

CURRICULUM VITAE

Christel CARLES **Professeur à l'Université Grenoble Alpes**

Laboratoire de Physiologie Cellulaire et Végétale (LPCV, UMR 5168 – IRIG CEA)

Française, née le 30/07/1974, mariée, 3 enfants (Obren, 2005 ; Matisse, 2008 ; Lucien, 2015)



Formation et Diplômes

2014	Habilitation à Diriger les Recherches (HDR), EDCSV, UJF Grenoble
2012-13	Formation « Manager une équipe - les fondamentaux », CNRS Grenoble
2010	Formation Continue de Bioinformatique « Génomique sous Unix », UJF
2009	Ecole Thématique d'Epigénétique, CNRS-INSERM-INRA
1997-2000	Doctorat de Biologie Moléculaire et Physiologie Végétale, UPVD Perpignan
1995-96	DEA de Biologie Cellulaire et Moléculaire Végétale, UPS Toulouse
1994-96	Ecole Nationale Supérieure Agronomique de Toulouse (ENSAT)
1991-93	Classes Préparatoires en Biologie, Lycée Thiers, Marseille

Carrière et Animation Scientifique

depuis 2021	Professeur des Universités, section 66, UGA
2010-2021	Maitre de Conférences, Directrice de l'équipe de recherche "Dynamiques Chromatinienne et Transitions Développementales" (groupe de recherche, devenu équipe en Déc. 2018), Chaire d'excellence CNRS (2009-2014), puis Chaire Initiative Universitaire Alpes (2015-2018), LPCV http://www.lpcv.fr/Pages/ChromDev/Presentation.aspx
2008 - 2009	Chargée de recherche CDD, IRD Montpellier, Institut de Recherche pour le Développement - Equipe RYMV (Dir. Christophe Brugidou)
2001-2008	Post-doctorante, puis Chargée de recherche, UC Berkeley, Plant Gene Expression Center (USA) - équipe de Jennifer Fletcher
1997-2001	Doctorante en Biologie Moléculaire et Physiologie Végétale au Laboratoire Genome et Développement des Plantes, Université de Perpignan. Dir. Dr. Michel Delseny

Enseignement

depuis Oct 2009	Maitre de Conférences, puis Professeur (depuis Sept 2021) à l'UJF, puis UGA
2002- 2008	Mentor du programme « Undergraduate Research Apprentice », UC Berkeley, USA
1999-2000	Demi-Poste d'ATER en Biochimie et Biologie Moléculaire, Université de Perpignan

Financements et Prix

ANR PRC (Agence Nationale pour la Recherche) «ChromSwitch» (2023-27), coordinatrice	596 k€
ANR PRC (Agence Nationale pour la Recherche) «Rewire» (2019-23), coordinatrice	527 k€
ADR EUR « Chemistry Biology Health » UGA (2023-26), Idex UGA (2021-24) <i>salaires pour doctorants</i>	
DRF Phare Contrat de Formation par la Recherche (2019-22) <i> salaire pour un doctorant</i>	
LabEx GRAL program, PhD Operating costs (2020-21, 2022-23), coordinatrice	20 k€
UFI Vinci pour Cursus Universitaire Binational de Master – Laurea Magistrale (2020-23), coordinatrice	30 k€
DRF Impulsion CEA «InChroMA» (2018-2019), coordinatrice	50 k€
LabEx (ANR-10-LABX-49-01) programme GRAL (2017-19), coordinatrice	20 k€
Prime d'Encadrement Doctoral et de Recherche (PEDR, depuis 2014)	<i>prime</i>
Chaire «Initiative Universitaire Alpes (IUA)» (2015-18)	20 k€
Bourse FP7 Marie Curie IEF «ChromAct» (2013-15), Hôte pour post-doc postulante	194 k€
Financement INRA-BAP Blanc (2013-2014) pour projet exploratoire, coordinatrice	12 k€
Bourse ADR Région Rhône-Alpes (2011-14) <i> salaire pour une doctorante</i>	salaire + 6 k€
ANR Jeunes Chercheurs Jeunes Chercheuses «ChromFlow» (2011-15), coordinatrice	278 k€
Chaire d'Excellence CNRS (2009-14)	<i>prime + 50 k€</i>
Projet NSF "National Science Fundation" (USA) 2001, 2004 et 2007 co-soumis avec J. Fletcher	
Bourse Initiative Post-doc du Ministère de la Recherche Français (2007)	

Encadrement de la Recherche

- LPCV-UGA (Université Grenoble Alpes):
4 Post-doctorants: Meredith Wouters, ANR (Sept 2024-); Kateryna Fal, ANR (Sept 2019-22); Julia Engelhorn, Ambassade de France puis Bourse Marie-Curie IEF (2013-2015); Robert Blanvillain, ANR (2011-2013)
5 Doctorants (Directrice de thèse): Salim El Khoury, EUR CBS UGA (Oct 2023-); Vangeli Geshkovski, Idex UGA (Sept 2021-24); Jean-Baptiste Izquierdo, DRF CEA (Oct 2019-23); Caroline Thouly, CDU ENS (Sept 2018-22); Fanny Moreau, ADR Région (Oct 2011-14)
3 Techniciens CNRS : Marie Le Masson, IE CNRS (2019-); Anne-Marie Boisson, T CNRS (2022-23), Emmanuel Thévenon, AI CNRS (50%, 2010-18)
20 étudiants de Master (UGA, UPS Toulouse, ENS Lyon) ; **8 étudiants de Licence** (IUT Dijon, UGA, Science-Po)
- IRD-UM2 (Université de Montpellier): 1 étudiant de Master (UM2 Montpellier)
- PGEC-UC (University of California) Berkeley: **3 Doctorants**, Department "Plant and Microbial Biology (PMB)" : Dan Choffnes-Inada, Elisa Fiume et Helena Pires ; **6 étudiants en rotation** ; **6 étudiants de Master**, départements "Molecular and Cell Biology" et PMB, **1 Technicienne**
- LGDP-UPVD (Université de Perpignan): étudiante en Licence Biotechnologie (Lycée Marie Curie, Marseille)

Responsabilités Administratives

Directrice Adjointe du Pôle de recherche « Chimie Biologie Santé » de l'UGA Jan 2023 - Août 2025
Co-fondatrice et Coordinatrice Pédagogique du Master Planta-International (PLANT-Int), cursus binational offrant un Double Diplôme de l'UGA et de l'UniMi (Milan, Italie) ; lancé en Septembre 2018.
Membre élue du Comité National de la Recherche Scientifique (CoNRS), Section 23 ("Biologie Végétale Intégrative"), Sept 2016 -Août 2021
Co-responsable scientifique de l'axe thématique « **Dynamique de la Chromatine** », GDR EPIPLANT « Mécanismes Epigénétiques des Plantes » depuis 2018 (Porteurs successifs : J. Molinier, A. Probst)
Membre élue de la Commission Recherche de l'UGA, Déc 2015 – Déc 2019
Membre élue du Conseil Scientifique de l'UJF, Mars 2012 - Juillet 2014
Membre des Commissions Mobilité UGA (2016-18) et Promotion UJF (2012-14)
Membre du Comité d'organisation du 7^{ème} Congrès des Jeunes Chercheurs de la SFBV, 2012 – Organisatrice de la Session I : Génomique & Epigénétique
Membre du Conseil Scientifique LPCV, depuis 2018
Membre élue du Conseil de Laboratoire LPCV (2010-2015)

Evaluations

Membre du Comité Editorial pour "Frontiers in Plant Evolution & Development" (depuis 2011)
Membre associée à la "Faculty of 1000 Biology" depuis 2008
Editrice invitée pour les journaux Plant (Special issue "Chromatin Dynamics for Developmental Transitions in Plants", 2020) et **Frontiers in Plant Science** (Special issue "Plant Epigenetics and Chromatin Dynamics", 2022)
Revue d'articles pour les journaux Nature Com, Nature Plant, PNAS, COPB, The Plant Cell, Plant J, Plant Phys, New Phytol, Development, J Mol Biol, PLoS One, Frontiers, Nucleic Acid Research, Plant Mol Biol, Plant Science
Membre du comité HCERES pour l'IBMP (Strasbourg), 2017
Expertises: ANR (Agence Nationale pour la Recherche) PRC 2023, 2025, CEA Direction de la Recherche Fondamentale 2023, NSC (National Science Centre of Poland) 2022, FP7-people-COFUND 2013-18, CEFIPRA (French-Indian Center for science) 2012-13, AAP Chercheur d'avenir 2013-Région, NWO (Dutch Research Council) 2006
Jury du Master International de Biologie de l'UJF 2012-13, et du **Master PLANT-Int** (depuis 2018)
Comité de sélection de poste de Chaire Professeur Junior (IBMP Strasbourg 2023)
13 comités de suivi de thèse : M. Rougée 2015 (dir. F. Barnèche, IBENS Paris), L. François 2017-18 (dir. M. Bendahmane, RDP Lyon), N. Houghoughi 2017 (dir. S. Khochbin, IAB Grenoble), J. Lu 2017-18 (dir. E. Magnani, INRA Versailles), J. Searn 2018-19 (dir. F. Roudier, RDP), M. Nicolau 2018-20 (dir. G. Moissiard, LGDP Perpignan), Q. Cavallini-Speisser 2021-23 (dir. M. Monniaux, RDP), V. Hure 2021-23 (dir. A. Délérès, I2BC Gif/Yvette), Léa Feit 2023-25 (dir. S. Amiard & A. Probst, iGREd).

