

Conférence plénière

Diversité des toxines peptidiques des venins de fourmis

Axel TOUCHARD

Laboratoire de Biochimie et Toxicologie des Substances Bioactives, INU Champollion, Albi, France

Les fourmis, avec plus de 13.000 espèces, représentent l'un des groupes d'organismes venimeux les plus diversifiés de la planète (diversité spécifique supérieure aux serpents, scorpions et conidae réunis). Leur vie sociale leur confère une forte abondance, de sorte qu'elles dominent presque tous les environnements terrestres. Malgré cette omniprésence, la composition de leur venin, et en particulier les peptides, reste peu étudiée et très peu de caractérisations structurales et pharmacologiques sur des toxines isolées ont été effectuées à ce jour. Mes travaux précédents effectués sur un panel de fourmis néotropicales, européennes et australiennes ont montré que les peptides représentent pourtant la classe prédominante de toxines rencontrées, et ceci est particulièrement le cas pour les venins des sous-familles Ponerinae, Ectatomminae, Myrmeciinae, Pseudomyrmecinae, Dorylinae, Paraponerinae, Amblyoponinae et Myrmicinae. De plus, la composition peptidique des venins est strictement spécifique, permettant ainsi d'identifier facilement et rapidement les espèces de fourmis bien que des variations de composition des venins semblent être expliquées par la provenance géographique des colonies. Cette étude extensive des peptides réalisée dans les venins de plus 100 espèces de fourmis a également révélé l'importante diversité structurale de ces toxines. Ces recherches m'ont ainsi permis de décrire une nouvelle famille structurale de toxines encore jamais décrite dans un venin animal, et d'entrevoir le potentiel applicatif de ces peptides pour le développement de molécules à visées thérapeutiques et insecticides.

Le faible nombre d'études effectuées sur les venins de fourmis est en partie attribuable à leur petite taille et donc à la faible quantité de venin récoltable. Récemment, les avancées technologiques dans le domaine de la biochimie analytique ainsi que l'avènement du séquençage nouvelle génération permettent désormais de contourner les problèmes inhérents aux faibles quantités de venin. L'approche intégrative dite « vénomique », qui combine des données issues d'analyses protéomique et transcriptomique, s'est en effet révélée très pertinente pour explorer la composition des venins des petits organismes venimeux. Cette approche « venomics » m'a permis de décrire en détail la diversité moléculaire des peptidomes des venins des fourmis *Tetramorium bicarinatum* et *Manica rubida*. La comparaison de ces venins a révélé des stratégies biochimiques différentes utilisées par ces deux espèces pour capturer les proies et pour se défendre contre les prédateurs. Dans un future proche, l'application de la méthodologie « venomics » à diverses espèces de fourmis appartenant à différentes sous-familles nous permettra d'avoir une vision globale de la diversification des venins chez les fourmis en lien avec l'écologie et la phylogénie.