

Ecole doctorale 305 « Energie Environnement »

**AVIS DE PRESENTATION DE TRAVAUX
EN VUE DE L'OBTENTION DU DOCTORAT**

Madame Khadidiatou DIOP soutiendra sa thèse le **25 septembre 2025 à 14 à 52 Av. Paul Alduy, 66100 Perpignan**, salle **Amphi 5**, un doctorat de l'Université de Perpignan Via Domitia, spécialité **Biologie**.

TITRE DE LA THESE : Cartographie des changements génétiques et épigénétiques chez les hybrides d'agrumes : Impact sur l'expression génique

RESUME : L'hybridation interspécifique est un moteur essentiel de la diversification génétique chez les plantes, mais elle confronte également deux programmes épigénétiques potentiellement incompatibles dans un même noyau. Cette reprogrammation peut affecter entre autres, l'expression des gènes, la stabilité génomique, mais aussi les réponses aux stress biotiques ou abiotiques. Les mécanismes qui sous-tendent ces changements, plus précisément l'interaction entre la méthylation de l'ADN, les petits ARN interférents et la régulation transcriptionnelle, demeurent encore peu étudiés, en particulier chez les hybrides pérennes non modèles. Dans cette thèse, nous avons étudié les changements génétiques et épigénétiques associés à l'hybridation interspécifique entre deux espèces d'agrumes très divergentes : la mandarine (*Citrus reticulata*) et le citron caviar australien (*Citrus australasica*), séparées par plus de 8 millions d'années d'évolution. Ce croisement, d'intérêt agronomique en raison de la tolérance voir résistance de *C. australasica* au Huanglongbing (HLB), fournit un modèle idéal pour explorer l'intégration des couches génomique, transcriptomique et épigénomique chez un hybride. Nous avons d'abord reconstruit les deux haplotypes parentaux de l'hybride grâce à une stratégie de trio-binning qui combine lectures longues (Nanopore) et k-mers parentaux (Illumina Tell-Seq). Grâce à cette approche, nous avons effectué une analyse haplotype-spécifique à haute résolution de la structure du génome, de l'expression des gènes, des profils de méthylation de l'ADN (via l'analyse WGBS) et des petits ARN (siARN). Nos résultats montrent une reprogrammation asymétrique de la méthylation CHH dans les promoteurs, corrélée à la présence de clusters de siRNA. Contrairement au modèle canonique où la méthylation des CHH et les siRNA sont associés à la répression transcriptionnelle via la voie RNA-directed DNA methylation (RdDM), nous observons ici une association inattendue entre méthylation CHH, présence de siRNA et gène fortement exprimés, notamment dans l'haplotype dérivé de *C. australasica*. Des analyses fonctionnelles indiquent une contribution parentale différenciée selon les catégories de gènes, avec une dominance paternelle pour les gènes impliqués dans le métabolisme et une dominance maternelle pour les gènes de réponses au stress. En somme, ce travail révèle des dynamiques complexes dans un hybride entre d'agrumes très éloignés. Elle ouvre de nouvelles perspectives sur la plasticité transcriptionnelle induite par l'hybridation, et sur le rôle des siRNA et de la méthylation CHH dans l'activation génique et qui semble s'appliquer au moins à l'ensemble des agrumes.

Directeurs de thèse :

Nathalie PICAULT, Laboratoire Génome et Développement des Plantes - Université de Perpignan Via Domitia

Frédéric PONTVIANNE, Laboratoire Génome et Développement des Plantes - Université de Perpignan Via Domitia

Laboratoire où la thèse a été préparée : Laboratoire Génome et Développement des Plantes

Le jury sera composé de :

M. Stéphane MAURY, Professeur, Université de Orléans (**Rapporteur**)

M. Philippe GALLUSCI, Professeur, Université de Bordeaux (**Rapporteur**)

Mme Nathalie PICAULT, Maîtresse de conférences, Université de Perpignan Via Domitia (**Directeur de thèse**)

M. Frédéric PONTVIANNE, Directeur de recherche, Université de Perpignan Via Domitia (**CoDirecteur de these**)

Mme Marie MIROUZE, Directeur de recherche, Université de Perpignan Via Domitia (**Examineur**)

M. Raphael MORILLON, Directeur de recherche, CIRAD montpellier (**Examineur**)