

Génération de biofilms par *B. subtilis*

Le réseau de gènes et les états de fonctionnement de la bactérie *Bacillus subtilis* sont étudiés depuis longtemps à l'INRA et sont maintenant bien connus. Par contre on comprend mal comment l'environnement agit sur ces états et quels contrôles permettent à la population bactérienne de développer des stratégies de survie et de croissance. Le biofilm est un état qui permet de protéger la colonie lorsque les nutriments commencent à manquer; il a été très largement étudié par les biologistes. L'apparition récente de nouveaux moyens d'observation permettant non seulement de suivre les dynamiques de formation des biofilms, mais aussi d'avoir accès aux états internes des bactéries renouvellent profondément les questions qui peuvent être abordées dans ce contexte.

Ce stage vise à développer un modèle de la population bactérienne et de son environnement; on cherche à garder une certaine simplicité tout en étant susceptible d'extensions ultérieures pour plus de réalisme.

On prendra donc en compte les bactéries dans un mode de vie spécifique, $n_i(x, t)$ ($i = 1$ représente les bactéries 'libres', $i = 2$ les bactéries en état de production de biofilm), $S(x, t)$ sera le nutriment (glucose pour commencer) et $B(x, t)$ la proportion de biofilm, x est la position dans le bioréacteur et t le temps. On utilisera des modèles de croissance/diffusion seulement (pas de gradient directionnel disponible)

$$\begin{aligned}\frac{\partial}{\partial t}n_1 &= \operatorname{div}[d_1(B)\nabla n_1] + r_1(S)n_1 - q_{1\rightarrow 2}(S)n_1 + q_{2\rightarrow 1}(S)n_1, \\ \frac{\partial}{\partial t}n_2 &= \operatorname{div}[d_2(B)\nabla n_2] - q_{2\rightarrow 1}(S)n_2 + q_{1\rightarrow 2}(S)n_1, \\ \frac{\partial}{\partial t}S &= \operatorname{div}[d_S(B)\nabla S] - r_1(S)n_1, & \frac{\partial}{\partial t}B &= p_2(B)n_2.\end{aligned}$$

Le réseau génétique intervient dans le graphe de transition d'un état métabolique à l'autre $q_{i\rightarrow j}$, d_i est l'intensité du mouvement aléatoire suivant la concentration en biofilm.

On désire comprendre d'abord si ce système est capable de générer spontanément des structures compactes de biofilm via une instabilité de type Turing. On aimerait aussi observer la dynamique grâce à un code numérique simple, bidimensionnel pour commencer, afin de comparer aux données expérimentales disponibles.

Encadrement: L. Almeida et B. Perthame (Laboratoire J.-L. Lions); V. Fromion (INRA Jouy)

Conditions: Gratification INRA (à confirmer) : 420E environ; Le sujet de ce stage peut déboucher sur une thèse.

Références:

Daniel López. and Roberto Kolter, Extracellular signals that define distinct and coexisting cell fates in *Bacillus subtilis*. FEMS microbiology reviews 34(2) 134–149 (2010).

Kassem Hamze ,..., I. Barry Holland, Harald Putzer, Simone J. S  ror. Single cell *in situ* analysis in a *B. subtilis* swarming community identifies three subpopulations differentially expressing hag (flagellin), including specialized swimmers. Microbiology, 157, 2456–2469 (2011).