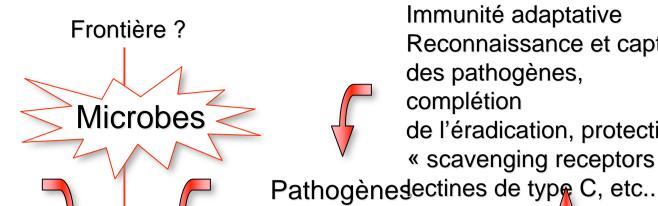
# Comment l'hôte discrimine-t-il entre microorganismes commensaux et pathogènes ? Philippe Sansonetti

Jeudi 26 novembre 2009



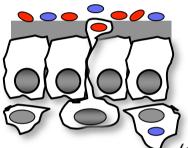


St Augustin et le Démon, Michael Pacher (Alte Pinakothek, Munich)



Immunité adaptative Reconnaissance et capture des pathogènes, complétion de l'éradication, protection: « scavenging receptors »,

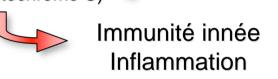
Commensaux



Reconnaissance: TLRs, NLRs, Rig1, MDA5...

acide urique, ATP, cytochrome C

Signaux de danger:



Destruction des microbes et des tissus

Boucle d'amplification: TREM, HMGB1, Gal3, etc.. Regulation/ Réparation

Perte de contrôle

Sansonetti, 2006, Nat. Immunol. Sansonetti & Di Santo, 2007, Immunity

Sansonetti, 2004, Nat. Rev. Immunol. Sansonetti & Medzhitov, 2009, Cell

Immunité innée Surveillance/Tolérance

- Rupture de l'homéostasie: maladies inflammatoires (MICI = Crohn, RCH)
- Dysbiose: obésité, diabète... (Turnbaugh PJ & Gordon JI. 2009. J.Physiol., 587:4153-4158)

Sepsis grave Choc septique



Charles A Janeway 1943-2003

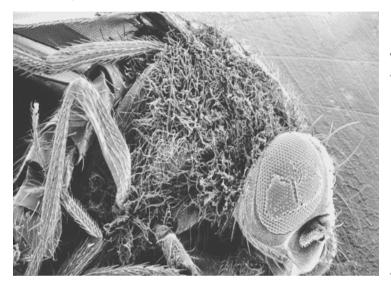
## Revealing the « dirty little secret of immunologists »

« The immune system evolved under selective pressure imposed by infectious microorganisms. As a result, all multicellular organisms have developed various defense mechanisms that have the capacity to be triggered by infection and to protect the host organism by destroying the invading microbes and neutralizing their virulence factors.

These phylogenetically ancient defense mechanisms, also known as the innate immune system, use germline-encoded receptors for the recognition of microbial pathogens. This feature distinguishes the innate immune system from the other component of immunity, the adaptive immune system, found only in vertebrates ».

Janeway CA. 1989. Approaching the asymptote ?: Evolution and revolution in immunology. Cold Spring Harb. Symp. Quant. Biol.54:1-13

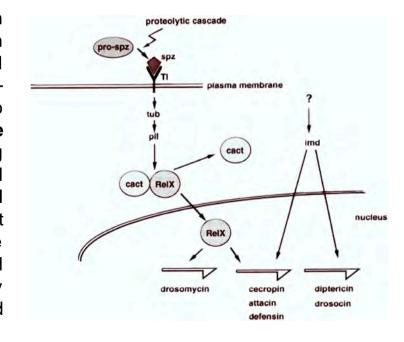
Lemaitre B, Nicolas E, Michaut L, Reichhart JM, Hoffmann JA. **1996**. The dorsoventral regulatory gene cassette spätzle/Toll/cactus controls the potent antifungal response in Drosophila adults. Cell, 86:973-983



Survival of Dorsoventral Mutant Adults to Bacterial and Fungal Infections

Genotype Tested	Fungal Infection	Bacterial Infection
Or <sup>K</sup>	89 (4,2;9)	95 (5,3; 14)
$dl^{i}/dl^{T}$	* · · ·	
	94 (4.3; 5)	92 (3.0; 6)
pll <sup>078</sup> /pll <sup>21</sup>	4 (7.4; 5)	87 (8,5; 8)
tub <sup>238</sup> /tub <sup>3</sup>	3 (5,3; 6)	71 (27; 4)
$T^{l'^{632}}/T^{l^{i-RXA}}$	8 (10,8; 8)	93 (6,6; 9)
spz <sup>rm7</sup> /spz <sup>197</sup>	3 (5.6; 7)	84 (11; 9)
$ea^{t}/ea^{2}$	98 (8,8; 5)	87 (5,7; 8)
imd/imd	93 (5.6; 5)	8 (7.4; 13)
imd/imd; Tl <sup>r632</sup> /Tl <sup>(-RXA</sup>	1 (2.3; 5)	3 (4.4; 6)

The cytokine-induced activation cascade of NF-kappaB in mammals and the activation of the morphogen dorsal in Drosophila embryos show striking structural and functional similarities (Toll/IL-1, Cactus/I-kappaB, and dorsal/NF-kappaB). Here we demonstrate that these parallels extend to the immune response of Drosophila. In particular, the intracellular components of the dorsoventral signaling pathway (except for dorsal) and the extracellular Toll ligand, spätzle, control expression of the antifungal peptide gene drosomycin in adults. We also show that mutations in the Toll signaling pathway dramatically reduce survival after fungal infection. Antibacterial genes are induced either by a distinct pathway involving the immune deficiency gene (imd) or by combined activation of both imd and dorsoventral pathways.



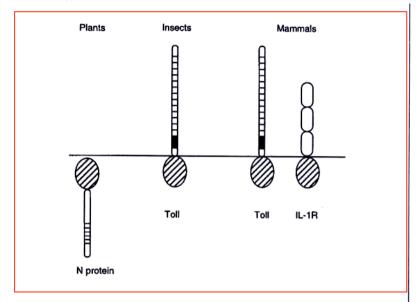
Medzhitov R, Preston-Hulrburt P, Janeway CA. **1997**. A human homologue of the Drosophila Toll protein signals activation of adaptive immunity. Nature, 388:394-397

#### letters to nature

# A human homologue of the Drosophila Toll protein signals activation of adaptive immunity

Ruslan Medzhitov\*, Paula Preston-Hurlburt & Charles A. Janeway Jr\*

Section of Immunobiology, Yale University School of Medicine, and \* Howard Hughes Medical Institute, New Haven, Connecticut 06520-8011, USA

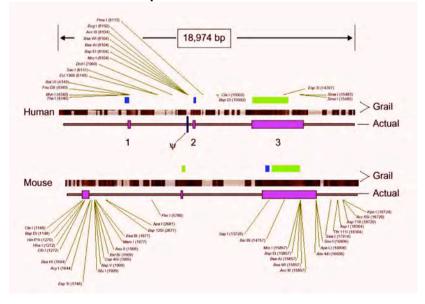


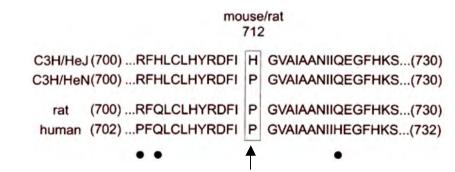
**Figure 1** Ancient immune defence systems of plants, insects and vertebrates. A homologous immune response system based on the Toll signalling domain is used in plants, insects and vertebrates. In mammals, Toll induces signals required for the activation of both an innate and an adaptive immune response (see text). The figure is modified from ref. 6. Diagonal hatching represents the Toll signalling domain; striped rods, leucine-rich repeat domains; black rectangles, C-terminal cysteine-rich domains; white ellipsoids, immunoglobulin domains.

We report here the cloning and characterization of a human homologue of the Drosophila toll protein (Toll) which has been shown to induce the innate immune response in adult Drosophila. Like Drosophila Toll, human Toll is a type I transmembrane protein with an extracellular domain consisting of a leucine-rich repeat (LRR) domain, and a cytoplasmic domain homologous to the cytoplasmic domain of the human interleukin (IL)-1 receptor. Both Drosophila Toll and the IL-1 receptor are known to signal through the NF-kappaB pathway. We show that a constitutively active mutant of human Toll transfected into human cell lines can induce the activation of NF-kappaB and the expression of NF-kappaB-controlled genes for the inflammatory cytokines IL-1, IL-6 and IL-8, as well as the expression of the co-stimulatory molecule B7.1, which is required for the activation of naive T cells.

Poltorak A, He X, Smirnova X, Liu MY, Van Huffel C, Du X, Birdwell D, Alejos E, Silva M, Galanos C, Freudenberg M, Ricciardi-Castagnoli P, Layton B, Beutler B. **1998**. Defective LPS signaling in C3H/HeJ and C57BL/10ScCr mice: mutation in Tlr4 gene. Science, 282:2085-2088.

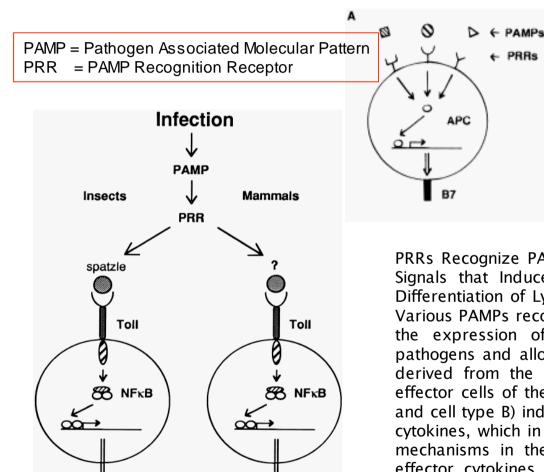
Mutations of the gene Lps selectively impede lipopolysaccharide (LPS) signal transduction in C3H/HeJ and C57BL/10ScCr mice, rendering them resistant to endotoxin yet highly susceptible to Gram-negative infection. The codominant Lpsd allele of C3H/HeJ mice was shown to correspond to a missense mutation in the third exon of the Toll-like receptor-4 gene (Tlr4), predicted to replace proline with histidine at position 712 of the polypeptide chain. C57BL/10ScCr mice are homozygous for a null mutation of Tlr4. Thus, the mammalian Tlr4 protein has been adapted primarily to subserve the recognition of LPS and presumably transduces the LPS signal across the plasma membrane. Destructive mutations of Tlr4 predispose to the development of Gram-negative sepsis, leaving most aspects of immune function intact.





Domaine intracytoplasmique L'ensemble du gène défini à partir de la rétrotranscription du mRNA est de 2951 nucléotides

# Le « paradigme de Janeway » suffit-il à rendre compte de la reconnaissance des pathogènes ou doit-il être (ré)actualisé ?



Antimicrobial peptides, B7, IL-1, IL-6, IL-8

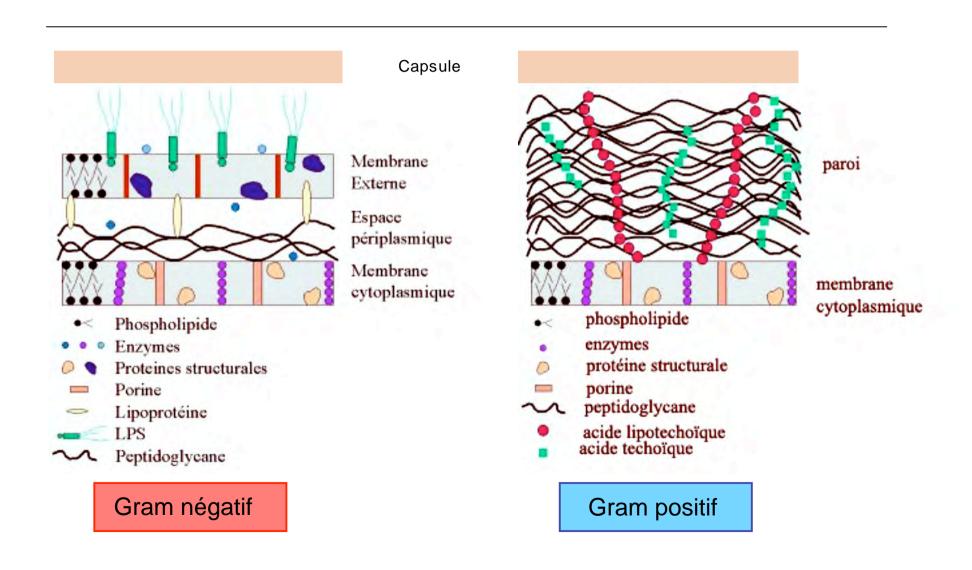
Antimicrobial peptides

PRRs Recognize PAMPs and Translate Them into a Set of Endogenous Signals that Induce an Adaptive Immune Response and Direct the Differentiation of Lymphocytes into Particular Types of Effector Cells(A) Various PAMPs recognized by cognate PRRs expressed on APCs induce the expression of B7 molecules, thus signaling the presence of pathogens and allowing activation of lymphocytes specific for antigens derived from the pathogens.(B) PRRs strategically expressed on the effector cells of the innate immune system (here shown as cell type A and cell type B) induce the expression of corresponding sets of effector cytokines, which in turn direct the induction of the appropriate effector mechanisms in the adaptive immune response. Induction of distinct effector cytokines can be either due to the recognition of different PAMPs, or recognition of the same PAMP on different cell types. IL-12 and IL-4 exemplify prototype effector cytokines controlling distinct effector functions.

