

APPEL A PROJETS DE THÈSE 2026 CONCOURS DE L'ED 658 – Sciences du vivant

Formulaire à compléter et déposer par les porteurs du projet de thèse HDR via l'adresse mail suivante :

ed658@univ-amu.fr OU/ET romane.haddadi@univ-amu.fr

MERCI DE METTRE EN SUJET DU MAIL : Concours ED 658 2026 porteur de projet

Ces dossiers seront publiés pour que les candidats postulent.

au plus tard le 3 mars 2026.

INTITULÉ DU PROJET

RNA-mediated regulation of sporulation in *Bacillus subtilis*.
Régulation médiée par les ARN de la sporulation chez *Bacillus subtilis*.

1- Directrice ou directeur de thèse HDR

NOM	Galinier	Prénom	Anne
Téléphone portable	0688480408	Courriel	galinier@imm.cnrs.fr

Unité de recherche (UR) de rattachement

Code (acronyme et n°) de l'UR à AMU :	LCB UMR 7283
Nom de l'UR :	Laboratoire de Chimie Bactérienne

Directrice ou directeur de l'UR

Nom	Magalon	Prénom	Axel
-----	---------	--------	------

2- Codirectrice ou codirecteur de thèse, le cas échéant

NOM	Delan-Forino	Prénom	Clémentine
Téléphone portable	0781263936	Courriel	Cdelan-forino@im.cnrs.fr

Unité de recherche (UR) de rattachement

Code (acronyme et n°) de l'UR à AMU :	LCB UMR 7283
Nom de l'UR :	Laboratoire de Chimie Bactérienne

Directrice ou directeur de l'UR

Nom	Magalon	Prénom	Axel
-----	---------	--------	------

SPECIALITE : (Rayer les mentions inutiles)

Bio-informatique et Génomique / Biochimie Structurale / ~~Biologie du Cancer~~ / ~~Biologie du Développement~~ / ~~Biologie Végétale~~ / ~~Biotechnologie~~ / ~~Immunologie~~ / Microbiologie et interactions hôte-pathogènes / ~~Neurosciences~~

SOUS JURY POUR LE CONCOURS : (Rayer les mentions inutiles)

JURY 1 : BIOLOGIE CELLULAIRE

JURY 2 : MICROBIOLOGIE – GENOMIQUE

~~JURY 3 : NEURSCIENCE~~

APPEL A PROJETS DE THÈSE 2026 CONCOURS DE L'ED 658 – Sciences du vivant

Description de la problématique de recherche

Les bactéries s'adaptent en permanence aux variations de leur environnement grâce à des réseaux de régulation complexes. En conditions de carence nutritive, *Bacillus subtilis* entre en sporulation, un processus en plusieurs étapes aboutissant à la formation de spores dormantes hautement résistantes, protégées par plusieurs couches. Si la régulation globale de la sporulation est bien décrite, la régulation post-transcriptionnelle demeure encore largement méconnue chez *B. subtilis* et plus généralement chez les bactéries à Gram positif. Cette régulation, médiée par des complexes associant ARN régulateurs et protéines liant l'ARN (RNA-binding proteins, RBPs), constitue un niveau de contrôle de l'expression génique encore insuffisamment exploré.

Nous avons récemment purifié le protéome liant l'ARN *in vivo* au cours de la sporulation de *B. subtilis* (Kaboré et al., 2025) et identifié 1 520 RBPs, dont de nouveaux régulateurs potentiels tels que les protéines conservées à domaine KH KhpA et KhpB. Des données préliminaires suggèrent que ces protéines s'associent aux ARN de manière dynamique au cours de la croissance végétative et de la sporulation, et qu'elles pourraient influencer la division cellulaire et la sporulation.

Ce projet de thèse vise à caractériser le rôle de KhpA/KhpB ainsi que d'autres RBPs candidats dans la régulation post-transcriptionnelle de la sporulation. En combinant génétique, biologie cellulaire, protéomique et approches globales d'identification des interactions ARN, le projet permettra de décrypter les réseaux ARN-protéines contrôlant la différenciation bactérienne.

Project description

Bacteria constantly adapt to changing environments through complex regulatory networks. Under nutrient limitation, *Bacillus subtilis*, undergoes sporulation, a multistage developmental process producing highly resistant dormant spores protected by multiple layers. While global regulation during sporulation is well documented, post-transcriptional regulation remain poorly understood in *Bs* and gram-positive bacteria in general. This regulation, mediated by complexes of regulatory RNAs and RNA-binding proteins (RBPs), represents an underexplored layer of gene control.

We recently purified the *in vivo* RNA-binding proteome during *B. subtilis* sporulation (Kaboré et al, 2025) and identified 1,520 RBPs including novel candidate regulators, such as the conserved KH-domain proteins KhpA and KhpB. Preliminary data suggest that these proteins associate with RNA dynamically during vegetative growth and sporulation and may influence cell division and sporulation.

