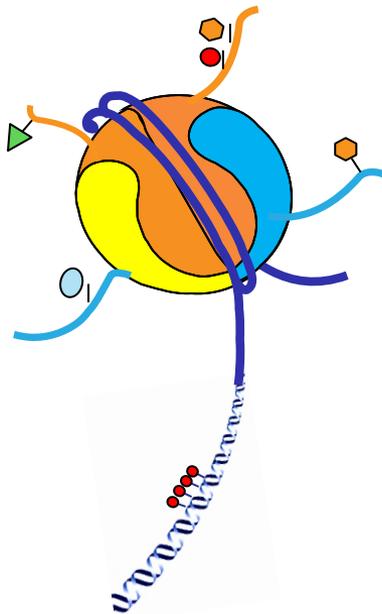


Titre de la contribution :

Mécanismes moléculaires fondamentaux d'adaptation





Mécanismes moléculaires fondamentaux d'adaptation

Objectifs CIR1 axe 1: Identifier le déterminisme de la tolérance aux contraintes, imposées par le changement climatique, ou identifier/qualifier cette tolérance.

Les connaissances produites viseront la compréhension des **mécanismes moléculaires** de cette tolérance.

La tolérance sera vue comme une caractéristique **génétique** qui procure un avantage de survie ou un avantage reproductif...

Ces études doivent **apporter des connaissances et des outils** pour faciliter le phénotypage et la sélection des végétaux et animaux les mieux adaptés aux contraintes induites par les **stress biotiques/abiotiques** induits par le changement climatique.

Mécanismes moléculaires fondamentaux d'adaptation

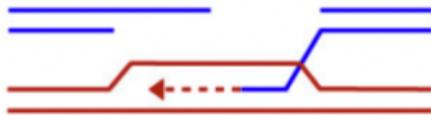


Dynamique du génome

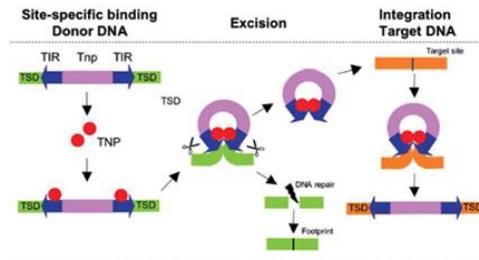


Caractérisation de mécanismes moléculaires impliqués dans la dynamique des génomes (*i.e.* stabilité et instabilité du génome impliquées dans la tolérance aux contraintes)

Variations génétiques

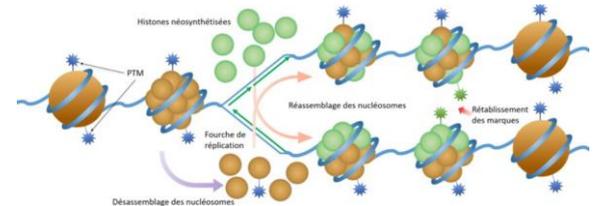


Recombinaison méiotique & polypléidie



Éléments transposables

Variations épigénétiques



Lecture différentielle du génome au cours du développement

RESEARCH AXES



- Équipe **RECLAB** - *Recombination and the maintenance of genome integrity*
Charles White (CNRS), Heidi Serra (CNRS) et Olivier Da Ines (CNRS);
Étude des mécanismes moléculaires et cellulaires assurant le maintien du génome et sa transmission fidèle au cours du développement et de la reproduction.
- Équipe **CODED** - *Chromatin and 3D Nuclear Dynamics*
Aline Probst (CNRS) et Christophe Tatout (UCA);
Étude des différents aspects de l'organisation de la chromatine qui permettent une réponse transcriptionnelle adéquate au cours du développement ou en réponse à des stimuli environnementaux.
- Équipe **SiLENT** - *Silencing & Transposons*
Olivier Mathieu (CNRS);
Étude des processus moléculaires qui sous-tendent la régulation épigénétique de l'expression des gènes et de l'activité des éléments transposables.

