



HAL
open science

Mise en évidence de protéines révélant une réponse au stress adaptative divergente entre les espèces *Dreissena polymorpha* et *Dreissena rostriformis bugensis*

Aimie Le Saux, Bultelle Florence, Philippe Chan, Stephanie Olivier, Agnès Poret, David Vaudry, Elise David, Fanny Louis, Arnaud Tanguy, Simon Devin, et al.

► To cite this version:

Aimie Le Saux, Bultelle Florence, Philippe Chan, Stephanie Olivier, Agnès Poret, et al.. Mise en évidence de protéines révélant une réponse au stress adaptative divergente entre les espèces *Dreissena polymorpha* et *Dreissena rostriformis bugensis*. CEPA4, Oct 2019, Rennes, France. hal-02373748

HAL Id: hal-02373748

<https://hal.science/hal-02373748>

Submitted on 25 Nov 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.

Mise en évidence de protéines révélant une réponse au stress adaptative divergente entre les espèces *Dreissena polymorpha* et *Dreissena rostriformis bugensis*

Aimie Le Saux¹, Florence Bultelle¹, Philippe Chan^{2,3}, Stéphanie Olivier¹, Agnès Poret¹, David Vaudry^{2,4}, Elise David⁵, Fanny Louis⁵, Arnaud Tanguy⁶, Simon Devin⁷, Sandrine Pain Devin⁷, Romain Peden⁵, F. Le Foll¹, Béatrice Rocher¹

¹UMR-I 02 INERIS-SEBIO, Université Le Havre Normandie, Scale FR-CNRS 3730, Le Havre, France
²Plate-Forme de Protéomique PISSARO, Normandie Univ., Université Rouen Normandie, IRIB, Mont-Saint-Aignan, France
³IRIB, Normandie Univ., UNIROUEN, Mont-Saint-Aignan, France
⁴INSERM U982 DC2N, Université Rouen Normandie, Mont-Saint-Aignan, France
⁵UMR-I 02 INERIS-SEBIO, Université de Reims Champagne-Ardenne, URCA, Reims, France
⁶Station Biologique de Roscoff, Sorbonne Université, CNRS, Lab. Adaptation et Diversité en Milieu Marin, Team ABICE, Roscoff, France.
⁷LIEC, Université de Lorraine, CNRS, Metz, France.

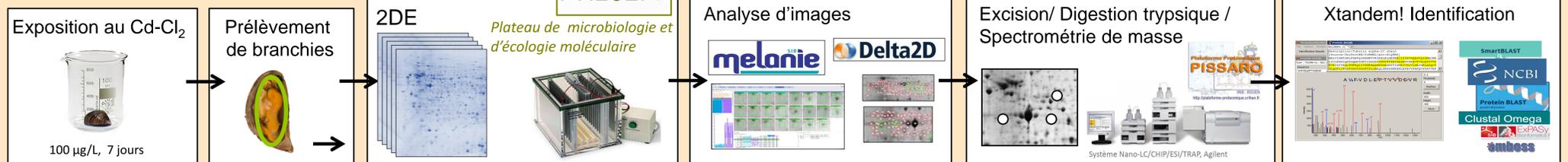
Introduction

La moule zébrée, *Dreissena polymorpha* est un bivalve utilisé en écotoxicologie comme espèce sentinelle. Récemment, des cours d'eau d'Europe occidentale ont été colonisés par une espèce proche, la moule quagga, *Dreissena rostriformis bugensis*. L'utilisation de cette dernière en tant qu'espèce sentinelle de substitution est envisagée mais nécessite une meilleure connaissance du modèle.

