

Fiche de présentation :

CNRS UMR6293 - INSERM U1103 – GReD (Génétique, Reproduction et Développement) - UCA (C. Vaury)

Directeur de thèse : Aline PROBST (DR2 CNRS-HDR), aline.probst@uca.fr

Caractérisation du variant d'histone H2B.8 à la structure protéique atypique et exprimé spécifiquement dans la graine

Chez les eucaryotes, la chromatine protège l'information génétique et contrôle la transcription. Le nucléosome est la sous-unité de base de la chromatine qui forme un complexe entre l'ADN et les histones H1, H2A, H2B, H3 et H4. Les histones existent sous forme de différents variants qui diffèrent par leur séquence en acides aminés et permettent de réguler finement la transcription. A ce jour néanmoins, la fonction des variants d'histones H2B demeure largement inconnue.

Nous proposons d'étudier H2B.8, l'un des 11 variants H2B de la plante modèle Arabidopsis. Ce variant porte une queue N-terminale longue et structurée par rapport aux autres variants H2B et est exprimé spécifiquement dans la graine. Nous souhaitons caractériser la fonction du variant H2B.8 dans la graine et au cours de la germination. Dans ce but, le candidat de thèse utilisera des approches de biologie moléculaire couplées au séquençage à haut débit, la génétique (mutants et lignées modifiant le profil d'expression du variant H2B.8) et effectuera un crible afin d'identifier des partenaires protéiques du variant H2B.8.

Ce travail permettra de mieux comprendre la contribution des variants d'histones H2B dans la régulation de l'expression du génome qui restent à ce jour mal connues.

Benoit M *et al.* (2019) Replication-coupled histone H3.1 deposition determines nucleosome composition and heterochromatin dynamics during Arabidopsis seedling development. **New Phytol.** 221: 385-398

Duc C *et al.* (2017), Arabidopsis ATRX Modulates H3.3 Occupancy and Fine-Tunes Gene Expression. **Plant Cell.** 29: 1773-1793.