

Domaine de recherche :

Biochimie / Sciences du vivant

Génomique, protéomique / Sciences du vivant

Intitulé du sujet :Exploration du métabolisme du soufre chez *Acinetobacter baylyi* ADP1**Résumé du sujet :**

Le soufre, un des atomes nécessaire à la vie, demeure un élément central dans la chimie des cellules. Il est incorporé dans deux acides aminés, la cystéine et la méthionine, ainsi que dans divers métabolites et cofacteurs. La biosynthèse de la méthionine s'effectue à partir de l'aspartate via la synthèse d'homosérine puis d'homocystéine, précurseur direct de la méthionine. A partir de l'homosérine, deux voies sont possibles pour aboutir à la biosynthèse de la méthionine : (1) la voie dite de « transsulfuration » par laquelle le soufre inorganique, d'abord incorporé dans la cystéine, va ensuite se retrouver dans la cystathionine puis dans l'homocystéine et (2) la voie dite de « sulfhydrylation directe » par laquelle le soufre inorganique est directement incorporé dans l'homocystéine. Les deux voies coexistent chez les champignons et les plantes supérieures mais très rarement chez les bactéries.

La bactérie du sol *Acinetobacter baylyi* ADP1 est utilisée comme organisme modèle dans notre laboratoire pour étudier et revisiter le métabolisme bactérien (de Berardinis et al., *Curr Opin Microbiol.* 12:568-76 (2009)). Nous avons séquencé et annoté son génome en apportant un soin particulier aux gènes du métabolisme (Barbe et al., *Nucleic Acids Res.* 32:5766-79 (2004)). Pour aider à compléter la connaissance du métabolisme chez cet organisme, nous avons construit une collection pangénomique de 2600 mutants de délétion (de Berardinis, et al., *Mol Syst Biol.* 4:174 (2008)).

D'après l'annotation de son génome, les deux voies de biosynthèse de la méthionine coexistent au sein de cet organisme. Néanmoins, le phénotypage de mutants de cette collection sur différentes sources de carbone et de soufre a révélé des résultats surprenants qui pourraient remettre en cause certaines des connaissances du métabolisme du soufre basées uniquement sur l'annotation, notamment une voie non prédite de recyclage de la méthionine. Dans un premier temps, la fonction des gènes impliqués dans le métabolisme du soufre d'après l'annotation devra être vérifiée biochimiquement car les séquences relativement proches de ces gènes ont pu induire des erreurs. Ensuite, les gènes impliqués dans le recyclage de la méthionine devront être identifiés et leur fonction précisée.

Nos projets s'appuient sur la combinaison pluridisciplinaire de différentes méthodologies comprenant la génomique comparative, le phénotypage de croissance à haut débit, la biologie moléculaire et la biochimie (enzymologie, spectrométrie de masse à haute résolution).

Formation recommandée :

biochimie, biologie moléculaire

Informations pratiques :

Institut de Génomique

Genoscope - Centre national de séquençage

Laboratoire de génomique et biochimie du métabolisme

Date souhaitée pour le début de la thèse : 01/10/2010

Centre : Fontenay-aux-roses

Personne à contacter :

Veronique de Berardinis

CEA / DSV/IG//Genoscope

GENOSCOPE

2, rue Gaston Crémieux

91000

Courriel : vberard@genoscope.cns.fr

Téléphone : 01 60 87 45 87

En savoir plus :

<http://www.genoscope.cns.fr/spip/Thesaurus-metabolique.html>

<http://www.genoscope.cns.fr/>

Université / Ecole Doctorale : Evry Val d'Essonne

Des Génomes aux Organismes - Evry -

Directeur de Thèse :

Marcel SALANOUBAT

INSTITUT GENOMIQUE / Genoscope/LGBM

2 rue GASTON CREMIEUX
