

L'AUTEUR



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

LA ROSE DÉVOILE SON GÉNOME

Pourquoi la rose fleurit-elle continûment? D'où lui viennent ses nombreux pétales? Où est-elle apparue? L'étude de son génome fournit des réponses...

La rose est l'une des fleurs les plus cultivées du monde. On compte plus de 3000 cultivars (variétés cultivées) de rosiers, variant par de nombreux caractères de la fleur, bien sûr – couleur, parfum, nombre de pétales... –, mais aussi de la plante – grimpante, buissonnante, avec ou sans épines... La passionnante histoire des rosiers compte trois périodes bien distinctes: celle, paléontologique, des rosiers sauvages; celle des premières introductions en Europe, lors des grands voyages de découverte; enfin, celle des nombreuses hybridations des roséristes.

Toutefois, le chemin qui a conduit aux roses que nous connaissons gardait encore récemment de nombreuses parts d'ombre. Aujourd'hui, cependant, la phylogénie et la génomique s'entendent pour décoder l'origine géographique de la rose et son expansion dans l'hémisphère Nord, et pour retracer l'histoire de sa domestication. On découvre notamment la part génétique de certaines de ses qualités reconnues, comme son parfum, sa floraison ininterrompue et l'abondance de ses pétales.

Il a tout d'abord fallu classer toutes les espèces connues. Cette opération était si compliquée qu'au XIX^e siècle les botanistes ont proposé de les regrouper en une dizaine de sections, que le

botaniste allemand Volker Wissemann, alors à l'université d'Iéna, a réévaluées en 2005. Or, grâce à une collaboration entre l'université de Montréal et l'institut de biologie de Chengdu, dans le Sichuan, en Chine, une équipe a publié en 2015 une phylogénie qui remet un ordre précis dans ces sections et parvient à résumer la biogéographie de la rose.

PLUSIEURS FOIS VENUE D'ASIE

Les plus anciens fossiles connus, datant de la première période de l'Éocène, l'Yprésien (il y a entre 55,8 et 48,6 millions d'années), ont été trouvés dans le nord-ouest de l'Amérique du Nord (Idaho) et en Chine, près de Fushun, non loin de la frontière avec la Corée du Nord. Il apparaît que les rosiers américains et chinois ont continuellement échangé des gènes, le détroit de Béring n'étant pas encore ouvert. Il y a 30 millions d'années, les plantes asiatiques de la section *Synstaleae* ont gagné l'Europe, puis l'ouest de l'Amérique du Nord. Pourtant, sur le continent américain, la plupart des espèces modernes appartiennent à la section *Cinnamomeae* et sont le résultat d'une récente recolonisation, il y a environ 13 millions d'années, à partir de l'Asie, toujours par le pont de Béring. De même, des espèces de cette dernière section ont recolonisé l'Europe et l'Afrique pendant

© Wikimedia commons/W. Curfitt, The Botanical Magazine, vol. 8, planche 284, 1794

Ses épines sont des poils qui se sont spécialisés à la suite de l'expression d'un gène particulier. Plus ce gène est exprimé, plus les épines sont abondantes.



EN CHIFFRES

200

Le genre *Rosa*, qui rassemble les roses, compte environ 200 espèces.

2 000 ans

Cela fait plus de 2 000 ans que l'on cultive des roses. Des représentations de ces fleurs décoraient déjà des poteries asiatiques il y a 5 000 ans.

100

Les roses dites doubles ont plus de 40 pétales, alors qu'une rose simple n'en a que 5. Certaines roses doubles ont jusqu'à 100 pétales. Les roses semi-doubles, comme *Rosa chinensis*, comptent entre 8 et 40 pétales.

L'analyse du génome de *Rosa chinensis* a révélé un lien étroit entre la biosynthèse des pigments colorés des pétales et celle des parfums de la fleur.

Hormis la couleur des pétales, cette variété de *Rosa chinensis*, aussi nommée rose du Bengale, ressemble beaucoup à la variété Old Blush, dont les pétales sont roses.



