



Avis de Soutenance

Monsieur Mamadou Dia SOW

Aspects moléculaires et cellulaires de la biologie

Soutiendra publiquement ses travaux de thèse intitulés

Rôle fonctionnel de l'épigénétique (Méthylation de l'ADN) dans la réponse du peuplier à des variations de disponibilité en eau du sol

dirigés par Monsieur Stéphane MAURY

Soutenance prévue le mardi 17 décembre 2019 à 9h00

Lieu : 5 Rue de Carbone, 45100, Orléans

Salle : Amphi de l'IRD

Composition du jury proposé

M. Stéphane MAURY	Université d'Orléans	Directeur de thèse
Mme Jacqueline GRIMA-PETTENATI	CNRS Toulouse	Rapporteur
M. Benoit PUJOL	CNRS Perpignan	Rapporteur
M. Vincent SEGURA	INRA Montpellier	Examineur
Mme Nathalie GUIVARC'H	Université Tours	Examineur

Mots-clés : Epigénétique, Méthylation de l'ADN, Peuplier, Stress hydrique, Plasticité phénotypique, Adaptation

Résumé :

Un dépérissement du forest est observé depuis plusieurs années à l'échelle mondiale en lien avec les changements climatiques en cours. Ainsi, les arbres qui sont des organismes fixes et pérennes doivent développer des stratégies leur permettant de s'adapter constamment aux variations environnementales. Récemment, les mécanismes épigénétiques et notamment les modifications de la chromatine telles que la méthylation de l'ADN ou les modifications des histones ont été proposés comme une source possible de flexibilité lors de l'adaptation des organismes vivants aux changements climatiques. Cette thèse avait pour objectif d'évaluer le rôle de l'épigénétique (méthylation de l'ADN) dans la réponse du peuplier à la sécheresse, à trois échelles de temps : à court terme (plasticité développementale), à moyen terme (mémoire et priming) et à long terme (adaptation). Ces études se sont focalisées sur les méristèmes (apical et cambium) qui sont les centres de la morphogenèse. Pour cela, trois différentes approches ont été utilisées : corrélative, épigénétique inverse et épigénomique des populations. Le peuplier qui est un arbre modèle très sensible aux variations de disponibilité en eau du sol a été étudié aussi bien avec des populations naturelles que des hybrides et des lignées RNAi sur des dispositifs expérimentaux en serre ou pépinière. Les résultats majeurs obtenus sont : i) La méthylation de l'ADN est affectée lors du déficit hydrique dans les méristèmes, ii) les variations de la méthylation de l'ADN induites sont stables au cours du temps, iii) la méthylation de l'ADN pourrait être utilisée comme un marqueur génétique de la différenciation des populations en condition hydrique limitante, iv) la méthylation de l'ADN en contexte CG et dans une moindre mesure en CHG pourrait être utilisée comme un marqueur de la différenciation des individus et/ou des populations à l'image des marqueurs génétiques (i.e. SNPs), v) les peupliers hypométhylés (par mutation DDM1) sont plus tolérants à la sécheresse et présentent un phénotype de réponse aux pathogènes suggérant une résistance accrue à l'infection, vi) La méthylation de l'ADN peut moduler la réponse hormonale et favoriser un effet de priming. vii) la

réduction par une stratégie RNAi du niveau de méthylation de l'ADN favorise la réactivation des éléments transposables qui peuvent s'insérer dans de nouvelles régions génomiques altérant la stabilité du génome, Ces résultats proposent un rôle de la méthylation de l'ADN à l'interface entre la réponse physiologique notamment hormonale et la variation génétique en réponse à des contraintes environnementales. Ces travaux ouvrent des perspectives en amélioration et conservation des ressources génétiques forestières notamment dans le cadre du projet ANR EPITREE.