

évolution décisive des sociétés préhistoriques. Comment préciser cet événement ? Plusieurs disciplines y contribuent. Les phytogénéticiens analysent les modifications morphologiques et physiologiques induites par la domestication : ils identifient les mutations des gènes et estiment le temps nécessaire pour qu'elles se fixent dans le génome de toute la sous-espèce. Grâce à de nouvelles techniques, telle la flottation, qui sépare des particules solides selon leur densité dans un liquide, les archéobotanistes récupèrent les résidus végétaux des divers niveaux de stratification. En outre, grâce aux progrès des méthodes analytiques, les chimistes se contentent d'échantillons 1 000 fois plus petits que naguère pour distinguer, au carbone 14, les espèces sauvages et les espèces cultivées à partir d'éléments carbonisés de caryopses (les grains des graminacées) ou de fragments d'épis. Enfin, la microscopie électronique à balayage révèle des modifications des grains qui résultent de la domestication : on

remonte ainsi à la végétation d'une époque donnée, à partir de l'analyse du pollen trouvé dans les sédiments.

Comment identifier l'époque et le lieu de la domestication des plantes ? En premier lieu, on a analysé et daté des instruments agricoles mis au jour lors de fouilles et l'on a croisé ces informations avec des analyses des déboisements et des brûlis anciens. Ces études montrent que la domestication des céréales dans le Croissant fertile s'est déroulée sur une courte période : entre quelques dizaines d'années et deux siècles.

Selon D. Zohary, la mise en culture de chacun des végétaux serait intervenue en une seule fois, à l'initiative d'une seule population : alors que des centaines d'espèces sont présentes dans le Croissant fertile, très peu d'entre elles ont donné naissance aux espèces cultivées actuelles. D. Zohary conclut que le résultat obtenu d'emblée a été si satisfaisant qu'il a évité toute tentative ultérieure de domestication de plantes de cette espèce ou d'espèces similaires.

Où est née l'agriculture ?

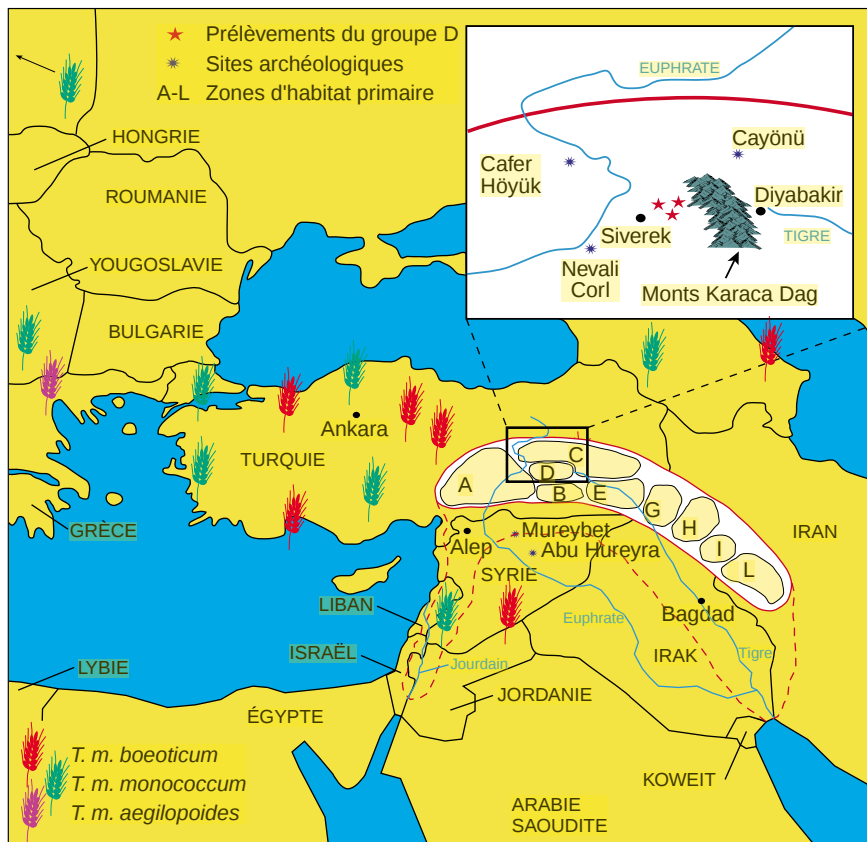
La biologie moléculaire est également utile pour l'identification du lieu ou des lieux de naissance de l'agriculture en Asie Mineure. Nous avons étudié un grand nombre d'échantillons de blé sauvage *Triticum monococcum boeoticum* et de ses formes cultivées (le premier nom est celui de la famille, le deuxième celui de l'espèce et le troisième celui de la sous-espèce). Pour interpréter nos résultats, nous avons d'abord supposé que les différences génétiques accumulées depuis la séparation entre les espèces cultivées et sauvages, il y a 12 000 ans, n'empêchent pas l'identification des ancêtres communs. Nous fondions cette hypothèse sur le mode de reproduction des formes cultivées présentes dans quelques régions marginales d'Europe : elles sont autogames, c'est-à-dire qu'elles s'autofécondent, de sorte que ces sous-espèces n'ont pas subi de croisement entre elles ou avec des formes sauvages.

