

Cette thèse vise à développer des outils d'analyse de l'épigénome chez les espèces cultivées en s'appuyant sur l'expertise du GReD acquise sur la plante modèle *Arabidopsis thaliana*.

La thèse a une durée de 3 ans, de décembre 2010 à novembre 2013. Elle sera conduite à Clermont-Ferrand, dans le laboratoire Génétique, Reproduction et Développement (GReD) en collaboration avec l'entreprise Biogemma. Elle bénéficie d'une bourse du Ministère de la Recherche dans le cadre d'une thèse CIFRE (n°817-2010). Cette thèse est labellisée par le Pôle de compétitivité Céréales Vallée.

☉ Contexte

La génétique et l'épigénétique déterminent le phénotype d'un individu au travers respectivement de variations de la séquence d'ADN (mutations) ou d'autres modifications réversibles indépendantes de la séquence d'ADN (épi-mutations). Aujourd'hui, de nombreux mécanismes épigénétiques ont été décrits et leur étude indique qu'ils jouent un rôle important dans l'expression du génome. D'autre part, l'aspect réversible des épimutations suggèrent que l'hérédité épigénétique permet à un organisme de moduler l'expression de son génome en fonction des contraintes environnementales.

☉ Objectifs

Le projet sera développé chez une espèce cultivée : **le blé**.

Le premier objectif est de développer une méthode de **suivi de la méthylation de l'ADN chez le blé**, l'un des mécanismes central de l'hérédité épigénétique. Cet objectif sera développé en priorité à partir de plateformes disponibles au niveau régional. La méthode choisie devra être extrapolable à d'autres espèces comme *Arabidopsis*, la drosophile ou les cellules humaines.



Le deuxième objectif est de **développer des lignées de blé où l'épigénome sera modifié** soit du fait de la présence de mutations soit via l'expression d'ARN Interférents contre ces mêmes gènes. Des gènes candidats seront étudiés plus précisément dans ces contextes modificateurs. Ceci permettra de caractériser le profil de méthylation de ces gènes en comparant une lignée sauvage par rapport à une lignée inductrice de modifications épigénétiques.

Enfin, à plus long terme, les lignées inductrices les plus performantes pourront être utilisées pour modifier de façon durable l'épigénome par exemple **en construisant des populations de type EpiRIL** (Epi