



Université Claude Bernard  Lyon 1



Communiqué de presse – 30 avril 2018



Le génome de la rose décrypté : de l'origine des rosiers modernes aux caractéristiques de la fleur

Le rosier... une plante ornementale emblématique de l'histoire de l'humanité d'un point de vue culturel et économique. Un consortium international¹ impliquant l'Inra, l'ENS de Lyon, le CEA, le CNRS et l'Université Claude Bernard Lyon 1, a décrypté le génome du rosier. Ces travaux ont permis de retracer les contributions respectives des rosiers européens et chinois au génome du rosier moderne et d'identifier l'ensemble des gènes impliqués dans les voies de biosynthèse du parfum et de la couleur. Publiés dans la revue *Nature Genetics* le 30 Avril 2018, ils sont essentiels pour concevoir des variétés qui optimiseront notamment les qualités de la fleur dans un contexte de changements globaux.

Célébrée depuis l'Antiquité par de nombreux artistes, appréciée pour son parfum et la beauté de sa fleur, la rose est aujourd'hui la fleur coupée la plus achetée en France tandis que le rosier est une plante ornementale incontournable de nos jardins et de nos balcons, fruits de nombreux croisements et hybridations. Grâce à un consortium international¹ impliquant l'Inra, l'ENS de Lyon, le CEA, le CNRS et l'Université Claude Bernard Lyon 1, le génome du rosier vient d'être décrypté, une étape essentielle pour comprendre sa biologie et l'origine de sa diversité.

Un génome de référence de qualité qui éclaire l'évolution de la famille des Rosacées

Huit années de travaux combinées à des stratégies et des outils des plus innovants ont permis de séquencer et de déchiffrer l'ensemble de l'information génétique portée par les sept paires de chromosomes de *Rosa chinensis* « Old blush » et d'annoter la totalité de ses 36 377 gènes constituant ainsi un génome de référence du genre *Rosa*.

La comparaison de ce génome du genre *Rosa* avec ceux d'autres plantes de la famille des Rosacées (fraisier, framboisier, pommier, poirier, pêcher, prunier...) a montré que le rosier, le fraisier et le framboisier sont évolutivement très proches et a permis de reconstituer l'histoire de la rose au sein de la famille des Rosacées.

L'origine des rosiers modernes expliquée

Les scientifiques ont étudié l'origine des chromosomes du rosier hybride « La France » - obtenu dans la région lyonnaise en 1867. Cet hybride combine les caractères de vigueur de croissance des espèces européennes et la floraison pluriannuelle des espèces chinoises. Pour ce faire, ils ont projeté, sur le génome de référence, les données génomiques des principales variétés de rosiers, originaires d'Europe, du Moyen-Orient et de Chine et, qui ont contribué à la domestication du rosier. Ils ont ainsi identifié l'origine des gènes impliqués dans la définition des caractères les plus appréciés chez le rosier moderne, comme la floraison multiple, plutôt d'origine chinoise.

Floraison, parfum et couleur, des gènes identifiés, des voies de biosynthèses reconstruites

Les chercheurs ont identifié les principaux gènes engagés dans la floraison, le développement de la fleur, la reproduction, la fragrance et la synthèse des pigments à l'origine des teintes rouges (famille des anthocyanes). Ils ont reconstitué les voies de biosynthèse dans lesquelles interviennent ces gènes. Ils ont notamment mis en évidence un groupe de gènes impliqués simultanément dans la régulation de la couleur et du parfum de la fleur.

Ces travaux constituent une base solide pour démêler les mécanismes moléculaires et génétiques qui régissent les caractères du rosier et leur diversité. À terme, ils contribueront à accélérer la sélection et l'amélioration de la qualité de la reine des fleurs. Ces connaissances seront également très utiles pour étudier d'autres espèces de la famille des Rosacées et d'autres plantes ornementales.



