

Sujets de Recherche disponibles à l'UMONS

Titre du sujet 3 : L'archéomicrobiologie, une nouvelle approche pour comprendre la résistance au cuivre chez les bactéries.

Informations administratives

Personne proposant le sujet ¹ /email	David Gillan david.gillan@umons.ac.be
Service	Protéomique et Microbiologie
Faculté	Sciences
Institut	Biosciences

Informations relatives au sujet proposé

Niveau de recherche	<input checked="" type="checkbox"/> Doctorat <input type="checkbox"/> Post-Doc
5 mots-clés (français)	Bactéries, métaux, sols, communautés, cuivre
5 keywords (English)	Bacteria, metals, soils, communities, copper
Bref descriptif (10-15 lignes) (français)	
<p>Dans le monde bactérien, la résistance au cuivre peut se faire de différentes manières (complexation, efflux, réduction, formation d'un minéral, etc.). Tous ces systèmes de résistance sont généralement codés par des groupes de gènes (clusters) comportant parfois plus de 20 séquences codantes. Malheureusement, la fonction des gènes dans ces clusters n'est pas toujours connue et la position relative des gènes les uns par rapport aux autres peut également varier d'une souche à l'autre. De plus, ces gènes de résistance sont parfois localisés sur des chromosomes, des chromides ou des plasmides dont la taille peut varier. Le but du projet de thèse est de comprendre l'origine, l'organisation et la fonction des gènes dans l'un des systèmes de résistance au cuivre les plus complexes connus à ce jour, le cluster <i>cop</i> de <i>Cupriavidus metallidurans</i> CH34. Ce cluster est en effet composé de 21 gènes dont certains (<i>copH</i>, <i>copV</i>, <i>copM</i>, etc.) ont une fonction mystérieuse. Pour mieux comprendre le fonctionnement du cluster <i>cop</i>, de nouvelles souches du genre <i>Cupriavidus</i> seront donc isolées et comparées à la souche modèle CH34. Comme le cluster <i>cop</i> de CH34 est supposé récent, plusieurs sols contaminés au cuivre depuis plus de 400 ans (voir plus) seront examinés. Les souches <i>Cupriavidus</i> de ces sols, probablement en dormance, pourraient en effet contenir des opérons plus simples, composés de moins de gènes. Des anciennes mines de cuivre et des fondries du Moyen-Age seront donc échantillonnées en divers endroits d'Europe. Pour chaque souche de <i>Cupriavidus</i> résistante au cuivre obtenue, il s'agira de repérer la présence éventuelle d'un cluster <i>cop</i> et de le séquencer. Les différents clusters obtenus seront ensuite comparés les uns aux autres. Des mutants</p>	

¹ Membre permanent de l'UMONS (Futur promoteur de la thèse ou futur encadrant du post-doc)

knockout de certains gènes seront ensuite produits et étudiés pour chaque souche. Cette double approche (comparaison de clusters différents par séquençage et étude de mutants) permettra de mieux comprendre le fonctionnement d'un des cluster de résistance au cuivre les plus complexes.

Summary (10-15 lines) (English)

In the bacterial world, different mechanisms of metal resistance have been described (complexation, efflux, reduction, mineral formation, etc.). All resistance genes are usually grouped in gene clusters that may contain more than 20 coding sequences. However, the function of many genes is not always known and their relative position in different bacterial strains may vary. In addition, these resistance gene clusters may be located on chromosomes, chromids or plasmids of various sizes. The aim of the present project is to understand the origin, the organisation and the function of these resistance genes in one of the most complex copper resistance gene cluster, the *cop* cluster of *Cupriavidus metallidurans* CH34. This cluster is composed of 21 plasmidic genes, and many of them (*copH*, *copV*, *copM*, etc.) have no known function. To better understand this *cop* cluster, new strains of the genus *Cupriavidus* will be isolated and compared to the model CH34 strain. As the CH34 *cop* cluster has a supposedly recent origin, several ancient soils, contaminated by copper for more than 400 years (or more) will be examined. Strains of *Cupriavidus*, possibly in a dormant state, will be isolated from these soils. These strains might indeed contain other versions of the *cop* cluster, with less genes and other gene dispositions. Ancient copper mines and the soil from Medieval foundries will be sampled in various places in Europe. For each copper resistant *Cupriavidus* strain obtained, the eventual *cop* clusters will be sought and sequenced. The different clusters obtained will then be compared to each other. Knockout mutants will be designed and studied for selected genes in some strains. This dual approach (comparison of gene clusters in different strains and the study of knockout mutants) will improve our understanding of one of the most complex copper resistance system.

UMONS

