



www.cnrs.fr



COMMUNIQUÉ DE PRESSE NATIONAL | PARIS | 19 FÉVRIER 2018

Attention ! Sous embargo jusqu'au 22 février 2018 à 20h00, heure de Paris.

Chamboule-tout dans les origines des chevaux

Apprivoisés il y a 5500 ans au Kazakhstan, les chevaux de Botai étaient considérés comme les ancêtres de tous les chevaux domestiques actuels... jusqu'à ce qu'une équipe menée par des chercheurs du CNRS et de l'Université Toulouse III – Paul Sabatier séquence leur génome. Les résultats publiés le 22 février 2018 dans la revue *Science* sont surprenants : ces équidés ne sont pas les aïeux de nos chevaux domestiques, mais ceux des chevaux de Przewalski, présumés sauvages !

La première preuve de la domestication du cheval remonte à environ 5500 ans, dans les steppes d'Asie centrale. Les modèles actuels prédisent que tous les chevaux domestiques modernes vivant aujourd'hui seraient des descendants des chevaux domestiqués pour la première fois à Botai, dans le nord du Kazakhstan actuel. Pour l'équipe de Ludovic Orlando, chercheur CNRS au laboratoire Anthropologie moléculaire et imagerie de synthèse (CNRS/Université Toulouse III – Paul Sabatier/Université Paris Descartes), séquencer les génomes de 20 de ces chevaux permettait de saisir sur le fait l'évolution biologique associée à la domestication. En effet, il est quasi impossible d'accéder aux premières étapes de la domestication en analysant les génomes de chevaux modernes, considérablement transformés par la sélection des éleveurs¹.

Cette analyse génomique, cependant, a livré des résultats inattendus. A défaut d'être la source des chevaux domestiques actuels, les chevaux de Botai se sont révélés les ancêtres directs des chevaux de Przewalski ! Ces derniers, supposés être les derniers chevaux sauvages sur Terre, représentent donc en réalité les descendants sauvages des premiers chevaux jamais domestiqués. L'étude a mis en évidence certains changements survenus lors de ce retour à l'état sauvage, au nombre desquels un allèle impliqué dans l'apparition d'une robe léopard, qui était présent chez le cheval de Botai mais a été perdu par la suite, probablement éliminé par sélection naturelle parce qu'il causait une mauvaise vision nocturne.

Quant aux chevaux domestiques modernes, leur origine doit être recherchée ailleurs, car aucun des 22 chevaux eurasiatiques analysés par l'équipe (couvrant les 4100 dernières années) n'est apparenté à ceux de Botai. Les chercheurs se concentrent actuellement sur d'autres sites candidats, en Asie centrale mais aussi dans les steppes pontiques du sud de la Russie, en Anatolie et dans différents « refuges » au cœur de l'Europe.

¹ Dans une étude récente, l'équipe de Ludovic Orlando a reconstruit les génomes de chevaux scythes et a clairement établi que le génome de l'animal a été drastiquement modifié au cours des 2000 dernières années. Voir : <http://www2.cnrs.fr/presse/communiqué/5003.htm>



www.cnrs.fr



Ce travail a été financé par l'ERC (PEGASUS #681605), le Villum Fonden miGENEPI, le Danish Council for Independent Research, Natural Sciences (4002-00152B), et les initiatives d'excellence Chaires d'attractivité, Université de Toulouse (OURASI). Il a impliqué 47 chercheurs représentant 28 institutions².



Chevaux de Przewalski, réserve de réintroduction de Seer, Mongolie.

© Ludovic Orlando / Natural History Museum of Denmark / CNRS



Troupeau de chevaux domestiques modernes dans le nord du Kazakhstan, 2016.

© Alan Outram / University of Exeter



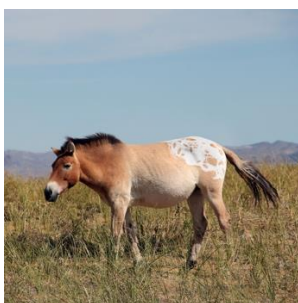
Site de fouille de Botai, nord du Kazakhstan, 2017.

© Alan Outram / University of Exeter



Ludovic Orlando prélevant des échantillons sur les restes d'un cheval de Botai, Kazakhstan, août 2016.

© Daron Donahue & Niobe Thompson. Clearwater documentary.



Reconstitution de chevaux de Botai basée sur l'étude génétique.

Certains des chevaux se sont révélés porteurs de variants génétiques causant des robes aux motifs blancs ou léopard.

© Photographie de Ludovic Orlando, retravaillée par Sean Goddard et Alan Outram.

² Outre le laboratoire Anthropologie moléculaire et imagerie de synthèse (CNRS/Université Toulouse III – Paul Sabatier/Université Paris Descartes) sont impliqués en France les laboratoires Archéologies et sciences de l'Antiquité (CNRS/Université Paris Ouest Nanterre La Défense/Université Paris 1 Panthéon-Sorbonne/Ministère de la Culture) et Archéozoologie, archéobotanique : sociétés, pratiques et environnements (CNRS/MNHN).



www.cnrs.fr



D'autres images sont disponibles sur demande (veronique.etienne@cnrs.fr).

Bibliographie

Ancient genomes revisit the ancestry of domestic and Przewalski's horses, Charleen Gaunitz, Antoine Fages, Kristian Hanghøj, Anders Albrechtsen, Naveed Khan, Mikkel Schubert, Andaine Seguin-Orlando, Ivy J. Owens, Sabine Felkel, Olivier Bignon-Lau, Peter de Barros Damgaard, Alissa Mittnik, Azadeh Mohaseb, Hossein Davoudi, Saleh Alquraishi, Ahmed H. Alfarhan, Khaled A. S. Al-Rasheid, Eric Crubézy, Norbert Benecke, Sandra Olsen, Dorcas Brown, David Anthony, Ken Massy, Vladimir Pitulko, Aleksei Kasparov, Gottfried Brem, Michael Hofreiter, Gulmira Mukhtarova, Nurbol Baimukhanov, Lembi Lõugas, Vedat Onar, Philipp W. Stockhammer, Johannes Krause, Bazartseren Boldgiv, Sainbileg Undrakhbold, Diimaajav Erdenebaatar, Sébastien Lepetz, Marjan Mashkour, Arne Ludwig, Barbara Wallner, Victor Merz, Ilja Merz, Viktor Zaibert, Eske Willerslev, Pablo Librado, Alan K. Outram, Ludovic Orlando. *Science*, 22 février 2018.

Contacts

Chercheur CNRS | Ludovic Orlando | T +33 (0)6 74 38 38 15 | ludovic.orlando@univ-tlse3.fr
Presse CNRS | Véronique Etienne | T +33 (0)1 44 96 51 37 | veronique.etienne@cnrs.fr