

Réseau Thématique Pluridisciplinaire
« Paléogénétique de l'Homme et son environnement »
(2005-2007)

Départements SHS et EDD du CNRS

« Livre blanc de la paléogénétique »

Bilan d'activité et propositions finales

Coordonnateur Département SHS : Robert Chénorkian
Coordonnateur Département EDD : Bernard Delay

Co-responsables du RTP :
Jean-Denis Vigne (CNRS SHS, UMR 5197)
Pierre Darlu (CNRS SHS, INSERM U535)
Pierre Taberlet (CNRS SDV, UMR 5553)

Secrétariat du bureau :
Christelle Tougard (CNRS, EDD, UMR 5561)

Paris, déc. 2007

RTP « Paléogénétique de l'Homme et son environnement »
(2005-2007)

« Livre blanc de la paléogénétique »
Bilan d'activité et propositions finales

SOMMAIRE

Résumé	3
1. Les contextes scientifique, méthodologique et stratégique	
1.1. Enjeux scientifiques	4
1.2. Considérations méthodologiques	5
1.3. Etat de la communauté nationale et enjeux stratégiques	6
2. À l'origine du RTP: l'Ecole thématique du même nom	7
3. Présentation du « RTP Paléogénétique »	8
4. Les onze recommandations fondatrices du RTP (avril 2005)	10
5. Activités du Bureau du RTP	
5.1. Composition du bureau	12
5.2. Echanges avec les représentants des directions scientifiques	12
5.3. Soutien aux demandes d'intérêt collectif / demandes de moyens	13
5.4. Appels d'offre pour de petites opérations scientifiques	13
5.5. Animation scientifique : ateliers thématiques d'échange de compétence	14
5.6. Organisation des structures et de la communauté en France	14
6. Identification et diversité de la communauté	
6.1. Les laboratoires possédant une infrastructure dédiée à l'analyse de l'ADN ancien	15
6.2. Les autres laboratoires investis en paléogénétique	16
6.3. Les caractéristiques de la communauté, à travers les fiches des unités	16
7. Observations et recommandations finales	
7.1. Pluridisciplinarité et décisions de politique scientifique	21
7.2. Charte de qualité	21
7.3. Structuration des compétences et des moyens au plan national	21
7.4. Pas d'avenir pour le RTP ?	23
7.5. Evolutions technologiques en cours	23
7.6. Elargissement interinstitutionnel	24
7.7. Besoins exprimés par la communauté	24
Annexes :	
1- Compte rendu de l'Ecole thématique « Paléogénétique de l'Homme et de son environnement » (Lalonde les Maures, 17-19 nov. 2004)	26
2- Pv des réunions de bureau du RTP	35
3- Programme des journées scientifiques de 2006 à l'IJM	52
4- Programme des journées scientifiques de 2007 au Muséum	54
5- Fiches des unités ayant répondu à la recension faite par le RTP en 2007	56
6- Charte de qualité retenue <i>in fine</i> par le RTP	82
7- Bilan financier	84

Résumé :

Grâce aux progrès de la biologie moléculaire, l'analyse de l'ADN ancien (et, plus généralement, des molécules fossiles) issus des restes archéologiques ou paléontologiques quaternaires, connaît un développement rapide. Elle est susceptible de fournir de multiples informations sur la phylogénie de taxons récemment éteints, et sur la dynamique des populations microbiennes (grandes épidémies), animales, végétales (phylogéographie, translocation d'espèces, domestication ; commensalisme et parasitisme) ou humaines (migration, sélection, dérive ; maladies génétiques), à l'échelle des derniers siècles ou millénaires.

Les développements techniques relatifs à la paléogénétique n'en sont qu'à leurs débuts. Ils requièrent une forte interaction interdisciplinaire entre sciences de la vie, sciences de la terre et sciences de l'homme (notamment l'anthropologie et l'archéologie), groupées autour de projets où la part d'expérimentation est nécessairement importante, et pour lesquels les fouilles ou les collections de musées sont tout aussi importantes que les plateaux techniques ou les plates-formes de biologie moléculaire spécialisés en paléogénétique.

La communauté française, très dynamique au plan international dès le début des années 1990, a récemment fait un gros effort de structuration et de concertation, validé et encouragé par les départements « Environnement et développement durable », « Sciences humaines et sociales » et « Sciences de la vie » du CNRS, ainsi que par le Muséum national d'Histoire naturelle, et sanctionné par la création d'un réseau thématique pluridisciplinaire du CNRS (RTP « Paléogénétique de l'Homme et son environnement »), et par le financement d'une plate-forme méthodologique et de plusieurs plateaux techniques.

Le présent rapport vise un état des lieux de la communauté, de ses forces et de ses faiblesses, et débouche sur plusieurs recommandations qui s'adressent certes aux départements scientifiques du CNRS concernés, mais aussi, de façon plus générale, à toutes les tutelles susceptibles de soutenir cette communauté éminemment pluridisciplinaire.

1. Les contextes scientifique, méthodologique et stratégique

Parmi les molécules organiques conservées dans les restes botaniques, zoologiques et humains issus des fouilles archéologiques ou paléontologiques, les acides nucléiques (notamment l'ADN ancien, ADN_a) offrent l'avantage de livrer des informations d'ordre génétique. Sous réserve d'une validation chronologique et biomoléculaire de ces données au cas par cas, validation qui est encore loin de relever de la routine, elles sont donc susceptibles de constituer un puissant outil paléobiologique, en complément des approches morphologiques habituellement utilisées en paléontologie, en paléoanthropologie et en archéobotanique et archéozoologie, en particulier celles de la morphométrie géométrique. L'outil moléculaire peut également avec profit, être appliqué à des collections d'histoire naturelle (os, poils, plumes, peaux...). Sur le long terme, la paléogénétique offre en outre l'espoir de documenter de façon directe une partie de l'évolution moléculaire, du moins sur les périodes pour lesquelles on peut espérer trouver des molécules conservées, c'est-à-dire les 150 000 à 500 000 dernières années, en l'état des connaissances actuelles.

1.1. Enjeux scientifiques

Les domaines scientifiques concernés peuvent être déclinés selon les différents niveaux d'intégration biologiques, du peuplement à l'individu.

À l'échelle des peuplements ou des communautés (inter-spécifique). L'analyse de séquences d'ADN_a évoluant selon un rythme de mutation lent (gènes mitochondriaux tels que le cytochrome *b* ou l'ARNr 12S), contribuent à situer des taxons éteints par rapport à ceux dont on connaît les caractéristiques génétiques. La paléogénétique est donc un outil efficace pour retracer la phylogénie des organismes, en particulier en y intégrant les taxons récemment éteints (pensons par exemple aux faunes insulaires disparues suite à l'intervention humaine holocène). Elle peut donc contribuer à la compréhension de la mise en place des différentes vagues de peuplements quaternaires, y compris les plus récentes. C'est aussi un outil de détermination taxinomique pour les restes fossiles ou sub-fossiles fragmentés, notamment pour les taxons jumeaux, indissociables sur des critères morphologiques. Les recherches en paléogénétique à cette échelle d'intégration inter-spécifique peuvent être développées avec une relative facilité, car elles peuvent s'en tenir à des séquences d'ADN mitochondrial, plus abondant et plus facile à amplifier que l'ADN nucléaire. Cependant, il n'est pas toujours possible d'obtenir des arbres robustes sur la base de séquences mitochondriales. De plus en plus, les analyses actuelles intègrent des séquences nucléaires.

À l'échelle intraspécifique / interpopulationnelle. D'autres traceurs mitochondriaux à plus fort taux de mutation (Dloop, par ex.), voire même, depuis peu, des traceurs nucléaires (microsatellites, SNPS) peuvent ou pourront être utilisés à l'échelle intra-spécifique afin de compléter les approches morphologiques ou de génétique des populations actuelles à l'origine des scénarios évolutifs testés par des études phylogéographiques. En particulier, à l'échelle intra-spécifique, où l'horloge moléculaire trouve ses limites, les données de la paléogénétique permettent d'accéder de façon fine et appropriée à la datation des divergences de clades. Ces approches phylogéographiques trouvent des applications particulièrement pertinentes dans l'étude de la reconquête post-glaciaire des zones septentrionales des continents de l'hémisphère nord, dont la dynamique a contribué à structurer les biodiversités actuelles. Elles concernent aussi la mise en place des peuplements anthropogènes (populations commensales, insulaires, urbaines ou périurbaines) ou l'origine biologique et la diversité des plantes et des animaux domestiques (identification des populations à l'origine des cultivars ou des animaux domestiques, introgressions de lignées domestiques déplacées dans les populations sauvages locales...). C'est à cette échelle aussi que la paléogénétique permet de déceler et de reconstituer les déplacements anciens, climatiques ou anthropogènes (transferts), de plantes

ou d'animaux, sauvages, domestiques ou marronnés, que la plupart des outils morphologiques sont impuissants à documenter ; elle est donc appelée à jouer un rôle important dans la connaissance des processus invasifs anciens ou plus récents. Les migrations humaines anciennes peuvent être documentées de la même manière, avec toutefois des difficultés techniques accrues, inhérentes au contrôle et au traçage des contaminations par les ADN modernes. Des développements sont aussi en cours dans le domaine paléo-épidémiologique (notamment avec les pathogènes humains : trypanosomes, mycobactéries, Rickettsies, malaria, HIV), avec des retombées d'ordre fondamental (co-évolution entre pathogène et hôte potentiel) ou appliqué (histoire des pandémies).

À l'échelle intrapopulationnelle / interindividuelle. L'application des méthodes de la paléogénétique aux grandes séries d'individus disponibles dans les collections des musées ou les assemblages paléontologiques ou archéologiques des périodes historiques récentes, mieux conservées, permet une approche de la diversité génétique de populations éteintes, et offre donc un éclairage sur leur histoire (effet de fondation, goulots d'étranglements...). Ce type d'études peut aussi s'appuyer sur les marqueurs génétiques relativement faciles à traiter, que sont ceux de l'ADN mitochondrial. D'autres approches interindividuelles ne sont envisageables qu'en utilisant des marqueurs nucléaires, et bien que d'un intérêt certain, elles sont longtemps restées d'ordre expérimental ; ce n'est que tout récemment que le progrès des techniques (pyroséquençage, notamment) a permis leur plus large développement. C'est le cas de la détermination des sex-ratios, des liens de parenté entre individus, des maladies génétiques, tant en ce qui concerne les plantes que les animaux et les humains.

1.2. Considérations méthodologiques

Les espoirs que la communauté internationale avait fondés sur l'ADN ancien au début des années 1990 ont dû être considérablement revus à la baisse dès le milieu de cette même décennie : l'état de fragmentation et de dégradation des molécules anciennes, la présence fréquente d'inhibiteurs et surtout les risques majeurs de contamination par des molécules modernes non dégradées et la difficulté qu'on éprouve pour authentifier sans ambiguïtés les séquences anciennes, notamment (mais pas seulement) pour *Homo sapiens*, incitent désormais à une très grande prudence. L'extraction, l'amplification et l'analyse de séquences de l'ADNa impliquent de disposer de compétences, d'équipement et de locaux spécialisés, différents de ceux qui sont mis en jeu pour les autres travaux de biologie moléculaire.

De l'avis de tous les spécialistes, finalement peu nombreux de part le monde, la paléogénétique n'en est qu'à ses débuts. En particulier, on sait encore peu de choses sur les processus de dégradation de la molécule post-mortem, sur son évolution dans différents contextes d'enfouissement ou de conservation en collection d'histoire naturelle, sur son état physico-chimique dans les restes fossiles plus ou moins anciens, etc. Il est donc nécessaire d'encourager les recherches méthodologiques, en particulier celles qui s'appuient sur une démarche expérimentale construite autour de fouilles archéologiques ou paléontologiques, de grandes collections d'histoire naturelle ou d'équipements d'analyses physico-chimiques ou de biologie moléculaire.

Les contraintes techniques liées à l'ADN ancien interdisent par ailleurs d'envisager l'existence de laboratoires de biologie moléculaire qui seraient de simples producteurs de séquence, et joueraient le rôle de prestataires de service vis-à-vis de laboratoires utilisateurs. De même, la recherche de fiabilité dans l'échantillonnage et de qualité dans l'interprétation des résultats exclut que ces derniers jouent un rôle de simple pourvoyeur d'échantillons ou de scénarios. Les jeux de données issues de la paléogénétique constituent des objets particuliers pour la génétique des populations, qu'il convient de traiter et de modéliser à l'aide d'outils statistiques adaptés. Les travaux de paléogénétique doivent donc nécessairement s'inscrire dans le cadre de collaborations interdisciplinaires.

1.3. Etat de la communauté nationale et enjeux stratégiques

La paléogénétique est née au cours des années 1980. Dès cette époque, trois laboratoires français ont publié des résultats reconnus au plan international et les départements SHS et SDV du CNRS ont stimulé ces avancées jusqu'au milieu des années 1990. À partir de 2002, ils ont témoigné un regain d'intérêt pour la paléogénétique, avec le recrutement de deux chargés de recherche, d'un ingénieur et de plusieurs post-docs paléogénéticiens, et avec l'organisation d'une journée de paléogénétique (Paris, 2002), puis d'une Ecole Thématique (« Paléogénétique de l'Homme et de son environnement », Lalonde les Maures, nov. 2004) qui fut à l'origine du présent RTP.

Même si cette communauté scientifique n'était à l'origine que de 4,6% des 175 publications internationales de paléogénétique recensées par Pääbo *et al.* (2004, *Annual. Rev. Genet.*, 38 : 645-679), elle conservait alors, dans la communauté internationale, une place reconnue pour la qualité de ses travaux, et des potentialités et un savoir-faire qui auraient dû lui permettre d'être plus présente sur la scène internationale, pour peu qu'elle bénéficie d'une organisation à l'échelle nationale et que des moyens substantiels lui soient alloués.

C'est pour répondre à cette seconde demande que, durant les années 2002 et 2004, le CNRS a investi dans le personnel ou l'équipement de plusieurs laboratoires de paléogénétique (Dijon pour le SDU ; Bordeaux, Toulouse pour SHS ; Lyon, Grenoble et Paris-IJM pour SDV) et d'une première plate-forme à vocation nationale (Lyon-ENS).

On doit toutefois constater, quatre années après, que ces investissements auraient gagné à s'inscrire en aval d'une réflexion collective, interdépartementale et même interinstitutionnelle, sur la structuration de la communauté. Autant qu'on puisse le faire après coup, le présent RTP avait pour objectif d'accompagner cette croissance, en facilitant le dialogue entre laboratoires et entre communautés, et en proposant des solutions à ce relatif désordre. En dépit des débats qui l'agitaient concernant les limites des méthodes ou les voies de développement technique à privilégier, une part non négligeable de la communauté française a fait l'effort d'engager, en ce sens, un dialogue interdisciplinaire, de s'organiser et de faire remonter des demandes aux tutelles concernées.

2. À l'origine du « RTP » : l'École thématique du même nom

L'École thématique « Paléogénétique de l'homme et de son environnement », organisée les 17-19 novembre 2004 à Lalonde les Maures par le département SHS du CNRS et par P. Darlu, J.-D. Vigne et P. Taberlet suscita des échanges approfondis dans une large part de la communauté nationale, notamment chez les jeunes chercheurs.

Cette Ecole thématique a réuni 34 scientifiques représentant 22 laboratoires de France directement impliqués dans des travaux ou des collaborations en paléogénétique. Elle a permis un état des lieux approfondis des laboratoires, y compris ceux qui n'étaient pas représentés dans cette réunion. Elle déboucha sur un certain nombre de propositions collectives d'ordres méthodologique et stratégique, profondément interdisciplinaires, qui furent à l'origine de la création du RTP du même nom et sur lesquelles s'appuient un certain nombre des recommandations finales du présent rapport.

Elle fut donc, de toute évidence, un temps fort de la vie de la communauté française. Il est même permis de se demander, quatre ans après, si le RTP a jamais réussi à faire mieux, ni même aussi bien.

C'est pourquoi il nous a semblé important, dans ce rapport de restitution sensé servir aux prises de décision, de consacrer une place non négligeable à cette réunion, notamment en reproduisant ici le compte-rendu intégral en annexe 1.

3. Présentation du « RTP Paléogénétique »

Coordonnateur Département SHS : Robert Chénorkian
 Coordonnateur Département EDD : Bernard Delay

Co-responsables du RTP : Pierre Darlu (CNRS SHS, INSERM U535), Jean-Denis Vigne (CNRS SHS, UMR 5197), Pierre Taberlet (CNRS SDV¹, UMR 5553)

Membres du bureau :

Lounès CHIKHI (SDV, Evolution et diversité biologique, UMR 5174, Toulouse)
 Marie-France DEGUILLOUX (SHS, Lab. Anthropologie, UMR 5199, Bordeaux I)
 Eva-Maria GEIGL (SDV, Institut J. Monod, UMR 7592, Paris VI)
 Catherine HÄNNI (SDV, Centre de Génétique moléculaire et cellulaire, UMR 5534, Lyon)
 Eric PASQUET (SDV, Service de Systématique moléculaire, Origine, structure et évolution de la biodiversité, UMR 52002, Muséum, Paris)
 Evelyne HEYER (SHS-SDV, Eco-Anthropologie et Ethnobiologie, UMR 5145, Muséum Paris),
 Eric CRUBÉZY (SHS, Centre d'Anthropologie, UMR 8555, Toulouse / Univ. Strasbourg)
 Pascal MURAIL (SHS, Lab. Anthropologie, UMR 5199, Bordeaux I)
 Christelle TOUGARD (SDU, Biogéosciences, UMR 5561, Dijon)
 Anne TRESSET (SHS, Archéozoologie, UMR 5197, Muséum Paris)

Ce réseau pluridisciplinaire se proposait de poursuivre les diverses actions d'animation déjà entreprises par le CNRS dans le domaine de la paléogénétique. En les formalisant, il visait à structurer la communauté nationale et à lui donner une visibilité, tant au sein du CNRS que dans le champ inter-institutionnel, qui lui permette de bénéficier des moyens intellectuels et matériels nécessaires au développement d'une recherche de niveau international. De façon plus précise, les finalités de ce réseau étaient de :

- i) *Faciliter la pratique de la pluridisciplinarité.* Dans l'état actuel des connaissances, la paléogénétique ne peut en aucun cas être pratiquée comme un service. De même, les collections fossiles ou subactuelles ne peuvent être utilisées sans parcimonie ni sans appareil critique. La paléogénétique est l'exemple même d'un domaine où la collaboration pluridisciplinaire est une condition incontournable de réussite à toutes les étapes de la démarche, de la définition des problématiques à l'interprétation des résultats. La résolution des questions techniques qui brident actuellement le développement de cette recherche passe en outre par un investissement conjoint des disciplines des sciences de l'homme, de la vie et de la terre sur des questions méthodologiques relevant de la taphonomie moléculaire et de la modélisation. Il faut non seulement que les méthodes, les techniques et les protocoles puissent répondre, avec rigueur et efficacité, aux exigences des archéologues ou des anthropologues, mais aussi que ces derniers prennent en compte les limitations liées à l'état d'avancement des connaissances technologiques.
- ii) *Recenser les équipes et chercheurs actifs dans ce champ de recherche.* Les actions entreprises par le CNRS ont largement permis d'entamer ce recensement, mais il reste à

¹ Dans ce chapitre, qui reproduit à peu de choses près la fiche de présentation du RTP telle qu'elle a été rédigée lors de sa création, les appartenances aux départements sont celles de l'année 2004.

compléter. Il s'agit de rassembler et de mettre en situation d'interaction les chercheurs travaillant dans le domaine de la conservation, extraction, amplification et séquençage du matériel génétique, comme ceux qui sont demandeurs d'analyses génétiques de tous spécimens biologiques humains ou ayant accompagné l'homme au cours de son histoire : restes animaux, végétaux, micro-organismes, parasites... Ce rassemblement doit se faire de façon ouverte, sans exclusive, afin que les groupes de recherches ou les chercheurs susceptibles d'être intéressés par ces techniques puissent facilement s'y intégrer. Il est à mener à l'intérieur du CNRS, mais aussi vers les équipes associées au CNRS ou travaillant dans d'autres institutions (Muséum national d'Histoire naturelle, IRD, INRA, INSERM, Universités, Instituts médico-légaux, Police ou Gendarmerie scientifique...).

- iii) *Favoriser les échanges d'informations.* Le rôle du réseau était d'organiser des *réunions régulières* entre spécialistes, de donner aux doctorants et post-doctorants l'occasion de confronter leurs initiatives et expériences, de susciter l'émergence de collaborations et *de projets communs*, aussi bien pour des recherches *en laboratoire que sur le terrain*. Le rôle du réseau consistait également à favoriser la mise en œuvre de protocoles de validations croisées mettant en jeu plusieurs laboratoires ou un laboratoire et une plate-forme méthodologique, démarche hautement recommandée dans ce domaine de recherche.
- iv) *Promouvoir des propositions de recherche*, aider à leur formalisation, et proposer un *espace d'expertise et de validation* en utilisant les critères retenus par la communauté scientifique internationale. Cet objectif s'inscrit dans une analyse de la situation actuelle de la paléogénétique telle qu'elle a été formulée au cours de l'école thématique tenue sur le même sujet en 2004 (annexe1). Le rôle du réseau était de faire émerger, auprès des directions scientifiques concernées, des projets en accord avec ces recommandations et *d'assurer la consolidation de projets* susceptibles de répondre à des appels d'offres nationaux ou internationaux. Le rôle du réseau était également de promouvoir le développement et la coopération entre un nombre optimal de plateaux techniques et de plates-formes méthodologiques qui devaient permettre à la communauté de disposer, en plus des équipements déjà disponibles dans les laboratoires non spécialisés en ADN ancien, de puissants moyens mutualisés (personnels techniques, équipements, fonctionnements).

La mission du RTP Paléogénétique consistait donc à promouvoir les axes prioritaires et les recommandations fondatrices, issues de l'Ecole thématique de Lalonde les Maures (novembre 2004)

4. Les onze recommandations fondatrices du RTP (avril 2005)

Le « RTP Paléogénétique » a fait siennes les onze recommandations suivantes, issues des discussions de l'Ecole thématiques de La Londe les Maures (novembre 2004), et validées sous cette forme par son bureau le 20 avril 2005.

- i) Admettre que l'état de fragmentation et de dégradation des molécules anciennes, la présence fréquente d'inhibiteurs et surtout les risques majeurs de contamination et l'absence de méthode ne permettent que rarement d'authentifier sans ambiguïtés les séquences anciennes, notamment (mais pas seulement) pour *Homo sapiens*, ce qui incite à une très grande prudence.
- ii) Développer des recherches méthodologiques permettant de mieux maîtriser (voire de corriger) les processus de dégradation et de contamination, ces recherches devant bien sûr être soumises aux mêmes exigences d'authenticité que les autres (ce qui n'est souvent pas le cas), et développer d'autres voies techniques que l'amplification par PCR des fragments d'ADN de la phase soluble de l'os ou de la dent.
- iii) En parallèle des recherches à haut risque qui portent sur les séquences fossiles d'*Homo sapiens*, développer des recherches sur les animaux, les végétaux et les parasites qui sont susceptibles de documenter l'histoire de l'homme, indirectement mais avec moins de difficultés techniques et donc plus de fiabilité.
- iv) Instaurer l'application, par la communauté scientifique des domaines concernés, d'un certain nombre de précautions d'échantillonnage.
- v) Mettre en œuvre tous les dispositifs à même d'accroître la validité des séquences publiées et de les livrer accompagnées d'un indice de qualité ; plusieurs listes non limitatives et évolutives de critères d'authenticité existent. Ces critères doivent impérativement être pris en compte.
- vi) Informers les utilisateurs, notamment les paléontologues, archéologues et paléoanthropologues, afin, entre autres, d'éviter que des séquences qui ne présentent pas les critères d'authenticité requis soient publiées dans des revues dont les comités de lectures et les lecteurs ne sont pas spécialistes de biologie moléculaire, telles que les revues d'archéologie ; il convient aussi d'informer largement les laboratoires de biologie moléculaire non spécialistes de l'ADN ancien qui, parfois, se lancent dans cette recherche sans précaution,
- vii) Accepter le risque (et le coût) de traiter un grand nombre d'échantillons pour n'avoir qu'un faible taux de succès lorsque les problématiques sont scientifiquement pertinentes (ex. les débuts de la domestication au Proche-Orient, où l'ADN en général est mal conservé).
- viii) Les contraintes techniques liées à l'ADN ancien interdisent d'envisager que les laboratoires producteurs de séquences soient de simples prestataires de service vis-à-vis des laboratoires utilisateurs. De même, la recherche de fiabilité dans l'échantillonnage et de qualité dans l'interprétation des résultats exclut que ces derniers jouent un rôle de simple pourvoyeur d'échantillons ou de scénarios. Il est donc nécessaire de raisonner en termes de collaboration égalitaire, et ce tant au niveau des relations entre laboratoires qu'entre département du CNRS (SDV, SDU et SHS sont impliqués).
- ix) À partir du moment où le spécialiste de biologie moléculaire travaille sur des molécules anciennes, il devient un archéologue au même titre que n'importe quel spécialiste intervenant en archéologie, qu'il soit sédimentologue, archéozoologue ou « dateur ». En effet, l'objet qu'il étudie est issu d'une fouille archéologique et sa conservation et sa signification sont régies par les mécanismes de la formation et de la conservation des sites et objets archéologiques ; son utilisation est soumise aux réglementations et lois relatives

aux objets archéologiques, en vigueur dans le pays concerné. Il doit, de ce fait, se conformer aux pratiques de l'archéologie, tant du point de vue de sa démarche de recherche qu'en ce qui concerne son comportement dans la communauté scientifique.

