

STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE Rentrée 2016

Application d'une nouvelle méthode pour l'étude des chromosome sexuels à la plante médicinale *Cannabis sativa*

Université Claude Bernard Lyon 1

Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive UMR CNRS 5558 Villeurbanne

Encadrant : Gabriel Marais (gabriel.marais@univ-lyon1.fr), <https://lbbe.univ-lyon1.fr/-Equipe-Sexe-et-Evolution-.html>

Contexte : Environ 6% des plantes à fleur sont dioïques, c'est à dire avec des males et des femelles (Renner 2014). Parmi les plantes cultivées, 20% sont dioïques ou proviennent d'ancêtres sauvages dioïques (ex : papayer, palmier dattier, vigne, fraisier, kiwi, asperge, etc...). En général, chez ces plantes, un seul sexe (souvent les femelles) a une utilité agronomique, et on recherche soit à sélectionner les femelles à une étape précoce de la culture des plantes, soit à manipuler la détermination du sexe de manière à obtenir principalement (ou exclusivement) des femelles, et ceci afin d'éviter de dépenser des ressources pour faire pousser des males « inutiles ». Néanmoins, les mécanismes de détermination du sexe sont très mal connus chez les plantes (Bachtrog et al. 2014). Pour la plupart des plantes cultivées dioïques, on ne dispose pas de marqueurs génétiques permettant le sexage des individus avant qu'ils fleurissent et/ou les gènes du déterminisme sont inconnus, ce qui est un problème majeur pour la gestion et l'amélioration de ces plantes. Le chanvre, *Cannabis sativa*, est une de ces plantes cultivées dioïques. La culture du chanvre est en train de devenir légale dans un nombre croissant de pays qui incluent actuellement la Grande-Bretagne, le Canada, l'Australie et 23 états des USA. Cette plante produit des métabolites, notamment le tetrahydrocannabinol (THC), avec des effets thérapeutiques bien documentés (Alexander 2016). Le THC et d'autres cannabinoïdes sont exclusivement produits par les femelles. *C. sativa* a un système de détermination du sexe XY qui a été décrit d'un point de vue cytologique (Divashuk et al. 2014) et un génome de référence est disponible dans cette espèce (Van Bakel et al. 2011). Néanmoins, les séquences des chromosomes sexuels restent à obtenir et les gènes du déterminisme sont inconnus.

Objectif du stage : L'objectif du stage est d'utiliser une nouvelle méthode qui a été mise au point par notre équipe pour étudier les chromosomes XY de *C. sativa*. Cette méthode permet à partir de données RNA-seq d'une famille (parents et F1) d'identifier les gènes liés au sexe et d'avoir leurs séquences (Muyle et al. 2016). Un croisement a été réalisé par des collaborateurs russes (groupe de G. Karlov) et les parents ainsi que 5 descendants males et 5 descendants femelles vont être séquencés par le Beijing Genomics Institute (BGI) courant autonome 2016. Le stagiaire analysera les données produites à l'aide de notre outil qui est disponible sous l'environnement « user-friendly » Galaxy. Cette analyse permettra de produire un catalogue des gènes XY chez le chanvre cultivé, à intérêt immédiat pour la culture du chanvre. Ces données permettront également de comparer ce système à d'autres systèmes « plantes » en cours d'étude afin de mieux comprendre l'évolution des chromosomes sexuels chez les plantes.

Compétences : le stage permettra de compléter la formation du stagiaire en bioinformatique, génomique et évolution moléculaire.

Références :

- Alexander SP. Therapeutic potential of cannabis-related drugs. *Prog Neuropsychopharmacol Biol Psychiatry*. 2016, 64:157-66.
- Bachtrog D. et al. Sex determination: why so many ways of doing it? *PLoS Biol*. 2014. 12:e1001899.
- Divashuk MG. et al. Molecular cytogenetic characterization of the dioecious *Cannabis sativa* with an XY chromosome sex determination system. *PLoS One*. 2014. 9:e85118.
- Muyle A. et al. SEX-DETECTOR: a probabilistic approach to study sex chromosomes in non-model organisms. *Genome Biol. Evol*. 2016. accepted.
- Renner SS. The relative and absolute frequencies of angiosperm sexual systems: dioecy, monoecy, gynodioecy, and an updated online database. *American Journal of botany*. 2014. 101:1588-1596.
- Van Bakel H. et al. The draft genome and transcriptome of *Cannabis sativa*. *Genome Biol*. 2011. 12:1-18.