Pour nos analyses, nous avons utilisé une nouvelle classe de marqueurs moléculaires, les AFLP (en anglais, amplified fragment length polymorphism, soit « polymorphisme de longueur des fragments amplifiés »), dont nous détaillerons la technique plus loin : la présence de ces marqueurs chez deux sous-espèces révèle une parenté.

Nous avons admis que la flore actuelle de l'habitat primaire de l'espèce sauvage est analogue à celle d'il y a 12 000 ans : l'habitat primaire est le lieu où l'espèce considérée croît spontanément ; on l'identifie par une importante variabilité génétique ; l'habitat secondaire, lui, est la zone où la plante a été introduite. Autrement dit, nous avons supposé que l'ancêtre sauvage reste abondant, et que la période entre la domestication et nos jours est insignifiante comparée aux périodes d'apparition d'une espèce, qui se comptent en millions d'années.

Enfin nous espérons que les populations de blé récoltées dans diverses localités du Croissant fertile – l'habitat primaire de l'espèce sauvage – seraient suffisamment différentes pour que l'on identifie des variétés les plus proches génétiquement des espèces cultivées ; ainsi nous pourrions déterminer le lieu de domestication du blé engrain.

Nous avons également tenu compte de la présence des espèces sauvages dans des milieux extérieurs au Croissant fertile, et de l'existence d'une variété semi-sauvage, *Triticum monococcum aegi-*



2. DES ÉCHANTILLONS de 338 lignées de blés ont été récoltés au Proche-Orient. Leur analyse moléculaire a révélé l'histoire génétique du blé engrain. La région du Croissant fertile (cernée de pointillés rouges) et, particulièrement, le Nord-Ouest de l'Irak et le Sud-Est de la Turquie (cernés d'un trait plein rouge) ont vu naître l'agriculture. Les neuf zones en jaune, de A à L, abritent les habitats primaires (où la plante croît spontanément) de l'espèce sauvage *Triticum monococcum boeoticum*, qui est l'ancêtre du blé engrain. Les épis rouges, verts et violets marquent les zones d'habitat secondaires (où la plante a été introduite). La région des montagnes du Karaca Dag (en haut, à droite) abrite des sites néolithiques où ont été retrouvés des grains de blé engrain.

lopoides, une variété sans doute «férale», c'est-à-dire une sous-espèce sauvage qui dérive soit de plantes domestiquées, soit du croisement de végétaux domestiqués et sauvages. Notons que, pour certains botanistes, cette espèce est l'ancêtre des formes cultivées de blé engrain. Ces formes férales colonisent souvent les territoires modifiés par l'activité humaine.

Nous disposons de 1 400 grains sauvages ou cultivés de blé engrain, nous en avons choisi, d'après leur morphologie, 339 pour une analyse moléculaire ; 262 de ceux-ci avaient été prélevés dans les habitats primaires et secondaires de l'espèce sauvage, et leur lieu précis de prélèvement était connu, à cinq kilomètres près. Nous avons incorporé à notre analyse 68 échantillons de blé engrain cultivé dans diverses régions d'Europe, et 9 échantillons, proches de *Triticum monococcum aegilopoides*, recueillis dans les Balkans.

La recherche de proximité génétique fondée sur les marqueurs AFLP commence par l'extraction et la purification de l'ADN des plants obtenus à partir de chaque échantillon de graines mises en culture. Deux enzymes qui se lient à des sites particuliers de l'ADN et le coupent à ces sites engendrent de nombreux fragments. On sélectionne alors certains de ces fragments (pour simplifier l'analyse) et on les reproduit en de nombreux exemplaires par la technique d'amplification des gènes, ou PCR (*polymerase chain reaction*, soit «réaction en chaîne à la polymérase»). Dans nos études, nous avons ainsi amplifié 288 fragments.

