

Analyse structurale de l'adenovirus par cryo microscopie électronique et analyse d'images

**Céline Fabry, Pascal Fender, Jadwidja Chroboczek, Manuel Rosa-Calatrava,
Eric Kremer, Stephen Cusack, Rob Ruigrok et Guy Schoehn**

*Institut de Virologie Moléculaire et Structurale UMR5233 CNRS-EMBL-UJF
6 rue Jules Horowitz 38042 Grenoble cedex 9, France*

Les adénovirus sont de gros virus à ADN (1000 Å de diamètre). Ils provoquent uniquement des maladies bénignes chez le sujet sain. Ces virus font l'objet de nombreuses études et d'essais de thérapie génique ou anti-cancer in vitro mais leur structure n'est pas encore complètement élucidée à l'échelle atomique. La capsidie icosaédrique de l'adénovirus est composée de 3 protéines majeures : l'hexon qui est trimérique et dont les 240 copies constituent les facettes du virus et le penton qui est une association non covalente entre la base pentamérique et la fibre trimérique. Ces pentons forment les 12 sommets du virus. Plusieurs protéines mineures (IIIa, VI, VIII et IX) stabilisent également cette capsidie.

Nous avons obtenu une structure à 10 Å de résolution pour la capsidie de ce virus à l'aide d'images de cryo-microscopie électronique. En parallèle, nous avons également calculé des structures tridimensionnelles d'un adénovirus canin et de sous particules virales uniquement constituées par des pentons ou par des bases (dodécaèdres avec et sans fibres). En combinant ces données avec les structures atomiques disponibles pour certaines des protéines de la capsidie nous avons calculé un modèle quasi atomique de cette capsidie. Ce modèle nous a permis de localiser non seulement les protéines mineures au sein de cette capsidie mais également certaines parties absentes des structures cristallographiques.