

**Mardi 7 Novembre 2017 de
17h à 18h30**

Conséquences évolutives de la longévité des arbres vues au travers du séquençage du génome du chêne



© Inra, A. Girard

Les arbres constituent une part importante de notre patrimoine naturel et culturel. Non seulement ils sont omniprésents dans nos paysages les plus communs, mais ils fournissent aux sociétés humaines des services inestimables. Ces organismes sont sujets à une symbolique extrêmement riche ; on pourrait évoquer les forces spirituelles qui les entourent depuis des temps immémoriaux, mais c'est certainement l'image de l'éternité qu'ils nous renvoient qui reste une fascination majeure.

Ces organismes longévifs et sessiles doivent faire face à un large éventail de perturbations biotiques et abiotiques tout au long de leur existence. Nous avons étudié si une quelconque convergence évolutive pouvait expliquer ce trait de vie qui a été gagné et perdu un certain nombre de fois au cours de l'évolution des plantes. Pour ce faire, nous avons comparé le répertoire de gènes des arbres à ceux des annuelles herbacées et avons mis en évidence l'expansion d'un certain nombre de familles de gènes liés au système immunitaire des plantes.

Une autre conséquence de la longue durée de vie des arbres réside dans l'accumulation potentielle de mutations somatiques au cours des divisions mitotiques des cellules souches présentes dans les méristèmes apicaux ainsi que des cellules du soma. Les approches empiriques et théoriques ont montré que l'hétérogénéité génétique intra-organisme peut être sélectionnée et offre un avantage direct dans la course aux armements contre leurs grands prédateurs à courte durée de génération (virus, champignons phyto-pathogènes, bactéries...), à travers un *patchwork* de phénotypes intra-individuel. Cependant, il n'existait aucune preuve formelle que des arbres de grande taille pouvaient former des mosaïques génétiques de lignées cellulaires clonales distinctes à l'intérieur et entre les branches. À travers le cas d'étude du chêne, nous démontrons pour la première fois l'accumulation ainsi que la transmission intergénérationnelle de mutations somatiques.

Christophe Plomion, Directeur de Recherches, INRA.