



INSTITUT DE FRANCE  
**Académie des sciences**

**COMMEMORATION DU 250<sup>EME</sup> ANNIVERSAIRE  
DE L'ACADEMIE D'AGRICULTURE DE FRANCE**

**Deuxième séance**

(ACADEMIE DES SCIENCES, 23 Quai de Conti, Paris, 22 mars 2011)

**SUR LES TRACES DES DOMESTICATIONS ET DES MIGRATIONS EN  
AGRICULTURE**

**INTRODUCTION**

par Dominique Job<sup>1</sup>

Messieurs les présidents des académies des Sciences et d'Agriculture de France,  
Monsieur le secrétaire perpétuel de l'académie d'Agriculture de France,  
Mesdames, Messieurs, chers collègues,

Merci d'être venus aussi nombreux pour assister à cette séance, qui est, comme vient de le rappeler Guy Paillotin, l'une des quatre séances exceptionnelles organisées en 2010 et 2011 par l'académie d'Agriculture de France afin de célébrer son 250<sup>ème</sup> anniversaire. Elle s'intitule « Sur les traces des domestications et des migrations en agriculture à l'heure de la génomique ».

En effet, la domestication des plantes et des animaux en favorisant la révolution néolithique, a été le fondement de l'agriculture et un facteur essentiel du développement humain, un processus qui se prolonge aujourd'hui. C'est très probablement dans le fameux "Croissant fertile" qu'ont dû se produire les premières expériences de domestication, avec l'installation, lors du réchauffement climatique, de céréales, légumineuses et ongulés sauvages. Ainsi, se trouvaient réunies de nouvelles ressources alimentaires sur lesquelles l'action de l'Homme pouvait s'exercer. Suite et grâce à ces premières domestications, l'agriculture et l'élevage ont permis la conquête de nouveaux territoires, et les espèces, transportées d'un continent à un autre, se sont adaptées à de nouveaux milieux. Domestications et migrations sont donc étroitement intriquées.

---

<sup>1</sup> Correspondant de l'Académie d'Agriculture de France, Directeur de recherche au CNRS.

En terme de futur proche, il faut bien reconnaître que le monde fait face actuellement à une demande alimentaire toujours croissante. Selon l'ONU, la production alimentaire mondiale devra augmenter de 70% au cours des 40 prochaines années pour nourrir une population planétaire qui atteindra plus de 9 milliards d'individus en 2050. Des récoltes dotées de caractéristiques génétiques particulières seront nécessaires pour produire plus sur des superficies réduites, avec moins d'eau et dans un sol plus pauvre.

Ces éléments, liés d'une part au démarrage de l'agriculture et d'autre part à l'impérieuse nécessité de concevoir des systèmes de cultures innovants pour faire face aux défis futurs ont donc motivé nos choix scientifiques pour illustrer cette séance.

Grâce aux formidables progrès sur le séquençage de l'ADN, des prélèvements sur des petits fragments de squelette ou des pollens fossilisés nous apportent de nouvelles informations sur l'évolution des espèces domestiques et de l'Homme (1). Ces approches sont loin d'être triviales. Premièrement, l'ADN ancien peut être fortement fragmenté et altéré, avec des modifications chimiques des bases nucléotidiques qu'il renferme rendant impossible l'utilisation de telles matrices à des fins d'amplification pour fournir des quantités suffisantes de matériel pour le séquençage (2). Un autre aspect concerne la contamination de cet ADN ancien par des ADN bactériens, voire des ADN humains lors de la préparation des échantillons biologiques. On estime que l'ADN contaminant peut représenter plus de 99% d'un échantillon d'ADN ancien. Enfin, au vu des phénotypes contrastés entre espèces sauvages et domestiquées, on pourrait penser que les domestications ont été associées à de substantiels remaniements génomiques. En fait ce n'est pas toujours le cas. Un exemple bien documenté concerne les plantes, avec la domestication du maïs, première céréale mondiale, à partir du téosinte sauvage du Mexique. Les études génétiques et génomiques ont montré que les très grandes différences morphologiques présentes entre le maïs et le téosinte étaient dues à un nombre étonnamment faible de gènes. L'un d'entre eux, nommé « *teosinte branched 1* » (*tb1*), dont l'activité conditionne l'architecture de la plante a vu au cours de la domestication des modifications très discrètes de la séquence de son promoteur. Ce gène gouverne l'architecture et le patron de ramification de la plante (3). Chez l'Homme, un autre exemple concerne le gène *FOXP2*, qui jouerait un rôle crucial dans l'évolution du langage articulé et pour lequel existeraient des modifications discrètes et qui seraient spécifiques de l'Homme (4-5).

