



HAL
open science

Caractérisation du Système de Sécrétion Ess/Type VII de *Staphylococcus lugdunensis*

J Lebeurre, S Dahyot, C Guennoun, I Tournier, P François, M. Pestel-Caron

► **To cite this version:**

J Lebeurre, S Dahyot, C Guennoun, I Tournier, P François, et al.. Caractérisation du Système de Sécrétion Ess/Type VII de *Staphylococcus lugdunensis*. Journée Normande de Recherche Biomédicale, Sep 2016, Rouen, France. hal-02265853

HAL Id: hal-02265853

<https://normandie-univ.hal.science/hal-02265853>

Submitted on 12 Aug 2019

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Introduction

Staphylococcus lugdunensis est un Staphylocoque à Coagulase Négative (SCN), commensal de la peau et des muqueuses de l'Homme, dont le pouvoir pathogène est plus proche de celui de *Staphylococcus aureus* que des autres SCN. En effet, le nombre et la sévérité des infections à *S. lugdunensis* décrits dans la littérature en témoignent. Toutefois, aucune donnée moléculaire n'explique à ce jour une telle pathogénicité. Le Système de sécrétion Ess/Type VII (TS7) a été décrit chez plusieurs espèces bactériennes telles que *Mycobacterium tuberculosis* ou *S. aureus* et joue un rôle dans l'excrétion de toxines putatives (EsxA et EsxB) via la protéine EssC formant un pore à travers la membrane. Chez ces espèces, le TS7 s'est révélé essentiel à la virulence ; une délétion du locus *ess* chez *S. aureus* affecte la capacité de la souche mutante à développer des abcès dans un modèle murin et à persister dans l'organisme hôte. Ainsi, la présence du TS7 chez *S. lugdunensis*, seul SCN à posséder le locus *ess* complet, a mené à la description de son organisation génomique et à sa caractérisation.

Matériels & Méthodes

Afin d'identifier des déterminants potentiels de la virulence chez *S. lugdunensis*, les génomes de 3 souches pathogènes et 3 souches isolées en situation de portage, de différents *Sequence Type* (ST), définis par *MultiLocus Sequence Typing*, ont été séquencés par la technique *Pacific Biosciences* SMRT. Les génomes complets circularisés ont été annotés avec le logiciel RAST et alignés avec le programme MAUVE. Les identités génomiques des séquences codantes du locus *ess* ont été évaluées par BLAST.

Résultats

L'analyse bio-informatique a permis d'identifier chez les 6 souches de *S. lugdunensis* une région comprenant des gènes homologues de ceux codant les principales protéines du TS7 chez *S. aureus* (*Module 4*), suggérant une fonction similaire. Plusieurs autres gènes codant des protéines accessoires de fonctions inconnues (*Module 1* et *3*) ont aussi été identifiés. Ces dernières contiennent des "Domains of Unknown Function" conservés, identifiés chez d'autres espèces bactériennes telles que *S. aureus* (DUF600, DUF 5079, DUF5080, DUF 5082), en lien avec le TS7. Par ailleurs, un polymorphisme de taille du locus *ess* a été observé, allant de 27 kb à 38 kb avec un nombre variable de séquences codantes selon les souches. Ce polymorphisme est lié à la présence de 8 séquences codantes supplémentaires (*Module 3*) chez les souches SL29 et SL122, mais également à l'insertion d'un transposon chez 3 souches de ST1 (*Module 2*) situé entre les gènes codant les protéines accessoires et ceux codant les principales protéines du TS7. Ce dernier s'est inséré au sein d'un gène codant une protéine possédant un domaine DUF600, protéines identifiées dans une région hypervariable du locus *ess* chez *S. aureus*.

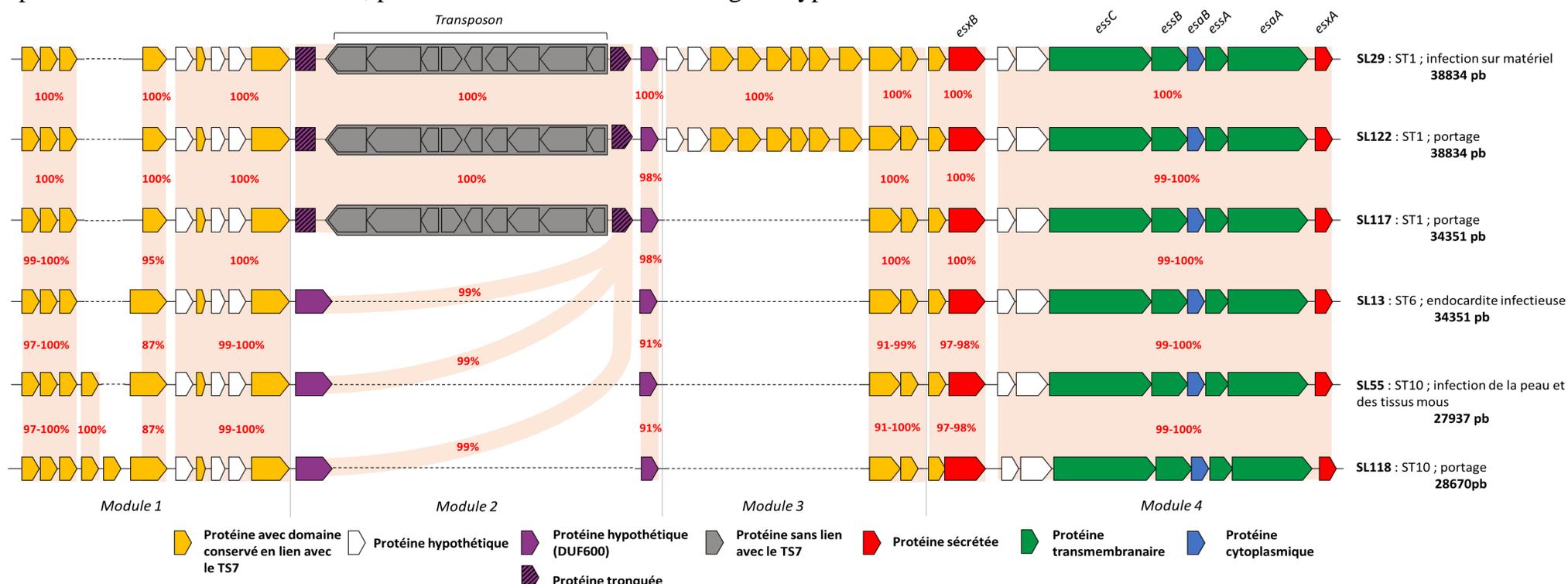


Figure 1: Représentation schématique de l'organisation génomique du locus *ess* chez les 6 souches de *S. lugdunensis* séquencées par la technique *Pacific Biosciences* SMRT.

Conclusion

Il s'agit maintenant de déterminer si le locus *ess* est organisé en une structure opéronique et d'évaluer l'éventuel impact de l'insertion du transposon sur l'expression du TS7 par des méthodes de qPCR. Il s'agira également d'étudier le rôle du locus *ess* dans la virulence de *S. lugdunensis* par l'étude de la capacité d'un mutant délété du gène *essC* à sécréter les toxines EsxA et EsxB, dans un modèle d'infection du nématode *Caenorhabditis elegans*.