de déplier la gfp, cette dernière forme une ancre qui ne peut pas passer à travers l’aiguille, bloquant ainsi le complexe qui peut alors être étudié à loisir.

## 3. effecteurs efficaces

des dizaines de protéines effectrices sont injectées par les bactéries du genre *salmonella*. nombre d’entre elles bloquent l’action des protéines cellulaires en ajoutant ou en supprimant des groupements phosphates, des groupements adp-ribose[1] [3] et d’autres modifications biochimiques. d’autres effecteurs transmettent des protéines cellulaires clés au système d’ubiquitinylation, ce qui conduit à leur élimination. la protéine effectrice illustrée en figure 2, gtga, est une protéase qui coupe un facteur de transcription spécifique, p65 (entrée pdb 6ggr) [4]. ce facteur de transcription fait partie de la voie de signalisation nf-κb qui contrôle de nombreux processus liés à l’inflammation et au système immunitaire. le complexe nf-κb représenté ici est un hétérodimère de p65 et p50 (entrée pdb 1le5) lié à l’adn [5].

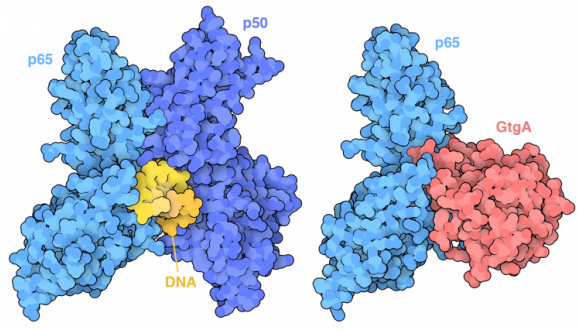



figure 2 - le facteur de transcription nf-κb et son clivage par la protéine effectrice gtga de salmonella enterica
à gauche : le facteur de transcription nf-κb avec p50 et p65 liés à l'adn. à droite : la protéine effectrice gtga de *salmonella enterica*, clivant p65.

auteur(s)/autrice(s) : david s. goodsell et rcsb pdb licence : cc-by source : rcsb pdb

## 4. porte de méthionines

l'entrée de l'aiguille de l'injectisome est gardée par une porte de méthionines. comme on peut le voir dans l'entrée pdb 6pep, un groupe de méthionines (jaune), assisté d'une phénylalanine (blanc), forme une barrière étanche lorsque l'aiguille n'est pas utilisée [6]. lorsque les protéines effectrices à injecter sont sélectionnées, les méthionines se séparent lentement et permettent le passage de la chaîne protéique dépliée (rouge), comme on peut le voir dans l'entrée pdb 7ah9.

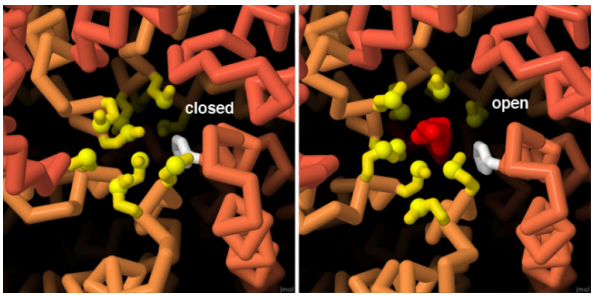



figure 3 - la porte de méthionines de l'injectisome

auteur(s)/autrice(s) : david s. goodsell et rcsb pdb licence : cc-by source : rcsb pdb

## 5. pour aller plus loin

1. la recherche « salmonella effector » sur le site pdb-101 permet d'accéder aux structures d'autres protéines effectrices qui sont transportées par les injectisomes.
2. un logiciel de visualisation de molécules (par exemple celui disponible sur le site pdb-101) permet de montrer que le complexe de l'aiguille comprend plusieurs anneaux symétriques composés de plusieurs copies d'un seul type de protéine.

ce texte correspond à la traduction par cédric bordi de l'article molecule of the month : injectisome [7] écrit par david s. goodsell et paru en juin 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.

## CRÉDITS


### 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

REPRODUIT AVEC AUTORISATION


### 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 la ribosylation correspond à l'ajout d'adp-ribose de manière covalente à des protéines. le donneur d'adp-ribose est une molécule de nad$^+$, dont le clivage libère alors du nicotinamide. la ribosylation permet notamment la réparation des acides nucléiques ou le contrôle de l'expression des gènes.

## bibliographie


1 pillay, t. d., hettiarachchi, s. u., gan, j. ., diaz-del-olmo, i. ., yu, x.-j. ., muench, j. h., … pearson, j. s. (2023). speaking the host language: how salmonella effector proteins manipulate the host. *microbiology*, *169*, 001342. http://doi.org/10.1099/mic.0.001342 (original work published 2026)

2 miletic, s. ., fahrenkamp, d. ., goessweiner-mohr, n. ., wald, j. ., pantel, m. ., vesper, o. ., … marlovits, t. . (2021). substrate-engaged type secretion system structures reveal gating mechanism for unfolded protein translocation. *nature communications*, *12*, 1546. http://doi.org/10.1038/s41467-021-21143-1 (original work published 2026)

3 suskiewicz, m. j., prokhorova, e. ., rack, j. g. m., & ahel, i. . (2023). adp-ribosylation from molecular mechanisms to therapeutic implications. *cell*, *186*, 4475–4495. http://doi.org/10.1016/j.cell.2023.08.030 (original work published 2026)

4 jennings, e. ., esposito, d. ., rittinger, k. ., & thurston, t. l. m. (2018). structure-function analyses of the bacterial zinc metalloprotease effector protein gtga uncover key residues required for deactivating nf-κb. *the journal of biological chemistry*, *293*, 15316–15329. http://doi.org/10.1074/jbc.ra118.004255 (original work published 2026)

5 berkowitz, b. ., bin huang, d.-. ., chen-park, f. e., sigler, p. b., & ghosh, g. . (2002). the x-ray crystal structure of the nf-kappa b p50.p65 heterodimer bound to the interferon beta -kappa b site. *the journal of biological chemistry*, *277*, 24694–24700. http://doi.org/10.1074/jbc.m200006200 (original work published 2026)

6 hu, j. ., worrall, l. j., vuckovic, m. ., hong, c. ., deng, w. ., atkinson, c. e., … strynadka, n. c. j. (2019). t3s injectisome needle complex structures in four distinct states reveal the basis of membrane coupling and assembly. *nature microbiology*, *4*, 2010–2019. http://doi.org/10.1038/s41564-019-0545-z (original work published 2026)

7 goodsell, d. . (2024). injectisome. *rcsb protein data bank*. http://doi.org/10.2210/rcsb_pdb/mom_2024_6 (original work published 2026)