Ces techniques de séquençage d'ADN et de génomes entiers produisent également des outils précieux permettant de comprendre des migrations d'espèces parfois envahissantes qui se produisent à un rythme sans précédent, favorisées par le développement considérable des échanges intercontinentaux et par l'étonnante plasticité du vivant.

La séance d'aujourd'hui fait intervenir quatre chercheurs, deux de l'INRA et deux du CNRS. Après la Conclusion de Georges Pelletier, la séance sera clôturée par Marion Guillou, présidente directrice générale de l'Inra.

Tout d'abord, Catherine Hänni, directrice de recherche CNRS, nous parlera de paléogénétique, une approche pour comprendre le passé. De l'étude de quelques fragments d'ADN ancien à celle de génomes complets d'espèces disparues elle nous invitera à cheminer le long de l'histoire de la discipline et de ses applications. Catherine Hänni dirige le laboratoire paléogénétique et évolution moléculaire à l'Ecole Normale Supérieure de Lyon, au sein de l'Institut

de Génomique Fonctionnelle (CNRS UMR5242). Elle est également responsable de la Plateforme Nationale de Paléogénétique (PALGENE ; <http://igfl.ens-lyon.fr/PALGENE>), qui s'appuie sur les compétences de son équipe. Elle développe depuis le début de sa carrière des activités de recherche dans le domaine de la paléogénétique. Elle a été pionnière dans l'analyse de l'ADN obtenu à partir de restes fossiles tels que des os et des dents. Par ailleurs, elle développe des recherches sur les domestications (chèvre, mouton, chien) et des applications de la paléogénétique en archéologie (5-7). Le titre de sa communication est « La paléogénétique, une approche pour comprendre le passé ».

Puis Rémy Petit, directeur de recherche à l'INRA, présentera l'intérêt d'une approche rétrospective pour mieux comprendre les dynamiques forestières et ainsi mieux prédire ce qui pourrait advenir dans le futur, notamment face au changement climatique ou à des pressions croissantes de la part des populations humaines (8-10). Rémy Petit dirige l'UMR Biodiversité Gènes et Communautés de Bordeaux (INRA UMR1202). Sa spécialité est la génétique des populations, principalement chez les arbres. Il a en particulier développé des méthodologies ayant conduit pour la première fois à l'extraction d'ADN à partir de bois, y compris à partir d'échantillons de bois anciens. Il s'intéresse également à la traçabilité du bois, notamment du bois de chêne utilisé pour la tonnellerie et du bois d'arbres tropicaux. Le titre de sa communication est « Histoire des forêts et évolution des espèces de chênes ».

Ensuite, Thomas Guillemaud, directeur de recherche à l'INRA, nous exposera ses résultats sur les invasions biologiques récentes. Il présentera des exemples montrant que la reconstruction des routes d'invasion par des méthodes de génétique des populations permet d'aborder des questions écologiques fondamentales et des aspects pratiques de la gestion des invasions biologiques en agriculture. Thomas Guillemaud anime une équipe au sein de l'UMR Interactions Biotiques en Santé Végétale de Sophia-Antipolis (INRA UMR1301). Ses recherches visent à comprendre les paramètres génétiques et démographiques des invasions dans différents contextes invasifs, par exemple les invasions accidentelles ou volontaires dans le cadre de la lutte biologique. Il a conduit des travaux majeurs sur des insectes invasifs importants du point de vue socio-économique, par exemple, la chrysomèle des racines du maïs et la coccinelle asiatique utilisée en lutte biologique (11-13). Le titre de sa communication est « Invasions biologiques récentes ».

Enfin, Pierre Taberlet, directeur de recherche CNRS, nous parlera de la gestion durable de la biodiversité chez divers animaux domestique, en l'occurrence la vache, le mouton et la chèvre. Son propos est de discuter l'impact de l'amélioration des performances des races industrielles sur la diversité génétique chez ces races industrielles. Pierre Taberlet a dirigé pendant plusieurs années le laboratoire d'Ecologie alpine de Grenoble (CNRS UMR5553). Son activité de recherche se situe dans le cadre général de la génétique de la conservation. Il a exploré différentes pistes où l'apport des marqueurs moléculaires pouvait faire progresser notre compréhension des processus évolutifs et aider aux décisions de gestion de la biodiversité. Ses travaux actuels portent sur la génétique de la conservation des ours, la phylogéographie des plantes arctiques et alpines, la biodiversité des plantes alpines et la reconstruction des communautés végétales anciennes à partir d'ADN extrait du pergélisol, sol gelé indicateur des changements climatiques (14-16). Le titre de sa communication est « Gestion durable de la biodiversité chez la vache, le mouton et la chèvre ».

