



Université Claude Bernard



DIPLÔME NATIONAL DE DOCTORAT

(Arrêté du 25 mai 2016)

Date de la soutenance : **5 décembre 2018**

Nom de famille et prénom de l'auteur : **LEONARD Simon**

Titre de la thèse : « *Identification d'ARN régulateurs bactériens : Développement d'une méthode de détection et étude de la régulation post-transcriptionnelle chez la bactérie phytopathogène *Dickeya dadantii** »



Résumé

Les organismes bactériens sont en contact direct avec leur environnement et doivent donc constamment s'acclimater aux variations de celui-ci. Pour cela, plusieurs modes de régulation peuvent être utilisés. Récemment, la régulation post-transcriptionnelle par les ARN régulateurs (ARNnc) a été proposée comme un mécanisme de régulation peu coûteux en énergie pour la cellule et dont la mise en place peut être rapide. Chez le phytopathogène *Dickeya dadantii*, la régulation de la virulence a quasi exclusivement été étudiée au niveau transcriptionnel et l'implication des ARNnc dans la virulence reste peu connue.

Afin de combler cette lacune, nous avons tout d'abord étudié le rôle des chaperons à ARN Hfq et ProQ et mis en évidence leurs implications dans le contrôle de nombreux facteurs de virulence. Puis, nous avons développé un algorithme nommé APERO qui est une nouvelle méthode d'analyse de données RNA-seq *paired-end* permettant d'identifier les ARNnc. La capacité d'APER0 à détecter de manière précise des ARNnc connus s'est révélée supérieure à celles des autres méthodes de détection existantes. Enfin, APERO a été appliqué sur des données de séquençage de *Dickeya* générées au cours de ce travail. Plus d'un millier d'ARNnc potentiels ont été identifiés. Certains de ces ARNnc pourraient s'apparier à des ARNm de gènes de virulence et moduler ainsi la pathogénie de *Dickeya*.

Ces travaux ouvrent des perspectives prometteuses pour l'étude des mécanismes de régulation post-transcriptionnelle de la virulence de *D. dadantii*. Par ailleurs l'outil APERO sera disponible pour la communauté scientifique et permettra d'affiner les répertoires d'ARNnc chez de nombreux organismes.

Mots clés : *Dickeya dadantii*, ARN régulateurs, RNA-seq, Hfq, ProQ, régulation post-transcriptionnelle