22 jurys de thèse (13 en rapportrice) : A. Molitor (Dir. WH. Shen, IBMP Strasbourg, 2012), C. Smaczniak (Dir. G. Angenent, LMB Wageningen, 2013), C. Le Roux (Dir. V. Gaudin, IJPB Versailles, 2013), K. Fal (Dir. E. Bucher, Basel Univ., 2014), M. Benoit (Dir. A. Probst, GRED Clermont-Ferrand, 2014), N. Durut (Dir. J. Saez-Vasquez, LGDP Perpignan, 2014), S. Puranik (Dir. C. Zubieta, LPCV, 2016), S. del Prete (Dir. V. Gaudin & R. Koes, Amsterdam, 2017), A. K. Gonzalez-Morao (Dir. F. Roudier, IBENS, 2017), M. Rougee (Dir. F. Barnèche, IBENS, 2017), F. Bellegarde (Dir. A. Gojon & A. Martin, BPMB Montpellier, 2017), O. Coen (Dir. L. Lepiniec & E. Magnani, INRA Versailles, 2018), X. Zhang (Dir. A. Berr & W-H. Shen, IBMP Strasbourg, 2019), M. Nicolau (Dir. G. Moissiard, LGDP Perpignan, 2020), A. Galien (Dir. C. Zubieta, LPCV, 2022), M. Dannay (Dir. G. Finazzi & G. Allorent, LPCV, 2023), A. Vera Antunes (Dir. A. Hakimi, IAB, 2023), L. Turchi (Dir. F. Parcy, LPCV, 2023), N. Dalle (Dir. F. Roudier, RDP, 2023), I. Ouedraogo (Dir. D. Autran, IRD, 2023), A. Hugues (Dir. F. Roudier, RDP, 2024), L. Jarry (Dir. G. Moissiard, LGDP, 2024), Belén Pachano (Dir. A. Hakimi, IAB, 2025).

6 jurys d'HDR (2 en rapportrice) : K. Hammani (IBMP Strasbourg, 2017), D. Autran (IRD Montpellier, 2019), J. Salvaing (LPCV Grenoble, 2021), G. Orsi (IAB, 2022), E. Vinarobays (iGred Clermont-Ferrand, 2025), C. Swale (IAB Grenoble, 2025).

PRODUCTION SCIENTIFIQUE

Données Bibliométriques (Février 2025 sur Google Scholar) :

h-index : **24** i-10 index : **29** Citations : **3252** Moyenne de citations par article : **87**
Moyenne de citations par an (2019-2024) : **224**

36 publications dans des journaux et ouvrages internationaux à comité de lecture (22 Articles de recherche, 9 revues, 5 chapitres de livre), dont **12** en auteure pour correspondance, **6** en co-direction ou collaboration et **8** en 1^{ère} auteure.

20 communications orales dans des conférences, congrès ou *workshops* internationaux (**15** en invitée)

12 séminaires invités (dans des instituts de recherche) ou cours (universités) – recensés depuis 2011

15 posters dans des conférences scientifiques ou *workshops*

	Depuis le début de carrière	Dont ces 10 dernières années	Dont ces 5 dernières années
NOMBRE DE PUBLICATIONS DANS DES REVUES A COMITÉ DE LECTURE	31	18	10
NOMBRE D'OUVRAGES PERSONNELS	2	0	0
NOMBRE DE PARTICIPATIONS A DES OUVRAGES COLLECTIFS	5	1	2
NOMBRES DE CONFÉRENCES ET SÉMINAIRES INVITÉS	34	27	17
NOMBRES D'ORGANISATIONS D'ÉVÉNEMENTS SCIENTIFIQUES	3	3	3

ENCADREMENT DOCTORAL

DIRECTION DE THÈSES	Depuis le début de carrière	Thèses préparées à l'UGA (EDCSV)
NOMBRE DE THÈSES SOUTENUES	7	4
NOMBRE DE THÈSES EN COURS	1	1

Co-publications avec les doctorants encadrés [UC Berkeley] ou dirigés [UGA] :

- **[UC Berkeley] D. Hoffnes-Inada (1)** : Development 2005 (Carles 1^{ère}, Hoffnes-Inada 2^{ème} auteur/5)
- **[UC Berkeley] E. Fiume (1)** : Methods Mol Biol. 2010 (Carles 1^{ère}, Fiume 4^{ème} auteure /5)
- **[UC Berkeley] H. Pires (1)** : Molecular Plant. 2013 (Carles 2^{ème}, Pires 4^{ème} auteure /5)
- **[UGA] F. Moreau (4)** : Development 2016 (Moreau 1^{ère}, Carles* 10^{ème} corresp. auteure /10); Chapitre de livre 2016 (Moreau 6^{ème}, C.C. Carles 7^{ème} auteure /10); Annals of Botany 2014 (Moreau 2^{ème}, Carles* 4^{ème} corresp. auteure /4); Development 2014 (Moreau 2^{ème}, Carles 5^{ème} auteure /6).
- **[UGA] C. Thouly (2)** : Genes 2020 (Thouly 1^{ère}, Carles 4^{ème} auteure /5), Nature Plants 2025 *en révision* (Thouly 2^{ème}/19, Carles corresp. auteure).
- **[UGA] J-B. Izquierdo (1)** : Nature Plants 2025 *en révision* (Izquierdo, co-1^{er}/19, Carles corresp. auteure).
- **[UGA] V. Geshkovski (2)** : Nature Plants 2025 *en révision* (Geshkovski, 1^{er}/19, Carles corresp. auteure), MiMB 2024 (Geshkovski, 1^{er}/19, Carles corresp. auteure).
- **[UGA] S. El Khoury (1)** : iScience 2025 *sous presse* (El Khoury, 2^{ème}/5, Carles corresp. auteure).

LISTE DES TRAVAUX ET PUBLICATIONS

Manuscrit de Thèse : « Les éléments moléculaires de la maturation de la graine : Recherche et étude d'un facteur régulateur de l'expression des gènes *Em* chez *Arabidopsis thaliana* ». Soutenance le 15 Nov. 2000

Manuscrit d'Habilitation à Diriger les Recherches : « Régulations Développementales chez les plantes : De la génétique à l'épigénétique ». Soutenance le 16 Juillet 2014

Comités de rédaction de revues :

Rédactrice en chef pour la revue *Frontiers in Plant Science* (numéro spécial « Plant Epigenetics and Chromatin Dynamics », 2021-22).

Rédactrice en chef pour la revue *Plants* (numéro spécial « Plant Epigenetics and Chromatin Dynamics », 2020).

