

REPROGRAMMATION DE L'INFORMATION ÉPIGÉNÉTIQUE LORS DE LA REPRODUCTION DES PLANTES

par Frédéric **Berger**¹

Le génome est enroulé autour d'un squelette protéique constitué principalement par cinq familles de protéines basiques, les histones. Des octamères formés par quatre types d'histone constituent les nucléosomes, qui sont répartis le long de l'ADN. Au-delà d'un rôle de soutien et protection du génome, les nucléosomes participent à la régulation de l'expression des gènes. Des facteurs liés au développement et à l'environnement provoquent des modifications covalentes des histones et de l'ADN (méthylation par exemple). Ces modifications régulent la compaction des nucléosomes et l'accès des facteurs de transcription aux gènes. Les états chromatiniens qui résultent de ces modifications sont copiés lors de la réplication de l'ADN et propagent un profil d'activité du génome à l'échelle d'un tissu. Ces mécanismes permettent la coordination de l'activité du génome au sein d'un groupe cellulaire de même identité. En principe, cette stabilité des modifications de la chromatine ne peut pas être propagée d'une génération à l'autre puisque les séquences de développement doivent être récapitulées. Il est donc nécessaire d'avoir recours à des mécanismes de reprogrammation des modifications de la chromatine.

Notre équipe a mis en évidence des mécanismes qui permettent la reprogrammation des modifications de l'ADN et des histones lors de la fécondation. Chez la plante modèle *Arabidopsis*, les enzymes responsables de la méthylation de l'ADN ne sont pas exprimées dans les gamètes femelles (Jullien *et al.*, 2008). Après fécondation, la méthylation de l'ADN est rétablie activement pendant l'embryogenèse, et produit une reprogrammation de l'information épigénétique. La méthylation de l'ADN est active lors de la gamétogenèse mâle, causant notamment le phénomène d'empreinte parentale après fécondation (Wollmann et Berger, 2012; Jullien et Berger, 2008).

Suite à la mise au point d'une technique permettant d'observer la fécondation *in vivo*, nous avons pu étudier le moment de la fusion des noyaux des deux parents et ses conséquences (Berger *et al.*, 2008). La chromatine des gamètes a une composition spécifique en variants d'histones (Ingouff *et al.*, 2010; Ingouff *et al.*, 2007). Chez les plantes et la plupart des animaux, les histones sont représentées par une famille de plusieurs membres (Ingouff et Berger, 2010). Les séquences ne diffèrent que de façon minime mais il apparaît que les propriétés des variants d'histone sont distinctes et ont un impact important sur la fonction de la chromatine (Corpet et Almouzni, 2009). De façon notable, les gamètes ne contiennent que la forme H3.3 de l'histone H3. La forme H3.3 est incorporée selon des modes distincts des autres H3, produites abondamment après la synthèse d'ADN. Nos expériences ont montré qu'à la fécondation la majorité des H3 apportées par les gamètes sont enlevés de la chromatine puis remplacés par des H3 néo-synthétisées (Ingouff *et al.*, 2010). Ces expériences ont aussi montré la réactivation zygotique de l'expression des génomes parentaux quelques heures après fécondation (Aw *et al.*, 2010). La dynamique de remplacement des H3 implique celle des nucléosomes et donc soutient l'hypothèse que les modifications portées par les histones parentales sont largement reprogrammées lors de la fécondation.

La reprogrammation des modifications de la chromatine des plantes demande encore confirmation. Quelle est la signification d'une telle reprogrammation ? Les modifications de la chromatine liées à l'environnement

¹ Temasek LifeScience Laboratory, NUS, 1 Research Link, 117604 Singapour Fred@tll.org.sg

peuvent être mémorisées. Leur impact sur une longue durée à l'échelle de la vie de la plante pourrait participer à l'adaptation des plantes aux changements d'environnement et d'une manière plus large à l'évolution des espèces (Lukens et Zhan, 2007; Chinnusamy et Zhu, 2009).

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- (1) AW SJ, HAMAMURA Y, CHEN Z, SCHNITTGER A, BERGER F., 2010. – Sperm Entry Is Sufficient to Trigger Division of the Central Cell but the Paternal Genome Is Required for Endosperm Development in Arabidopsis. *Development*, **137** (16), 2683-2690.
- (2) BERGER F, HAMAMURA Y, INGOUFF M, HIGASHIYAMA T., 2008. – Double Fertilization - Caught in the Act. *Trends Plant Sci*, **13** (8), 437-443.
- (3) CHINNUSAMY V, ZHU JK., 2009. – Epigenetic Regulation of Stress Responses in Plants. *Curr Opin Plant Biol*, **12** (2), 133-139.
- (4) CORPET A, ALMOUZNI G., 2009. – Making Copies of Chromatin: The Challenge of Nucleosomal Organization and Epigenetic Information. *Trends in cell biology*, **19** (1), 29-41.
- (5) INGOUFF M, BERGER F., 2010. – Histone3 Variants in Plants. *Chromosoma*, **119**(1), 27-33.
- (6) INGOUFF M, HAMAMURA Y, GOURGUES M, HIGASHIYAMA T, BERGER F., 2007. – Distinct Dynamics of Histone3 Variants between the Two Fertilization Products in Plants. *Curr. Biol.*, **17** (12), 1032-1037.
- (7) INGOUFF M, RADEMACHER S, HOLEC S, SOLJIC L, XIN N, READSHAW A, FOO SH, LAHOUE B, SPRUNCK S, BERGER F., 2010. – Zygotic Resetting of the Histone 3 Variant Repertoire Participates in Epigenetic Reprogramming in Arabidopsis. *Curr. Biol.*, **20** (23), 2137-2143.
- (8) JULLIEN P-E., BERGER F., 2008. – [Parental Genomic Imprinting in Plants: Significance for Reproduction]. *Medecine sciences MS*, **24** (8-9), 753-757.
- (9) JULLIEN PE, MOSQUINA A, INGOUFF M, SAKATA T, OHAD N, BERGER F., 2008. – Retinoblastoma and Its Binding Partner Msi1 Control Imprinting in Arabidopsis. *PLoS Biol.*, **6** (8), e194.
- (10) LUKENS LN, ZHAN S., 2007. – The Plant Genome's Methylation Status and Response to Stress: Implications for Plant Improvement. *Curr Opin Plant Biol.*, **10**(3), 317-322.
- (11) WOLLMANN H, BERGER F., 2012. – Epigenetic Reprogramming During Plant Reproduction and Seed Development. *Curr Opin Plant Biol.*, **15** (1), 63-69.