

la molécule du mois : les bactériophages thérapeutiques

publié le 15.06.26 | par [janet iwasa](#)

utiliser les prédateurs naturels des bactéries pour lutter contre les infections résistantes aux antibiotiques.

les bactéries comptent parmi les formes de vie les plus prospères sur terre, occupant pratiquement toutes les niches écologiques imaginables. on les trouve en très grand nombre dans les océans, dans les déserts et même dans les nuages. plus de 30 000 milliards de bactéries sont présentes dans votre corps. malgré cette abondance stupéfiante, les bactéries sont elles-mêmes surpassées en nombre par des organismes encore plus petits : les virus bactériens, appelés bactériophages ou phages. pour chaque espèce bactérienne, il existe souvent de nombreuses espèces de bactériophages capables de l'infecter spécifiquement.

les bactériophages infectent les bactéries en se fixant sur des molécules à la surface de celles-ci et en injectant leur matériel génétique à l'intérieur de la cellule. une fois à l'intérieur, ils détournent la machinerie cellulaire bactérienne et produisent de nouvelles particules virales. par la suite, la cellule infectée éclate, libérant de nombreux nouveaux bactériophages capables d'infecter les bactéries voisines. cependant, certains bactériophages sont capables de s'intégrer discrètement dans le génome bactérien et de rester en dormance jusqu'à ce qu'ils soient activés par un stimulus externe.

1. diversité virale

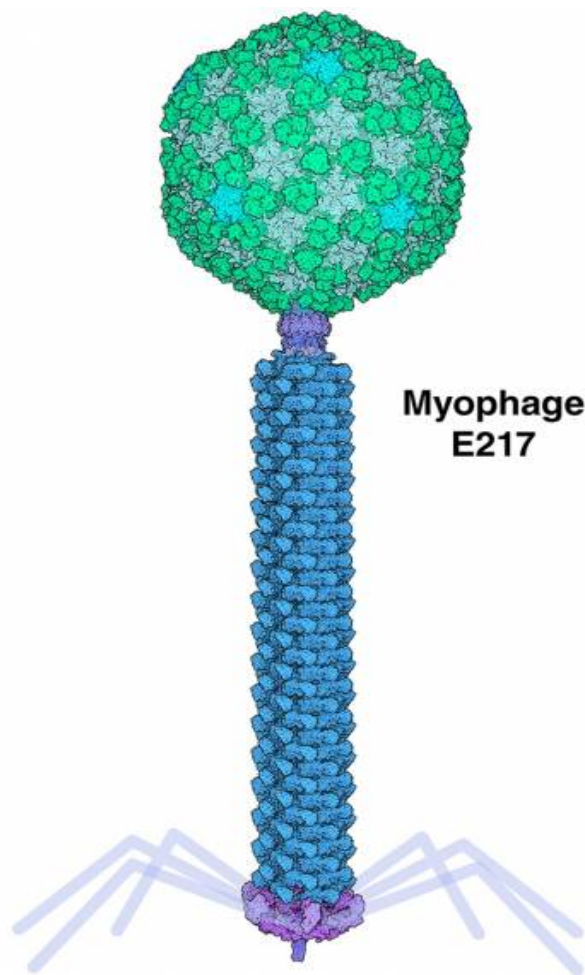


figure 1 - le myophage e217

le bactériophage e217 est un myophage qui infecte *pseudomonas aeruginosa*, un agent pathogène naturellement résistant aux antibiotiques. il a été utilisé dans un cocktail expérimental développé pour traiter les infections à *pseudomonas*. l'illustration a été construite à partir des entrées de la base de données des protéines (pdb) [8frs](#), [8eon](#), [8fuv](#) et [8fvh](#). les fibres de la queue, dont la structure n'a pas pu être déterminée expérimentalement, ont été schématisées.