- x) En conséquence, il est nécessaire que les analyses ne se fassent jamais en dehors d'un cadre collaboratif contractuel, dans lequel le laboratoire et l'archéologue (incluant le paléoanthropologue) définissent ensemble les problématiques visées, décident ensemble de la stratégie d'échantillonnage, et publient ensemble les résultats et leur interprétation. Cela nécessite impérativement la rédaction d'une charte de collaboration dans ce type de recherches éminemment pluridisciplinaires.
 - xi) Mise en garde contre une surexploitation des résultats de la génétique. Les difficultés d'interprétation des données en termes de scénario complexe d'évolution se trouvent exacerbées avec l'ADN ancien, en raison du petit nombre de séquences et de locus disponibles. Cependant, l'ADN ancien présente, en raison d'une répartition non homogène des jeux de données dans le temps, l'avantage potentiel d'autoriser des inférences sur des événements anciens, de permettre la calibration d'arbres avec une échelle de temps « absolue », et d'inférer séparément des taux de mutations et des tailles d'effectifs. Cela nécessite la modélisation de phénomènes évolutifs et la mise en place de tests statistiques d'hypothèses, mais tout en reconnaissant les effets pervers d'une application aveugle ou a-critique de certains modèles récents de la génétique des populations.
-

5. Activités du Bureau du RTP

5.1. Composition du bureau

La composition du bureau de ce RTP visait la meilleure représentation possible de la diversité des disciplines et des sensibilités présentes dans la communauté :

Co-responsables du RTP : Jean-Denis Vigne (SHS), Pierre Darlu (SHS) et Pierre Taberlet (EDD) ;

Membres du bureau : Lounés Chikhi (EDD), Marie-France Deguilloux (SHS), Eva-Maria Geigl (SDV), Catherine Hänni (SDV), Alexandre Hassanin remplacé par Eric Pasquet (EDD), Evelyne Heyer (EDD), Christine Keyser remplacée par Eric Crubézy (SHS), Pascal Murail (SHS), Christelle Tougard (EDD), Anne Tresset (SHS).

Représentants des directions scientifiques : Bernard Delay (EDD), Robert Chénorkian (SHS-EDD), René Bally (SDV-EDD)

Selon l'actualité et l'activité de la communauté (appel d'offre, ateliers, réunions scientifiques, ...), les membres du bureau se sont réunis six fois au total, soit une à trois fois par an, à Paris (Muséum et Institut Jacques Monod), parfois en présence d'un ou deux représentants des directions scientifiques du CNRS, Bernard Delay, Robert Chénorkian, René Bally. Les principaux thèmes discutés lors de ces réunions furent les suivants :

- Echanges avec les représentants des directions scientifiques ;
- Soutien aux demandes d'intérêt collectif ;
- Appels d'offre dans le cadre de petites opérations scientifiques ;
- Animation scientifique : ateliers thématiques d'échanges et de compétences ;
- Organisation des structures de paléogénétique en France.

Les pv approuvés des réunions de bureau sont réunis dans l'annexe 2.

5.2. Echanges avec les représentants des directions scientifiques

À trois reprises, des représentants des directions scientifiques des départements EDD et SHS du CNRS sont venus s'entretenir avec les membres du bureau au sujet : (1) du rôle du RTP, vis-à-vis de la communauté scientifique concernée par la paléogénétique et des directions scientifiques du CNRS ; (2) des demandes de moyen ; (3) de la rédaction du présent « livre blanc ».

D'après ces représentants, le RTP est un outil institutionnel dont la mission générale concerne l'animation et l'expertise scientifiques. De plus, le RTP doit rassembler autour d'une table les principaux acteurs de la paléogénétique en France, afin **d'informer** et d'aider les directions scientifiques à **définir la politique scientifique** à suivre pour cette communauté en termes de répartition de moyens de fonctionnement, de personnel et d'équipement. Ces informations seront ainsi transmises aux directions scientifiques sous la forme d'un livre blanc (présent document) qui présentera un état des lieux de la communauté et de sa place dans le cortège international, et proposera un schéma d'organisation autour d'un petit nombre de plates-formes (techniques, méthodologiques ou nationales).

Les demandes de moyens propres aux laboratoires doivent remonter aux directeurs scientifiques adjoints (DSA) des sections via Labintel. Cependant, de son côté, le RTP doit formuler plus spécifiquement, à ces mêmes DSA, les demandes d'ordre collectif (fonctionnement RTP, coloriage de poste, soutien de demandes de BDI, co-financement de structures méthodologiques et techniques...) qui ne pourraient pas être prises en charge par les laboratoires (cf. ci-dessous).

5.3. Soutien aux demandes d'intérêt collectif / demandes de moyens

Comme mentionné précédemment, le RTP vise aussi à formuler des demandes d'intérêt collectif aux directions scientifiques des départements du CNRS et des organismes partenaires. Il a donc été décidé d'agir dans plusieurs directions :

- les départements du CNRS : une demande de moyens a été rédigée en 2005 puis en 2006 à l'attention des directions scientifiques des départements SHS et SDV. Cette demande concernait les crédits de fonctionnement du RTP, les appels d'offre relatifs aux courtes missions (colloques, collectes de matériel, collaborations entre laboratoires, acquisition et/ou perfectionnement de techniques) des membres de la communauté, une demande d'affichage d'un profil CR1 en paléogénétique (section 46) et le soutien à une demande de bourse BDI ;

- l'Institut Français de la Biodiversité : des contacts ont été pris avec la Présidence de l'IFB. Un projet a été proposé sous forme d'un « manifeste » intitulé : « Pour un développement des études de paléogénétique dans le champ de la connaissance de la biodiversité ». Ce texte avait reçu au printemps 2006 un écho favorable du Président du Comité Scientifique de l'IFB, J. Casas, et de plusieurs des membres de cette commission. L'IFB avait alors proposé la création d'un groupe de travail en son sein, groupe qui permettrait de mobiliser les forces de certaines des institutions partenaires de l'Institut. A ce jour, ce groupe de travail n'a pas encore vu le jour et l'IFB n'a pas donné suite :

- le Centre National de Séquençage : P. Taberlet s'est chargé de contacter le CNS en vue de négocier pour la communauté de la paléogénétique un créneau d'accès collectif à un nouvel appareil plus favorable au séquençage de petits fragments d'ADN, le pyroséquenceur 454. Il apparaît qu'il est prématuré de s'engager dans cette voie en 2007, mais que la communauté pourra le faire dès 2008.

Au total, le Bureau a obtenu : un affichage de profil de Chargé de Recherche en section 46 et un financement récurrent lui permettant d'organiser deux réunions scientifiques et d'ouvrir les appels d'offre suivants (point 5.4).

Le profil de CR a été mis au concours en 2007, en Commission InterDisciplinaire (CID). Le jury d'admissibilité a classé deux candidats sur les cinq, mais le profil n'a finalement pas été pourvu. Le bureau du RTP réuni le 21 novembre a regretté les graves dysfonctionnements qui ont amené à cette décision. Il considère qu'elle n'est ni en accord avec la qualité des candidats admissibles, à juste titre retenus par le jury de la CID 46, ni en adéquation avec les besoins de la communauté, maintes fois soulignés par le RTP et reconnus par les directions scientifiques du CNRS qui ont accepté d'ouvrir ce profil.

5.4. Appels d'offre pour de petites opérations scientifiques

Dans le cadre de ses missions de stimulations des échanges entre laboratoires et de promotion des travaux de la communauté française, le RTP a consacré une partie de son enveloppe budgétaire au co-financement de petites opérations scientifiques :

- missions pour participer à des colloques en France ou à l'étranger ;
- courts séjours dans un autre laboratoire (français ou étranger) visant un complément de formation ou l'acquisition d'une compétence particulière.

Trois appels d'offre ont permis de financer les projets de sept jeunes chercheurs (Master 2, doctorants, post-doctorants, chargés de recherche CNRS et maîtres de conférence). Les membres du bureau ont accordé des sommes comprises entre 550 et 2000 euros pour chaque opération.

Olivier Chassaing (M2 Univ. Montpellier II) : stages à Lyon (ENS) pour l'extraction d'ADN fossile et la faisabilité de l'amplification de microsattellites sur des pièces archéologiques

d'esturgeon de la vallée du Rhône ;

Sandrine Hughes (CR CNRS, ENS Lyon) : une semaine de formation au traitement de données issues de séquençage à haut débit, à l'Université de Lund (Suède) ;

Matthieu Le Bailly (Post-doctorant Region Ile-de-France, Muséum Paris) : Paléoparasitologie et paléogénétique. Demande d'un séjour d'une quinzaine de jours puis d'un mois à Mayence (Allemagne) pour s'initier à la paléogénétique dans le but de tenter de l'appliquer aux oeufs de parasites archéologiques dans des niveaux archéologiques du 1^e s. ap. J.-C., à Troyes ;

Ludovic Orlando (MCF ENS Lyon) : Génomique de l'homme de Néanderthal : évaluation des potentialités des restes de Scladina. Demande d'un séjour de formation aux techniques de pyroséquençage à Leipzig (Allemagne) ;

Maud Pionnier (Doctorante, ENS Lyon/Muséum) : Mission à l'Institut Zoologique de l'Académie des Sciences de Saint Petersburg, Russie : analyse morphométrique et «échantillonnage paléogénétique» des chiens tardiglaciaires de Sibérie, en collaboration avec M. Sablin ;

Elodie Renvoisé (Doctorante, Univ. de Bourgogne, Dijon) : Diversité morphologique et génétique chez les populations de campagnols dans le contexte climatique instable du Quaternaire. Demandes de co-financement pour des missions en France afin de collecter du matériel d'étude, d'effectuer une formation ADN ancien au Canada (PaleoDNA Lab, Lakehead) puis un stage à l'Institut Jacques Monod pour se former à la PCR quantitative sous la direction d'E.-M. Geigl ;

Xavier Ricaut (Post-doctorant, Univ. P. Sabatier, Toulouse) : Confrontation des données morphologiques et paléogénétiques et peuplement de l'Amérique. Demande d'un co-financement pour une mission à Sao Paulo, pour la mise en place de collaborations à l'occasion d'un colloque.

En outre, sur les reliquats de fin d'exercice 2007, un crédit d'analyses de 7000 € a été mis à la disposition des laboratoires du réseau.

5.5. Animation scientifique : ateliers thématiques d'échanges de compétences

Deux ateliers thématiques ont été organisés.

« Pushing back the limits of ancient DNA research : towards an understanding of DNA degradation and preservation during fossilisation » (2 et 3 mai 2006, Institut Jacques Monod, Paris). Cet atelier organisé par E.-M. Geigl a rassemblé 45 participants dont trois invités étrangers (cf programme en annexe n° 3).

« Modèles et méthodes d'analyse de l'ADN (ancien) » (19-20 novembre 2007, Muséum national d'Histoire naturelle, Paris). Ce second atelier, organisé par P. Darlu et L. Chikhi en novembre 2007, a réuni, malgré les grèves de transport et de fonctionnaires, une trentaine de participants (cf programme en annexe n° 4). Une demi-journée était consacrée aux présentations des résultats ou des projets des jeunes chercheurs financés par le RTP.

5.6. Organisation des structures et de la communauté en France

Comme cela avait déjà été affirmé dans le document fondateur du RTP, la paléogénétique ne peut pas se satisfaire de simples plates-formes techniques (ou de service). Les membres du bureau ont longuement discuté la question très controversée, de l'organisation nationale des moyens techniques, pour aboutir aux recommandations finales du présent rapport (chap. 7).

6. Identification et diversité de la communauté

Une première recension des laboratoires impliqués dans cette communauté pluridisciplinaire avait été réalisée à l'occasion de l'Ecole thématique de Lalonde les Maures, en novembre 2004. Elle avait permis d'identifier deux catégories de laboratoires : onze étaient en effet producteurs (et utilisateurs) effectifs ou potentiels de séquences d'ADN ancien, onze autres (et probablement plus) étaient utilisateurs de ces données (cf annexe 1). Le travail mené au sein du RTP n'a pas fondamentalement remis en cause cette distinction à fortes implications technologiques, mais a permis d'actualiser ces listes.

6.1. Les laboratoires possédant une infrastructure dédiée à l'analyse de l'ADN ancien

Définir ces laboratoires par leur capacité à extraire de l'ADN ancien ne doit pas faire oublier qu'ils sont tous impliqués à tous les stades d'élaboration de la recherche, de la conception des problématiques à l'analyse et à l'interprétation des données. L'intitulé réducteur du présent paragraphe a donc pour objet de mettre l'accent sur la présence, au sein de ces laboratoires, de compétences et d'équipements spécifiques à l'ADN ancien, contrairement aux laboratoires listés au 6.2.

Le RTP a permis de subdiviser cette catégorie en deux sous-groupes.

6.1.1. Les laboratoires ayant activement participé au RTP

- Institut de Génomique fonctionnelle de Lyon (UMR 5242, ENS Lyon, dir. J. Samarut, resp. équipe paléogénétique C. Hänni)
- Institut J. Monod (UMR 7592, Paris VI, dir. J.-A. Lepesant ; resp. paléogénétique E.-M. Geigl)
- Laboratoire d'Anthropologie (FRE 2960, Toulouse, dir. E. Crubézy)
- Lab. Biogéosciences (UMR 5561, Dijon, dir. P. Neige ; resp. paléogénétique C. Tougard)
- Lab. Anthropologie (UMR 5199, Bordeaux I, dir. Jaubert ; resp. paléogénétique M.-F. Deguilloux & P. Murail)
- Lab. Ecologie alpine (UMR 5553, Grenoble, dir. P. Taberlet)
- Origine, structure et évolution de la biodiversité (UMR5202, Muséum, Paris, dir. L. Deharveng, resp. Service de Systématique Moléculaire –et paléogénétique- E. Pasquet) :

6.1.2. Les laboratoires n'ayant pas directement participé aux activités du RTP

Il s'agit de laboratoires qui se sont manifestés, à un moment ou à un autre de la vie du RTP, ou bien à l'occasion de l'Ecole thématique de Lalonde les Maures, mais qui n'ont pas répondu à l'enquête finale ni manifesté le désir particulier d'être intégré au RTP.

- Biodiversité, gènes et écosystèmes (UMR1202 INRA-Univ. Bordeaux I, dir. Antoine Kremer)
- Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier (UMR 5554, Montpellier II, dir. J.-C. Auffray)
- Laboratoire de Médecine légale (Strasbourg, dir. Ludes et UMR 8555) : Ce laboratoire travaille en étroite collaboration avec le Laboratoire d'Anthropologie de Toulouse, actif dans le cadre du RTP, notamment en 2006-7.
- Laboratoire de Physio-génomique de l'Institut de Biologie et Technologie de Saclay (CEA, dir. Jean-Marc Elalouf)

6.2. Les autres laboratoires investis en paléogénétique

Comme ceux de la catégorie 6.1., ces laboratoires interviennent pour la plupart à tous les stades d'élaboration de la recherche, mais ils s'en différencient par l'absence de compétences (parmi leurs personnels statutaires) et d'équipements spécifiques leur permettant d'extraire de l'ADN ancien.

Une telle définition interdit d'établir une liste exhaustive des laboratoires de cette catégorie. Nous nous contenterons donc de lister séparément ceux qui ont accepté de participer activement aux activités du RTP durant ces trois dernières années et ceux qui, sans s'investir dans la communauté du RTP, ont manifesté leur intérêt en assistant une ou deux fois aux tables-rondes (y compris l'Ecole thématique de novembre 2004).

6.2.1. Les laboratoires investis dans le RTP

- Archéozoologie, histoire des sociétés humaines et des peuplements animaux (UMR 5197, Muséum Paris, dir. J.-D. Vigne)
- Eco-anthropologie et ethnobiologie (UMR 5145, Muséum Paris, dir. S. Bahuchet)
- Unité de Génétique épidémiologique et structure des populations humaines (U535 INSERM, Villejuif, dir. P. Darlu)
- Lab. Evolution et diversité biologique (UMR 5174, Univ. Toulouse, dir. Crouau-Roy)

6.2.2. Les laboratoires ayant assisté à au moins une table-ronde

- Maison de l'Orient et de la Méditerranée (UMR 5133, Lyon, dir. P. Lombard).
- Lab. Anthropologie Fac Médecine (Caen, M. Sansilbano-Collilieux)
- Lab. Anthropologie Fac. Médecine (UMR 6578, Marseille, O. Dutour)
- Lab. Archéologies, cultures et sociétés (UMR 5594, Dijon, dir. D. Russot)
- Centre de Génétique Moléculaire et Cellulaire (UMR 5534, Lyon, dir. P. Couble)
- Lab. Fonctionnement et Evolution des Systèmes Ecologiques, Equipe éco-évolution mathématique (ENS, UMR 7625. dir : J. Clobert)
- Centre de Bioarchéologie et d'écologie (UMR 5059, Univ. Montpellier 2, dir. C. Carcaillet)
- Techniques de l'Ingénierie Médicale et de la Complexité (UMR 5525, Univ. J. Fourier, Grenoble ; dir. J. Demongeot)
- Centre d'océanologie de Marseille (UMS 2196, Marseille ; I. Dekeyser)
- Génétique et diversité animale (UMR INRA, INA-PG, Paris.
- Mathématique, Informatique et Génome (INRA, Jouy-en-Josas, dir. J. Degrouard)

6.3. Les caractéristiques de la communauté à travers les fiches des unités

Pour compléter et affiner cet inventaire, ainsi que pour faire ressortir, au-delà des déclarations d'intention, la réalité du fonctionnement de ces unités, le bureau a lancé, au printemps 2007, une enquête par fiche. Elle a été adressée à 65 personnes dont voici la liste par laboratoire :

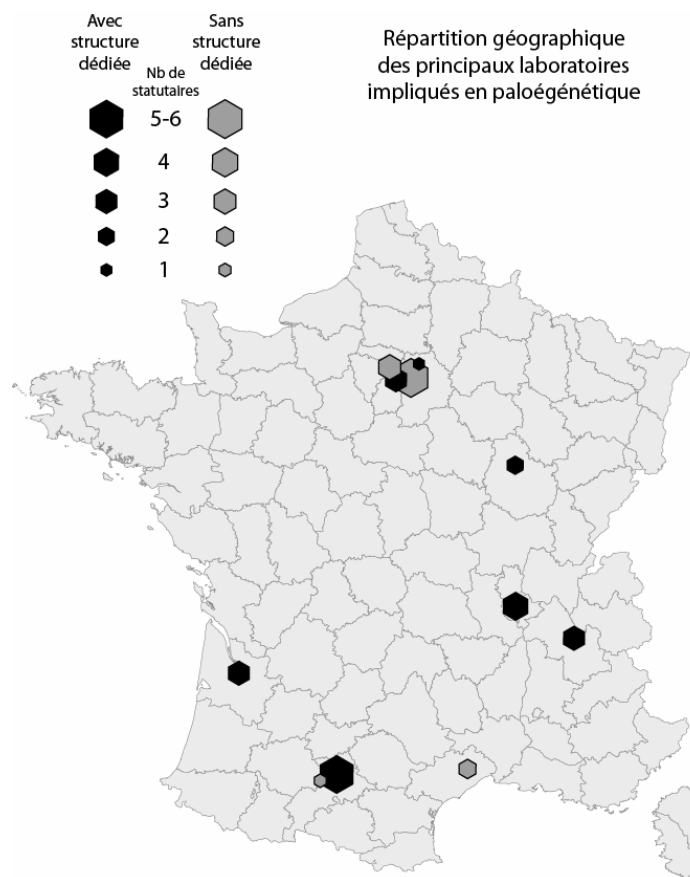
N° Unité	UMR5197		UMR5199		UMR5553		UMR5242	
Titre unité	Archéozoologie, histoire des sociétés humaines et des peuplements animaux		De la Préhistoire à l'actuel : culture, environnement et anthropologie		Laboratoire d'Ecologie Alpine		Institut de génomique fonctionnelle de Lyon	
Resp. Unité/ Paléogénét.	Vigne / Tresset-Vigne		Jaubert/Murail-Deguiloux		Taberlet		Samarut / Hänni	
	Total	dévolu aDNA	Total	dévolu aDNA	Total	dévolu aDNA	Total	dévolu aDNA
Localisation	Paris		Bordeaux				Lyon	
Effectifs totaux	32	9	89	4	29+	3	104	8
Chercheurs	6	4	19				10	2
Ens.-cherch.	7	2	8	2	22	3	32	1
ITA-IATOS	6		34	1	7		10	1
Doc+Pdoc	13	3	28	1	7		52	4
Publi (rg A+autres)	13 (9+4)		2 (2+0)		12 (12+2)		10+	
Nb équipes	4	3	2	2	3	1	9	1
Thématiques en relation avec la paléogénétique	Phylogéographie, biodiversité Domestication animaux, plantes Paléoparasitologie Biodiversité insulaire Chasse, élevage, alimentation Taphonomie moléculaire		Méthodologie de l'ADN ancien Anthropologie historique Archéanthropologie Evolution, phylogéographie Domestication animale		Hist. domestication animale Biodiversité environnementale		Phylogénie, phylogéographie Domestication Archéotraçabilité	
Principaux terrains	Europe Proche- & Moyen-Orient Asie centrale, Afrique de l'Est Façade pacifique Amériques Antilles		Moyen-orient Europe Polynésie					
Compétences	X		X X X X		X X X		X X X	
Terrain-échantill. Extract.amplif ADN Séquençage ADN Génétique popul. Autres analyses	Archéozoologie, archéobota Anat. comp., morphométrie Isotopes stables et radiom.		Archéanthropologie Anthropologie biologique Anat. comp., morphométrie		Bioinformatique pyroséquençage			
Equipements			X		X X		X X	
Pièce confinée Séquenceur autom. QPCR Thermocycleurs Cryobroyeur Pf génomique Pf morphométrie Collections Autres	X X		X X X		X X		X X X X	
	Spectro. Masse isotop.						Pf protéomique	

N° Unité	UMR5202		UMR5561		UMR 7592	
Titre unité	Origine, structure et évolution de la biodiversité (Service de systématique moléculaire)		Biogéosciences - Dijon		UMR7592 Inst. J Monod Lepesant/Geigl	
Resp. Unité/ Paléogénét.	Deharveng / Pasquet		Neige / Tougard		Lepesant / Geigl	
	Total	dévolu aDNA	Total	dévolu aDNA	Total	dévolu aDNA
Localisation	Paris		Dijon		Paris	
Effectifs totaux	59	6	61	3	313	6
Chercheurs	6		8	1	59	1
Ens.-cherch.	30	3	25	1	39	
ITA-IATOS	8		10		139	
Doc+Pdoc	15	3	18	1	76	5
Publi (rg A+autres)	10		3 (3+0)		12 (5+7)	
Nb équipes	3	1	3	1	35	1
Thématiques en relation avec la paléogénétique	Phylogénie, phylogéographie Systématique		Evolution, phylogéographie Paléo-bioclimatologie Paléoenvironnements Rongeurs		Expression du génome Taphonomie moléculaire Phylogéographie, biodiversité Domestication animale Evolution de l'homme	
Principaux terrains			Europe		Proche-Orient Europe	
Compétences	X X X X		X X X		X X X	
Terrain-échantill. Extract.amplif ADN Séquençage ADN Génétique popul. Autres analyses	X X X		Paléoenvironnements Biochronologie Anat. comp., morphométrie		QPCR Hybridation ADN Protéomique	
Equipements	X X		X		X X X X	
Pièce confinée Séquenceur autom. QPCR Thermocycleurs Cryobroyeur Pf génomique Pf morphométrie Collections Autres	X X X X X X X		X X X		X X X X	

6.3.1. Effectifs totaux de chercheurs impliqués en paléogénétique

Les réponses font donc état d'un nombre minimal de 14 équipes, réparties dans 11 unités, et regroupant un total de 19 chercheurs, 10 enseignants-chercheurs, 3 IATOS-ITA et une vingtaine de docs / post-docs ou ATER. Soit un total d'un peu moins de 60 scientifiques.

