

Titre : TRANS-C³ ó Le TRANScriptome du Chêne pubescent en réponse au Changement Climatique

Participants :

Porteur du projet : Equipe Diversité et Fonctionnement : des Molécules aux Ecosystèmes (DFME). IMBE - UMR CNRS 7263 / IRD 237
Aix-Marseille Université, Centre Saint-Charles - Case 4

Correspondant : Jean-Philippe MEVY. jean-philippe.mevy@imbe.fr
Tél : 04 13 55 07 66

Participant 1 : Laboratoire de génétique et biophysique des plantes (LGBP).
UMR 6191 : Biologie cellulaire et moléculaire et des plantes et bactéries
IBEB : Institut de Biologie Environnementale et Biotechnologie. CEA-CNRS.
Faculté des Sciences de Luminy, Case 901, 163 av de Luminy 13288 Marseille cedex 9

Correspondant : Stefano Caffarri. Stefano.caffarri@univ-amu.fr

Participant 2 : Transcriptomique et Génomique Marseille-Luminy (TGML).
Campus Universitaire de Luminy 13009 Marseille. TAGC U1090 Inserm, Aix Marseille Université

Correspondant : Béatrice Loriod. beatrice.loriod@inserm.fr

Participant 3 : INRA, URFM-UR629
Site Agroparc, Domaine Saint Paul
84914 Avignon cedex 9

Correspondant : Hendrik Davi. hendrik.davi@avignon.inra.fr

Partenaires impliqués :

- High throughput sequencing was performed at the TGML Platform, supported by grants from Inserm, GIS IBiSA, Aix-Marseille Université, and ANR-10-INBS-0009-10.ö
Correspondant : Béatrice Loriod.

- Plateforme de bio-informatique ABIMS. Station Biologique de Roscoff . UPMC CNRS
Correspondants : Erwan Corre et Xi Liu.

Principaux résultats

Le projet TRANS-C³ s'inscrit dans le contexte du changement global et avait pour objectif de comprendre la réponse des arbres forestiers à l'aridification du climat méditerranéen. A cette fin, les études ont été réalisées à partir du modèle du chêne pubescent sur le site de l'O3HP où la sécheresse prédite est simulée par une réduction des précipitations d'environ 30%. Précisément il s'agissait d'appréhender la réponse *in situ* de la plante à la fois en termes d'expression de gènes, de signature métabolomique et d'impact sur un processus physiologique essentiel qui est celui de la photosynthèse.

Pour répondre à la question de l'identification de gènes candidats impliqués dans la réponse à la sécheresse les analyses ont été réalisées à partir des échantillons foliaires de 20 arbres (10 en exclusion et 10 en contrôle) récoltés sur 2 dates (Printemps-Eté) soit au total 40 échantillons. Le séquençage a été réalisé par NRA-Seq en paired-end 2x75 nucléotides (Next-Seq Illumina 500). Le projet a bénéficié d'un financement complémentaire ce qui a permis de générer 1 971 431 570 x 2 reads bruts. A partir de ces données, plusieurs constructions de transcriptomes ont été réalisées en partenariat avec la plateforme de bio-informatique ABIMs.

Du fait de l'absence d'un génome de référence, nous avons pris part à un premier projet visant à la mise au point d'un pipeline d'assemblage de novo de transcriptome pour les espèces non-modèles. Un échantillon sur les 40 dont nous disposons a été exploité dans le cadre de cette étude. La vigne et le chêne pubescent partageant plus de 30.000 gènes, le pipeline mis au point a permis d'en détecter 16.326 contrairement aux 9.385 gènes de l'assemblage de novo (Ungaro et al., 2017).

Avec le clonage de génome de *Quercus robur* par l'INRA de Bordeaux, nous avons pu assembler le transcriptome de *Quercus pubescens* en référence à ce génome. Ce transcriptome a été validé et annoté : 530080 transcrits représentant 395969 "gènes trinity". 38% d'annotation *via* Uniref90 BLASTX. L'analyse de l'expression différentielle a permis d'identifier 42 transcrits impliqués dans l'adaptation du chêne blanc à l'aridification du climat avec un effet saisonnier très marqué. De même, la métabolomique ciblée sur les métabolites de la voie des acides tricarboxyliques, les sucres et les acides aminés a permis d'identifier des marqueurs chimiques comme l'acide pyroglutamique pour l'effet de l'aridité, le xylulose et le sorbitol pour l'effet saisonnier.

Nous avons aussi testé la réponse de *Q. pubescens* à l'aridification en termes de plasticité de la machinerie photosynthétique. Trois méthodes ont été utilisées : (i) par western blot pour vérifier les modifications protéiques des photosystèmes; (ii) par HPLC pour la composition pigmentaire (chlorophylles et caroténoïdes) et (iii) par la fluorimétrie à travers l'étude *in situ* de la réponse aux variations de l'intensité lumineuse. Globalement, sauf pour PsbS, les résultats indiqueraient qu'au printemps les plantes sont plus stressées que l'été avec une différence très faible entre contrôle et exclusion pour chaque saison. De même, les cinétiques des rendements quantiques (PSII) présentent des profils identiques quels que soient le traitement (contrôle/exclusion) et la saison. En revanche les mécanismes de quenching diffèrent principalement l'été.

En conclusion : Ce projet a permis d'identifier des marqueurs génétiques, biochimiques, chimiques et physiologiques de l'adaptation des plantes au changement climatique dans une approche transversale. Il a été réalisé autour de plusieurs champs disciplinaires : Génomique, Biochimie, Ecophysiologie, Chimie, Bio-informatique et Modélisation ouvrant ainsi des perspectives à des projets plus ambitieux.

Publications, congrès :

- 2017. A. Ungaro, N. Pech, J.F. Martin, R. J. Scott McCairns, **J.P. Mevy**, R. Chappaz, A. Gilles. Challenges and advances for transcriptome assembly in non-Model species. PLOS ONE. doi.org/10.1371/journal.pone.0185020.
- 2018. **J.P. Mevy**, **B. Lloriod**, N. Fernandez, **X. Liu**, **E. Corre**, M. Torres, A. Haguenaue, B. Fady, **C. Fernandez** and **T. Gauquelin**. De novo assembly of *Quercus pubescens* Wild. transcriptome and identification of differential genes involved in response to climate change (En preparation).
- 2018. **J.P. Mevy**, **A. Crépin** and **S. Caffari**. PSII photochemistry and *Quercus pubescens* Wild. response to drought (En preparation)

Suite donnée au projet (contrats plus vastes, bourses de thèse) :

Projet envisagé. ANR 2018 : Les conséquences de l'augmentation de la température sur les écosystèmes forestiers méditerranéens.