En accompagnement de cette séance nous avons, avec Georges Pelletier et Jean-Claude Pernolet, édité un N° spécial des Comptes Rendus Biologies, qui vous est offert aujourd'hui (17).

Ce numéro spécial rassemble une dizaine de contributions, présentant d'autres données historiques que celles évoquées dans cette séance sur d'autres espèces domestiquées telles le chien, le poulet, le blé, le maïs et les levures (18-27). Un article de synthèse est également consacré aux évolutions et enjeux de la gestion des ressources génétiques (28). J'en profite pour remercier l'ensemble des auteurs pour leurs contributions et pour avoir relevé le défi de permettre dès aujourd'hui la diffusion de ce numéro spécial.

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- (1) Green RE, Krause J, Briggs AW, Maricic T, Stenzel U, Kircher M, Patterson N, Li H, Zhai W, Fritz MHY, Hansen NF, Durand EY, Malaspinas AS, Jensen JD, Marques-Bonet T, Alkan C, Prüfer K, Meyer M, Burbano HA, Good JM, Schultz R, Aximu-Petri A, Butthof A, Höber B, Höffner B, Siegemund M, Weihmann A, Nusbaum C, Lander ES, Russ C, Novod N, Affourtit J, Egholm M, Verna C, Rudan P, Brajkovic D, Kucan Z, Gušić I, Doronichev VB, Golovanova LV, Lalueza-Fox C, de la Rasilla M, Fortea J, Rosas A, Schmitz RW, Johnson PLF, Eichler EE, Falush D, Birney E, Mullikin JC, Slatkin M, Nielsen R, Kelso J, Lachmann M, Reich D, Pääbo S (2010) draft sequence of the Neandertal genome. *Science* **328**: 710-722
- (2) Briggs AW, Stenzel U, Meyer M, Krause J, Kircher M, Pääbo S (2010) Removal of deaminated cytosines and detection of in vivo methylation in ancient DNA. *Nucleic Acids Research* **38**: e87
- (3) Wang RL, Stec A, Hey J, Lukens L, Doebley J (1999) The limits of selection during maize domestication. *Nature* **398**: 236-239
- (4) Burbano HA, Hodges E, Green RE, Briggs AW, Krause J, Meyer M, Good JM, Maricic T, Johnson PLF, Xuan Z, Rooks M, Bhattacharjee A, Brizuela L, Albert FW, de la Rasilla M, Fortea J, Rosas A, Lachmann M, Hannon GH, Pääbo S (2010) Targeted investigation of the neandertal genome by array-based sequence capture. *Science* **328**: 723-725.
- (5) Krause J, Lalueza-Fox C, Orlando L, Enard W, Green RE, Burbano HA, Hublin JJ, Hänni C, Fortea J, de la Rasilla M, Bertranpetit J, Rosas A, Pääbo S (2007) The derived *FOXP2* variant of modern humans was shared with Neandertals. *Current Biology* **17**: 1908–1912
- (6) Loreille O, Orlando L, Pathou-Mathis M, Philippe M, Taberlet P, Hänni C (2001) Ancient DNA analysis reveals divergence of the cave bear, *Ursus spelaeus* and brown bear, *Ursus arctos*, lineages. *Current Biology* **11**: 200-203
- (7) Krause J, Orlando L, Serre D, Viola B, Prüfer K, Richards MP, Hublin J-H, Hänni C, Derevianko AP, Pääbo S (2007) Neanderthals in central Asia and Siberia. *Nature* **449**: 902-904.
- (8) Petit JR, Aguinagalde I, de Beaulieu JL, Bittkau C, Brewer S, Cheddadi R, Ennos R, Fineschi S, Grivet D, Lascoux M, Mohanty A, Muller-Starck G, Demesure-Musch B, Palme A, Marti JP, Rendell S, Vendramin GG (2003) Glacial refugia: hotspots but not melting pots of genetic diversity. *Science* **300**: 1563-1565
- (9) Hu FS, Hampe A, Petit RJ (2009) Paleoecology meets genetics: Deciphering past vegetational dynamics. *Frontiers in Ecology & Environment* **7**: 371-379
- (10) Hampe A, El Masri L, Petit RJ (2010) Origin of spatial genetic structure in an expanding oak population. *Molecular Ecology* **19**: 459-471