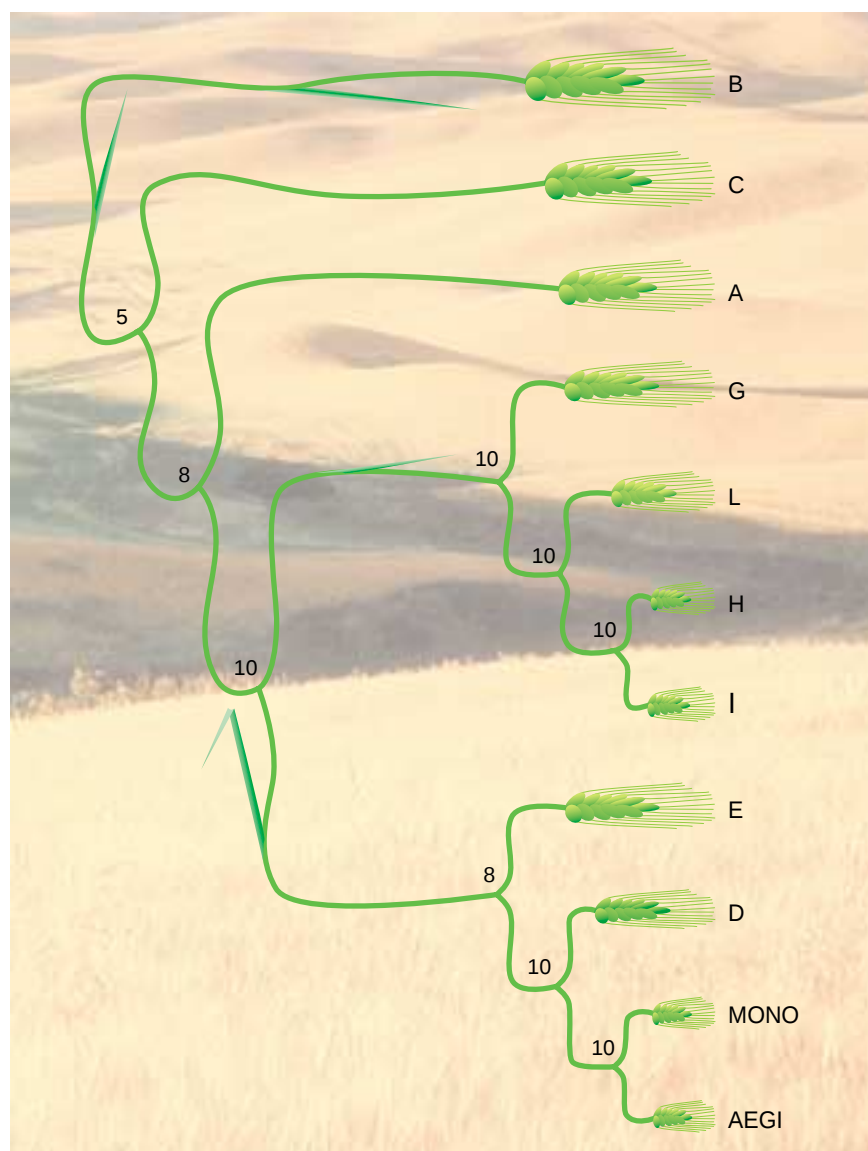
Lors de l'amplification, nous avons marqué les fragments amplifiés en y introduisant des atomes radioactifs, puis nous les avons séparés selon leur charge électrique (on les détecte alors à l'aide de plaques photographiques que les atomes radioactifs impressionnent).

La quantité de bandes communes à deux échantillons mesure leur ressemblance génétique. Après avoir comparé toutes les paires d'échantillons, on crée des arbres phylogénétiques et l'on représente graphiquement les relations de parenté génétique entre les sous-espèces étudiées. Par précaution, pour obtenir les arbres, nous avons utilisé dix méthodes d'analyse différentes, dont les résultats ont été combinés en un arbre phylogénétique dit de consensus (voir la figure 3).

Les échantillons issus de la même zone sont génétiquement plus semblables que ceux qui proviennent de zones différentes, et il existe une parenté étroite entre le blé engrain cultivé et *Triticum monococcum aegilopoides* (cette ressemblance est confirmée par les caractéristiques morphologiques) : cette sous-espèce est une forme intermédiaire entre les blés sauvages et les blés cultivés. Elle présente des signes de domestication qui, outre son habitat – les Balkans –, l'excluent du groupe des ancêtres possibles du blé engrain cultivé. Dans les dix arbres phylogé-

nétiques, les grains de blé engrain sauvage du groupe D, recueillis dans les monts Karaca Dag, sont génétiquement plus proches du blé engrain cultivé que des autres formes sauvages de *Triticum monococcum boeoticum*.

Une autre représentation graphique (voir la figure 4) montre que le groupe D se distingue nettement des autres groupes : il est le plus proche parent des différentes sous-espèces de blé engrain domestiqué. Ainsi, les montagnes du Karaca Dag, une zone réduite du Croissant fertile, sont le lieu unique de la domestication du blé engrain.



3. CET ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE CONSENSUS est établi à partir de dix généalogies obtenues par diverses méthodes d'analyse des données génétiques, de formes sauvages et cultivées de blé engrain. Les formes cultivées *Triticum monococcum monococcum* (MONO) sont génétiquement très proches des formes semi-sauvages de blé engrain des Balkans, *Triticum monococcum aegilopoides* (AEGI). L'ancêtre sauvage des formes cultivées appartient au groupe D (ainsi désigné d'après la zone de prélèvement, voir la figure 2) d'échantillons de blé engrain sauvage *Triticum monococcum boeoticum*. Les nombres sur chaque branche indiquent le nombre de fois, dans les dix arbres généalogiques différents, où la situation «consensus» a été observée.