

## DIPLÔME NATIONAL DE DOCTORAT

(Arrêté du 25 mai 2016)

Date de la soutenance : **14 décembre 2023**

Nom de famille et prénom de l'auteur : **Monsieur CAVALLINI--SPEISSER Quentin**

Titre de la thèse : « *Vers une meilleure compréhension de l'identité et du développement du pétale de *Petunia* par séquençage ARN en cellule unique* »



### Résumé

Au sein du vivant, un haut niveau de contrôle et de synchronisation des mécanismes de division, croissance et différenciation cellulaire est nécessaire au bon développement des organes et à la mise en place de leurs fonctions. Identifier ces niveaux de contrôle et de synchronisation est l'une des questions centrales à la biologie du développement. Chez les angiospermes, les organes émergent à la périphérie d'organes génératifs, les méristèmes. Ces méristèmes abritent un groupe de cellules souches renouvelées constamment tant que le méristème est actif, maintenant ainsi leur fonction générative, ces méristèmes sont organisés en couches cellulaires distinctes. Les cellules végétales étant incapables de mouvement au sein des tissus du fait de leur paroi rigide, cette organisation en couches cellulaires définies est propagée et maintenue dans les organes. Chez *Petunia*, le développement du pétale est sous le contrôle de plusieurs gènes de classe B encodant des protéines à boîte MADS, dont *PhDEF*. L'absence d'expression de *PhDEF* dans la fleur en développement entraîne une conversion homéotique des pétales en sépales. Cependant, la perte de l'expression de *PhDEF* de manière couche cellulaire spécifique entraîne l'apparition de phénotypes distincts si cette perte est constatée dans l'épiderme ou dans les couches internes du pétale, suggérant l'existence de réseaux de régulation couche cellulaire spécifiques impliquant *PhDEF* nécessaires au bon développement du pétale de *Petunia*. Pendant ma thèse, j'ai montré comment le séquençage ARN en cellule unique (scRNA-Seq), une technique récente permettant une analyse transcriptomique au niveau de la cellule unique plutôt qu'au niveau de l'échantillon comme le permet le séquençage ARN classique, a révélé une hétérogénéité clef entre les différents tissus composant le pétale de *Petunia x hybrida*. En couplant scRNA-Seq, RNA-Seq et

immunoprécipitation de chromatine suivi de séquençage (ChIP-Seq) j'ai aussi identifié de potentiels cibles et partenaires couche cellulaire spécifiques de *PhDEF*. Ce travail ouvre la porte à une analyse fonctionnelle de ces gènes couche cellulaire spécifiques, et a fourni des données transcriptomiques au niveau de la cellule du pétale de *P. hybrida* sauvage et mutant, ainsi qu' un *pipeline* d'analyse *scRNA-Seq* documenté comme ressource pour la communauté de la biologie du développement végétal.