

**Séminaire du centre de recherche INRA d'Orléans**  
**Invitée par Isabelle Bourgeat, unité de recherche AGPF :**  
**d'Amélioration Génétique et Physiologique Forestière.**

**9 juin 2008**

Virginie BERNARD, Véronique BRUNAUD, Alain LECHARNY

Unité de Recherche en Génomique Végétale (URGV),  
UMR INRA – CNRS - UEVE 2, rue Gaston Crémieux,  
CP5708, 91057 Evry cedex, France

## **Architecture du core promoteur d'*Arabidopsis thaliana* et fonction des gènes**

L'expression transcriptionnelle des gènes est contrôlée par l'organisation combinatoire et hiérarchique de facteurs de transcription se liant à de courtes séquences d'ADN. L'identification informatique de ces séquences dans l'ensemble d'un génome revient à rechercher parmi l'ensemble des sites possibles ceux qui sont biologiquement pertinents. L'expérimentation biologique offre actuellement des méthodes permettant d'augmenter la fréquence d'occurrence d'un motif par sélection d'un jeu de promoteurs spécifiques. A cette notion de fréquence, il est très intéressant d'ajouter celle d'information positionnelle. Nous avons développé une approche pour la détection de motifs candidats sur des critères topologiques dans le génome d'*Arabidopsis thaliana*. Nous avons identifié 5105 motifs candidats permettant la cartographie systématique des promoteurs et la constitution d'une classification exhaustive des gènes basée sur l'organisation topologique des séquences régulatrices. Nous avons établi des corrélations entre l'organisation des promoteurs et les annotations fonctionnelles.