

Méthodes génomiques pour la recherche de gènes de détermination du sexe sur les chromosomes Y de plantes à fleurs

Equipe « Sexe et Evolution »

Encadrants :

- Hélène Badouin (helene.badouin@univ-lyon1.fr)
- Jos Käfer (jos.kafer@univ-lyon1.fr)

Parmi les 350000 plantes à fleurs, une minorité (15600 espèces) ont des sexes séparés, ce qu'on appelle la dioécie (Renner et al 2014). La dioécie a évolué plusieurs fois de manière indépendante mais les mécanismes évolutifs et les voies biologiques impliquées dans son apparition restent très peu connus. La dioécie est souvent sous contrôle génétique, et plusieurs dizaines d'espèces possèdent des chromosomes sexuels (Ming et al 2011). Ces chromosomes sexuels de plantes ont des similarités avec ceux des animaux (dégénérescence du Y, compensation de dosage), mais aussi des spécificités (le chromosome Y est souvent plus grand que le X, par exemple) qui en font des modèles intéressants pour comprendre les forces générales responsables de l'évolution de sexes séparés chez les êtres vivants.

Notre équipe contribue à l'étude des chromosomes sexuels de plantes par une combinaison d'approches bio-informatiques, génomiques et phylogénétiques. Nous avons développé des méthodes permettant d'identifier les gènes sur les chromosomes sexuels dans des données transcriptomiques (Muyle et al. GBE 2016, Käfer et al. in prep), des études de génomique intégrative explorant le lien entre histoire évolutive et évolution de caractères sélectionnés (Badouin et al. 2017, Nature; Raymond et al 2018, Nature Genetics), ou encore des approches phylogénétiques appliquées à l'évolution des systèmes de reproduction à plus grande échelle (Käfer et al 2017, Molecular Ecology).

En particulier, nous avons identifié des paires de gènes XY dans plusieurs espèces (*Silene*, *Coccinia*, *Cannabis*). L'étude de ces gènes nous a déjà permis de montrer l'existence de mécanismes de compensation de l'expression des gènes perdus sur le Y (par exemple, Muyle et al. 2018, Nature Plants). Cependant, une limite de nos méthodes est qu'elles n'identifient pas les gènes spécifiques du chromosome Y. Or, selon la théorie, c'est parmi ces gènes que doivent se trouver les gènes de déterminisme du sexe (comme c'est le cas, par exemple, du gène SRY chez les mammifères). Nous avons mis au point une méthode qui permet d'identifier la région (ou "strate évolutive") la plus ancienne au sein des chromosomes sexuels ou assimilés (Badouin et al., in prep), qui doit contenir les gènes de déterminisme.

Le but de ce stage est d'identifier les gènes spécifiques du chromosome Y, et parmi ceux-ci d'identifier des candidats pour la détermination du sexe. La méthode à mettre en place repose sur la comparaison des transcriptomes des mâles et des femelles. Il faudra identifier des séquences présentes uniquement dans les transcriptomes mâles et ne comportant pas d'hétérozygotie. Les gènes situés dans des strates évolutives anciennes seront analysés plus en détail pour leur rôle potentiel dans la détermination du sexe.

Pour cela, l'étudiant aura plusieurs jeux de données à sa disposition : les transcriptomes femelle et mâle de *Coccinia grandis* (Cucurbitaceae), une espèce avec un chromosome Y beaucoup plus grand que le X, des données RNAseq de *Cannabis sativa* (Cannabaceae), une espèce avec des chromosomes

sexuels qui sont parmi les plus vieux connus des plantes, et des transcriptomes de *Silene latifolia*, dont les chromosomes sexuels sont parmi les plus étudiés chez les plantes.

Compétences à acquérir/mettre en oeuvre : connaissances en évolution moléculaire et génétique des populations, traitement de grands jeux de données, manipulation des outils bio-informatiques sous linux (ligne de commande, utilisation d'un cluster de calcul intensif).

Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive
UMR CNRS 5558 - UCB Lyon I
Bât. Grégor Mendel
43 bd du 11 novembre 1918
69622 VILLEURBANNE cedex

Références

Badouin, H. et al. (2017) *The sunflower genome provides insights into oil metabolism, flowering and Asterid evolution*. Nature 546, 148–152.

Käfer, J., Marais, G. A., & Pannell, J. R. (2017). *On the rarity of dioecy in flowering plants*. Molecular Ecology, 26(5), 1225-1241.

Ming, R., A. Bendahmane et S. S. Renner (2011). *Sex chromosomes in land plants*. In : Annu. Rev. Plant Biol. 62, p. 485-514.

Muyle, A., **J. Käfer**, N. Zemp, S. Mousset, F. Picard et G. A. Marais (2016). *SEX-DETECTOR: A Probabilistic Approach to Study Sex Chromosomes in Non-Model Organisms*. Genome Biol. Evol. 8.8, p. 2530-2543.

Muyle, A., Zemp, N., Fruchard, C., Cegan, R., Vrana, J., Deschamps, C., ... & Marais, G. A. (2018). *Genomic imprinting mediates dosage compensation in a young plant XY system*. Nature plants, 4(9), 677.

Raymond, O.*, Gouzy, J.*, Just, J.*, **Badouin, H.***, Verdenaud, M.*, et al. (2018). *The Rosa genome provides new insights into the domestication of modern roses*. Nature Genetics 50(6), 772-777.

Renner, S. S. (2014). *The relative and absolute frequencies of angiosperm sexual systems: dioecy, monoecy, gynodioecy, and an updated online database*. Am. J. Bot. 101.10, p. 1588-1596.