



UNIL | Université de Lausanne

Faculté de biologie
et de médecine

Ecole Doctorale

Soutenance de thèse

Monsieur Pietro CATTANEO

Titulaire d'un "Master" en Biologie Moléculaire Cellulaire
de l'« Università degli Studi » de Milan, Italie

Soutiendra en vue de l'obtention du grade de

Doctorat ès sciences de la vie (PhD)

de l'Université de Lausanne

sa thèse intitulée :

**Developmental cell biology of the *BRX* pathway in
hormonal regulation and root stem cell regeneration**

Directeur de thèse :

Monsieur le Professeur Christian S. HARDTKE

Cette soutenance aura lieu le

Vendredi 15 décembre 2017 à 16h30

à l'Amphithéâtre, Bâtiment Biophore, Quartier UNIL-Sorge, 1015 Lausanne

L'entrée est publique

Prof. Niko GELDNER
Directeur de l'Ecole Doctorale

01.12.2017

RÉSUMÉ PUBLIC

La biologie développementale cellulaire de la voie de signalisation de *BRX* dans la régulation hormonale et la régénération des cellules souches

Pietro Cattaneo

Département de Biologie Moléculaire Végétale

Les plantes ont sélectionné des solutions innovantes pour survivre et se disséminer en milieu aérien. L'un des éléments clef de ce succès est l'acquisition d'un système racinaire servant à la fois de support mécanique pour ancrer la plante dans le sol mais c'est également un atout physiologique permettant à la plante de puiser l'eau et les minéraux présents dans le sol.

De manière concomitante, la plante a évolué un système de transport longue distance composé du xylème conduisant la sève brute et du phloème (composé de proto et méta-phloème) conduisant la sève élaborée. Cette sève élaborée, chargée en sucres et autres molécules de signalisation indispensables à la croissance, est transportée depuis les parties aériennes vers les organes puits en cours de développement tel que la racine. Ainsi, le proto-phloème assure le transport ultime de sève élaborée où elle est déchargée au niveau de la pointe racinaire en cours de développement. Une mise en place impropre du proto-phloème endommage la continuité du tissu phloémien altérant ainsi sur la distribution de la sève. Ce phénotype microscopique se répercute à l'échelle de la plante entière par une racine courte et une augmentation du nombre de racines latérales (comme chez le mutant *brevis radix (brx)*). Chez *Arabidopsis thaliana*, le gène *BRX* est un régulateur positif clef de la mise en place du proto-phloème dans la racine. Cependant sa fonction biologique est inconnue. Afin d'étudier la fonction génétique et les événements moléculaires contrôlant un processus biologique, le criblage génétique est une approche de choix. Les défauts de différenciation du proto-phloème et ses répercussions sur la croissance racinaire ont été utilisés pour identifier les seconds sites de mutation dans les mutants *brx* restaurant alors une croissance comparable aux plantes sauvages. J'ai ainsi identifié différents allèles du gène *BARELY ANY MERISTEM 3 (BAM3)* permettant à la fois de rétablir la continuité du phloème chez le mutant *brx* mais également sa croissance racinaire.

Par ailleurs, j'ai identifié deux autres gènes permettant de rétablir la longueur de la racine chez *brx* mais n'agissant pas sur la mise en place du proto-phloème. Ainsi *BIG BROTHER (BB)* limite la prolifération cellulaire à la fois de manière radiale et longitudinale sans pour autant agir sur l'élongation cellulaire. De même *jumonji 14 (jmj14)* restaure partiellement la croissance racinaire du mutant *brx*. De par son activité moléculaire, JMJ14 pourrait moduler l'expression de certains gènes et ainsi promouvoir indirectement la croissance racinaire chez le mutant *brx*.

En résumé, j'ai identifié plusieurs gènes, nous permettant ainsi d'approfondir notre compréhension du développement de la racine en général.