Nombre d'ETP impliqués (statutaires) : 16 ETP (10 CNRS, 1 INSERM, 5 UCA)

Meiosis, Recombination & Adaptation

Équipe RECLAB - *Recombination and the maintenance of genome integrity* – PI: Heïdi Serra et Olivier Da Ines



Question

Décrypter les mécanismes moléculaires de la recombinaison méiotique et de l'adaptation méiotique à l'allopolyploïdie

Quels sont les processus évolutifs de la stabilisation méiotique chez les allopolyploïdes naissants ?

Comment la recombinaison méiotique est-elle contrôlée pour permettre la fertilité et alimenter la diversité génétique et l'adaptation ?

Pourquoi?

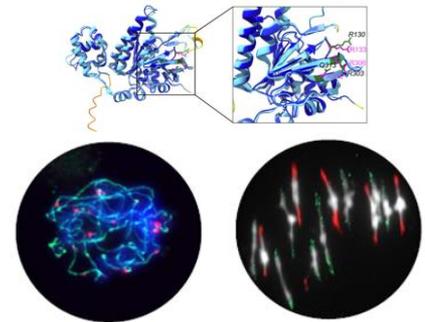
Connaissance de base des processus biologiques fondamentaux

La recombinaison méiotique est un des moteurs de l'évolution et de l'adaptation des espèces à leur environnement.

Mécanismes à la base des programmes de sélection et d'amélioration variétale

Comment?

Approches génétiques, génomiques et d'imagerie utilisant différents modèles végétaux



Collaborations :



P. Sourdil



E. Jenczewski
R. Kumar
M. Grelon



ROTHAMSTED
RESEARCH

C. Lambing



P. Schlögelhofer



A. Lloyd



UNIVERSITY OF
CAMBRIDGE

I. Henderson

Publications récentes

Chéron et al (2023) *New Phytologist* 241(5), 2025-2038

Petiot et al(2024) *Life Sci Alliance*. 20;7(8):e202402701

Da Ines et al (2022) *PLoS Genet*. 18(8):e1010322

Etude de la régulation épigénétique de l'expression des gènes et de l'activité des éléments transposables.

Équipe **SiLENT** - *Silencing & Transposons* - PI: Olivier MATHIEU



Question

Quels sont les processus de régulation épigénétique contrôlant l'expression des gènes et des éléments transposables ?

Comment les gènes et les TEs deviennent actifs ou inactifs ?

Comment ils se rappellent leur état lors des divisions cellulaires ou entre générations ?

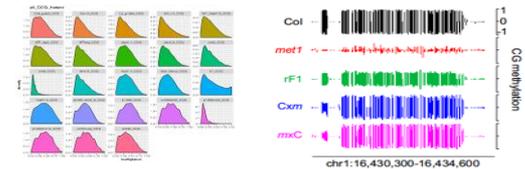
Pourquoi?

Connaissance de base des processus biologiques fondamentaux

Utilisation potentielle de l'épigénétique dans les futurs programmes de sélection végétale — en relation avec le changement climatique

Comment?

Approches génétiques et génomiques utilisant *Arabidopsis*, le blé et *Marchantia* comme espèces modèles



Collaborations :

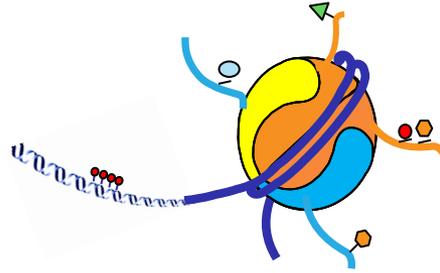


Publications récentes

- An J. et al. (2024) *Proc Natl Acad Sci USA*. In press
- Olivier M., et al. (2023) *Nucleic Acids Res.* 51,8463-8479.
- Mathieu O. (2022) *Nat Rev Mol Cell Biol.* 23, 388–388.
- Bourguet, P. et al. (2021). *Nat Commun.* 12, 2683.

Étude de l'organisation de la chromatine et du dépôt des marques épigénétiques

Équipe CODED - *Chromatin and 3D Nuclear Dynamics* – PI: Aline Probst & Christophe Tatout



Question

Étude de l'organisation de la chromatine et son impact sur l'expression des gènes

Comment les chaperonnes d'histones incorporent les différents variants d'histones ?

