

POUR LA SCIENCE

Édition française de Scientific American

**COMPLÉTEZ VOTRE COLLECTION
DÈS MAINTENANT !**



N° 493 (nov. 18)
réf. PL493



N° 492 (oct. 18)
réf. PL492



N° 491 (sept. 18)
réf. PL491



N° 490 (août 18)
réf. PL490



N° 489 (juillet 18)
réf. PL489



N° 488 (juin 18)
réf. PL488



N° 487 (mai 18)
réf. PL487



N° 486 (avril 18)
réf. PL486



N° 485 (mars 18)
réf. PL485



N° 484 (févr. 18)
réf. PL484



N° 483 (janv. 18)
réf. PL483



N° 482 (déc. 17)
réf. PL482

À retourner accompagné de votre règlement à :

Pour la Science – Service VPC – 19 rue de l'Industrie – BP 90053 – 67402 Illkirch Cedex – email : pourlascience@abopress.fr



OUI, je commande des numéros de Pour la Science, au tarif unitaire de 9,90 €.

1 / JE REPORTE CI-DESSOUS LES RÉFÉRENCES à 5 chiffres correspondant aux numéros commandés :

1^{re} réf. _____ 0 1 x 9,90 € = 9,90 €
 2^e réf. _____ x 9,90 € = _____ €
 3^e réf. _____ x 9,90 € = _____ €
 4^e réf. _____ x 9,90 € = _____ €
 5^e réf. _____ x 9,90 € = _____ €
 6^e réf. _____ x 9,90 € = _____ €

TOTAL À RÉGLER _____ €

Groupe Pour la Science – Siège social : 170 bis, boulevard du Montparnasse, CS20012, 75680 Paris Cedex 14 – Sarl au capital de 32000 € – RCS Paris B 311 797 393 – Siret : 311 797 393 000 23 – APE 5814 Z

Offre valable jusqu'au 31/12/2019 en France Métropolitaine uniquement. Pour l'export, rendez-vous sur notre site internet boutique.pourlascience.fr. Les prix affichés incluent les frais de port et les frais logistiques. Les informations que nous collectons dans ce bulletin d'abonnement nous aident à personnaliser et à améliorer les services que nous vous proposons. Nous les utiliserons pour gérer votre accès à l'intégralité de nos services, traiter vos commandes et paiements, et vous faire part notamment par newsletters de nos offres commerciales moyennant le respect de vos choix en la matière. Le responsable du traitement est la société Pour la Science. Vos données personnelles ne seront pas conservées au-delà de la durée nécessaire à la finalité de leur traitement. Pour la Science ne commercialise ni ne loue vos données à caractère personnel à des tiers. Les données collectées sont exclusivement destinées à Pour la Science. Nous vous invitons à prendre connaissance de notre charte de protection des données personnelles à l'adresse suivante : <https://rebrand.ly/charte-donnees-pls>. Conformément à la réglementation applicable (et notamment au Règlement 2016/679/UE dit « RGPD ») vous disposez des droits d'accès, de rectification, d'opposition, d'effacement, à la portabilité et à la limitation de vos données personnelles. Pour exercer ces droits (ou nous poser toute question concernant le traitement de vos données personnelles), vous pouvez nous contacter par courriel à l'adresse protection-donnees@pourlascience.fr.

2 / J'INDIQUE MES COORDONNÉES

☐ M. ☐ Mme

Nom : _____

Prénom : _____

Adresse : _____

Code postal _____ Ville : _____

Téléphone _____

J'accepte de recevoir les offres de Pour la Science ☐ OUI ☐ NON

3 / JE CHOISIS MON MODE DE RÈGLEMENT

☐ Par chèque à l'ordre de Pour la Science

☐ Carte bancaire

N° _____

Date d'expiration _____

Clé (les 3 chiffres au dos de votre CB) _____

Signature obligatoire :



**RETROUVEZ TOUS LES ANCIENS NUMÉROS SUR
BOUTIQUE.POURLASCIENCE.FR**

L'AUTEUR



HERVÉ LE GUYADER
professeur émérite de biologie
évolutive à Sorbonne
Université, à Paris

COMMENT LE BLÉ EST DEVENU TENDRE

Le récent séquençage du génome du blé tendre a révélé comment une succession d'hybridations a réuni dans un même noyau trois génomes qui, à présent, dialoguent ensemble.

Avec son génome colossal – 14,5 milliards de paires de bases, soit près de cinq fois plus que le génome humain –, le blé tendre (*Triticum aestivum*) ou froment, qui fournit la farine du pain blanc, a longtemps constitué un casse-tête pour les généticiens. Mais, en juillet dernier, un consortium international a enfin entièrement séquencé cet imposant génome après treize ans d'un minutieux travail. Ce séquençage a non seulement confirmé les curieux méandres de son histoire évolutive, mais aussi les rouages intimes du principal moteur de cette histoire, la polyploïdisation.

La polyploïdisation – l'augmentation du nombre de lots de chromosomes – semble être la source majeure de l'innovation génétique chez les plantes à fleurs. Il s'agit tantôt d'une autopolyploïdisation – la multiplication d'un même génome –,

tantôt d'une allopolyploïdisation – la réunion de génomes différents par hybridation. Depuis longtemps, les généticiens se doutent que ce phénomène est courant dans le règne végétal. Ils ont d'ailleurs décrit plusieurs « séries polyploïdes » comme celle des chrysanthèmes sauvages de Chine (genre *Chrysanthemum*) : dotés de $N = 9$ chromosomes de base, ces chrysanthèmes existent en effet aussi sous des formes diploïdes (avec $2N = 18$ chromosomes), tétraploïdes (avec $4N = 36$ chromosomes) et même hexaploïdes (avec $6N = 54$ chromosomes).