La carte ci-dessous présente leur répartition géographique

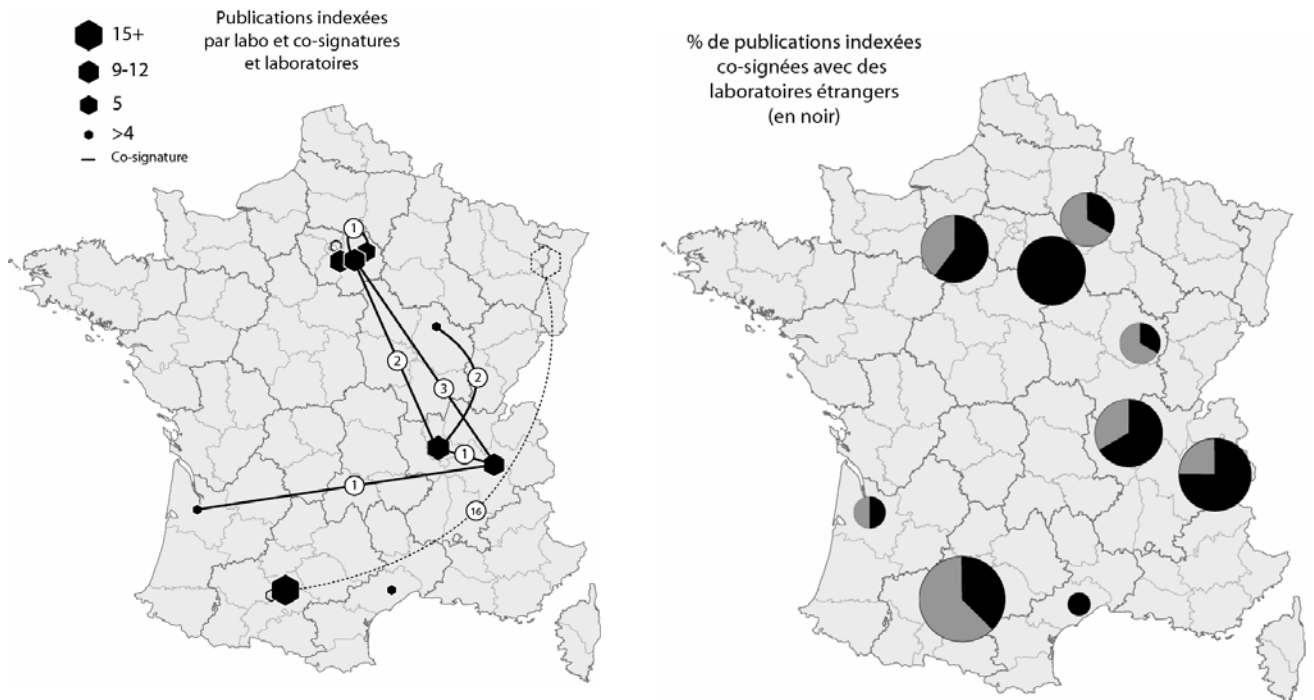


6.3.2. Production de la communauté depuis 2003

Durant les quatre dernières années, les laboratoires qui ont répondu à l'enquête font état au total de 67 publications dans des revues indexées ISI, plus une dizaine de publications dans d'autres supports éditoriaux à comité de lecture. Ces totaux sont cependant surévalués, car 10 publications apparaissent plusieurs fois, puisqu'elles sont co-signées par des laboratoires différents.

Le total doit donc être ramené à 57.

Ces citations redondantes permettent de quantifier les interactions au sein de cette communauté (cf. Carte ci-dessous). Trente cinq publications (61 %) sont co-signées avec des laboratoires étrangers, ce qui donne une image des collaborations internationales des laboratoires (cf. Carte ci-dessous).



6.3.3. Thématiques de recherche

Neuf des 14 équipes ayant envoyé une fiche déclarent mener des recherches dans le domaine de la phylogéographie, la phylogénie, l'évolution ou la biodiversité. C'est donc le groupe de thématiques majoritaire dans la communauté française.

Viennent ensuite pratiquement à égalité l'histoire de la domestication (cinq laboratoires pour les animaux, un pour les plantes) et l'anthropologie-paléoanthropologie (cinq laboratoires dont deux exclusivement centrés sur cette thématique).

Seuls deux laboratoires déclarent travailler sur des aspects méthodologiques visant une meilleure maîtrise des conditions de conservation et d'analyse de l'ADN ancien.

6.3.4. Compétences et équipements disponibles

Seuls deux ingénieurs sont dévolus à plein temps à l'ADN ancien en France, un à Lyon et un à Bordeaux. Ce chiffre contraste avec le nombre (7) élevé de laboratoires possédant une structure dédiée à l'ADN ancien. Il y a là une incohérence criante. De même, il semble que certains des laboratoires disposant d'une structure dédiée soient sous-équipés en termes d'instruments de haute technologie.

7. Observations et recommandations finales

7.1. Pluridisciplinarité et décisions de politique scientifique

Comme nous l'avons souligné d'entrée (chap. 1.3.), des moyens non négligeables ont été alloués à la communauté de la paléogénétique au début des années 2000, tant par les départements SHS que SDV du CNRS. Bien que consécutives à la journée interdépartementale de paléogénétique tenue à Paris en 2002, ces actions ont été menées sans grande concertation par les départements scientifiques du CNRS, et surtout sans formalisation préalable d'un plan d'action commun prenant en compte la diversité des disciplines impliquées et leurs intérêts, ni leur nécessaire collaboration. La situation confuse, voire tendue, qui était celle de la communauté en 2004 résultait en partie de cette absence de stratégie d'ensemble.

La création du RTP, pourvu d'un bureau interdisciplinaire, et surtout le fait que sa gestion ait été rapidement confiée au département interdisciplinaire EDD traduisent une évolution positive en ce domaine.

Il semble toutefois nécessaire de rappeler ici avec force que les recherches en paléogénétique sont par essence de nature pluridisciplinaires, et que **toute décision de politique scientifique les concernant doit être prise en étroite concertation entre toutes les disciplines concernées, sciences de la vie, sciences de la terre et sciences de l'homme.**

7.2. Charte de qualité

Après trois ans de mise à l'épreuve, le RTP réaffirme son attachement à ses onze recommandations fondatrices légèrement modifiées (point IX) et propose de les ériger en charte de qualité à l'usage des directions scientifiques (annexe 6).

7.3. Structuration des compétences et des moyens au plan national

7.3.1. Constats et recommandations d'ordre général

Nous avons également souligné au chap. 1.3. la difficulté majeure rencontrée par le RTP, qui a dû gérer durant trois ans une situation rendue particulièrement complexe par le fait que l'allocation de moyens à certains laboratoires s'était faite en amont d'une réflexion pluridisciplinaire sur la structuration de la communauté nationale. En 2007, cette question n'est toujours pas résolue. Plus préoccupant encore : on constate qu'en dépit des efforts consentis par le CNRS, notamment à travers le « RTP Paléogénétique », et de la mise en place d'un réel dialogue, la communauté n'a pas réussi à établir un consensus sur la répartition des moyens qu'elle souhaite proposer aux tutelles.

Le bureau du RTP a longuement débattu de façon contradictoire sur ce point de politique scientifique. Il s'est accordé sur les principes suivants :

- 1- Il est primordial qu'avant toute nouvelle allocation substantielle de moyens, les directions scientifiques, et, de façon plus générale, les tutelles, formalisent un plan d'action commun tenant compte des recommandations du RTP, notamment des intérêts propres des différentes disciplines impliquées.
- 2- Ce plan de structuration doit définir clairement les fonctions des acteurs : plate(s)-forme(s) méthodologique(s), plateaux techniques, production / utilisation des séquences d'ADNa...
3. Il doit tenir compte des compétences actuelles de la communauté et de leur répartition dans le tissu national.

4. Il doit favoriser les diversités méthodologique et conceptuelle, en veillant à développer les complémentarités plus que les concurrences, dans le cadre d'un fonctionnement en réseau des différents partenaires.

Le RTP se réjouit de la mise en place de moyens importants à l'ENS de Lyon, pour la création d'une plate-forme méthodologique à vocation régionale ou nationale. Elle est une chance pour la communauté. Il regrette néanmoins que cette construction n'ait pas bénéficié d'une large concertation, ne serait-ce qu'au sein du RTP. Il en conclut que s'ouvre la voie à de possibles créations, ici ou là, de structures dédiées à l'analyse d'ADN ancien qui mériteraient cependant d'être coordonnées.

7.3.2. Deux scénarios de structuration

Le RTP se propose ici de livrer aux directions scientifiques concernées les deux scénarios partiellement contradictoires qui ont émergé de ses discussions. Il le fait sans privilégier l'un ou l'autre, mais en informant néanmoins les directions scientifiques des forces en présence, sous la forme d'un vote des membres du bureau :

- pour le scénario 1 : 1
- pour le scénario 2 : 7
- absence de réponse : 5²
- refus de vote : 0

Scénario 1 :

Ce scénario est le premier apparu dans les discussions du bureau du RTP.

- Création d'une plate-forme méthodologique de paléogénétique ayant un statut national, jouant un rôle central dans la communauté, régie par la charte des plates-formes de recherche en sciences du vivant, et définie par trois fonctions : (i) lieu de formation, (ii) lieu d'accueil des projets, qui seront discutés entre le demandeur et le conseil scientifique, ce dernier proposant différents niveaux d'encadrement et de collaboration en fonction de la nature de la demande et des disponibilités de la plate-forme, (iii) lieu de recherches méthodologiques dont le dynamisme est gage d'efficacité de la plate-forme nationale ;

- institutionnalisation d'un réseau des laboratoires français impliqués dans la paléogénétique, reconnu en tant que tel, financé de façon suffisante pour qu'il joue un rôle équilibré par rapport à la plate-forme nationale, et articulé avec cette dernière. La composition de ce réseau ne doit être ni limitée à un choix partisan, ni figée dans le temps.

- articulation entre la plate-forme nationale et le réseau national par l'intermédiaire de relations à établir entre le conseil scientifique de la plate-forme, dont la composition est laissée à l'appréciation des responsables de la plate-forme et de ses tutelles.

Scénario 2 :

Les partisans de ce second scénario, apparu dans un second temps, estiment que la plate-forme méthodologique de l'ENS de Lyon ne pourra jouer un véritable rôle national que si son conseil scientifique comporte des représentants des principaux acteurs du réseau des laboratoires de France. C'est la condition nécessaire à une bonne articulation entre réseau des laboratoires et plate-forme nationale, et à une répartition équitable des moyens entre les deux.

Or, au fil des discussions, il est apparu que le conseil scientifique de la plate-forme méthodologique de Lyon ne serait pas constitué de cette façon (cf. premier scénario). C'est pourquoi, tout en espérant que la situation pourra évoluer à moyen ou long terme, un certain

² Ce fort taux d'absence de réponse témoigne bien du désintérêt d'une partie de la communauté vis-à-vis de cette question et, de façon plus générale, du RTP lui-même.

nombre de membres du bureau a tenu à proposer ce second scénario, qui privilégie la diversité des approches scientifiques et techniques par :

- un soutien fort à la fois aux laboratoires actuellement impliqués et aux laboratoires émergents sous réserve que leur activité satisfasse pleinement les critères de qualité proposés par le RTP ;
- un fonctionnement en réseau permettant l'échange au plan national et international ;
- une représentation équilibrée des membres de ce réseau national au sein de la ou des plates-formes méthodologiques à vocation régionale ou nationale.

Si ce second scénario était mis en place, il serait souhaitable de mettre en place un conseil scientifique du réseau, et de rechercher une bonne articulation entre ce dernier et le conseil scientifique de la plate-forme de l'ENS de Lyon.

7.4. Pas d'avenir pour le RTP ?

Par le présent rapport, et conformément à sa vocation, le RTP « Paléogénétique de l'homme et son environnement » a porté à la connaissance des directions scientifiques concernées un état des lieux de la communauté, ainsi qu'un ensemble de propositions. Il semble que la prolongation du RTP ne permettrait pas de faire mieux. Il a été d'ailleurs mentionné plus haut (paragraphe 6.3) que le boycott du RTP par la plus importante unité de paléogénétique de France durant l'année 2007 portait gravement atteinte à l'idée même qui avait soutenu la création de ce RTP et le condamnait de fait à une proche disparition.

Toutefois, le bureau réuni le 21 novembre 2007 (en l'absence de tout représentant de l'ENS de Lyon) a émis le vœu que deux des autres vocations du RTP puissent connaître un prolongement dans les années à venir :

- maintenir une réunion annuelle au moins d'échanges scientifiques entre chercheurs (notamment les plus jeunes),
- disposer d'un financement permettant de soutenir des séjours courts de jeunes chercheurs dans d'autres laboratoires français ou étrangers, sous la forme de prise en charge de missions courtes et à coût modéré (cf. 5.4).

Ces deux fonctions pourraient être assurées par un GDR. S'il était encouragé par les directions scientifiques, le montage d'un tel projet pourrait être réalisé durant l'année 2008, pour une entrée en activité en 2009.

7.5. Evolutions technologiques en cours

Depuis deux ans, la paléogénétique connaît une révolution technologique comparable à celle qu'a permis, durant les années 1980, l'apparition de la *Taq* polymérase. Le séquençage direct 454 (pyroséquençage), qui sera bientôt remplacé par des systèmes encore plus puissants, permet en effet maintenant le séquençage direct de 400 000 fragments d'ADN en même temps. Bien que non dépourvue de faiblesse (les erreurs de répllication sont plus nombreuses qu'avec les techniques classiques), cette nouvelle technologie évite le clonage, diminue considérablement les coûts de séquençage, et permet d'envisager des approches paléogénétiques beaucoup plus performantes (notamment « paléogénomique »).

Cette innovation implique de nouvelles façons de travailler, mais elle demande aussi un accroissement des capacités des laboratoires en bioinformatique.

Le développement du séquençage direct ne constitue cependant pas une solution miracle à toutes les questions de paléogénétique. Certaines approches continueront d'utiliser des moyens traditionnels. Là aussi, il est souhaitable que les laboratoires puissent mettre en

œuvre les meilleurs moyens techniques (PCR quantitative, par ex.) afin de mieux contrôler les contaminations, ce que le séquençage direct ne permet pas de façon précise.

Enfin, les techniques de traitement de l'information paléogénétique en génétique des populations a fait de gros progrès durant ces dernières années, permettant dorénavant des inférences beaucoup mieux contrôles elles aussi. Ces avancées et leur application doivent être encouragées, par le recrutement de spécialistes de génétique des populations, capables de traiter des jeux de données dispersées dans le temps, et par l'allocation des moyens de calcul correspondant.

7.6. Elargissement interinstitutionnel

Rappelons qu'à la suite d'une journée thématique organisée en avril 2005 par le Président du Muséum et le Vice-président de son conseil scientifique, le Muséum national d'Histoire naturelle s'est déclaré favorable à un partenariat avec le RTP « Paléogénétique ». L'INRA est intéressé au développement de la paléogénétique, notamment dans le domaine de la traçabilité des aliments ; il s'est déclaré attentif lors de l'organisation de l'Ecole thématique de 2004. Plusieurs chercheurs de l'INSERM sont également intéressés. Un certain nombre d'Universités (ex. : Bordeaux, Strasbourg, ENS de Lyon) ont recruté, plus ou moins récemment, des enseignants-chercheurs spécialistes de paléogénétique. Paris VII a financé un laboratoire de paléogénétique dans ses murs. La police et la gendarmerie scientifiques, tout comme certains instituts médico-légaux (Strasbourg, notamment) jouent un rôle effectif dans cette recherche. Il est clair que des organismes comme l'IRD, l'IFREMER ou le CEMAGREF, mais aussi certains groupes privés sont concernés par tel ou tel apport des techniques paléo ou archéo-moléculaires.

Le travail de sensibilisation réalisé durant l'existence du RTP auprès de l'IFB doit être repris. L'IFB est en effet le lieu interinstitutionnel tout désigné pour que convergent les énergies des organismes intéressés par la paléogénétique.

7.7. Besoins exprimés par la communauté

7.7.1. Récapitulatif des besoins exprimés par les laboratoires

	Personnel	Equipement	Financements	Collaborations
FRE2990 Anthropologie Crubézy	1 CR, 1 post-doc	lab P2, QPCR à Toulouse		
UMR 5174 Evolution et diversité biologique				Partenariat génét. humaine
UMR5059 CBAE Carcaillet	1 CR		X	Partenariat moléculaire
UMR5145 Eco-anthropologie Bahucher/Heyer	1CR ou IR	Labo ADN ancien		
UMR5197 Archéozoologie Vigne	1 CR	Complément équipé SSM	X	Réseau national stable
UMR5199 PACEA Jaubert/Maureille	1 CR		X	
UMR5202 OSEB Deharveng/Pasquet	1CR ou IR	accroissement surface		
UMR5242 IGF Lyon Samarut/Hänni	information non communiquée			
UMR5553 LECA Taberlet			X 454	Partenariat répliation
UMR5561 Biogéosciences Neige/Tougard	Technicien Biol. Molec.	Complément équipé salle blanche	X	Collab. pour répliation
UMR7592 Inst. J Monod Lepesant/Geigl	Cherch. Statutaire, Pdoc		X	

7.7.2. Recommandations du bureau du RTP :

De façon plus générale et plus collective, le bureau insiste sur la nécessité :

- de recruter de jeunes chercheurs, formés en France ou à l'étranger (ce qui suggère des propositions plus attractives que celles qui ont découragé plusieurs d'entre eux en 2007) ;

- de le faire en s'appuyant sur les commissions interdisciplinaires du CNRS, non sur les sections du comité national relevant nécessairement de compétences et de logiques disciplinaires ;
 - de rechercher une ouverture interinstitutionnelle qui devrait permettre de faire entrer dans la communauté des acteurs montrant des sensibilités différentes (INSERM, CEA...),
 - d'encourager les unités françaises à entretenir des collaborations étroites entre elles (par la création d'un GDR, par exemple), mais aussi avec des unités étrangères, notamment européennes.
-

Annexe 1

Compte rendu et principales conclusions de l'Ecole thématique

Paléogénétique de l'Homme et de son Environnement

(Lalonde des Maures, 17-19 novembre 2004)

organisée par Pierre. Darlu, Jean-Denis. Vigne et Pierre Taberlet

L'école thématique a réuni 34 acteurs effectifs ou potentiels de la paléogénétique de l'Homme et de son environnement, travaillant en France, notamment 5 doctorants et 5 post-docs. Elle avait pour objectifs de faire le point sur l'actualité et le poids de cette recherche en France, de localiser les potentialités, de recenser les problématiques actuelles et futures, et de proposer des concertations sur les thématiques, les outils, les méthodes et les moyens. Elle a permis de soutenir un dialogue et des échanges fructueux entre plusieurs disciplines (archéologues, paléoanthropologues, moléculaires, parasitologistes...)

Au travers de ce dialogue, elle visait aussi l'élaboration d'un projet collectif national acceptable par tous et finançable pour les années à venir. Ce compte rendu, qui a été soumis à tous les participants de l'école thématique, est rédigé dans l'esprit de réunir les informations nécessaires à la mise en route de ce projet.

1. Etat des lieux

1.1. Situation des recherches utilisant l'ADN ancien au plan international et en France

En introduction, P. Darlu a rappelé que la paléogénétique était née avant la dernière guerre (Boyd WC, Boyd LG. 1937. *J. Imm.* 32,307-319), mais ne s'était considérablement développée qu'au début des années 1990. Après des débuts très prometteurs (cf. *News & Views, Nature*, 1993 ; *Sciences*, 1994), ce domaine n'a pas connu le développement attendu (Fig. 1). Ainsi ne représente-t-elle par exemple que 4,6 % des 175 citations de la récente recension de Pääbo et al. (2004, *Annual. Rev. Genet.*, 38 : 645-679).

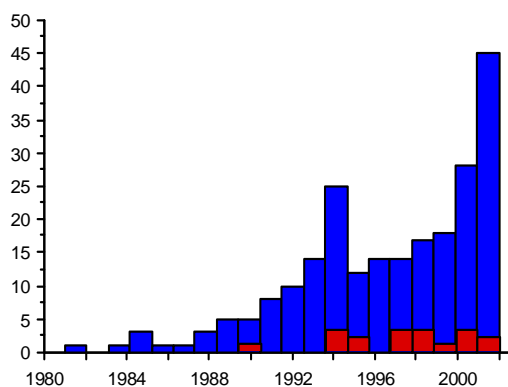


Fig. 1 : Evolution du nombre de publications concernant l'ADN ancien au plan mondial (en bleu) et incluant au moins un auteur français (en rouge).

Recension P. Darlu.

(sources : Orlando & Hanni, 2000, *Medecine-Science* ; Kaestle & Horsburgh, 2002, *Yearbook of Physical Anthropol.*; Keuser-Traqui et al., 2002, *Anthropos*; Geigl, 2004, <http://inrp.fr/Access/biotic/genetic/adn/html/emg/htm>).

Une recension présentée par M.-F. Leguilloux complète cette présentation en précisant que :

- sur 249 articles internationaux analysés, seulement 217 présentent des résultats, 140 ayant pour objet des revues de résultats et 92 des points techniques,
- sur les 217 articles de résultats, 43,3 % concernent les animaux, 42, 4 % l'homme et 14,3 % les végétaux
- 43,4 % se limitent à des publications de séquence, sans problématique, 24,7 % concernent des questions de phylogéographie, 12 % des détermination taxinomiques, 8,2 % des phylogénies d'espèces éteintes, 4,1 % des identification du sexe, 4,1 % des identification d'individus humains et 3,3 % des recherches de parenté en contexte archéologique.

Cette référence à la seule bibliographie ne constitue évidemment pas un diagnostic définitif sur la qualité de certaines recherches françaises, en ce sens que certains travaux d'équipes françaises ont été publiés une fois sans être invalidés, tandis que certains travaux étrangers, pourtant invalidés ensuite, l'ont été 3 fois...

1.2. Moment forts de la politique du CNRS dans le domaine

1992 : Pour le développement de l'archéologie moléculaire (proposition au CNRS de H.-P. Francfort)

1995 : Appel à propositions de projets de recherche « ADN fossile » (CNRS - SHS Coordinateur : H. Duday). Les projets ont été évalués, sélectionnés, mais les moyens peu ou pas attribués (selon les secteurs)

2002 : Journée de Paléogénétique, le 26 mars, Institut Jacques Monod (Comité National : G. Baldacci, section 23, M. Boulétreau, section 30 et G. Boëtch, section 31)

En outre, depuis 1995, le CNRS a recruté trois chargés de recherche et un ingénieur spécialisés en ADN ancien.

