

MECANISME ET REGULATION DE LA BIOSYNTHESE DE CELLULOSE

ROBERT Stéphanie, HEMATY Kian, GONNEAU Martine, HÖFTE Herman,
VERNHETTES Samantha,
*Laboratoire de Biologie Cellulaire, INRA Versailles-Grignon,
Route de Saint-Cyr, 78026 Versailles-Cedex, France
Samantha.Vernhettes@versailles.inra.fr*

Une approche génétique a été engagée afin d'élucider les mécanismes moléculaires contrôlant la mise en place ainsi que la dynamique de l'organisation de la paroi primaire. L'analyse de mutants déficitaires pour la synthèse de cellulose indique : i) au moins 3 isoformes de cellulose synthase (CESA1, 3 et 6) sont nécessaires dans la même cellule pour une synthèse normale de cellulose, probablement au sein d'un même complexe [1,2], ii) une endo- β -1,4 glucanase membranaire KOR qui hydrolyse la cellulose est nécessaire à sa synthèse [3] iii) KOR fait partie d'un complexe multiprotéique observé chez Arabidopsis et la fibre de coton, et dont la composition change au cours de la maturation de la fibre, iv) une chitinase basique putative sécrétée [4], une protéine membranaire nouvelle KOB1 de fonction inconnue [5] ou encore une GPI-anchored protein COBRA sont impliquées dans la synthèse de cellulose [6].

Notre objectif est de mieux comprendre les différents niveaux de régulation de la biosynthèse de la cellulose *via* l'étude des différents gènes isolés au laboratoire, des protéines correspondantes et des mécanismes de contrôle de leur activité, dans les différents contextes mutants disponibles.

Nous avons entrepris l'étude des complexes multiprotéiques dans lesquels ces différentes protéines sont engagées au moyen d'approches simultanées d'immunoprécipitation et de copurification par une stratégie TAP (Tandem Affinity Purification).

Par ailleurs, de multiples niveaux de régulation semblent intervenir dans la synthèse et l'assemblage de la cellulose: dimérisation des Cesa sous contrôle redox via le motif RING-finger N-terminal; phosphorylation; assemblage, désassemblage et dégradation par ubiquitination et aussi des mécanismes de glycosylation et de contrôle de qualité au niveau du RE ou encore de contrôle de l'adressage au plasmalemme.

Les approches développées au laboratoire pour élucider ces différents niveaux d'organisation et de régulation seront présentées.

[1] M. Fagard, T. Desnos, T. Desprez, F. Goubet, G. Refregier, G. Mouille, M. McCann, C. Rayon, S. Vernhettes & H. Höfte. *The Plant Cell*, **12** (2000) 2409-2423

[2] T. Desprez, S. Vernhettes, M. Fagard, G. Refregier, T. Desnos, E. Aletti, N. Py, S. Pelletier & H. Höfte. *Plant Physiology*, **128** (2002) 482-490

[3] F. Nicol, I. His, A. Jauneau, S. Vernhettes, H. Canut & H. Höfte *EMBO J.*, **17** (1998) 5563-5576.

[4] G. Mouille, S. Robin, M. Lecomte, S. Pagant & H. Höfte. Classification and identification of Arabidopsis cell wall mutants using Fourier Transform InfraRed (FT-IR) microspectroscopy. *The Plant Journal*, (2003) sous presse

[5] S. Pagant, A. Bichet, K. Sugimoto, O. Lerouxel, T. Desprez, M. McCann, P. Lerouge, S. Vernhettes & H. Höfte. *Plant Cell*, **14** (2002) 2001-2013

[6] G. Schindelman, A. Morikami, J. Jung, T.I. Baskin, N.C. Carpita, P. Derbyshire, M.C. McCann, & P. Benfey. *Genes Dev* **15** (2001) 1115-1127