

Sujets de Recherche disponibles à l'UMONS

Titre du sujet 8 : Etude fonctionnelle de la protéine la plus abondante et de fonction inconnue chez *Arthrospira Platensis*

Informations administratives

Personne proposant le sujet ¹ /email	Wattiez ruddy Ruddy.wattiez@umons.ac.be -
Service	Protéomique et Microbiologie
Faculté	Sciences
Institut	Biosciences

Informations relatives au sujet proposé

Niveau de recherche	☒ Doctorat ☒ Post-Doc
5 mots-clés (français)	Bacteries – resistance - metaux – protéines - efflux
5 keywords (English)	Bacteria-resistance-metals-protein- efflux
Bref descriptif (10-15 lignes) (français)	
Depuis de nombreuses années, le laboratoire ProtMic étudie la bactérie <i>Arthrospira Platensis</i> dans le contexte du projet Melissa de l'Agence spatiale Européenne. L'étude du protéome de cette cyanobactérie montre que la protéine la plus abondante exprimée dans des conditions standards est une protéine de fonction inconnue. De plus, des analyses phylogénétiques montre que le gène de cette protéine est largement conservé chez les cyanobactéries. Ce projet a pour but l'étude fonctionnelle de cette protéine en utilisant différentes approches aussi bien « in Silico » qu'expérimentales. En outre, une étude protéomique à large échelle sera réalisée à l'aide de l'approche SWATH à partir d'échantillons bactériens cultivées dans un grand nombre de conditions différentes (stress salin, de température, de nutriment, de lumière,). Parallèlement des études génomiques différentielles et structurales seront initiées. Finalement, l'élaboration et l'étude d'un mutant pour le gène d'intérêt sera également réalisé.	
Summary (10-15 lines) (English)	

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

Since many years, the ProtMic laboratory has been studying the bacterium *Arthrospira Platensis* in the context of the Melissa project of the European Space Agency. The proteome study of this cyanobacterium showed that the most abundant protein expressed under standard conditions correspond to a protein of unknown function. In addition, phylogenetic analyzes showed that the gene of this protein is largely conserved in cyanobacteria. This project aims at the functional study of this protein/gene by using different approaches as well "in Silico" as experimetales. In addition, a large scale proteomic study will be performed using a SWATH approach from bacterial samples grown in a large number of different conditions (salt stress, temperature, nutrient, light). In parallel, differential and structural genomic studies will be initiated. Finally, the development and study of a mutant for the gene of interest will also be realized.