



## Proposition d'un sujet de stage au M2 ADAM (2020)

Titre	<b>Sur le déterminisme génétique de l'hétérostylie et de l'auto-incompatibilité à deux groupes chez les Oléacées</b>
Encadrant 1 (tel + mail)	Guillaume Besnard, guillaume.besnard@univ-tlse3.fr, 05-61-55-85-45 (ou 06-06-42-56-98)
Encadrant 2	Julia Dupin et Pauline Raimondeau
Equipe(s)	Acceptez-vous que ce sujet soit également proposé à l'itinéraire PRO ? OUI <input type="checkbox"/> NON <input checked="" type="checkbox"/>
Résumé	<p>Chez les plantes, l'auto-incompatibilité permet d'éviter l'autofécondation, cette dernière pouvant être associée à une dépression de consanguinité. Divers mécanismes d'incompatibilité ont évolué chez les plantes, tel que l'hétérostylie qui est présente dans 24 familles d'angiospermes<sup>1,2,5</sup>. Ce système est caractérisé par la coexistence de 2 ou 3 morphes floraux (distincts selon la longueur du style et des étamines) dans les populations. La position des pièces reproductives favorise l'allopollinisation, mais une auto-incompatibilité souvent associée à l'hétérostylie empêche aussi les croisements au sein du même morphe<sup>3</sup>. Par ailleurs, l'auto-incompatibilité et l'hétéromorphie sont génétiquement déterminées par la même région génomique (supergène <i>S</i>) en absence de recombinaison. Dans les espèces distyles, les individus brévistyles sont hétérozygotes (<i>Ss</i>), tandis que les longistyles sont homozygotes sur l'allèle récessif (<i>ss</i>). Chez les Oléacées, plusieurs lignées distyles sont connues, notamment chez les jasmins et forsythias. Une auto-incompatibilité à 2 groupes a aussi été reportée dans la tribu de l'olivier (<i>Oleeae</i>), mais dans un contexte homostyle<sup>9</sup>. Cette lignée d'origine polyploïde aurait ainsi perdu le dimorphisme floral tout en gardant le gène déterminant l'auto-incompatibilité à 2 groupes. La région de l'auto-incompatibilité a été récemment identifiée sur le chromosome 18 de l'olivier<sup>7</sup>, bien que le(s) gène(s) responsable(s) ne soi(en)t toujours pas connu(s). L'analyse de cette même région génomique chez <i>Noronhia</i> (<i>Oleeae</i>) a montré la présence d'un pseudogène codant un facteur de transcription (absent chez l'olivier) connu comme impliqué dans le développement des pièces florales (étamines et corolle)<sup>6,8</sup>. Nous soupçonnons donc que ce gène puisse être impliqué dans la dimorphisme floral chez les espèces distyles.</p> <p>Dans ce travail, nous allons caractériser plusieurs individus d'un jasmin distyle méditerranéen (<i>Chrysojasminum fruticans</i>)<sup>4,10</sup>. Le séquençage complet du génome (en 40x) de 4 individus collectés dans 2 populations (1 longistyle et 1 brévistyle/pop.) sera disponible ; ainsi que l'ADN de 10 individus de chaque morphe dans les 2 populations. Par ailleurs, nous disposons de données génomiques sur plus de 150 espèces d'Oléacées, dont plus de 50 <i>Jasmineae</i>. Nous analyserons la région homologue du chr. 18 de l'olivier sur quelques espèces et considérerons également tous les homologues du gène codant le facteur de transcription candidat du déterminisme de la distylie. Nous testerons aussi l'hypothèse que l'allèle <i>S</i> correspond à une région hémizygote chez la forme brévistyle comme suggéré chez <i>Primula</i><sup>8</sup>. Une analyse de génomique comparative du locus sera menée sur plusieurs espèces d'Oléacées, ainsi qu'une analyse phylogénétique des gènes présents dans la région afin de mieux comprendre l'évolution du locus et plus généralement de l'auto-incompatibilité à 2 groupes chez les Oléacées.</p> <p>L'étudiant devrait avoir des compétences en bioinformatique (ou souhaite en acquérir) et un intérêt pour l'évolution moléculaire. Ce travail sera encadré par G. Besnard, avec la participation de P. Raimondeau (PhD), J. Dupin (Post-doc), et J.D. Thompson (CEFE Montpellier).</p>
Références	<p>1. Baker HG. 1964. <i>Evolution</i> 18: 507-12; 2. Charlesworth D, Charlesworth B. 1979. <i>Am. Nat.</i> 114: 467-98; 3. Darwin C. 1862. <i>J. Linn. Soc. Lond. Bot.</i> 6: 77-96; 4. Dommée B, et al. 1992. <i>Bull. Soc. Bot. Fr.</i> 139: 223-34; 5. Dulberger R. 1992. <i>Evolution and Function of Heterostyly</i>. Springer-Verlag, Berlin, pp. 41-84; 6. Lee HL, Irish V. 2011. <i>Mol. Biol. Evol.</i> 28: 3367-80; 7. Mariotti R, et al. 2020. <i>Front. Plant Sci.</i> 10: 1760; 8. Nowak MD, et al. 2015. <i>Genome Biol.</i> 16: 12; 9. Saumitou-Laprade P, et al. 2010. <i>Science</i> 327: 1648-50; 10. Thompson JD, Dommée B. 2000. <i>New Phytol.</i> 148: 303-14.</p>