

# Thèse de doctorat

## Caractérisation de l'espace génique du chromosome 3B de blé tendre et de ses variations structurales et fonctionnelles



**Cette thèse a pour but d'étudier l'organisation de l'espace génique à l'échelle d'un chromosome entier ainsi que la relation entre structure du génome et fonction / régulation des gènes et l'évolution des gènes homéologues dans un contexte polyploïde.**

La thèse a une durée de 3 ans, de janvier 2011 à décembre 2013. Elle est effectuée à Clermont-Ferrand au sein de l'Unité Mixte de Recherche 1095 INRA – Université Blaise Pascal « Génétique, Diversité et Ecophysiologie des Céréales ». Elle bénéficie d'une bourse de thèse cofinancée par le Conseil Régional d'Auvergne et le Fonds Européen de Développement Régional, dans le cadre du Contrat de Plan Etat / Région 2007-2013. Cette thèse est labellisée par le Pôle de compétitivité Céréales Vallée.

### Contexte



**Chez le blé tendre, une plante modèle pour les génomes polyploïdes de grande taille, la distribution des gènes et l'impact de la structure du génome sur leur expression sont encore assez mal connus.**

Cependant, les travaux menés dans l'équipe « Structure, Fonction & Evolution et Génome de Blé » au cours des cinq dernières années ont permis de développer des outils et de définir des stratégies qui ouvrent aujourd'hui la voie au séquençage du premier chromosome de blé hexaploïde : le chromosome 3B (projet phare ANR 3BSEQ 2010-2013).

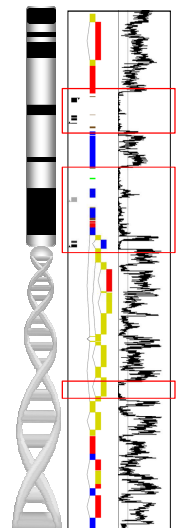
Le sujet de thèse présenté ici s'inscrit dans la cadre du projet 3BSEQ et vise à exploiter la séquence du chromosome 3B afin de caractériser le fonctionnement et l'évolution de son espace génique et ses variations.

### Objectifs

Cette thèse vise à caractériser les variations fonctionnelles et structurales de l'espace génique chez le blé tendre, en utilisant le chromosome 3B comme modèle.

Son premier objectif est d'établir une carte transcriptionnelle fine du chromosome 3B. Cette carte permettra d'affiner l'annotation des séquences à travers la validation des structures et positions de gènes ainsi qu'à travers l'identification de nouvelles unités transcriptionnelles. Les données d'expression des gènes seront également utilisées pour évaluer la participation relative des gènes homéologues issus des génomes A, B et D à la transcription globale et de mettre en évidence des phénomènes de spécialisation de gènes.

Le deuxième objectif de la thèse est d'étudier les variations structurales de l'espace génique d'une part entre génomes homéologues (A, B et D) mais également entre variétés différentes et entre blés hexaploïdes, tétraploïdes et diploïdes. Ces expériences permettront d'étudier les effets de la polyploïdisation sur le contenu génique ainsi que l'impact des variations structurales comme moteur de l'évolution et de la diversité chez le blé.



**Cette thèse permettra donc de répondre à certaines questions sur l'organisation et le fonctionnement de l'espace génique chez le blé tendre. Elle permettra également de développer de nouvelles stratégies pour mieux comprendre et exploiter la diversité génétique naturelle dans les programmes d'amélioration variétale.**