



COMMUNIQUÉ DE PRESSE NATIONAL | PARIS | 18 AVRIL 2016

Attention ! Sous embargo jusqu'au 21 avril 2016, 11h (heure de Paris)

L'union fait la fleur

La protéine LEAFY, un facteur de transcription¹ responsable de la formation des fleurs, est capable de s'assembler en petites chaînes formées de plusieurs protéines. Ce mécanisme lui permet de se fixer et d'activer des régions du génome inaccessibles à une protéine seule. Ces résultats ont été obtenus par des chercheurs du Laboratoire de physiologie cellulaire végétale (CNRS/Inra/CEA/Université Grenoble Alpes) et de l'Institut de biologie structurale (CNRS/CEA/Université Grenoble Alpes) en collaboration avec des partenaires internationaux². Publiés le 21 avril 2016 dans *Nature communications*, ils ouvrent la voie à de nouvelles pistes de recherche sur la régulation de l'expression des gènes.

La protéine LEAFY joue un rôle essentiel dans la beauté du monde végétal : c'est elle qui gouverne la formation du bouton floral et de ses différents organes (sépalés, pétales, étamines et pistil). Cette protéine, un facteur de transcription, nécessaire au décryptage du code génétique, possède deux domaines importants : un qui se lie à l'ADN, pour activer les gènes floraux, et un deuxième de nature jusque-là inconnue.

Les chercheurs ont démontré qu'il s'agit d'un domaine dit « d'oligomérisation »³ qui permet aux protéines LEAFY de s'assembler les unes à la suite des autres, en petites chaînes. Sous cette forme, les protéines LEAFY deviennent capables de se lier aux régions compactées de la chromatine⁴ alors qu'une protéine LEAFY solitaire n'y parvient pas. Les expériences menées suggèrent qu'une fois assemblés en chaînes, les différents domaines de liaison à l'ADN coopèrent, ce qui améliore leur fixation sur des régions normalement trop condensées pour être reconnues. LEAFY peut ainsi activer les gènes à l'origine de la formation des organes floraux.

LEAFY jouerait ainsi le rôle de « facteur pionnier », capable de se fixer sur la structure dense de la chromatine de certaines régions du génome et d'initier des changements épigénétiques conduisant à l'expression des gènes. Les êtres humains et les animaux n'ont pas la protéine LEAFY mais ils possèdent d'autres facteurs de transcription comportant des domaines d'oligomérisation. Ces nouveaux résultats suggèrent donc que ces domaines pourraient également contribuer à conférer des propriétés pionnières à des facteurs de transcription dans d'autres règnes. Ces travaux ouvrent une nouvelle piste à approfondir pour comprendre le rôle de ces facteurs dans la régulation de l'expression des gènes.

¹ Un facteur de transcription est une protéine nécessaire à l'initiation ou à la régulation de la transcription, la première étape du processus qui permet de passer de l'ADN à la protéine.

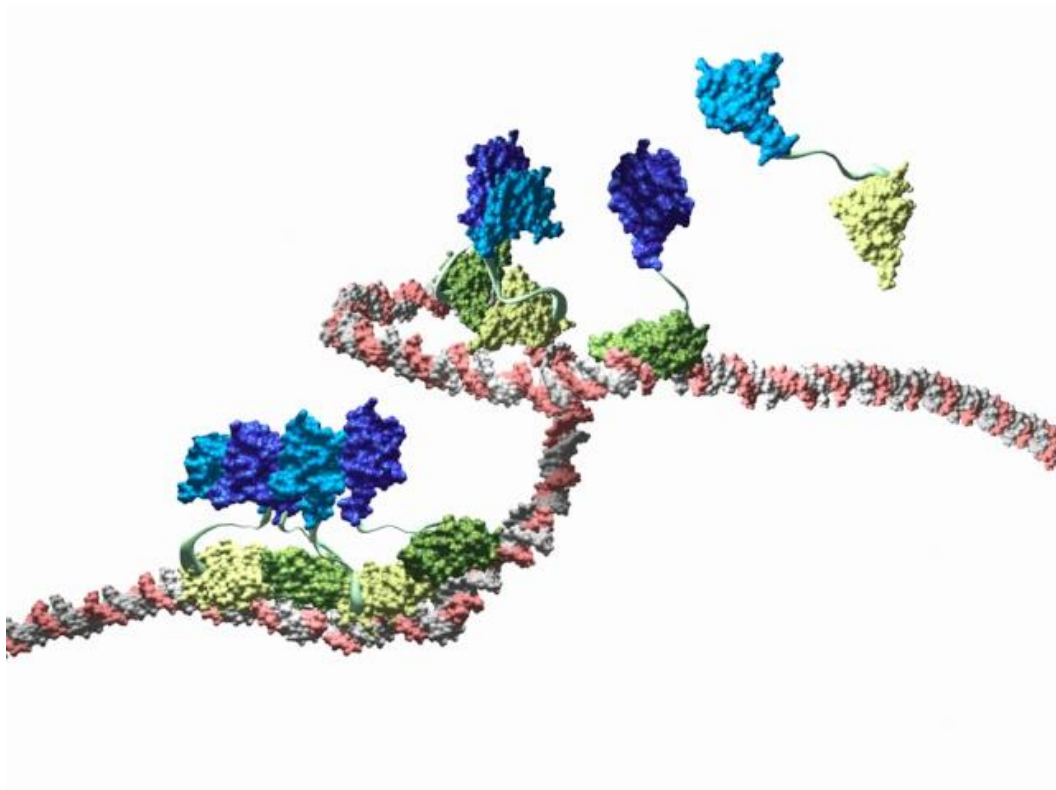
² Du Max Planck Institute for Development Biology (Allemagne), de l'université de Malaga (Espagne), de l'université d'Umea (Suède) et de l'EMBL (Grenoble).

³ Oligomérisation : assemblage de plusieurs protéines identiques.

⁴ Substance de base des chromosomes des eucaryotes, correspondant à l'association de l'ADN et des protéines.



www.cnrs.fr



La figure montre la protéine LEAFY en train de s'assembler en petites chaînes sur l'ADN (blanc et rouge) grâce à son domaine de liaison à l'ADN (vert clair ou vert foncé) et son domaine d'oligomérisation (bleu clair ou bleu foncé) © Camille Sayou et. al, Nature Communications.

Bibliographie

A SAM oligomerization domain shapes the genomic binding landscape of the LEAFY transcription factor, Camille Sayou et. al, *Nature Communications*, le 21 avril 2016. DOI: 10.1038/NCOMMS11222.

Contacts

Chercheur CNRS | François Parcy | T 04 38 78 49 78 | francois.parcy@cea.fr
Presse CNRS | Alexiane Agullo | T 01 44 96 43 90 | alexiane.agullo@cnrs-dir.fr