

Une origine ancienne de plusieurs millions d'années

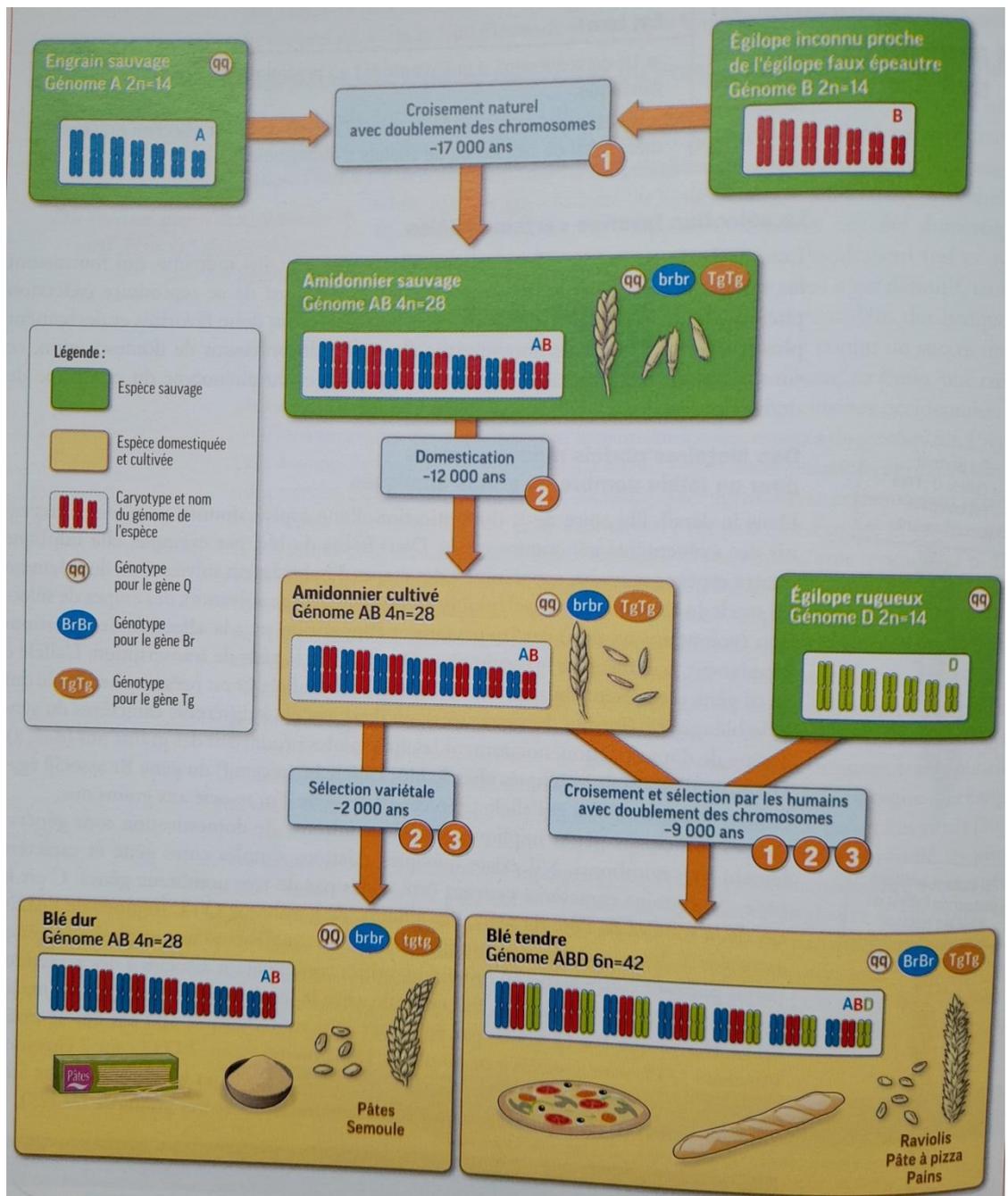
La comparaison des séquences de 41 032 gènes des variétés de blés modernes avec ceux de leurs ancêtres sauvages (couvrant les espèces du complexe *Triticum-Aegilops*) a permis de retracer l'histoire évolutive du blé composée d'une succession de processus d'hybridations et de flux de gènes (appelée évolution réticulée) entre les ancêtres à différents niveaux de ploïdie qui, sur plusieurs millions d'années, ont façonnés les blés modernes. Ces hybridations successives sont considérées comme un moteur de l'adaptation du blé en brassant de manière récurrente la diversité pouvant ainsi conduire à l'apparition de nouvelles lignées mieux adaptées à leur environnement. Un tel brassage pourrait être à l'origine de la capacité du blé à avoir été cultivé sur l'ensemble des continents avec des conditions environnementales et pédoclimatiques variées.