Rosa chinensis var. *semperflorens*
Taille du rosier : jusqu'à 2 m de haut

la seconde moitié du Miocène, il y a entre 9 et 6 millions d'années.

Ces échanges ont favorisé la polyploïdisation – l'augmentation du nombre de lots de chromosomes dans le génome, lors d'une hybridation par exemple. C'est pourquoi, lorsque, tout récemment, des botanistes ont voulu séquencer un génome, ils ont choisi une rose moderne diploïde, non polyploïde, c'est-à-dire comportant le même nombre de chromosomes qu'une rose sauvage. Son génome n'est pas trop grand, mais doit quand même comporter des traces des hybridations passées.

Leur choix s'est arrêté sur le cultivar *Rosa chinensis* Old Blush, de la section *Chinenses*, connu des horticulteurs sous les noms de Parsons, Pink China ou Old Blush China. Ce choix paraît bien judicieux, car ce cultivar semble être le premier arrivé d'Asie en Europe au XVIII^e siècle; il a été répertorié en Hollande en 1752, puis en Grande-Bretagne en 1793. Surtout, il a été très utilisé par la suite pour développer les variétés modernes de roses, car il possédait une caractéristique que les roses européennes n'avaient pas : une floraison continue. Il est considéré comme l'un des principaux cultivars qui, au fil des croisements successifs avec des roses européennes, méditerranéennes et du Moyen-Orient, ont conduit aux roses modernes.

Deux groupes internationaux ont réalisé son séquençage, l'un piloté par Mohammed Bendahmane, de l'École normale supérieure de Lyon, l'autre par Fabrice Foucher, de l'Institut de recherche en horticulture et semences, à Angers. Les deux séquençages (chacun de plus de 90 % du génome) proposent indépendamment un génome de même taille: 516 et 512 millions de paires de bases (les constituants de l'ADN), pour respectivement 36 000 et 39 000 gènes codant des protéines. Comparé au génome humain, celui de la rose est sept fois plus petit, mais compte presque deux fois plus de gènes!

Comment étudier l'histoire de la domestication? Le groupe de Mohammed Bendahmane a comparé le génome de la rose chinoise à 15 autres génomes de roses des sections *Chinenses*, *Cinnamomeae* et *Synstaleae*, qu'il a séquencés de nouveau pour l'occasion. Et il a recherché quelle était la contribution de chaque section dans le génome de la première rose moderne, le cultivar La France. Créée accidentellement au XIX^e siècle dans les serres lyonnaises du rosiériste Jean-Baptiste Guillot, cette rose est remontante comme les rosiers européens et a une floraison abondante de fleurs doubles comme les rosiers de Chine.

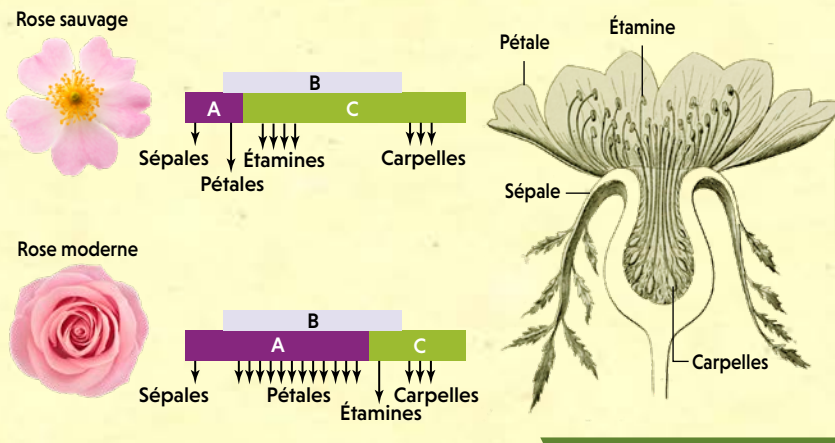
FLORAISON CONTINUE: UNE HISTOIRE DE TRANSPOSONS

Botaniquement, le cultivar La France est un hybride entre un hybride remontant Madame Victor Verdier et un rosier à odeur de thé, lui aussi hybride. Et de fait, son génome s'est révélé une mosaïque complexe de fragments provenant des trois sections *Chinenses*, *Cinnamomeae*, *Synstaleae*, brassés par les diverses hybridations. Or les biologistes de l'évolution savent que l'hybridation provoque souvent un déséquilibre génétique. Le stress ainsi induit favorise la mobilisation de fragments mobiles d'ADN – des transposons – qui s'insèrent de manière aléatoire dans le génome et sont susceptibles de provoquer des bouleversements quand ils atteignent des séquences codantes ou régulatrices.

