



INSTITUT DE FRANCE
Académie des sciences

Comptes Rendus

Biologies

Georges Pelletier

Les signalisations lumineuses et hormonales convergent pour réguler la ramification des plantes

Volume 343, issue 2 (2020), p. 127-129

Published online: 9 October 2020

<https://doi.org/10.5802/crbiol.17>

This article is licensed under the
CREATIVE COMMONS ATTRIBUTION 4.0 INTERNATIONAL LICENSE.
<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Les Comptes Rendus. Biologies sont membres du
Centre Mersenne pour l'édition scientifique ouverte
www.centre-mersenne.org
e-ISSN : 1768-3238



C'est apparu dans la presse / News and Views

Les signalisations lumineuses et hormonales convergent pour réguler la ramification des plantes

Light and hormonal signals converge to regulate plant branching

Georges Pelletier^a

^a Directeur de recherche INRA, Membre de l'Académie des sciences et de l'Académie d'Agriculture de France, France

Courriel: georges.pelletier@inra.fr

Mots-clés. Signalisations lumineuses et hormonales, Ramification des plantes.

Keywords. Light and hormonal signals, Plant branching.

Manuscrit reçu et accepté le 3 août 2020.

L'initiation des méristèmes axillaires, le développement des bourgeons et la croissance des ramifications déterminent l'architecture des plantes. Ce développement est fortement dépendant de facteurs internes comme les phytohormones et de facteurs externes comme la lumière. La quantité et la qualité de lumière module aussi l'architecture : en cas de forte densité de végétation ou d'ombrage par la canopée, la plante allonge sa tige, réduit sa ramification, diminue sa biomasse et sa production de graines. Comment les signaux hormonaux et lumineux interagissent-ils dans cette régulation du développement des plantes ?

L'expression du gène *BRC1* (chez *Arabidopsis thaliana*, ou son homologue *TB1* du maïs ou son homologue *FC1* du riz) qui réprime le développement des ramifications est déterminante dans l'architecture des plantes. Des protéines spécifiques des plantes, SPL (SQUAMOSA PROMOTER BINDING PROTEIN-LIKE) 9 et 15 sont des facteurs de transcription qui

activent le gène *BRC1*. Il a été montré chez le riz [1] que d'autres protéines SMXL (SUPPRESSOR OF MORE AXILLARY GROWTH2-LIKE) 6, 7 et 8 interagissent avec ces facteurs de transcription, réprimant ainsi l'expression de *BRC1*. Les strigolactones, la dernière classe d'hormones végétales découvertes [2], activent la dégradation de ces protéines SMLX, ce qui active l'expression de *BRC1* : ces hormones répriment donc ramification.

Xie *et al.* [3] montrent que les mutants KO de deux gènes, *PHY3* et son homologue *FAR1* développent moins de ramifications et que les protéines correspondantes interagissent directement avec les facteurs de transcription SPL 9 et 15. Or il se trouve que *PHY3* et *FAR1* codent deux facteurs de transcription essentiels dans la voie de signalisation du Phytochrome A, le photorécepteur sensible à la composition de la lumière rouge [4]. Les protéines *PHY3/FAR1* d'une part et *SMLX 6, 7 et 8* d'autre part, jouent donc un même rôle de réduction de l'expression de

BCR1 en interagissant avec les mêmes facteurs de transcription SPL 9 et 15. Les gènes *PHY3* et *FAR1* sont donc des régulateurs négatifs du gène *BCR1*, qui sont activés en conditions de forte lumière ce qui augmente la ramifications. Par ailleurs les auteurs montrent que les protéines *PHY3* et *FAR1* activent directement l'expression des gènes *SMXL 6, 7 et 8*, agissant ainsi par une seconde voie pour réduire l'expression de *BCR1* et favoriser la croissance latérale des bourgeons et la ramifications. En réponse à des conditions d'ombrage, les niveaux des protéines *FHY3* et *FAR1* diminuent, l'expression des gènes *SMXL 6, 7 et 8* se trouve réduite, et les protéines

SPL 9 et 15 en se liant plus fortement au promoteur du gène *BCR1* activent son expression et répriment la ramifications.