Une histoire évolutive fortement liée à l'origine et à l'expansion de l'agriculture durant le Néolithique

Il y a 500 000 ans, une première hybridation entre *Triticum urartu* et une espèce proche de *Aegilops speltoides* a généré une nouvelle espèce appelée *T.*

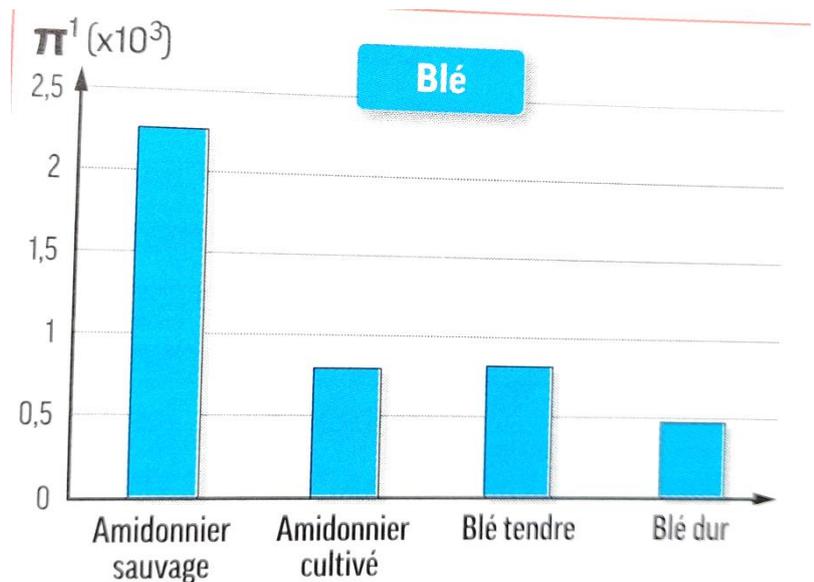
dicoccoides, à l'origine des blés tétraploïdes (ou blés durs) *T. dicoccum* et *T. durum*, utilisé de nos jours pour la production de semoule et de pâtes. Il y a environ 10 000

ans, l'hybridation de blés tétraploïdes avec *A. tauschii* a produit le blé hexaploïde (ou blés tendres) *T. aestivum*, utilisé de nos jours pour la production de farine et de pain.



Concomitamment à cette dernière hybridation, ces blés ont été domestiqués dans le Croissant fertile, une région s'étendant d'Israël, de la Jordanie, du Liban, de la Syrie au sud-est de la Turquie, au nord de l'Irak et à l'ouest de l'Iran.

La comparaison des espèces sauvages (diploïdes et tétraploïdes) avec les espèces domestiquées hexaploïdes (*T. aestivum*) a permis d'identifier les régions du génome ayant été sélectionnées par l'Homme lors de la domestication, c'est-à-dire ayant subi une forte réduction de diversité (ROD) génétique.



