

## **Modélisation de l'architecture nucléaire chez *Arabidopsis thaliana***

Philippe Andrey, Valérie Gaudin

Institut Jean-Pierre Bourgin, UMR1318 INRA-AgroParisTech, INRA Centre de Versailles-Grignon

Le noyau de la cellule abrite de nombreux processus biologiques fondamentaux tels que la régulation de l'expression des gènes, le maintien de l'intégrité et la transmission du génome. Cet organite possède une organisation très complexe et dynamique, avec des compartiments de nature variées, ayant un impact sur le fonctionnement du génome.

De nombreux facteurs sont impliqués dans la mise en place et la régulation de cette architecture nucléaire. Pour élucider et quantifier les relations entre compartiments nucléaires et les contraintes géométriques qui sous-tendent cette organisation, nous développons une approche combinant cytologie, analyse d'images et modélisation spatiale en utilisant les ressources de la plante modèle *Arabidopsis thaliana*. Dans cette démarche, les répartitions observées sont confrontées à des répartitions simulées par des ensembles de règles candidates. Notre approche est descendante dans la mesure où les règles, initialement simples et portant sur un nombre réduit d'acteurs, sont progressivement affinées par l'introduction de nouveaux compartiments et de nouvelles contraintes. Nous avons montré que, dans des noyaux de cellules de feuilles, les chromocentres, qui correspondent à l'hétérochromatine constitutive, sont répartis de façon plus régulière que dans une distribution complètement aléatoire, révélant ainsi une apparente répulsion mutuelle. Nous avons également montré que les distances observées entre chromocentres et enveloppe nucléaire ne suffisaient pas pour rendre compte de cette distribution. Nos résultats suggèrent donc que, dans ce type cellulaire, le modèle communément admis de répartition des chromocentres en périphérie du noyau n'explique que partiellement leur organisation et doit être affiné.