

Etude des facteurs de transcription impliqués dans l'accumulation lipidique en condition de stress azoté chez la microalgue haptophyte *Isochrysis affinis galbana*



In every organism, evolution and acclimation to environmental changes are orchestrated by numerous molecular players. Among them, transcription factors (TFs) play a crucial role by regulating gene expression. Therefore, identify TFs involved in the production of high value products is a significant step in a biotechnological context. The laboratory has at its disposal a mutant strain of the haptophyte microalga *Tisochrysis lutea* producing twice more storage lipids than the wild type strain when exposed to nitrogen deprivation. Given the key role of TFs in phenotype establishment, this PhD aim at identify the TFs involved in that of the mutant phenotype of *T. lutea*. A TFs identification and classification pipeline was elaborated and applied to *T. lutea*'s genome. Since the lack of data in haptophytes constitutes a limit in studies on microalgae evolutionary history, a comparative study of TFs identified in the genome of microalgae belonging to different lineages was carried out. This study reveals that TFs could be used to understand and illustrate microalgae evolutionary history through the highlight of lineage specific presence/absence of TF families.

Aiming at understanding *T. lutea*'s mutant strain phenotype establishment, transcriptomic data were used to build gene co-expression networks and gene regulatory networks for both strains. Their comparative analysis identified seven TFs potentially linked to the mutant phenotype. A q-RT-PCR approach confirmed the involvement of two TFs in nitrogen recycling under nitrogen deprivation. Chez tout organisme, l'évolution et l'acclimatation aux changements du milieu de vie sont orchestrés par de nombreux acteurs moléculaires. Parmi eux, les facteurs de transcription (FTs) jouent un rôle clé en régulant l'expression des gènes. Identifier les FTs impliqués dans la production de composés d'intérêt est donc une étape importante dans un contexte biotechnologique. Le laboratoire dispose d'une souche mutante de la microalgue haptophyte *Tisochrysis lutea* produisant deux fois plus de lipides de réserve que la souche sauvage en condition de privation azotée. Compte tenu du rôle clé des FTs dans l'établissement du phénotype, cette thèse vise à identifier les FTs impliqués dans la mise en place de ce phénotype mutant. Un pipeline bio-informatique d'identification et classification des FTs présents dans le génome de *T. lutea* a été élaboré. Le manque de donnée chez les haptophytes constituant un vide dans l'étude de l'histoire évolutive des microalgues, une étude comparative des FTs présents dans le génome d'algues de différentes lignées a été réalisée. Celle-ci révèle que l'étude des FTs aide à comprendre et illustrer l'histoire évolutive des microalgues par la mise en évidence de présences/absences de familles de FTs spécifiques de lignée. Afin de comprendre l'établissement du phénotype de la souche mutante de *T. lutea*, des données transcriptomiques ont permis la construction de réseaux de co-expression et de régulation des gènes chez les deux souches. Leur analyse croisée a identifié sept FTs candidats potentiellement liés au phénotype mutant. Une approche de p-RT-PCR a confirmé l'implication de deux FTs dans la remobilisation de l'azote en condition de privation azotée.

Auteurs du document : Thiriet-rupert, Stanislas

Obtenir le document : Université du Maine

Mots clés : Bioinformatique, biologie moléculaire, évolution, facteur de transcription, micro-algue, réseau de gènes, RNA-seq, Bioinformatique, evolution, gene network, molecular biology, microalgae, RNAseq, transcription factor

Thème (issu du Text Mining) : BIOCHIMIE - CHIMIE

Date : 2017-01-10

Format : text/xml

Langue : Français

Droits d'utilisation : 2017 Université du Maine, info:eu-repo/semantics/openAccess, restricted use

Télécharger les documents : <https://archimer.ifremer.fr/doc/00371/48233/48368.pdf>

<https://archimer.ifremer.fr/doc/00371/48233/>

Permalien : <https://www.documentation.eauetbiodiversite.fr/notice/etude-des-facteurs-de-transcription-impliques-dans-l-accumulation-lipidique-en-condition-de-stress-a0>

Evaluer cette notice: