

# Thèse de doctorat

Inférence, validation et modélisation des réseaux de régulation  
de la synthèse des protéines de réserve  
chez le blé tendre



**Cette thèse vise à développer un modèle prédictif de la synthèse des protéines de réserve du blé tendre qui ouvrira de nouvelles cibles de sélection pour l'amélioration de la qualité technologique du grain.**

La thèse a une durée de 3 ans, de octobre 2010 à novembre 2013. Elle sera conduite à Clermont-Ferrand, dans le cadre d'une collaboration entre le laboratoire Génétique, Diversité Ecophysiologie des Céréales (GDEC, UMR INRA-Université Blaise Pascal) et le Laboratoire d'Informatique, de Modélisation et d'Optimisation des Systèmes (LIMOS, UMR CNRS - Université Blaise Pascal).

Elle bénéficie d'une allocation de recherche du Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche (MENRT). Cette thèse est labellisée par le Pôle de compétitivité Céréales Vallée.



## Contexte

La composition en **protéines de réserve du grain** est le principal déterminant de **qualité technologique du blé tendre**.

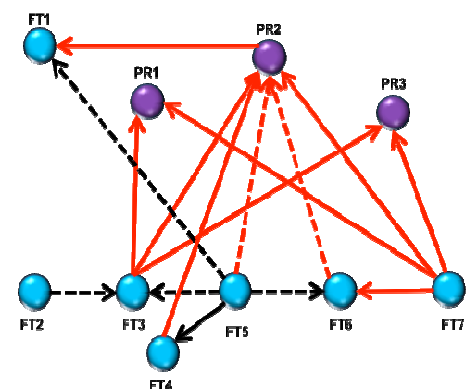
La synthèse de ces protéines est essentiellement régulée au niveau transcriptionnel par la **disponibilité en nutriments** azotés et soufrés absorbés par la plante. Le développement des outils de génomique fonctionnelle et de bioinformatique permet aujourd'hui d'aborder ces régulations de manière globale, de la cellule à la plante entière. Cette **approche systémique** met en relation des données obtenues à plusieurs niveaux de régulation de la synthèse des protéines (transcriptionnelle, traductionnelle, post-traductionnelle, métabolique, ...) dans une démarche de **modélisation prédictive**.

## Objectifs

L'objectif de cette thèse est **d'adapter au blé un modèle de prédiction de réseaux de gènes** développé au sein du LIMOS afin de relier les données d'expression de gènes aux données métaboliques de la plante.

Une première étape d'analyse bioinformatique et de modélisation des données biologiques disponibles se concrétisera par la validation du modèle sur le réseau de régulation nutritionnelle de la synthèse des protéines de réserve.

Dans la deuxième partie du projet, les réseaux de régulation obtenus seront testés en étudiant leur **comportement suite à des perturbations génétiques et nutritionnelles**. Les épis et les grains seront cultivés in vitro sur des milieux nutritifs dont la composition en nutriments sera modifiée. La réponse des réseaux de gènes de régulation mis en évidence sera comparée à la prédiction du modèle.



Réseaux d'interaction de facteurs de transcriptions (FT) impliqués dans la régulation de la synthèse des protéines de réserve (PR).

Ces travaux ouvriront un champ d'investigation innovant et puissant pour l'identification de **nouvelles cibles de sélection variétale** pour l'amélioration de la valeur technologique du blé.