



## Proposition d'un sujet de stage au M2 ADAM (2021) -

(1 page max photo comprise)

Titre	Impact des gènes dupliqués sur l'adaptation des plantes
Encadrant 1 (tel + mail)	Pontvianne Frédéric 04 30 19 81 16 fpontvia@univ-perp.fr
Encadrant 2	Picault Nathalie
Equipe(s)	Ce sujet est proposé seulement pour l'itinéraire R
Résumé	<p>Les changements climatiques actuels et à venir ont un impact sur le développement, la croissance et la survie des plantes. Les variations structurelles génomiques (SV) représentent une source principale d'innovation génétique et moléculaire avec un potentiel élevé de modification de l'activité des gènes en modifiant la structure, le dosage ou l'emplacement des gènes (Soyk et al. 2020). Les SV font référence à des réarrangements structurels à grande échelle des génomes, classés en insertions, délétions, duplications, inversions, transpositions et translocations. Ces réarrangements sont donc polymorphes et hérités au sein d'une espèce. Des exemples concrets démontrent que les SV sont de véritables catalyseurs de l'innovation biologique au cours de l'évolution des plantes (Hull et al. 2017; Chuong et al. 2017). Dans le contexte actuel de crise climatique, exploiter l'énorme potentiel des SV en tant que source de variation génomique et épigénomique, permettra de comprendre comment les organismes font face à des environnements changeants, et quels sont les acteurs moléculaires facilitant une adaptation rapide aux nouveaux stress.</p> <p>Notre équipe a démontré qu'il était possible de stimuler l'accumulation de grands SV, conduisant à la duplication de centaines de gènes et d'éléments transposables (TE) (Lopez et al. 2021; Picart-Piccolo et al. 2020). Nous travaillons actuellement sur l'identification des voies impliquées dans l'accumulation de ces SV, ainsi que leurs conséquences sur la « fitness » de la plante, notamment dans la réponse envers les pathogènes. Dans ce cas, des approches de séquençage à lectures longues sont réalisées au laboratoire, ainsi que des analyses bioinformatiques. En parallèle, nous avons démontré que l'organisation 3D du génome avait un impact sur les sites d'apparitions des gènes dupliqués (Picart-Piccolo et al. 2020). Pour aller plus loin de ces études, nous avons développé une approche permettant de visualiser les gènes simples copies par microscopie confocale. Cette approche nous permettra de comprendre la position des gènes à l'échelle de la cellule unique, tout en travaillant dans le contexte d'une plante entière et vivante (Meschichi et al. 2021). En combinant des approches en génétique, en génomique et microscopique, ce projet a pour but de mieux comprendre le « comportement » des gènes à multiples copies et comment cela impacte sur leur expression, leur positionnement au sein du noyau, mais également le métabolisme et l'adaptation de la plante.</p> <p>Le candidat aura ainsi pour but de s'intégrer à cette thématique et bénéficiera d'une formation accès à la fois sur la biologie moléculaire et cellulaire, mais aussi en génomique et bioinformatique.</p> <p>Possibilité de poursuivre en thèse.</p> <p>Références : Chuong EB, Elde NC, Feschotte C. 2017. Regulatory activities of transposable elements: from conflicts to benefits. <i>Nat Rev Genet</i> <b>18</b>: 71–86.</p>

## Proposition d'un sujet de stage au M2 ADAM (2021) -

(1 page max photo comprise)

Hull RM, Cruz C, Jack CV, Houseley J. 2017. Environmental change drives accelerated adaptation through stimulated copy number variation. *PLoS Biol* **15**: e2001333.

Lopez FB, Fort A, Tadini L, Probst AV, McHale M, Friel J, Ryder P, Pontvianne F, Pesaresi P, Sulpice R, et al. 2021. Gene dosage compensation of rRNA transcript levels in *Arabidopsis thaliana* lines with reduced ribosomal gene copy number. *Plant Cell*.

Meschichi A, Ingouff M, Picart C, Mirouze M, Desset S, Gallardo F, Bystricky K, Picault N, Rosa S, Pontvianne F. 2021. ANCHOR: A Technical Approach to Monitor Single-Copy Locus Localization in Planta. *Front Plant Sci* **12**: 677849.

Picart-Piccolo A, Grob S, Picault N, Franek M, Llauro C, Halter T, Maier TR, Jobet E, Descombin J, Zhang P, et al. 2020. Large tandem duplications affect gene expression, 3D organization, and plant-pathogen response. *Genome Res* **30**: 1583–1592.

Soyk S, Benoit M, Lippman ZB. 2020. New Horizons for Dissecting Epistasis in Crop Quantitative Trait Variation. *Annu Rev Genet* **54**: 287–307.

Photo