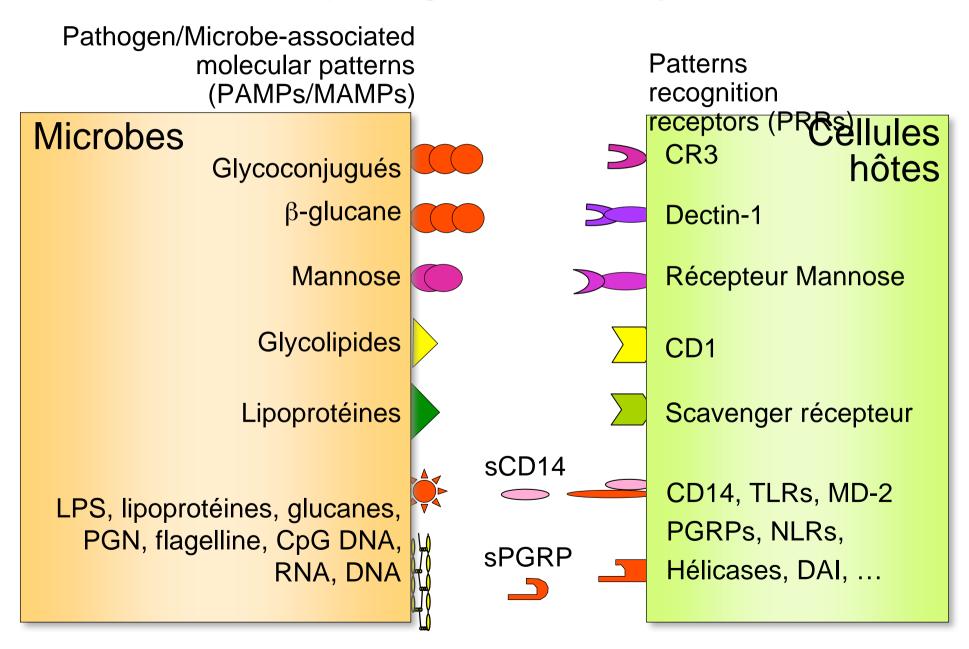
← PRRs →

Cell A

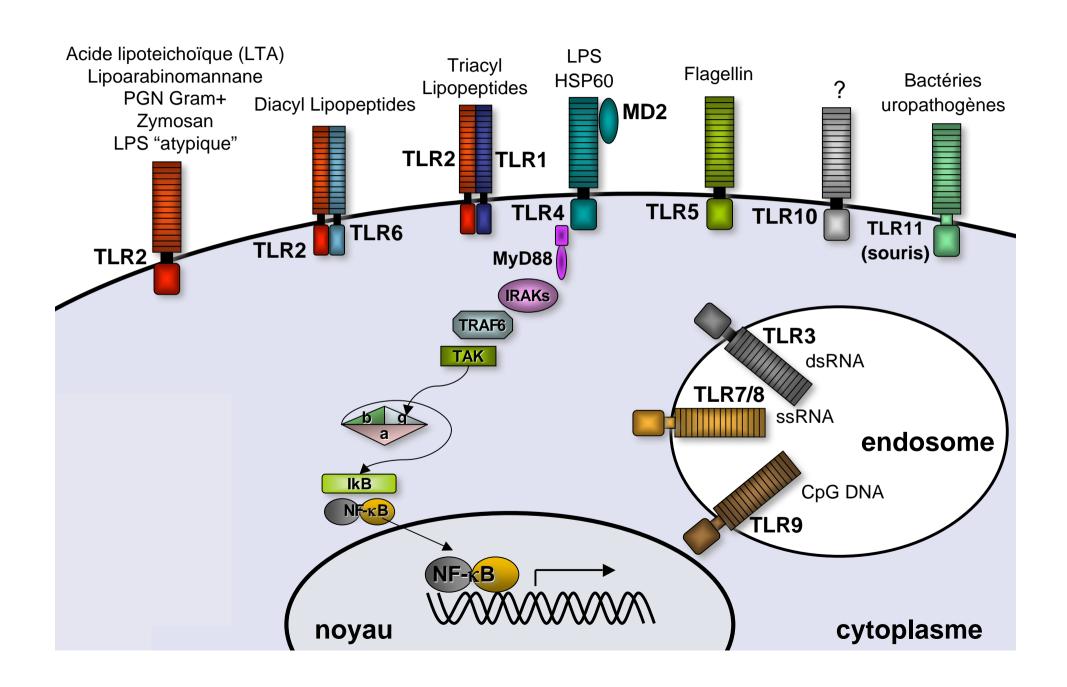
# Différences structurales entre les enveloppes des bactéries à Gram + et à Gram -

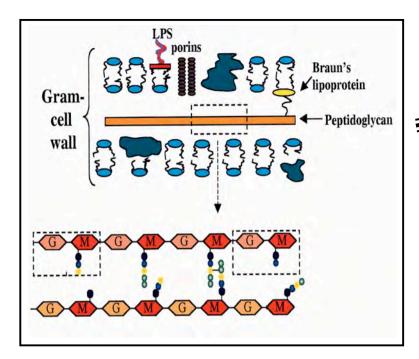


# Reconnaissance des microbes et immunité innée: le « paradigme de Janeway »



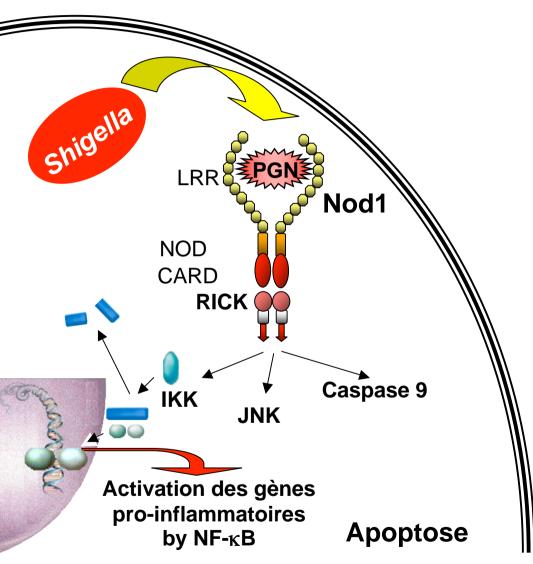
#### "PATHOGEN RECOGNITION RECEPTORS (PRRs)" & PAMPs





# 

#### Fonctions de Nod1



Girardin et coll. 2001. EMBO Repts, 8:736-742 Girardin et coll. 2003. Science, 300:1584-1587

Girardin et coll. 2003. J.Biol.Chem., 278:8869-8872

# **NLR** et pathologies

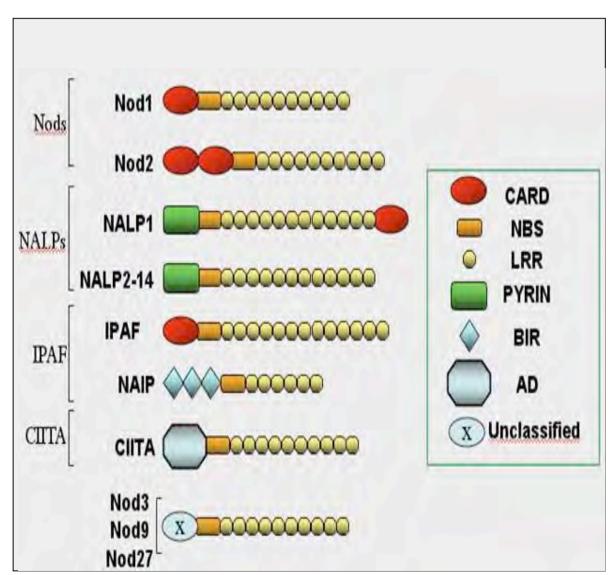
Asthme? RCH? CD?

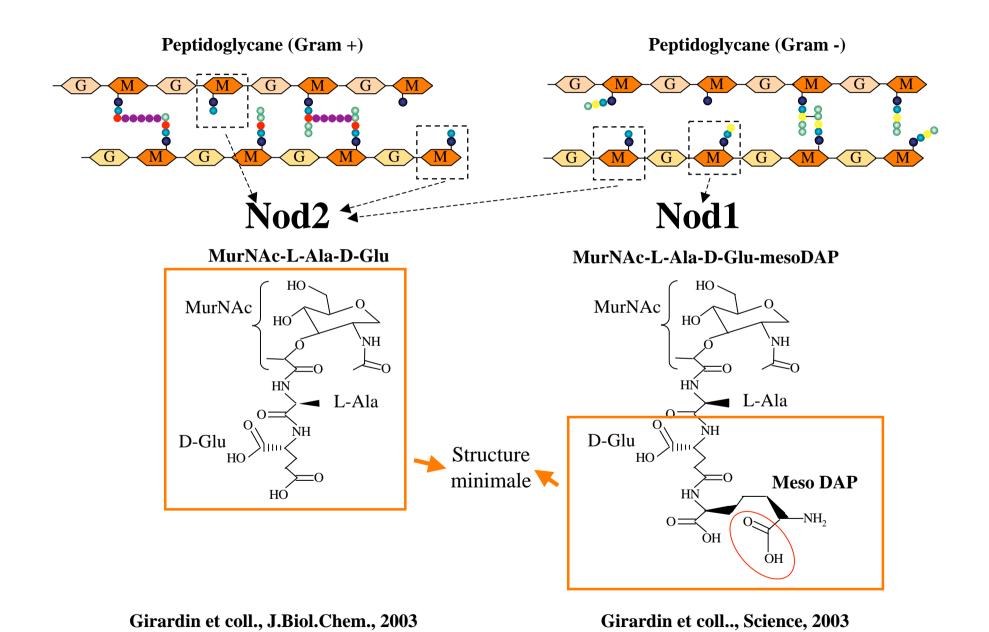
Mal. de Crohn (CD) Synd. de Blau

NALP3/Pypaf1/CIAS1/Cryopyrin:
Synd. de Muckle-Wells
Cold stress syndrome
CINCA syndrome

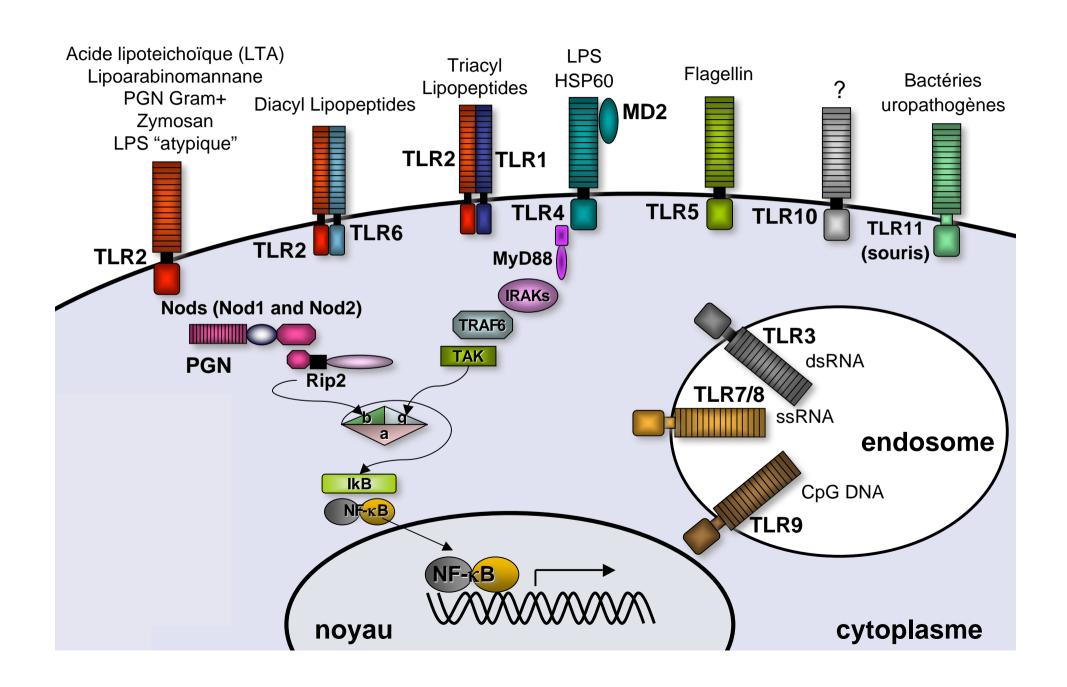
Reconnaissance de la flagelline indépendante de TLR-5 Susceptibilité à *Legionella* (souris)

Syndrome des lymphocytes nus





#### "PATHOGEN RECOGNITION RECEPTORS (PRRs)" & PAMPs



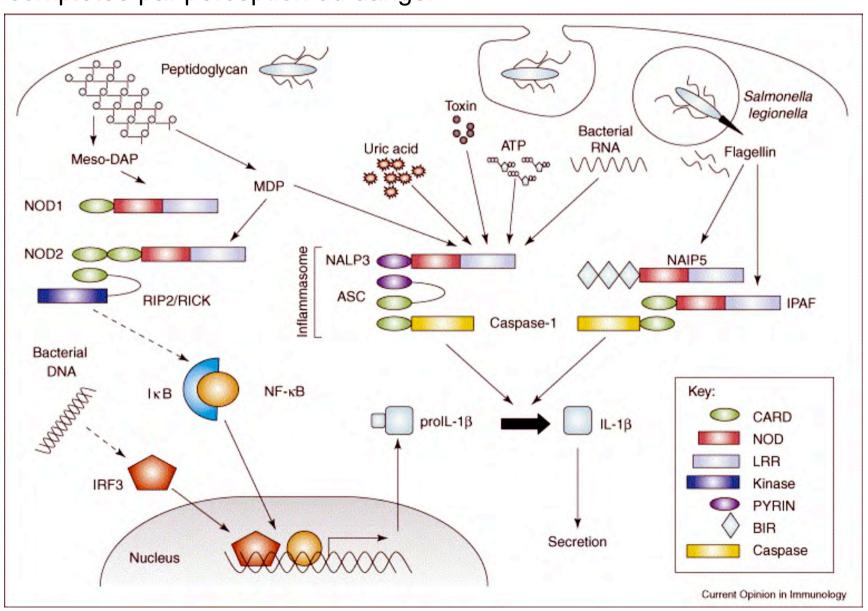
Il y a tout lieu de penser que ce paradigme est bon si considéré comme le mécanisme générique de reconnaissance des microbes.