1.3. Laboratoires concernés en France

Une première session a été consacrée à un tour de table des participants. Elle a permis d'identifier les laboratoires déjà engagés dans cette recherche ou sur le point de le faire. Certains d'entre eux sont producteurs de séquences effectifs ou potentiels (et, bien sûr, utilisateurs de ces séquences) :

- Biodiversité, gènes et écosystèmes (UMR1202 INRA-Univ. Bordeaux I, resp. Antoine Kremer) : production de séquences végétales (non représenté à l'Ecole thématique)
- Centre de Génétique moléculaire et cellulaire (UMR 5534, Univ. Lyon, resp. aADN C. Hänni) : production de séquences animales et humaines
- Lab. Ecologie alpine (UMR 5553, Grenoble, resp. P. Taberlet) : production de séquences animales
- Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier (UMR 5554, Montpellier II, resp. N. Pasteur) : production potentielle de séquences animales (non représenté à l'Ecole thématique)
- Lab. Médecine légale (Strasbourg, resp. Ludes et UMR8555, Toulouse,) : production de séquences humaines (non représenté à l'Ecole thématique)
- Institut J. Monod (UMR 7592, Paris VI, resp. aDNA : E.-M. Geigl) : production de séquences animales
- Lab. Anthropologie (UMR 5199, Bordeaux I, resp. Jaubert) : production prochaine de séquence et utilisateur effectif
- Centre d'Anthropologie (UMR 8555, Toulouse, resp. E. Crubézy) : utilisateur effectif et producteur potentiel de séquences humaines
- Lab. Biogéosciences (UMR 5561, Dijon, resp. aDNA C. Tougard) : production potentielle de séquences animales
- Lab. Biologie moléculaire de la cellule (UMR 5161, ENS Lyon, resp. V. Laudet) : producteur potentiel de séquences animales.
- Service de Systématique du Muséum National d'Histoire Naturelle (resp. E. Pasquet) : expérience dans la production des séquences animales (non représenté à l'Ecole thématique)

D'autres laboratoires sont des utilisateurs effectifs ou potentiels (la liste alphabétique ci-dessous ne comporte que les laboratoires représentés à l'Ecole thématique, et n'est donc pas limitative) :

- Lab. Anthropologie fac Médecine (Caen, M. Sansilbano-Collilieux) : utilisateur potentiel (3 représentants à l'ET)
- Lab. Anthropologie fac. Médecine (UMR 6578, Marseille, O. Dutour) : utilisateur effectif (3 représentants à l'ET)
- Lab. Archéologies, cultures et sociétés (UMR 5594, Dijon, resp. C. Mordant) : utilisateur effectif (1 représentant à l'ET)
- Lab. Archéozoologie (UMR 5197, Muséum Paris, resp. J.-D. Vigne) : utilisateur effectif (5 représentants à l'ET)
- Centre de Génétique Moléculaire et Cellulaire (UMR 5534, Lyon, resp. P. Couble) : utilisateurs effectifs (1 représentant à l'ET)
- Lab. Evolution et diversité biologique (UMR 5174, Univ. Toulouse, resp. Crouau-Roy) : utilisateur potentiel (1 représentant à l'ET)

- Lab. Fonctionnement et Evolution des Systèmes Ecologiques, Equipe éco-évolution mathématique (ENS, UMR 7625. resp : J. Clobert) : utilisateur effectif (1 représentant à l'ET)
- Lab. Génétique épidémiologique (U535 INSERM, Villejuif, P. Darlu) : utilisateur effectif (1 représentant à l'ET)
- Lab. Paléoparasitologie Fac. Pharmacie (UMR 5197, Reims, resp. F. Bouchet) : utilisateurs (1 représentant à l'ET)
- Lab. Préhistoire (UMR 5198, Muséum Paris, resp. F. Semah) : utilisateur potentiel (1 représentant à l'ET)
- Maison de l'Orient et de la Méditerranée (UMR 5133, Lyon, resp. P. Lombard) : utilisateurs effectifs (1 représentant à l'ET).

2. Techniques et méthodes en laboratoire : les questions en suspens

Les exposés de C. Hänni, E.M. Geigl, M.-F. Deguilloux, M. Lebailly, P. Taberlet, S. Hughes et O. Dutour, ainsi que les très riches discussions qui les ont suivis ont fait ressortir trois points forts.

2.1. Les espoirs que la communauté internationale, notamment celle des (paléo)anthropologues, avait fondés sur l'ADN ancien au début des années 1990 ont dû être considérablement revus à la baisse : l'état de fragmentation et de dégradation des molécules anciennes, la présence fréquente d'inhibiteurs et surtout les risques majeurs de contamination et l'absence de méthode permettant d'authentifier sans ambiguïtés les séquences anciennes, notamment pour *Homo sapiens*, incitent désormais à une très grande prudence, en France comme ailleurs.

- 2.2. Si on ne veut pas tuer dans l'œuf une voie de recherche néanmoins très prometteuse, il faut donc :
- . développer des recherches méthodologiques permettant de mieux maîtriser (voire de corriger) les processus de dégradation et de contamination, ces recherches devant bien sûr être soumises aux mêmes exigences d'authenticité que les autres (ce qui n'est souvent pas le cas jusqu'à présent),
 - . développer d'autres voies techniques que l'amplification par PCR des fragments d'ADN de la phase soluble de l'os ou de la dent,
 - . développer en parallèle des recherches portant sur les séquences fossiles d'*Homo sapiens*, qui présentent le risque minimal, des recherches sur les animaux, les végétaux et les parasites qui sont susceptibles de documenter l'histoire de l'homme, indirectement mais avec plus de fiabilité,
 - . instaurer l'application, par la communauté scientifique des domaines concernés, d'un certain nombre de précautions d'échantillonnage (cf. *infra*),
 - . mettre en œuvre tous les dispositifs à même d'accroître la validité des séquences publiées et de les livrer accompagnées d'un indice de qualité ; plusieurs listes non limitatives et évolutives de critères d'authenticité ont été présentées et discutées, dont il ressort six points forts, à réaliser conjointement :
 - utilisation d'un laboratoire spécifique à l'ADN ancien,
 - clonage pour éviter les artefacts de PCR et détecter les contaminations,
 - réplication de l'extraction-amplification du même échantillon sur de nombreuses reprises, le nombre de répétitions pouvant varier selon la nature des échantillons (par ex. 8 répétitions standard actuellement à Grenoble pour des substrats actuels semi-dégradés),
 - reproduction des résultats avec le même échantillon dans au moins un autre laboratoire, de préférence en aveugle,
 - quand le contexte le permet, validations par d'autres critères d'anthropologie (sexe, parenté),
 - publication obligatoire des protocoles de validation et de l'indice de qualité attachés à chaque séquence, et dépôt obligatoire de ces données dans les banques de données moléculaires internationales,
 - . informer les utilisateurs, notamment les archéologues et les paléoanthropologues, afin, entre autres, d'éviter que des séquences qui ne présentent pas les critères d'authenticité requis soient publiées dans des revues dont les comités de lectures et les lecteurs ne sont pas spécialistes de

biologie moléculaire, telles que les revues d'archéologie ; il convient aussi d'informer largement les laboratoires de biologie moléculaire non spécialistes de l'ADN ancien qui, parfois, se lancent dans cette recherche sans précaution,

- . accepter le risque (et le coût) de traiter un grand nombre d'échantillons pour n'avoir qu'un faible taux de succès lorsque les problématiques sont scientifiquement pertinentes (ex. les débuts de la domestication au Proche-Orient, où l'ADN en général est mal conservé).

2.3. Les contraintes techniques liées à l'ADN ancien interdisent d'envisager que les laboratoires producteurs de séquences soient de simples prestataires de service vis-à-vis des laboratoires utilisateurs. De même, la recherche de fiabilité dans l'échantillonnage et de qualité dans l'interprétation des résultats exclut que ces derniers jouent un rôle de simple pourvoyeur d'échantillons ou de scénarios. Il est donc nécessaire de raisonner en termes de collaboration égalitaire, et ce tant au niveau des relations entre laboratoires qu'entre département du CNRS (SDV, SDU et SHS sont impliqués). Il est proposé de rédiger un cahier des charges commun à ces trois départements.

3. Expériences de terrain et stratégies d'échantillonnage

3.1. Le point de vue des « molécularistes »

Le point de vue des « molécularistes » a été exposé par C. Hänni, E.M. Geigl et M. Pruvost, et complété par C. Maudet. Elles ont convenu que l'ADN est une molécule très stable, omniprésente dans l'environnement, et qu'il convenait donc, ici encore, de prendre un maximum de précautions.

Différentes expériences de traçage des contaminations humaines (néandertal de Sclayn, nécropole de Krantau en Ouzbekistan) ont montré qu'il est très difficile de prévoir quelles seront les sources potentielles de contamination, les personnes qui ont été le plus en contact avec les pièces n'étant pas forcément les plus « contaminantes ». Dans l'état actuel des connaissances, on ne peut pas édicter de règle générale : chaque opération d'échantillonnage d'ADN humain doit faire l'objet d'un traçage des ADN de toutes les personnes participant au travail, de près ou de loin.

Plusieurs participants ont avancé que les contaminations dans le sédiment, entre couches d'une même stratigraphie ou entre échantillons osseux ou dentaire d'individus différents, étaient très faibles à absentes. Cette position a néanmoins été mise en doute par d'autres.

Tous les praticiens s'accordent sur le fait qu'il est préférable (voire nécessaire pour l'ADN humain et les échantillons pauvres en ADN) de travailler sur des prélèvements faits directement sur la fouille, dans des conditions exemptes de toute contamination, par un ensachage adéquat et immédiat, jusqu'au laboratoire. De récentes expériences ont montré qu'il est très souhaitable de conserver ces échantillons au froid, voire de les congeler si possible. Les laboratoires préconisent également de ne pas laver les échantillons, cette opération étant source de contamination ; cependant, dans certains cas, le lavage est obligatoire pour assurer la qualité de l'échantillonnage (exemple des bovins néolithiques). Plusieurs techniques moléculaires ont été discutées, qui devraient contribuer à détecter les contaminations au laboratoire : analyse quantitative en temps réel de la PCR (QPCR), élimination enzymatique spécifique des contaminants de la PCR (UQPCR). Au delà des progrès déjà réalisées, de nouveaux développements méthodologique sont souhaitables dans ce domaine afin de continuer à augmenter l'efficacité et la fiabilité de ces techniques paléogénétiques.

3.2. Le point de vue des archéologues

Il est frappant de constater la faible participation des archéologues à cette réunion. C'est à J.-D. Vigne, archéologue et archéozoologue, qu'est revenu la responsabilité d'exposer le point de vue de l'archéologue.

Il a été souligné qu'à partir du moment où il travaille sur des molécules anciennes, le « moléculiste » devient un archéologue au même titre que n'importe quel spécialiste intervenant en archéologie, qu'il soit sédimentologue, archéozoologue ou « dateur ». En effet, l'objet qu'il étudie est issu d'une fouille archéologique et sa conservation et sa signification sont régies par les mécanismes de la formation et de la conservation des sites et objets archéologiques. Il doit, de ce fait, se conformer aux pratiques de l'archéologie, tant du point de vue de sa démarche de recherche qu'en ce qui concerne son comportement dans la communauté scientifique.

L'exemple d'une petite fouille programmée de 6 semaines en Corse-du-Sud montre que, si les analyses d'ADN ancien sont coûteuses, le coût des opérations archéologiques qui permettent de découvrir l'échantillon analysé et, surtout, de lui attribuer un contexte chrono-stratigraphique et taphonomique, est également très élevé, tant pour le responsable de chantier que pour la communauté SHS toute entière³.

Cette énorme dépense d'énergie explique pourquoi les archéologues (tout comme les archéozoologues responsables de collections ostéologiques) se sentent spoliés lorsqu'ils constatent qu'ils n'ont pas même été tenus au courant de la parution de la publication dans laquelle les « moléculistes » consignent les résultats de l'échantillon qu'il leur a confié.

À l'inverse, beaucoup d'archéologues sont très mal informés sur les potentialités réelles de l'ADN ancien, notamment en ce qui concerne les questions de contamination. Beaucoup d'entre eux voient dans l'analyse ADN un moyen de valoriser leur action de fouille dans des grandes revues internationales de « science dure ».

Afin d'éviter ces deux écueils, il est nécessaire que les analyses ne se fassent jamais en dehors d'un cadre collaboratif contractuel, dans lequel le laboratoire et l'archéologue (incluant le paléoanthropologue) définissent ensemble les problématiques visées, décident ensemble de la stratégie d'échantillonnage, et publient ensemble les résultats et leur interprétation. Cela nécessite impérativement la rédaction d'une charte de collaboration dans ce type de recherches éminemment pluridisciplinaires.

Enfin, pour les ossements animaux, il est préconisé de procéder à des échantillonnages sur des assemblages dont l'évolution taphonomique est bien connue et dont on maîtrise parfaitement la détermination taxinomique et statutaire (domestique ou sauvage). Cela nécessite que l'échantillonnage soit fait en aval de l'étude archéozoologique. Il est également recommandé de fragmenter un gros échantillon en plusieurs sous-échantillons, afin de pouvoir procéder à d'autres analyses sur l'os dont on aura extrait l'ADN ancien (datation radiométrique, isotopes stables...) et de garder si possible la partie de l'os dont la forme est diagnostique de la détermination taxinomique.

3.3. Le point de vue des anthropologues

Le point de vue des anthropologues a été exposé par P. Perrin et F. Le Mort, P. Murail, O. Dutour, F.-X. Rigaud et S. Rottier.

Un exemple concret de collaboration entre moléculiste et paléoanthropologue a été présenté par P. Perrin et F. Le Mort. Il a permis de montrer qu'une collaboration entre ces spécialistes pouvait être efficace et permettre de construire une stratégie d'analyse et d'exporter des échantillons.

À cette occasion, a été évoquée la délicate question de la collecte des échantillons d'ossements humains ou de pièces archéologiques, particulièrement lorsque ces échantillons sont prélevés à

³ Dans l'exemple présent, il se chiffre pour l'archéologue en quatre années de préparation de l'opération (prospection, sondage-évaluation, organisation logistique), plusieurs centaines de pages de rapports non publiés, 4 mois de travail post-fouille pour mettre au propre 35 coupes et plans, ordonner 1500 clichés photographiques ; pour la communauté, il implique la mobilisation d'un grand nombre de personnels (en l'occurrence : 373 j/h de fouille, 51 j/h d'intendance, 52 j/h de spécialistes, 5 j/h de pelle mécanique ; trois ans de vacances pour trier une tonne de refus de tamis.

l'étranger, dans des pays où la légalisation concernant l'exportation des objets archéologiques est très stricte. Toute entorse à cette législation met gravement en péril l'avenir des missions archéologiques françaises dans le pays concerné. Il est très difficile, dans ce cas, de conserver les échantillons en contexte aseptique lors des contrôles, souvent tatillons, qu'imposent les administrations locales. C'est là une limitation importante de l'échantillonnage, dont les laboratoires doivent avoir conscience.

De manière générale, les anthropologues de terrain rencontrent les mêmes difficultés et ont les mêmes attentes que les archéologues généralistes : refus de la prestation de service, demande d'une meilleure prise en compte du travail qu'ils accomplissent en amont de l'échantillonnage et de leur maîtrise des problématiques, recherche de collaborations équilibrées avec les « molécularistes ». Il apparaît aussi que, comme les archéologues généralistes, beaucoup d'anthropologues ne sont pas informés correctement des difficultés que présente l'analyse des ADN anciens humains, notamment en termes de contamination. Il est nécessaire de réaliser un document clair et largement diffusé concernant les critères de validité des résultats de l'ADN ancien appliqué à *Homo sapiens*.

P. Murail fait remarquer que le gradient de difficulté technique est inverse de celui de l'intérêt anthropologique, dans une série de problématiques classées dans l'ordre suivant :

- identification du sexe, notamment des enfants, sujet très difficile à traiter avec l'ADN ancien car nécessitant l'analyse d'ADN nucléaire,
- organisation des ensembles funéraires par la recherche des liens de parenté,
- origine des peuplements, qu'on peut étayer avec des ADN mitochondriaux,
- relations entre taxons de primates (ADN mitochondrial).

Le diagnostic de pathologies génétiques ne relève pas exclusivement de l'ADN humain, mais intéresse directement les anthropologues. Les difficultés techniques varient en fonction de la pathologie considérée.

La majorité des anthropologues qui sont intervenus s'accorde sur la nécessité :

- de revoir à la baisse les espoirs excessifs fondés initialement sur l'ADN ancien appliqué à *H. sapiens*,
- de considérer avec la plus grande méfiance les résultats qui ont été obtenus durant les années 1990 et ceux qui sont encore produits aujourd'hui par les laboratoires sans les précautions évoqués plus haut,
- de se conformer dorénavant le plus fidèlement possible aux critères d'authenticité.
- d'intégrer l'obtention de séquences anciennes humaines dans une véritable problématique de recherche (rappelons que, d'après la recherche bibliographique de M.F. Deguilloux, 43% des travaux n'exposent pas de problématique...).

Après une discussion approfondie, l'assemblée conclut majoritairement qu'il vaut mieux peu de données fiables que beaucoup de données mal étayées

4. Le traitement des données et modélisation

Les exposés de F. Depaulis et L. Chikhi mettent l'accent sur les questions d'interprétation des données concernant la diversité génétique des populations, principalement humaines. À l'aide de nombreux exemples, ils mettent en garde contre une surexploitation des résultats de la génétique, notamment lorsqu'il s'agit d'interpréter des arbres ou des réseaux d'haplotypes et des fréquences d'haplogroupes définies sur de petits nombres de séquences actuelles. Les difficultés d'interprétations des données en termes de scénario complexe d'évolution se trouvent exacerbées avec l'ADN ancien, en raison du petit nombre de séquences et de locus disponibles. Cependant, l'ADN ancien présente, en raison d'une répartition non homogène des jeux de données dans le temps, l'avantage potentiel d'autoriser des inférences sur des événements anciens, de permettre la calibration d'arbres avec une échelle de temps « absolue », et d'inférer séparément des taux de mutations et des tailles d'effectifs. La discussion, avec notamment P. Darlu, a également mis en lumière la nécessité d'une modélisation des phénomènes évolutifs afin de permettre des tests statistiques d'hypothèses, tout en reconnaissant les effets pervers d'une application aveugle ou a-critique de certains modèles récents de la génétique des populations.

5. Conclusions et prospective : projets, organisation et actions collectives

5.1. Quels projets thématiques pour demain ?

Pour inventorier les projets prioritaires, les organisateurs ont proposé trois entrées : méthodologiques, « taxinomique » et thématique

A. Entrée méthodologique

- la taphonomie moléculaire est une orientation prioritaire (cf. *supra*) ; elle nécessite une forte synergie entre SDV et SDU, mais aussi SHS, qui doit prendre conscience que cette recherche la concerne très directement ;
- le perfectionnement des protocoles de laboratoire, est également un domaine prioritaire, sans que nécessairement tous les laboratoires pourvoyeurs de séquence y soient actifs ;
- recherche de techniques propres à l'exploitation des ADN nucléaires ;
- analyse des données ;

B. Entrée « taxinomique »

- micro-organismes et paléo-épidémiologie : recherche très porteuse mais rendue délicate par les questions de contamination qu'il reste à maîtriser ;
- végétaux : recherche très peu développée en France, mais qui exige une meilleure connaissance des processus de conservation des ADN dans les matières carbonisées, et qui posent la question de la rareté des vestiges susceptibles de comporter en abondance des ADN anciens et la question de l'authentification des séquences ;
- animaux (dont helminthes parasites) : c'est le domaine dans lesquels les questions d'authentification des séquences sont les moins cruciaux ; ils devraient être développés car ils permettent d'accéder à l'histoire de l'homme en évitant les questions, difficilement solubles en l'état actuel des techniques, de la contamination des ADN humains ;
- homme : les questions de contamination sont cruciales et devront donc être correctement résolues. Cela rend cette recherche très exigeante et donc très lourde ; même si les choses sont moins problématiques pour les espèces de *Homo* différentes de *H. sapiens*, il n'a finalement pas paru judicieux de distinguer deux entrées « taxinomiques » différentes.

C. Entrée thématique

- sexage et recherche des liens de parenté, détermination d'identité, émergence de maladies génétiques : cette recherche techniquement très exigeante est néanmoins d'un intérêt certain ; elle doit obligatoirement être accomplie dans les conditions de rigueur requises pour réduire au minimum les risques de contamination, notamment en rendant obligatoire la détermination par un autre laboratoire en aveugle ; l'analyse de service est exclue dans ce domaine plus encore qu'ailleurs ;
- pathologie : développer l'archéologie des pathogènes humains (trypanosomes, mycobactéries, Rickettsies, malaria, dans une perspective de paléo-épidémiologie), avec les mêmes exigences d'authentification que pour l'ADN humain ;
- relations inter-populationnelles, phylogéographie, traçage, diversité génétique : c'est un volet particulièrement porteur car il peut s'appuyer principalement sur des analyses d'ADN mitochondrial, plus faciles à développer, et il trouve de nombreuses applications en termes de migrations humaines ou de relations interculturelles ; il débouche aussi sur des questions biologiques et anthropologiques particulièrement sensibles telle celle de co-évolution, notamment entre organismes pathogènes et hôtes potentiels ;
- relations inter-espèces : détermination taxinomique, diversité des peuplements, phylogénie moléculaire ; cette thématique, à développer comme les autres dans le cadre de programme de collaboration, est également très porteuse et relativement plus facile à développer ;
- paléoclimatologie liée à l'histoire de l'homme (à développer en collaboration avec SDU et l'INSU).

5.2. Quelle organisation et quelles actions collectives ?

Les organisateurs proposaient de décliner ces questions en quatre points d'inégale difficulté.

A. Quels organismes ?

Il est clair que la responsabilité principale de prise en charge de ces recherches revient au CNRS. Ce dernier assume d'ailleurs de fait cette fonction dans le cadre d'une concertation entre SDV et SHS. La présente réunion souligne que l'initiative vient clairement de la communauté des chercheurs, qui manifeste la volonté de se structurer et fait des propositions à l'intention des directions scientifiques.

L'INRA est également clairement engagé dans cette recherche, notamment dans le cadre des questions de traçabilité des aliments. Cet organisme n'a pas souhaité co-organiser cette école thématique mais y est très attentif.

Le MENESR devrait pouvoir jouer un rôle à travers les outils de programmation scientifiques que sont les ACI, les ATIP, etc.

Le Muséum national d'Histoire naturelle est manifestement un acteur potentiel, compte-tenu de la motivation et de l'activité effective de certains de ses chercheurs ; en revanche, l'institution ne semble pas mûre, aujourd'hui, pour jouer un rôle moteur dans le domaine de l'ADN ancien. Une réflexion doit être prochainement engagée dans l'établissement.

L'INSERM en tant qu'organisme ne semble pas intéressé, ce qui n'empêche pas que certains de ses chercheurs soient demandeurs.

La situation est complexe et difficile à cerner en ce qui concerne les universités et les régions, éventuelles pourvoyeuses de fonds pour des programmes d'ADN ancien, sans disposer en général des moyens d'évaluation nécessaires.

La police et la gendarmerie scientifique, tout comme certains instituts médico-legaux jouent un rôle effectif dans cette recherche, et devraient être sollicités pour participer au mouvement d'homogénéisation des critères d'authenticité des séquences.

B. La question des prestations de service

La communauté réaffirme, arguments à l'appui (cf. *supra*), que le domaine de l'ADN ancien ne peut pas fonctionner dans le cadre de prestations de service, ni dans celui de prestation de scénarios, d'ailleurs.

C. Quelles actions collectives

Les participants considèrent que cette école thématique est un moment clé de la vie (voire de la fondation) de leur communauté scientifique. Ils souhaitent :

- faire connaître leurs conclusions aux décideurs (notamment les directions scientifiques du CNRS) et à leurs collègues, archéologues, anthropologues et moléculaires non spécialistes de l'ADN ancien,
- tenir des réunions scientifiques annuelles du même type, afin de partager leurs expériences, de progresser ensemble, de développer leurs collaborations et de constituer une force de proposition.

