



Laboratoire Évolution, Génomes,
Comportement, Écologie
CNRS UMR 9191 – IRD UMR 247 –
Univ. Paris Saclay
IDEEV, 12 Route 128
91190 Gif-sur-Yvette

Tél. +33 (0)1 69 15 58 94

E-Mail : arnaud.le-rouzic@universite-paris-saclay.fr

Sujet : Offre de stage M2 : Comprendre le lien entre les éléments transposables et l'évolution du transcriptome chez le champignon pathogène *Zymoseptoria tritici*.

Contexte

Les éléments génétiques égoïstes comme les éléments transposables sont parfois domestiqués par le génome hôte, ils peuvent alors jouer un rôle significatif dans l'évolution adaptative, soit en créant de nouvelles mutations, soit en étant à l'origine de gènes dérivés des séquences codantes des éléments. En s'insérant dans les promoteurs des gènes, les éléments transposables peuvent aussi affecter leur expression ; les données récentes suggèrent que les éléments transposables peuvent modifier la régulation des gènes et le fonctionnement des réseaux de régulation de la transcription (voir Chuong et al 2017). Les éléments transposables sont connus pour jouer un rôle important dans l'évolution des champignons (Muszewska et al., 2019). Des travaux récents ont montré leur implication dans l'adaptation rapide contre la résistance mises en place par les plantes, notamment chez le champignon *Zymoseptoria tritici* (Singh et al., 2021). Nous étudions ce pathogène du blé, dont la séquence du génome est connue depuis 2011, et chez qui les familles d'éléments transposables ont été bien décrites (Goodwin, 2011 ; Dhillon, 2014). Des travaux récents ont mis en évidence une forte variation dans le contenu entre éléments transposables entre des isolats de souches naturelles (Badet et al., 2020, Lorrain et al., 2021). Malgré tout, le rôle des éléments transposables dans l'évolution de la régulation de l'expression est encore inconnu dans cette espèce. Nous avons récemment réalisé une série d'évolutions expérimentales in vitro, dans lesquelles des cellules de *Zymoseptoria tritici* ont été soumises à des températures stables ou fluctuantes (soit 17°C, soit 23°C, soit une alternance entre 17°C et 23°C tous les 2,5 jours). Un an d'élevage dans ces conditions représente environ 500 générations de reproduction asexuée. Nous avons séquencé l'ARN de 8 des 18 lignées évoluées, ainsi que leurs ancêtres, à 17°C et 23°C (40 transcriptomes en tout, en prenant en

tenant compte des deux réplicats par conditions), et nous analysons actuellement la séquence du génome avant et après évolution. Nous avons étudié l'évolution du transcriptome dans ces lignées, et nous avons identifié des gènes différemment exprimés entre les régimes de sélection stables et fluctuants. Ces gènes sont souvent localisés dans les régions du génome connues pour être riches en éléments transposables (Jallet et al, 2020); l'évolution des éléments transposables pendant cette expérience d'évolution en laboratoire reste par contre inconnue.

Objectifs

L'objectif principal de ce projet de master est d'identifier si des mutations provoquées par les mouvements des éléments transposables ont eu lieu pendant l'évolution expérimentale, et si l'expression des éléments transposables a été modifiée au cours de l'évolution. Pour atteindre cet objectif, nous proposons une approche en deux temps. Dans un premier temps, nous allons examiner la distribution et la nature des éléments transposables, et comparer ces distributions entre les génomes des ancêtres et des souches évoluées. Est-il possible d'identifier des nouvelles insertions; quelle est la nature des éléments mobiles et à quel taux ont-ils transposé pendant ces centaines de générations; est-ce que des gènes différemment exprimés sont localisés à proximité des nouvelles insertions? Dans un deuxième temps, nous étudierons la variation de l'expression des éléments transposables eux-mêmes, en partant des familles d'éléments transposables actifs identifiés à la première étape. Dans quelles régions du génome sont-ils localisés, y-a-t'il un effet du régime de sélection sur ces éléments? Quelles sont les interactions entre l'évolution de l'expression des gènes de l'hôte et l'évolution de l'expression des éléments transposables?

