

L'origine des Plantes à fleurs

Un monde sans fleurs ? Inimaginable. Les plantes à fleur peuplent notre univers, elles nous nourrissent, nous émerveillent, nous aident à séduire...

Pourtant, elles n'ont pas toujours existé ! Elles sont apparues il y a " seulement " 150 millions d'années, mais elles ont rapidement colonisé la planète. Il en existe aujourd'hui près de 400 000 espèces différentes. Ce succès évolutif aussi brutal que fulgurant fut qualifié " d'abominable mystère " par Charles Darwin lui-même, le père de la théorie de l'évolution.

L'enquête scientifique dure depuis 200 ans mais la science a récemment accompli des progrès fantastiques. Le " mystère de Darwin " n'est plus aussi abominable : nous savons désormais un peu mieux comment la nature est entrée dans l'âge de la fleur.

Cette conférence sera donnée par Monsieur **François PARCY**, Directeur de Recherche au Laboratoire de Physiologie Cellulaire et Végétale (LPCV) à Grenoble



Après ses études à l'Ecole Polytechnique, François PARCY a obtenu un Doctorat en Biologie des Fleurs à Paris XI.

Après un post-doc en Californie (USA), il rejoint le CNRS.

Il effectuera encore des études en année sabbatique à l'Université de Valence (Espagne) et à l'Université de Vancouver (Canada).

Il est nommé Directeur de Recherche de 1^{ere} classe en 2015.

Il reçoit le « Grand Prix Thématique (Gautheret) » de l'Académie des Sciences de France en 2020 et la Médaille d'Argent du CNRS en 2022.

Il est également Président d'un Comité de Recrutement du CNRS.

Il a écrit de nombreux ouvrages



Il est responsable de l'équipe « **Floral Regulators** » au LPCV :



« Nous étudions le développement des fleurs au niveau moléculaire en se focalisant sur les régulations transcriptionnelles et épigénétiques qui ont lieu durant ce processus. Nous analysons en particulier sur les protéines LEAFY et ARF. Le développement de la fleur est utilisé comme un système modèle permettant de répondre aux questions générales telles que l'interaction entre les facteurs de transcription (TF) et les protéines de remodelage de la chromatine, la modélisation de la reconnaissance de séquences spécifiques d'ADN par les TF ou l'évolution des réseaux de régulation. »