Il pose problème si l'on considère

les bactéries (ou les champignons)
car commensaux comme pathogènes
partagent (a priori) les mêmes PAMPs.
Si l'on considère que le système
immunitaire est largement en charge
de discriminer entre commensaux
qu'il faut tolérer et pathogènes qu'il
faut éliminer, sur quelle base se fait
la discrimination si les deux
« portent les mêmes habits » ?

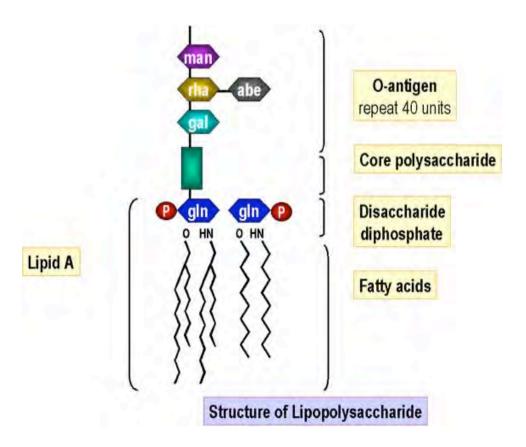


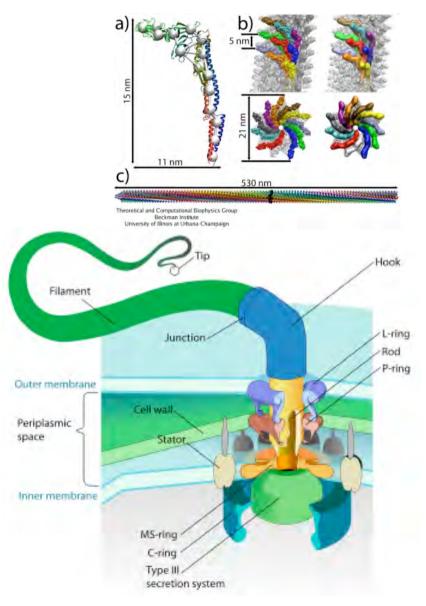
NLRs: « chiens de garde » intracellulaires: Introduction à un changement de paradigme: perception des PAMPs complétée par perception du danger



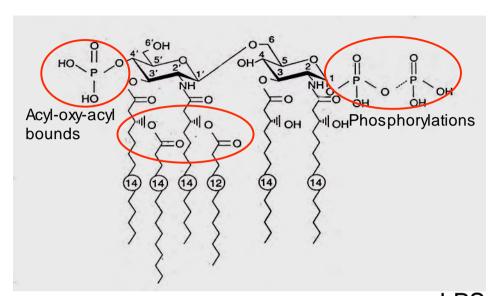
1ère hypothèse: les PAMPs des pathogènes sont plus agonistes sur les PRR que les PAMPs (MAMPs) des commensaux (effet de furtivité ?)

Exemples: LPS, flagelline





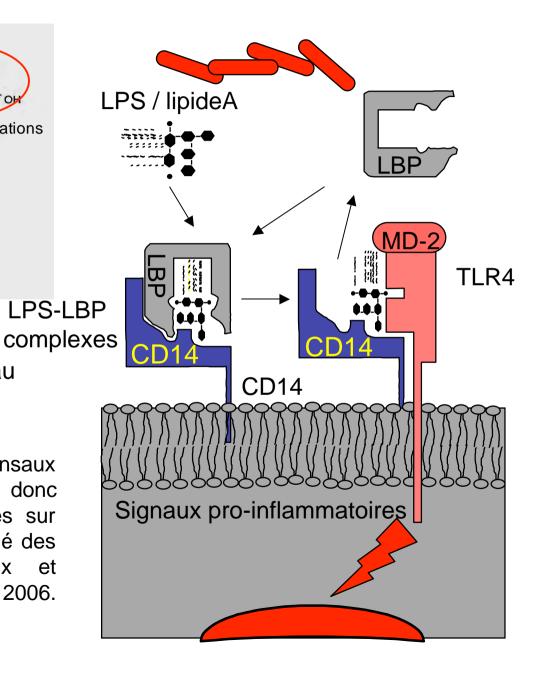
#### Reconnaissance du Lipopolysaccharide (LPS) par TLR4



Lipide A « classique » d'E. coli

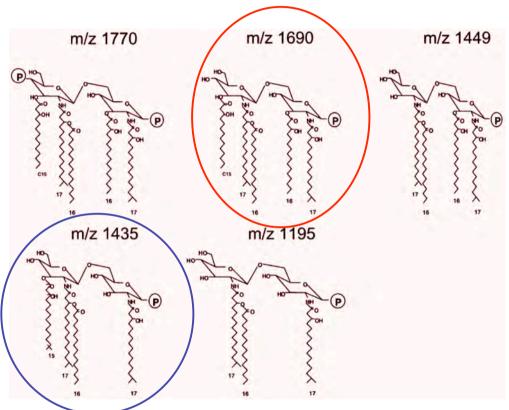
Eléments assurant le niveau d'endotoxicité du lipide A

Le lipide A des BG- anaérobies commensaux (Bacteroidetes) sont tetra/pentacylés, donc faiblement agonistes, voire antagonistes sur TLR4, contrairement au lipide A hexacylé des BG - aéro-anaérobies commensaux et pathogènes (Munford RS & Varley AW. 2006. PLoS Path., 2:e67).



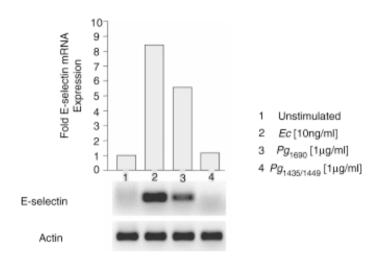
#### Porphyromonas gingivalis

Espèce Gram - retrouvée dans la flore associée à la piorrhée alvéolo-dentaire. Produit 12 variétés de lipides A (Reife RA et coll. 2006. Cell.Microbiol., 8:857-868)



5 variétés principales (mass. spectro.) montrant des différences caractéristiques dans le degré d'acylation et de phosphorylation du résidu glucosamine

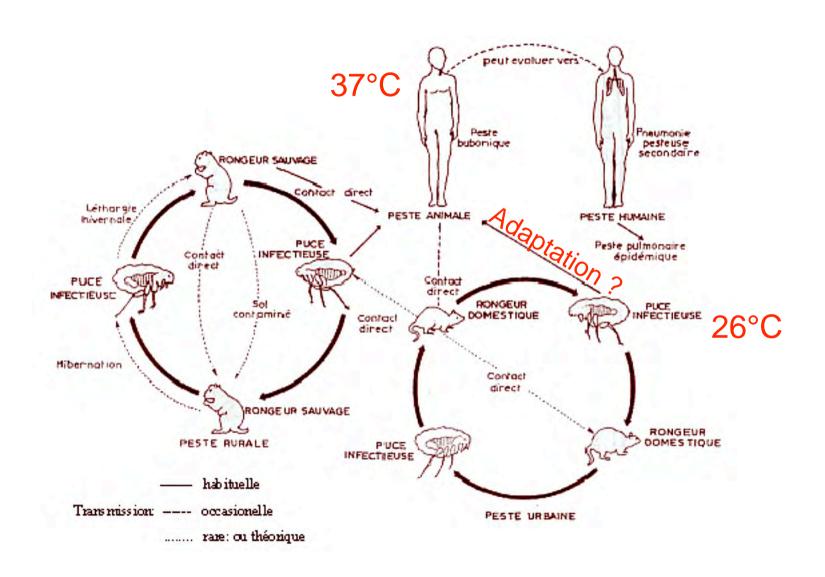




m/z 1435 (tetracylé) non seulement n'est pas agoniste pour TLR4 (mesuré par l'induction de l'expression de Esélectine dans des cellules endothéliales), mais il antagonise la signalisation induite par m/z 1690 (pentacylé) fortement agoniste.

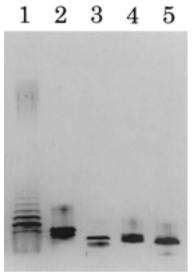
Possibilité de moduler la réponse immunitaire en modifiant le lipide A. Stratégie d'infection chronique ?

### Cycle de transmission de Yersinia pestis



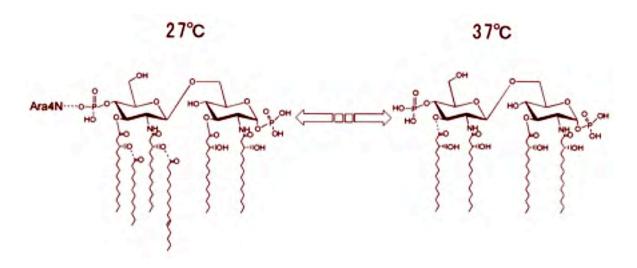
#### Certaines bactéries modifient leur LPS au cours de l'infection:

Yersinia pestis (Kawahara K et coll. 2002. J.Bacteriol., 70:4092-4098)



LPS/lipide A (SDS PAGE)

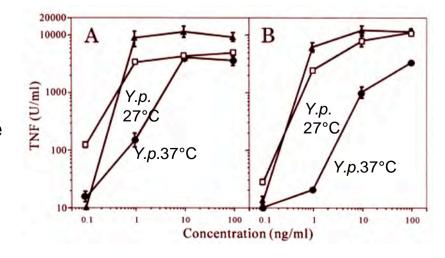
- 1- S. minnesota wt (37°C)
- 2 S. minnesota Ra (37°C)
- 3 S. minnesota Re (37°C)
- 4 Y. pestis (27°C)
- 5 Y. pestis (37°C)



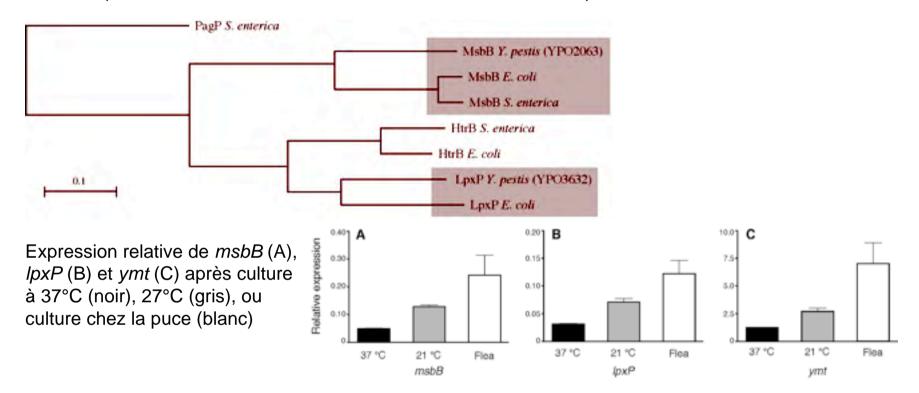
Modification structurale du lipide A de *Y pestis* en fonction de la température de croissance.

