

> 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 *Synstalae*, 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 rosieriste Jean-Baptiste Guillot, cette rose est remontante comme les rosiers européens et a une floraison abondante de fleurs doubles comme les rosiers de Chine.

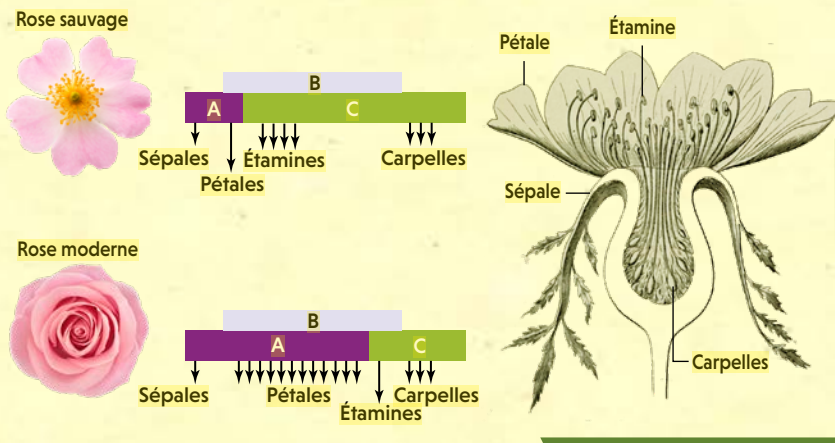
FLORAISON CONTINUE: UNE HISTOIRE DE TRANSPOSONS

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*, *Synstalae*, 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 rosieristes 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... ■