

Les glutathion transférases : marqueurs de la dégradation du bois par les champignons ?

Dr. Claude DIDIERJEAN*

CRM2 – Cristallographie, Résonance Magnétique et Modélisations,
UMR 7036 CNRS, Université de Lorraine, BP 70239, 54506 Vandœuvre-lès-Nancy, France

*Co-auteurs : Claude DIDIERJEAN¹, Mélanie MOREL-ROUHIER², Yann MATHIEU², Pascalita PROSPER¹,
Benoît GUILLOT¹, Christian JELSCH¹, Jean-Pierre JACQUOT², Frédérique FAVIER¹, Éric GELHAYE²

¹ CRM2, UMR 7036 UHP-CNRS, 54506 Vandœuvre-lès-Nancy ;

² Interaction Arbres Microorganismes (IAM), UMR 1136 UHP-INRA, 54506 Vandœuvre-lès-Nancy.

Depuis quelques années, les ressources génomiques concernant les champignons symbiotiques, pathogènes et lignolytiques ne cessent de croître. La finalité de ces projets à grande échelle est de mieux comprendre l'adaptation des champignons à leur environnement et/ou à leur hôte^[1]. Les champignons lignolytiques ont la capacité de dégrader le bois via des systèmes enzymatiques et oxydatifs.

Notre analyse s'est focalisée sur les glutathion transférases (GST) qui constituent une vaste superfamille d'enzymes classées comme des enzymes du métabolisme secondaire et généralement impliquées dans les processus de détoxification. Sachant que la dégradation du bois s'accompagne de la génération de nombreuses molécules toxiques pour le champignon, nous tentons de caractériser, dans ce projet, toutes les GST du champignon modèle *Phanerochaete chrysosporium* qui est un basidiomycète saprophyte de pourriture blanche. Notre analyse génomique et phylogénétique des GST fongiques a permis de montrer que les champignons saprophytes possèdent en général un plus grand nombre de séquences codantes pour les GST (>25) que les autres champignons^[2]. Par exemple, la levure *Saccharomyces cerevisiae* possède 11 isoformes alors que *P. chrysosporium* en possède 27 réparties en 5 classes majeures. Parmi elles, une nouvelle classe que nous avons nommée GSTFuA pour GST Fungal specific A présente des homologies de séquences avec des β -éthérase bactériennes. Sachant que les liaisons β -éther sont très abondantes dans la lignine, ces protéines ont un rôle majeur dans la dégradation du bois. Cependant, les caractérisations biochimique, structurale et fonctionnelle des GSTFuA de *P. chrysosporium* n'a révélé aucune activité β -éthérase^[3]. En revanche, de nouvelles fonctions de type ligandine avec des molécules extraites du bois ont été mises en évidence notamment grâce à l'utilisation d'outils fluorescents^[3,4]. Cette propriété consiste en la fixation d'un ligand par la protéine sans réaction catalytique. Les GSTFuA, en servant de chélateur de molécules du bois, pourraient présenter un intérêt à la fois pour l'optimisation de la valorisation de la biomasse lignocellulosique et l'amélioration des procédés de préservation du bois.

Références

1. Eastwood et al., *Science* **2011**, 333, 762-765.
2. Morel et al., *Cell. Mol. Life Sc.* **2009**, 66, 3711-3725.
3. Mathieu et al., *J. Biol. Chem.* **2012**, 287, 39001-39011
4. Mathieu et al., *Plos One* **2013**, accepté.