Rosa chinensis "Old brush"
© Inra, Mohammed Bendahmane

Au cœur de la technique

Les scientifiques ont choisi *Rosa chinensis* « Old blush », une rose originaire de Chine, ancêtre majeur des variétés de roses modernes qui fleurit plusieurs fois par an.

Chez le rosier, les différences entre les séquences des chromosomes hérités des deux parents compliquent l'ordonnement des fragments de génomes identifiés par les robots de séquençage. Les chercheurs ont donc combiné deux approches :

- une stratégie de culture cellulaire qui a permis d'obtenir un rosier possédant un génome dans lequel chaque gène provient d'un seul parent ;

- une stratégie de séquençage haut-débit utilisant un robot des plus récents, de type PacBio, qui a produit des séquences beaucoup plus longues que les technologies antérieures, ce qui a facilité leur assemblage et la reconstitution des chromosomes.

Référence:

The Rosa genome provides new insights into the domestication of modern roses.

Raymond O, Gouzy J, Just, Badouin H, Verdenaud M, Lemainque A, Vergne P, Moja S, Choisine N, Pont C, Carrère S, Caissard JC, Couloux A, Cottret L, Aury JM, Szecsi J, Latrasse D, Madoui MA, François L, Fu XP, Yang SH, Dubois A, Piola A, Larrieu A, Perez M, Labadie K, Perrier L, Govetto B, Labrousse Y, Villand P, Bardoux C, Boltz V, Lopez-Roques C, Heitzler P, Vernoux T, Vandebussche M, Quesneville H, Boualem A, Bendahmane A, Liu C, Le Bris M, Salse J, Baudino S, Benhamed M, Wincker P, Bendahmane M.

Nature Genetics 2018, <https://doi.org/10.1038/s41588-018-0110-3>

Contacts scientifiques :

Mohammed Bendahmane, mohammed.bendahmane@ens-lyon.fr, T. 04 72 72 89 84

Unité mixte de recherche Reproduction et développement des plantes (Inra, CNRS, ENS de Lyon, Univ. Claude Bernard Lyon1)

Département scientifique Biologie et amélioration des plantes

Centre Inra Auvergne-Rhône-Alpes

Jérôme Gouzy, jerome.gouzy@inra.fr, T. 05 61 28 50 53

Laboratoire des Interactions plantes-microorganismes (Inra, CNRS)

Département scientifique Santé des plantes et environnement

Centre Inra Occitanie-Toulouse

Contact presse :

Inra service de presse : presse@inra.fr – T. 01 42 75 91 86 / 06 89 33 80 11

ⁱ Sont impliqués dans ces travaux : l'UMR Reproduction et développement des plantes (Inra, CNRS, ENS de Lyon, Univ. Claude Bernard Lyon 1) ; le Laboratoire des Interactions plantes-microorganismes (Inra, CNRS) ; l'UMR Biométrie et biologie évolutive (Univ. Claude Bernard Lyon1, CNRS) ; l'UMR Ecologie des hydrosystèmes naturels et anthropisés (Univ. Claude Bernard Lyon 1, ENTPE, CNRS, Inra) ; l'Institut des Sciences des plantes de Paris-Saclay (CNRS, Univ. Paris-Sud, Inra, Univ. Evry, Univ. Paris-Diderot) ; le Genoscope, CEA ; le Laboratoire de Biotechnologies végétales appliquées aux plantes aromatiques et médicinales (Univ. Jean Monnet, CNRS) ; l'UR Genomique-Info, Inra ; l'UMR Génétique, diversité et écophysiologie des céréales (Inra, Univ. Clermont-Auvergne) ; l'Institut méditerranéen de la biodiversité et d'écologie marine et continentale (Univ. Aix Marseille, CNRS, IRD, Univ. Avignon et Pays du Vaucluse) ; l'Institut de Biologie moléculaire des plantes, CNRS ; *Key Laboratory of Horticultural Plant Biology (Huazhong Agricultural University, CN)* ; *Institute of Vegetables and Flowers (CAAS, CN)* ; *The Center for Plant Molecular Biology (Univ. Tübingen, DE)*.