



([https://lbbe.univ-lyon1.fr/sites/default/files/styles/img\\_1280x768\\_image\\_scale\\_crop\\_main/public/media/images/arton6547.jpg?itok=WBbz7tw](https://lbbe.univ-lyon1.fr/sites/default/files/styles/img_1280x768_image_scale_crop_main/public/media/images/arton6547.jpg?itok=WBbz7tw))

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

Publié le 24 mai 2018

Le séquençage complet du génome de la rose par un consortium international impliquant le LBBE vient d'être publié dans Nature Genetics ! La variété séquencée est {Rosa Chinensis} "Old Blush", un hybride ancien qui sert de modèle pour l'étude du parfum et de la couleur. Ce génome, séquencé grâce au développement d'une méthode de culture cellulaire permettant d'obtenir un individu homozygote, et à l'utilisation d'une technologie de séquençage "long reads", constitue un des génomes de plantes les plus complets publiés à ce jour. Son étude a permis de reconstituer les voies métaboliques impliquées dans la biosynthèse de pigments et de composés volatils responsables de la couleur et du parfum des roses. Grâce à une étude de la diversité à l'échelle du génome de plusieurs rosiers sauvages et cultivés, Hélène Badouin, maître de conférences dans l'équipe Sexe et Evolution et co-1er auteur de cette étude, ainsi que ses collaborateurs du Laboratoire des Interactions Plantes-Microorganismes et du Laboratoire de Reproduction et Développement des Plantes, ont pu retracer l'origine de "La France", un des premiers hybrides à combiner les caractères de vigueur des rosiers européens et la remontée de floraison des rosiers chinois. Cela a permis d'identifier des régions du génome transmises uniquement par les rosiers chinois, pointant vers de nouveaux gènes candidats pour la remontée de floraison.