Graphique présentant l'évolution de la diversité génétique sur différentes espèces cultivées

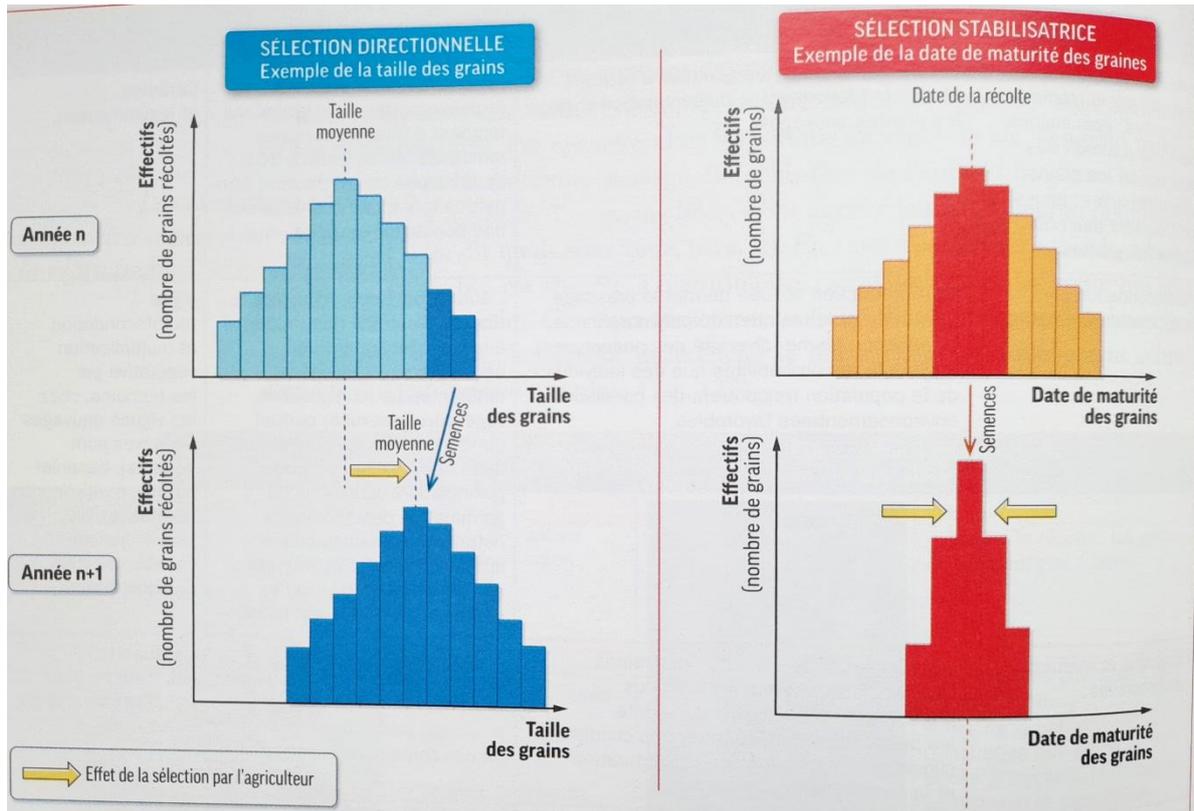
¹ La diversité nucléotidique π correspond au nombre de nucléotides différents rapporté à la longueur de la séquence d'ADN

Ces empreintes génomiques, qui couvrent près de 10% du génome, contiennent des gènes (*Br*, *Tg*, *Q*) impliqués dans l'obtention de plantes aux rachis solides et aux grains nus, facilitant la récolte, mais aussi de nombreux gènes dont le rôle dans le syndrome de domestication demeure encore inconnu.

Tableau - Comparaison de quelques caractéristiques du blé sauvage et du blé domestiqué

