



www.cnrs.fr



COMMUNIQUÉ DE PRESSE NATIONAL | PARIS | 25 AVRIL 2017

**Attention, sous embargo jusqu'au jeudi 27 avril 2017, 20h00 de Paris.**

## Certains mystères de la domestication animale révélés par les chevaux des Scythes

En étudiant le génome des chevaux des Scythes, une équipe internationale de chercheurs esquisse les relations que ces nomades d'Asie centrale de l'Âge de Fer entretenaient avec leurs montures – et lève le voile sur certains des mystères de la domestication animale. **Publiés dans la revue *Science* le 28 avril 2017, ces travaux ont été dirigés par Ludovic Orlando, directeur de recherche du CNRS au laboratoire Anthropologie moléculaire et imagerie de synthèse (CNRS/Université Toulouse III – Paul Sabatier/Université Paris Descartes) et professeur au Museum d'histoire naturelle du Danemark<sup>1</sup>.**

Peuple d'éleveurs nomades, les Scythes régnaient sur les steppes d'Asie Centrale au cours de l'Âge de Fer (du 9<sup>e</sup> au 1<sup>er</sup> siècle avant notre ère environ). Ils étaient connus pour leur exceptionnel art équestre, et leurs dirigeants se faisaient inhumer avec des étalons sacrifiés lors d'importantes cérémonies funéraires. Ce sont notamment quelques-uns de ces équidés dont les génomes ont été entièrement séquencés dans cette étude, afin de mieux comprendre les relations que le peuple scythe a su développer avec ses chevaux. Les chercheurs ont exploité les génomes de 13 étalons vieux de 2 300 à 2 700 ans, provenant des tombes royales scythes d'Arzhan (république russe de Tuva, aux confins de la Mongolie) et de Berel' (Altaï kazakh), ainsi que celui d'une jument d'une culture antérieure, trouvée à Tcheliabinsk (Russie) et âgée de 4 100 ans.

En étudiant les variants portés par certains gènes spécifiques, ils ont pu déduire que les chevaux scythes arboraient une diversité de couleurs de robe, allant du bai au noir, en passant par l'alezan. Ils ont aussi révélé un total de 121 gènes sélectionnés par les éleveurs scythes, impliqués pour la plupart dans le développement des membres supérieurs – les Scythes semblaient préférer les chevaux de morphologie trapue – mais aussi dans le développement des glandes mammaires, ce qui corrobore l'utilisation du lait de jument depuis des millénaires.

C'est aussi tout un pan de la domestication des animaux que cette étude contribue à éclairer. Ainsi, les chercheurs ont déterminé les régions du génome où se sont concentrées les mutations adaptatives au cours des trois premiers millénaires de la domestication du cheval (initiée voici 5 500 ans). Ces régions portent souvent des gènes liés à une population de cellules de l'embryon appelée crête neurale, à l'origine de nombreux tissus de l'organisme. C'est l'une des premières preuves expérimentales en faveur de la « théorie de la crête neurale », qui vise à expliquer pourquoi tous les animaux domestiques, malgré une

<sup>1</sup> Des chercheurs d'autres laboratoires français ont apporté leur contribution à ces travaux, à l'Institut Jacques Monod (CNRS/Université Paris Diderot), au laboratoire Archéozoologie, archéobotanique : sociétés, pratiques et environnements (CNRS/MNHN) et au laboratoire Archéologies et sciences de l'Antiquité (CNRS/Université Paris 1 Panthéon-Sorbonne/Université Paris Ouest Nanterre La Défense/Ministère de la Culture et de la Communication).



www.cnrs.fr



histoire indépendante, ont convergé vers des caractéristiques physiques et comportementales communes. Comme la crête neurale donne naissance à de nombreux tissus, la reprogrammation de ce groupe de cellules au cours du développement peut entraîner l'apparition conjointe d'un cortège de caractères d'intérêt. La surreprésentation de gènes liés à la crête neurale parmi ceux portant des mutations adaptatives suggère l'importance de cette structure pour la domestication.

En comparant la diversité génétique de ces chevaux anciens à celle des chevaux actuels, les auteurs ont découvert qu'un effondrement démographique a eu lieu au cours des 2 300 dernières années, entraînant une chute de la diversité génétique des chevaux. En cause : les pratiques d'élevage, qui ont impliqué un nombre de plus en plus restreint d'étalons dans la reproduction – si bien que les chevaux domestiques actuels partagent presque tous le même chromosome Y, contrairement aux chevaux scythes. Ces phénomènes se sont accompagnés d'une accumulation de mutations délétères. L'accumulation relativement récente de ces mutations délétères – retrouvées chez tous les animaux domestiques – contredit l'hypothèse dite du « coût de la domestication », selon laquelle cette accumulation se produit dès les premiers stades de la domestication.

Dans le cadre du projet ERC Pegasus dirigé par Ludovic Orlando, les chercheurs vont maintenant étendre leurs travaux de paléogénétique à d'autres cultures humaines afin de comprendre comment la domestication des chevaux a influencé le destin des civilisations.

Pour plus d'information sur le projet ERC Pegasus : <http://orlandoludovic.wixsite.com/pegasus-erc>



**Chevaux domestiques kazakhs modernes.**

© Ludovic Orlando, Natural History Museum of Denmark, CNRS



**Chevaux de Przewalski (sauvages), réserve de réintroduction de Seer, Mongolie.**

© Ludovic Orlando, Natural History Museum of Denmark, CNRS



www.cnrs.fr



Fouille du site Kurgan Arzhan 2 (Tuva, Sibérie), 7<sup>e</sup> siècle avant notre ère.

Tombe 16. Vue de 14 squelettes de chevaux exhumés.

© Michael Hochmuth, German Archaeological Institute, Berlin



Tombe fouillée sur le site archéologique Alaas Ebé, district de Churapchinsky, Yakutie, Russie.

Mission archéologique française en Sibérie orientale (MAFSO).

© Eric Crubézy

D'autres photos sont disponibles sur demande.

## Bibliographie

**Ancient genomic changes associated with domestication of the horse**, Pablo Librado, Cristina Gamba, Charleen Gaunitz, Clio Der Sarkissian, Mélanie Pruvost, Anders Albrechtsen, Antoine Fages, Naveed Khan, Mikkel Schubert, Vidhya Jagannathan, Aitor Serres-Armero, Lukas F. K. Kuderna, Inna S. Povolotskaya, Andaine Seguin-Orlando, Sébastien Lepetz, Markus Neuditschko, Catherine Thèves, Saleh Alquraishi, Ahmed H. Alfarhan, Khaled Al-Rasheid, Stefan Rieder, Zainolla Samashev, Henri-Paul Francfort, Norbert Benecke, Michael Hofreiter, Arne Ludwig, Christine Keyser, Tomas Marques-Bonet, Bertrand Ludes, Eric Crubézy, Tosso Leeb, Eske Willerslev, Ludovic Orlando. *Science*, 28 avril 2017.  
DOI : 10.1126/science.aam5298

## Contacts

**Chercheur CNRS** | Ludovic Orlando | T + 45 21 84 96 46 | [lorlando@snm.ku.dk](mailto:lorlando@snm.ku.dk)  
**Presse CNRS** | Véronique Etienne | T +33 (0)1 44 96 51 37 | [veronique.etienne@cnrs-dir.fr](mailto:veronique.etienne@cnrs-dir.fr)