D. Quels niveaux de regroupement ?

En accord avec la direction scientifique SHS, représentée par Bernard Victorri, plusieurs propositions sont formulées et discutées :

- la création d'un réseau thématique pluridisciplinaire (RTP) consacré à la paléogénétique ; sous la direction d'un chargé de mission paléogénétique non inféodé à un département du CNRS plutôt qu'à un autre, il serait animé par un bureau de 6 à 7 personnes de disciplines différentes ; il aurait pour mission l'animation de la communauté et l'organisation des réunions, par exemple une journée des doctorants chaque année ; il serait le lieu d'élaboration des nouveaux appels d'offre et drainerait les propositions de recherche hors appel d'offre de la communauté vers les directions scientifiques ; un conseil scientifique mis en place indépendamment par les départements du CNRS prendrait en charge l'évaluation des projets, en utilisant des critères proposés par la communauté relayée par le bureau du RTP ; le Comité national serait mis à contribution pour évaluer l'activité du RTP.

- un petit nombre de plate-formes techniques nationales à mettre en place progressivement, à partir du tissu existant ; la première pourrait être rapidement mise en œuvre et une seconde à l'horizon de 2006-07 ; chacune de ces plate-formes devra impliquer plusieurs laboratoires distants pour pouvoir faire les analyses en double aveugle ; l'existence de ces plate-formes ne doit pas empêcher les laboratoires déjà équipés de produire des séquences d'ADN ancien, sous réserve qu'elles offrent les garanties d'authenticité requises ; les plate-formes pourraient leur offrir un lieu pour tester la reproductibilité des résultats, et réciproquement.

L'assemblée souhaite que les directions scientifiques du CNRS réagissent rapidement sur ces propositions.

Pierre Darlu (darlu@vjf.inserm.fr) et Jean Denis Vigne (vigne@mnhn.fr)

avec les participations de : A. Bournery, L. Chikhi, F. Depaulis, E.M. Geigl, C. Hänni, F. Le Mort, P. Murail, P. Perrin, F.-X. Ricaut, S. Rottier, M. Sansilbano-Collilieux, P. Taberlet, C. Tougard.

Paris, Villejuif, 1 février 2005

Annexe 2 : PV des réunions de bureau du RTP

21 octobre 2005

Membres présents : René Bally (DSA SDV, présent l'après midi), Pierre Darlu, Catherine Hänni, Alexandre Hassanin, Evelyne Heyer (présente le matin), Eva-Maria Geigl, Pascal Murail, Christelle Tougard, Anne Tresset, Jean-Denis Vigne.

Excusés : Pierre Taberlet, Lounés Chikhi, Marie-France Deguilloux.

Documents distribués :

- Proposition de Réseau Thématique Pluridisciplinaire ;
- Compte-Rendu « Atelier ADN ancien », MNHN 06/04/05.

1. Point sur la situation actuelle des recherches dans le domaine

Un tour de table est effectué pour informer les membres du bureau des principales thématiques en rapport avec la paléogénétique développées dans les laboratoires.

En tant que Vice-président du Conseil scientifique du Muséum, J.-D. Vigne ajoute que le Président du Muséum, B. Chevassus-au-Louis et lui-même ont organisé une journée d'atelier sur la paléogénétique dans cet établissement le 6 avril dernier. Le compte rendu de cette journée est distribué aux participants. Le CS du Muséum l'a examiné et approuvé ; il a insisté sur la nécessité de liens étroits entre le Muséum et le RTP Paléogénétique. Le Président du Muséum s'est déclaré favorable à un partenariat interinstitutionnel avec le CNRS dans le cadre du RTP, et a suggéré que ce partenariat, élargi à d'autres organismes, prenne place au sein de l'IFB.

C. Hänni a regretté la faible représentation des phylogénéticiens-bioinformaticiens dans le bureau du RTP. Il ne paraît pas utile d'élargir encore ce bureau, déjà très important par rapport à ceux des autres RTP, mais la remarque de C. Hänni devra être mise à profit pour inciter encore une fois les collègues phylogénéticiens à participer aux activités du RTP.

2. Programmation de réunions scientifiques et propositions d'ateliers d'échanges et de partages des compétences

Les réunions suivantes ont été proposées et acceptées :

Réunion annuelle des jeunes chercheurs : dans ce cadre, sur deux jours, les jeunes chercheurs (doctorants, post-docs, ...) pourront présenter leurs travaux à la communauté. La première réunion sera organisée par C. Hänni à Lyon en juin 2006.

Ateliers thématiques d'échanges de compétence : ces réunions, ouverte à tous, visent à stimuler les échanges entre spécialistes sur des thèmes précis, susceptibles de constituer des projets de recherche structurants. E.-M. Geigl organisera au printemps (Fév./Mars 2006) le premier atelier qui se rapportera à la taphonomie. Le deuxième atelier se rapportera à la modélisation et à l'exploitation des données de l'ADN ancien Il sera organisé par P. Darlu (coll. possible L. Chikhi) en Nov./Déc. 2006.

D'autres thèmes d'ateliers ont été proposés : expérimentation de terrains, point sur l'ADN nucléaire, lien diversité morphologique/diversité génétique.

A l'occasion de ces ateliers et réunions, des intervenants étrangers pourront être invités ; on privilégiera les jeunes chercheurs, plus disponibles et susceptibles de faire des exposés de résultats originaux.

Chacune de ces manifestations sera suivie d'une réunion des membres du bureau.

Ces réunions seront financées sur les fonds du RTP, dans la limite des dotations annuelles.

En outre, afin de promouvoir les échanges entre laboratoires et entre disciplines, le RTP souhaite soutenir des visites ou séjours de courte durée (quelques jours à deux semaines) afin que les chercheurs (jeunes ou moins jeunes) en anthropologie ou en archéologie puissent se familiariser avec les techniques et les contraintes du travail de biologie moléculaire lié à l'ADN ancien, et réciproquement (séjour de chercheurs « molécularistes » sur des chantiers de fouille ou dans les collections, par exemple).

3. Débat sur des stratégies d'élaboration d'une demande d'appel d'offre

En plus de sa vocation d'animation et de structuration de la communauté, le RTP vise aussi, à formuler des demandes d'intérêt collectif aux directions scientifiques des départements et des organismes partenaires. Elles concernent le financement de ces petits séjours d'échange, qui ne peuvent pas être pris en charge sur les crédits récurrents du RTP, mais aussi celui d'allocations de recherche, de plateformes techniques (personnels, équipements et fonctionnement) ou d'appels d'offre.

D'après R. Bally, les demandes de moyens propres aux laboratoires doivent remonter aux directeurs scientifiques adjoints (DSA) des sections via Labintel (demande de moyens groupée) ; mais, de son côté, le RTP doit formuler plus spécifiquement à ces mêmes DSA les demandes d'ordre collectif qui ne pourraient pas être prises en charge par les laboratoires. Il est en outre nécessaire de cristalliser les énergies d'autres organismes autour du RTP, notamment en utilisant des lieux où plusieurs organismes sont sous convention, comme l'Institut Français de la Biodiversité (IFB) et en s'appuyant sur l'ANR.

Il est donc décidé d'agir dans deux directions : l'ANR Biodiversité et les Départements du CNRS.

En ce qui concerne l'ANR, rendez-vous sera pris par P. Darlu et J.-D. Vigne avec J. Weber, Directeur de l'IFB, puis avec R. Casas, Président du conseil scientifique de l'IFB, dans le but de faire apparaître la paléogénétique dans l'appel d'offre 2006 de l'ANR-Biodiversité.

En ce qui concerne le CNRS, une demande de moyens sera rédigée très prochainement à l'attention des Directions scientifiques des départements HS et Vie. Elle comportera :

- Fonctionnement du RTP : renouvellement des 15 000 euros ;
- Petites actions « séjours » : 15 000 euros ;
- Coloriage de poste : un poste en paléogénétique ;
- Bourse BDI : Elodie Courtinat (en co-financement Région Bourgogne) ;
- Demande de co-financement de la plate-forme « Paléogénétique » de Lyon par le département HS, le département SDV s'étant déjà engagé. Coût total du financement : 35 000 euros.

La réunion est levée à 16 heures

Compte rendu réalisé par P. Darlu, C. Tougard et J.-D. Vigne

3 mai 2006

Membres présents : Pierre Darlu, Marie-France Deguilloux, Eva-Maria Geigl, Sandrine Hughes, Pascal Murail, Ludovic Orlando (représentant C. Hänni), Christelle Tougard, Anne Tresset, Jean-Denis Vigne.

Excusés : Pierre Taberlet, Lounés Chikhi.

Documents distribués :

1. Point sur la table ronde des 2-3 mai : *Pushing back the limits of ancient DNA research : towards an understanding of DNA degradation and preservation during fossilisation*

Un tour de table est effectué pour faire le point à chaud sur la première réunion thématique du RTP qui vient de s'achever. Tous les membres présents s'accordent pour féliciter E.-M. Geigl pour l'organisation de cette manifestation. Le constat est fait qu'elle a drainé un nombre important de participants (jusqu'à 50 personnes dans la salle) compte tenu de la taille de la communauté et de la date relativement tardive à laquelle a été lancée son organisation. Tous s'accordent aussi sur le fait que le choix fait par E.-M. Geigl d'inviter plusieurs scientifiques étrangers a d'entrée donné le ton : le RTP n'est en rien coupé de la communauté internationale. Les échanges ont été riches et très interdisciplinaires. Cette première manifestation est indéniablement un succès pour les organisateurs et pour le RTP.

L'analyse plus approfondie fait néanmoins ressortir quelques regrets et incompréhensions, auxquels on pourra remédier dans la programmation des prochaines réunions en les ciblant de façon complémentaire par rapport à celle-ci : intervenir plus en amont afin de mieux informer la communauté, permettre aux jeunes chercheurs de s'exprimer plus largement, organiser des ateliers plus spécialisés ou plus restreints.

2. Etat des finances et programmation des activités pour 2006

La dotation 2005, versée durant l'été dernier, s'élevait à 15000 Euros (dont 10 000 du SHS et 5000 du SDV) moins 5% de gestion, soit 14 250,00 €. La réunion de bureau d'octobre 2005 a coûté 474,00 Euros. 4000 Euros ont été consacrés à l'organisation de la table ronde « Pushing back the limits... ». Il reste donc en caisse 9776 Euros au moment de cette réunion de bureau.

La direction scientifique EDD, à laquelle le RTP est rattachée, a annoncé de manière encore officielle que le RTP serait reconduit pour 3 ans, et qu'il serait probablement doté de la même somme annuelle qu'en 2005 (qui ne sera sans doute pas disponible avant l'été 2006).

Il est donc décidé de mettre à exécution le plan de réunion scientifique envisagé déjà lors de la réunion d'octobre 2006, avec, toutefois, un léger décalage dans le temps :

Réunion annuelle des jeunes chercheurs : en décembre ou janvier prochain, sur deux jours, les jeunes chercheurs (doctorants, post-docs, ...) pourront présenter leurs travaux à la communauté. Cette réunion sera organisée par C. Hänni et son groupe, à Lyon.

Ateliers thématiques d'échanges de compétence : la prochaine réunion se rapportera à la modélisation et à l'exploitation des données de l'ADN ancien. Elle sera organisée en région parisienne par P. Darlu, en collaboration avec L. Chikhi, au printemps 2007.

3. Autres actions du RTP

Le RTP souhaite contribuer à la diffusion des travaux de la communauté française et aux échanges entre unités en finançant sur ses fonds propres :

- des missions pour participer aux colloques
- des courts séjours dans un autre laboratoire, français ou étranger, visant un complément de formation ou l'acquisition d'une compétence particulière.

P. Darlu et J.-D. Vigne proposeront prochainement aux membres du bureau, par voie électronique, un petit texte de présentation de cette action destiné à servir de texte d'appel d'offre, ainsi que le montant de l'enveloppe budgétaire allouée à chacune de ces deux actions. Les projets pourraient être recueillis et évalués par le bureau du RTP par tranche de six mois.

4. Recherche de moyens pour la communauté concernée par le RTP

La vocation du RTP étant aussi de drainer des moyens supplémentaires vers la communauté concernée, trois niveaux d'actions sont envisagés.

4.1. Au CNRS

Le RTP ne disposant pas de site Labintel, les demandes de moyens pour 2006 ont dû être faites hors du mouvement général, sur papier libre. De plus, elles ont été rendues tardivement aux directions scientifiques, après la réunion de bureau du 21 octobre 2005. C'est probablement pour cette raison qu'elles n'ont pas été prises en compte.

Le bureau s'accorde pour réitérer ces demandes de moyens en septembre 2006 pour 2007, sous la forme de :

- un crédit de fonctionnement supplémentaire pour soutenir les actions de missions aux colloques et de courts séjours de formation (15 000 Euros en plus des 15 000 accordés pour le fonctionnement et l'organisation des réunions),
- affichage d'un poste de CR colorisé ou fléché sur la thématique « Paléogénétique » dans l'une des sections suivantes : 29, 31 ou 46,
- trois demies bourses BDI fléchées en Paléogénétique et ouvertes au concours, sous l'arbitrage des directions scientifiques concernées.

Le RTP appuiera en outre les demandes de crédits exceptionnels faites par les UMR en charge des plates-formes techniques de paléogénétiques, dans la perspective de la mise en place d'un petit nombre (deux ou trois) de centres de compétence fonctionnant en réseau.

4.2. Au plan interinstitutionnel

Suite à la dernière réunion de bureau, des contacts ont été pris avec la Présidence de l'Institut Français de la Biodiversité (IFB). Cette dernière s'est montrée intéressée et a demandé de préciser le projet sous la forme d'un document. Un texte de quatre pages (nommé ensuite « manifeste ») reprenant les grandes orientations du RTP et les étendant aux questions liées à la biodiversité a été rédigé par plusieurs des membres du bureau, sous le titre « Pour un développement des études de paléogénétique dans le champ de la connaissance de la biodiversité ». Ce texte a reçu un écho favorable du Président du Comité scientifique de l'IFB, J. Casas, et de plusieurs des membres de cette commission. L'IFB a proposé la création d'un groupe de travail en son sein, groupe qui permettrait de mobiliser les forces de certaines des institutions partenaires de l'Institut. Le déroulement de ce processus a pris un peu de retard entre janvier et avril 2006, en raison du non renouvellement provisoire du contrat de l'IFB, mais rendez vous est pris avec le Président de l'IFB le 11 mai pour engager plus avant la création de ce groupe de travail.

Le texte du manifeste sera de nouveau soumis aux membres du bureau dans les jours qui viennent, afin de renforcer les orientations de ce groupe : ce texte servira en effet de base aux négociations qui s'engageront probablement avec les différents organismes partenaires de l'IFB qui se montreraient intéressés par le groupe de travail.

4.3. Au niveau de l'ANR

Ces actions devraient aboutir d'une part à obtenir un meilleur accueil de l'ANR, notamment l'ANR biodiversité, vis-à-vis des projets s'appuyant sur la paléogénétique et, pourquoi pas, à faire apparaître la paléogénétique elle-même dans les futurs appels d'offre ;

La réunion est levée à 19 heures

Compte rendu réalisé par J.-D. Vigne

15 septembre 2006

(version approuvée)

Membres présents : Lounés Chikhi, Pierre Darlu, Eva-Maria Geigl, Catherine Hänni, Evelyne Heyer, Christelle Tougard, Pierre Taberlet, Anne Tresset, Jean-Denis Vigne

Invités : Robert Chénorkian (DSA Dép. SHS/EDD CNRS), Bernard Delay (DS Dép. EDD CNRS)

Excusés : Marie-France Deguilloux, Pascal Murail.

1. Echange avec la direction scientifique du CNRS

Les représentants du département EDD et SHS rappellent qu'un RTP est un outil institutionnel dont la mission générale est :

« une mission d'animation et d'expertise scientifique. Les objectifs qui lui sont assignés peuvent donc être de nature extrêmement différente et être associés selon des principes divers : »

- recenser l'ensemble des équipes et chercheurs travaillant dans un secteur de recherche déterminé aux fins de constituer une base de données ou d'établir un annuaire;
- réaliser un état des lieux dans un domaine de recherches pluridisciplinaires;
- assurer la circulation de l'information scientifique (enseignements, publications, colloques, état des recherches en cours, etc.) ;
- améliorer la coopération entre les acteurs de la recherche dans un domaine pluridisciplinaire donné au moyen de rencontres, d'ateliers, de séminaires, de publications électroniques;
- participer à l'animation d'un milieu scientifique ou créer les conditions favorables à l'émergence d'une communauté de recherche dans un secteur scientifique déterminé;
- contribuer à des actions de formation à la recherche en mettant à la disposition des doctorants des outils informatiques et en organisant une rencontre nationale annuelle de doctorants ;
- répondre à des questions précises concernant des solutions à trouver pour améliorer l'organisation du travail scientifique dans le secteur de recherche qu'il couvre. »

Ils attendent de ce RTP qu'il réunisse autour d'une table les principaux acteurs de la paléogénétique en France, afin **d'informer** et d'aider les directions scientifiques à **définir la politique scientifique** à suivre pour cette communauté en termes de répartition de moyens de fonctionnement, de personnel et d'équipement. Ils demandent à ce que le RTP rédige, pour la fin du contrat à trois ans (fin 2007), un livre blanc de la paléogénétique, faisant un état des lieux de la communauté et de sa place dans le cortège international, et proposant un schéma d'organisation autour d'un petit nombre de plates-formes techniques nationales.

La discussion qui suit, animée, fait également ressortir que le RTP a également pour rôle :

- de rendre visible cette petite communauté, traditionnellement dispersée en raison même de son caractère fondamentalement pluridisciplinaire et de la multiplication des initiatives individuelles parfois mal informées ;
- de dynamiser les collaborations interdisciplinaires ;
- de veiller à ce que les recommandations du texte fondateur du RTP (qui doivent pouvoir évoluer au fil du temps) soient mises en application au sein de la communauté scientifique, en particulier celles qui visent la qualité de la collaboration entre les différentes disciplines protagonistes ; le RTP n'a cependant pas pour vocation d'arbitrer ni de censurer ;
- d'aider les équipes qui débutent dans ce domaine en les mettant en garde contre les difficultés qu'elles vont rencontrer et, le cas échéant, en leur apportant l'assistance technique requise ; à cet égard, le bureau du RTP doit jouer un rôle de conseil et d'explication ;
- de signaler aux directions scientifiques les problèmes et difficultés de la communauté.

Les représentants des départements du CNRS indiquent qu'ils souhaitent que les demandes de moyens pour 2007 soient formulées par Labintel, parmi les demandes de moyens des UMR :

- les demandes collectives du RTP (coloriage de poste, fonctionnement) seront formulées dans la demande de l'UMR gestionnaire du RTP (UMR 5197) en tant que, respectivement, demande spécifique d'affichage de chercheur et demande de crédit d'intervention ;
- les demandes particulières des UMR (ITA, accueil chercheurs, post-docs...) doivent être faites par les UMR demandeuses.

Un courrier parallèle adressé par le bureau du RTP aux directions scientifiques résumera les demandes générales ou particulières que soutient le bureau.

Le bureau du RTP propose d'introduire une demande auprès du Centre National de Séquençage (CNS) pour que ce dernier réserve une partie de ses analyses à la paléogénétique. Les directions scientifiques se montrent favorable à cette initiative et la soutiendront.

2. Examen des demandes de financement de mission dans le cadre de l'appel d'offre du RTP

Les termes de l'appel d'offre sont rappelés, ainsi que les principes scientifiques fondateurs du RTP, sur lesquels le bureau doit fonder les appréciations.

Le RTP n'étant pas une instance d'évaluation, il est décidé que les intéressés ne sortiront pas de la salle au moment où seront discutées les demandes émanant de leur équipe, que les discussions auront lieu de façon collégiale et que le bureau émettra non seulement un avis sur la demande mais aussi, le cas échéant, des recommandations susceptibles d'améliorer la qualité ou l'efficacité du projet.

Quatre projets ont été soumis présentés et sont discutés. Les demandes totalisant 7000 Euros, et les quatre projets étant de qualité, il est décidé à l'unanimité :

- d'augmenter l'enveloppe proposée de 5000 à 6000 Euros,
- de réduire un peu les frais de séjours des projets les plus coûteux,
- d'augmenter le crédit accordé au projet le moins élevé,
- de demander à chacun des bénéficiaires de rendre compte de sa mission par une présentation orale des résultats lors de la prochaine réunion scientifique organisée par le RTP. Ainsi, ces petits financements serviront indirectement d'outil d'animation de la communauté scientifique concernée.

Avis rendus pour chaque projet :

Matthieu Le Bailly (Post-doc CNRS, UMR 5197, éq. F. Bouchet) : Paléoparasitologie et paléogénétique.

Demande d'un séjour d'une quinzaine de jours à Mayence, Allemagne, pour s'initier à la paléogénétique dans le but de tenter de l'appliquer aux oeufs de parasites archéologiques (2500 € demandés)

Le bureau souligne que l'application de la paléogénétique à la parasitologie est très difficile et que ce projet présente une importante part de risque. Il juge néanmoins le projet de formation utile. Les indemnités journalières doivent pouvoir être réduites aux alentours de 80 à 85 € nuit. Le RTP accorde à ce projet une enveloppe globale de 1500 €. L'ordre de mission sera établi par la gestionnaire de l'UMR 5197 (Sylvie Hubert : sylvie.hubert@mnhn.fr).

Ludovic Orlando (MC ENS Lyon, UMR 5161, éq. C. Hänni) : Génomique de l'homme de Néanderthal : évaluation des potentialités des restes de Scladina. Demande d'un séjour de formation aux techniques de pyroséquençage à Leipzig, Allemagne (2800 € demandés)

Le bureau estime ce projet très intéressant et utile. Il s'inscrit dans un projet scientifique solide. Les indemnités journalières doivent pouvoir être réduites aux alentours de 80 à 85 € nuit. Le RTP accorde à ce projet une enveloppe globale de 1600 €. L'ordre de mission sera établi par la gestionnaire de l'UMR 5197 (Sylvie Hubert : sylvie.hubert@mnhn.fr).

Elodie Renvoisé (Doc. Univ. Dijon, UMR 5561, éq. P. Alibert) : Diversité morphologique et génétique chez les populations de campagnols dans le contexte climatique instable du Quaternaire. Demande de financement pour missions en France afin de collecter le matériel d'étude (887,34 € demandés pour des missions en grande partie déjà effectuées durant l'été dernier)

Le bureau estime le projet intéressant et utile. Mais la demande financière semble faible, même si on se limite à la prise en charge des frais de terrain engagés pour l'échantillonnage. Le bureau du RTP encourage la demandeuse à plus d'ambition, et lui accorde une somme de 1200 € en prévision des missions à venir. Cette somme sera virée à l'UMR 5561, qui gèrera les missions de E. Renvoisé.

Xavier Ricaut (Post-doc Univ. Cambridge / Univ. P. Sabatier, Toulouse, FRE 2760 éq. E. Crubézy) : Confrontation des données morphologiques et paléogénétiques et peuplement de l'Amérique. Demande d'un co-financement pour une mission à Sao Paulo, pour la mise en place de collaborations à l'occasion d'un colloque (1700 € demandés).

La problématique des premiers hommes d'Amérique du sud est pertinente et le projet jugé intéressant et utile. Le Bureau souligne néanmoins que le crédit prévu par la FRE 2960 pour les analyses paléogénétique doit être impérativement revu à la hausse. Le RTP accorde la somme demandée de 1700 €. L'ordre de mission sera établi par la gestionnaire de l'UMR 5197 (Sylvie Hubert : sylvie.hubert@mnhn.fr).

3. Discussion concernant les demandes de demi-bourses BDI

La campagne des BDI n'étant pas ouverte, les projets soumis au bureau sont formalisés de façon inégale. Chacun de ces projets sera proposé par l'UMR dont il relève, le bureau du RTP se contentant de formuler des conseils et d'apporter son soutien aux projets qui lui paraissent les plus pertinents.

Avis sur chaque projet :

Marie Angel (UMR 5199, Bordeaux) : le genre *Capra* au Magdalénien dans le grand quart Sud Ouest de la France. Interactions *Homo-Capra*.