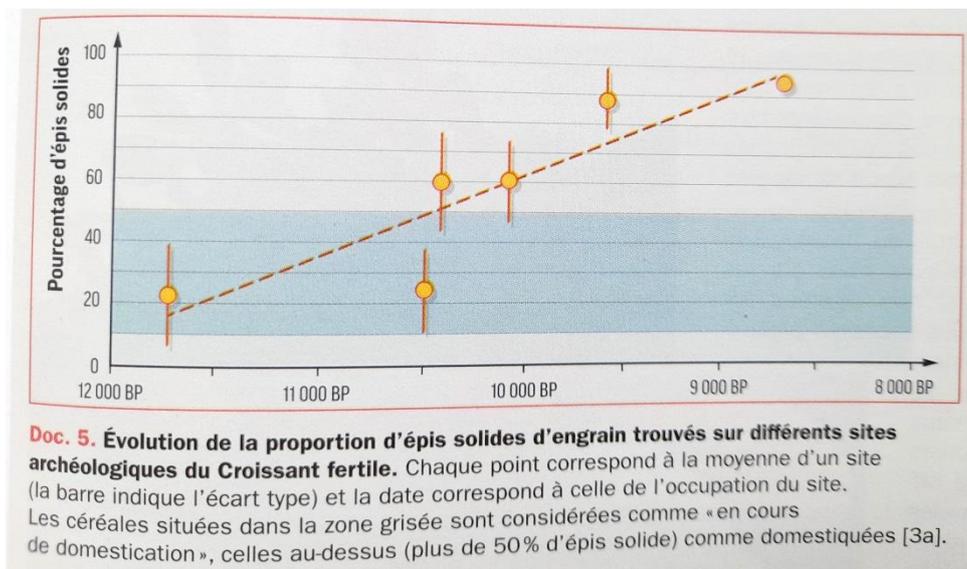
	Blé sauvage (Engrain)	Blé domestiqué (Blé tendre)
Fragilité de l'épi	<p>Rachis solide Épillets retirés manuellement Glumelles Grain Glume Glume Un épillet = 3 fleurs ayant donné chacune un grain Rachis (axe de l'épi)</p>	<p>Rachis fragile et cassant Glumelles Épillet Glume Entre-nœud du rachis</p>
Grain nus/vétus	<p>Les épis se fragmentent facilement à maturité, \square bonne dispersion des grains</p> <p>A maturité, les grains restent entourés des glumelles \square protection du grain lors de sa dispersion</p>	<p>Les épis ne se fragmentent pas à maturité (grains indéhiscents) \square récolte plus simple</p> <p>A maturité, les grains sont nus \square facilite la séparation des grains des épis (battage), meilleur digestibilité</p>

Graphique modélisant les pressions de sélection effectuée lors des choix des semences au fur à mesure des générations de cultures de blés