- (11) Miller N, Estoup A, Toepfer S, Bourguet D, Lapchin L, Derridj S, Kim KS, Reynaud P, Furlan L, Guillemaud T (2005) Multiple transatlantic introductions of the western corn rootworm. *Science* **310**: 992-992
- (12) Sappington TW., Siegfried BD, Guillemaud T (2006) Coordinated Diabrotica genetics research: Accelerating progress on an urgent insect pest problem. *American Entomologist* **52**: 90-97
- (13) Ciosi M, Miller NJ, Toepfer S, Estoup A, Guillemaud T (2011) Stratified dispersal and increasing genetic variation during the invasion of Central Europe by the western corn rootworm, *Diabrotica virgifera virgifera*. *Evolutionary Applications* **4**: 54-70.
- (14) Beja-Pereira A, Caramelli D, Lalueza-Fox C, Ferrand N, Casoli A, Goyache F, Royo LJ, Conti S, Lari M, Martini A, Ouragh L, Magid A, Atash A, Zsolnai A, Boscato P, Triantaphylidis C, Ploumi K, Sineo L, Mallegni F, Taberlet P, Erhardt G, Sampietro L, Bertranpetit J, Barbujani G, Luikart G, Bertorelle G (2006) The origin of European cattle: Evidence from modern and ancient DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of The United States of America* **103**: 8113-8118
- (15) Alsos IG, Eidesen PB, Ehrich D, Skrede I, Westergaard K, Jacobsen GH, Landvik JY, Taberlet P, Brochmann C (2007) Frequent long-distance plant colonization in the changing Arctic. *Science* **316**: 1606-1609
- (16) Segelbacher G, Cushman SA, Epperson BK, Fortin MJ, Francois O, Hardy OJ, Holderegger R, Taberlet P, Waits LP, Manel S (2010) Applications of landscape genetics in conservation biology: concepts and challenges. *Conservation Genetics* **11**: 375-385
- (17) Job D, Pelletier G, Pernellet JC (eds) (2011) On the trail of domestications, migrations and invasions in agriculture. *Comptes Rendus Biologies* **334**: 169-262
- (18) Vigne JD (2011) The origins of animal domestication and husbandry: A major change in the history of humanity and the biosphere. *Comptes Rendus Biologies* **334**: 171-181
- (19) Tresset A, Vigne JD (2011) Last hunter-gatherers and first farmers of Europe. *Comptes Rendus Biologies* **334**: 182-189
- (20) Galibert F, Quignon P, Hitte C, André C (2011) Toward understanding dog evolutionary and domestication history. *Comptes Rendus Biologies* **334**: 190-196
- (21) Tixier-Boichard M, Bed'hom B, Rognon X (2011) Chicken domestication: From archeology to genomics. *Comptes Rendus Biologies* **334**: 197-204
- (22) Salse J, Feuillet C (2011) Palaeogenomics in cereals: Modeling of ancestors for modern species improvement. *Comptes Rendus Biologies* **334**: 205-211
- (23) Charmet G (2011) Wheat domestication: Lessons for the future. *Comptes Rendus Biologies* **334**: 212-220
- (24) Tenaillon MI, Charcosset A (2011) A European perspective on maize history. *Comptes Rendus Biologies* **334**: 221-228
- (25) Sicard D, Legras JL (2011) Bread, beer and wine: Yeast domestication in the *Saccharomyces sensu stricto* complex. *Comptes Rendus Biologies* **334**: 229-236
- (26) Guillemaud T, Ciosi M, Lombaert M, Estoup E (2011) Biological invasions in agricultural settings: insights from evolutionary biology and population genetics. *Comptes Rendus Biologies* **334**: 237-246
- (27) Taberlet P, Coissac E, Pansu J, Pompanon F (2011) Conservation genetics of cattle, sheep, and goats. *Comptes Rendus Biologies* **334**: 247-254
- (28) Planchenault D, Mounolou JC (2011) Evolutions and stakes of genetic resources management. *Comptes Rendus Biologies* **334**: 255-262.