Production de TNFα, RAW264.7 macrophages incubés en concentrations croissantes de LPS A: Lipide A synthétique, LPS de *Y. pestis* cultivé à 27°C et 37°C

B: LPS de Salmonella, LPS de Y. pestis cultivé à 27°C et 37°C



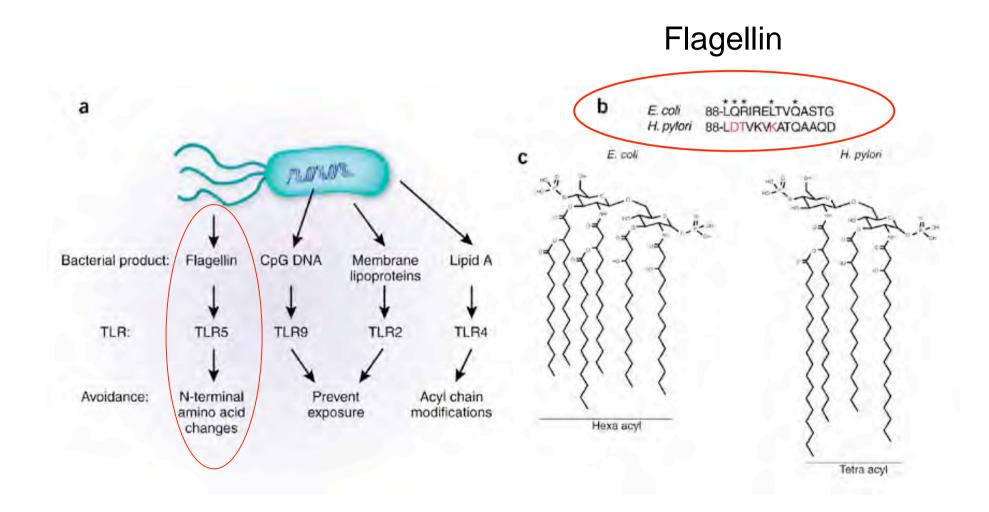
Identification des gènes de *Y. pestis* responsables de l'hexacylation du lipide A à 27°C (Rebeil R et coll. 2006. J.Bacteriol., 188:1381-1388)



Construction d'un recombinant de *Y. pestis* exprimant constitutivement un lipide A hexacylé (Montminy SW et coll. 2006. Nat.Immunol., 7:1066-1073)

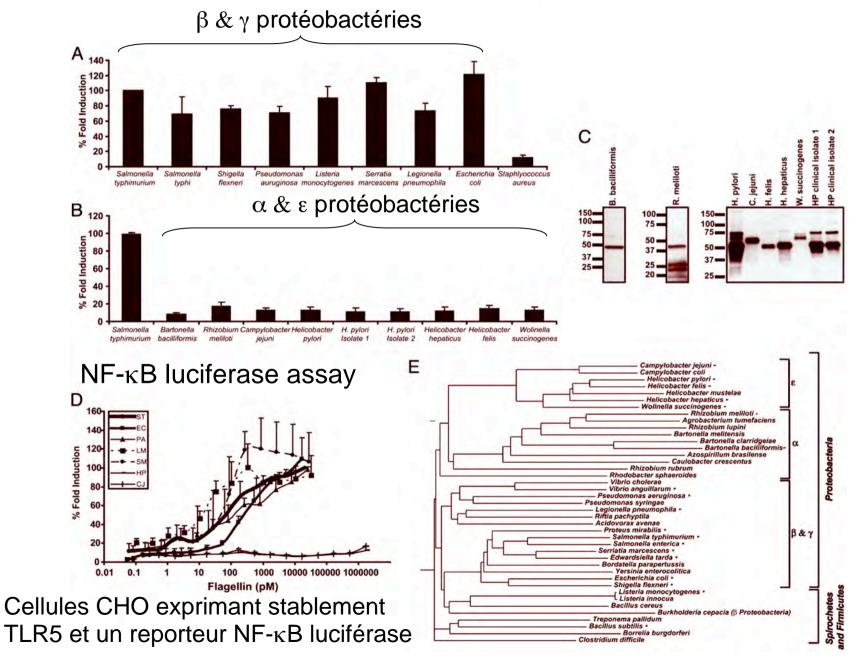
Afin d'analyser le rôle dans la virulence de la déacylation du lipide A à 37°C, un recombinant de *Y. pestis* a été construit dans lequel le gène *lpxL* a été placé sous le contrôle d'un promoteur constitutif permettant la synthèse d'un lipide A hexacylé à 37°C. Cette souche recombinante est avirulente dans le modèle d'injection sous cutanée chez la souris, même à fort inoculum. La résistance à cette souche recombinante *lpxL* (const.) est TLR4/MD2/CD14/MyD88 dépendante. Les souris infectées par cette souche sont totalement résistantes au challenge par une souche wt. Ce trait génétique prédomine donc sur tous les autres facteurs de virulence de *Y. pestis*.

Les mécanismes d'évasions ne sont pas spécifiques au LPS (Roy CR & Mocarsky ES. 2007. Nat.Immunol., 8:1179-1187)



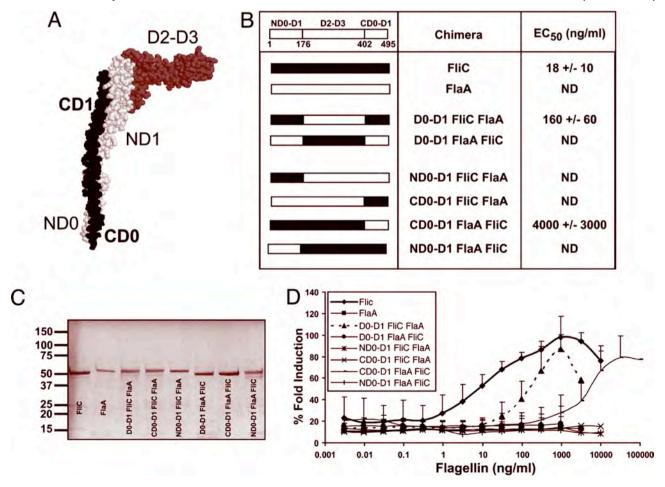
### Mécanismes d'évasion de TLR5 par les bactéries flagellées

(Andersen-Nissen E et coll. 2005. PNAS,28:9247-9252)



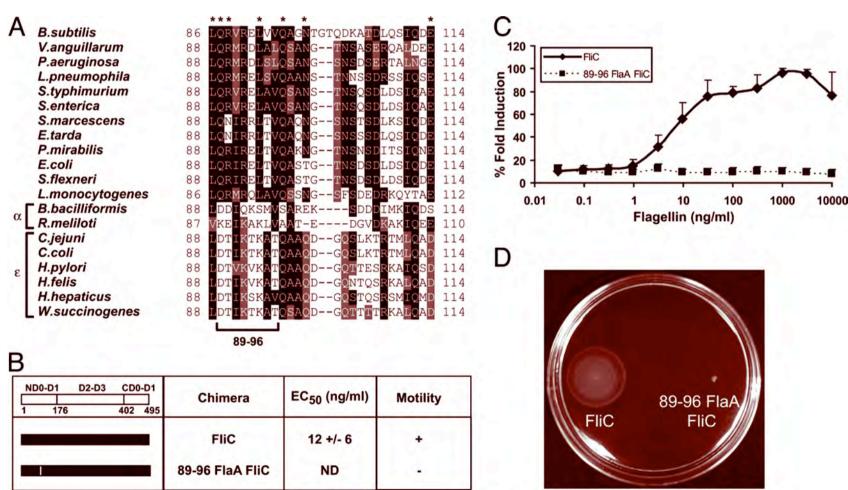
Le domaine N-terminal (D0D1) de la flagelline est nécessaire (mais pas suffisant) pour la reconnaissance par TLR5.

- A Structure de FliC (S. typhimurium), structure de FlaA (H. pylori) non disponible.
- B Chimères flagelline FliC/FlaA et concentration nécessaire pour obtenir 50% de l'activation maximale de TLR5
- C Coloration au bleu de Coomassie d'un gel SDS-PAGE montrant les flagellines wt et hybrides utilisées.
- D Courbe dose-réponse de cellules CHO transfectées avec hTLR5 (idem B)

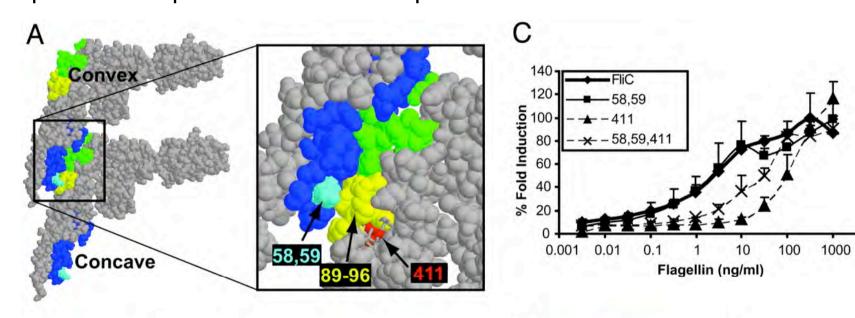


#### Les acides aminés 89-96 sont requis pour l'activation de TLR5.

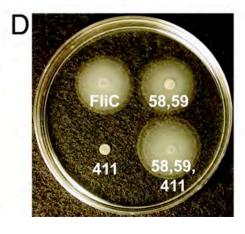
- A Alignement des séquences des flagellines des espèces activant TLR5 avec celles des  $\alpha$ et  $\epsilon$  protéobactéries qui n'activent pas.
- B Rôle de la séquence 89-96 dans l'activation de TLR5: perte de l'induction par l'hybride FliC-89-96 FlaA.
- C Idem: courbe dose-réponse.
- D Perte de motilité d'un mutant FliC- de Salmonella complémenté par FliC/89-96 FlaA!



Les  $\varepsilon$  Proteobactéries possèdent des modifications compensatrices permettant au processus de polymérisation de se développer malgré les modifications de séquences en 89-96 qui bloquent la signalisation TLR5-dépendante, mais altèrent parallèlement les capacités de polymérisation. Superbe exemple d'évolution sous pression sélective.



Mutant	EC <sub>50</sub> (ng/ml)	Motility
FliC	3.2 +/- 0.6	+
I411A	97 +/- 10	
K58S, G59S	4.7 +/- 6	+
K58S, G59S, I411A	30 +/- 10	+



10000

L'ensemble de ces travaux tend à démontrer que les « grands pathogènes » sont reconnus via leurs PAMPs par les PRRs, en particulier les TLRs, mais...

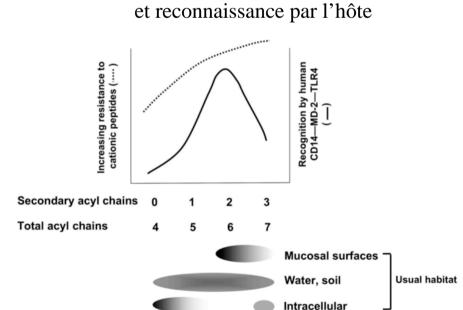
Sous pression sélective, ces PAMPs (lipide A, flagelline) peuvent subir une profonde diminution de leur activité agoniste.

- Soit constitutivement (flagelline d'H pylori)
- Soit de manière inductible (Lipide A de *Y.pestis*)

Des commensaux, tels les entérobactéries de la flore intestinale, ont des PAMPs agonistes des PRR (Munford RS & Varley AW. 2006. PLoS Pathogens, 2:e67)

L'hypothèse de départ: PAMPS des commensaux non agonistes (voire antagonistes), PAMPs des pathogènes agonistes des PRRs vaut d'être sérieusement nuancée.

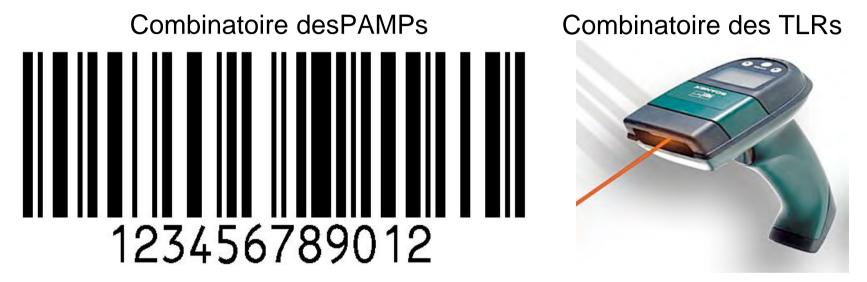
La réalité est plus complexe. Nécessité de préciser le paradigme..



Structure du lipide A, habitat bactérien

Peut-on néanmoins continuer à considérer que les PRRs bona fide sont capables de discriminer entre commensaux et pathogènes.

