

Régulation post-transcriptionnelle du gène *unc-54* de *Caenorhabditis elegans* identifiée *in vivo* par un système de double rapporteurs fluorescents.



Cécile QUERE

Laboratoire ARNA, INSERM U869, Equipe D. Dupuy, Bordeaux, FRANCE

Le développement de *Caenorhabditis elegans* est finement régulé et aboutit au nombre constant de 959 cellules par individu. Une partie de ces régulations repose sur les microARN, ARN simple brin d'environ 22 nucléotides. Ils peuvent diminuer l'expression des gènes en ciblant des séquences homologues dans les régions 3' non transcrites (3'UTR) des ARN messagers. Pour déterminer l'impact de cette régulation, nous utilisons une méthode permettant de visualiser *in vivo* une différence d'expression induite post-transcriptionnellement. Cette méthode se base sur l'utilisation de deux protéines fluorescentes : la GFP (verte) et la mCherry (rouge) exprimées sous le contrôle du promoteur du gène d'intérêt. La mCherry est suivie par un 3'UTR contrôle et reflète l'activité du promoteur. La GFP est suivie par le 3'UTR du gène d'intérêt et subit les mêmes régulations que le gène endogène. La différence d'expression entre les deux protéines devrait donc refléter la régulation s'opérant sur le 3'UTR du gène. La transparence de *C. elegans* permet de localiser les protéines rapportrices par microscopie en fluorescence à tous les stades du développement dans l'organisme entier. Initialement, le 3'UTR du gène *unc-54* (myosine de type II) a été choisi comme contrôle. Le rapporteur bicolore a révélé une régulation s'opérant sur *unc-54* 3'UTR jusqu'ici considérée comme permissif. La régulation observée s'opère dans les muscles et les neurones ADF. La caractérisation de cette régulation a permis de mettre en évidence le rôle potentiel de *mir-1820*. Le profil d'expression de *mir-1820* a pu être établi grâce à une fusion avec la GFP et correspond au profil des régulations observées sur *unc-54* 3'UTR.