

AVIS DE SOUTENANCE DE THÈSE

DOCTORAT (Arrêté du 26 août 2022 modifiant l'arrêté du 25 mai 2016)

Madame Andréea BOUANICH

candidate au diplôme de Doctorat de l'Université d'Angers, est autorisée à soutenir publiquement sa thèse

le 24/11/2025 à 14h30

Faculté des Sciences

Bâtiment L

AMPHI L005

2, boulevard Lavoisier

49045 ANGERS Cedex 01

sur le sujet suivant :

Étude Bioinformatique Intégrative de l'évolution des génomes et épigénomes de Rosacées

Directrice de thèse : **Madame Claudine LANDÈS**

Composition du jury :

Monsieur Jean-Marc CELTON, Maître de Conférences HDR Université d'Angers, Co-directeur de thèse

Monsieur Fabrice FOUCHER, Directeur de Recherche INRAE Centre INRAE Pays de la Loire, Examinateur

Madame Claudine LANDÈS, Professeure des Universités Université d'Angers, Directrice de thèse

Madame Emmanuelle LERAT, Chargée de recherche HDR Université de Lyon 1, Rapportrice

Monsieur Jérémie LOTHIER, Professeur des Universités Université d'Angers, Examinateur

Madame Marie-Hélène MUCCHIELLI-GIORGI, Professeure des Universités Université d'Evry Paris-Saclay, Examinatrice

Monsieur Armel SALMON, Maître de Conférences HDR Université de Rennes, Rapporteur

Madame Clémentine VITTE, Chargée de Recherche HDR Centre INRAE Ile-de-France - Versailles-Saclay, Examinatrice

Monsieur Pierre BADUEL, Chargé de recherche Ecole Normale Supérieure de Paris, Membre invité



Résumé de la thèse

L'ancêtre commun du pommier et du poirier a subi une duplication complète du génome (WGD) estimée à 27 millions d'années, suivi d'une explosion d'insertion d'éléments transposables (ET) il y a 21 millions d'années. Les gènes dupliqués issus d'une WGD sont appelés des ohnologues. La distribution des loci contrôlant l'expression quantitative de traits phénotypiques (QTL) n'est pas distribuée de manière homogène sur les chromosomes dupliqués. Ce déséquilibre n'est pas dû à une différence de taux d'évolution des séquences codantes des deux copies. Des analyses de d'expression de gènes ont cependant mis en évidence des profils d'expression différentiels entre ohnologues. Dans cette thèse, nous avons mis en évidence, parmi 149 expériences RNA-seq, 828 paires de gènes pour lesquelles un des deux gènes a été identifié comme systématiquement sur-exprimé par rapport à son ohnologue (gènes "non-switching"). Notre étude a montré que les gènes non switching sous-exprimés sont enrichis en ET de type LTR, et que le différentiel d'expression est en partie lié au nombre d'insertions de LTR dans l'environnement de ces gènes. Nous avons aussi mis en évidence des profils de méthylation distincts entre les gènes sur- et sous- exprimés. Nos investigations sur le génome du poirier ont permis d'identifier également des paires non-switching chez cette espèce. Tout comme chez le pommier, les non-switching sous-exprimés sont enrichis en ET LTR dans leur environnement. L'ensemble de nos résultats soulignent l'importance des ET dans l'évolution structurale des génomes, leur implication dans la régulation du niveau d'expression des gènes, et potentiellement leur rôle dans la spéciation.