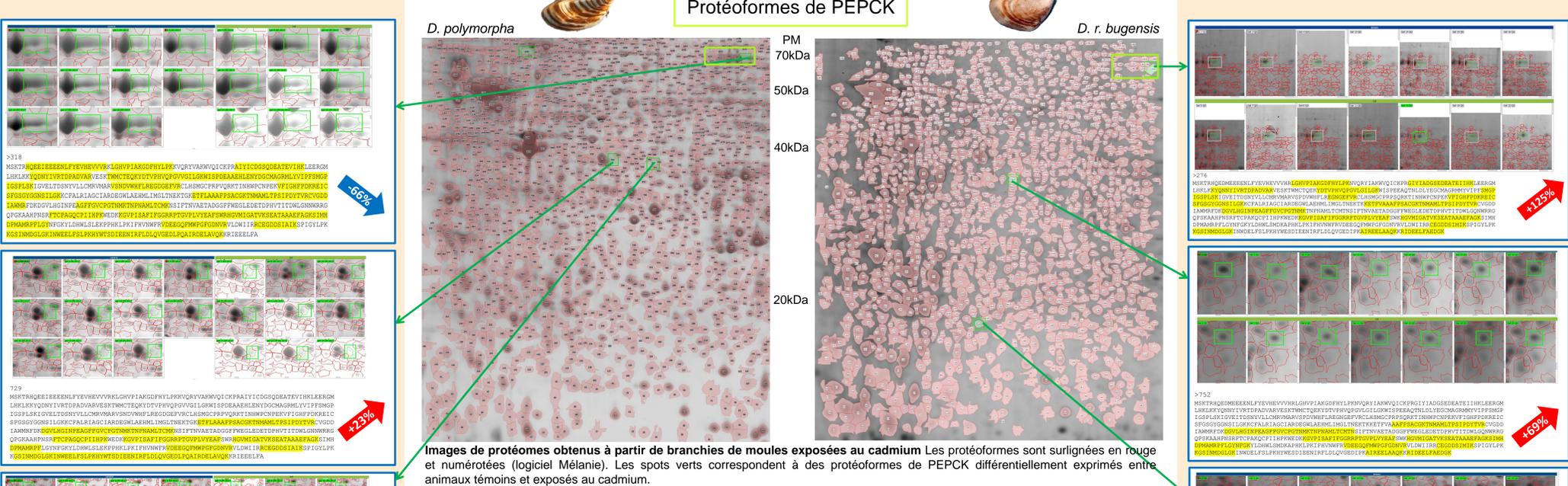
L'objectif de cette étude est de comparer les réponses au stress des deux espèces en utilisant un contaminant classique, le cadmium. Au cours de l'analyse protéomique, les variations d'abondance de plusieurs protéoformes de la phosphoenolpyruvate carboxykinase (PEPCK) ont attiré notre attention. Cette enzyme catalyse la décarboxylation et la phosphorylation de l'oxaloacétate en phosphoenolpyruvate (PEP) et joue un rôle majeur dans la cataplérose et dans la néoglucogénèse.



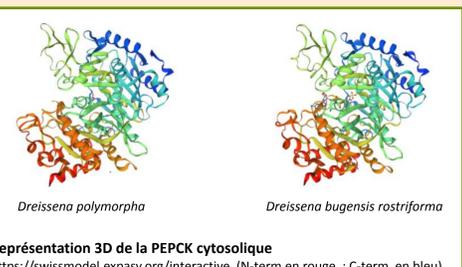
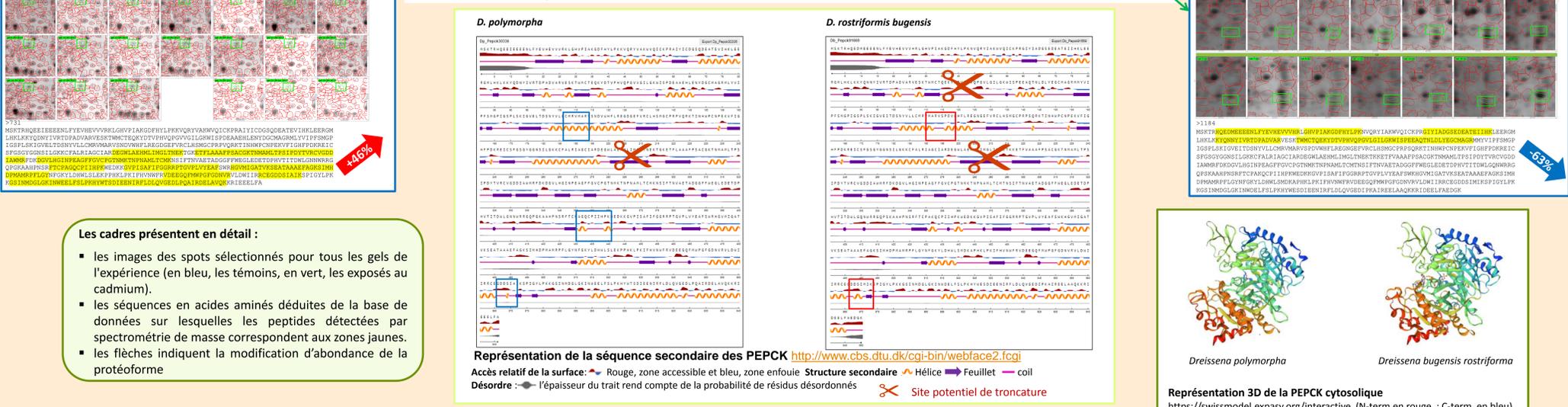
Matériels et méthodes



Résultats



Images de protéomes obtenus à partir de branchies de moules exposées au cadmium. Les protéoformes sont surlignées en rouge et numérotées (logiciel Melanie). Les spots verts correspondent à des protéoformes de PEPCK différemment exprimés entre animaux témoins et exposés au cadmium.