La problématique du projet est digne d'intérêt. Cependant, il semble ignorer les travaux menés en parallèle, et ceci depuis longtemps, tant dans le domaine de la paléontologie que dans celui de la paléogénétique et de la génétique des lignées actuelles. Le volet paléogénétique demande à être mieux articulé avec le reste du projet pour qu'il apparaisse vraiment utile. Le bureau du RTP est prêt à soutenir ce projet au même titre que les autres mais la version actuelle serait grandement améliorée par exemple en prenant contact avec d'autres laboratoires français ou étrangers afin de clarifier la position de ce projet par rapport aux études déjà publiées. Le bureau demande donc à revoir une version plus élaborée de ce projet.

Elodie Courtinat (UMR 5561, Dijon) : Diversité morphologique et génétique des ovins et des caprins domestiques dans le Nord-Est de la France du Moyen Âge aux Temps modernes : approches ostéo-archéologique, morphométrique et paléogénétique.

Ce projet, déjà accepté par la Région Bourgogne l'an passé, est très élaboré. Le bureau approuve la problématique et apprécie l'association de l'archéologie, de la morphométrie et de la paléogénétique. Il souligne cependant que le volet paléogénétique sera très lourd et difficile compte tenu du fait qu'il faudra certainement avoir recours à des marqueurs nucléaires. Il conviendrait aussi d'impliquer un spécialiste de génétique des populations dans le comité de pilotage, et de réviser la rédaction du projet en insistant plus sur la morphométrie, plus facile d'accès, que sur la génétique. Moyennant ces remarques, le RTP apporte son soutien à cette demande de demi-bourse BDI.

Fossilisation et conservation de l'ADN : projet soumis par E.-M. Geigl (Institut Jacques Monod)

Etude de la préservation de l'ADN en fonction de la variabilité des processus sédimentaires : projet soumis par B. Maureille (UMR 5199, Bordeaux)

Ces deux projets semblant très proche, le bureau du RTP propose de les regrouper. Il approuve le principe de cette demande et encourage E.-M. Geigl à rédiger une demande plus détaillée, qu'il examinera le moment venu.

4. Examen et validation de la demande de moyens à envoyer au CNRS avant le 15 septembre 2006

Le texte proposé par les responsables du RTP est discuté et amendé sous la forme suivante.

a. Demande d'objectif

Objectifs du RTP pour 2007:

- organiser un colloque ouvert en priorité aux jeunes chercheurs, post-docs et doctorants (Lyon, printemps 2007)
- organiser la seconde journée thématique d'échanges de compétences (modélisation et exploitation des données de l'ADN ancien ; Darlu-Chikhi, automne 2007)
- développer l'aide financière apportée aux laboratoires sous la forme de courtes missions pour colloque, collecte de matériel, collaboration entre laboratoires ou acquisition/perfectionnement techniques (6000 € par appel d'offre bisannuel) ; les bénéficiaires de ces financements seront tenus de présenter les résultats de leurs travaux lors des journées scientifiques du RTP qui suivront ;
- contribuer à renforcer la communauté française de paléogénétique en incitant les directions scientifiques à ouvrir un profil colorisé de recrutement CR au CNRS ;
- œuvrer pour qu'un certain volume de séquences du CNS soit réservé à la paléogénétique, notamment sur la machine de pyroséquençage 454, et pour que le traitement de ces données bénéficie de moyens bioinformatiques appropriés ;
- œuvrer pour une meilleure prise en compte de la paléogénétique dans les programmes interinstitutionnels (notamment l'IFB) ;
- d'engager une réflexion sur l'organisation des structures de paléogénétique en France ;
- De viser la rédaction, pour la fin 2007, d'un livre blanc de la Paléogénétique, faisant le bilan de trois années de fonctionnement et proposant les lignes d'une politique scientifique pour la paléogénétique.

b. Demande d'accueil de chercheurs

Les éventuelles demandes doivent être formulées individuellement par les équipes et les unités.

c. Demande d'affichage d'un profil de chercheur

Niveau : Chargé de recherche

Objet : Paléogénétique et environnements quaternaires

Section du CN : 46

Commentaire (tel qu'il est rédigé sur Labintel) : Ddt RTP Paléogénét. Bien que délicates et nécessitant expérience longue & spécialisée biol. moléc, analyses d'ADN archéolog ou paléontol connaissent un important développpt international. La communauté Fr. s'est récemment organisée. Il faut la renforcer par CR expérimenté dans extraction & utilisation moléc. fossiles, dont la thématique de rech (et donc le labo d'accueil) pourra concerner la biogéogr évolutive, l'anthropisation ou l'hist. des sociétés humaines. Vivier internat. assuré.

d. Demande de post-docs

Les éventuelles demandes doivent être formulées individuellement par les équipes et les unités.

e. Demande de stages d'élèves ingénieurs

Les éventuelles demandes doivent être formulées individuellement par les équipes et les unités.

f. Demande de crédits 2007

Conformément au souhait des directions scientifiques, le Soutien de Base du RTP doit être demandé sous la forme de crédits d'intervention de l'UMR 5197.

g. Demande de crédits d'intervention : 20 069 €

Dotations 2005 (versée sept., reportée) : 15000 €; Dotation 2006 : 10000 €

Dépenses 2005-2006 du RTP

Frais de gestion 5% :	1250 €
Réunion bureau oct. 2005 :	474 €
Contr. organisation atelier Geigl :	4000 €
Appel offre sept. 2006 :	6000 €
Réunion bureau sept 2006 :	1300 €
Vacations site web	1700 €
TOTAL engagé :	14724€
Solde actif au 15 sept :	10276 €(A reporter)

Prévisions engagements 2006-7

Réunion bureau printemps 2007 :	1300 €
Contr. Coll jeunes chercheurs Lyon	8000 €
Contr org. atelier Darlu-Chikhi :	5000€
Appel offre mars. 2007 :	6000 €
Réunion bureau sept 2007 :	1300€
Appel Offre sept. 2007 :	6000€
Réunion Livre blanc	1300€
TOTAL	28900€
Frais gestion 5%	1445€
TOTAL à engager :	30345 €
Solde actif reporté	10276 €
Montant de la demande :	20069€

h. Demande de bourses BDI

Les éventuelles demandes doivent être formulées individuellement par les équipes et les unités lorsque la campagne de demandes BDI sera ouverte. Le RTP apportera son soutien aux plus pertinentes d'entre elles. Actuellement le RTP est prêt à soutenir les trois demandes déjà faites mais deux d'entre elles doivent être reformulées (voir plus haut).

Les demandes Labintel (c. et g.) seront formulées sur la page de demandes de l'UMR 5197 avant le 15 septembre, minuit.

Un courrier reprenant ces demandes sera adressé aux directions scientifiques EDD et SHS.

5. Doit-on procéder à un renouvellement régulier du bureau et, si oui, comment ?

Après discussion, le bureau s'accorde sur le fait que d'importants changements seraient prématurés. Il propose que l'adjonction de nouveaux membres se fasse sur la base de leur motivation et de celle du groupe qu'ils représentent, motivation qui devra se manifester lors des prochaines réunions scientifiques. Sont néanmoins évoquées les participations de l'ISEM (Montpellier), l'INRA Montpellier (Johan Michaux), la faculté de Médecine de Marseille (Drancourt).

Dès à présent, cependant, le bureau pense que la présence des représentants de la FRE 2960 (E. Crubézy) et du Service de Systématique Moléculaire du Muséum (E. Pasquet) serait très positive. Les responsables du RTP prendront contact avec les responsables de ces deux groupes pour trouver une solution.

6. Le point sur la situation à l'IFB

Les informations dont disposaient les membres du bureau au moment de la réunion laissaient entendre que l'avenir de l'IFB était très incertain. Ce point a donc été laissé en suspens.

Cependant, peu après la présente réunion, on a appris que l'IFB venait d'être reconduit pour deux ans. Les discussions entre le RTP et le conseil scientifique de l'IFB pourront donc reprendre dès que ce dernier aura été réuni.

7. Questions diverses

- Réunion scientifique de Lyon (printemps 2007)

Cette réunion pourrait débiter par la présentation et la discussion de trois présentations à vocation pédagogique faisant le point sur un thème spécialisé : réparation, séquençage, archéozoologie. Puis les travaux seraient consacrés à la présentation et à la discussion de travaux en cours de la part de doctorants ou de post-doctorants, l'objectif principal étant l'échange d'idées au sein de la communauté. Un programme détaillé sera présenté par les organisateurs lors de la prochaine réunion de bureau, au début avril 2007.

- Réunion scientifique de Paris (automne 2007)

P. Darlu et L. Chikhi proposent l'organisation d'exposés pédagogiques traitant de l'utilisation des données de génétique, de paléogénétique (du point de vue de la génétique des populations), et d'ateliers de discussion autour d'un ou plusieurs articles.

- Il semble urgent de rédiger un document à l'attention du CNS. P. Taberlet se charge d'en jeter les bases et de le faire circuler au sein du bureau.

La réunion est levée à 16h30 heures

Compte rendu réalisé par P. Darlu et J.-D. Vigne

4 avril 2007

(version approuvée)

Membres présents : Eric Crubézy, Pierre Darlu, Eva-Maria Geigl, Catherine Hänni, Evelyne Heyer, Pascal Murail, Eric Pasquet, Pierre Taberlet, Christelle Tougard, Jean-Denis Vigne

Excusés : Robert Chénorkian, Lounés Chikhi, Bernard Delay, Marie-France Deguilloux, Anne Tresset.

En introduction, les responsables du RTP se réjouissent de la présence, à cette réunion, de deux nouveaux collègues, E. Crubézy et E. Pasquet, tous deux sollicités à la demande du bureau, lors de sa précédente réunion.

1. Approbation du pv de la précédente réunion

Le pv est accepté à l'unanimité des présents, moyennant une correction de coquille typographique.

2. Examen des demandes de financement de missions dans le cadre de l'appel d'offre

Le total des trois demandes s'élève à 3138 €. La question préliminaire étant de savoir quelles seront les disponibilités financières du RTP pour 2007, J.-D. Vigne récapitule la situation :

- en dépit des assurances que nous avait données la direction scientifique et des démarches explicatives faites par les responsables du RTP en temps et en heure auprès de la DR3 et de cette même DS, une importante part du reliquat de crédit de fin d'année du RTP n'a pas été reportée ; le bureau regrette cette situation ;
- le solde disponible au jour de la réunion est, en conséquence, de 9068,06 €, les dépenses relatives à la présente réunion ayant été déjà décomptées ;
- après avoir entendu un court rapport des responsables concernés (respectivement C. Hänni et J.-D. Vigne), le bureau accepte à l'unanimité que les financements qui n'avaient pas été consommés par L. Orlando (920,80 €) et M. Le Bailly (500,00 €) soit remis à leur disposition pour une consommation dans des délais très courts ; le solde disponible est donc de 7647,26 €
- la direction scientifique EDD a annoncé une dotation 2007 (le bureau espère qu'elle ne sera pas notifiée en mai, comme l'an passé) aux alentours de 10 000 €, alors que 20 000 € avaient été demandés
- le budget disponible pour 2007 serait donc de 17647,26 €
- si, comme prévu, on réserve 8000 € pour l'organisation du colloque de Lyon, 5000 € pour celle du séminaire de Villejuif, 1400 € pour l'organisation des deux dernières réunions de bureau, le solde sera de 3247,26 €

En conséquence, il est possible, si le bureau le souhaite, de répondre favorablement aux trois demandes reçues dans le cadre de cet appel d'offre. Mais il ne sera pas possible d'ouvrir d'autres appels d'offre en 2007 si la direction scientifique ne donne pas plus de 10 000 €. Le bureau demande au département EDD de revoir le montant de la dotation du RTP et de la porter à 15 000 €, afin qu'un deuxième appel d'offre puisse être ouvert dans le courant de l'année 2007.

L'examen des trois demandes s'est fait selon les règles définies lors du précédent bureau, et rappelées ici par J.-D. Vigne. Les avis ci-dessous synthétisent les remarques et conseils du bureau :

Olivier Chassaing (M2 Univ. Montpellier II, UMR 5554, ISEM) : Étude d'une population ancienne d'esturgeons : stages à Lyon (ENS) pour d'ADN fossile et la faisabilité de l'amplification de microsats sur des pièces archéologiques d'esturgeon de la vallée du Rhône (700 € demandés).

Le projet est jugé intéressant et utile. Le bureau souhaiterait cependant que les liens entre les populations girondines actuelles et celles des 4^e-2^e s. BC du bassin rhodanien soient éclaircis. Bien qu'il s'agisse d'un projet de Master, le bureau est prêt à le financer, en réduisant toutefois les frais de transports, considérés comme trop élevés.

Somme accordée : 550 €

Maud Pionnier (1^{er} année thèse, ENS Lyon/Muséum) : Mission à l'institut zoologique de l'Académie des Sciences de Saint Petersburg, Russie : analyse morphométrique et « échantillonnage paléogénétique » des chiens tardiglaciaires de Sibérie, en collaboration avec M. Sablin (1000 € demandés).

Projet intéressant et utile, en dépit du caractère initial du travail de thèse. Le bureau trouve que le séjour est trop court, et le financement demandé trop juste pour une mission de ce type.

Somme accordée : 1150 €

Elodie Renvoisé (2ème année de thèse, UMR 5561, Dijon) : diversité morphologique et génétique des populations de campagnol des champs dans le contexte climatique instable du Quaternaire : demande d'un co-financement pour une formation ADN ancien au Canada ; demande d'un co-financement pour échantillonnage de sites archéologiques et paléontologiques (1438 € demandés).

Le Bureau apprécie que cette demande, qui s'inscrit en partie dans la continuité de celle qui a été financée lors du premier appel d'offre, soit accompagnée d'un petit compte rendu du travail fait jusqu'à présent. Il émet un avis favorable sur l'ensemble du projet.

Somme accordée : 1438 €

3. Mise au point du calendrier 2007 des appels d'offre

Le bureau décide que, si la direction scientifique n'accorde pas un crédit supplémentaire de 5000 € par rapport aux 10 000 € prévus, il n'ouvrira pas d'appel d'offre pour 2007. Il regrette cette situation.

Si la DS EDD accepte d'allouer cette somme supplémentaire, le RTP ouvrira un nouvel et dernier appel d'offre de 5000 € selon les mêmes modalités que les précédents, en précisant toutefois que, cette fois-ci, les demandes de financement pour participation à des colloques ne seront pas prises en compte.

La limite de dépôt des dossiers serait fixée au 30 juin.

Les candidatures qui ne projetaient pas d'engager la somme allouée avant le 30 septembre ne seront pas examinées.

Une réunion de bureau sera convoquée pour le 3 juillet prochain, afin d'examiner ces demandes.

4. Préparation de la réunion scientifique de printemps prévue à Lyon (C. Hanni)

5. Préparation de la réunion scientifique d'automne à Paris (P. Darlu, L. Chikhi)

Compte tenu du fait que C. Hanni désirait organiser cette réunion lors de l'inauguration de la plate-forme nationale de paléogénétique à Lyon, il est décidé de grouper les deux réunions à l'automne. C'est pourquoi ces deux points de l'ordre du jour sont traités conjointement.

Il est décidé :

- que la réunion se tiendra les L19, M20 et M21 novembre 2007, à Lyon
- le premier jour sera consacré aux communications des jeunes chercheurs, à raison de 3 par heure, y compris ceux qui ont bénéficiés de financements du RTP (O. Chassaing, M. Le Bailly, L. Orlando, M. Pionnier, E. Renvoisé, F.-X. Ricaut, ainsi que ceux qui seront financés entre temps) ; le soir, une conférence sera organisée sur les questions de paléogénomique (invitation de S. Pääbo à tenter)
- le matin du second jour sera consacré aux dernières communications, et à la visite de la plate-forme
- l'après midi et le lendemain seront consacrés au séminaire « Modèles et méthodes d'analyse de l'ADN (ancien) » (cf projet en annexe de ce pv)
- C. Hanni affinera son programme et l'enverra à P. Darlu et J.-D. Vigne avant la fin avril, afin qu'une première circulaire d'appel à communication soit envoyée courant mai
- La date limite de dépôt des titres de communication (pas de résumé demandé : ce n'est pas un colloque international) est fixée au 31 juillet
- Les participants peuvent proposer un poster couplé à leur communication, afin de faciliter les discussions
- Ainsi, le programme pourrait être bouclé en septembre (seconde circulaire)
- Le RTP prend en charge les missions des membres du Bureau et des invités (voyage et séjour), mais pas les missions des autres participants
- Les repas pourront être pris à la cantine, midi et soir, mais il serait bon de prévoir un repas plus convivial, pas trop cher pour que les jeunes puissent y participer avec les seniors
- La somme allouée à l'organisation de la réunion est de 13 000 €; des financements extérieurs peuvent être sollicités.

6. Débat sur les plates-formes techniques en vue de la rédaction du « livre blanc » de la Paléogénétique que nous a commandé le département EDD

Ce point a fait l'objet d'un débat approfondi de plus d'une heure et demie. En raison de leur franchise, les propos ont été constructifs, et le sentiment général final fut celui d'une réelle avancée collective. Le présent pv se limitera à énumérer les points de consensus.

Comme cela avait déjà été affirmé dans le document fondateur du RTP, la paléogénétique ne peut pas s'accommoder de plates-formes dont la seule vocation serait technique et de service. Le bureau réaffirme par ailleurs la nécessité absolue :

- de bien définir ce qu'on entend par plate-forme technique, plate-forme nationale, laboratoire ...

- en particulier, de parler de plate-forme méthodologique plutôt que de plate-forme technique, ce second dispositif s'accordant mal aux contraintes de la paléogénétique,
- d'appuyer les décisions de politique scientifique sur les compétences de la communauté,
- de favoriser la diversité méthodologique et conceptuelle, en veillant à développer les complémentarités plus que les concurrences, dans le cadre d'un fonctionnement en réseau des différents partenaires.

Le RTP appelle de ses vœux la création :

- d'une plate-forme nationale de paléogénétique, régie par la charte des plates-formes de recherche en sciences du vivant (cf document annexé au présent pv), et définie par quatre fonctions : (i) lieu d'accueil des projets, qui seront discutés entre le demandeur et le conseil scientifique, ce dernier proposant différents niveaux d'encadrement et de collaboration en fonction de la nature de la demande et des disponibilités de la plate-forme, (ii) lieu de formation, (iii) lieu de recherches méthodologiques dont le dynamisme est gage d'efficacité de la plate-forme nationale, (iv) transfert de technologies ;
- d'un réseau des laboratoires de France impliqués dans la paléogénétique, reconnu en tant que tel, financé de façon suffisante pour qu'il joue un rôle équilibré par rapport à la plate-forme nationale, et articulé avec cette dernière. La composition de ce réseau ne doit être ni limitée à un choix partisan, ni figée dans le temps.

Les discussions font apparaître que ce dispositif ne peut fonctionner que si, en dépit de leurs différences d'appréciation, tous les acteurs nationaux jouent le jeu collectif, et surtout si le conseil scientifique de la plate-forme ou un conseil placé à ses côtés constitue une assemblée représentative du réseau des laboratoires. C'est un point fondamental.

En vue de la rédaction du « livre blanc de la paléogénétique », il est décidé que chaque laboratoire enverra à P. Darlu et J.-D. Vigne, d'ici à la fin avril, une fiche descriptive résumée du laboratoire de type Labintel (intitulés, directeur, composition en personnel, adresse(s)), énumérant les principales directions de recherche liées à la paléogénétique, le tout en une page maximum.

Les responsables du RTP prépareront, pour l'été 2007, un premier état des lieux de la paléogénétique en France, suivi d'une première proposition de structuration fondée sur les propositions ci-dessus. Ces propositions seront discutées et affinées lors des prochaines réunions de bureau.

7. Questions diverses

a. CNS. P. Taberlet s'était chargé, lors de la précédente réunion de bureau, de contacter le Centre National de Séquençage en vue de négocier un créneau d'accès collectif pour la communauté de la paléogénétique. Il apparaît qu'il est prématuré de s'engager dans cette voie en 2007, mais que la communauté pourra le faire dès 2008.

b. Le bureau fait le bilan des demandes formulées auprès de la DS EDD du CNRS en septembre dernier :

- . il se réjouit de l'ouverture d'un profil de CR1 en section 46, mais regrette que le RTP n'ait pas été consulté sur l'intitulé du profil ;
- . il constate avec regret que l'augmentation de financements de fonctionnement qu'il avait demandée n'a pas été suivie d'effet, ce qui l'amènerait probablement à réaliser des coupes dans la liste des activités prévues pour 2007, si notre demande de rallonge budgétaire n'aboutissait pas ;
- . il s'étonne que la seule demande de demi-bourse BDI soutenue par le RTP, déjà soumise l'an passé à ce titre, n'ait pas été prise en compte.

Le sentiment général est que le difficile travail collectif dont le RTP a été chargé par la DS EDD n'est pas suffisamment soutenu par cette dernière, ce qui porte atteinte à la crédibilité même de cette organisation en réseau.

c. J.-D. Vigne informe le Bureau que le synopsis du dossier paléogénétique qu'il coordonne à la demande de P. Taquet pour la revue *Palevol* est établi et a été approuvé par le comité de lecture. Il comporte les contributions de R. Bollongino et al. (Early domestication), E.-M. Geigl (Aurochs in the SW Asia), M. Hofreiter (Paleogenomics), C. Tougard et E. Renvoisé (Rongeurs et paléogénétique). Les manuscrits sont à rendre avant le 30 juillet, pour une parution avant la fin de l'année 2007 (informations aux auteurs à <http://authors.elsevier.com>).

d. Le bureau remercie Sylvie Hubert pour la qualité de l'organisation matérielle de cette réunion.

La réunion est levée à 16h30 heures

Compte rendu réalisé par P. Darlu et J.-D. Vigne, avec l'aide de C. Tougard

3 juillet 2007

(Version approuvée)

Membres présents : Robert Chénorkian, Lounés Chikhi, Pierre Darlu, Eva-Maria Geigl (à partir du point 2 seulement), Pierre Taberlet, Christelle Tougard, Anne Tresset, Jean-Denis Vigne

Excusés : Eric Crubézy, Catherine Hänni, Evelyne Heyer, Marie-France Deguilloux, Pascal Murail, Eric Pasquet.

L'ordre du jour a été légèrement modifié par rapport à celui que portait la convocation, afin de laisser un temps large aux échanges avec le représentant des directions scientifiques, Robert Chénorkian.

1. Approbation du pv de la précédente réunion

Le pv est accepté à l'unanimité des présents, moyennant quelques corrections typographiques et une minime modification (suppression de la phrase « Il conseille néanmoins... plus spécifiques » dans l'avis rendu sur la demande de E. Renvoisé).

2. Échanges avec le représentant des directions scientifiques, R. Chénorkian

A la demande du bureau, R. Chénorkian précise ce que les directions scientifiques du CNRS attendent du « livre blanc » à rendre en fin de parcours du RTP. Il doit comporter un état des lieux et un volet prospectif. L'état des lieux réunirait les informations nécessaires sur les délimitations de la communauté et sa composition (disparité des labos), sur le niveau de performances nationales et internationales de la communauté, sur la nature des interactions entre les unités, sur les équipements et personnels techniques disponibles, et identifierait les problèmes à résoudre.

Les débats qui se développent au sein du bureau concernant le volet prospectif font ressortir que :

- la question de la plate-forme méthodologique et de son insertion dans le tissu national des laboratoires est certes importante, mais elle ne concerne actuellement qu'une des quatre phases du processus de recherche utilisant la paléogénétique : (i) élaboration d'une question interdisciplinaire et sélection/collecte des échantillons, (ii) analyses paléogénétiques, (iii) séquençage, (iv) traitement statistique et bioinformatique des données ; les besoins requis par chacune de ces étapes doivent être pareillement pris en considération ;
- il est souhaitable que l'action du RTP, qui s'achèvera à la fin de l'exercice 2007, débouche sur la mise en place d'une organisation nationale comportant une instance scientifique dont le rôle serait d'encadrer le développement des projets de recherche et des laboratoires ;
- différentes questions se posent concernant la plate-forme méthodologique en cours d'achèvement à l'ENS de Lyon ; en l'absence de représentant lyonnais, le bureau ne peut guère avancer sur ce point ; il demande cependant aux directions scientifiques d'entrer en contact avec les financeurs de cette plate-forme ; il leur demande de faire valoir le fait qu'elle ne pourra pleinement assurer sa fonction nationale que si elle est placée en étroite interaction avec les laboratoires de la communauté nationale, et de mettre au point, en collaboration avec les financeurs de la plate-forme, un dispositif assurant cette fonction ;
- il est également nécessaire que la communauté des laboratoires puisse bénéficier d'appels d'offre nationaux substantiels et réguliers, notamment par le biais de l'ANR.