auteur(s)/autrice(s) : janet iwasa et rcsb pdb licence : [cc-by](#) source : [rcsb pdb](#)

les bactériophages sont classés en fonction de leur morphologie et du type de matériel génétique qui constitue leur génome. la grande majorité d'entre eux, estimée à plus de 95 % des bactériophages connus, sont des bactériophages à adn double brin dotés d'une queue. ces bactériophages ressemblent à des modules lunaires microscopiques, avec une tête contenant le matériel génétique, reliée à une queue qui permet de reconnaître et d'infecter les cellules bactériennes. les bactériophages à queue se divisent en trois grands groupes morphologiques. les siphophages possèdent des queues longues, souples et non contractiles. les myophages ont des queues contractiles qui fonctionnent presque comme des seringues moléculaires, injectant le matériel génétique à l'intérieur de la bactérie hôte. les podophages se distinguent par leurs queues courtes. des exemples de chacun de ces bactériophages sont illustrés dans cet article. le bactériophage e217 est un myophage qui infecte la bactérie *pseudomonas aeruginosa* [\[1\]](#) ; il est représenté sur la figure 1. le siphophage jbd30 [\[2\]](#), qui infecte également *p. aeruginosa*, et le podophage andhra [\[3\]](#), qui infecte la bactérie *staphylococcus epidermidis*, sont représentés sur la figure 2.

2. le traitement des infections bactériennes par les bactériophages

l'émergence de bactéries multirésistantes est devenue l'une des menaces les plus graves pour la santé publique au xxi^e siècle. les antibiotiques, autrefois considérés comme des médicaments miraculeux, perdent de leur efficacité, les bactéries développant des mécanismes de résistance plus rapidement que l'on ne parvient à découvrir de nouveaux médicaments. à l'échelle mondiale, les infections résistantes aux

antibiotiques sont responsables de millions de décès chaque année.

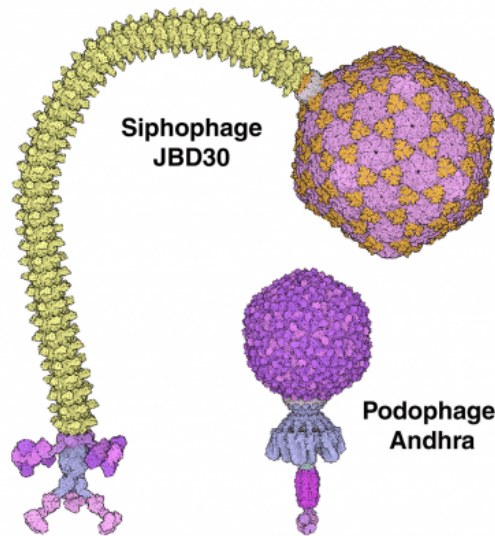


figure 2 - le siphophage jbd30 et le podophage andhra à gauche, le bactériophage jbd30 est un siphophage qui infecte *p. aeruginosa* en se fixant aux pili, sortes de poils situés à la surface de la bactérie. cette illustration a été construite à partir des entrées pdb [8rkc](#), [8rkb](#), [8rk9](#), [8rk8](#), [8rk7](#), [8rk6](#), [8rk5](#) et [8rk4](#). à droite, le bactériophage andhra est un podophage qui infecte la bactérie *staphylococcus epidermidis*. cette illustration a été construite à partir des entrées pdb [8egt](#), [8egs](#), [8egr](#) et [8ej5](#).

auteur(s)/autrice(s) : janet iwasa et rcsb pdb licence : [cc-by-nc-nd](#) source : [rcsb pdb](#)

les antibiotiques classiques perdant de leur efficacité, les chercheurs ont redoublé d'efforts pour mettre au point d'autres approches pour le traitement des infections bactériennes, notamment avec le recours aux bactériophages pour éliminer de manière sélective les bactéries pathogènes. bien que la phagothérapie puisse sembler être une innovation récente, des traitements à base de bactériophages étaient largement disponibles dans le monde entier entre les années 1920 et 1940. l'enthousiasme pour l'utilisation des bactériophages thérapeutiques s'est toutefois estompé, les résultats s'étant révélés peu concluants et la pénicilline ainsi que d'autres antibiotiques ayant été largement adoptés.

l'intérêt pour la phagothérapie a toutefois connu un regain ces dernières années, notamment à la suite de succès dans des cas d'utilisation compassionnelle chez des patients atteints d'infections résistantes aux antibiotiques qui mettaient leur vie en danger. il existe actuellement des dizaines d'essais cliniques en cours ou prévus dans le monde entier pour étudier les phagothérapies.

