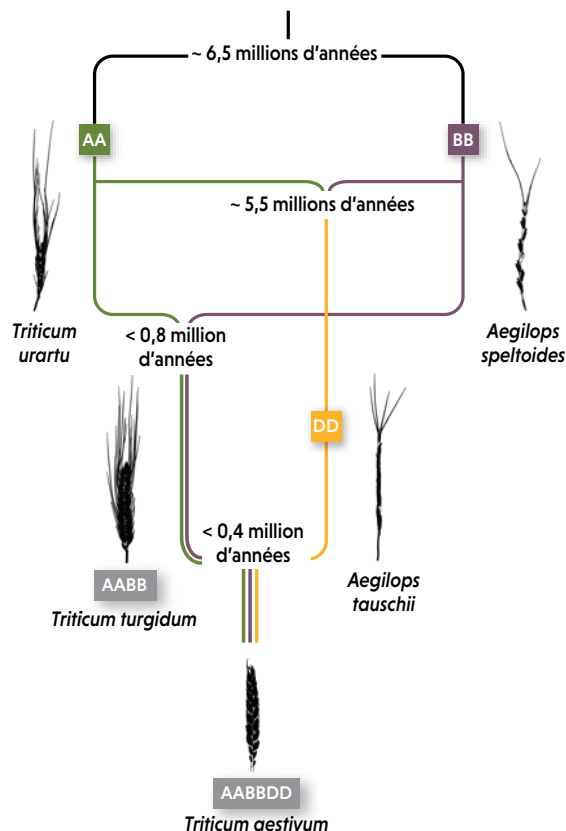


L'HISTOIRE ÉVOLUTIVE DU BLÉ TENDRE

Les genres *Triticum* et *Aegilops* se sont séparés il y a 6,5 millions d'années et ont depuis évolué séparément, donnant respectivement un génome de type A et un génome de type B. Puis, il y a 5,5 millions d'années, deux espèces des deux genres se sont hybridées (sans polyploïdisation) et ont donné un génome D composite. La suite de l'histoire s'est passée il y a 10 000 ans, dans le croissant fertile entre le Tigre et l'Euphrate, lorsque les agriculteurs ont cultivé différentes céréales : des espèces proches de l'actuel *Triticum urartu* (génome AA) et de l'actuel *Aegilops speltoides* (génome BB), et un descendant de la première hybridation, *Aegilops tauschii* (génome DD). Il y a moins de 800 000 ans, les deux premières se sont hybridées avec polyploïdisation, donnant un blé dur *Triticum turgidum*, au génome tétraploïde AABB. Puis, il y a moins de 400 000 ans, ce *Triticum turgidum* s'est hybridé à son tour – avec polyploïdisation – avec *Aegilops tauschii*, donnant le blé tendre *Triticum aestivum* au génome hexaploïde AABBDD. Ainsi la première hybridation d'il y a 5,5 millions d'années était bel et bien un phénomène strictement naturel, tandis que les dernières ont été favorisées par l'agriculture.



> génome B, l'égilope faux-épeautre (genre *Aegilops*), deux genres proches qui se sont individualisés il y a environ 6,5 millions d'années. Le génome D est quant à lui le fruit d'une hybridation (sans polyploïdisation) de deux espèces de ces deux genres survenue il y a 5,5 millions d'années. Puis l'agriculture a favorisé deux autres hybridations qui ont conduit l'une à un blé dur de génome tétraploïde AABB, puis l'autre au blé tendre (voir l'encadré ci-dessus).

Le résultat de ces croisements est une plante dont le génome compte 107 891 gènes (contre 22 000 chez l'homme) également répartis dans les génomes élémentaires : 35 345 dans le génome A, 35 643 dans le B et 34 212 dans le D. Le génome D porte moins de pseudogènes (des gènes inactifs, ne codant plus de protéines), ce qui est cohérent, car son apport est le résultat de la plus récente hybridation. En effet, après polyploïdisation, surtout quand les organismes qui s'hybrident sont évolutivement proches, de nombreux gènes se trouvent redondants et sont perdus. Doit-on s'étonner du nombre considérable de gènes toujours en activité ? On pourrait croire qu'il est lié à la complexité de l'organisme. Mais on sait depuis une dizaine d'années que le cilié unicellulaire *Paramecium tetraurelia* arbore à lui seul 40 000 gènes !

Alors, que fait le blé de ses quelque 100 000 gènes ? En les scrutant, on voit apparaître une certaine spécialisation des génomes élémentaires. Ainsi, le sous-génome A est enrichi en gènes associés à

la formation de la graine, tandis que le sous-génome B comprend de nombreux gènes s'exprimant lors du développement et de la croissance de la plante. Mais la surprise vient de la localisation, sur les extrémités des bras de tous les chromosomes, de gènes liés à la résistance contre des maladies. Des gènes favorisant la formation d'hybrides sont par ailleurs trois fois plus nombreux que chez les autres plantes déjà étudiées. Enfin, des gènes impliqués dans la tolérance à la sécheresse et aux stress de température ont été trouvés en très grand nombre.

UNE PLUS GRANDE FACULTÉ D'ADAPTATION

Les biologistes de l'évolution postulent qu'un des avantages de la polyploïdisation est une plus grande faculté d'adaptation à des environnements variables. Cela semble bien le cas chez le blé tendre. Naturellement, il peut y avoir des désavantages, comme une croissance plus lente de l'organisme. Mais pour une plante cultivée annuelle, ce n'est pas grave !

Gageons que les résultats fondamentaux les plus spectaculaires sont à venir : comment ces trois génomes A, B et D dialoguent-ils ? On voit déjà une certaine spécialisation entre A et B. Comment D, le dernier arrivé, se comporte-t-il dans cette situation ? Il va falloir suivre pas à pas l'expression de ces gènes, de la germination à la fructification, pour bien le comprendre. ■

BIBLIOGRAPHIE

IWGSC, **Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome**, *Science*, vol. 361(6403), article eaar7191, 2018.

T. Marcussen et al., **Ancient hybridizations among the ancestral genomes of bread wheat**, *Science*, vol. 345 (6194), article 1250092, 2014.

R. Philippe et al., **A high density physical map of chromosome 1BL supports evolutionary studies, map-based cloning and sequencing in wheat**, *Genome Biol.*, vol. 14(6), article R64, 2013.

M. Feldman, A. A. Levy, **Genome evolution due to allopolyploidization in wheat**, *Genetics*, vol. 192, pp. 763-774, 2012.