



SERVICE DE LA RECHERCHE ET DE LA VALORISATION (SRV)

Ecole doctorale 305 « Energie Environnement »

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

Madame Marie-Christine CARPENTIER EPOUSE : CARPENTIER soutiendra sa thèse le **10 septembre 2021 à 14h00** à **Université de Perpignan via Domitia 52 avenue Paul Alduy 66000 PERPIGNAN**, salle **Amphithéâtre 5**, un doctorat de l'Université de Perpignan Via Domitia, spécialité **Biologie**.

TITRE DE LA THESE : Etude de l'activité transpositionnelle chez le genre *Oryza* à l'ère des nouvelles technologies de séquençage

RESUME : Les éléments transposables (ET) sont des composants ubiquitaires des génomes eucaryotes. Ce sont des séquences d'ADN mobile, qui ont la capacité de se multiplier et de se déplacer au sein des chromosomes de la plupart de organismes vivants. Ils appartiennent à deux classes : la classe I, des rétrotransposons et la classe II, des transposons. Les rétrotransposons sont prédominants chez les plantes. Avec l'avancée des nouvelles technologies de séquençage ces dernières décennies, il est maintenant possible d'étudier l'impact structural et fonctionnel de ces éléments au sein de populations naturelles. Néanmoins par leur nature répétée, la détection des polymorphismes associés à l'activité de ces éléments est un défi conceptuel et technique. Au cours de ma thèse, j'ai développé un pipeline (TRACKPOSON) permettant la détection des insertions polymorphiques d'éléments transposables (en particulier les rétrotransposons) au sein de grand jeux de données que j'ai appliqué aux 3,000 génomes de riz disponibles. Cette étude a permis de mettre en évidence un paysage transpositionnel très dynamique au sein de l'espèce. A partir de ces résultats, afin d'identifier d'éventuels facteurs génétiques liés à l'activité transpositionnelle, une analyse d'association (GWAS) a été conduite. Celle-ci a permis de mettre en évidence la présence d'une copie « maître » de l'élément lui-même, copie nécessaire à l'activation de la transposition de la famille. Les données de polymorphismes d'insertion des ETs pour l'ensemble des 3000 génomes nous ont également permis d'élucider l'origine de la domestication du riz. Nous avons en effet pu mettre en évidence au moins trois origines génétiques distinctes de l'espèce cultivée. Dans un second temps, nous avons étudié l'impact des insertions de ces éléments transposables sur certains caractères agronomiques (TE-GWAS). Nous avons mis en évidence qu'une insertion du rétrotransposon m215-125 avait un impact significatif sur la largeur des grains des variétés de riz Indica. Grâce à l'utilisation de la technologie de séquençage "long read" Nanopore, nous avons pu caractériser la région dans laquelle se trouve l'insertion et proposons que l'allèle conférant un grain plus large proviendrait plutôt d'un événement d'introgession à partir d'un donneur qui reste à identifier, bien que nos premiers résultats suggèrent qu'il pourrait s'agir de l'espèce sauvage apparentée *O. rufipogon*. Les analyses conduites au cours de ma thèse permettent de mettre en évidence la forte contribution des éléments transposables sur la dynamique des génomes au sein de la population de 3000 variétés de riz. De plus, l'évolution constante des technologies de séquençage et le développement des outils bioinformatique associés, ouvrent maintenant de nouvelles perspectives pour l'analyse des variations structurales et en particulier l'impact des éléments transposables sur l'évolution des génomes au sein des populations. Mots-clés : éléments transposables, *Oryza sativa*, génomique, bio-informatique, grand jeux de données, nouvelles technologie de séquençage, étude d'association (GWAS)

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. Hadi QUESNEVILLE, Directeur de recherche, Unité de Recherche Génomique Info, INRAE, Versailles (**Rapporteur**)
- M. Mathias LORIEUX, Directeur de recherche, Institut de Recherche pour le Développement (**Rapporteur**)
- M. Olivier PANAUD, Professeur des universités, Université de Perpignan Via Domitia (**Directeur de thèse**)
- Mme Clémentine VITTE, Chargée de recherche, UMR Génétique Quantitative et Evolution (**Examineur**)
- M. Leandro QUADRANA, Chargé de recherche, Institut de Biologie de l'Ecole Normale Supérieure (**Examineur**)
- Mme Cécile BOUSQUET-ANTONELLI, Directrice de recherche, Laboratoire Génome et Développement des Plantes (**Examineur**)

Direction de la Recherche et de la Valorisation
52, avenue Paul Alduy - 66860 PERPIGNAN CEDEX 09
Téléphone : 04.68.66.17.36 - Email : emilie.vegara@univ-perp.fr