Publications dans des journaux et ouvrages à comité de lecture

(*auteure pour correspondance, * co-directrice de l'étude, auteurs de mon groupe de recherche)

36. V. Geshkovski, J. Engelhorn, J-B. Izquierdo, H. Laroussi, C. Thouly, L. Turchi, M. Le Masson, E. Thévenon, A. Petitalot, L. Simon, S. Desset, P. Michl-Holzinger, H. Parrinello, K. D. Grasser, A. Probst, R. Margueron, G. Vachon, J. Kadlec, C.C. Carles*. The dual trxG/PcG protein ULTRAPETALA1 modulates H3K27me3 and directly enhances POLYCOMB REPRESSIVE COMPLEX 2 activity for fine-tuned reproductive transitions. En révision pour *Nature Plants*. Aussi sur *BioRxiv* 2024 ; doi: 10.1101/2024.10.21.619451.
35. K. Fal*, S. El Khoury, M. Le Masson, A. Berr, C.C. Carles* (2025). CRISPR/dCas9-targeted H3K27me3 demethylation at the *CUC3* boundary gene triggers ectopic transcription and impacts plant development. *iScience* 28, 112475; <https://doi.org/10.1016/j.isci.2025.112475>. Aussi sur *BioRxiv* 2024; doi: 10.1101/2024.03.18.585636.
34. K. Fal and C.C. Carles* (2024). Technical Mini-Review: dCas-based tools to visualize chromatin or modify epigenetic marking at specific plant genomic loci. In *Methods for Plant Nucleus and Chromatin Studies*. 2873, pp.305-332, chapter in *Methods in Molecular Biology*.
33. V. Geshkovski, H. Hijazi, J. Manessier, S. Brugière, M. Courçon, G. Vachon, D. Pflieger, C.C. Carles* (2024). Quantitative Profiling of Histone Variants and Posttranslational Modifications by Tandem Mass Spectrometry in Arabidopsis. *Methods for Plant Nucleus and Chromatin Studies*, 2873, pp.19-38, chapter in *Methods in Molecular Biology*.
32. K. Fal, A. Berr, M. Le Masson, A. Faigenboim, E. Pano, N. Ishkhneli, N-L. Moyal, C. Villette, D. Tomkova, M-E. Chabouté, L. Williams Eshed and C.C. Carles*. (2023). Lysine 27 of histone H3.3 is a fine modulator of developmental gene expression and stands as an epigenetic checkpoint for lignin biosynthesis in Arabidopsis. *New Phytologist* 238: 1085-1100. doi: 10.1111/nph.18666
31. G. Moissiard, M. Mirouze, C.C. Carles and C. Vitte (2023). Editorial: Plant epigenetics and chromatin dynamics - EPIPLANT 2021-2022. *Frontiers in Plant Science* 14: 1260391. IF=4,1.
30. K. Fal, D. Tomkova, G. Vachon, M-E. Chabouté, A. Berr and C. Carles* (2021). Chromatin manipulation and editing in plants: Challenges, approaches and new technologies. *International Journal of Molecular Sciences (invited)*. 22(2):512. doi: 10.3390/ijms22020512. IF= 4,56. *Revue*
29. C. Thouly, M. Le Masson, X. Lai, C.C. Carles*, G. Vachon (2020). Unwinding BRAHMA Functions in Plants. *Genes*, 11(1):E90. IF= 3,48. *Revue*
28. X. Lai, A. Stigliani, G. Vachon, C. Carles, C. Smaczniak, C. Zubieta, K. Kaufmann, F. Parcy (2019). Building Transcription Factor Binding Site Models to Understand Gene Regulation in Plants. *Molecular Plant*, 12(6):743-763. IF= 6,13. *Revue*

27. W. Yan , D. Chen, J. Schumacher, D. Durantini, J. Engelhorn, M. Chen, **C.C. Carles***, K. Kaufmann (2019). Dynamic control of enhancer activity drives stage-specific gene expression during flower morphogenesis. **Nature Communications**, 10(1):1705. IF= 11,88. *Article de recherche*
26. W. Yan, D. Chen, C. Smaczniak, J. Engelhorn, H. Liu, W. Yang, A. Graf, **C.C. Carles***, D.X. Zhou, K. Kaufmann (2018). Dynamic and spatial restriction of Polycomb activity by plant histone demethylases. **Nature Plants**. 4(9):681-689. IF= 13,29. *Article de recherche*.
Diffusion dans les lettres scientifiques DRF et BIG (ex-IRIG) du CEA :
<http://www.cea.fr/drf/Pages/Actualites/En-direct-des-labos/2019/Epigenetique--controler-acces-aux-genes.aspx>;
http://irig.cea.fr/drf/irig/Pages/Actualites/Resultats-scientifiques/2018/L65_CCarles.aspx
25. V. Hugouvieux, C.S. Silva, A. Jourdain, A. Stigliani, Q. Charras, V. Conn, S.J. Conn, **C.C. Carles**, F. Parcy, C. Zubieta (2018). Tetramerization of MADS family transcription factors SEPALLATA3 and AGAMOUS is required for floral meristem determinacy in Arabidopsis. **Nucleic Acids Res.**, 46:4966-4977. IF= 10,16. *Article de recherche*
24. G. Vachon, J. Engelhorn, **C.C. Carles*** (2018). Interactions between transcription factors and chromatin regulators in the control of flower development. Flowering Newsletter Review, **Journal of Experimental Botany**, 69:2461-2471. IF= 6,54. *Revue*
23. J. Engelhorn, F. Wellmer, **C.C. Carles*** (2018). Profiling histone modifications in synchronised floral tissues for quantitative resolution of chromatin and transcriptome dynamics. **Methods Mol Biol.**, 1675: 271-296. IF= 1,29. *Chapitre de livre*
22. J. Engelhorn, R. Blanvillain, C. Kröner, H. Parrinello, M. Rohmer, D. Pose, F. Ott, M. Schmid, **C.C. Carles*** (2017). Dynamics of H3K4me3 chromatin marks prevails over H3K27me3 for gene regulation during flower morphogenesis in *Arabidopsis thaliana*. **Epigenomes**, 1(2), 8; doi:10.3390/epigenomes1020008. *Article de recherche*.
Diffusion dans les lettres scientifiques DRF et BIG (ex-IRIG) du CEA : http://www.cea.fr/drf/Pages/Actualites/En-direct-des-labos/2018/Corolle-ou-calice--.aspx?utm_source=newsletter&utm_medium=email&utm_campaign=CEADRF19;
http://irig.cea.fr/drf/irig/Pages/Actualites/Resultats-scientifiques/2018/L60_CCarles.aspx
21. T. Mandel, H. Candela, U. Landau, L. Asis, E. Zilinger, **C.C. Carles**, and L. Eshed Williams (2016). Differential regulation of meristem size, morphology and organization by the ERECTA, CLAVATA and class III HD-ZIP pathways function. **Development**, 143(9):1612-22. IF= 6,60. *Article de recherche*
20. F. Moreau, E. Thevenon, R. Blanvillain, I. Lopez-Vidriero, J.M. Franco-Zorrilla, R. Dumas, F. Parcy, P. Morel, C. Trehin and **C.C. Carles*** (2016). The Myb-domain protein ULTRAPETALA1 INTERACTING FACTOR 1 controls floral meristem activities in Arabidopsis. **Development**, 143(7):1108-19. IF= 6,60. *Article de recherche*
Diffusion dans la lettre scientifique BIG (ex-IRIG) du CEA : <http://www.lpcv.fr/Pages/Actualites/2016/Cristel-Carles.aspx>
19. H. Chahtane, G. Denay, J. Engelhorn, M. Monniaux, E. Moyroud, F. Moreau, **C. Carles***, G. Tichtinsky, C. Zubieta, F. Parcy (2016). Floral development: an integrated view. **From molecules to living organisms: an interplay between biology and physics. École de Physique des Houches 2014, Session CII**, Chapter 3, Oxford University Press, pp.43-100, 2016. Eds. E. Pebay-Peyroula, H. Nury, F. Parcy, R. W. H. Ruigrok, C. Ziegler and L. F. Cugliandolo. *Chapitre de livre*
18. D.S. Ó'Maoláidigh, B. Thomson, A. Raganelli, S.E. Wuest, P.T. Ryan, K. Kwaśniewska, **C.C. Carles**, E. Graciet, F. Wellmer (2015). Gene network analysis in *Arabidopsis thaliana* flower development through dynamic gene perturbations. **Plant J.** 83(2):344-58. IF= 6,58. *Article de recherche*
17. J. Engelhorn, F. Moreau, J. Fletcher, **C.C. Carles*** (2014). ULTRAPETALA1 and LEAFY pathways function independently in specifying identity and determinacy at the Arabidopsis floral meristem. **Annals of Botany**. 114(7) :1497-505. IF= 3,45. *Article de recherche*
16. J. Engelhorn, R. Blanvillain and **C.C. Carles*** (2014). Gene activation and cell fate control in plants: A chromatin perspective. **Cell. Mol. Life Sc.** 71(16):3119-37. IF= 5,86. *Revue*
15. T. Mandel, F. Moreau, Y. Kutsher, J.C. Fletcher, **C.C. Carles*** and L. Eshed-Williams (2014). The ERECTA receptor kinase regulates Arabidopsis shoot apical meristem size, phyllotaxy and floral meristem identity. **Development**. 141(4):830-41. IF= 6,60. *Article de recherche*
14. M.M. Monfared, **C.C. Carles**, P. Rossignol, H.R. Pires and J.C. Fletcher (2013). The *ULT1* and *ULT2* trxB Genes play overlapping roles in Arabidopsis development and gene regulation. **Molecular Plant**. 6(5):1564-79. IF= 6,13. *Article de recherche*

