

Publications

Muguet A., Griesenbeck J., Conconi A. (en préparation 2). Analysis of the 35S-rDNA proteome during DNA repair after UV radiation in *Saccharomyces cerevisiae* (titre provisoire).

Muguet A., Griesenbeck J., Conconi A. (en préparation 1). Ionic strength dependent purification of the constituents of 35S-rDNA proteome (titre provisoire).

Muguet A., Conconi A., Paillé A. (sous presse). Psoralen crosslinking-Chromatin endogenous cleavage assay to examine the protein DNA interactions of active and inactive rRNA genes. In: Luc R. Gaudreau (eds) Histones. Methods in Molecular Biology, vol. Humana, New York, NY.

Paillé A., Charton R., **Muguet A.**, Griesenbeck J., Smerdon M.J., Conconi A. (2019) Analyses of rRNA gene chromatin in cell cycle arrested *Saccharomyces cerevisiae* cells. Data in Brief 104083.

Charton R., **Muguet A.**, Griesenbeck J., Smerdon M.J., Conconi A. (2019) In yeast cells arrested at the early S-phase by hydroxyurea, rRNA gene promoters and chromatin are poised for transcription while rRNA synthesis is compromised. Mutat Res 815, 20-29.

Peyresaubes F., Zeledon C., Guintini L., Charton R, **Muguet A.**, Conconi A. (2017) RNA polymerase-I dependent transcription-coupled nucleotide excision repair of UV induced DNA lesions at transcription termination sites, in *Saccharomyces cerevisiae*. Photochem Photobiol 93, 363–374.

Présentations internationales et nationales

Muguet A., Griesenbeck J., Conconi A. (2021) Exploring the proteome of rRNA gene chromatin after UV radiation and during Nucleotide Excision Repair (NER). 43rd International Asilomar chromatin, chromosomes and epigenetics conference – Etats-Unis. [Présentation orale ; congrès virtuel].

Muguet A., Griesenbeck J., Conconi A. (2020) Making tools to explore the proteome of rRNA gene-chromatin during Nucleotide Excision Repair. 42nd International Asilomar chromatin, chromosomes and epigenetics conference – Etats-Unis. [Présentation orale ; congrès virtuel].

Muguet A., Griesenbeck J., Conconi A. (2019) Excised and isolated chromatin rings, containing the entire rRNA gene, retain the native chromatin structure: a mass spectrometry analysis. 22^{ème} Conférence sur la Recherche aux Cycles Supérieurs en Chimie et Biochimie – Université de Concordia. Montréal (Qc) – Canada. [Présentation orale].

Muguet A., Charton R., Griesenbeck J., Smerdon M.J. et Conconi A. (2018) Hydroxyurea arrests *Saccharomyces cerevisiae* cells in G1/early S-phase of the cell cycle and limits rRNA synthesis. World Yeast Congress 2018. Montréal (Qc) – Canada. [Présentation par affiche].

Bourses, prix et distinctions

Bourse d'étude provinciale (2020-2021), Font de Recherche du Québec Nature et Technologies (FRQNT).

Prix de présentation « meilleure affiche » (2018), World Yeast Congress 2018 – Montréal (Qc), Canada.

Mention d'honneur du Doyen (2018), Université de Sherbrooke – Sherbrooke (Qc), Canada.

Bourse de voyage pour promouvoir les collaborations internationales (2018), Ministère des Relations Internationales et de la Francophonie du Québec.

SOUTENANCE DE THÈSE

ÉVÈNEMENT FMSS

Établissement d'une approche expérimentale pour étudier la réparation spécifique des gènes du pré-ARN ribosomique 35S après irradiation aux UVC chez la levure *Saccharomyces cerevisiae*

Alexia MUGUET
Doctorat en microbiologie

Pr Antonio Conconi, directeur



MERCREDI, LE 19 AVRIL 2023



13H00



Application TEAMS

De nombreux composants de l'environnement présentent une menace pour l'intégrité génomique. Les dommages à l'ADN induits par les rayons UV sont éliminés par le mécanisme de réparation par excision de nucléotides (NER pour *Nucleotide Excision Repair*). Celui-ci est conservé au sein des eucaryotes, ce qui permet d'utiliser la levure *Saccharomyces cerevisiae* comme organisme modèle.

Dans les cellules, l'ADN est compacté par des protéines, ce qui forme la chromatine. Cette compaction entrave l'accès aux dommages. Afin de permettre la réparation, un remodelage de la compaction est nécessaire. Par ailleurs, les gènes des ARN ribosomiques (ADNr) présentent deux états de compaction selon leur activité transcriptionnelle. L'ADN des gènes inactifs est compacté. Les gènes activement transcrits ne présentent pas de compaction. Des études antérieures du laboratoire ont permis d'établir que le blocage de la transcription par les dommages UV entraîne la formation d'une compaction « temporaire » de ces gènes. Afin de pouvoir élucider les mécanismes de ce remodelage de la chromatine, il faut pouvoir déterminer les acteurs protéiques qui interviennent. Dans cet objectif, une approche protéomique originale a été choisie. Elle permet la purification du gène d'intérêt sous forme d'un fragment de chromatine pour étudier sa composition en protéines (protéome) par spectrométrie de masse.

Le système, établi et utilisé pour cette approche protéomique, a été montré comme un modèle d'intérêt pour l'étude des processus à l'ADN. Les travaux de recherche réalisés ont permis de déterminer un protéome des ADNr de cellules irradiées aux UVC. Cela a mis en évidence que les protéines de remodelage de la chromatine et celles des processus à l'ADN sont sensibles aux conditions de purification. De plus, la comparaison des protéomes avant et après irradiation aux UVC a conduit à l'identification de protéines candidates pour leur implication dans le processus de la NER. Certaines d'entre-elles ont été testées et apparaissent prometteuses. Ces résultats, encore préliminaires, ouvrent la voie pour des recherches futures sur la NER. Par ailleurs, en choisissant de réaliser des prélèvements tôt après irradiation, il a été mis en évidence que la compaction « temporaire » des ADNr, tel que décrit ci-dessus, est désynchronisée entre les régions du gène. Ainsi, cette thèse propose un outil pour étudier la NER des ADNr *in vivo*, et elle pose des bases pour élucider les mécanismes liés à la chromatine et qui assistent la NER.

SOUTENANCE DE THÈSE ALEXIA MUGUET

Membres du jury

Pr Antonio Conconi, directeur de recherche
Département de microbiologie et d'infectiologie
FMSS

Pr Alfredo Menendez, président de jury
Département de microbiologie et d'infectiologie
FMSS

Pr Pierre Lavigne, membre externe au programme
Département de biochimie et de génomique fonctionnelle
FMSS

Pr Damien D'Amours, membre externe à l'Université
Département de médecine cellulaire et moléculaire
Université d'Ottawa

Pr Guylain Boulay, représentant du Doyen
Département de pharmacologie-physiologie
FMSS