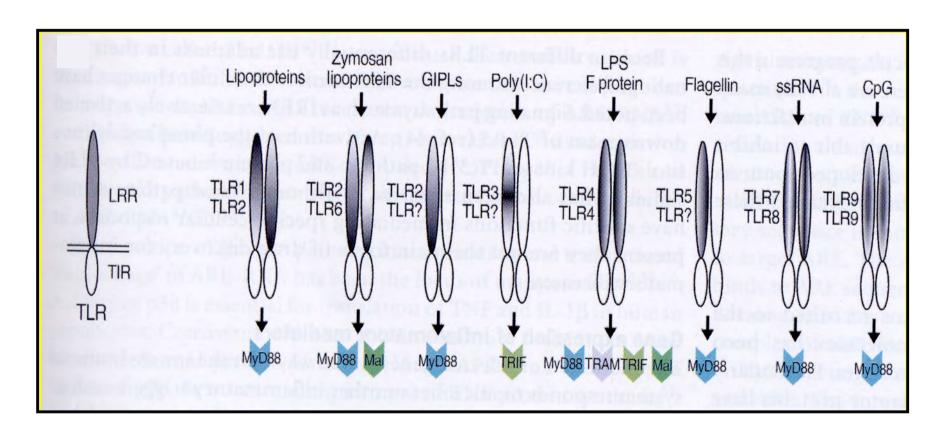
La théorie du « code à barre » (Aderem A. 2003.J.Infect.Dis., 187 Suppl.2:S340-S345)



La reconnaissance des pathogènes n'est pas univoque (TLR4-LPS, par exemple), c'est la reconnaissance mutuelle de deux combinatoires: plusieurs TLRs (y compris la formation d'hétérodimères (ex.: TLR1/TLR6) reconnaissant une combinatoire de PAMPs d'activité antagoniste différente.Le bilan va faire « émerger » les pathogènes car la résultante des vecteurs est positive en terme d'antagonisme et « couler » les commensaux car la résultante des vecteurs est négative.

Cette théorie combinatoire (qui ressemble dans une certaine mesure à la diversité observée dans la réponse adaptative, bien qu'apportée par les cellules geminales) peut être amenée à un niveau encore plus complexe si l'on considère que l'intégration différentielle des signaux suscitésest ellemême source de différenciation de réponse de la cellule hôte, donc de capacité discriminatoire supplémentaire entre les microorganismes.

# Un code combinatoire des TLRs?



... incluant aussi NLRs et C-lectines ?

### 2ème hypothèse:

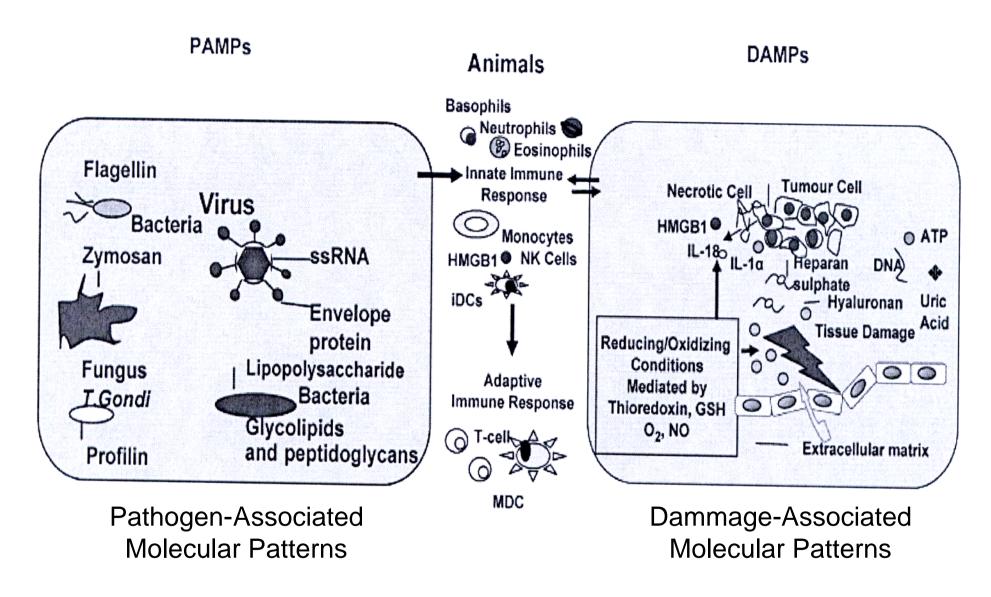
Sur ce fond de reconnaissance de molécules ou de combinatoire de molécules (PAMPs) signalant via les PRR qu'il semble difficile de considérer comme le fond de la discrimination commensaux/pathogènes, il est un aspect jusqu'à présent mal intégré dans le schéma:

les signaux associés à l'expression pathogénicité elle même.

La pathogénicité peut en effet fortement affecter les signaux de reconnaissance en engageant ce qui est plus généralement reconnu comme les signaux de danger.

#### **Deux sortes:**

- Les DAMPs = facteurs « toxiques » de l'hôte libérés pas les lésions secondaires à l'infection et eux même reconnus par des récepteurs (certains pouvant être des TLR comme héparane sulfates et TLR4)
- Les signaux émis en réponse aux structures cellulaires/organelles, voire voies de signalisation directement engagés par les pathogènes.



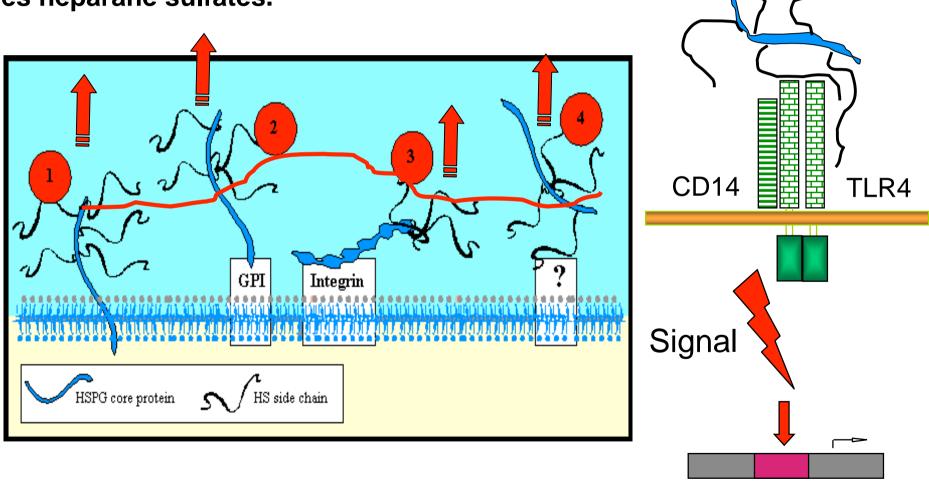
« Théorie du danger » de Poly Matzinger...

# Héparane Sulfates: substituts endogènes au LPS?

Le clivage protéolytique des composants matriciels par les protéases activées/libérées en réponse à l'activation et à la souffrance cellulaire

entraine la libérations d'agonistes des TLRs comme

les héparane sulfates.



#### **COMMENSAUX**

Absence (limitation) de facteurs de virulence PAMPs moins agonistes (généralisable ?) Séquestration, faible activité des TLRs Vie en biofilms sur la surface du mucus Diffusion contrôlée et échantillonnage des PAMPs et de molécules procaryotes de signalisation

#### **PATHOGENES**

Mucinases

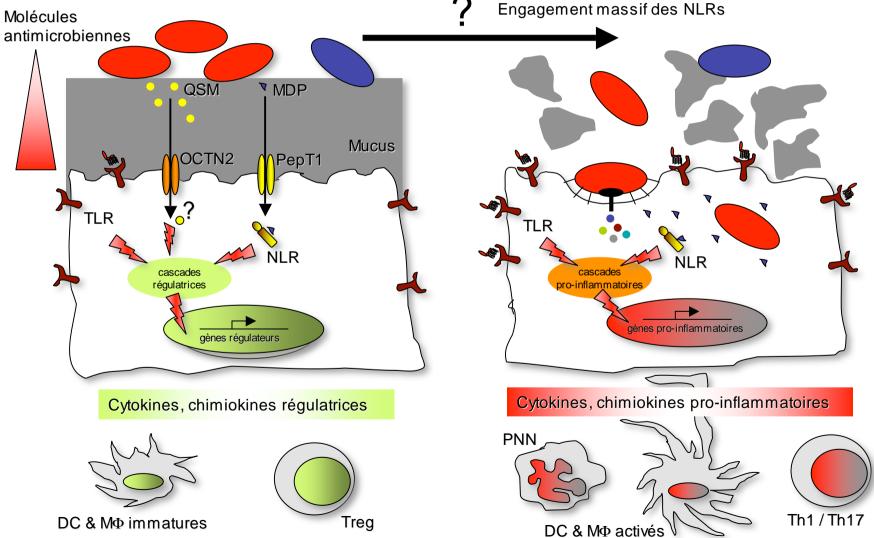
Adhésines

Invasines

Systêmes de sécrétion Type III/IV

Hémolysines

Engagement massif des TLRs



### Signaux associés à la pathogénicité

- 1 Croissance microbienne, vie/mort bactérienne, médiateurs du quorum sensing (reflétant la densité de la communauté microbienne à laquelle la cellule/le tissu sont confrontés).
- 2 Accès microbien aux surfaces, colonisation/adhérence
  - Augmentation de la concentration de PAMPs perçue
  - Signalisation induite par le processus d'adhérence
- 3 Introduction de PAMPs dans le cytoplasme cellulaire
- 4 Altération des membranes cellulaires/double signal
- 5 Entrée des microorganismes dans les cellules

1 - Croissance microbienne, vie/mort bactérienne, médiateurs du Quorum Sensing (reflétant la densité de la communauté microbienne à laquelle la cellule/le tissu sont confrontés).

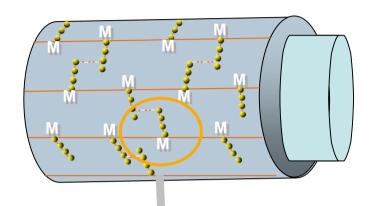
#### Molécules candidates pour alerter sur la croissance bactérienne:

- Fragments de recyclage du PGN (muramyl tripeptide/tétrapeptide)
- Autoinducteurs du Quorum Sensing (homosérine lactones)
- Pyrophosphates bactériens (HMB-PP, Hintz M et coll. 2001. FEBS Lett., 509:317-322)
- c-di-GMP (Karaolis DK et coll. 2007. J.Immunol., 178:2171-2181)

#### Molécules candidates pour alerter sur la mort bactérienne:

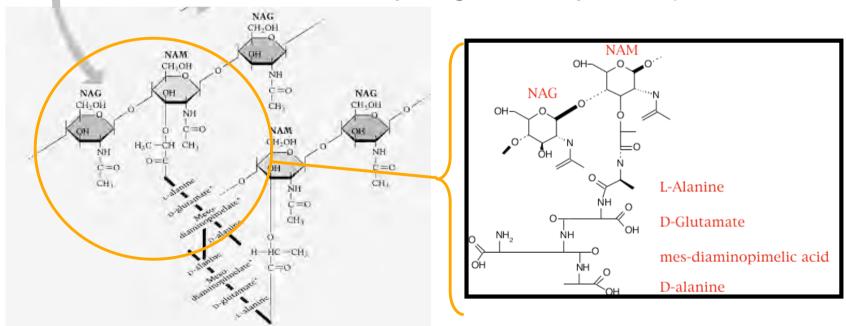
Grosses macromolécules libérées lors de la lyse bactérienne (ADN et ARN)

### Organisation du peptidoglycane chez les bactéries à Gram -



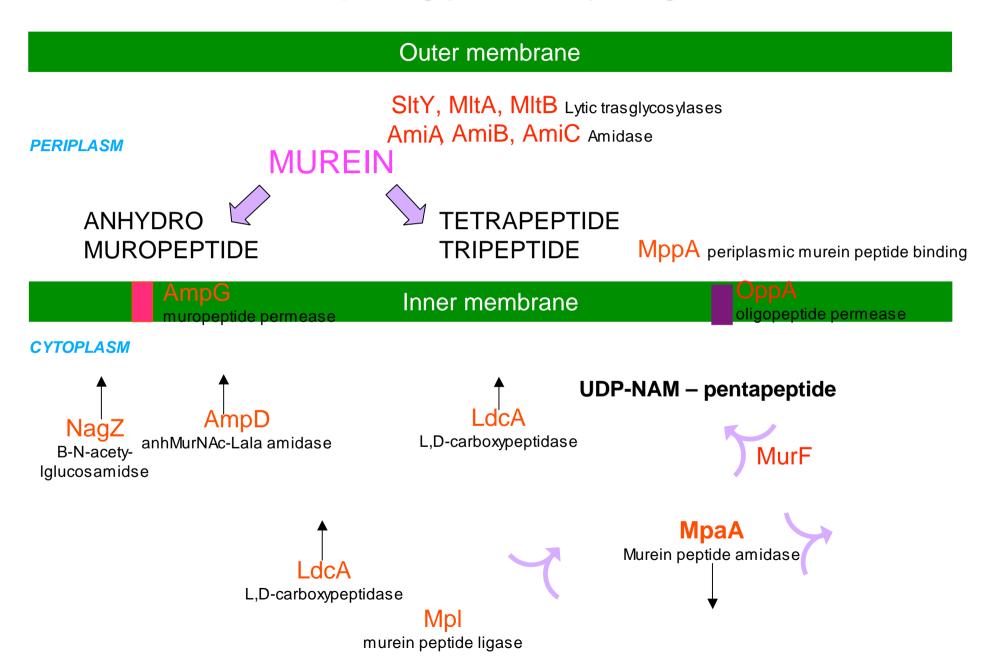
Tous les muropeptides ne sont pas liés de manière covalente chez les G- (de 30 à 70 % peut être libre à un moment donné contrairement aux G+

Transglycosydase lytique assurant un recyclage très dynamique



Nigro G et coll. 2008. Cell.Microbiol., 10:682-695

### **Peptidoglycan Recycling**

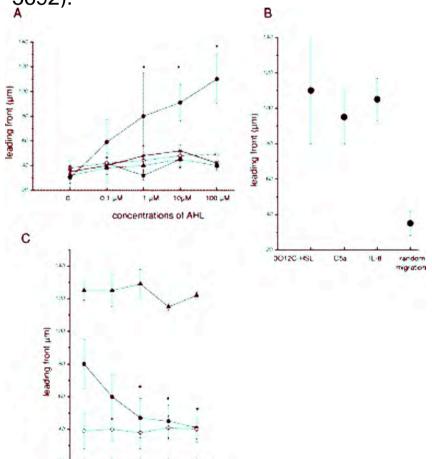


### Molécules autoinductrices du Quorum Sensing

La N-(3-oxododecanoyl)-L-homosérine lactone est une molécule chimioattractante pour les polynucléaires neutrophiles

(Zimmermann S et coll. 2006. Infect.Immun., 74:5687-5692).