13. C. Smaczniak, R.G.H. Immink, J.M. Muino, R. Blanvillain, M. Busscher, J. Busscher-Lange, Q.D.P. Dinh, S. Liu, A.H. Westphal, S. Boeren, F. Parcy, L. Xu, C.C. Carles*, G.C. Angenent, K. Kaufmann (2012). Characterization of MADS-domain transcription factor complexes in *Arabidopsis* flower development. *Proc Natl Acad Sci USA*. 109(5):1560-5. IF= 9,81. *Article de recherche*
12. J. Rodor, E. Jobet, J. Bizarro, F. Vignols, C. Carles, T. Suzuki, K. Nakamura, M. Echeverria (2011). AtNUFIP, an essential protein for plant development, reveals the impact of snoRNA gene organisation on the assembly of snoRNPs and rRNA methylation in *Arabidopsis thaliana*. *The Plant J*. 65(5): 807-819. IF= 6,58. *Article de recherche*
11. C.C. Carles, C.M. Ha, J.H. Jun, E. Fiume and J.C. Fletcher (2010). Analyzing Shoot Apical Meristem Development. *Methods Mol Biol*. 655:105-29. IF= 1,29. *Chapitre de livre*
10. C.C. Carles and J.C. Fletcher (2010). Missing links between histones and RNA Pol II arising from SAND? *Epigenetics* 5(5): 381-385. IF= 4,58. *Revue*
9. C.C. Carles and J.C. Fletcher (2009). The SAND domain protein ULTRAPETALA1 acts as a trithorax group factor to regulate cell fate in plants. *Genes & Development*. 23: 2723-2728. IF= 12,08. *Article de recherche*
8. L. Williams¹, C. C. Carles¹, K. S. Osmond¹, J.C. Fletcher (2005). A database analysis method identifies an endogenous trans-acting short-interfering RNA that targets the *Arabidopsis* ARF2, ARF3, and ARF4 genes. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 102(27):9703-08. ¹L.W., C.C.C., and K.S.O. contributed equally to the work. IF= 9,81. *Article de recherche*
7. C. C. Carles, D. Choffnes-Inada, K. Reville, K. Lertpiriyapong, J.C. Fletcher (2005). ULTRAPETALA1 encodes a SAND domain putative transcriptional regulator that controls shoot and floral meristem activity in *Arabidopsis*. *Development* 132(5): 897-911. IF= 6,21. *Article de recherche*
6. C. C. Carles, K. Lertpiriyapong, K. Reville, J.C. Fletcher (2004). The ULTRAPETALA1 gene functions early in *Arabidopsis* development to restrict shoot apical meristem activity, and acts through WUSCHEL to regulate floral meristem determinacy. *Genetics* 167(4):1893-903. IF= 4,39. *Article de recherche*
5. C. C. Carles, J.C. Fletcher. (2003) Shoot apical meristem maintenance: the art of a dynamic balance. *Trends Plant Sci*. 8(8):394-401. IF= 11,81. *Revue*
4. VK Sharma, C. Carles, J.C. Fletcher (2003). Maintenance of stem cell populations in plants. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 100 Suppl 1:11823-9. IF= 9,81. *Revue*
3. C. Carles, N. Bies-Etheve, L. Aspart, M. Echeverria, K.M. Léon-Kloosterziel, M. Koornneef and M. Delseny (2002). Regulation of *Arabidopsis thaliana* Em genes: role of ABI5. *The Plant J*. 30(3):373-83. IF= 6,58. *Article de recherche*
2. M. Delseny, N. Bies-Etheve, C. Carles, G. Hull, C. Vicent, M. Raynal, F. Grellet and L. Aspart (2001). Late embryogenesis Abundant protein gene regulation during *Arabidopsis* seed maturation. *Journal of Plant Physiol*. 158:419-427. IF= 2,50. *Article de recherche*
1. N. Bies, L. Aspart, C. Carles, P. Gallois and M. Delseny (1998). Accumulation and degradation of Em proteins in *Arabidopsis thaliana*: evidence for post-transcriptional controls. *Journal of Experimental Botany* 49(329):1925-1933. IF= 5,79. *Article de recherche*

Organisation de conférences, symposiums, écoles d'été

3. Journées Scientifiques du Pôle Chimie Biologie Santé (CBS) de l'UGA, organisatrice en tant que directrice adjointe du Pôle CBS, 2023 et 2025.
2. « Annual PLANT-Int Symposium » (APIS) : organisatrice dans le cadre du Master PLANT-Int, en coordination avec un comité d'étudiants du Master, Jardin du Lautaret, depuis 2021.
1. Ecole d'été « The many uses of plants » : comité d'organisation et conférencière, avec l'Ecole Universitaire de Recherche Chimie Biologie Santé (EUR CBS) de l'UGA, Grenoble, Juin 2023.

Communications orales en conférences, congrès et workshops internationaux

21. « Chromatin switches for specific developmental transitions: Zoom on the function of ULTRAPETALA as a PRC2 cofactor ». *European Workshop in Plant Chromatin VIII* (Barcelone, Espagne), Mai 2024. *Oratrice invitée*.

20. « Lysine 27 of histone H3.3 is a fine modulator of gene expression and developmental fates in Arabidopsis ». **EPIPLANT Meeting on Plant Epigenetics**, Virtual (Perpignan, France), Février 2021. **Oratrice plénière invitée et "Chairwoman"**.
19. « ULTRAPETALA: At the crossroads of chromatin regulators ». **European Workshop in Plant Chromatin VI**, Cologne (Allemagne), Juin 2019. **Oratrice plénière invitée**.
18. « Regulation of chromatin mark changes for organogenesis in Arabidopsis ». **EPIPLANT Meeting on Plant Epigenetics**, Strasbourg (France), Février 2019. **Oratrice invitée**.
17. « Chromatin Dynamics and Plant Organogenesis », **Saclay Plant Sciences PhD Epigenetics School** (France), Juillet 2018. **Oratrice invitée**.
16. « Chromatin Dynamics at the Onset of Plant Developmental Programs », **EPIPLANT Meeting on Plant Epigenetics**, IPS2-Paris Saclay (France), Juin 2017. **Oratrice invitée**.
15. « ULTRAPETALA1 and Chromatin Dynamics at the Onset of Gene Activation », **5th European Workshop in Plant Chromatin. GMI Vienna** (Autriche), Juin 2017. **Oratrice plénière invitée et "Chairwoman"**.
14. « Chromatin Dynamics and cell fate in plants », **French Loop of Chromatin Meeting**, Montpellier (France), Mai 2017. **Oratrice invitée**.
13. « Chromatin Dynamics and cell fate specification in Arabidopsis: the flower developmental model ». **EPI 2016: Epigenetic & Chromatin Regulation of Plant Traits**, Strasbourg (France), Jan 2016. **Oratrice invitée**.
12. « Chromatin Dynamics at the onset of gene activation : from genetics to epigenetics ». **Plant Biology Europe FESPB/EPSO Congress**. Dublin (Irlande), Juin 2014. **Oratrice invitée**.
11. « Chromatin Dynamics at the onset of gene activation : from genetics to epigenetics ». **6th International PhD School on Plant Development**, Retzbach (Allemagne). Sept 2013. **Oratrice plénière invitée**.
10. « Chromatin Dynamics at the onset of gene activation ». **European Workshop in Plant Chromatin III**. Madrid (Spain), Sept 2013. **Oratrice plénière invitée et "Chairwoman"**.
9. « Chromatin Dynamics at the onset of gene activation during flower development ». **Workshop on Molecular Mechanisms controlling flower development**. Giens (France), Juin 2013. **Oratrice plénière invitée**.
8. « Developmental programs and cell fates in plants: from genetics to epigenetics ». **1st Chromatin, Transcription and Epigenetics Meeting**. Grenoble (France), Mars 2012. **Oratrice invitée**.
7. « Regulation of cell fate in plants: Chromatin dynamics at the floral meristem ». **EuroEpiStem: European Epigenomics and Stem Cells Meeting**. Paris (France), Nov 2011. **Oratrice plénière invitée**.
6. « ULTRAPETALA1 and chromatin dynamics at the floral meristem ». **European Workshop in Plant Chromatin II**. Versailles (France), Sept 2011. **Oratrice plénière invitée**.
5. " ULTRAPETALA1 regulates floral meristem determinacy and functions as an activator of the *AGAMOUS* pathway". **Mechanisms in Plant Development. FASEB Summer Research Conference**. Vermont Acad. (USA), Août 2006.
4. " Functions of ULTRAPETALA in shoot meristem and flower development ". **Mechanisms in Plant Development. FASEB Summer Research Conference**. Vermont Acad. (USA), Août 2004.
3. " Research and study of a factor that regulates *Em* gene expression in *Arabidopsis thaliana* ". **ABA signalling. EEC Project Annual Meeting**. Munich (Allemagne), Nov1999.
2. " Identification and characterisation of ABA signal transduction components ". **ABA signalling. EEC Project Annual Meeting**. Gif-sur-Yvette (France), Déc 1998.
1. " Looking for new factors involved in *Em* gene expression ". **13th Meeting of Plant Molecular Biology** (European Associated Laboratories), Banyoles (Espagne), Oct 1998.