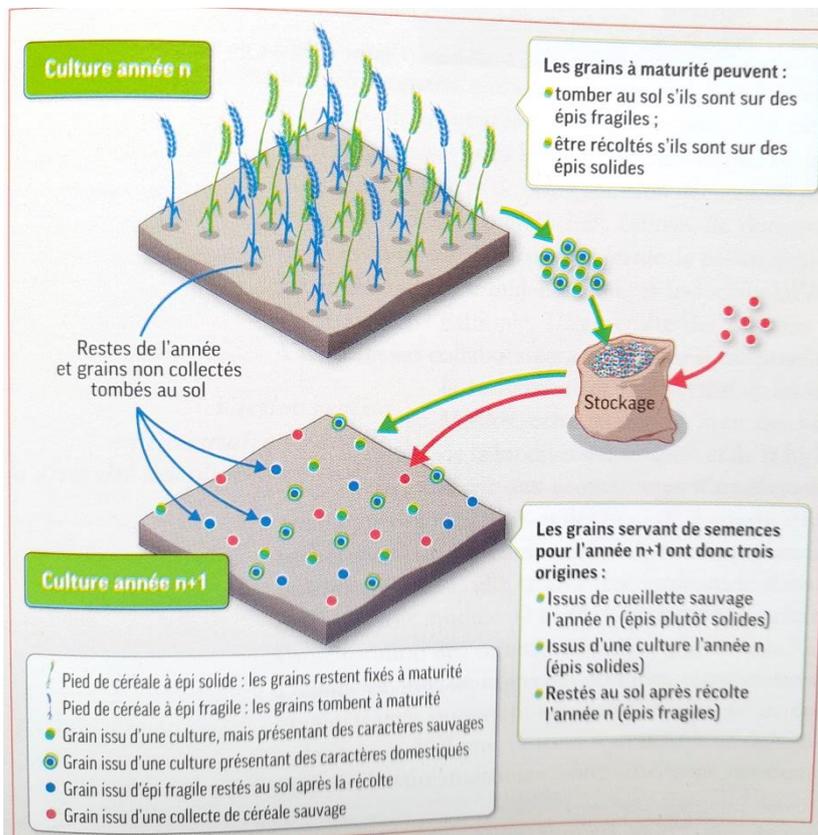


Issu du livre « Le défi alimentaire » de Samuel Rebulard

Graphique présentant l'évolution du pourcentage d'épis solides dans les récoltes au cours de la période de domestication des 12000 dernières années.



Issu du livre « Le défi alimentaire » de Samuel Rebulard



Quelles évolutions depuis l'apparition du blé tendre ?

L'analyse de la diversité sur un panel de 4 506 accessions de blé constitué de populations de pays, de cultivars anciens et de variétés modernes, a permis, quant-à-elle, d'étudier l'évolution de la diversité depuis l'apparition du blé tendre.

Issu du livre « Le défi alimentaire » de Samuel Rebulard

Elle met ainsi en évidence une structuration de la diversité originelle en

huit sous-populations issues de la migration à partir du Croissant Fertile, vers l'Europe et l'Asie. Elle montre également que la diversité génétique mondiale s'est structurée à partir de cette diversité originelle, au gré de l'histoire des populations humaines (migration, colonisation, commerce...).

Ces empreintes génomiques, qui diffèrent selon l'origine géographique des accessions considérées, permettent de retracer avec précision l'histoire de l'agriculture depuis le Croissant Fertile avec la mise en évidence de cinq routes anciennes de migration des fermiers du néolithique.

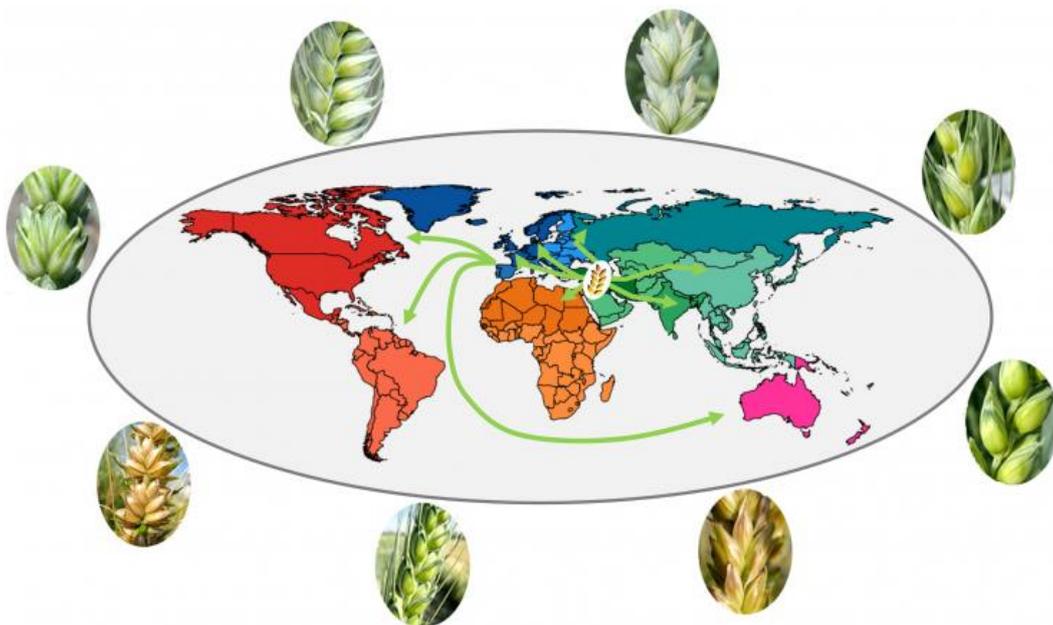


Illustration de l'origine du blé dans le Croissant Fertile et des voies d'expansions de l'agriculture depuis le Néolithique