

THESE DE DOCTORAT

NANTES UNIVERSITE

ECOLE DOCTORALE N° 642

Ecole doctorale Végétal, Animal, Aliment, Mer, Environnement

Spécialité : **Biologie et écologie marine**

Par

Feng YANG

Investigating genetic and transcriptomic diversity in natural accessions of the model diatom *Phaeodactylum tricornutum* and their epigenetic mediated response to fluctuations in salinity

Thèse présentée et soutenue à Nantes, le 13 Nov 2023

Unité de recherche : US2B, CNRS UMR6286

Rapporteurs avant soutenance :

M. Dr. Mark Cock

Directeur de Recherche CNRS, Station Biologique de Roscoff
Algal Genetics Group Laboratory, UMR8227

M. Dr. Petroutsos Dimitris

Chargé de Recherche CNRS, Université Grenoble Alpes-INRACEA
Cell & Plant Physiology Laboratory, UMR5168

Composition du Jury :

Président : M. Dr. Jean-Luc Mouget

Professeur, Université du Maine
Unité de recherche Biologie des Organismes, Stress, Santé, Environnement

Examineur : Mme. Dr. Lin Xin

Associate Professor, Université de Xiamen
State Key Laboratory of Marine Resource Utilization in South China Sea

Dir. de thèse : Mme. Dr. Tirichine Leila

Directrice de Recherche CNRS, Université de Nantes
Unité en Sciences Biologiques et Biotechnologies, UMR6286

Co-dir. de thèse : Mme. Dr. Agnès Groisillier

Ingénieure de Recherche CNRS, Université de Nantes
Unité en Sciences Biologiques et Biotechnologies, UMR6286

Titre : Étude de la diversité génétique et transcriptomique chez des accessions naturelles de la diatomée modèle *Phaeodactylum tricornutum* et leur réponse épigénétique aux fluctuations de la salinité

Mots clés : Diatomées, diversité génétique, *Phaeodactylum tricornutum*, transposons, salinité, écologie

Résumé : Les diatomées jouent un rôle important dans le cycle global du carbone, soutenant ainsi les écosystèmes marins, et sont considérées comme l'un des phytoplanctons les plus diversifiés et les plus répandus au monde. Outre leur importance écologique, les diatomées sont largement utilisées dans de nombreux domaines, notamment l'aquaculture, les nanotechnologies et les industries alimentaire et pharmaceutique. Parmi les diatomées, *Phaeodactylum tricornutum* s'est imposé comme un organisme modèle de premier plan en raison de ses caractéristiques avantageuses, telles qu'un génome compact, la facilité de culture et de transformation génétique, et la disponibilité d'un riche éventail de ressources génétiques. Ces ressources englobent 17 accessions naturelles collectées à divers endroits des océans du monde, sous différentes latitudes. L'utilisation d'espèces modèles est cruciale pour comprendre la biologie, l'écologie et les réponses des diatomées aux facteurs environnementaux. Grâce à des analyses génomiques complètes utilisant les techniques de séquençage du génome entier PacBio et Illumina, nous avons réalisé une caractérisation complète de la diversité génétique parmi les 17 accessions, révélant ainsi de nouveaux groupes génétiques augmentant la diversité du complexe d'espèces *Phaeodactylum*. En outre, nous avons analysé la diversité fonctionnelle de ces accessions en étudiant leur transcriptome. L'analyse transcriptomique a révélé des

transcrits précédemment non identifiés, y compris des ARN non codants et diverses classes de petits ARN, tels que les PiwiRNA. L'étude de l'expression des gènes à l'aide de l'analyse de l'expression différentielle et de l'analyse du réseau de corrélation génétique pondérée a fourni des indications suggérant que la régulation de l'expression des gènes ne peut pas être uniquement attribuée à des mutations de perte de fonction. Les profils d'expression des gènes semblent être influencés par d'autres facteurs, tels que les modifications épigénétiques, jouant ainsi un rôle central dans l'orchestration des mécanismes complexes régissant la régulation de l'expression des gènes. Par ailleurs, une étude de la diversité des transposons a révélé des insertions différentielles entre les accessions, ce qui implique des réponses adaptatives aux facteurs environnementaux. Plus précisément, nous avons élucidé les réponses différentielles des accessions à différentes concentrations de salinité (0, 21 et 40g/L de NaCl). Cette analyse a mis en lumière des compositions génétiques distinctes entre les accessions, qui se traduisent par des sensibilités divergentes aux fluctuations de la salinité. Notre étude a généré d'importantes ressources génétiques, qui vont permettre de mieux comprendre la biologie et l'écologie des microalgues, afin d'améliorer notre compréhension actuelle de ces organismes importants.

Title : Investigating genetic and transcriptomic diversity in natural accessions of the model diatom *Phaeodactylum tricornutum* and their epigenetic mediated response to fluctuations in salinity

Keywords : Diatoms, genetic diversity, *Phaeodactylum tricornutum*, transposons, salinity, ecology

Abstract : Diatoms play important roles in the global carbon cycle supporting thus marine ecosystems and are considered one of the world's most diverse and widespread phytoplankton. In addition to their ecological importance, diatoms are widely used in numerous fields including aquaculture, nanotechnologies, food and pharmaceutical industries. Among diatoms, *Phaeodactylum tricornutum* has emerged as a prominent model organism due to its advantageous characteristics such as a compact genome, ease of culture and genetic transformation, and the availability of a rich array of genetic resources. These resources encompass 17 naturally occurring accessions collected from diverse locations across the world's oceans, spanning different latitudes. The utilization of such model species is crucial for comprehending the biology, ecology, and responses of diatoms to environmental factors. Through comprehensive genomic analyses employing whole-genome PacBio and Illumina sequencing techniques, we have achieved a comprehensive characterization of the genetic diversity among the 17 accessions, thereby uncovering novel clades increasing the diversity of the *Phaeodactylum* species complex. Furthermore, we analysed the functional diversity of these accessions by investigating their whole-genome transcriptomes. Transcriptomic analysis has revealed previously unidentified transcripts, including non-coding RNA and various

classes of small RNA, such as PiwiRNAs. Investigation of gene expression using differential expression analysis and Weighted Gene Correlation Network Analysis has provided compelling evidence indicating that the downregulation or suppression of genes cannot be solely attributed to loss-of-function mutations. The regulatory landscape governing gene expression appears to be influenced by additional contributing factors, such as epigenetic modifications, thereby playing a pivotal role in orchestrating the intricate mechanisms governing gene expression regulation. Furthermore, an investigation into the diversity of transposons has revealed differential insertions among the accessions, implying adaptive responses to environmental factors. Specifically, we have elucidated the differential responses of the accessions to varying salinity concentrations (0, 21, and 40g/L NaCl). This analysis has shed light on distinct genetic compositions among the accessions, resulting in divergent sensitivities to salinity fluctuations. Our study has generated important genetic resources useful for further investigations into the biology and ecology of microalgae, ultimately enhancing our current understanding of these important organisms.