



COMMUNIQUÉ DE PRESSE

Grenoble, le 5 mars 2018

ATTENTION SOUS EMBARGO JUSQU'AU 6 MARS 2018 17h00

Des chemins évolutifs similaires pour la domestication de la chèvre et du mouton

Au fil des processus de domestication, les humains ont modelé les caractéristiques d'espèces sauvages afin de les exploiter. Les mécanismes génétiques à l'origine des modifications induites, sont encore mal connus aujourd'hui, notamment ceux qui expliqueraient l'apparition de caractères similaires chez différentes espèces domestiques. Mais en comparant les modifications de génomes lors de deux processus de domestication indépendants (chèvre et mouton), un consortium européen conduit par des chercheurs français de l'Université Grenoble Alpes et du CNRS (Laboratoire d'écologie alpine - Univ. Grenoble Alpes, Univ. Savoie Mont-Blanc, CNRS), avec la participation du CEA (1) a effectué un premier pas vers la caractérisation des bases génétiques à l'origine de tels changements constitutifs de ce que l'on appelle le « syndrome de domestication ». Cette étude a été publiée dans la revue *Nature Communications* le 6 mars 2018.

La domestication est un tournant majeur de l'évolution de l'humanité qui a conduit à l'émergence de l'agriculture au cours du Néolithique. Les animaux domestiques se distinguent des espèces sauvages dont ils sont issus par des modifications morphologiques, comportementales et physiologiques souvent similaires. Au cours des premières étapes de la domestication, la sélection exercée par l'Homme pour avoir des animaux plus dociles et à développement plus rapide, aurait provoqué l'émergence involontaire de caractères spécifiques comme l'apparition de colorations particulières (robe pie), une modification de la taille et du cycle reproductif. Par la suite, une sélection délibérée a permis d'améliorer la productivité (viande, lait ...).

Plusieurs études ont récemment identifié des gènes dont la variation distingue les espèces domestiques de leurs homologues sauvages chez le poulet, le cochon, le lapin ou le cheval. Cependant, l'existence de bases génétiques communes à différents processus de domestication restait à ce jour inexplorée.

Pour étudier ce phénomène, le consortium Nextgen conduit par une équipe du Laboratoire d'écologie alpine a utilisé les histoires de domestication parallèles chez la chèvre et le mouton. Leurs ancêtres sauvages, l'aegagre et le mouflon asiatique ont été domestiqués il y a environ 10 500 ans dans une même zone du Moyen Orient où ils vivent toujours (Est de la Turquie et Ouest de l'Iran). Depuis, les humains ont propagé chèvres et moutons à travers le monde, par-delà leur aire de répartition naturelle, ce qui permet d'étudier les changements génomiques liés à la domestication dans différents environnements et systèmes d'élevage.

Ainsi, les chercheurs ont séquencé les génomes de plus de 140 individus sauvages et domestiques issus

de races locales, traditionnelles et améliorées. La comparaison des séquences d'ADN a permis d'identifier pour chaque couple d'espèces (chèvre/aegagre et mouton/mouflon) une quarantaine de régions différenciant les génomes domestiques des génomes sauvages. Ces régions génomiques contiennent des gènes impliqués dans le fonctionnement du système nerveux ou de la réponse immunitaire, ou liés à des caractères d'intérêt agronomique (pelage, viande, lait, reproduction).

La découverte majeure est que 20 de ces régions sont communes aux chèvres et aux moutons, mais que les mécanismes de leur différenciation sont, dans plusieurs cas, différents selon les espèces.

Ce résultat remet en question une vision simpliste des effets de la domestication sur les génomes via des processus sélectifs uniformes et ciblant des réseaux géniques relativement circonscrits. Il suggère que bien que les mêmes régions génomiques aient pu jouer un rôle clé dans des processus de domestication indépendants, les mécanismes précis à l'origine de modifications de caractères morphologiques ou physiologiques similaires ont pu être différents.

Cette étude est un premier pas vers la compréhension des mécanismes génétiques responsables du syndrome de domestication. Les travaux à venir devront permettre de préciser sur un plus large ensemble d'espèces les cibles génétiques du syndrome de domestication, et préciser les scénarios évolutifs impliqués, par exemple en distinguant les régions sélectionnées involontairement au début de la domestication de celles sélectionnées ultérieurement pour améliorer intentionnellement des caractères d'intérêt.

(1) Le consortium européen auteur de cette étude est piloté par le Laboratoire d'écologie alpine (LECA – Univ. Grenoble Alpes / CNRS / Univ. Savoie Mont-Blanc), avec entre autres la participation du CEA (Institut François Jacob/Genoscope)

Référence : Florian J. Alberto, Frédéric Boyer, Pablo Orozco-terWengel, Ian Streeter, Bertrand Servin, Pierre de Villemereuil, Badr Benjelloun, Pablo Librado, Filippo Biscarini, Licia Colli, Mario Barbato, Wahid Zamani, Adriana Alberti, Stefan Engelen, Alessandra Stella, Stéphane Joost, Paolo Ajmone-Marsan, Riccardo Negrini, Ludovic Orlando, Hamid Reza Rezaei, Saeid Naderi, Laura Clarke, Paul Flicek, Patrick Wincker, Eric Coissac, James Kijas, Gwenola Tosser-Klopp, Abdelkader Chikhi, Michael W. Bruford, Pierre Taberlet, François Pompanon (2018). *Convergent genomic signatures of domestication in sheep and goats*. **Nature Communications**. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-03206-y>



Harde d'aegagres (Parc National du Golestan, Iran) © H. Rezaei



Elevage traditionnel de chèvres et moutons (Maroc) © B.Benjelloun



Troupeau mixte de chèvres et moutons élevés dans un environnement austère (plateau au pied de l'Atlas, Maroc) © F. Pompanon

Contacts

Contact chercheur – François Pompanon

Professeur Université Grenoble Alpes

francois.pompanon@univ-grenoble-alpes.fr

+33 (0)4 76 51 45 24

Contact presse - Muriel Jakobiak-Fontana

Directrice adjointe communication - Université Grenoble Alpes

muriel.jakobiak@univ-grenoble-alpes.fr

Tél. 04 76 51 44 98 / 06 71 06 92 26