



www.cnrs.fr



COMMUNIQUE DE PRESSE REGIONAL | LYON-VILLEURBANNE | LE 1<sup>ER</sup> JUILLET 2013

## Un atlas « d'interrupteurs » de l'expression des gènes chez les plantes : une carte routière pour la recherche en agronomie

Il existe dans l'ADN des séquences non codantes qui agissent comme des interrupteurs sur l'expression des gènes, permettant ainsi aux organismes de produire les protéines nécessaires à un moment donné de leur développement. Dans le cadre d'une collaboration franco-canadienne, une chercheuse du Laboratoire de biométrie et biologie évolutive (LBBE, CNRS / Université Claude Bernard Lyon 1) présente pour la première fois une carte de ces séquences régulatrices pour *Arabidopsis thaliana* et ses apparentées : une plante utilisée comme modèle par les scientifiques, proche parente de nombreuses plantes cultivées (colza, moutarde, chou...). Ces travaux ont été publiés le 30 juin dans *Nature Genetics*.

Comment certaines plantes peuvent-elles survivre au rude climat canadien, tandis que d'autres sont sensibles au moindre changement de température ? Elles activent des gènes spécifiques juste au bon moment. Mais la façon dont elles contrôlent l'activation de ces gènes reste encore très mal connue. Une avancée majeure est apportée par la carte génomique publiée cette semaine dans la revue *Nature Genetics* par une chercheuse française, au sein d'un consortium international mené par des chercheurs canadiens. Annabelle Haudry, maîtresse de conférences de l'Université Claude Bernard Lyon 1 au Laboratoire de biométrie et biologie évolutive (LBBE, CNRS / Université Claude Bernard Lyon 1), et première signataire de cette étude, précise que « cette carte, qui est la première de la sorte chez les plantes, va aider les scientifiques à localiser les régions régulatrices de leur génome ».

L'équipe a séquencé le génome de plusieurs espèces de Brassicacées (une large famille de plantes qui comprend des espèces économiquement importantes telles que le colza, le chou, la moutarde, le navet...) et l'a analysé conjointement avec des génomes déjà publiés, notamment celui d'*Arabidopsis thaliana*. Le but : localiser plus de 90 000 régions génomiques extrêmement conservées qui ne semblent pas coder pour des protéines. Ces régions jouent vraisemblablement d'importants rôles dans l'activation des gènes, par exemple pour réguler le développement de la plante ou sa réponse à des conditions environnementales.



Auteur : Alberto Salguero Quiles en Getafe (Madrid)

*Arabidopsis thaliana*



www.cnrs.fr



Les équipes de l'Université de Toronto et de McGill sont actuellement en train d'identifier lesquelles de ces régions seraient impliquées dans des caractères d'importance pour les agriculteurs. Cette étude contribue également à débat fondamental de ces dernières années parmi les biologistes. Quelle est la proportion de génome fonctionnel d'une cellule, en comparaison avec la proportion de 'junk DNA' ("ADN poubelle") ? Tandis que les régions du génome qui codent pour des protéines sont relativement faciles à identifier, de nombreuses régions "non codantes" peuvent être importantes pour la régulation des gènes, pour les activer et désactiver dans le bon organe et dans les bonnes conditions. Bien que les humains et les plantes aient des nombres de gènes codant pour des protéines similaires, la carte publiée dans *Nature Genetics* suggère que les plantes ont beaucoup moins de régions régulatrices les contrôlant. Le degré de complexité de la régulation chez les plantes serait compris entre celui des champignons et celui des vers microscopiques. Ces travaux suggèrent donc que **la complexité d'un organisme repose moins sur les gènes qu'il a que sur la façon dont il les utilise.**

### **Bibliographie**

Annabelle Haudry, Adrian E Platts, Emilio Vello, Douglas R Hoen, Mickael Leclercq, Robert J Williamson, Ewa Forczek, Zoe Joly-Lopez, Joshua G Steffen, Khaled M Hazzouri, Ken Dewar, John R Stinchcombe, Daniel J Schoen, Xiaowu Wang, Jeremy Schmutz, Christopher D Town, Patrick P Edger, J Chris Pires, Karen S Schumaker, David E Jarvis, Terezie Mandáková, Martin A Lysak, Erik van den Bergh, M Eric Schranz, Paul M Harrison, Alan M Moses, Thomas E Bureau, Stephen I Wright & Mathieu Blanchette,  
*An atlas of over 90,000 conserved noncoding sequences provides insight into crucifer regulatory regions*, in *Nature Genetics* advance online publication, 30 juin 2013 (doi : 10.1038/ng.2684)

### **Contacts**

#### **Contact-chercheur**

LBBE | Annabelle Haudry | T 04 72 43 29 18 | [annabelle.haudry@univ-lyon1.fr](mailto:annabelle.haudry@univ-lyon1.fr)

#### **Contacts-presse**

UCBL | | Béatrice Dias | T 06 76 21 00 92 | [beatrice.dias@univ-lyon1.fr](mailto:beatrice.dias@univ-lyon1.fr)

CNRS Rhône Auvergne | Sébastien Buthion | T 06 88 61 88 96 | [sebastien.buthion@dr7.cnrs.fr](mailto:sebastien.buthion@dr7.cnrs.fr)