

Ecole doctorale 305 « Energie Environnement »

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

Madame Abirami SOUNDIRAMOURTTY soutiendra sa thèse le **6 décembre 2024 à 14h00** à **Université de Perpignan Via Domitia 52 av. Paul Alduy - 66860 Perpignan**, salle **Amphithéâtre 5**, un doctorat de l'Université de Perpignan Via Domitia, spécialité **Biologie**.

TITRE DE LA THESE : Etude du paysage transpositionnel et la mobilité récente des éléments transposables chez le Hêtre à l'aide du séquençage en lectures longues du mobilome et du génome et avec le développement d'outils computationnels

RESUME : L'adaptation des organismes aux changements environnementaux est devenue une question fondamentale de la recherche, en particulier face aux impacts du réchauffement climatique. Un axe clé de recherche consiste à comprendre comment les éléments génétiques sous jacent, tels que les éléments transposables (ET). Les ET sont des séquences d'ADN répétées présentes chez tous les Eucaryotes, possédant la capacité unique de se déplacer au sein du génome, un phénomène appelé transposition active. Ainsi, ils peuvent provoquer des mutations en générant des insertions polymorphiques d'ET (TIPs) entre individus, voire des insertions somatiques. En général, les ET restent inactifs grâce à des mécanismes épigénétiques qui limitent leur prolifération incontrôlée. Cependant, ils peuvent être réactivés par divers stimuli environnementaux, rendant la transposition active relativement rare. Cette mobilité des ET peut être révélée en utilisant l'ADN circulaire extrachromosomique (ADNecc) comme marqueur de transposition. Le paysage transpositionnel des TEs et leur activité récente ont été décrits chez des organismes modèles, mais restent inexploités chez les espèces pérennes comme les arbres. Cette étude vise à explorer l'activité transpositionnelle récente et la mobilité en cours des ET chez des espèces pérennes non modèles en utilisant le hêtre européen (*Fagus sylvatica*) comme notre modèle d'étude. Nous avons cherché à étudier l'activité récente des ET et leur mobilité continue en identifiant les variants causés par les ET au sein d'une population et chez un individu (à l'échelle somatique) en utilisant le séquençage du génome complet (WGS) et le séquençage du mobilome (ou ADNecc). Nous avons réalisé le séquençage WGS et du mobilome d'arbres de la forêt de Verzy, connue pour abriter des hêtres nains et tortillards, également appelés « mutants ». Ces arbres présentent des traits morphologiques instables, avec chez certains arbres de nouvelles branches qui se développent avec une forme normale. Nous avons identifié deux ET appartenant au type des Miniature Inverted Repeats Transposable Elements (MITEs), nommés SQUIRREL1 et SQUIRREL2, qui se mobilisent activement dans ces arbres, produisant une grande quantité d'ADNecc et causant même des variations somatiques. SQUIRREL1 et SQUIRREL2 sont également actifs dans les hêtres de la forêt de la Massane. De plus, dans tous ces arbres, plusieurs d'autres ET, principalement des MITEs, produisent une grande quantité d'ADNecc, bien que leur niveau d'activité semble varier en fonction des tissus, suggérant que l'activité des ET varie selon le stade de développement et indiquant une transposition dominée par les MITEs chez le hêtre. Parallèlement, nous avons étudié les TIPs dans une population de hêtres de la forêt de la Massane, une forêt ancienne classée au patrimoine mondial de l'UNESCO. En séquençant 150 arbres, nous avons cherché à comprendre comment les ET contribuent à la diversité génétique de l'ensemble de la population en détectant les TIPs générés par les Long Terminal Repeats rétrotransposons (LTR-RT) et les MITEs en utilisant le séquençage WGS. Nous avons détecté environ 30 000 TIPs de LTR-RT chez chaque individu, contre 70 000 TIPs de MITEs. La plupart de ces TIPs restent à faible fréquence mais de nombreux MITE-TIPs restent localisés près de gènes fonctionnels et conservés au sein de la population. À partir des TIPs, nous avons identifié plusieurs points chauds de variation et des régions conservées le long du génome du hêtre permettant d'abordant la structuration du génome chez cette espèce. Pour conclure, notre étude met en lumière l'importance des ET dans la structuration du paysage génomique des arbres, en particulier dans la manière dont ces éléments contribuent à l'évolution des espèces à longue durée de vie. Les recherches futures pourraient étendre ces travaux à d'autres espèces d'arbres et explorer si les schémas observés se retrouvent dans d'autres espèces d'arbres.

Directeur de thèse :

Olivier PANAUD, 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. Romain GUYOT, Directeur de recherche, Institut de recherche pour le développement (IRD) (**Rapporteur**)
- Mme Anna-Sophie FISTON-LAVIER, Professeur, University of Montpellier - ISEM (**Rapporteur**)
- M. Olivier PANAUD, Professeur, Université de Perpignan Via Domitia (**Directeur de thèse**)
- M. Frédéric PONTVIANNE, Directeur de recherche, Université de Perpignan Via Domitia (UPVD) (**Examineur**)
- M. Grzebelus DARIUSZ, Professeur, University of Agriculture in Krakow (**Examineur**)
- Mme Clémentine VITTE, Chargée de recherche, Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement (INRAE) (**Examineur**)
- Mme Marie MIROUZE, Directrice de recherche, Institut de recherche pour le développement (IRD) (**CoDirecteur de these**)