Séminaires et cours invités (depuis 2011)

13. « Chromatin Dynamics in Plants: At the Crossroad of Genetics and Epigenetics ». Cours invité pour étudiants de Licence (Génétique du développement des plantes, intitulé « Characterization of mutants affected in plant development »), **Université Miguel Hernandez, Elche (Espagne)**. Mai 2024. En distanciel, financé par l'Ambassade

de France en Espagne (subvention : 1 000 euros).

12. « Chromatin Dynamics at the Onset of Plant Developmental Programs », **Institute of Plant Sciences, Cell Biology and Plant Biochemistry, University of Regensburg** (Allemagne), Décembre 2017. *Séminaire invité* (hôte: K. Grasser).
11. « Chromatin Dynamics at the Onset of Plant Developmental Programs », **IBMP Strasbourg** (France), Octobre 2017. *Séminaire invité* (hôte: K. Hammani).
10. « ULTRAPETALA1 and Chromatin Dynamics at the Onset of Gene Activation », **CRAG Barcelona** (Spain), Mai 2017. *Séminaire invité* (hôte: E. Monte & J-L. Riechmann).
9. « ULTRAPETALA1 and Chromatin Dynamics at the Onset of Gene Activation », **Swammerdam Institute for Life Sciences, University of Amsterdam** (Netherlands), Mars 2017. *Séminaire invité* (hôte: R. Koes).
8. « Chromatin and plant development: Insights from flower morphogenesis », **Ecole Normale Supérieure (ENS)**, Lyon (France), Juin 2016. *Conférence invitée pour étudiants de Master (Mechanisms of Development in Plants and Animals, M2 International Course)*.
7. « ULTRAPETALA1 and Chromatin Dynamics at the Onset of Gene Activation », **Ecole Normale Supérieure (ENS)**, Lyon (France), Juin 2016. **Plant Reproduction and Development Laboratory**, Lyon (France), Juin 2016. *Séminaire invité* (hôte: C. Tréhin).
6. « Chromatin Dynamics and cell fate specification during flower development ». **IBENS Paris** (France), Février 2015. *Séminaire invité* (hôte: F. Barnèche).
5. « Chromatin Dynamics and cell fate specification in plants : from genetics to epigenetics ». **Trinity College Dublin** (Irlande), Jan 2015. *Séminaire invité* (hôte: F. Wellmer).
4. « Chromatin Dynamics at the onset of gene activation : from genetics to epigenetics ». **Botanical Institute, Basel University**. (Switzerland), Jan 2014. *Séminaire invité* (hôte: E. Bucher).
3. « Chromatin Dynamics at the onset of gene activation : from genetics to epigenetics ». **Institute of Biochemistry and Biology, Postdam University**. (Allemagne), Oct 2013. *Conférence invitée pour étudiants de Master et Séminaire d'Institut* (hôte: K. Kaufmann).
2. « Chromatin Dynamics and cell fates in plants: from genetics to epigenetics ». **Plant Research International. Wageningen** (Pays-bas), Jan 2013. *Séminaire invité* (hôte: G. Angenent).
1. « Developmental programs and cell fates: from genetics to epigenetics ». **Laboratoire Reproduction et Développement des Plantes**. Lyon (France), Sept 2011. *Séminaire invité*.

Posters

(*: presentateur-trice ; les noms des membres du groupe *ChromDev* sont soulignés)

1. Geshkovski V*, Blanco C., Le Masson M., Laroussi H., Kadlec J., Carles C. and Vachon G. ULT1 is a PRC2 dependent RNA binding protein and regulates indeterminacy. *Post-transcriptional Gene Regulation in Plants meeting, Banyuls-sur-mer*, Sept 2024
2. Turchi L.*, Geshkovski V., Engelhorn J., Thouly C., Holzinger P., Grasser K., Vachon G., Carles C. ULTRAPETALA1 influences the DNA methylation landscape in *Arabidopsis thaliana*. *EPIPLANT 2024, Clermont-Ferrand* (France), 2024, July
3. M. Le Masson*, V. Geshkovski , K. Fal , G. Vachon , C.C. Carles. Imaging on Plant Tissues and Organs: from tissue patterning to molecular labelling. *APIS Lautaret Alpine Garden, Villar d'Arene* (France), Sept 2024.
4. Geshkovski V*, Izquierdo J. B., Engelhorn J., Brugière S., Kadlec J., Vachon G. and Carles C. Chromatin switches in plants: Molecular mechanisms of the ULTRAPETALA1 protein. *EDCSV Day, Grenoble* (France), 2023, September
5. Le Masson M.* and Carles C. Plant tissue and organ imaging platform. *48h GRAL, Autrans (France)*, 2023, March
6. Geshkovski V.*, Izquierdo J-B., Engelhorn J., Brugière S., Kadlec J., Pflieger D., Vachon G. and Carles C. Chromatin switches in plants: Molecular mechanisms of the ULTRAPETALA1 protein. *48h GRAL, Autrans* (France), 2023, March

7. Geshkovski V.*, Izquierdo J.B., Brugière S., Kadlec J., Pflieger D., Vachon G. and Carles C. Chromatin switches in plants: Molecular mechanisms of the ULTRAPETALA1 protein. ***EPIPLANT meeting on Plant Epigenetics, Banyuls sur mer (France)***, 2022, June 22-24
8. Fal K.*, Le Masson M., Chabouté M.E., Berr A. and Carles C. Manipulating Histone methylation in Arabidopsis with the dCas9 tool: de-repression of the CUC3 boundary gene as a study case. ***EPIPLANT meeting on Plant Epigenetics, Banyuls sur mer (France)***, 2022, June 22-24
9. Izquierdo J. B.*, Geshkovski V., Thouly C., Thevenon E., Vachon G., Pellegrini E., Kadlec J. and Carles C. Structural and biochemical study of the plant-specific Polycomb antagonist ULTRAPETALA1. ***7th European Workshop on Plant Chromatin, Pruhonice (Czech Republic)***, 2022, May 18-20
10. Geshkovski V.*, Izquierdo J. B., Brugière S., Kadlec J., Pflieger D., Vachon G. and Carles C. Chromatin switches in plants: Molecular mechanisms of the ULTRAPETALA1 protein. ***7th European Workshop on Plant Chromatin, Pruhonice (Czech Republic)***, 2022, May, 18-20
11. Fal K.*, Tomkova D., Le Masson M., Faigenboim A., Pano E., Ishkheli N., Moyal N.L., Villette C., M.E. Chabouté, Berr A., Williams L.E. and Carles C.C. Lysine 27 of Histone H3.3 is a fine modulator of developmental gene expression and stands as an epigenetic checkpoint for lignin biosynthesis in Arabidopsis. The ***31st International conference on Arabidopsis research ICAR, Virtual***, 2021, July 6-10
12. Izquierdo J. B.*, Geshkovski V., Vachon G., Pellegrini E., Kadlec J. and Carles C. Structural and biochemical study of the plant specific Polycomb antagonist ULTRAPETALA1. ***IBS Poster sessions, Grenoble***, 2021, 17-18 Juin
13. Thouly C.*, Engelhorn J., Le Masson M., Vachon G. and Carles C. ULTRAPETALA1 antagonizes Polycomb PRC2 function independently of the histone demethylase REF6 in Arabidopsis thaliana. ***EPIPLANT Meeting on Plant Epigenetics. Strasbourg (France)***, 2019, Février, 6-8
14. Hugouvieux V.*, Jourdain A., Da Silva C., Carles C., Parcy F. and Zubieta C. Tetramerisation of the MADS family transcription factors SEPALLATA3 and AGAMOUS is required for floral meristem determinacy in Arabidopsis. ***Biotechnology Institute of Grenoble (BIG) days. CEA Grenoble (France)***, 2017, Novembre 7
15. Pano E.*, Bauda E. and Carles C. Restricting Epigenetic Modifications in Plants (**First Prize of Best Poster**). ***iREU Workshop in Translational Chemistry. University of Bordeaux (France)***, 2017, Juillet 6-7
16. Engelhorn J.*, Blanvillain R., Pose D., Ott F., Parrinello H., Rohmer M., Schmid M. and Carles C. Genome-wide analysis of chromatin changes during trithorax-associated gene activation in plants. ***Signaling through Chromatin Symposium. Grenoble (France)***, 2015, Septembre 22-24
17. Engelhorn J.*, Blanvillain R., Pose D., Ott F., Parrinello H., Dubois E., Nidelet S., Rohmer M., Schmid M. and Carles C. Genome-wide analysis of chromatin dynamics during early flower development in Arabidopsis thaliana (**Flash presentation and Poster**). ***Workshop on Molecular Mechanisms Controlling Flower Development. Aiguablava (Espagne)***, 2015, Juin 7-11
18. Engelhorn J.*, Blanvillain R., Pose D., Ott F., Parrinello H., Dubois E., Nidelet S., Rohmer M., Schmid M. and Carles C. Genome-Wide analysis of chromatin changes during plant cell differentiation. ***3rd Max Planck Freiburg Epigenetics Meeting. Freiburg (Allemagne)***, 2014, Décembre 3-5
19. Engelhorn, J.*, Blanvillain, R., Pose, D., Ott, F., Schmid, M. and Carles, C. Genome-wide analysis of chromatin changes during early flower morphogenesis. ***3d Workshop on Molecular Mechanisms controlling Flower Development, Giens (France)***, 2013, Juin 8-11
20. Moreau, F.*, Pireyre, M., Thévenon, E., Tréhin, C. and Carles, C. Identification and characterization of partners for the Arabidopsis ULTRAPETALA1 (ULT1) transcriptional activator. ***3d Workshop on Molecular Mechanisms controlling Flower Development, Giens (France)***, 2013, Juin 8-11
21. Moreau F. *, Thévenon E., Pireyre M., Blanvillain R., Carles C. Identification of novel transcriptional activator complexes initiating morphogenetic programs in plants. ***5th International Ph.D. School in Plant Development. Certosa di Pontignano, Siena (Italie)***, 2012, Septembre 25-28
22. Blanvillain, R., Moreau, F., Thévenon, E., Pireyre, M. and Carles, C.*. Developmental programs and cell fates in plants : Chromatin dynamics at the onset of gene activation. ***10th Transcription and Chromatin EMBL Conference. Heidelberg (Allemagne)***, 2012, Août 25-28