3. cocktails de bactériophages

malgré son potentiel prometteur, la phagothérapie se heurte à plusieurs défis majeurs qui ont freiné sa généralisation en milieu clinique. contrairement aux antibiotiques à large spectre, qui peuvent éliminer simultanément de nombreuses espèces bactériennes, la plupart des bactériophages sont extrêmement spécifiques. un type donné de bactériophage peut n'infecter qu'une seule espèce bactérienne, voire seulement

certaines souches au sein de cette espèce. cette spécificité peut être un avantage, car elle permet de cibler les bactéries pathogènes sans perturber les microorganismes bénéfiques. cependant, cela signifie également qu'un traitement efficace doit correspondre étroitement à l'infection du patient.

les bactériophages identifient leurs hôtes bactériens grâce à des interactions entre les protéines de liaison aux récepteurs, situées sur la queue du bactériophage, et des molécules spécifiques présentes à la surface de la bactérie. pour certains bactériophages, les scientifiques ont identifié précisément les récepteurs bactériens impliqués. pour la plupart des autres, cependant, les molécules cibles restent inconnues et difficiles à prédire. par conséquent, les traitements efficaces nécessitent souvent des cocktails de bactériophages soigneusement conçus, c'est-à-dire des mélanges de plusieurs bactériophages sélectionnés spécifiquement pour attaquer les bactéries à l'origine de l'infection d'un patient. ces cocktails réduisent le risque que les bactéries développent rapidement une résistance.

les scientifiques mènent des recherches actives pour améliorer l'efficacité des phagothérapies. cela inclut des efforts visant à modifier génétiquement les bactériophages afin d'élargir leur spectre d'action et de les aider à contourner les systèmes de défense bactériens. d'autres études examinent comment la phagothérapie peut compléter les antibiotiques traditionnels dans le traitement des infections bactériennes.

4. découvrir comment les bactériophages parviennent à reconnaître leurs bactéries hôtes

la plupart des bactériophages reconnaissent les cellules hôtes grâce à l'interaction spécifique entre les protéines de liaison aux récepteurs (ou rbp), situées à l'extrémité de leur queue ou de leurs fibres caudales, et les protéines ou d'autres molécules, comme des sucres, présentes à la surface de la cellule hôte. vous pouvez examiner de plus près quelques exemples de protéines rbp de bactériophages liées à des protéines bactériennes hôtes en vous rendant sur [la page de l'article d'origine \(en anglais\)](#), et en cliquant sur l'onglet jsmol de la section *exploring the structure*. le premier exemple montre la protéine rbp du bactériophage t5 se liant au transporteur fhua de la bactérie *e. coli* (entrées pdb [8a8c](#) et [8b14](#)) [4][5]. le deuxième exemple montre le domaine de liaison au récepteur de la protéine rbp du bactériophage λ , appelée gpj, se liant à la porine lamb de la bactérie *shigella sonnei* (entrée pdb [8xcj](#)) [6]. le troisième exemple montre la liaison de la protéine rbp de la queue du bactériophage oekolampad au translocon lptde, provenant de la bactérie *shigella flexneri* (entrée pdb [9rpt](#)) [7]. dans tous les cas, la protéine rbp du bactériophage est représentée en magenta et le récepteur bactérien en blanc sur la figure 3.

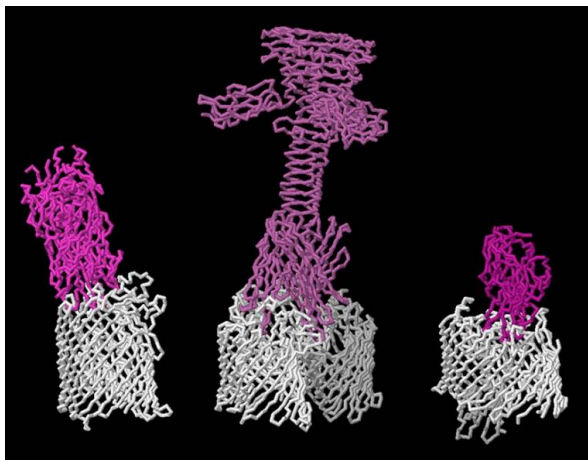


figure 3 - interactions entre les protéines de liaison aux récepteurs de différents bactériophages et leurs cibles bactériennes

à gauche, la protéine rbp du bactériophage t5 liée au transporteur fhua d'*escherichia coli*. au centre, la protéine rbp gpj liée à la porine lamb de *shigella sonnei*. à droite, la protéine de la queue du bactériophage oekilampad liée au translocon lptde de *shigella flexneri*. les illustrations ont été construites à partir des entrées pdb [8a8c](#) et [8b14](#), [8xcj](#) et [9rpt](#).

auteur(s)/autrice(s) : janet iwasa et rcsb pdb licence : [cc-by](#) source : [rcsb pdb](#)

