

PROPOSITION D'UN PROJET DE THÈSE A L'ÉCOLE DOCTORALE « Écologie, Géosciences, Agronomie, Alimentation »

INFORMATIONS GÉNÉRALES

Titre de la thèse : Réponses (épi)génétiques de l'espèce aquatique invasive, <i>Ludwigia grandiflora</i> subsp. <i>hexapetala</i> , au changement de milieu
Acronyme : INVAGENOME
Champ disciplinaire 1 : Ecologie Champ disciplinaire 2 : Agronomie
Trois mots-clés : Invasion biologique, (Epi)génétique, Bioinformatique
Unité d'accueil : UMR DECOD
Nom, prénom du directeur de thèse (HDR indispensable): Barloy Dominique Adresse mail : dominique.barloy@agrocampus-ouest.fr Nom, prénom du co-directeur (le cas échéant) (HDR indispensable): Barloy-Hubler Frédérique Adresse mail : fhubler@univ-rennes1.fr Nom, prénom du co-encadrant de thèse 1 (le cas échéant) : Adresse mail : Nom, prénom du co-encadrant de thèse 1 (le cas échéant) : Adresse mail :
Financement (origine et montant) : ½ bourse INRAE (département ECODIV) + compléments projet ANR Clonix (INRAE) et projet FEDER (Institut Agro) (108 K€)
Contact(s) (adresse postale) : Dominique BARLOY – UMR DECOD – 65 rue de Saint Briec – 35042 Rennes Cedex
Mode de recrutement Le mode de recrutement du doctorant dépend de la nature du financement du projet de thèse. Pour identifier le mode de recrutement, veuillez consulter le site web de l'ED EGAAL - cliquez ici . Le projet de thèse ne sera pas publié si cette information est manquante. <input type="checkbox"/> Concours <input checked="" type="checkbox"/> Entretien <input type="checkbox"/> Autre (précisez) :

Toutes les rubriques de ce document doivent être remplies.

Une fois complété, merci d'enregistrer ce document au format pdf avec le nom suivant :

DESCRIPTION SCIENTIFIQUE DU PROJET DE THÈSE

Contexte socio-économique et scientifique :

Le développement d'espèces invasives, considéré au niveau international comme la troisième cause de perte de la biodiversité, représente une menace pour les écosystèmes et les agrosystèmes avec d'importantes conséquences écologiques. Lutter contre les espèces invasives est au cœur de la politique environnementale française en particulier pour les jussies, dont l'espèce *Ludwigia grandiflora* subsp. *hexapetala* (*Lgh*). Les jussies font parties des espèces invasives les plus dangereuses compte tenu des graves nuisances écologiques et socio-économiques dont elles sont responsables en France. Ainsi, l'arrêté du 2 mai 2007 en interdit la commercialisation, le transport, l'utilisation horticole et l'introduction dans le milieu naturel. *Lgh*, plante aquatique invasive, a démontré sa capacité à passer du milieu aquatique au milieu terrestre et à y survivre. Or l'adaptation génétique versus épigénétique est considérée comme un facteur potentiel dans l'adaptation rapide des espèces invasives. Comprendre les mécanismes moléculaires de la variation phénotypique d'une espèce envahissante dans son aire d'introduction et ainsi, démêler les effets de la variation génétique et de la régulation épigénétique sont cruciaux, pour pouvoir prédire le déploiement des espèces invasives en dehors de leur aire de colonisation initiale et pour fournir des recommandations de gestion des écosystèmes et agrosystèmes envahis.

Hypothèses et questions scientifiques

L'objectif central de la thèse est d'étudier les réponses (épi)génétiques de la Jussie aux changements de milieux, aquatique *versus* terrestre à partir de ressources génomiques générées à partir de données -omiques disponibles et d'origine variées chez une espèce décaploïde non modèle. Elle se déclinera en 2 questions : (Q1) Quelles stratégies mettre en place pour optimiser la création de ressources génomiques chez une espèce non modèle décaploïde ? (Q2) Comment les sources de flexibilité que sont les facteurs génétiques et épigénétiques participent-elles à l'acclimatation de la Jussie au milieu terrestre ?, associées aux hypothèses suivantes : (H1) : La capacité de *Lgh* à changer de milieux implique des réponses à la fois génétique et épigénétique, les deux contribuant à l'expression de sa plasticité phénotypique ; (H2) : Le séquençage de 3^{ème} génération permet de produire des données génomiques suffisantes pour identifier les facteurs (épi)génétiques de l'acclimatation de la jussie aux changements de milieu.