UNE MUTATION QUI FAVORISE LA SPÉCIATION

En particulier, les généticiens ont vite compris qu'une diploïdisation favorise une spéciation. Imaginons une plante diploïde (à $2N$ chromosomes) dont une variante tétraploïde (à $4N$ chromosomes) serait apparue. La méiose – la



Plus de 90 % du blé cultivé dans le monde est du blé tendre (*Triticum aestivum*), utilisé principalement pour faire du pain et de la pâtisserie.



Blé (genre *Triticum*)
Blé dur : 90 à 160 cm de long, tétraploïde
Blé tendre : 60 à 100 cm de long, hexaploïde
(ce bouquet est un mélange des deux espèces)



3

C'est le nombre d'espèces hexaploïdes de blé. Le genre *Triticum* compte en outre 2 espèces diploïdes et 4 tétraploïdes. L'égilope faux-épeautre (genre *Aegilops*) compte quant à lui 10 espèces diploïdes, 10 tétraploïdes et 4 hexaploïdes.

14,5 milliards

Le génome du blé tendre (*Triticum aestivum*) compte 14,5 milliards de paires de bases, plus de 100 000 gènes et plus de 300 000 pseudogènes, soit près de 5 fois plus que le génome humain (3,3 milliards de paires de bases, environ 22 000 gènes et 10 000 pseudogènes).

224

C'est le nombre maximal de chromosomes que l'on a obtenus artificiellement en laboratoire à partir de fraisiers (genre *Fragaria*). Le nombre de chromosomes de base des fraisiers est 7, mais il existe aussi des variétés avec de 2 à 10 fois ce nombre de chromosomes. Et, en laboratoire, on a encore produit des polyploïdies avec 11, 12, 13, 14, 15, 18 et 32 fois ce nombre, soit 224 chromosomes.

Un épi est constitué de plusieurs épillets, chacun renfermant de 2 à 4 fleurs pour le blé tendre et de 3 à 5 pour le blé dur.

Si le blé dur (*Triticum turgidum*), utilisé pour produire les pâtes, est la seconde espèce de blé cultivée, sa production n'excède pas 8 % de la production totale de blé.

double division cellulaire qui conduit à la formation des cellules sexuelles (chez les plantes, ces cellules sont le noyau gamétique du grain de pollen et l'oosphère de l'ovule) – divise par 2 le nombre de chromosomes que contiennent les cellules produites. La plante diploïde donnera donc, après la méiose, des cellules sexuelles à N chromosomes, tandis que la plante tétraploïde donnera des cellules sexuelles à $2N$ chromosomes. Et par conséquent, une pollinisation croisée de ces deux plantes conduira à des cellules à $N + 2N = 3N$ chromosomes.

Or, dans ce cas, si les plantes obtenues sont viables, elles seront stériles, car avec un nombre impair de chromosomes, la méiose ne peut se réaliser correctement. Cette stérilité établit une barrière de fécondation entre les plantes di- et tétraploïdes, ce qui favorise l'apparition d'une nouvelle espèce. Actuellement, on estime que la polyploïdisation est ainsi à

l'origine de plus de 80 % des spéciations chez les plantes à fleurs.

Un tel phénomène génétique pose un vrai casse-tête lors du séquençage des génomes entiers de plantes. En effet, un génome est séquencé par fragments que l'on raboute ensuite pour reconstituer les chromosomes, comme un gigantesque puzzle. Mais si ce génome est constitué de plusieurs copies des mêmes chromosomes, on se retrouve avec plusieurs séquences d'ADN (codantes ou non) quasi identiques, ce qui complique singulièrement l'assemblage, comme si le puzzle comportait plusieurs pièces terriblement ressemblantes. C'est ainsi que, pour le premier séquençage complet d'un génome végétal, publié en 2000, le choix s'est porté sur l'arabette des dames (*Arabidopsis thaliana*), au génome si compact qu'il semblait ne pas pouvoir résulter d'une polyploïdisation. Erreur ! Le difficile décodage de ce génome révéla l'existence d'une diploïdisation ancestrale.

SUR LA PISTE DES 42 CHROMOSOMES DU BLÉ TENDRE

On comprend pourquoi, malgré les évidentes applications potentielles en agronomie, le blé tendre a longtemps été laissé de côté : hexaploïde, il résulte de plusieurs polyploïdisations successives

entre des plantes des genres *Aegilops* et *Triticum*. Vu la difficulté de la tâche, un consortium international (International Wheat Genome Sequencing Consortium), rassemblant 2400 chercheurs et agronomes de 68 pays différents, a été créé en 2005, dont, en France, le Genoscope d'Évry, alors dirigé par Jean Weissenbach, et une équipe de l'Inra de Clermont-Ferrand, alors dirigée par Catherine Feuillet. Le consortium a ainsi établi les cartes physiques des 21 chromosomes de base du blé tendre en 2015 et un assemblage des séquences en 2016. Et enfin, en juillet 2018, il a publié la description fine du génome, avec définition et annotation des gènes, des séquences régulatrices, des transposons (des séquences mobiles dans le génome)...

L'histoire évolutive du blé tendre, cernée depuis deux décennies par les généticiens, se trouve confirmée et décrite avec précision. Le génome de l'organisme hexaploïde est formé de 42 chromosomes, avec comme nombre de base $N = 7$, et est le résultat de la réunion de trois génomes diploïdes de $2N = 14$ chromosomes qui coexistent donc dans le noyau d'une cellule de blé tendre. Le génome du blé tendre a ainsi pour formule AABBDD, où chaque lettre représente 7 chromosomes. Le génome A caractérise le blé (genre *Triticum*), le ➤