



HAL
open science

Les relations structurales entre birnavirus et autres virus icosaédriques à ARN

F Coulibaly, C Chevalier, M Galloux, B da Costa, J Lepault, B Delmas, F Rey

► **To cite this version:**

F Coulibaly, C Chevalier, M Galloux, B da Costa, J Lepault, et al.. Les relations structurales entre birnavirus et autres virus icosaédriques à ARN. *Virologie*, 2006, 6 (3), pp.233-235. hal-03573477

HAL Id: hal-03573477

<https://hal.science/hal-03573477>

Submitted on 14 Feb 2022

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.

Les relations structurales entre birnavirus et autres virus icosaédriques à ARN

F. Coulibaly¹

C. Chevalier²

M. Galloux²

B. Da Costa²

J. Lepault¹

B. Delmas²

F. Rey¹

¹ UMR CNRS/INRA
Virologie moléculaire et structurale,
91198 Gif-sur-Yvette

² UR INRA
Virologie et Immunologie moléculaires,
78350 Jouy-en-Josas

Les particules des virus à ARN double brin (ARNdb) sont compétentes pour la transcription et doivent traverser une membrane cellulaire pour fonctionner dans le cytoplasme de la cellule cible. Parmi ces virus, les birnavirus sont singuliers car ils possèdent une simple capsid icosaédrique de triangulation $T = 13$ et ne contiennent pas la capsid interne caractéristique observée dans la plupart de ces virus. Nous avons récemment élucidé la structure de sous-particules virales ainsi que de particules virales complètes d'un birnavirus aviaire [1]. Nos résultats révèlent des relations structurales inattendues entre virus icosaédriques et nous permettent de proposer un lien phylogénétique entre certains virus à ARNdb et des virus à ARN de polarité positive.

Les données cristallographiques sur les virus dont le génome est un ARN de polarité positive (ARN+) ont montré que les protéines de capsid de ces virus sont toutes repliées suivant une architecture dite *jelly-roll* formant un tonneau β antiparallèle de topologie spécifique. Elles forment une coque hermétique protégeant l'ARN viral avec les feuillettes β disposés tangentiellement à la surface du virus. Les capsides de ces virus possèdent 60 copies d'une protéine ou d'un multimère constitué de 3 ou 4 protéines (triangulation $T = 1$, $T = 3$ ou $T = 4$).

Contrairement aux virus à ARN+, les virus à ARNdb dont la structure était connue jusque récemment possèdent tous une couche protéique de 120 protéines d'architecture complètement différente de celle des virus à ARN+. Dans le cas des *Reoviridae*, cette capsid est entourée d'une seconde coque icosaédrique de triangulation $T = 13$ (*figure 1*), donc composée de 60 copies d'un multimère de 13 protéines. Cette protéine de capsid est constituée de deux domaines (appelés base et tête) avec les trimères disposés en tours à la surface de la couche interne lisse. Alors que la base est constituée d'hélices α , la tête est formée d'un tonneau β antiparallèle, possédant aussi la topologie *jelly-roll*, mais avec les feuillettes β disposés radialement, et non tangentiellement à la surface du virus. Cette coque $T = 13$ est impliquée dans le passage des virus à travers la membrane de la cellule cible.

Les birnavirus constituent une famille de virus non enveloppés, dont le génome est constitué de deux segments

d'ARNdb, infectant des espèces animales diverses de vertébrés, mollusques, d'insectes et même de rotifères. Contrairement aux autres virus à ARNdb, certaines propriétés des birnavirus — comme leur organisation génomique ou leur stratégie de réplication — sont partagées avec les virus à ARN+. Ainsi, chacun des segments de leur génome est lié covalentement à une protéine codée par le virus et, comme un très grand nombre de virus à ARN+, ils codent pour une polyprotéine précurseur dont la maturation protéolytique est assurée par une protéase virale.

Nous avons récemment montré que les virions ou des pseudo-particules vides de birnavirus possèdent tous une symétrie icosaédrique de triangulation $T = 13$ (*laevo*), comme pour les *Reoviridae* [2]. Nous avons également déterminé la structure de sous-particules virales d'un birnavirus aviaire à une résolution de 3 Å ainsi que de particules complètes à une résolution de 7 Å (*figure 1*) [1]. Une seule protéine, VP2, forme la capsid virale. De façon remarquable, cette protéine possède une structure apparentée à la fois à la protéine de capsid de virus à ARN+ comme les nodavirus (virus d'insectes) et à la protéine constituant la seconde coque ($T = 13$) des virus de la famille des *Reoviridae*. VP2 possède un domaine ayant une architecture en *jelly-roll* assurant l'étanchéité de la particule virale et homologue à la protéine de capsid des nodavirus. Un second domaine ayant lui aussi une structure en *jelly-roll* forme une projection vers l'extérieur de la particule comme observé chez les réovirus.