Recherchant de tels éléments mobiles, l'équipe de Lyon a ainsi, entre autres, mis au jour le mécanisme qui maintient une floraison continue. Elle a montré qu'un transposon a muté le gène *TFL1* (*Terminal Flower 1*), dont le produit, en temps normal, maintient le méristème apical, la zone de croissance de la partie aérienne de la plante, dans un état

COMMENT LA ROSE A MULTIPLIÉ SES PÉTALES

En botanique, le modèle ABC décrit comment l'expression d'un ensemble de trois gènes A, B, C suffit à orchestrer la croissance d'une fleur. Chez la rose sauvage, qui n'a qu'une rangée de pétales, la seule expression du gène A détermine la croissance des sépales, puis celle conjointe des gènes A et B produit les pétales, et celle conjointe des gènes B et C, les étamines. Enfin, la seule expression du gène C donne les carpelles, qui renferment les ovules de la fleur. Le gène A inhibe le gène C et ainsi détermine la frontière à partir de laquelle les étamines se forment. Dans le modèle ABC de la fleur double, l'expression du gène C est très faible, car son territoire est envahi par l'expression du gène A. La nouvelle frontière se trouve décalée, et ainsi on obtient des pétales là où l'on attend des étamines. Chez la rose moderne, cette dérégulation serait due à l'insertion d'un élément mobile dans le gène *RC3G0243000*, qui joue le rôle du gène A.



Hervé Le Guyader a récemment publié: **L'Aventure de la biodiversité**, (Belin, 2018).

BIBLIOGRAPHIE

O. Raymond et al., **The Rosa genome provides new insights into the domestication of modern roses**, *Nat. Genet.*, vol. 50, pp. 772-777, 2018.

L. Hilbrand Saint-Oyant et al., **A high-quality genome sequence of Rosa chinensis to elucidate ornamental traits**, *Nat. Plants*, vol. 4, pp. 473-484, 2018.

A. Bombarely, **Roses for Darwin**, *Nat. Plants*, vol. 4, pp. 406-407, 2018.

M. Fougère-Danezan et al., **Phylogeny and biogeography of wild roses with specific attention to polyploids**, *Ann. Bot.*, vol. 115, pp. 275-291, 2015.

indéterminé (floral ou végétatif). Après mutation, le méristème reste continuellement floral.

Le groupe de Fabien Foucher a, lui, analysé le gène *RC3G0243000*, un homologue du gène *APETALA2*, décrit par ailleurs chez d'autres fleurs et qui joue un rôle essentiel dans la détermination de l'identité des pièces florales (sépales, pétales, étamines, pistils) durant l'embryogenèse de la fleur (voir l'encadré ci-dessus). Or dans une région non codante du gène (un intron), on détecte aussi l'insertion d'un transposon. Il est vraisemblable que cet accident génomique ait entraîné, par le changement de régulation de l'expression du gène, le phénotype «fleur double», caractérisé par de très nombreux pétales.

Ainsi, sans le savoir, les rosiéristes ont utilisé un mécanisme clé de l'évolution – la mobilisation des transposons – lors des hybridations qu'ils ont produites. Et les transposons ne sont qu'un exemple des mécanismes évolutifs mis au jour dans la domestication de la rose. On le voit, il est tout aussi instructif d'étudier le résultat d'une sélection artificielle que naturelle pour détailler et comprendre les mécanismes moléculaires et cellulaires impliqués dans l'évolution... ■