Compound	Source	Structure
N-(3-Oxododecanoyl)-1-homoserine lactone	Synthesized in lab	THE STATE OF THE S
N-Dodecanoyl-DI-homoscrine lactone (CAS no. 18627-38-8)	Sigma-Aldrich no. 17248 (Fluka)	THE CHARLES CH
N-(3-Oxooctanoyl)-1-homoserine lactone (CAS no. 14705-39-9)		ф. Д
N-Butyryl-Di-homoserine factone (CAS no. 98426-48-3)	Sigma-Aldrich no. 09945 (Fluka)	Сн <sub>3</sub>
2-Amino-4-butyrolactone (homoserine lactone) (CAS no. 2185-02-6)	Sigma-Aldrich no. H7890 (Sigma)	NH <sub>2</sub>



3012C-HSL

La N-(3-oxododecanoyl)-L-homosérine lactone est une molécule chimioattractante pour les polynucléaires neutrophiles (Zimmermann S et coll. 2006. Infect.Immun., 74:5687-5692).

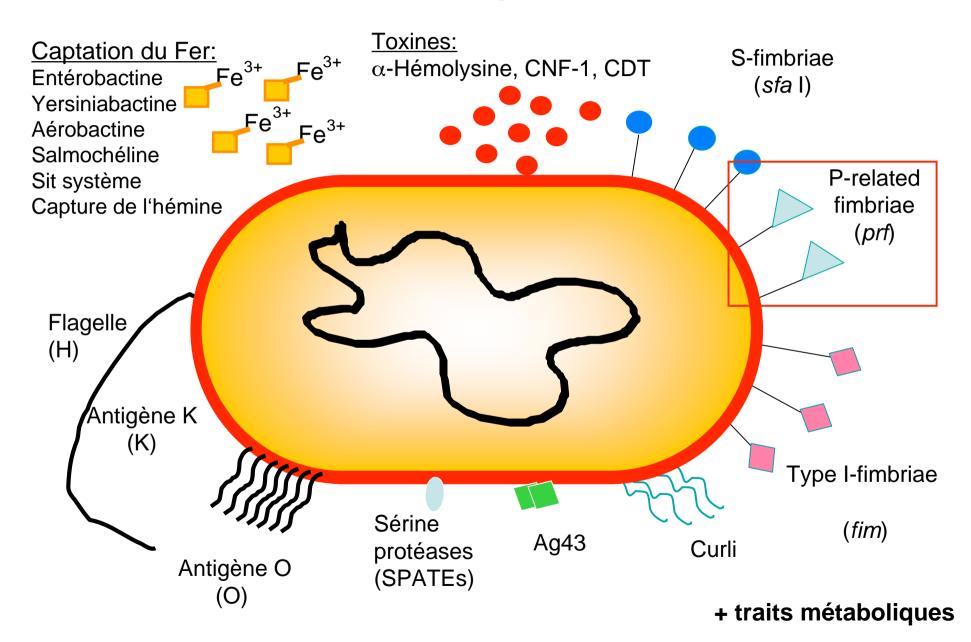
La N-(3-oxododecanoyl)-L-homosérine lactone est un puissant inducteur de la transcription et de l'expression de l'IL-8 par des fibroblastes et des cellules épithéliales (Smith RS et coll., 2001, J.Immunol., 167:366-374)

La N-(3-oxododecanoyl)-L-homosérine lactone exerce un effet cytotoxique sur les macrophages et les leucocytes polynucléaires neutrophiles (Tateda et coll. 2003. Infect.Immun., 5785-5793)

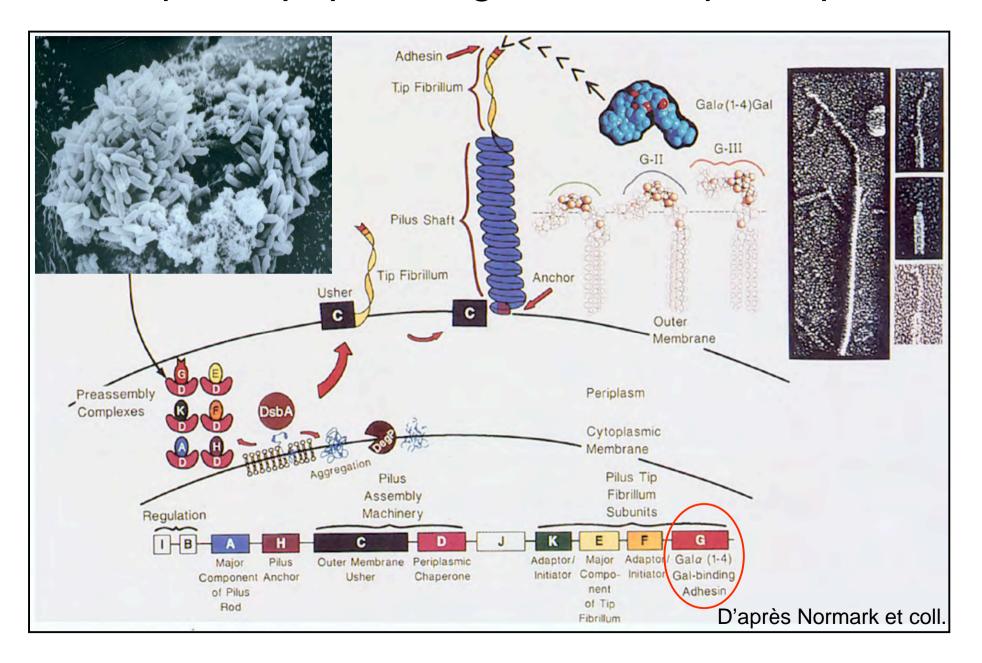
La N-(3-oxododecanoyl)-L-homosérine lactone active la phosphorylation de P38 et elF2a, induit une distension des mitochondries et du reticulum endoplasmique. Cet effet estindépendant de TLR, Nod1 et Nod2 (Kravchenko VV et coll.2006. J.Biol.Chem., 281:28822-28830)

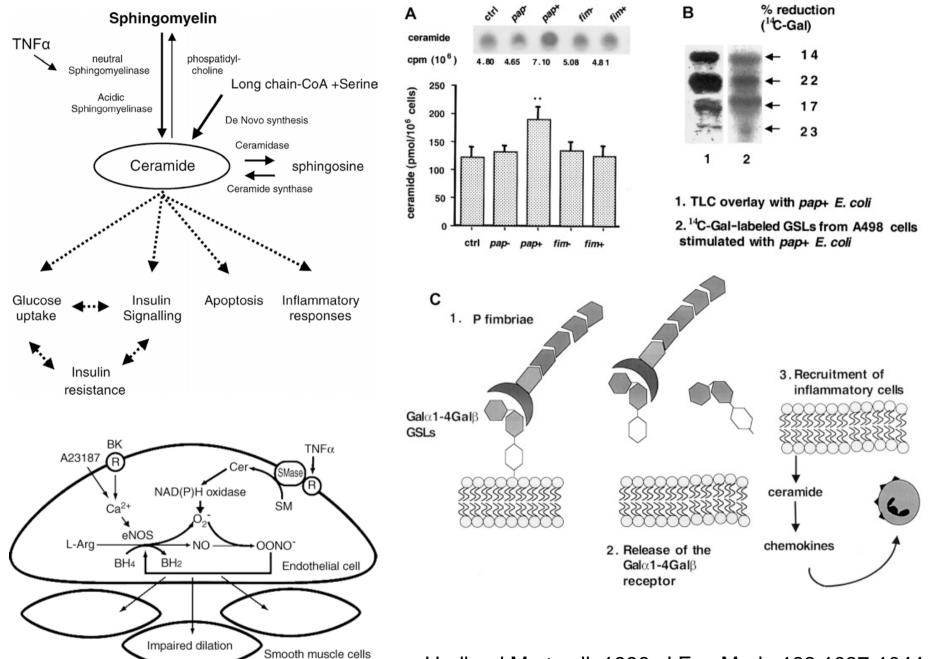
- 2 Accès microbien aux surfaces, colonisation/adhérence
  - Augmentation de la concentration de PAMPs perçue
  - Signalisation induite par le processus d'adhérence

### Facteurs de pathogénicité des UPEC

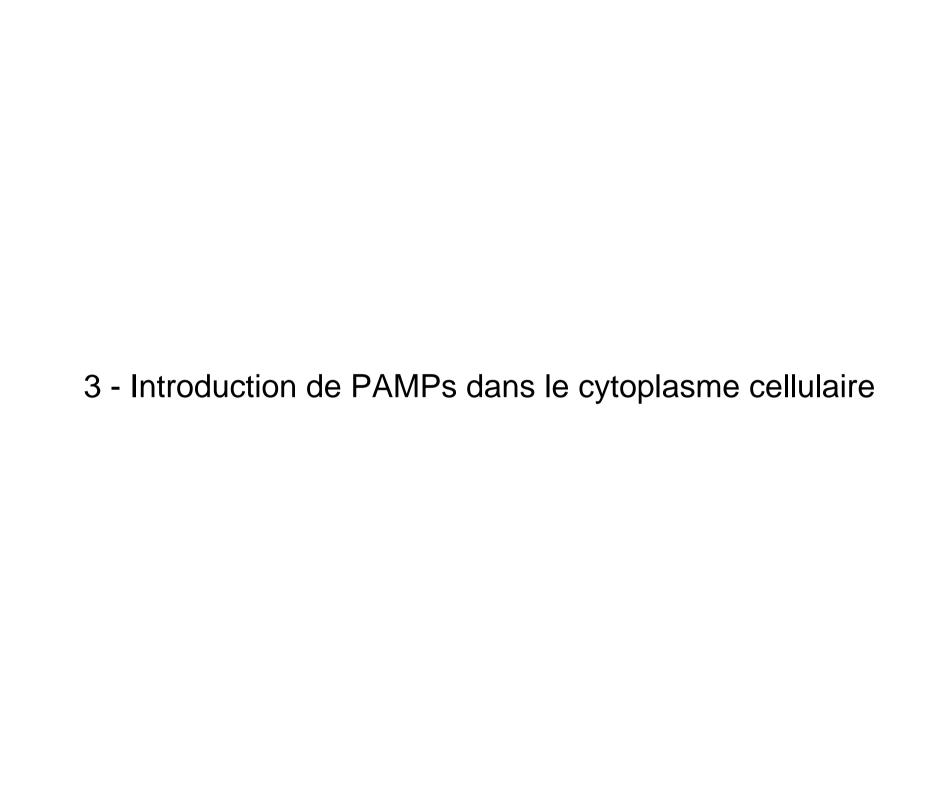


## Opéron pap et biogénèse des pili Pap

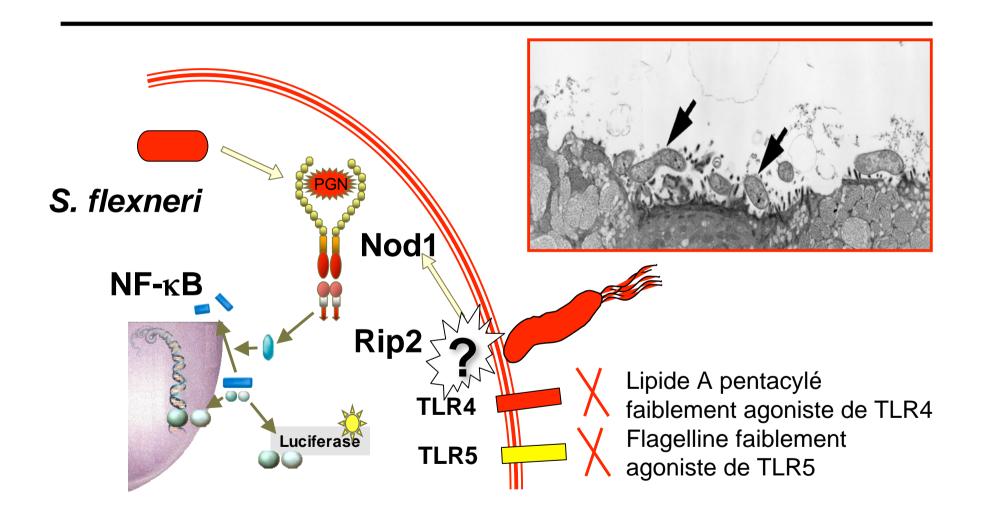




Hedlund M et coll. 1996. J.Exp.Med., 183:1037-1044 Hedlund M et coll. 2002. Mol.Microbiol., 29:1297-1306