Principales étapes de la thèse et démarche

* **Année 1 (Travail sur la question Q1 ; 1^{er} draft genome de *Lgh* et 1^{ère} publication)** : (1) Appropriation des données « omiques » disponibles sur le projet (Contrôle qualité, taux de couverture, ...) et du/des pipelines défini(s) sur les génomes chloroplastiques et mitochondriaux chez *Lgh* ; (2) Travail bibliographique sur les méthodologies/stratégies de construction de génomes d'espèces non-modèles et les espèces polyploïdes ; (3) 1^{er} comité de pilotage de thèse. ; (4) Réalisation du 1^{er} draft du génome de *Lgh* (assemblage, scaffolding, annotation et exploitation des données Lpm) ; (5) Rédaction publication Draft génome.

* **Année 2 (Travail questions 1 et 2 ; 1^{er} draft transcriptome, analyse fonctionnelle ; 2nd publication)** : (1) Assemblage transcriptome *de novo* de *Lgh* ; (2) Établissement du draft

transcriptome ; (3) Rédaction publication 2 « Draft du transcriptome de *Lgh* » ; (3) Analyse différentielle du transcriptome exprimée chez les 2 morphotypes terrestre et aquatique de *Lgh* élevés en conditions aquatique et terrestre ; (4) 2nd comité de thèse.

* **Année 3 (Draft Méthylome, analyse différentielle - 3^{ème} publication - Rédaction manuscrit thèse)** : (1) Analyse des données de l'euchromatine ; (2) Réalisation d'un draft de méthylome de *Lgh* et analyse différentielle (Réalisations à Orléans) ; (3) Rédaction publication 3 ; (4) Rédaction du manuscrit de thèse.

Approches méthodologiques et techniques envisagées

Nous disposons de séquences « omiques » très variées, (1) des séquences ADN de type court et long fragments (short reads, long reads) ; (2) des séquences ARN (RNA-Seq) correspondant à des expressions différentielles de gènes chez le morphotype aquatique et le morphotype terrestre de *Lgh* ; (3) des séquences d'euchromatine (méthylome, euchromatine DNase I). Les méthodes utilisées feront appel aux champs de la bioinformatique, de l'informatique et de la génomique fonctionnelle (cf listing à l'item 'compétences').

Compétences en Bioinformatique : Utilisation et compréhension de différents logiciels d'assemblage et d'annotation de génomes et de transcriptomes ; **Compétences informatiques** : Programmation Python, Bash, R – Science collaborative (GitLab, GitHub, Markdown) ; **Compétences en génomique fonctionnelle** : Biocuration de gènes, Outils d'ontologie (GO, ..), Analyses sous R (analyses descriptives, Machine learning, ...).

ENCADREMENT DE LA THÈSE¹

Nom de l'unité d'accueil : UMR DECOD	Nom de l'équipe d'accueil : /
Nom du directeur de l'unité : Eric Petit	Nom du responsable de l'équipe : /
Coordonnées du directeur de l'unité : UMR DECOD – 65 rue de Saint Briec – 35042 Rennes Cedex	Coordonnées du responsable de l'équipe : /
Directeur de thèse Nom, prénom : BARLOY Dominique Fonction : MC HC Date d'obtention de l'HDR : 2009 Employeur : L'institut Agro Rennes Angers	

¹ Dans l'ED EGAAL, si 1 scientifique dans la direction de la thèse = 100% d'encadrement doctoral ; si 2 personnes impliquées dans la direction de la thèse = entre 50% et 70% d'encadrement doctoral pour l'HDR directeur ; si 3 personnes impliquées dans l'encadrement de la thèse : répartition :40% - 30% - 30% de l'encadrement doctoral.

Taux d'encadrement doctoral dans le présent sujet : 50%

Taux d'encadrement doctoral en cours (directions et co-directions) (%) : 0 %

Nombre de directions/co-directions de thèse en cours : 0

Co-directeur (le cas échéant)

Nom, prénom : Hubler Frédérique

Fonction : Chargée de Recherche

Date d'obtention de l'HDR : 2002

Employeur : CNRS

École doctorale de rattachement : ED EGAAL

Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet : 50%

Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) : 30%

Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours : 1

Co-encadrant de thèse 1 (le cas échéant)

Nom, prénom :

Fonction :

Titulaire de l'HDR : oui non Si oui, date d'obtention de l'HDR :

Employeur : CNRS

École doctorale de rattachement :

Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet : 50%

Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) :

Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours : 1

Co-encadrant de thèse 2 (le cas échéant)

Nom, prénom :

Fonction :

Titulaire de l'HDR : oui non Si oui, date d'obtention de l'HDR :

Employeur :

École doctorale de rattachement :

Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet :

Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) :

Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours :

Partenaire privé (si financement CIFRE, privé, ...)