Représentation 3D de la PEPCK cytosolique. <https://swissmodel.expasy.org/interactive> (N-term en rouge ; C-term en bleu)

- Les cadres présentent en détail :
- les images des spots sélectionnés pour tous les gels de l'expérience (en bleu, les témoins, en vert, les exposés au cadmium).
 - les séquences en acides aminés déduites de la base de données sur lesquelles les peptides détectés par spectrométrie de masse correspondent aux zones jaunes.
 - les flèches indiquent la modification d'abondance de la protéoforme

Représentation de la séquence secondaire des PEPCK <http://www.cbs.dtu.dk/cgi-bin/webpage2.fcgi>
 Accès relatif de la surface: Rouge, zone accessible et bleu, zone enfouie. Structure secondaire: Hélice (rouge), Feuille (bleu), coil (gris)
 Désordre: l'épaisseur du trait rend compte de la probabilité de résidus désordonnés. Site potentiel de troncature (ciseaux)

Chez les mammifères, deux formes de PEPCK existent, une forme mitochondriale et une forme cytosolique. Chez les bivalves 90% de l'activité totale est attribuée à la forme cytosolique (Le Moullac *et al.*, 2007 *Journal of experimental zoology* 307A: 371–382). A ce jour aucune séquence de PEPCK mitochondriale n'est accessible dans les bases de données de mollusques.

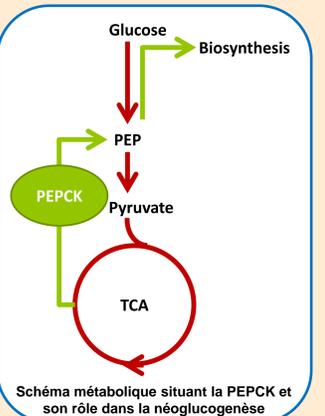
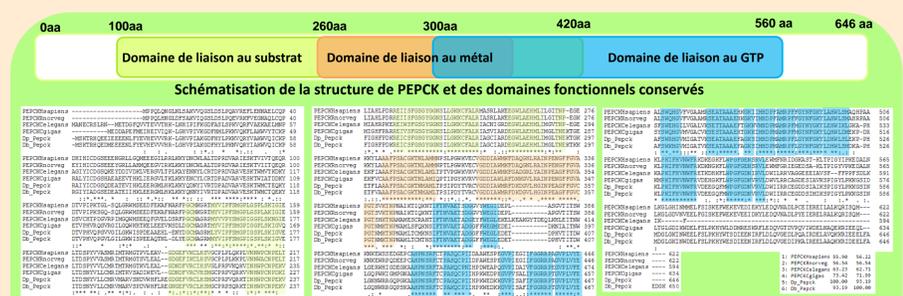


Schéma métabolique situant la PEPCK et son rôle dans la néoglucogénèse

La PEPCK pourrait également participer à la production de succinate à partir de métabolites issus de la dégradation des acides gras en conditions anaérobies, permettant ainsi d'augmenter la production d'ATP lors d'un stress oxydatif (De Zwaan et Van Marrewijk, 1973, *Comp. Biochem. Physiol*, Vol. 44B).



Alignement des séquences *D. polymorpha* et *D. bugensis* avec des espèces modèles classiques. On note une identité supérieure à 50% pour toutes les protéines. Domaine de liaison au GTP avec une forte identité surligné en bleu

Conclusion

Les moules zébrées et quagga présentent des empreintes protéomiques bien distinctes. Les variations de ces empreintes diffèrent entre les deux espèces en réponse à une exposition au cadmium. Les différences de profil montrent une réponse moléculaire spécifique de l'espèce avec de potentielles conséquences sur la capacité de production de l'ATP. Par ailleurs, des dommages cellulaires plus importants chez *D. r. bugensis* que chez *D. polymorpha* ont déjà été décrits (Louis *et al.*, 2019 *Environmental Pollution*, 245, 889-897). Ces éléments suggèrent que les deux espèces étudiées ne présentent pas la même tolérance au cadmium.