Ces résultats mettent donc en évidence un réseau complexe qui régule le développement des ramifications en fonction de la quantité de lumière perçue par la plante en intégrant les voies de signalisation lumineuse et celles des strigolactones. Compte tenu du rôle universel du gène *BCR1* (*TB1, FCI*) chez les dicotylédones comme les monocotylédones, ces résultats pourront avoir des répercussions importantes pour mieux adapter l'architecture des plantes aux conditions de culture en particulier à forte densité.

English version

The initiation of axillary meristems, the development of buds and the growth of branches determine the plant architecture. This development is highly dependent on internal factors such as phytohormones and external factors such as light. The quantity and quality of light also modulates the architecture: if there is a high density of vegetation or shading by the canopy, the plant lengthens its stem, reduces its branching, decreases its biomass and its seed production. How do hormonal and light signals interact in this regulation of plant development?

The expression of the *BCR1* gene (in *Arabidopsis thaliana*, or *TB1* its counterpart in maize or *FC1* its counterpart in rice) that represses the development of branches is a determining factor in plant architecture. Plant-specific proteins, SPL (SQUAMOSA PROMOTER BINDING PROTEIN-LIKE) 9 and 15 are transcription factors that activate the *BCR1* gene. It has been shown in rice [1] that *SMXL* (SUPPRESSOR OF MORE AXILLARY GROWTH2-LIKE) 6, 7 and 8 proteins interact with these transcription factors, thereby repressing *BCR1* expression. Strigolactones, the latest class of plant hormones discovered [2], activate the degradation of these *SMXL* proteins, thereby activating the expression of *BCR1*: these hormones therefore repress branching.

Xie *et al.* [3] show that KO mutants of two genes, *PHY3* and its homologue *FAR1*, develop fewer branches and that the corresponding proteins interact directly with SPL transcription factors 9 and 15. However it turns out that *FHY3* and *FAR1* encode two

essential transcription factors in the Phytochrome A signaling pathway, the red-light composition-sensitive photoreceptor [4]. The proteins *PHY3/FAR1* on the one hand and *SMXL 6, 7 and 8* on the other hand therefore play the same role in reducing *BCR1* expression by interacting with the same SPL 9 and 15 transcription factors. The *PHY3* and *FAR1* genes are therefore negative regulators of the *BCR1* gene, which are activated under high light conditions, thus increasing branching. Furthermore, the authors show that the *PHY3* and *FAR1* proteins directly activate the expression of *SMXL 6, 7 and 8* genes, thus acting by a second pathway to reduce *BCR1* expression and promote lateral bud growth and branching. In response to shading conditions, the levels of the *FHY3* and *FAR1* proteins decrease, the expression of the *SMXL 6, 7 and 8* genes is reduced, and the SPL 9 and 15 proteins, by binding more strongly to the *BCR1* gene promoter, activate its expression and repress branching.

These results thus highlight a complex network that regulates the development of branches according to the amount of light perceived by the plant by integrating light signaling pathways and those of strigolactones. Given the universal role of the *BCR1* gene (*TB1, FCI*) in both dicotyledons and monocotyledons, these results could have important repercussions for better adapting plant architecture to growing conditions, particularly at high densities.

Références / References

- [1] X. Song *et al.*, « IPA1 functions as a downstream transcription factor repressed by D53 in strigolactone signaling in rice », *Cell Res.* **27** (2017), p. 1128-1141.
- [2] V. Gomez-Roldan *et al.*, « Strigolactone inhibition of shoot branching », *Nature* **455** (2008), p. 189-194.
- [3] Y. Xie, Y. Liu, M. Ma *et al.*, « *Arabidopsis* FHY3 and FAR1 integrate light and strigolactone signaling to regulate branching », *Nat. Commun.* **11** (2020), p. 1955.
- [4] H. Wang, X. W. Deng, « *Arabidopsis* FHY3 defines a key phytochrome A signaling component directly interacting with its homologous partner FAR1 », *EMBO J.* **21** (2002), p. 1339-1349.