

## Colloque VIIIB : Biologie structurale en conditions extrêmes

A. Vujicic-Zagar<sup>1</sup>, R. Dulermo<sup>2</sup>, M. LeGorrec<sup>1</sup>, S. Sommer<sup>3</sup>, A. DeGroot<sup>2</sup> et **Laurence SERRE<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Institut de Biologie Structurale, 41 rue Jules Horowitz, 38027 Grenoble cedex 01

<sup>2</sup>Lemir-IBEB- CEA-Cadarache, St Paul les Durance

<sup>3</sup>Université de Paris XI, Orsay

### Etude d' IrrE, un régulateur central de la réparation de l'ADN chez *Deinococcus deserti*

Plusieurs Deinococcaceae, telles *Deinococcus radiodurans*, *D. geothermalis* ou *D. deserti* ont été caractérisées à ce jour pour leur survie exceptionnelle à la sécheresse et à de hautes doses de rayons gamma ou UV. L'analyse et la comparaison de leur génôme ont montré l'existence d'une batterie de gènes originaux qui pourraient être à l'origine de cette survie en conditions extrêmes [1]. Parmi ceux-ci, nous nous intéressons au gène irrE qui est unique aux Deinococcaceae. *IrrE* code pour une protéine de 30 kDa qui est constitutivement exprimée chez ces bactéries et n'est pas sur-produite en condition extrême [2]. Après irradiation, IrrE régule positivement l'expression de plusieurs gènes importants pour la réparation de l'ADN tels *recA* et *pprA* [3,4], suggérant qu'IrrE serait un régulateur central de la réparation du génôme chez ces bactéries.

Récemment, nous avons résolu la structure cristalline d'IrrE par la méthode SAD. Ce modèle montre qu'IrrE est composé de trois domaines structuraux : un domaine protéase à zinc, un domaine de fixation à l'ADN et un domaine senseur. Nous présenterons la synthèse de nos résultats et nos hypothèses sur la fonction moléculaire de cette protéine.

[1] K. S. Makarova, L. Aravind, Y. I. Wolf et al., *Microbiol Mol Biol Rev* 65 (1), 44 (2001).

[2] G. Gao, D. Le, L. Huang et al., *FEMS microbiology letters* 257 (2), 195 (2006).

[3] A. M. Earl, M. M. Mohundro, I. S. Mian et al., *Journal of bacteriology* 184 (22), 6216 (2002).

[4] H. Ohba, K. Satoh, T. Yanagisawa et al., *Gene* 363, 133 (2005).