



**Année 2015-2016 - Demande d'allocation doctorale  
ED Santé, Sciences Biologiques et Chimie du Vivant (SSBCV) n°549**

**1. Informations administratives :**

Nom de l'encadrant responsable de la thèse : Pr. Nathalie GIGLIOLI-GUIVARCH  
Nom des co-encadrants : Dr. Eric DUCOS (MCU)  
Dr. Christelle DUTILLEUL (MCU)

Unité : EA2106 Biomolécules et Biotechnologies Végétales - Université de Tours

E-mail des encadrants : [eric.ducos@univ-tours.fr](mailto:eric.ducos@univ-tours.fr)  
[christelle.dutilleul@univ-tours.fr](mailto:christelle.dutilleul@univ-tours.fr)  
[nathalie.guivarch@univ-tours.fr](mailto:nathalie.guivarch@univ-tours.fr)

**Contactez rapidement les encadrants** (dépôt du dossier à l'école doctorale le 11 avril 2016).

**2. Titre de la thèse : Influence de la prénylation de protéines dans le déterminisme de la qualité des graines chez la plante**

**3. Résumé :**

La prénylation de protéines est une maturation post-traductionnelle partagée par tous les eucaryotes. Ce type de lipidation permet de diriger la localisation subcellulaire des protéines ainsi modifiées, leurs interactions avec d'autres protéines ou encore la régulation de leur activité enzymatique. Chez *Arabidopsis*, la caractérisation de mutants affectés dans la prénylation de protéines a mis en évidence l'importance de ce processus dans le développement et les réponses aux stress biotiques et abiotiques. Plus particulièrement, ces mutants présentent divers phénotypes liés à la signalisation par l'acide abscissique, une hormone majeure de plante, contrôlant notamment l'adaptation à la sécheresse et la dormance des graines. Cependant, l'identification et la caractérisation moléculaire des protéines prénylées engagées dans ces processus vitaux restent toutefois peu documentées.

Récemment, l'équipe a mis en évidence qu'une perturbation de prénylation de protéines chez *Arabidopsis* se traduit par la production de graines plus volumineuses, plus lourdes et présentant des traits agronomiques intéressants. Par ailleurs, l'apparition de sondes prényls commerciales a permis, par une approche de *tagging-via-substrate*, de capturer et d'identifier des protéines prénylables. Ceci apparaît extrêmement prometteur pour une investigation plus approfondie des mécanismes d'action des protéines prénylables dans la plante.

**L'objectif de la thèse proposée est de mieux comprendre comment la prénylation de protéines intervient dans le processus de maturation de la graine et vise à identifier les protéines prénylées majeures contrôlant la qualité des graines.** Le modèle d'étude

privilegié est Arabidopsis. En effet, les différentes étapes du processus de prénylation de protéines sont clairement établies chez cette plante et les mutants correspondants sont disponibles. En outre, Arabidopsis présente un intérêt particulier en ce qui concerne le transfert de connaissances à d'autres Brassicacées oléagineuses de valeur agronomique.

Dans un premier temps, l'ensemble des mutants pour chacun des 10 gènes impliqués dans le processus de prénylation de protéines sera évalué pour la qualité des graines produites (contenus lipidiques, protéiques et métaboliques, capacité germinative). L'ensemble de ces données permettra d'identifier quelles étapes du processus de prénylation sont les plus critiques pour le développement de la graine et quelle voies métaboliques sont les plus sensibles aux évènements de prénylation. Dans un deuxième temps, le projet vise à identifier les protéines prénylées clés liées aux caractéristiques agronomiques les plus valorisables. Pour cela, des procédures de capture et de marquage *in vitro* décrites chez l'animal seront appliquées à des extraits protéiques de graines en développement. Parmi les protéines identifiées, afin de distinguer les protéines prénylées les plus pertinentes en rapport avec le phénotype des graines, des analyses *in silico* permettront de discriminer les gènes exprimés lors du développement de la graine et de fournir des informations concernant leur fonction potentielle ou leur implication dans des voies métaboliques liées à la mise en place des réserves dans la graine. Enfin, des approches biologiques moléculaires et de génétique inverse permettront d'évaluer expérimentalement l'implication des gènes sélectionnés dans ces phénotypes. **A terme, les résultats de la thèse permettront de mieux appréhender la fonction des protéines prénylées dans la régulation du métabolisme des graines et d'identifier de nouveaux marqueurs pour la sélection de plantes d'intérêt agronomique.**