Nom, prénom :

Fonction :

Entreprise :

Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet :

Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) :

Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours :

Partenaire international (si thèse en co-tutelle)

Nom, prénom :

Fonction :

Employeur :

Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet :

Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) :

Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours :

Devenir des anciens doctorants du directeur et co-directeur(s)/co-encadrant(s) de thèse (depuis 5 ans)

Nom, prénom : Genitoni Julien

Date de début et de fin de thèse : 2016-2019

Direction de thèse : Barloy Dominique

Emploi actuel, lieu : Accueil et Médiation scientifique - Médiathèque d'Angers

Contrat (post-doc, CDD, CDI) : CDD

Liste des publications issues de ce travail de thèse :

Genitoni, J., Vassaux, D., Delaunay, A., Citerne, S., Portillo Lemus, L., O., Etienne, M.-P., Renault, D., Stoeckel, S., **Barloy, D.**, Maury, S. 2020. Hypomethylation of the aquatic invasive plant, *Ludwigia grandiflora* subsp. *hexapetala* mimics the adaptive transition into the terrestrial morphotype. *Physiologia Plantarum*, 2020 Oct;170(2):280-298. doi: 10.1111/ppl.13162. Epub 2020 Aug 16. PMID: 32623739.

Marin, P., Genitoni, J., **Barloy, D.**, Maury, S., Gibert, P., Ghalambor, C., K., Vieira, C. 2019. Biological invasion: The influence of the hidden side of the (epi)genome. *Functional Ecology*, (34), 385-400

Billet, K., Genitoni, J, Bozec, M., Renault, D., **Barloy, D.**, 2017 - Aquatic and terrestrial morphotypes of the aquatic invasive plant, *Ludwigia grandiflora* show distinct morphological and metabolomic responses. *Ecology and Evolution*, DOI: 10.1002/ece3.3848.

Nom, prénom : Portillo-Lemus Luis

Date de début et de fin de thèse : 2017-2021

Direction de thèse : Barloy Dominique

Emploi actuel, lieu : ATER, Université Pharmacie Montpellier

Contrat (post-doc, CDD, CDI) : CDD

Liste des publications issues de ce travail de thèse :

Portillo Lemus, L. O., Harang, M., Bozec, M., Haury, J., Stoeckel, S., **Barloy, D.** 2021 - Late-acting self-incompatible system, preferential allogamy and delayed selfing in the heterostylous invasive populations of *Ludwigia grandiflora* subsp. *hexapetala* – PCI Ecology bioRxiv- doi: <https://doi.org/10.1101/2021.07.15.452457>..

Portillo Lemus, L.O., Bozec, M., Harang, M., Coudreuse, J., Haury, J., Stoeckel, S. and **Barloy, D.** (2021), Self-incompatibility limits sexual reproduction rather than environmental conditions in an invasive water primrose. *Plant-Environment Interactions*, 2: 74-86. <https://doi.org/10.1002/pei3.10042>

Nom, prénom : Luis ACUNA-AMADOR

Date de début et de fin de thèse : 2014-2017

Direction de thèse : Frédérique HUBLER

Emploi actuel, lieu : Maitre de conférences, Universidad de Costa Rica – San Jose. Costa Rica

Contrat (post-doc, CDD, CDI) : CDI

Liste des publications issues de ce travail de thèse :

Acuña-Amador L, **Barloy-Hubler F.** 2020 - Porphyromonas spp. have an extensive host range in ill and healthy individuals and an unexpected environmental distribution: A systematic review and meta-analysis. 2020 Dec;66:102280. doi: 10.1016/j.anaerobe.2020.102280. Epub 2020 Oct 1. PMID: 33011277

Acuña-Amador L, Primot A, Cadieu E, Roulet A, **Barloy-Hubler F.** 2018 - Genomic repeats, misassembly and reannotation: a case study with long-read resequencing of *Porphyromonas gingivalis* reference strains. *BMC Genomics*. 2018 Jan 16;19(1):54. doi: 10.1186/s12864-017-4429-4. PMID: 29338683

Meuric V, Le Gall-David S, Boyer E, Acuña-Amador L, Martin B, Fong SB, **Barloy-Hubler F**, Bonnaure-Mallet M. 2017 - Signature of Microbial Dysbiosis in Periodontitis. *Appl Environ Microbiol*. 2017 Jun 30;83(14):e00462-17. doi: 10.1128/AEM.00462-17. Print 2017 Jul 15. PMID: 28476771

Publications majeures des 5 dernières années du directeur de thèse et co-directeur(s)/co-encadrant(s) sur le sujet de thèse : cf liste publications ci-dessus

FINANCEMENT DE LA THÈSE

Origine(s) du financement de la thèse : ½ bourse INRAE (département ECODIV) + ½ bourse sur fonds propres Institut Agro

Salaire brut mensuel : 1 975 €

État du financement de la thèse : Acquis

Date du début/durée du financement de la thèse : 01/09/2022 / 36 mois

Date : 07/06/2022

Nom, signature du directeur d'unité : Eric PETIT



Nom, signature du responsable de l'équipe : /

Nom, signature du directeur de thèse : Dominique BARLOY

