



## DIPLÔME NATIONAL DE DOCTORAT

(Arrêté du 25 mai 2016)

Date de la soutenance : **9 juillet 2018**

Nom de famille et prénom de l'auteur : **FRUCHARD Cécile**

Titre de la thèse : « Etude des chromosomes sexuels et du déterminisme du sexe chez les plantes : Comparaison des systèmes *Silene* et *Coccinia* »



### Résumé

Mots clés : Angiospermes, déterminisme du sexe, chromosomes sexuels, dioécie, séquençage long-reads, MinION, assemblage de génome *de novo*, *Silene latifolia*, *Coccinia grandis*

Bien que les sexes séparés (dioécie) soient plus rares que chez les animaux, ~15600 espèces dioïques ont évolué chez les Angiospermes (~6% de l'ensemble des espèces, ~20% des espèces cultivées). Comment le sexe de ces plantes est contrôlé est une question centrale de la biologie végétale, mais également de l'agronomie car de nombreuses plantes cultivées sont des plantes dioïques mais dont un seul sexe (généralement les femelles) présente un intérêt agronomique. Pourtant, seulement deux gènes du déterminisme du sexe ont été identifiés à ce jour chez les plantes dioïques, respectivement chez l'asperge et le kaki.

La dioécie a vraisemblablement évolué plusieurs fois chez les Angiospermes et il est possible que les gènes du déterminisme du sexe soient divers. Deux voies principales d'évolution vers la dioécie ont été identifiées. Les deux partent d'une espèce dont les fleurs sont hermaphrodites, ce qui est le régime de reproduction ancestral chez les Angiospermes, puis passent soit par un intermédiaire gynodioïque (espèce avec des individus avec des fleurs hermaphrodites et des femelles), soit par un intermédiaire monoïque (espèce avec des fleurs unisexuées mâles et femelles sur le même individu). Cette thèse a pour objet la comparaison entre deux systèmes de plantes représentant ces deux voies. Chez *Silene latifolia*, une plante dioïque bien étudiée avec des chromosomes sexuels XY, l'évolution de la dioécie s'est faite à partir de la gynodioécie. Chez *Coccinia grandis*, une Cucurbitacée ayant également des chromosomes XY, l'évolution de la dioécie est passée par la monoécie.

Chez *S. latifolia*, 3 grandes régions liées au déterminisme ont déjà été identifiées sur le chromosome Y. Pour identifier les gènes du déterminisme, nous avons choisi de le séquencer. Le séquençage des chromosomes Y est encore un défi pour la génomique. La phase d'assemblage des lectures est très difficile à cause des répétitions présentes en grand nombre sur ces chromosomes. En conséquence, les séquences complètes de chromosome Y sont très rares, et principalement disponibles chez les animaux. Afin de minimiser les problèmes d'assemblage dus aux répétitions, nous avons utilisé des techniques dites de 3<sup>ème</sup> génération (avec de grandes lectures). J'ai moi-même généré des données MinION (Oxford Nanopore) à partir d'ADN de Y depuis 2015 où la technique en était encore à ses débuts jusqu'à 2017. L'assemblage a été réalisé en combinant des données Illumina, PacBio et MinION. La qualité de cet assemblage est évaluée et discutée dans cette thèse.

Trois gènes contrôlant la monoécie ont été identifiés chez le melon et il a été proposé que ces gènes soient les gènes du déterminisme dans les espèces dioïques proches du melon comme *C. grandis*. Nous avons donc opté pour une approche gène candidat dans cette espèce. Très peu de ressources génétiques et génomiques sont disponibles chez *C. grandis*, et nous avons choisi d'utiliser SEX-DETECTOR (Muyle et al. 2016), une méthode probabiliste qui utilise des données RNA-seq pour génotyper des parents et leurs descendants, et qui infère les gènes liés au sexe sans génome de référence. Cette méthode m'a permis d'identifier 3441 gènes présents sur les chromosomes X et Y chez *C. grandis*, parmi

lesquels j'ai cherché les orthologues des gènes identifiés chez le melon afin de tester l'hypothèse proposée dans la littérature.