This PhD project aims to characterize the role of KhpA/KhpB and additional candidate RBPs in the post-transcriptional regulation of sporulation. By combining genetics, cell biology, proteomics, and RNA interaction mapping, the project will uncover regulatory RNA-protein networks controlling bacterial differentiation.

APPEL A PROJETS DE THÈSE 2026
CONCOURS DE L'ED 658 – Sciences du vivant

Mots clés

Protéines liant l'ARN, *Bacillus subtilis*, post-transcriptional regulation, sporulation, adaptation, crosslink UV, approches globales

Keywords

RNA binding proteins, *Bacillus subtilis*, régulation post-transcriptionnelle, sporulation, adaptation, UV crosslinking, high-throughput *in vivo* approaches

Thématique / Domaine / Contexte

Ce projet se situe à l'interface de la microbiologie moléculaire et de la biologie des ARN, avec un focus sur la régulation post-transcriptionnelle chez les bactéries à Gram positif. Il explore la manière dont les protéines liant l'ARN modulent l'expression génique au cours de la sporulation chez *Bacillus subtilis*, organisme modèle de la différenciation bactérienne. En analysant les réseaux d'interactions ARN–protéines et ARN–ARN, ce travail aborde des questions fondamentales sur l'adaptation bactérienne aux stress environnementaux via des mécanismes de régulation médiés par l'ARN.

Theme / Field / Context

This project is at the interface of molecular microbiology and RNA biology, focusing on post-transcriptional regulation in Gram-positive bacteria. It investigates how RNA-binding proteins shape gene expression during sporulation in *Bacillus subtilis*, a model system for bacterial differentiation. By exploring RNA–protein and RNA–RNA interaction networks, the project addresses fundamental questions about how bacteria adapt to environmental stress through RNA-mediated regulatory mechanisms.

APPEL A PROJETS DE THÈSE 2026 CONCOURS DE L'ED 658 – Sciences du vivant

Objectifs

L'objectif général est de décrypter les mécanismes de régulation post-transcriptionnelle gouvernant la sporulation chez *Bacillus subtilis*, en mettant l'accent sur les protéines liant l'ARN.

Objectifs spécifiques :

1. **Définir le rôle de RBPs sélectionnées (KhpA/KhpB et un autre candidat) dans la sporulation**
 - Déterminer leur contribution à l'efficacité, à la cinétique et à la morphologie cellulaire au cours de la sporulation.
 - Analyser leur dynamique de localisation subcellulaire durant la progression du développement.
2. **Identifier les réseaux d'interactions protéiques des RBPs sélectionnées**
 - Caractériser leurs partenaires protéiques en croissance végétative et en sporulation.
 - Déterminer si ces interactions sont dépendantes de l'ARN et/ou régulées au cours du processus d'adaptation.
3. **Cartographier les ARN cibles et les circuits régulateurs actifs pendant la sporulation**
 - Identifier les ARN associés aux RBPs sélectionnées.
 - Caractériser les interactions sRNA-ARNm potentiellement impliquées dans le contrôle de la sporulation.
 - Valider les cibles régulatrices clés influençant l'issue de la sporulation.

Objectives

The overall objective is to decipher post-transcriptional regulatory mechanisms governing sporulation in *Bacillus subtilis*, with a focus on RNA-binding proteins.

Specific aims are:

1. **Define the role of selected RBPs (KhpA/KhpB and another candidate) in sporulation**
 - Determine their contribution to sporulation efficiency, timing, and cell morphology.
 - Analyze their subcellular localization dynamics during developmental progression.
2. **Identify protein interaction networks of selected RBPs**
 - Characterize protein partners during vegetative growth and sporulation.
 - Determine whether interactions are RNA-dependent and developmentally regulated.
3. **Map RNA targets active during sporulation**
 - Identify RNAs bound by selected RBPs.
 - Characterize sRNA-mRNA interactions potentially involved in adaptation.
 - Validate key regulatory targets influencing sporulation outcomes.

APPEL A PROJETS DE THÈSE 2026 CONCOURS DE L'ED 658 – Sciences du vivant

Méthode

Le projet combinera des approches complémentaires :

- **Analyses génétiques et phénotypiques** : construction de souches délétées et marquées ; mesure de la croissance, de l'efficacité de sporulation et de la qualité des spores ; microscopie en contraste de phase et fluorescence avec analyse quantitative d'images.
- **Interactome basé sur la protéomique** : purification in vivo (pull-down) de RBPs marquées suivie d'analyses LC-MS afin d'identifier les partenaires protéiques, avec contrôles par RNase pour évaluer la dépendance à l'ARN. Analyse des données.
- **Cartographie des interactions ARN** : approches à haut débit basées sur le cross-linking UV (type CLASH/CRAC) pour identifier les ARN cibles. Analyses bioinformatiques et essais rapporteurs pour valider les cibles fonctionnellement pertinentes.