R. Chénorkian insiste par ailleurs sur la possibilité offerte au RTP de prolonger son action d'animation scientifique au delà de la fin de son mandat par l'organisation d'Écoles Thématiques.

Il est souhaitable d'annexer un court rapport d'activité du RTP à ce « livre blanc ».

3. Examen des demandes de financement de missions dans le cadre de l'appel d'offre

Le total des trois demandes s'élève à 4500 €

Grâce au versement complémentaire de 5000 € fait par le département EDD suite aux demandes émanant de la précédente réunion de bureau, le solde actuel disponible est de 14 600 € (le coût de la présente réunion de bureau est déjà déduit de ce solde). Si les 4500 € demandés sont attribués, il restera donc un peu plus de 10 000 € pour organiser les réunions scientifiques de novembre, ce qui est moins que prévu (13 000 € prévus), mais constitue néanmoins un apport substantiel pour un co-financement. Du point de vue financier, il est donc possible de répondre favorablement aux trois demandes reçues dans le cadre de cet appel d'offre, qui sera d'ailleurs le dernier du RTP.

L'examen des trois demandes s'est fait selon les règles définies lors du précédent bureau, et rappelés ici par J.-D. Vigne. Les avis ci-dessous synthétisent les remarques et conseils du bureau :

Sandrine Hughes (CR2 CNRS, Paléogénétique et Evolution Moléculaire, IGFL, ENS Lyon) : Une semaine de formation au traitement de données issues de séquençage à haut débit, à l'Université de Lund (1000 € demandés).

Le projet est intéressant et d'actualité. Le bureau salue l'effort de formation de ce jeune chercheur et accepte de le financer à hauteur de la somme demandée.

Somme accordée : 1000 €

Matthieu Le Bailly (Post-doc Ile-de-France, UMR Archéozoologie, Muséum Paris) : Un mois de séjour à l'Université de Mayence pour achever le travail de caractérisation paléogénétique des œufs d'ascaris collectés dans des niveaux du 1^{er} s. ap. J.-C. à Troyes (1000 € demandés).

Les résultats obtenus à l'issue du séjour financé par le RTP sur l'appel d'offre de l'automne 2006 sont en effet encourageants. Un séjour d'un mois est jugé nécessaire. Le budget demandé est cependant élevé par rapport à celui couramment accordé, et le bureau suggère que l'opération soit co-financée par l'UMR d'appartenance. Il conseille également à M. Le Bailly de prolonger cette recherche par l'application de techniques de multiséquençage.

Somme accordée : 2000 €

Elodie Renvoisé (2^{ème} année de thèse, UMR 5561, Dijon) : diversité morphologique et génétique chez *Microtus arvalis* (Arvicolinae, Rodentia) dans le contexte climatique instable du Quaternaire : demande d'un séjour à l'Institut Jacques Monod, pour se former à la PCR quantitative (1000 € demandés).

Comme la fois précédente, le bureau apprécie que cette demande, qui s'inscrit en partie dans la continuité de celles qui ont été financées lors des deux premiers appels d'offres, soit accompagnée d'un petit compte rendu du travail fait jusqu'à présent. Bien que le RTP n'ait pas pour vocation de co-financer des thèses de façon récurrente, le bureau prend acte du travail accompli par E. Renvoisé et de l'intérêt de la technique qu'elle souhaite apprendre à utiliser, et émet un avis favorable.

Somme accordée : 1000 €

Il est instamment rappelé aux personnes financées par le RTP et à leurs laboratoires, que les missions doivent faire l'objet au moins une semaine à l'avance pour la France, et au moins un mois à l'avance pour l'étranger, d'une demande d'ordre de mission (contact : Sylvie Hubert, 01 40 79 38 51, sylvie.hubert@mnhn.fr).

4. Préparation de la réunion scientifique de Lyon (19-21 novembre 2007)

P. Darlu et L. Chicky font une présentation détaillée de la proposition de programme concernant la partie de la réunion qu'ils ont accepté de prendre en charge (cf. annexe à ce pv). Le bureau approuve cette proposition et remercie les organisateurs du travail accompli. Il leur demande de prendre contact dès que possible avec les conférenciers pressentis, et d'élaborer un budget prévisionnel.

A ce jour, le bureau n'a reçu aucune information de C. Hänni ou de son équipe, qui avaient accepté d'organiser la première partie de cette réunion scientifique.

Cette situation amène à revoir le calendrier d'annonce de la réunion : 1^{er} circulaire à la mi-juillet, dépôt des communications au plus tard le 15 septembre, 2^{ème} circulaire avec programme au début octobre.

Inquiet du retard pris dans l'organisation de cette réunion, le bureau prévoit également un plan de rechange. Sans nouvelle du groupe lyonnais à la mi-juillet, il faudra restreindre la réunion à deux journées (les trois demi-journées prévues par P. Darlu et L. Chicky ainsi qu'une demi-journée d'audition des jeunes chercheurs financés par le RTP). Dans ce cas, la réunion aurait lieu à Paris, et P. Darlu accepte de prendre en charge son organisation matérielle.

Quelle que soit la solution adoptée, il faudra grouper avec cette réunion scientifique une demi-journée de réunion de bureau, probablement le matin suivant le dernier jour.

5. Débat en vue de la rédaction du « livre blanc » demandé par le département EDD

Le débat ayant eu lieu à l'occasion du point 2 de l'ordre du jour, il est décidé ici de mettre au point l'organisation du travail en vue d'un achèvement de la rédaction dans le courant de l'automne, et d'une validation à la mi-novembre, lors des journées scientifiques.

Le premier travail consiste à collecter les fiches de laboratoire. Ces fiches avaient été demandées à l'issue de la réunion de bureau du 4 avril, sans grand succès... Conscient que la rédaction du « livre blanc » s'appuiera en partie sur ces fiches, le bureau décide de proposer une grille plus précise (cf annexe 2) et d'insister sur la nécessité de retourner ces fiches pour le 31 juillet au plus tard.

En vue de la rédaction du « livre blanc de la paléogénétique », il est décidé que chaque laboratoire enverra à P. Darlu et J.-D. Vigne, d'ici à la fin juillet, une fiche descriptive résumée du laboratoire de type Labintel

(intitulés, directeur, composition en personnel, adresse(s)), énumérant les principales directions de recherche liées à la paléogénétique, le tout en une page maximum.

Les responsables du RTP prépareront, pour l'été 2007, un premier état des lieux de la paléogénétique en France, suivi d'une première proposition de structuration fondée sur les propositions ci-dessus. Ces propositions seront discutées et affinées lors des prochaines réunions de bureau.

Un premier jet devrait être rédigé avant le 15 septembre pour différentes composantes du « livre blanc » :

- niveau de performances de la communauté nationale : recensement des publications dans lesquels figurent au moins un laboratoire français, part rapport à l'ensemble des publications mondiales de paléogénétique (E.-M. Geigl accepte de mettre à jour le travail réalisé par P. Darlu en 2004, à l'occasion de l'École Thématique de Lalonde des Maures).
- Les différentes phases de la recherche en paléogénétique et les progrès récents des techniques (P. Taberlet)
- Composition de la communauté, disparité des labos, nature des interactions entre labos (J.-D. Vigne, à partir des fiches d'UMR)
- Prospectives : besoins de la communauté (P. Darlu et J.-D. Vigne)
- Rapport d'activité du RTP (C. Tougard).

7. Questions diverses

a. Le bureau fait le constat qu'il n'a pas atteint son but dans le domaine de la circulation de l'information entre laboratoires, plusieurs concours de recrutements ayant été ouverts durant ces derniers mois sans que la communauté en soit informée. Il insiste sur la nécessité, dans les mois qui viennent, de faire remonter ce genre d'information, ainsi que toute autre information susceptible d'intéresser la communauté, auprès de P. Darlu et J.-D. Vigne, qui diffuseront. Il émet également le vœu qu'une liste de diffusion soit mise en place dès l'automne prochain, et puisse prendre le relais du RTP dans ce domaine (à discuter lors des journées scientifiques de novembre).

b. L'organisation d'une École Thématique en 2008 semble prématurée. Il vaudrait mieux attendre les effets du « livre blanc » et donc reporter à 2009. Mais ce projet n'a pas trouvé de porteur au sein des membres du bureau présents ce jour.

d. Le bureau remercie Sylvie Hubert pour la qualité de l'organisation matérielle de cette réunion.

La réunion est levée à 16h heures

Compte rendu réalisé par P. Darlu et J.-D. Vigne

21 novembre 2007

(version non approuvée)

Membres présents : Lounés Chikhi, Pierre Darlu, Eva-Maria Geigl, Evelyne Heyer, Eric Pasquet, Christelle Tougard, Anne Tresset, Jean-Denis Vigne

Excusés : Eric Crubézy, Catherine Hänni, Marie-France Deguilloux, Pascal Murail, Pierre Taberlet.

J.-D. Vigne rappelle en préambule que plusieurs membres du bureau ont été empêchés de venir à cette réunion en raison des grèves de transport, et qu'il sera donc nécessaire de renvoyer les décisions les plus importantes à une discussion ultérieure.

Il rappelle que cette réunion est la dernière du contrat du RTP.

1. Approbation du pv de la précédente réunion

Le pv est accepté à l'unanimité des présents, ceux d'entre eux qui n'avaient pas participé à la séance du 3 juillet s'abstenant.

2. Discussions sur le projet de « livre blanc »

La structure générale du livre blanc, y compris l'importance qui y est donnée à la l'Ecole thématique de 2004 (à Lalondde des Maures), est approuvée à l'unanimité.

Les différents chapitres sont ensuite passés en revue.

Le point 5.2 ; concernant le concours de recrutement CR en CID 46 est longuement et vivement débattu. Un consensus s'établit sur une nouvelle rédaction qui sera proposée aux membres du bureau par courrier électronique.

Le chapitre 6 fait également l'objet de débats. La classification et la liste des laboratoires de la communauté sont modifiées de façon consensuelle. Différents ajustements de détail sont proposés au chapitre 6.3. La dernière partie de ce chapitre sera complétée dès réception des dernières fiches de laboratoires, notamment celle de l'ENS Lyon.

Le chapitre 7, portant les recommandations finales, fait l'objet de discussions approfondies :

- sa structure globale est approuvée, moyennant l'ajout d'un paragraphe concernant les nouvelles technologies (P. Taberlet sera sollicité pour une première rédaction) et d'un autre présentant des propositions de suite à donner au RTP ;
- le point IX des critères de qualité doit être modifié, pour en améliorer la formulation et pour y inclure le cas des collections paléontologiques et des collections des musées d'histoire naturelle ;
- compte tenu de l'absence de consensus et de la prochaine inauguration de la plate-forme méthodologique de Lyon, la présentation des propositions de structuration de la communauté doit être refondue, sous la forme de deux scénarios possibles, soumis à l'appréciation des directions scientifiques ; une nouvelle rédaction sera proposée à l'ensemble des membres du bureau ; un vote électronique permettra au lecteur de se faire une idée de la volonté majoritaire des protagonistes ;
- la présentation des bibliographies des unités suivra les critères en vigueur au CNRS, distinguant les revues indexées de celles qui ne le sont pas et des actes de colloques, très important dans certaines des disciplines impliquées dans la communauté ; le bureau se prononce contre une distinction entre publications concernant des séquences humaines, animales ou végétales (ou autres).

Le bureau estime qu'il n'est pas nécessaire d'organiser une réunion supplémentaire. La finalisation du rapport sera donc faite par courrier électronique.

Une nouvelle version du document, complétée et corrigée, sera prochainement communiquée pour avis aux membres du bureau.

3. Le point sur les finances du RTP

Le coût de la réunion thématique des 19-20 novembre est de

Repas		
	19-nov	860.19 €
	20-nov	813.73 €
	21-nov	318.25 €
Pauses café		31.1 €
Hotels		342.46 €
Transports invités		1100.07 €
TOTAL		3465.8 €

Après cette réunion, et compte tenu des engagements en cours, il reste 7200 € en caisse.

Cet important reliquat s'explique par le fait que la réunion scientifique initialement prévue sur trois jours à Lyon, n'a pas pu s'y dérouler pour des raisons de force majeure. La réunion organisée à Paris les 19-20 novembre a coûté d'autant moins cher que les grèves ont empêché certains conférenciers de se déplacer.

Ce reliquat doit être engagé avant la fin de l'exercice.

Le bureau décide de lancer un très court appel d'offre auprès des laboratoires du RTP. Ces derniers doivent formuler, avant le 23 novembre au soir, une demande. Ces demandes seront portées à la connaissance de tous par courrier électronique. Un débat puis un vote électronique permettront de décider des attributions. Les commandes seront faites directement par la gestionnaire de l'UMR 5197, afin de gagner du temps.

7. Questions diverses

Néant

Le bureau remercie très vivement Sylvie Hubert pour l'efficacité, la compétence et la gentillesse avec lesquelles elle a assuré la gestion financière et l'organisation des réunions du RTP durant ces trois années. Il souligne notamment la qualité de l'organisation matérielle de la réunion scientifique des 19 et 20 novembre 2007, particulièrement remarquable compte tenu des difficiles conditions qu'imposait la grève des transports puis des fonctionnaires.

La réunion est levée à 13h heures

Compte rendu réalisé par J.-D. Vigne

Annexe 3 : Programme des journées scientifiques de 2006 à l'IJM



Réseau thématique du CNRS sur programme "Paléogénétique de l'Homme et de son environnement", Départements "Vivant" et "Homme et Société", CNRS

"Pushing back the limits of ancient DNA research: towards an understanding of DNA degradation and preservation during fossilisation"



Institut Jacques Monod, Tour 42, rez-de-chaussée, Campus Jussieu, Paris

Programme

Tuesday, 2 May 2006

- | | | |
|-------|---|---|
| 10h00 | Welcome Address | <i>J-A Lepasant</i> , Directeur of the Institut Jacques Monod
<i>J-D Vigne & P Darlu</i> , Responsables du RTP "Paléogénétique de l'homme et de son environnement", CNRS |
| | Introduction | <i>E-M Geigl</i> , IJM |
| 10h30 | First session: Taphonomic agents and bone diagenesis | |
| | <ul style="list-style-type: none"> • Morphological and histological signatures of various taphonomic agents
<i>Y Fernandez-Jalvo</i>, MNCN • First steps on the way to correlate preservation of amplifiable DNA and taphonomic agents
<i>E-M Geigl</i>, IJM • Bone diagenesis: what remains to be detected
<i>M Collins</i>, York | |
| 12h00 | Lunch | |

14h00 Preservation, damage, degradation and contamination

- Damage in ancient DNA
M Hofreiter, MPI
- DNA damage and PCR fidelity
E-M Geigl, IJM
- Preservation of ancient DNA in archaeological plant remains
T Brown, UMIIST
- The DNA in ancient wood : ancient DNA like others
M-F Deguilloux, Bordeaux
- Characterisation of DNA from olive oil to identify cultivars and to detect frauds in commercial products
A Bervillé, INRA, Montpellier
- Human STR Genotyping in forensic casework and ancient DNA analysis
R Schwarz, University of Salzburg
- DNA preservation in molecular preservation niches
E-M Geigl, IJM
- Proteins in Fossils - molecular timepieces and more
M Collins, York

Wednesday, 3 May, 2006

9h00 Post-excavation DNA degradation and contamination

- Archaeology and Ancient DNA - The view from the dig
K. Brown, UMIIST
- Preparation of fossils and museum specimens : potential danger to the preservation of biomolecules?
Y Fernandez-Jalvo, MNCN
- DNA degradation after excavation
E-M Geigl, IJM
- Temperature monitoring in archaeological animal bone samples in the Near East during and after the excavation
J-D Vigne, MNHN

12h00 Lunch

14h00 Methodological progress in palaeogenetics

- Studying the origins of domestication in the Near East: methodological challenge due to poor DNA preservation
M Pruvost, F Dépaolis & E-M Geigl, IJM & ENS
- Using ancient DNA to study the spread of agriculture in South America
T Brown, UMIIST
- Methodological progress in ancient DNA - shotgun and multiplex approaches
M Hofreiter, MPI
- Functional palaeogenetics
M. Hofreiter, MPI

Bordeaux:	LAPP-UMR PACEA, Université de Bordeaux, France
ENS:	Ecole Normale Supérieure, Paris, France
IJM:	Institut Jacques Monod, Paris, France
INRA:	Institut National de la Recherche Agronomique, France
York:	BioArch, University of York, England
MPI:	Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology, Leipzig, Germany
MNCN:	Museo Nacional de Ciencias Naturales, Madrid, Spain
MNHN:	Archéozoologie, Muséum National de l'Histoire Naturelle, Paris, France
UMIIST:	Biomolecular Archaeology, University of Manchester, England

Annexe 4 : Programme des journées scientifiques de 2007 au Muséum
Journées scientifiques
RTP Paléogénétique de l'Homme
et de son environnement.

19-20 novembre 2007, Paris, Jardin des Plantes
Amphithéâtre de Paléontologie

Deuxième circulaire

Les inscriptions sont encore possibles
dans la limite des places disponibles

Les journées scientifiques du RTP sont organisées avec les objectifs suivants :

- Permettre une présentation des travaux qui ont bénéficiés de financements du RTP ;
- Proposer un espace de discussion, organisé autour d'exposés pédagogiques décrivant les modèles et méthodes dernièrement appliquées aux données de l'ADN (ancien et moderne). Ces exposés seront suivis ou accompagnés par des débats critiques autour d'articles récents mettant ces modèles et méthodes en application.

Les thématiques abordées tourneront autour des trois axes suivants :

- Phylogénie
- Démographie et coalescence
- Phylogéographie

Toutes les correspondances sont à adresser à
chikhi@cict.fr, darlu@vjf.inserm.fr; vigne@mnhn.fr

Programme

Lundi 19 novembre

09h30-10h00 : Accueil, Introduction

MATIN : 10h00-12h30 : INTERVENTIONS DES « SUBVENTIONNÉS » PAR LE RTP

10h00-10h20 - Olivier Chassaing : Faisabilité de l'utilisation des microsatellites sur des esturgeons disparus du Rhône

10h20-10h40 - Sandrine Hughes : Séquençage a haut débit et ADNa : la paléogénomique, un rêve ou une réalité ?

10h40-11h00 - Mathieu Le Bailly : Nouvelle extraction d'ADN ancien d'ascaris: le cas de Troyes (Aube, France)

11h00-11h30 – Pause Café

11h30-11h50 - Ludovic ORLANDO : Contrasting Neandertal and sapiens genetic diversity: from mitochondrial to nuclear data.

11h50-12h10 - Maud Pionnier: Origine et Evolution du chien domestique de la fin du tardiglaciaire et au cours du néolithique. Apports de la mission à l'Académie des sciences de Saint-Petersbourg"

12h10- 12h30 - Elodie Renvoisé : Bilan du financement du RTP Paléogénétique : Etude de l'ADN ancien chez le campagnol des champs".

APRES-MIDI : 14h00-17h30 : PHYLOGENIE :

14h00 – 15h30 - Emmanuel Douzery L'essor des méthodes probabilistes en phylogénie moléculaire.

15h30 – 16h00 : Pause Café

16h00 – 17h30 : Discussion autour de l'article suivant :

Rohland N, Malaspinas AS, Pollack JL, Slatkin M, Matheus P, et al. (2007) Proboscidean mitogenomics: Chronology and mode of elephant evolution using mastodon as outgroup. *PLoS Biol* 5(8): e207. Doi:10.1371/journal.pbio.0050207

Mardi 20 novembre

MATIN : 10h00-12h30 : DÉMOGRAPHIE, COALESCENCE

09h00-10h00 - Lounès Chikhi : Coalescence et inférence démographique : des données génétiques à leur interprétation

10h00 – 10h30 - Franz Depaulis Généalogie de gènes avec échantillonnage hétérochronique, application à l'ours des cavernes: update

10h30 – 11h00 – Pause Café

11h00 – 11h20 - Miguel de Navascués : Evaluation of substitution rates estimates from BEAST: robustness to violations of the coalescent model

11h20 – 12h30 - Discussion autour des articles suivants :

1. Shapiro et al. (2004). Rise and Fall of the Beringian Steppe Bison. *Science*, 306, 26 november, 1561-1565
2. Haak et al. (2005). Ancient DNA from the First European Farmers in 7500-Year-Old Neolithic Sites. *Science* 310:1016-1018

APRES-MIDI : 14h00-17h30 : PATTERNS SPATIAUX, STRUCTURE, PHYLOGÉOGRAPHIE.

14h00 – 15h00 : Michaël Blum: Structure géographique et polymorphisme génétique. Illustration à partir des articles :

1. Chan YL, Anderson CNK, and Hadly EA (2006) Bayesian Estimation of the Timing and Severity of a Population Bottleneck from Ancient DNA. *PLoS Genetics* 2(4):e59.
2. Belle EMS, Ramakrishnan U, Mountain JL, Barbujani G (2006) Serial coalescent simulations suggest a weak genealogical relationship between Etruscans and modern Tuscans. *PNAS*, 103:8012-8017.

15h00 – 15h30 : Discussion sur les Nested Clade Analysis et autres méthodes de réseaux (Lounès Chikhi, Pierre Darlu)

15h30 – 16h00 : Pause Café

16h00 – 17h30 : Discussion autour des articles suivants :

1. Evans et al. (2005) Microcephalin, a Gene Regulating Brain Size, Continues to Evolve Adaptively in Humans. *Science*, 1717-1720.
2. Mekel-Bobrov et al. (2005). Ongoing Adaptive Evolution of ASPM, a Brain Size Determinant in Homo sapiens. *Science*, 1720-1722.
3. La critique de cet article par Currat et al. (2006) ainsi que les réponses seront aussi discutées

Annexe 5 : Fiches des unités ayant répondu à la recension faite par le RTP en 2007

- FRE 2960 : Laboratoire d'Anthropobiologie (E. Crubézy)
- UMR 5059 : Centre de Bio-Archéologie et d'Ecologie (CBAE, C. Carcaillet)
- UMR 5145 : Eco-anthropologie et ethnobiologie (S. Bahuchet, resp. paléogénétique E. Heyer)
- UMR 5174 : Évolution et diversité biologique (B. Crouau-Roy)
- UMR 5197 : Archéozoologie, histoire des sociétés humaines et des peuplements animaux (J.-D. Vigne)
- UMR 5199 : De la Préhistoire à l'actuel : culture, environnement et anthropologie (PACEA, J. Jaubert ; resp. paléogénétique B. Maureille, M.-F. Deguilloux)
- UMR 5553 : Laboratoire d'Ecologie Alpine (LECA, P. Taberlet)
- UMR 5242 : Institut de Génomique fonctionnelle de Lyon (J. Samarut ; resp. paléogénétique C. Hänni)
- UMR 5202 : Origine, structure et évolution de la biodiversité (L. Deharveng, resp. Service de Systématique moléculaire ; E. Pasquet)
- UMR 5561 : Biogéosciences-Dijon (P. Neige ; resp. paléogénétique C. Tougard)
- UMR 7592 : Institut Jacques Monod (IJM, J.-A. Lapesant ; resp. paléogénétique E.-M. Geigl)

FRE2960
LABORATOIRE D'ANTHROPOBIOLOGIE-

Directeur : CRUBEZY Eric (PR Univ. Paul Sabatier)

Etablissements de tutelle : CNRS (départements SHS et EDD)
Université Paul Sabatier Toulouse III

Adresse : 37 allées Jules Guesde, 31000 Toulouse

Composition de l'unité :

- 2 chercheurs CNRS / 2 autres
- 13 enseignants-chercheurs
- 3 ITA, 0 IATOS
- 4 post-docs, 11 doctorants

Thématiques officielles de l'UMR

- Histoire génétique et évolution des populations humaines (du passé et contemporaines) : peuplements holocènes du complexe spatial Altaï-Baïkal et de la Sibérie orientale
- Gènes et langues : nord de l'Afrique et vallée du Nil
- Peuplements amazoniens et andins, et de la Méditerranée occidentale
- Paléopathologie : co-évolution homme et maladies
- Anthropobiologie et Imagerie : Paléoanthropologie

Équipes composant l'unité (et nom du responsable de l'équipe) :

- Peuplement et co-évolution homme milieu (*resp. Pr. LARROUY Georges, Pr. LUDES Bertrand*)
- Paléoanthropologie et Imagerie médicale (*resp. Pr. ROUGE Daniel, Pr. BRAGA José*)

Principales directions de recherche en relation avec la paléogénétique :

- Voir ci-dessus
- Axes transversaux sur plusieurs types de terrains (en particulier Yakoutie, Egypte et Amérique du Sud)

Compétences susceptibles d'être mises à la disposition de la communauté

- Génétique des populations
- Extraction - amplification ADN ancien
- Séquençage et définition de marqueurs génétiques sur de l'ADN dégradé
- Imagerie : radiographie, scanner, tomodensitométrie, IRM, sur des vestiges d'Hominidés et de primates actuels

Principaux équipements/collections présents au laboratoire

- Séquenceur automatique d'ADN
- PCR quantitative
- Cryobroyeur
- Thermocyclers

Besoins de l'unité dans le domaine de la paléogénétique :

(en équipements, en personnel, en financements, en structure d'appoint, en collaborations...)