23. Moreau F. *, Thévenon E., Pireyre M., Blanvillain R., Carles C. Identification of novel transcriptional activator complexes initiating morphogenetic programs in plants. **7ème Congrès des Jeunes Chercheurs de la Société Française de Biologie Végétale, "La biologie végétale aux sommets"**. Grenoble (France), 2012, Juillet 4-6
24. Boudière, L.*, Cataye, C., Jouhet, J., Falconet, D., Carles, C., Blanvillain, R., Nussaume, L., Desnos, T., Rousseau, B., Lopez, R., Cintrat, J. C., Block, M. A. and Maréchal, E. Search for genes involved in membrane lipid homeostasis in *Arabidopsis thaliana* based on a screening of EMS mutants resisting to an inhibitor of galactolipid synthesis. **8ème Congrès de lipidomique GERLI. Lyon (France)**, 2011, Octobre 26-28
25. Blanvillain, R., Thévenon, E., Parcy, F., Fletcher, J. and Carles, C.*. Regulation of cell fate during floral organogenesis: Role of the chromatin factor ULTRAPETALA1 in gene activation. **First EMBO Workshop "Histone Variants and Genome Regulation"**, IGBMC. Strasbourg (France), 2011, Octobre 12-14
26. Blanvillain, R. *, Thévenon, E., Parcy, F., Fletcher, J. and Carles, C.*. Regulation of cell fate during floral organogenesis: Role of the chromatin factor ULTRAPETALA1 in gene activation. **2d Workshop on Molecular Mechanisms controlling Flower Development, Maratea (Italie)**, 2011, Juin 14-17
27. Carles, C. * and Fletcher, J.C. The SAND domain protein ULTRAPETALA1 acts as a trithorax group factor to regulate cell fate in plants. **Gordon Research Conference on Epigenetics, Holderness, NH (USA)**, 2009, Août 9-14


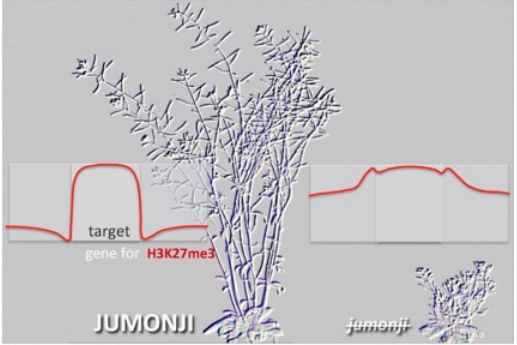
Diffusion au public


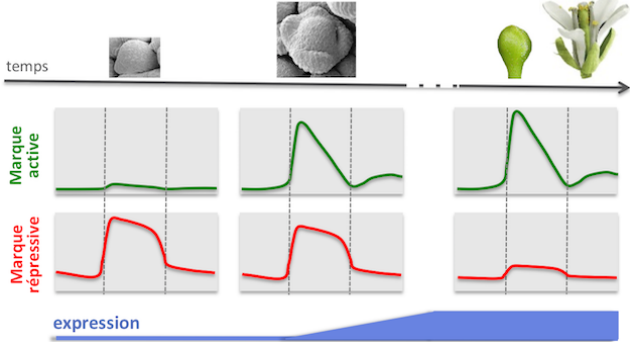
Exposition Art-Science Reg'Arts (gare de Grenoble, été 2024) : Photographies visant à éveiller la curiosité du grand public (projet ANR REWIRE, communication CNRS) ; <https://www.alpes.cnrs.fr/fr/cnrsinfo/exposition-regarts>.

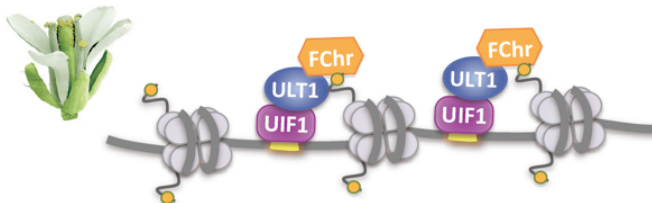
DETAIL DE 5 PUBLICATIONS RECENTES

(*auteure pour correspondance, **co-direction de l'étude (collaboration), auteurs de mon groupe de recherche)