Method

The project will combine complementary approaches:

- **Genetics and phenotypic analyses**: Construction of deletion and tagged strains; measurement of growth, sporulation efficiency, and spore quality; phase-contrast and fluorescence microscopy with quantitative image analysis.
- **Proteomics-based interactome**: In vivo pull-down of tagged RBPs followed by LC-MS to identify protein partners, with RNase controls to assess RNA dependency. Data analysis.
- **RNA interaction mapping**: UV cross-linking high-throughput approach (e.g., CLASH/CRAC-type approaches) to identify RNA targets. Bioinformatic analyses and reporter assays will validate functionally relevant targets.

Références bibliographiques

- Kaboré T., Belghazi M., Verthuy C., Galinier A. & Delan-Forino C., 2025, mSystems, 2025. DOI: 10.1128/msystems.00496-25
- Kaboré T. & Delan-Forino C., Bio-protocol, 2026, *in press*. DOI: 10.21769/BioProtoc.5622
- Zhu, Y., Ponath, F., Cosi, V., and Vogel, J. A global survey of small RNA interactors identifies KhpA and KhpB as major RNA-binding proteins in *Fusobacterium nucleatum*. 2024, Nucleic Acids Res, <https://doi.org/10.1093/nar/gkae010>.
- Riley, E.P., Schwarz, C., Derman, A.I., and Lopez-Garrido, J. Milestones in *Bacillus subtilis* sporulation research. 2021, Microb Cell, <https://doi.org/10.15698/mic2021.01.739>.

**APPEL A PROJETS DE THÈSE 2026
CONCOURS DE L'ED 658 – Sciences du vivant**

Conditions scientifiques matérielles et financières du projet de recherche

- Équipe experte et équipée pour la microbiologie moléculaire et biologie des ARN
- Environnement scientifique stimulant, avec collaborations nationales et internationales
- Encadrement assuré par des chercheuses expérimentées en génétique bactérienne, protéomique, biologie des ARN, méthodes haut-débit et analyses de data
- Équipements de culture bactérienne et d'analyses phénotypiques
- Microscopes à contraste de phase et à fluorescence avec outils d'analyse d'images
- Accès aux plateformes de protéomique (LC-MS), et transcriptomique
- Budget de fonctionnement couvrant consommables et réactifs, analyses de protéomique et de séquençage et participation à des congrès. Demande d'ANR en cours.

Scientific, material, and financial conditions of the research project

- Research team specialized and fully equipped for molecular microbiology and RNA biology
- Stimulating and collaborative scientific environment with national and international partnerships
- Supervision by experienced researchers in bacterial genetics, proteomics, RNA biology, high-throughput approaches and data analysis
- Access to proteomics (LC-MS), transcriptomics platforms
- Bacterial culture facilities and phenotypic analysis equipment
- Phase-contrast and fluorescence microscopy with image analysis tools
- Operational budget covering consumables and reagents, proteomics. Waiting for ANR proposal.

APPEL A PROJETS DE THÈSE 2026 CONCOURS DE L'ED 658 – Sciences du vivant

Profil et compétences recherchées

Nous recherchons un(e) candidat(e) fortement motivé(e), avec un intérêt marqué pour la microbiologie moléculaire et la biologie des ARN.

- Master (ou équivalent) en microbiologie, biologie moléculaire, biochimie ou domaine connexe
- Solides connaissances théoriques en génétique bactérienne et en régulation de l'expression génique
- Expérience pratique en biologie moléculaire (manipulation ADN/ARN, clonage, PCR) et en microbiologie (culture bactérienne, construction de mutants)
- Expérience ou intérêt pour la biologie des ARN, les interactions ARN–protéines ou la régulation post-transcriptionnelle
- Expérience ou familiarité avec la purification protéique, la protéomique ou les approches de séquençage à haut débit
- Compétences de base en bioinformatique (analyse de séquences, outils de prédiction de cibles ARN, R ou Python)
- Expérience en microscopie à fluorescence et analyse quantitative d'images
- Rigueur scientifique et solides capacités d'analyse
- Autonomie et aptitude à concevoir et optimiser des stratégies expérimentales

Profile and skills required

We are seeking a highly motivated candidate with a strong interest in molecular microbiology and RNA biology.

- Master's degree (or equivalent) in Microbiology, Molecular Biology, Biochemistry, or related field
- Solid theoretical knowledge in bacterial genetics and gene expression regulation
- Practical experience in molecular biology techniques (DNA/RNA manipulation, cloning, PCR) and microbiology (bacterial culture, mutant construction)
- Experience/Familiarity with RNA biology, RNA–protein interactions, or post-transcriptional regulation
- Experience/Familiarity with protein purification, proteomics, or high-throughput sequencing approaches
- Basic bioinformatics skills (sequence analysis, RNA target prediction tools, R or Python)
- Experience with fluorescence microscopy and quantitative image analysis
- Scientific rigor and strong analytical skills
- Autonomy and ability to design and troubleshoot experiments