Profil

Une formation solide en biologie de l'évolution et en génomique est requise. L'étudiant(e) devra principalement mettre en place une série d'analyses bio-informatiques afin de détecter des variants structuraux (grandes insertions ou délétions) entre lignées. Sur la base d'un mélange de séquences Illumina et MinION (nanopore), le(la) stagiaire devra annoter les différences entre les génomes. Des connaissances en statistiques, en particulier pour détecter les gènes différemment exprimés, serait un plus. Le stage se déroulera au sein de l'Institut Diversité, Écologie, et Évolution, dans l'unité EGCE à Gif-sur-Yvette, sous la direction d'Aurélie Hua-Van (aurelie.hua-van@universite-paris-saclay.fr) et Arnaud Le Rouzic (arnaud.le-rouzic@universite-paris-saclay.fr), en étroite collaboration avec Anne Genissel (anne.genissel@inrae.fr, BIOGER).

Références bibliographiques

Badet, T., Oggenfuss, U., Abraham, L., McDonald BA. and D. Croll. 2020. A 19-isolate reference-quality global pangenome for the fungal wheat pathogen *Zymoseptoria tritici*. *BMC Biol* 18, 12 (2020)

Chuong EB., Elde NC, and C Feschotte. 2017. Regulatory activities of transposable elements : from conflicts to benefits. *Nat Rev Genet* 18, 71-86.

Dhillon B, Gill N, Hamelin RC, Goodwin SB. 2014. The landscape of transposable elements in the finished genome of the fungal wheat pathogen *Mycosphaerella*

graminicola. BMC Genomics. 15 : 1132.

Goodwin, S.B., M' Barek, S.B., Dhillon, B., Wittenberg, A.H., Crane, C.F., Hane, J.K., et al., 2011. Finished genome of the fungal wheat pathogen *Mycosphaerella graminicola* reveals dispensome structure, chromosome plasticity, and stealth pathogenesis. PLoS Genet. 7, e1002070.

Jallet A.J., Le Rouzic A. and A. Genissel. 2020. Evolution and plasticity of the transcriptome under temperature fluctuations in the fungal plant pathogen *Zygomoseptoria tritici*. Frontiers in Microbiology, 11 : 2180.

Lorrain C., Feurtey A., Möller M., Haueisen J. and E. Stukenbrock. 2021. Dynamics of transposable elements in recently diverged fungal pathogens : lineage-specific transposable element content and efficiency of genome defenses. G3 11, jkab068.

Muszewska, A., Steczkiewicz, K., Stepniewska-Dziubinska, M. and K. Ginalski. 2019. Transposable elements contribute to fungal genes and impact fungal lifestyle. Sci Rep 9, 4307.

Singh, N.K., Badet, T., Abraham, L. and D. Croll. 2021. Rapid sequence evolution driven by transposable elements at a virulence locus in a fungal wheat pathogen. BMC Genomics 22,393.

Dates du stage

Le stage est conçu pour une durée d'environ 6 mois, sur une période de référence entre Janvier en Juin 2023.

Rémunération

Gratification légale au barème du CNRS ($\simeq 600\text{€}/\text{mois}$).

Intitulé et adresse du laboratoire

Évolution, Génome, Comportement, Écologie
UMR 9191 CNRS-IRD-Univ. Paris-Saclay
12 route 128, 91190 Gif-sur-Yvette

Responsables de stage

Hua-Van, Aurélie, Professeur Paris-Saclay
Email : aurelie.hua-van@universite-paris-saclay.fr

Genissel, Anne, Chargée de recherche INRAe
Email : anne.genissel@inrae.fr
UMR BIOGER, Thiverval-Grignon

Le Rouzic, Arnaud, Chargé de recherche CNRS
Email : arnaud.le-rouzic@universite-paris-saclay.fr