TITRE	1. Dynamic control of enhancer activity drives stage-specific gene expression during flower morphogenesis.
RÉFÉRENCE	Yan W, Chen D, Schumacher J, Durantini D, <u>Engelhorn J</u> , Chen M, Carles C* , Kaufmann K. (2019). <i>Nature Communications</i> , 10(1):1705.
RÉSUMÉ	<p><u>Résumé</u> : Les <i>enhancers</i> sont essentiels à l'expression de gènes spécifiques de stades développementaux, mais leur régulation dynamique dans les plantes est mal comprise. En comparant la localisation de la marque épigénétique H3K27ac (acétylation de la Lysine 27 de l'Histone 3), l'accessibilité de la chromatine et les changements transcriptomiques pendant le développement de la fleur chez <i>Arabidopsis</i>, nous avons observé qu'H3K27ac marque principalement les régions proximales des promoteurs, indiquant qu'elle n'est pas une marque caractéristique des <i>enhancers</i> chez <i>Arabidopsis</i>. Nous démontrons <i>in silico</i> et expérimentalement que ce sont plutôt les sites distaux d'hypersensibilité à la DNase I qui sont prédictifs des <i>enhancers</i>. Ces derniers sont très spécifiques du stade floral, associés aux SNPs (<i>Single Nucleotide Polymorphisms</i>) et conservés parmi les espèces de crucifères. Par l'analyse intégrée de nos données épigénétiques avec un ensemble de données génomiques pour liaison de facteurs de transcription (FTs), nous découvrons que les FTs floraux spécifiques de stades sont fortement enrichis aux <i>enhancers</i> dynamiques au cours du développement. Notre étude donne un aperçu de la flexibilité fonctionnelle des <i>enhancers</i> au cours du développement des plantes, ainsi que des indications pour les annoter.</p> <p><u>Impact</u> : Nous avons découvert un rôle clé et nouveau pour H3K27ac dans la régulation de gènes développementaux, et leur spécificité probablement liée au génome dense d'Arabidopsis. Nous proposons aussi une méthode de prédiction des enhancers par test à la DNaseI.</p> <p><u>Contribution</u> : J'ai conçu avec K. Kaufmann l'étude et l'approche expérimentale (conditions d'induction du développement floral, identiques à celles utilisées dans Engelhorn <i>et al</i>, 2017, voir article 3 ci-dessous). J'ai généré avec J. Engelhorn, post-doctorante dans mon groupe de recherche, le jeu de données CHIP-seq sur H3 et contribué à la rédaction du manuscrit.</p>
TITRE	2. Dynamic and spatial restriction of Polycomb activity by plant histone demethylases.
RÉFÉRENCE	Yan W, Chen D, Smaczniak C, <u>Engelhorn J</u> , Liu H, Yang Y, Graf A, Carles CC* , Zhou DX, Kaufmann K (2018). <i>Nature Plants</i> , 4(9):681-689.
RÉSUMÉ	<p><u>Résumé</u> : Les modifications ciblées de la chromatine sur des milliers de gènes sont essentielles au développement eucaryote. RELATIVE OF EARLY FLOWERING 6 (REF6) est une déméthylase d'histone de type <i>Jumonji</i> qui s'oppose à la régulation de gènes par le Complexe Répressif Polycomb PRC2 dans les plantes, et qui peut sélectionner ses sites de liaison de manière directe et spécifique de la séquence ciblée. Nous montrons ici que REF6 et ses deux proches paralogues déterminent les limites spatiales dans le génome de la marque épigénétique répressive H3K27me3 (triméthylation de la Lysine 27 de l'Histone 3) et libèrent aussi des cibles de PRC2 de la répression. Par mutagenèse ciblée (CRISPR-Cas9) des <i>Jumonij</i>, nous révélons que ces histones déméthylases ont des fonctions pléiotropes et redondantes dans le développement des plantes, dont plusieurs dépendent d'un recrutement par des facteurs <i>trans</i>.</p> <p>Ainsi, les déméthylases <i>Jumonji</i> limitent les domaines chromatiniens répressifs et contribuent à l'activation de gènes spécifiques par divers mécanismes de ciblage.</p>

	<p><u>Diffusion large public, publiée dans la lettre scientifique DRF du CEA :</u></p> <p>Epigénétique : contrôler l'accès aux gènes. <i>La pelote d'ADN s'ouvre et se ferme au gré d'un ballet de marques épigénétiques dont l'organisation reste mystérieuse. Des chercheurs de BIG y apportent un éclairage chez la plante.</i></p>  <p>Ce n'est pas parce que les cellules sont dotées d'un même patrimoine génétique qu'elles auront le même parcours : Les cellules souches peuvent se différencier en types aussi différents qu'une cellule de muscle, de peau ou qu'un neurone chez les animaux, ou qu'une cellule de racine, de feuille ou de fleur chez les plantes. Le devenir des cellules est gouverné par ce que l'on appelle l'épigénétique. Des marques apposées sur la pelote d'ADN (la chromatine) lui permettent de s'ouvrir et de laisser les gènes s'exprimer ou, au contraire, de densifier la pelote et de les museler (marques répressives). « Les mécanismes qui régulent la dynamique de ces marques et construisent par là-même le plan d'organisation d'un individu, restent largement mal compris », explique Christel Carles, chercheuse à BIG. Les chercheurs de BIG et leurs collaborateurs se sont intéressés aux enzymes de la famille <i>Jumonji</i> (« croix » en japonais) qui assurent la libération sélective et opportune de marques répressives sur plusieurs milliers de gènes. « En dérégulant l'activité de ces enzymes par mutations, nous montrons qu'elles déterminent les limites spatiales de marques répressives dans le génome, déclare la biologiste. Une mutagenèse ciblée sur les trois enzymes révèle leur rôle redondant et multiple dans le développement des plantes, impactant le développement végétatif, la croissance, la floraison et la reproduction. ».</p> <p>Impact : Cette étude apporte un nouvel éclairage sur les fonctions qui régulent finement la structure de la chromatine par retrait et restriction de marques épigénétiques, et ouvre des perspectives dans la compréhension des mécanismes d'activation des gènes développementaux.</p> <p>Contribution : Dans cette étude j'ai, avec J. Engelhorn, généré les données ChIP-seq sur H3K27me3 dans le mutant <i>ref6</i>, et contribué à l'analyse des données et à l'écriture de l'article.</p> 
TITRE	3. Dynamics of H3K4me3 chromatin marks prevails over H3K27me3 for gene regulation during flower morphogenesis in <i>Arabidopsis thaliana</i> .
RÉFÉRENCE	<u>Engelhorn J, Blanvillain R, Kröner C, Parrinello H, Rohmer M, Pose D, Ott F, Schmid M, C.C. Carles* (2017).</u> <i>Epigenomes</i> , 1(2), 8; doi:10.3390/epigenomes1020008.
RÉSUMÉ	<p>Résumé : L'organogenèse continue des plantes implique l'expression séquentielle et spécifique des gènes du développement. Cela nécessite les activités des complexes des groupes antagonistes Polycomb et trithorax, respectivement responsables de la triméthylation répressive de l'histone 3 à la lysine 27 (marque H3K27me3) et de la triméthylation activatrice à la lysine 4 (marque H3K4me3). Cependant, la dynamique globale de ces marques histones au cours des processus de développement demeure inconnue. Nous les présentons ici ainsi que les dynamiques d'expression génique, dans une série développementale incluant trois stades de morphogenèse florale. Nous observons que les niveaux de marques sont très variables au fil du développement de la fleur, sur près de la moitié des gènes d'<i>Arabidopsis</i>. De plus, les changements en H3K4me3 sont les plus précoces et quantitativement corrélés aux changements d'expression, tandis que les changements en H3K27me3 interviennent plus tard. Nos résultats révèlent que la marque H3K4me3 est prédictive des changements d'expression génique et soulignent la pertinence des analyses épigénomiques temporelles sur tissus spécifiques pour révéler des mécanismes chromatiniens inattendus dans la régulation des gènes.</p>

	<p><u>Diffusion large public, publiée dans la lettre scientifique DRF du CEA :</u></p> <p>Corolle ou calice? <i>Des chercheurs de l'Institut BIG montrent comment les cellules souches florales se différencient pour former une fleur : Une régulation épigénétique qui bouscule les modèles canoniques.</i></p>  <p>La construction d'une fleur est fascinante : les quatre types d'organes très différents qui la composent émergent d'une même structure microscopique composée de cellules souches à l'origine toutes identiques. La différenciation de ces cellules est contrôlée par les marques épigénétiques qui s'apposent à son ADN. Ces marques régulent la lecture de gènes spécifiques qui permettront l'élaboration d'un pétale, d'un pistil, d'une étamine ou d'un calice ! Mais comment ces marques sont-elles orchestrées ? Il existe des marques « permissives » qui donnent accès aux gènes et d'autres au contraire « répressives ». Chez les animaux, les modèles canoniques penchent pour leur présence simultanée sur les gènes développementaux dans les cellules souches embryonnaires. La lecture de ces gènes pour différenciation est initiée lorsque la marque répressive s'en va. Des chercheurs de BIG montrent que ce n'est pas toujours le cas, en particulier chez les plantes. En effet, un suivi à l'échelle du génome de la plante <i>Arabidopsis</i> montre que la marque permissive pourrait donner le « la » en initiant la lecture des gènes et la différenciation. La marque répressive semble elle moins directive, changeant plus tard, au fil des divisions et différenciations cellulaires.</p> <p>Impact : Ces découvertes mettent en évidence le caractère pionnier d'une marque épigénétique dans la régulation des gènes du développement et remettent en cause les modèles canoniques préétablis dans les cellules souches animales, dans lesquels la perte en marque répressive conditionne l'activation des gènes impliqués dans la différenciation cellulaire.</p>  <p>Contribution : Cette étude, conçue dans le cadre de l'ANR JCJC <i>ChromFlow</i>, a été entièrement conduite sous ma supervision, sur les plans conceptuel, stratégique et analytique. J'ai accompagné J. Engelhorn et R. Blanvillain dans les réalisations expérimentales et interprétations et j'ai rédigé le manuscrit avec leur aide.</p>
<p>TITRE</p>	<p>4. The Myb-domain protein ULTRAPETALA1 INTERACTING FACTOR 1 controls floral meristem activities in <i>Arabidopsis</i>.</p>
<p>RÉFÉRENCE</p>	<p>Moreau F, Thevenon E, Blanvillain R, Lopez-Vidriero I, Franco-Zorrilla JM, Dumas R, Parcy F, Morel P, Trehin C and Carles CC* (2016). <i>Development</i>, 143(7):1108-19.</p>
<p>RÉSUMÉ</p>	<p>Résumé : Les plantes supérieures produisent continuellement et de façon itérative de nouveaux organes tels que les feuilles, tiges et fleurs. Ces organes émergent à partir de méristèmes apicaux dont l'homéostasie dépend de la coordination entre l'auto-renouvellement et la différenciation des cellules souches. Cette coordination est précisément contrôlée par le facteur de transcription central WUSCHEL (WUS), nécessaire et suffisant pour la spécification des cellules souches chez <i>Arabidopsis</i>. ULTRAPETALA1 (ULT1) a été identifié comme régulateur négatif de l'expression de WUS. Cependant, les mécanismes moléculaires sous-jacents à cette régulation restent inconnus. La protéine ULT1 contient un domaine putatif de liaison à l'ADN (SAND) et une B-box, potentiel domaine d'interaction protéique. Nous caractérisons ici un nouveau partenaire d'ULT1, nommé ULT1 INTERACTING FACTOR 1 (UIF1), qui contient un domaine Myb et un motif EAR. UIF1 et ULT1 fonctionnent dans la même voie pour réguler le nombre d'organes floraux. UIF1 a une activité de liaison à l'ADN et se lie aux éléments régulateurs <i>cis</i> de WUS. Nous apportons la preuve génétique et moléculaire qu'UIF1 et ULT1 travaillent ensemble dans l'homéostasie du méristème floral, probablement par répression directe de WUS.</p>