5. pour aller plus loin

1. vous pouvez découvrir la structure du bactériophage [phix174](#), un bactériophage qui infecte *e. coli*. le phix174 produit une petite protéine, appelée [protéine e](#), qui joue un rôle essentiel dans la libération du bactériophage hors de la cellule bactérienne. une traduction de l'article d'origine est disponible sur le site planet-vie : [le complexe yes de phix174](#).
2. l'une des stratégies utilisées par les bactéries pour lutter contre les bactériophages consiste à utiliser [des enzymes de restriction](#) qui coupent l'adn étranger.
3. les bactéries peuvent développer une résistance aux antibiotiques de différentes manières, et bon nombre de ces mécanismes ont été décrits dans d'anciens articles de [la rubrique de la molécule du mois consacrée à ce phénomène de résistance](#). vous pouvez découvrir [les antibiotiques aminoglycosides](#), comme la streptomycine, [les \$\beta\$ -lactamines](#) comme la pénicilline (dont une traduction est disponible sur le site planet-vie : [la bêta-lactamase en action](#)), et comment les bactéries y deviennent résistantes. un article sur [la résistance aux antibiotiques](#) est également disponible sur le site planet-vie.
4. découvrez de plus près le cycle de vie du bactériophage t4 dans une [illustration de david goodsell](#).

ce texte correspond à la traduction par cédrick bordi de l'article [molecule of the month : therapeutic phage \[8\]](#) écrit par janet iwasa en juin 2026 sur le site pdb-101, le portail éducatif de la base de données sur les protéines (pdb).

AUTEUR(S)/AUTRICE(S)

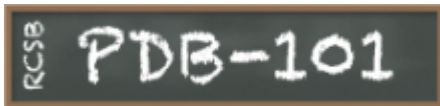
[janet iwasa](#)

janet iwasa est professeure assistante au département de biochimie de l'université de l'utah (états-unis). elle est spécialiste de la création d'images et d'animations permettant de rendre compte des processus biologiques.

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](#)

bibliographie

1

li, f. ., hou, c.-f. d., lokareddy, r. k., yang, r. ., forti, f. ., briani, f. ., & cingolani, g. . (2023). high-resolution cryo-em structure of the pseudomonas bacteriophage e217. *nature communications*, 14, 4052. <http://doi.org/10.1038/s41467-023-39756-z> (original work published 2026)

2

valentová, i. ., fůžik, t. ., nováček, j. ., hlavenková, z. ., pospíšil, j. ., & plevka, p. . (2024). structure and replication of pseudomonas aeruginosa phage jbd30. *the embo journal*, 43, 4384-4405. <http://doi.org/10.1038/s44318-024-00195-1> (original work published 2026)

3

hawkins, t. c., kizziah, j. l., hatoum-aslan, a. ., & dokland, t. . (2022). structure and host specificity of staphylococcus epidermidis bacteriophage andhra. *science advances*, 8, eade0459. <http://doi.org/10.1126/sciadv.ade0459> (original work published 2026)

4

van den berg, b. ., silale, a. ., baslé, a. ., brandner, a. f., mader, s. l., & khalid, s. . (2022). structural basis for host recognition and superinfection exclusion by bacteriophage t5. *proceedings of the national academy of sciences of the united states of america*, 119, e2211672119. <http://doi.org/10.1073/pnas.2211672119> (original work published 2026)

5

degroux, s. ., effantin, g. ., linares, r. ., schoehn, g. ., & breyton, c. . (2023). deciphering bacteriophage t5 host recognition mechanism and infection trigger. *journal of virology*, 97, e0158422. <http://doi.org/10.1128/jvi.01584-22> (original work published 2026)

6

ge, x. ., & wang, j. . (2024). structural mechanism of bacteriophage lambda tail s interaction with the bacterial receptor. *nature communications*, 15, 4185. <http://doi.org/10.1038/s41467-024-48686-3> (original work published 2026)

7

dunbar, e. ., clark, r. ., baslé, a. ., allyjaun, s. ., newman, h. ., hubbard, j. ., ... van den berg, b. . (2025). small siphophage binding to an open state of the lptde outer membrane lipopolysaccharide translocon. *proceedings of the national academy of sciences of the united states of america*, 122, e2516650122.
<http://doi.org/10.1073/pnas.2516650122> (original work published 2026)

8

iwasa, j. . (2026). therapeutic phage. *rscsb protein data bank*.
http://doi.org/10.2210/rcsb_pdb/mom_2026_6 (original work published 2026)