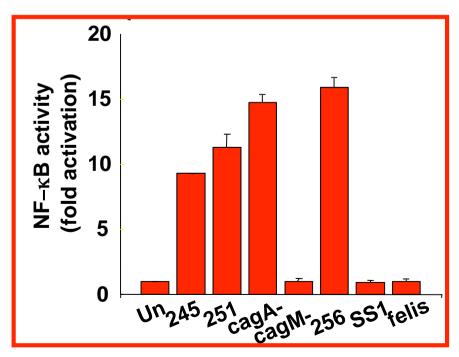
# Helicobacter pylori

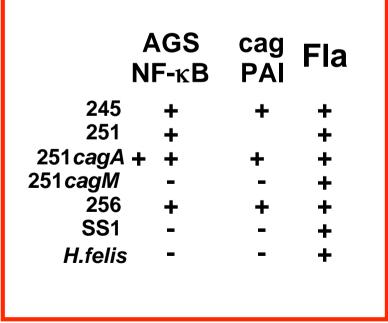


Viala J et coll. 2004. Nature Immunol., 5:1166-

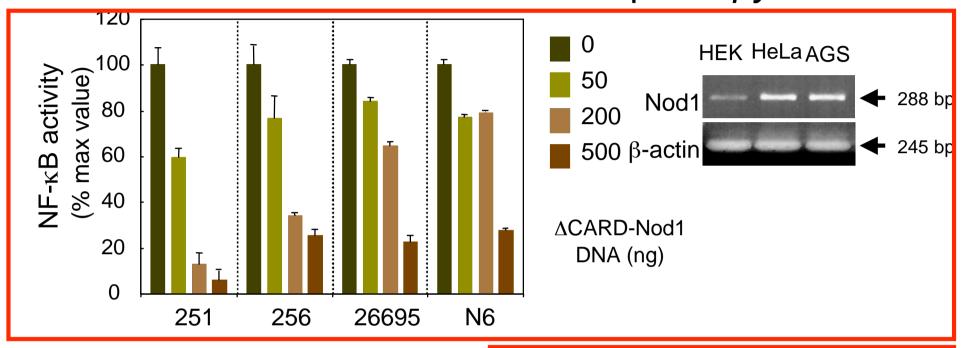
# L'activation de NF-KB dépend de l'appareil de sécrétion de type IV mais est indépendant de CagA et de la flagelline

**HEK293** TLR2-, TLR5+

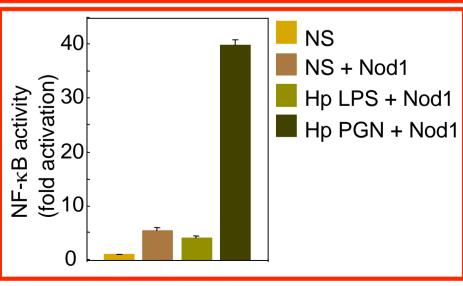


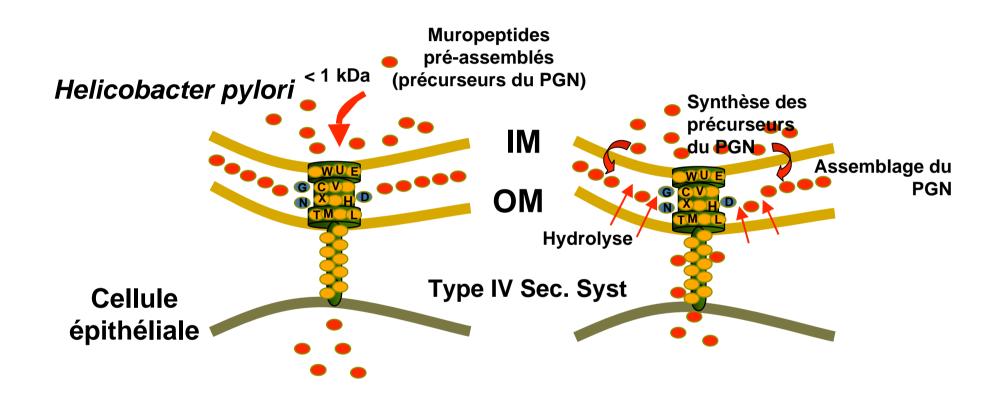


# Nod1 dominant-negatif (ΔCARD) inhibe l'activation de NF-κB au cours de l'infection par *H.pylori*



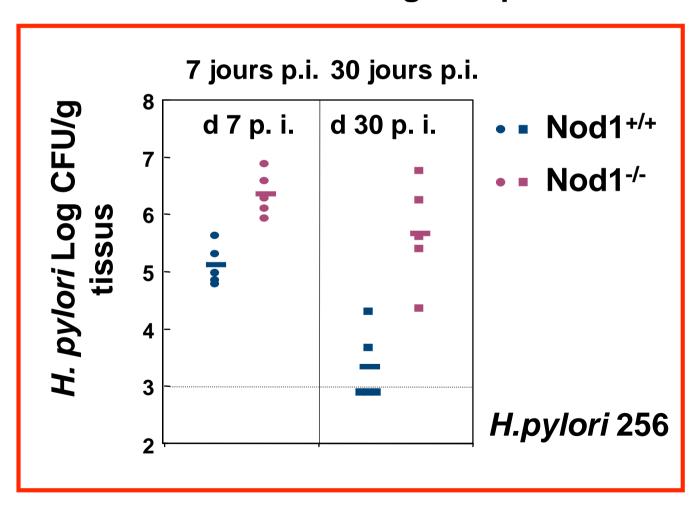
Nod1 reconnait le PGN d' *H.pylori* introduit dans les cellules

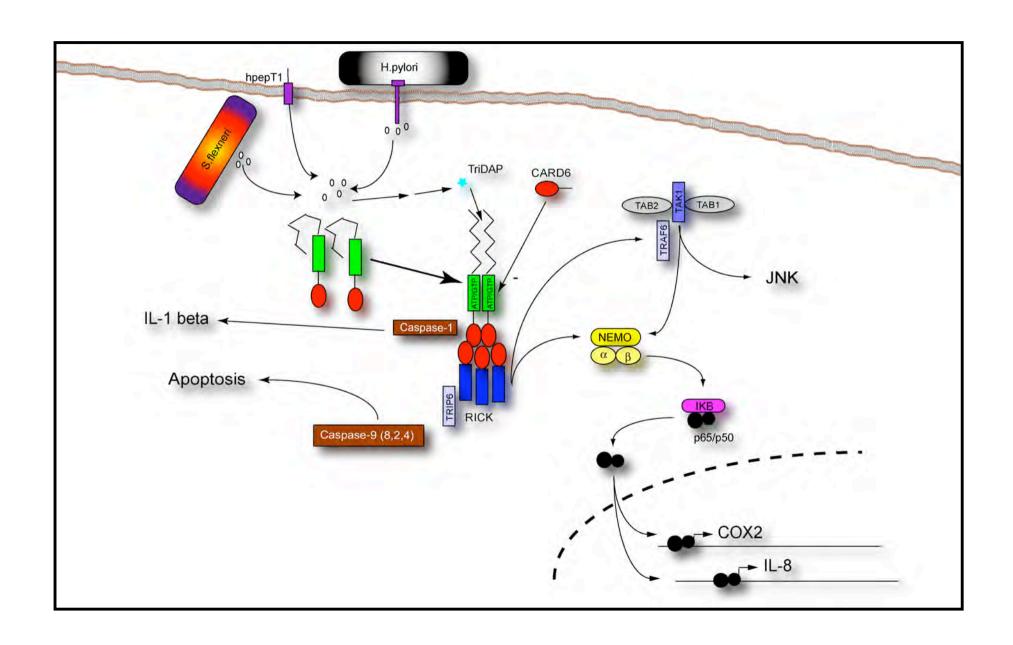


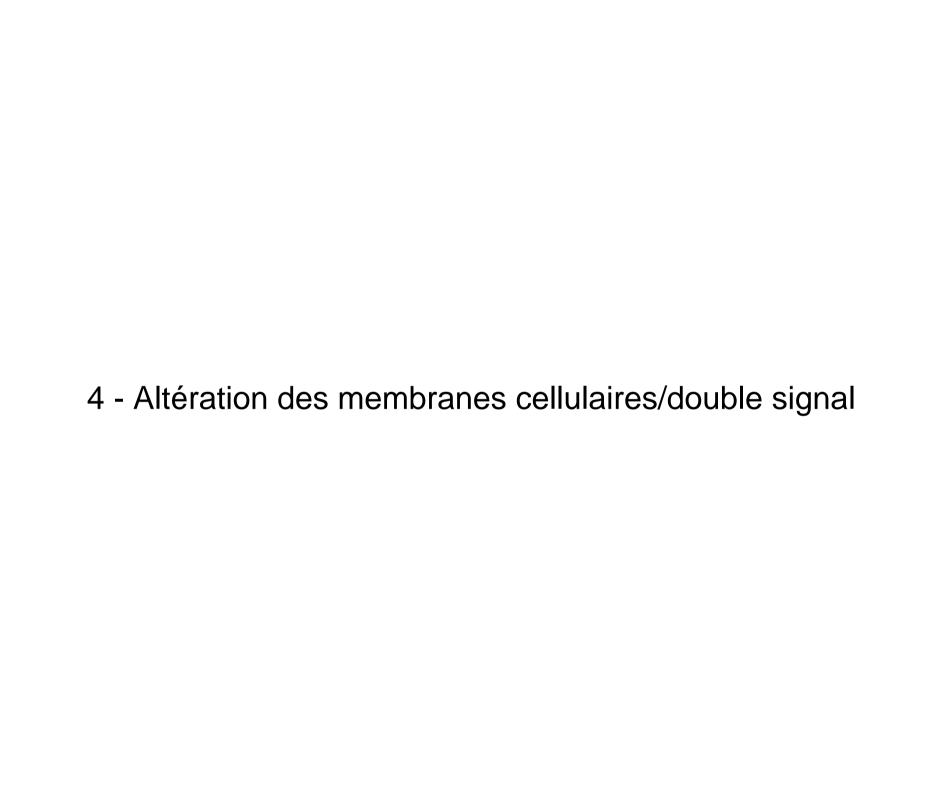


### Rôle de la perception Nod1-dépendante de *H. pylori in vivo* Les souris Nod1-déficientes sont plus sensibles à l'infection