Comment les protéines de la famille GH1 (TRB, HMGA...) changent l'organisation de la chromatine ?

Pourquoi?

Connaissance de base des processus biologiques fondamentaux

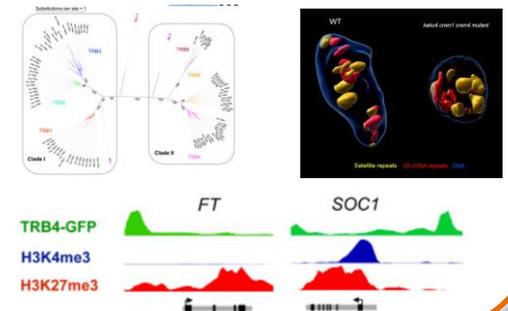
Importance pour le développement et la réponse aux stress biotiques et abiotiques.

Pour comprendre le développement de la graine

Pour étudier le priming de la graine

Comment?

Approches génétiques, génomiques et imagerie utilisant différents modèles végétaux



Collaborations



OLLSCOIL NA
GAILLIMHE
UNIVERSITY
OF GALWAY



Publications récentes

Amiard et al (2024) *Plant Commun.*:100890.

Mermet et al (2023) *The Plant Cell* 35(12):4284-4303.

Le Goff S, et al (2020) *Plant J.* 2020 101(1):71-86.

Espèces & principaux liens avec des plateformes du site



Arabidopsis thaliana



Marchantia polymorpha



Triticum aestivum

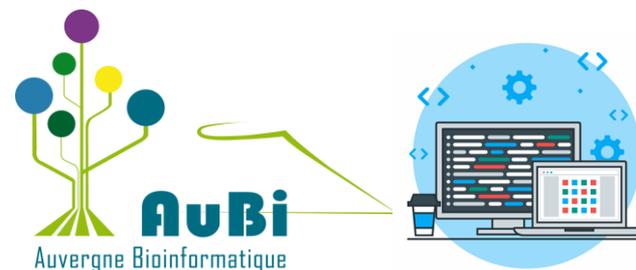


Brassica napus

Solanum lycopersicum



Arabidopsis suecica



CLIC

Clermont-Ferrand Imagerie Confocale

Microscopie - Imagerie



Data image management



Plant Epigenetics

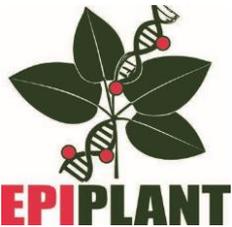
10-12 July 2024 | Clermont-Ferrand, France

Animations scientifiques via des congrès internationaux

- Kick-off meeting COST-Action INDEPTH (2018),
- 21^{ème} congrès National sur les Eléments Transposables (CNET 2018)
- Symposium SEB/EpiPlant “Plant epigenetics” (2024).
- Animation CIR1/axe 1 comme lors de la matinée Epigénétique (2024).

Forte implication dans l’Enseignement

- Licence mention Sciences de la Vie (Génétique, biologie moléculaire)
- Polytech
- Master international Biologie végétale parcours *Plant Plasticity*: Dynamique du génome, épigénétique
- Master de biologie Santé : Dynamique du génome, épigénétique
- Master de bio-informatique



Coordination de réseaux scientifiques

- Coordination du GDR CNRS EpiPlant en épigénétique,
- Society of Experimental Biology (SEB) : Animation du groupe d’intérêt sur « *Nuclear and Chromatin dynamics* »

