

AMÉLIORER LA RECOMBINAISON MÉIOTIQUE POUR UNE EXPLOITATION OPTIMALE DE LA DIVERSITÉ CHEZ LE COLZA *BRASSICA NAPUS L.*¹

par Alexandre PELÉ

Georges Pelletier². – La production des gamètes lors de la reproduction sexuée est précédée d'une division cellulaire particulière, la méiose qui produit quatre cellules haploïdes contenant un assortiment complet de chromosomes par « tirage aléatoire » d'un chromosome de chaque paire. Ce tirage au sort, pour être équilibré entre les quatre cellules, implique au moins un échange, ou *crossover* (CO), entre les chromosomes parentaux d'une même paire. Ces *crossovers*, qui créent de nouveaux chromosomes recombinés sont en nombre restreint et se localisent de préférence vers les parties distales des bras de chromosomes. Ces restrictions, si elles peuvent préserver des associations favorables d'allèles, limitent la capacité d'en créer de nouvelles, comme cherche à le faire un sélectionneur. La recombinaison méiotique est donc un facteur limitant de libres échanges d'allèles quand il est question d'exploiter en sélection la diversité des ressources génétiques.

Le cadre général du travail d'Alexandre Pelé est de rechercher des situations et des facteurs génétiques en mesure de repousser ces limites. Le choix s'est porté sur certaines situations d'allo-polyploïdie chez les Brassicacées, à la suite de travaux précédents dans l'équipe de recherche dirigée par la directrice de cette thèse, Madame Anne Marie Chèvre. Le colza, est un allo-tétraploïde récent, (environ 7500 ans) associant le génome AA de la navette (*B. rapa*, 20 chromosomes) et le génome CC du chou (*B. oleracea*, 18 chromosomes). Il avait été montré que le nombre de CO est plus élevé entre les chromosomes A chez le colza (AACC) que chez la navette (AA), et encore plus pour un chromosome (A n°7) dans une situation originale d'allo-triploïdie, AAC. Le travail d'Alexandre Pelé a consisté à confirmer ces résultats, à rechercher si ces phénomènes pouvaient s'étendre à tous les chromosomes et quelle en était l'ampleur, à localiser les CO supplémentaires sur les chromosomes, et à rechercher des pistes pour aborder le déterminisme génétique de cette augmentation.

Pour cela il a, à partir d'un colza (variété Darmor), obtenu des plantes où les chromosomes C sont éliminés (« extraction du génome A₁A₁ du colza), produit des navettes hybrides A₁A₂ et des allo-triploïdes A₁A₂C par croisement respectivement de A₁A₁ et de A₁A₁CC avec une navette A₂A₂ (variété Chiifu-401) et comparé par observations cytologiques leurs méioses. Les CO des méioses femelles de ces plantes ont été dénombrées et positionnés en génotypant à l'aide de 204 marqueurs SNP des 10 chromosomes A, leurs descendances en croisement avec une lignée homozygote de colza. Il a produit et analysé également les situations où le génome C, associé à un génome AA complet, est réduit à l'un ou l'autre de ses chromosomes.

Les résultats sont particulièrement convaincants.

La situation d'allo-triploïdie augmente pour tous les chromosomes A le nombre de *crossovers*, en moyenne par un facteur 3,4 avec des différences entre chromosomes qui ne reflètent que leurs différences de taille physique. Tout se passe comme si (mais cela resterait à démontrer sur le plan de la biologie des acteurs moléculaires de la méiose) la cellule avait une capacité totale de

¹ Thèse AGROCAMPUS OUEST soutenue le 14 novembre 2016.

² Membre de l'Académie d'Agriculture de France, directeur de recherche honoraire de l'INRA.

crossovers qui dépendait de la taille de son génome et que les *crossovers* qui ne peuvent pas se produire au sein du génome C, puisque chaque chromosome est unique, se reportaient sur les paires de chromosomes AA.

Plus surprenant et intéressant encore est le deuxième fait majeur de ces analyses des descendance, à savoir que les *crossovers* supplémentaires se produisent à des positions où les *crossovers* « habituels » sont rares, en particulier dans les régions centrales des chromosomes. L'ensemble des sites d'échanges entre chromosomes A possède alors une certaine homogénéité le long des chromosomes en particulier à proximité des centromères, région en général délaissée chez tous les organismes.

Enfin, d'autres analyses utilisant des plantes dont les génomes contiennent un, deux ou plus... chromosomes C et un génome AA complet ont permis de mettre en évidence le rôle décisif du chromosome C09 du chou *B. oleracea* pour expliquer entièrement la variation des profils de recombinaison entre A_1A_2 et A_1A_2C . Le chromosome 9 équivalent du colza ne montre pas (l'aurait-il perdue depuis la domestication ?) cette propriété.

Dans la perspective d'un élargissement de la diversité génétique de l'espèce *B. napus*, qui du point de vue évolutif est de fondation très récente, par recours aux espèces parentes, beaucoup plus diversifiées, que sont le chou et la navette, les résultats d'Alexandre Pelé sont particulièrement importants. Ils fournissent la clé méthodologique pour introduire dans chacun des génomes AA ou CC du colza des allèles nouveaux par le passage par des allo-triploïdes, soit AAC pour introduire la diversité génétique de la navette, soit ACC pour introduire celle du chou.

Le manuscrit est particulièrement remarquable par la qualité de l'introduction qui est une excellente synthèse des connaissances actuelles sur les mécanismes de la recombinaison méiotique, par l'exposé des résultats avec une quantité imposante de données très détaillées, et par une attention constante portée aux applications possibles en sélection végétale comme à la signification fondamentale et en terme évolutif de son travail. Il démontre une grande maturité du candidat dans la maîtrise de son sujet.

En conclusion, le travail original réalisé par Alexandre Pelé est un apport indéniable à l'analyse des mécanismes de recombinaison méiotiques et d'évolution des polyploïdes, ouvrant de nouvelles pistes de recherche comme d'application.

Articles issus de la thèse. :

- (1) PELÉ A., TROTOUX G., EBER F., LODÉ M., GILET M., *et al.* 2017. – The poor lonesome A subgenome of *Brassica napus* var. Darmor (AACC) may not survive without its mate. *New Phytologist*. **213**(4), 1886-1897.
- (2) PELÉ A., *et al.* – “A polyploid ticket to overcome the crossover number limit and dramatically reshape crossover landscapes”. Soumis à *PLOS Genetics*.