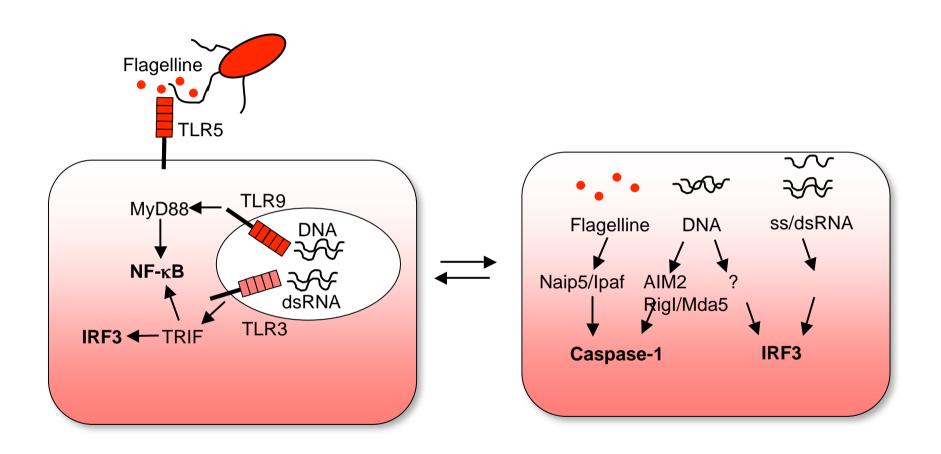
### **Colonisation gastrique**





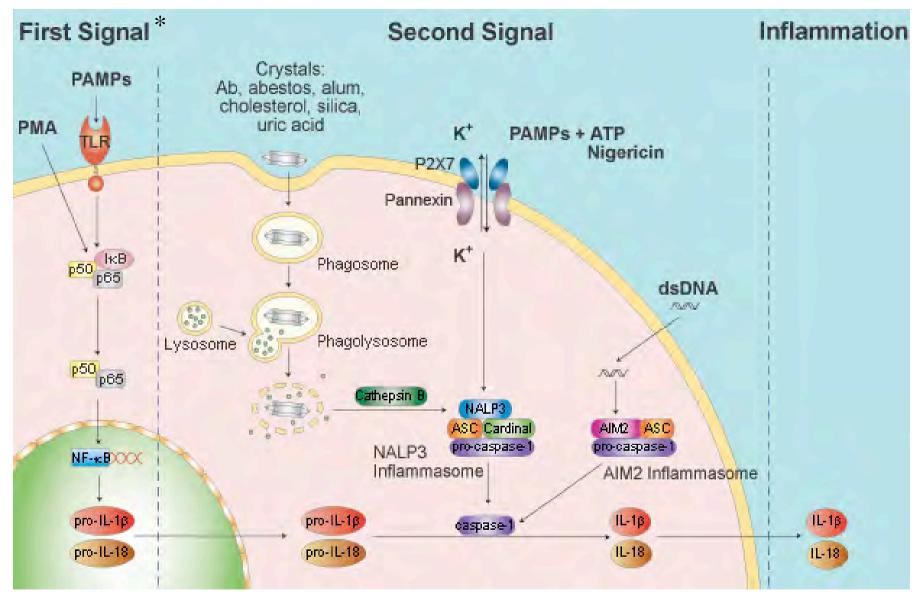


### Reconnaissance duale des PAMPs



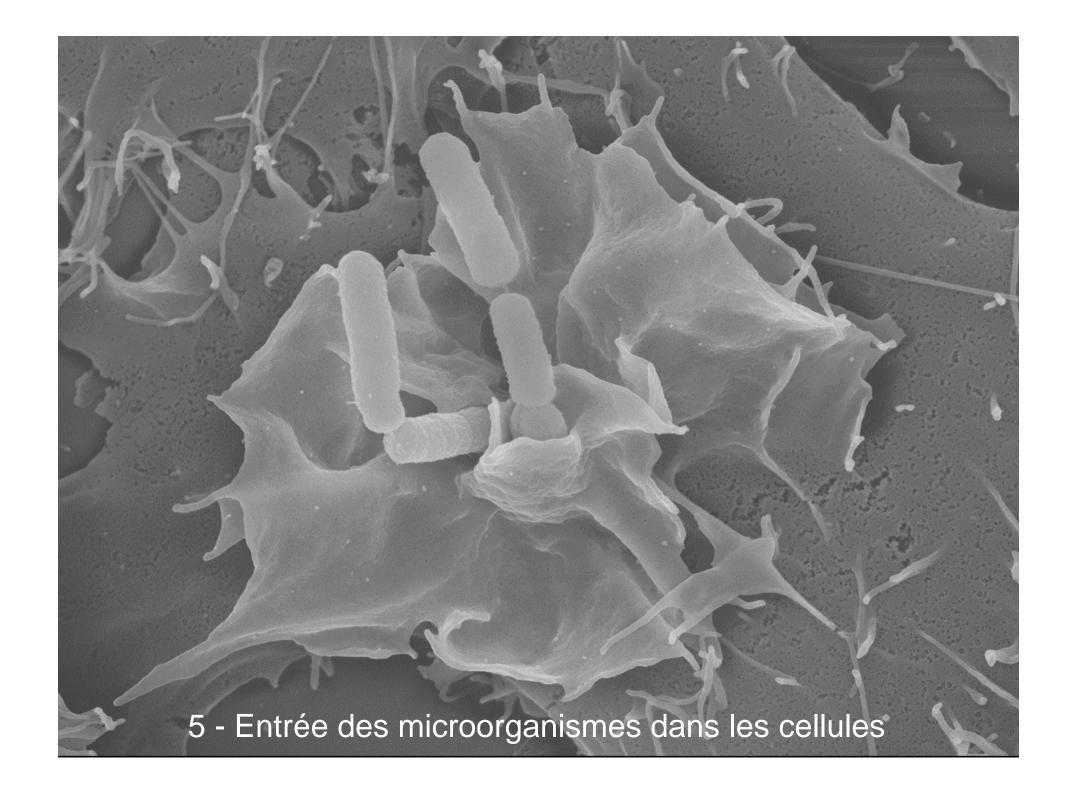
Ligands/PAMPs extracellulaires

Ligands/PAMPs cytosoliques

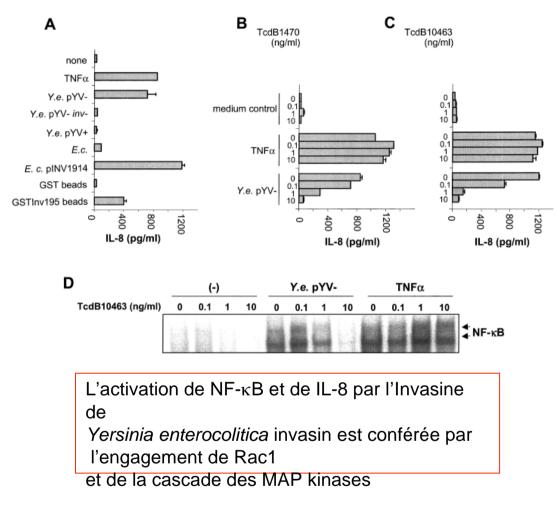


\*Le premier signal peut aussi être médié par Nod1/2

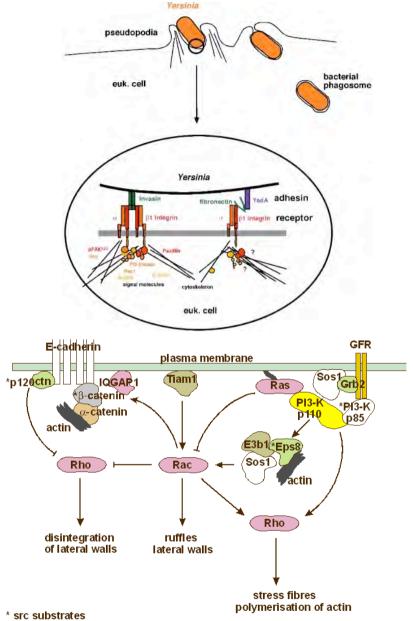
Gurcel L et coll. 2006. Cell, 126:1135-1145 Martinon F, Mayor A, Tschopp J. 2009. Ann.Rev.Immunol., 27:229-265



#### Grassi GA et coll., 2003. Cell.Microbiol., 5:957-971

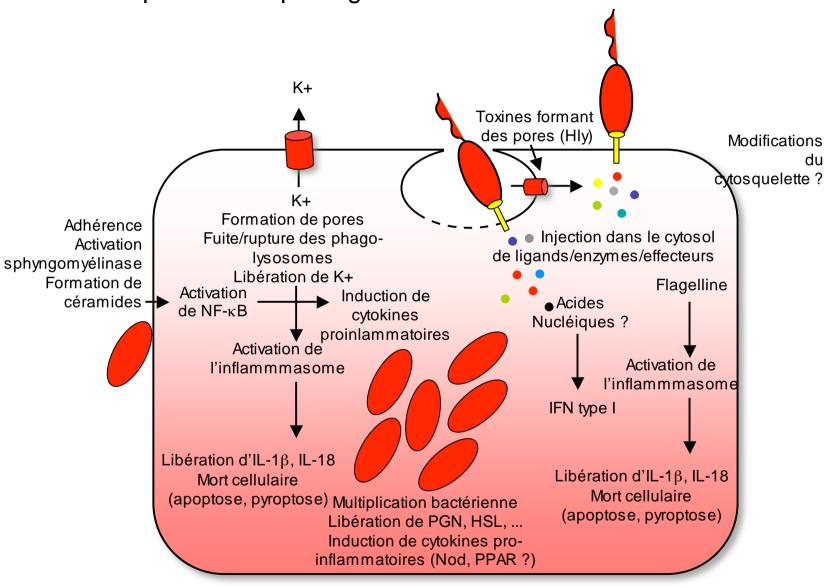


Hobert ME, Sands KA, Mrsny RJ, Madara JL.2002. J Biol Chem. 2002 Dec 27;277(52):51025-51032

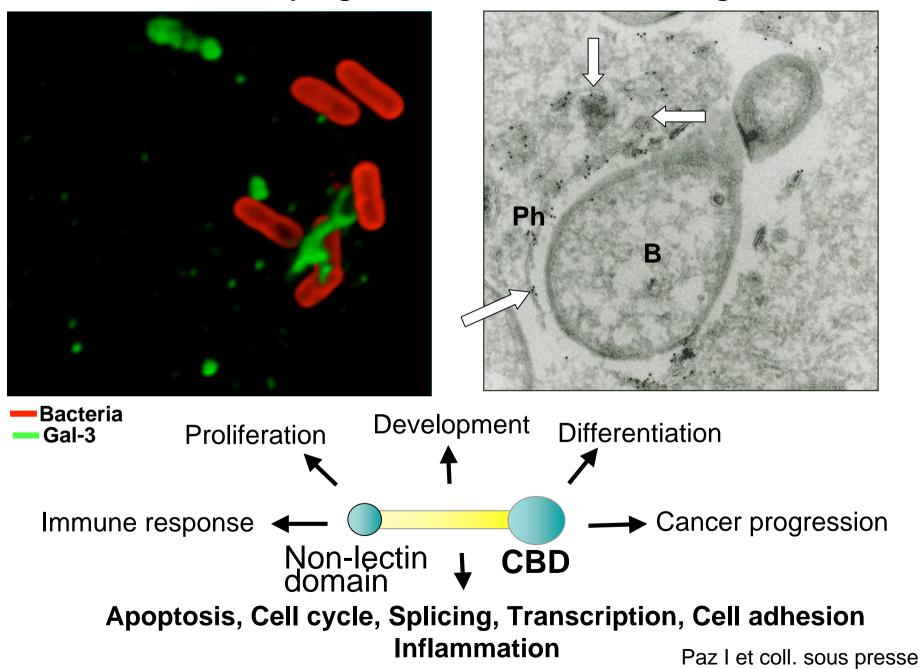


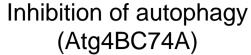
Cdc42 and Rac1 regulate late events in *Salmonella typhimurium* induced interleukin-8 secretion from polarized epithelial cells.

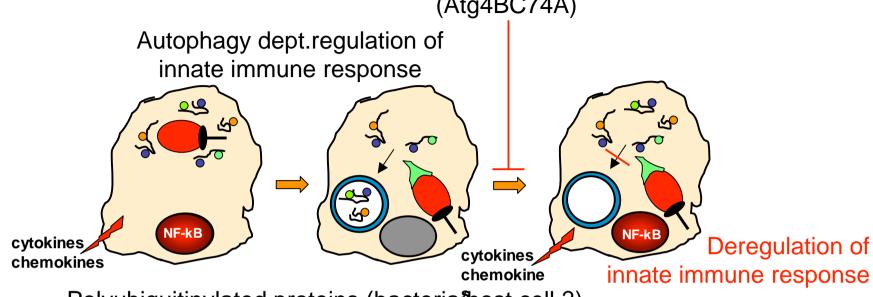
### Propriétés des pathogènes amenant à leur discrimination



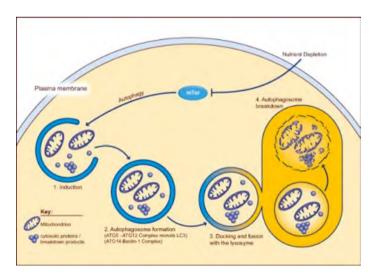
Gal-3 localizes to the phagosomal membrane and fusing structures







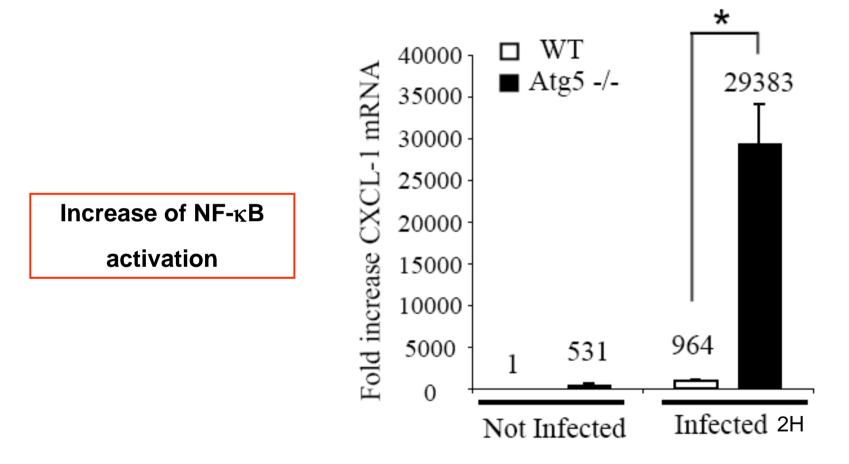
- Polyubiquitinylated proteins (bacteria/host cell ?)
- Recruitment of pro-inflammatory signaling platform (TRAF6-Ub, NEMO) Recruitment of Autophagy, Sequestosome proteins (LC3, P62)
  - Preliminary evidence for recruitment of inflammasome at membrane remnants (Nalp3, IpaF, ASC, Caspase 1)
  - Nod ?, Muropeptides transfer ?



Autophagy

# Participitation of membrane remnants in NF-κB response to pathogen invasion in MEF cells

(autophagy-dependent modulation of the inflammatory response)



Membrane remnants: pro-inflammatory signaling platform upon *Shigella* invasion. To be checked with Nod/PGN-mediated signaling.