

échantillons sur 26 régions choisies de leur génome, puis recherché, par simulation, le scénario évolutif correspondant le mieux aux données obtenues (voir l'encadré ci-dessous).

Nous avons ainsi confirmé que le pommier a bien été domestiqué en Asie, mais que d'autres pommiers sauvages ont contribué au patrimoine génétique du pommier domestique. Le pommier sauvage européen *M. sylvestris*, notamment, est un contributeur secondaire majeur au génome du pommier domestique : des séquences de son génome auraient été transférées récemment (il y a 1500 ans) au pommier cultivé, par un mécanisme de mélange génétique nommé introgression (une hybridation suivie de plusieurs croisements avec le parent hôte). De nombreux pommiers domestiques comportent ainsi des parties génomiques du pommier sauvage européen. Voici le scénario le plus plausible déduit de nos données.

Un mélange génétique récent avec le pommier sauvage européen

Le pommier aurait été domestiqué en Asie il y a entre 10 000 et 4 000 ans à partir de l'espèce sauvage *M. sieversii*. Le greffage, dont les premières traces archéologiques (textes, dessins sur des poteries) datent de 4 000 ans, aurait ensuite joué un rôle clé dans la production et la diffusion du pommier cultivé à travers l'Eurasie. Une forme de pommier correspondant à un pommier domestique a été retrouvée au Proche-Orient et datée de cette époque.

Par la suite, le pommier domestiqué a été introduit en Europe et en Afrique du Nord par les Romains et les Grecs. Mais, il y a 1 500 ans, peu après l'introduction des pommes domestiquées en Europe, le pommier cultivé se serait hybridé avec le pommier sauvage européen, *M. sylvestris*.

D'autres pommiers sauvages présents le long de la route de la soie ont pu aussi contribuer au génome des pommiers domestiques. Ainsi, trois pour cent des pommiers domestiques étudiés présentent des introgressions de *M. orientalis*, pommier sauvage caucasien. Ces introgressions plus récentes ont pu être faites sciemment ou non par l'homme, par pollinisation contrôlée ou naturelle. Le pommier sauvage de Sibérie et de l'Est asiatique, *M. baccata*, n'a pas contribué aux échantillons testés.

En chiffres

3^e fruit le plus consommé au monde.

69 millions de tonnes de pommes produites chaque année dans le monde.

1,65 million de tonnes produites en 2011 en France, dont 40 % de Golden, 15 % de Gala et 10 % de Granny Smith. 43 % ont été consommées en France, 33 % exportées et 24 % transformées.

18 kg de pommes sont consommés par an et par ménage en France (premier fruit consommé en France en parts de marché).

Plus de 11 000 variétés cultivées dans le monde, 376 autorisées en France, dont une vingtaine couramment consommées.

La comparaison des deux groupes de pommiers domestiqués – à pommes à cou-teau et à pommes à cidre – avec les pommiers sauvages a aussi permis de préciser leur origine. De par la fréquente amertume de leurs fruits, on aurait pu croire que les pommiers à cidre présenteraient de plus fortes introgressions par le pommier sauvage européen *M. sylvestris*, dont les fruits, petits et acides, ne sont pas consommables. En fait, on observe très peu de différenciation génétique entre les deux types de pommiers domestiques. On peut donc supposer que le goût amer des pommes à cidre est issu de leur ancêtre d'Asie centrale, qui présente une forte diversité de fruits en termes de forme et de goût. L'existence d'une production traditionnelle de cidre dans certaines régions de Turquie, bien plus à l'Est que la répartition géographique de *M. sylvestris*, appuie cette hypothèse.

Ainsi, les différents types de pommes que l'on connaît proviennent tous d'une domestication en Asie qui a ensuite gagné l'Europe il y a environ 1 500 ans. Durant ce trajet, il y a eu des apports de divers pommiers sauvages, en particulier du pommier sauvage européen. Malgré ces apports, les

Du génotype à l'histoire évolutive

Pour mieux comprendre les différentes étapes de domestication du pommier, les auteurs ont recherché les variations génétiques en différentes parties du génome de leurs échantillons, c'est-à-dire établi leurs caractéristiques génétiques (leurs génotypes), et les ont comparés.

Cette caractérisation a été effectuée sur 26 séquences choisies, nommées microsatellites. Constitués d'unités répétées de un à cinq nucléotides (les briques de la molécule d'ADN qui porte l'information génétique), les microsatellites sont des motifs présents dans des zones du génome qui ne codent pas de protéines – et donc sur lesquelles la sélection par l'homme ne s'exerce pas.

Le nombre de répétitions dans chaque microsatellite permet de caractériser les

individus, comme dans les tests de paternité. Par ailleurs, les microsatellites présentent une forte probabilité de mutation par rapport à d'autres régions non codantes de l'ADN. Cette variabilité en fait des marqueurs de choix pour déterminer les proximités génétiques d'individus.

Les génotypes déterminés, des analyses ont été effectuées à l'aide de méthodes statistiques (dites d'inférence bayésienne) afin d'étudier le degré de différenciation génétique des échantillons

et de rechercher le transfert de séquences d'une population à une autre (l'introgression entre populations).

Ces données ont permis de comparer différents scénarios historiques et démographiques (tels que des scénarios de domestication). Des millions de données ont été simulées sous chacun des scénarios de domestication testés. Le scénario dont les données simulées sont les plus proches des données observées dans l'échantillonnage est considéré comme le modèle le plus probable. Ces analyses permettent une meilleure compréhension du processus de domestication et, plus généralement, des mécanismes de diversification.