**ProjetM2 : Protéine plate-forme, phosphorylation et sporulation chez *Bacillus cereus***

**Equipe SporAlim, Unité SQPOV, INRAE Avignon**

**Responsable:** Sandrine Poncet, CR-HC, INRAE (sandrine.poncet-mouturat@inrae.fr)

*Bacillus cereus* est une bactérie à Gram+ sporulante appartenant au groupe des firmicutes. De par son abondance dans le sol et la résistance des spores, *B. cereus* peut contaminer pratiquement toutes les catégories d’aliments. Cette contamination peut également se produire pendant la transformation des matrices alimentaires, du fait de la persistance des spores sur les surfaces des équipements, et leur capacité d’adhésion conduisant à la formation de biofilms. Après ingestion d’aliments contaminés,les spores de *B. cereus* germent et peuventprovoquer des toxi-infections alimentaires (TIAC) ou bien à des altérations de produits, sources de pertes et de gaspillage alimentaire. La sporulation est un programme complexe de différenciation rigoureusement programmé, dans le temps et dans l’espace, via l’activation en cascade de facteurs sigma spécifiques. Plusieurs étapes successives vont permettre la formation de la préspore et aboutir au relargage, après lyse de la cellule mère, d’une spore mature : englobement de la préspore, synthèse du cortex et des manteaux de la spore qui confèrent à la spore sa résistance extrême. Chez *B. cereus*, la spore est protégée par une enveloppe protéique fibreuse externe, l’exosporium. La transition entre la cellule végétative en division et la sporulation est contrôlée par le régulateur transcriptionnel majeur Spo0A qui, chez *Bacillus subtilis* (bactérie modèle des firmicutes sporulants), contrôle l’expression de plus de 500 gènes (Molle *et al*, 2003). La protéine Spo0M est un régulateur de la sporulation qui contrôle notamment Spo0A via un mécanisme non élucidé. Spo0M possède une structure 3D similaire à celle des arrestines, protéines plateformes de mammifères impliquées dans certaines cascades de régulation (Sonoda *et al.*, 2015). Spo0M joue en outre un rôle multifonctionnel et serait capable d’interagir avec plusieurs partenaires protéiques exprimés pendant la sporulation (Vega-Cabrera *et al*, 2018).

Nous avons identifié chez *B. cereus* une ser/thr protéine kinase de type eucaryote (Hanks, S. K. & Hunter, 1995), YbdM. Les gène*s ybdM et spo0M* sont exprimés en phase précoce de sporulation. Nous avons démontré *in vitro* que YbdM phosphoryle Spo0M.

Le (la) candidat(e) retenu(e) sera chargé(e) de déterminer les protéines en interaction avec Spo0M via la mise au point de différentes approches biochimiques.

**Mots-clés**

*Bacillus cereus*, régulation, phosphorylation, sporulation, interactions protéine/protéine.

**Méthodologie**

L’étudiant(e) utilisera différentes techniques de biochimie (Purification de protéines, pull-down, co-immuno précipitation, tests de phosphorylation, tests d’interaction, etc…). Enfin, il (elle) se familiarisera également avec la physiologie de *Bacillus cereus*, en particulier la production de spores, forme majeure de la contamination.