cas image

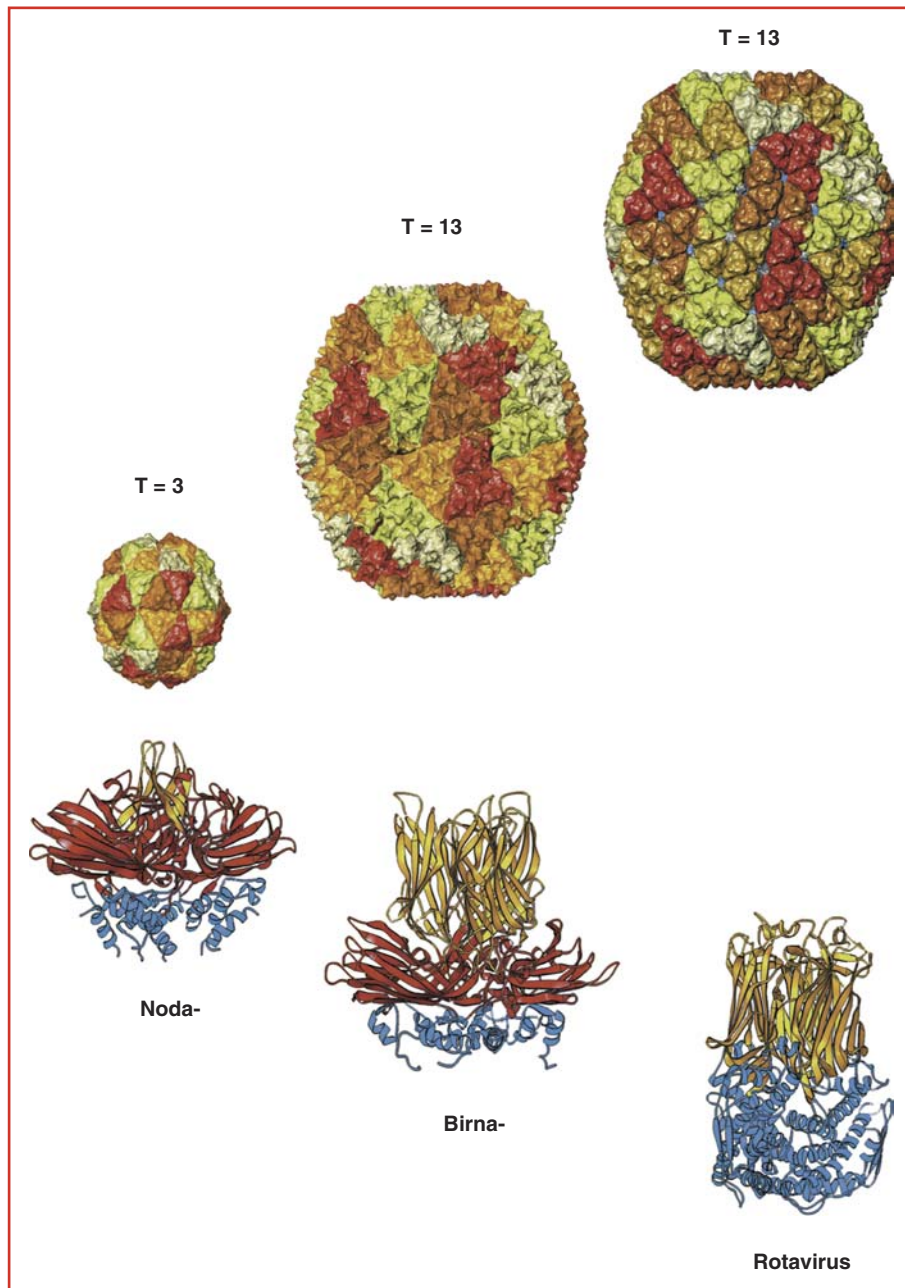


Figure 1. Montage des structures de protéines de capsides de virus à ARN. Dans la partie inférieure de la figure, sont représentés, de gauche à droite, des diagrammes en rubans de la protéine de capsidite des nodavirus, de la protéine VP2 des birnavirus et de la protéine VP6 des rotavirus (virus appartenant à la famille des *Reoviridae*). Les domaines en *jelly roll* à la surface du virus sont représentés en rouge et ceux constituant les projections en jaune. Les extrémités N- et C-terminales des protéines de capsidites forment toutes des hélices α à la surface interne de la capsidite et sont représentées en bleu. Dans la partie supérieure, sont représentées, de gauche à droite et à la même échelle, les particules virales de nodavirus, birnavirus et rotavirus. Les différentes couleurs symbolisent les unités asymétriques constituant les particules virales. (Montage réalisé par Régine et Bruno Le Sourd).

Ces informations structurales associées à des propriétés communes entre birnavirus et nodavirus comme la présence de peptides structuraux dans ces deux familles [3] et l'existence d'un réarrangement d'un motif dans la

polymérase des birnavirus et de virus proches des nodavirus et des tétravirus [4] suggèrent fortement l'existence d'un lien phylogénétique entre virus à ARN+ et à ARN double brin.

Références

1. Coulibaly F, Chevalier C, Gutsche I, *et al.* The birnavirus crystal structure reveals structural relationships among icosahedral viruses. *Cell* 2005 ; 120 : 761-72.
2. Pous J, Chevalier C, Ouldali M, Navaza J, Delmas B, Lepault J. Structure of birnavirus-like particles determined by combined electron cryomicroscopy and X-ray crystallography. *J Gen Virol* 2005 ; 86 : 2339-46.
3. Da Costa B, Chevalier C, Henry C, *et al.* The capsid of infectious bursal disease virus contains several small peptides arising from the maturation process of pVP2. *J Virol* 2002 ; 76 : 2393-402.
4. Gorbalenya AE, Pringle FM, Zeddam JL, *et al.* The palm subdomain-based active site is internally permuted in viral RNA-dependent RNA polymerases of an ancient lineage. *J Mol Biol* 2002 ; 324 : 47-62.