	<p><u>Diffusion large public, publiée dans la lettre scientifique de l'Institut IRIG : ULTRAPETALA1 : Un partenaire lui fait une fleur en liant spécifiquement l'ADN de ses cibles</u></p> <p><i>La mise en place des pièces reproductrices est une transition cruciale dans le cycle de vie des plantes annuelles. Elle opère par des changements d'expression de gènes. Dans le noyau de la cellule, l'ADN est intimement associé aux protéines histones pour former la chromatine qui, selon sa conformation, rend l'accès aux gènes plus ou moins facile. Les remodeleurs chromatinien régulent cette accessibilité, alors que les facteurs de transcription reconnaissent spécifiquement la séquence ADN de gènes cibles. Bien que ces deux types de facteurs soient largement étudiés, on comprend peu comment ils régulent de concert la transcription.</i> Un nouvel élément a été apporté à cette question, par l'étude d'ULT1 INTERACTING FACTOR1 (UIF1) chez la plante Arabidopsis. C. Carles et ses collaborateurs avaient précédemment montré qu'ULTRAPETALA1 (ULT1) est requis pour un développement floral correct : Lorsqu'ULT1 est inactif, la fleur produit un excédent de pièces florales. Ils avaient également découvert qu'ULT1 régule l'expression de gènes développementaux en interagissant avec des facteurs chromatinien. Cependant, la façon dont ULT1 reconnait et régule ses cibles restait une énigme, jusqu'à la découverte du facteur de transcription UIF1. UIF1, qui interagit physiquement avec ULT1, se lie à l'ADN selon une séquence spécifique, et agit comme répresseur de la transcription.</p> <p>Impact : Cette découverte révèle le rôle connecteur d'ULT1 entre facteurs de transcription et chromatinien, pour la régulation de gènes floraux. Parce que les grandes fonctions régulant les gènes sont conservées entre plantes et animaux, ces travaux apportent un nouvel éclairage sur leur mode de connexion chez les eucaryotes.</p>  <p>Contribution : Cette étude, conçue dans le cadre de mon ANR JCJC <i>ChromFlow</i>, a été développée sous ma direction, avec co-supervision par C. Tréhin du Laboratoire RDP de l'ENS Lyon (collaboration). J'ai accompagné F. Moreau, E. Thévenon et R. Blanvillain dans les dessins et interprétations expérimentaux, et rédigé le manuscrit avec leur aide.</p>
<p>TITRE</p>	<p>5. Characterization of MADS-domain transcription factor complexes in Arabidopsis flower development.</p>
<p>RÉFÉRENCE</p>	<p>C. Smaczniak, R.G.H. Immink, J.M. Muino, R. Blanvillain, M. Busscher, J. Busscher-Lange, Q.D.P. Dinh, S. Liu, A.H. Westphal, S. Boeren, F. Parcy, L. Xu, C.C. Carles, G.C. Angenent, K. Kaufmann (2012). <i>Proc Natl Acad Sci USA</i>. 109(5):1560-5.</p>
<p>RÉSUMÉ</p>	<p>Résumé : Les identités des organes floraux sont spécifiées par l'action combinatoire des facteurs de transcription à domaine MADS, mais les mécanismes par lesquels ces protéines activent ou répriment l'expression de gènes cibles, et la nature de leurs cofacteurs sont encore largement inconnus. Nous montrons ici, par purification par affinité et spectrométrie de masse, que cinq protéines MADS interagissent dans les tissus floraux comme le propose le modèle du "quartet floral". Les tests <i>in situ</i> de complémentation bimoléculaire par fluorescence démontrent que les protéines MADS interagissent dans les méristèmes floraux en développement. Par une approche protéomique, nous avons établi un interactome pour les protéines MADS, qui soutient fortement un lien mécanistique avec les remodeleurs de la chromatine. Des membres d'autres familles de facteurs de transcription ont été identifiés comme partenaires des protéines MADS, indiquant divers modes d'action combinatoires et spécifiques.</p> <p>Impact : Il s'agit de la première identification <i>in situ</i> d'une interaction entre des facteurs de transcription (les fameux MADS) et des facteurs chromatinien. Cité par 374.</p> <p>Contribution : Avec R. Blanvillain, j'ai analysé l'abondance de la marque H3K27me3 aux gènes MADS (ChIP-qPCR), et contribué à l'écriture de l'article.</p>

MOBILITE AU COURS DE LA CARRIERE

MOBILITÉ THÉMATIQUE :

J'ai débuté ma carrière de jeune chercheuse par des approches de **génétique directe** pour découvrir et caractériser des régulateurs de la maturation des graines (doctorat), puis j'ai transité vers le développement de cœur (établissement du plan d'organisation de la plante) par l'étude de facteurs de l'organogenèse à l'apex et de l'architecture florale (post-doctorat). Mes dernières découvertes de post-doctorat relatant à l'**épigénétique** et à la biologie de la chromatine, j'en ai créé une nouvelle niche de recherche à ma prise de fonctions à l'UGA, et j'y consacre maintenant mes investigations avec des questions mécanistiques, qui incluent des **approches haut débit (épigénomique et interactomique)**. Récemment, j'ai initié une stratégie de **biologie structurale intégrative** en établissant divers partenariats internationaux, nationaux et locaux, en particulier dans le cadre d'une collaboration avec l'Institut de Biologie Structurale (IBS) voisin.

MOBILITÉ GÉOGRAPHIQUE :

Après un doctorat suivi d'un demi-poste d'ATER à l'**Université de Perpignan**, dans le Laboratoire Génome et Développement des Plantes (LGDP, équipe de M. Delseny), je suis partie 8 ans au Plant Gene Expression Center (équipe de J. Fletcher), en tant que Post-doctorante puis Chargée de Recherches pour le Département *Plant and Microbiology* de l'**UC Berkeley (Etats-Unis)**. Retournée en France sur un CDD de Chargée de Recherches à l'Institut de Recherche et Développement (**IRD**) de **Montpellier** (équipe de C. Brugidou), j'ai été engagée 1 an après comme Maître de Conférence à l'**Université Joseph Fourier (UJF)**, bénéficiant pour 5 années d'une Chaire d'excellence CNRS. J'y ai créé le groupe de recherche *ChromDev* au sein de l'équipe « Régulateurs Floraux » (*Flo_RE*, resp. F. Parcy) du Laboratoire de Physiologie Cellulaire et Végétale (LPCV), basé sur le site du CEA Grenoble. Après décision politique du CNRS de ne renouveler aucune chaire, l'Université Grenoble Alpes (UGA) qui venait de se créer m'a accordé une Chaire locale « Initiative Universitaire Alpes » (IUA) pour 3 ans supplémentaires. Ma dernière mobilité correspond à l'émergence, en décembre 2018, de mon groupe de recherche **ChromDev** en **nouvelle équipe du laboratoire LPCV**, au sein du nouvel **Institut de Recherche Interdisciplinaire de Grenoble (IRIG)** du CEA.