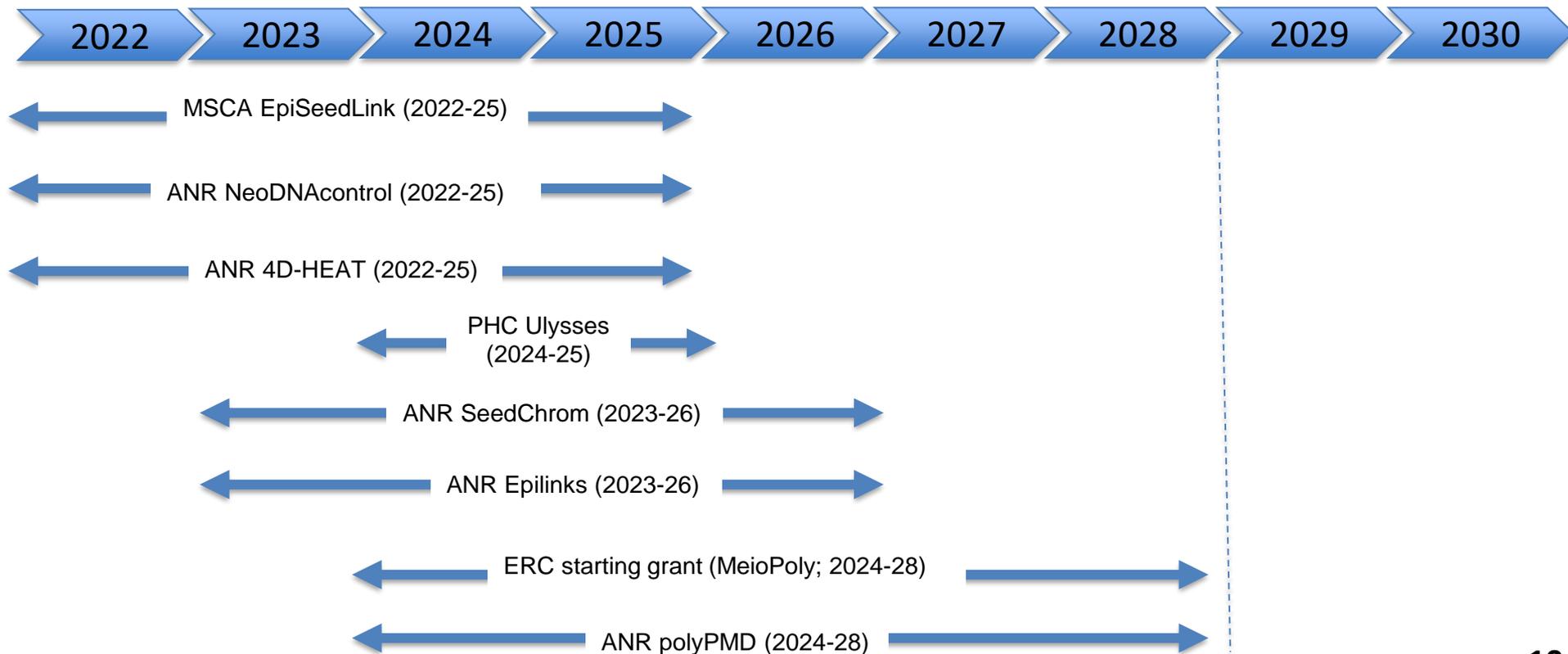


Les trois partenaires sont **soutenus, reconnus et attractifs**
sur le plan local, national & international

Projet(s) financé(s) en lien avec la contribution

Projets passés :

- Projets recombinaison au cours de FP4, 5, 6, 7
- ERC starting grant (I2ST, 2010-2015)...
- COST-Action INDEPTH (2017-21),
- H2020 MSCA MEICOM (2019-23),
- ANR PRC, ANR JCJC MeioAdapt (2021-23),
- Pack Ambition Recherche, PHC ...



En résumé notre contribution vise à...

- Établir des relations solides et un **continuum entre recherche fondamentale et appliquée** avec les acteurs du site Clermontois;
- Être un acteur majeur de la diffusion des connaissances fondamentales, notamment pour mieux comprendre les facteurs qui sous-tendent la dynamique des génomes et l'adaptation des génomes végétaux à leur environnement ;
- Établir de nouveaux concepts et découvrir de nouveaux **mécanismes moléculaires** fondamentaux sous-jacents à la dynamique du génome en utilisant plusieurs organismes modèles ou d'intérêt agronomique ;
- Optimiser et intégrer la recherche et la formation pluridisciplinaire sur la **dynamique des génomes végétaux** ;
- Participer aux développements et à l'utilisation de nouveaux outils