- PCR quantitative (à Toulouse)
- Participation à un laboratoire P2
- Un chercheur CNRS
- Un post-doctorant

Publications 2003-2007 relevant de la paléogénétique

Revues int. à Comité de lecture

- 1) AMORY S., CRUBEZY E., KEYSER C., ALEKSEEV A.N., LUDES B. 2006. Early influence of the steppe tribes in the peopling of Siberia. *Hum Biol* 78(5) : 531-549
- 2) AMORY S., KEYSER C., CRUBEZY E., LUDES B. 2007. STR typing of ancient DNA extracted from hair shafts of Siberian mummies. *Forensic Sci Int* 166 (2-3) :218-229
- 3) BOUAKAZE C., KEYSER C., AMORY S., CRUBEZY E., LUDES B. 2007. First successful assay of Y-SNP typing by SNaPshot minisequencing on ancient DNA. *Int. J. Legal Med* May 30th (in press)
- 4) CRUBEZY E., J-F. MAGNAVAL, H-P. FRANCFORT, B. LUDES , G. LARROUY. 2006. Herodotus, the Scythes and hookworm infection. *Lancet*, 6; 367 (9521) : 1520.
- 5) CRUBEZY E., LEGAL L., FABAS G., DABERNAT H., LUDES B. 2006. Pathogeny of archaic mycobacteria at the emergence of urban life in Egypt (3400 BC). *Infect Genet Evol.* 6 (1) : 13-21
- 6) KEYSER-TRACQUI C., CRUBEZY E., LUDES B. 2003 Nuclear and mitochondrial DNA analysis of a 2000-year-old necropolis in the Egyin Gol valley of Mongolia. *American Journal of Human Genetics*, Aug.73(2):247-60.
- 7) KEYSER-TRACQUI C., CRUBEZY E., PAMZSAV H., VARGA T., LUDES B. 2006. Population origins in Mongolia : Genetic structure analysis of ancient and modern DNA. *Am J Phys Anthropol.* 131(2):272-81
- 8) RICAUT F.X., KEYSER-TRACQUI C., CRUBEZY E., LUDES B. 2005. STR-genotyping from human medieval tooth and bone samples. *Forensic science international* . 30, 151 (1) : 31-5
- 9) KEYSER-TRACQUI C., BLANDIN-FRAPPIN P., FRANCFORT H.P., RICAUT F.X., LEPETZ S., CRUBEZY E., SAMASHEV Z., LUDES B. 2005. Mitochondrial DNA analysis of horses recovered from a frozen tomb (Berel site, Kazakhstan, 3rd Century BC) *Anim Genet.* 36 (3): 203-9
- 10) KEYSER-TRACQUI C., BLANDIN P., RICAUT F.X., PETKOVSKI E., CRUBEZY E., LUDES B. 2004. SNP analysis of a 2300-year old Xiongnu population. Does the Tat polymorphism originate in northern Mongolia? *Progress in Forensic Genetics 10*, Brinkmann B., Carracedo A. Editors, 2004, 325-327.
- 11) RICAUT F.X., FEDOSEEVA A., KEYSER-TRACQUI C., CRUBEZY E., LUDES B. 2005. Ancient DNA analysis of human Neolithic remains found in northeastern Siberia. *American Journal of Physical Anthropology.* 126 (4) : 458-62
- 12) RICAUT F.X., KEYSER-TRACQUI C., BOURGEOIS J., CRUBEZY E., LUDES B. 2004. Genetic analysis of a Scytho-Siberian skeleton and its implication in ancient central Asian migrations. *Human Biology* 76 (1) : 109-25
- 13) RICAUT F.X., KEYSER-TRACQUI C., CAMMAERT L., CRUBEZY E., LUDES B. 2004 Genetic analysis and ethnic affinities from two Scytho-Siberian skeletons. *American Journal of Physical Anthropology*, 123 (4) 351-360
- 14) RICAUT F.X., KEYSER-TRACQUI C., BLANDIN P., CRUBEZY E., LUDES B., 2004 – Mitochondrial DNA analysis of ancient Yakut skeletons. *Progress in Forensic Genetics 10*, Brinkmann B., Carracedo A. Editors, 2004, 392-394.
- 15) RICAUT F.X., KODOLESNIKOV S., KEYSER-TRACQUI C., ALEKSEEV A.N., CRUBEZY E., LUDES B. 2004 Genetic analysis of human remains found in two eighteenth century Yakut graves at At-Dabaan. *International Journal of Legal Medicine*, 118, 24-31

- 16) RICAUT F.X., KOLODESNIKOV S., KEYSER-TRACQUI C., ALEKSEEV A.-N., CRUBEZY E., LUDES B. 2006. Molecular genetic analysis of 400-year-old human remains found in two Yakut burial sites. *American Journal of Physical Anthropology*. 129 (1) : 55-63

Autres articles

- 17) C. KEYSER, CLISSON I, CRUBEZY E. LUDES B. 2004. Les relations de parenté dans les nécropoles. L'apport de l'ADN ancien. *Bibracte* 9, p 207-210
- 18) GRIMOUD A.M., BOUBET MAUGER M., LODTER PH. 2004. Critères de sélection d'échantillons dentaires pour l'étude de l'ADN ancien. *Antropo* 6, 43-51
- 19) KEYSER-TRACQUI C., CLISSON I., CRUBEZY E., LUDES B. 2004. Les relations de parenté dans les nécropoles. L'apport de l'ADN ancien. In "Archéologie des pratiques funéraires". *Bibracte* 9. p 207-210
-

UMR 5059
CENTRE DE BIO-ARCHÉOLOGIE ET D'ÉCOLOGIE (CBAE)

Directeur : Prof. C. CARCAILLET

Etablissements de tutelle : CNRS/UM2/EPHE

Adresse :

Centre de Bio-Archéologie et d'Écologie (CBAE – UMR 5059 CNRS/UM2/EPHE)
Institut de Botanique, 163 Rue Auguste Broussonet
F-34090 Montpellier

Composition de l'unité

Chercheurs (2 CNRS, 4 INRAP) : 6 ; Enseignants-Chercheurs (EPHE, UM2) : 4 ; ITA : 8 ;
Doctorants : 5 ; ATER : 2

1 Chercheur (Bouby L.), 1 Ens. Chercheur (Terral J.-F.), 1 ATER (C. Breton) impliqués dans programme de paléogénétique de la vigne

Thématiques officielles de l'UMR

- Changements paléoécologiques et paléobiogéographiques en réponse aux forçages naturels ou anthropiques.
- Processus et dynamiques écologiques (populations, communautés, paysages) analysés à partir de méthodes fondées sur l'étude de bio- et géo-indicateurs, en milieu naturel (ex. : sol, travertin, lac, tourbière, dendrochronologie) ou en contexte archéologique.
- Evolution, exploitation et usages des végétaux en interrelation avec l'histoire des sociétés humaines.
- Dynamique des éco- et agrosystèmes passés, des pratiques agraires, de la domestication et de la diversité des plantes cultivées et de leurs ancêtres sauvages, de l'usage alimentaire des végétaux.

Équipes composant l'unité (et nom du responsable de l'équipe) :

- Equipe 1 « Paléo-écologie, changements globaux et perturbations », Resp. C. Carcaillet (DE2, EPHE)
- Equipe 2 « Ressources biologiques, sociétés, biodiversité », Resp. J.-F. Terral (MCF UM2)

Principales directions de recherche en relation avec la paléogénétique :

Une grande part des activités de l'équipe 2 du CBAE concerne l'origine de la culture et de la domestication des arbres fruitiers (vigne et olivier principalement) et les développements des arboricultures en relations avec les sociétés humaines :

- caractérisation du patrimoine variétal actuel,
- histoire biogéographique de la diversification variétale de la vigne sont des perspectives,
- relation diversité génétique/diversité phénotypique de la vigne (morphotypes de pépins).

Ces recherches s'appuient principalement sur l'archéobotanique et la morphométrie, tout en intégrant dorénavant la contribution de la génétique, essentiellement via des collaborations externes mais aussi à l'intérieur même de l'équipe. Après une première expérience positive (Manen et al. 2003), nous relançons un volet paléogénétique de la vigne (collaboration

INRA/Supagro Montpellier pour l'ampélographie et la génétique, IPAS-Bâle pour la paléogénétique)

Compétences susceptibles d'être mises à la disposition de la communauté

(ex. Anthropologie physique, génétique des populations, archéozoologie, paléobotanique, morphométrie, extraction-amplification ADN ancien, séquençage, bioinformatique....)

- Archéobotanique (carpologie, anthraco/xylogologie)
- Morphométrie
- Paléoécologie
- Génétique : étude de la diversité génétique par les méthodes moléculaires et statistiques, application sur l'ADN ancien (herbier et noyau) et ADN dégradé Huile

Principaux équipements/collections présents au laboratoire

- Laboratoire de carpologie
- Laboratoire d'anthraco/xylogologie
- Plate forme d'analyses dendrométriques,
- Plate forme acquisition/analyse d'images/morphométrie
- Collections modernes et subfossiles de graines, fruits et bois
- Collection de macrorestes (pépins, bois, feuilles) de nombreux cultivars et populations sauvages modernes de vigne originaires de pays d'Europe et du Bassin méditerranéen

Publications 2003-2007 en relation avec la paléogénétique :

MANEN J.-F., BOUBY L., DALNOKI O., MARINVAL P., TURGAY M., SCHLUMBAUM A. (2003). Microsatellites from archaeological *Vitis vinifera* seeds allow a tentative assignment of the geographical origin of ancient cultivars. *Journal of Archaeological Science*, 30 : 721-729.

Besoins de l'unité dans le domaine de la paléogénétique :

- (en équipements, en personnel, en financements, en structure d'appoint, en collaborations...)
- **besoin en collaboration.** Créer un partenariat avec des équipes dotées de l'expérience et des équipements nécessaires pour l'extraction-amplification et le séquençage d'ADN ancien
 - **besoin en financements.** Pour assurer les analyses paléogénétiques (extraction, amplification, séquençage), soutenir les missions entre équipes participant au projet (laboratoires d'archéobotanique/morphométrie, paléogénétique, pomologie, ampélographie)
 - **besoin en personnel.** Un chercheur en paléogénétique/génétique

UMR5145
ECO-ANTHROPOLOGIE ET ETHNOBIOLOGIE

Directeur : Serge BAHUCHET

Etablissements de tutelle :

CNRS- MNHN- P7

POUR LE CNRS : EDD – SHS – SDV

POUR LE MNHN : DÉPARTEMENT HOMMES, NATURES, SOCIÉTÉS

POUR P7 : UFR DE BIOLOGIE

Adresse :

MNHN et Musée de l'Homme

Composition de l'unité

Pr : 3 - Mc : 9 - Chercheurs : 22 - Ita : 18 - Doctorants : 15 - Post-doc : 3

Directement impliqués en paléogénétique : 2 chercheurs et 1 ingénieur

Thématiques officielles de l'UMR

Étude de l'évolution des interactions homme-milieu et sociétés-milieus. Qui impliquent :

- les bases biologiques de l'espèce humaine,
- la façon dont celles-ci peuvent se répercuter sur les individus,
- les réactions des groupes sociaux,
- leurs systèmes de gestions qui influencent en retour la dynamique des écosystèmes

Nous développons une approche comparative et interdisciplinaire. Les recherches sont regroupées en 2 axes: éco-anthropologie (anthropobiologie, génétique des populations, primatologie...); ethnobiologie (ethnologie, ethnoécologie, catégorisations...)

Équipes composant l'unité (et nom du responsable de l'équipe) :

Axe 1 : éco-anthropologie :

- Éco-éthologie et éthologie cognitive (resp. B. Simmen et D. Lestel)
- Génétique des populations humaines (resp. E. Heyer)
- Anthropobiologie et écologie humaine (resp. A. Froment)

Axe 2 : ethnobiologie :

- Catégorisation et classifications (resp. S. Le Bomin)
- Ethnoécologie (resp. P. Marchenay)
- Anthropologie écologique de la conservation (resp. M. Roué)

Principales directions de recherche en relation avec la paléogénétique :

Dans le cadre de la rénovation du Musée de l'Homme, il est prévu de construire un laboratoire ADN ancien afin d'analyser les riches collections ostéologiques humaines du MNHN localisées au Musée de l'Homme. Dans un premier temps nous analyserons les populations humaines qui ont maintenant disparues et pour lesquelles les restes osseux sont les seuls vestiges biologiques (essentiellement du matériel datant du XVIII et XIX siècle).

Une demande européenne est actuellement soumise pour financer ces analyses en réseau avec d'autres laboratoires européens d'anthropologie biologique.

De plus nous avons démarré une collaboration avec Ph Endicott (Oxford) pour l'analyse de certains squelettes, l'ADN a été extrait. Cette étude préliminaire nous a permis d'évaluer que pour la majorité des échantillons, de l'ADN était présent dans les dents. Les analyses des résultats sont en cours.

Un des projets de recherche phare de l'équipe de génétique des populations humaines est l'analyse de la diversité génétique en Asie Centrale. Dans le cadre de ce projet, nous

collaborons avec l'équipe de Catherine Hänni sur un projet d'ADN ancien à partir de fouilles effectuées dans le cadre du projet en Asie Centrale.

Compétences susceptibles d'être mises à la disposition de la communauté

(ex. Anthropologie physique, génétique des populations, archéozoologie, paléobotanique, morphométrie, extraction-amplification ADN ancien, séquençage, bioinformatique....)

Génétique des populations humaines – Anthropologie Physique

Principaux équipements/collections présents au laboratoire

Collections d'Anthropologie Biologique du Muséum (30 000 individus)

Laboratoire de génétique des populations - ADN moderne

Publications 2003-2007 en relation avec la paléogénétique :

(parues et acceptées seulement)

Aucune – En cours

Besoins de l'unité dans le domaine de la paléogénétique :

(en équipements, en personnel, en financements, en structure d'appoint, en collaborations...)

Équipement du laboratoire d'ADN ancien dont l'installation est prévue dans la rénovation du Musée de l'Homme

Un poste de CR ou d'IR

UMR 5174
EVOLUTION ET DIVERSITÉ BIOLOGIQUE

Directeur : Prof. Brigitte CROUAU-ROY

Etablissements de tutelle : CNRS – UPS (Université Paul Sabatier)

Adresse : 118 Route de Narbonne, Université Paul Sabatier - Bât. 4R3 B2 – 31062 Toulouse
cédex 9

Tel : 05 61 55 73 28 (secrétariat)

Fax : 05 61 55 73 27

Composition de l'unité

9 chercheurs (7 CNRS, 2 IRD), 24 enseignants-chercheurs (dont 7 Prof.)

8 personnels techniques, 34 thésards (dont 8 avec l'étranger), 7 post-doc ou ATER

Actuellement personne ne travaille directement sur de l'ADN ancien, mais plusieurs thématiques (notamment dans le groupe de C. Thébaud) peuvent potentiellement utiliser des données de l'ADN ancien.

Thématiques officielles de l'UMR

Ecologie, Ecologie Comportementale, Dynamique des populations, Structure des communautés, Interactions durables, Coévolution

Evolution, Phylogénie, Evolution moléculaire, Evolution morphologique, Génétique des populations, Histoire démographique

Équipes composant l'unité (et nom du responsable de l'équipe) :

Prof. Christophe Thébaud : Groupe Génétique et Evolution de la Biodiversité

Prof. Monique Gardes : Groupe Interactions et Coévolution

Dr. Philipp Heeb : Groupe Ecologie Comportementale et Structure des Communautés

Principales directions de recherche en relation avec la paléogénétique :

Compétences susceptibles d'être mises à la disposition de la communauté

Génétique des populations

Séquençage

Bioinformatique, modélisation

Principaux équipements/collections présents au laboratoire

Pas de collection.

Séquenceur (et matériel afférent : PCR, hottes, etc.)

Pas de matériel spécifique à l'ADN ancien.

Publications 2003-2007 en relation avec la paléogénétique :

Aucune publication en relation avec la paléogénétique.

Besoins de l'unité dans le domaine de la paléogénétique :

Intérêt pour les collaborations. Notamment pour obtenir des données sur l'espèce humaine ou certaines espèces domestiquées animales.

UMR 5197

ARCHÉOZOOLOGIE, HISTOIRE DES SOCIÉTÉS HUMAINES ET DES PEUPELEMENTS ANIMAUX

Puis, à partir de 2009 :

ARCHÉOZOOLOGIE, ARCHÉOBOTANIQUE : SOCIÉTÉS, PRATIQUES ET ENVIRONNEMENTS

Directeur : Jean-Denis VIGNE, DR CNRS

Etablissements de tutelle : CNRS (départements EDD et SHS)
Muséum national d'Histoire naturelle

Adresse : Muséum national d'Histoire naturelle, Département Ecologie et gestion de la Biodiversité, CP 56, 57 rue Cuvier, 75231 Paris cedex 05

Composition de l'unité :

- 6 chercheurs CNRS (9 à partir du 1^{er} janv. 2009, dont 4 impliqués dans des programmes de paléogénétique)
- 7 enseignants-chercheurs Muséum et Univ. Reims (8 à partir du 1^{er} janv. 2009) dont 2 impliqués dans des programmes de paléogénétique
- 5 ingénieurs INRAP (6 à partir du 1^{er} janv. 2009)
- 5 ITA, 0,5 IATOS
- 5 post-docs, 8 doctorants (dont 1 spécialiste de paléogénétique et 2 impliqués dans des programmes de paléogénétique)

Équipes actuelles composant l'unité (et nom du responsable de l'équipe):

- Milieux côtiers et ressources marines (resp. C. Lefèvre)
- Derniers chasseurs, premiers éleveurs (resp. A. Tresset) (paléogénétique)
- Sociétés protohistoriques et historiques (resp. dir. UMR) (paléogénétique)
- Paléoparasitologie et archéoentomologie (resp. F. Bouchet) (paléogénétique)

Équipes prévues à partir du 1^{er} janv. 2009 :

- Milieux littoraux, ressources aquatiques (resp. C. Lefèvre) :
 - Axe 1 - Les facteurs de l'évolution de la biodiversité des milieux littoraux
 - Axe 2 - L'homme face à l'environnement marin
 - Axe 3 - L'impact de l'homme sur le milieu marin
- Derniers chasseurs, premiers producteurs, domestication, diffusion (resp. A. Tresset)
 - Axe 1 - Transitions et interactions entre chasseurs-collecteurs et premiers paysans
 - Axe 2 : Dessiner les contours du système néolithique
 - Axe 3 : La néolithisation, facteur d'invasions biologiques
- Sociétés protohistoriques et historiques (resp. dir. UMR)
 - Axe 1 : Pratiques agro-sylvo-pastorales, cueillette, pêche et biodiversité
 - Axe 2 – Histoire économique et sociale de l'alimentation
 - Axe 3 – Plantes et animaux dans les pratiques culturelles ou funéraires
- Sociétés, animaux et plantes en Asie (resp. M. Mashkour)
 - Axe 1- Évolution des environnements arides et biodiversité
 - Axe 2 - Domestication et diffusion au Moyen-Orient et en Asie Centrale
 - Axe 3 – Adaptation des systèmes agro-pastoraux à l'aridité ou à l'altitude
 - Axe 4 - Pratiques et échanges culturels en Asie

Thématiques transversales communes de l'UMR

Homme, environnement, biodiversité (maintenue telle pour le prochain contrat)

Domestication, productions animales,
devenant « Domestication, productions, alimentation : approches techno-économiques » à partir du 1^{er} janv. 2009

Bestiaires et caractérisation socio-culturelle,
devenant « Homme, animal, végétal : caractérisations socio-culturelles » à partir du 1^{er} janv. 2009

Méthodes de l'archéozoologie,
devenant « Techniques et référentiels de l'archéozoologie » à partir du 1^{er} janv. 2009

Techniques et référentiels de l'archéobotanique (à partir du 1^{er} janv. 2009)

Principales directions de recherche liées à la paléogénétique :

- Phylogéographie des faunes tardiglaciaires et holocènes (terrestres et marines) sous l'effet des variations climatiques, environnementales ou anthropiques
- Origine des taxons insulaires (notamment en Méditerranée et dans l'Atlantique)
- Histoire des parasitoses animales et humaines
- Origine et diffusion, des animaux et des plantes domestiques
- Techniques de chasse et d'élevage (sexage)
- Histoire de l'alimentation (céréales, lait, viande...)
- Détérioration et conservation des molécules fossiles (approche archéologique)

Compétences susceptibles d'être mises à la disposition de la communauté

- Expertise dans le domaine de l'application des techniques de paléogénétique aux problématiques archéologiques et bio-archéologiques (y compris l'échantillonnage sur le terrain et la maîtrise des contextes chrono-culturels et fonctionnels)
- Connaissance des contextes chrono-culturels et des problématiques archéologiques et anthropologiques (s.l.)
- Détermination taxinomique par la morphologie et la morphométrie (y compris géométrie) des restes animaux et végétaux
- Datation radiométrique directe et analyses isotopiques connexes sur carbonates et collagène
- vaste réseau de collaborations internationales dans le domaine de l'archéozoologie et de l'archéobotanique, notamment à travers le GDRE « Bioarch » (en cours de création au plan européen) et l'International Council for Archaeozoology (ICAZ au plan intercontinental).

Principaux équipements/collections présents au laboratoire

Collections :

- Collections propres de l'UMR :
 - . 17 000 spécimens environ (2400 mammifères et oiseaux, 1650 poissons, 12000 insectes, 1000 parasites essentiellement d'helminthes)
 - . env. 300 pièces ostéologiques échantillonnées spécialement pour l'analyse aADN et conservées au congélateur.
- Collections et bases de données du Muséum (ce sont des chargés de conservation ne dépendant pas l'UMR qui sont en charge de ces collections et régulent les demandes d'échantillonnage aDNA)
 - . Collections de spécimens du Muséum : plusieurs millions de spécimens
 - . Base de données des « Inventaires bioarchéologiques de France » (resp. C. Callou) : actuellement 50 000 données disponibles pour la France métropolitaine.

Equipements :

- dispositif pour le sous échantillonnage des ossements en vue de leur analyse DNAa
- service de spectrométrie de masse isotopique pour l'analyse des carbonates (et bientôt du collagène)

- matériel de mesure et de capture d'image pour la morphométrie géométrique (en partage avec le service de morphométrie du Muséum)

Besoins de l'unité dans le domaine de la paléogénétique :

Comme l'unité ne dispose pas de compétences ni d'équipements propres pour produire des séquences d'ADN ancien et qu'elle n'envisage pas, dans un proche avenir, d'en acquérir, elle a besoin, pour mener à bien ses projets de recherche, de s'associer à des unités françaises ou étrangères disposant de ces capacités. Cette stratégie, qui est la sienne depuis le début des années 1990, est la stricte application des recommandations fondatrices du « RTP Paléogénétique ».

En conséquence, il est donc primordial pour l'unité de disposer, en France comme à l'étranger, d'un réseau de collaborations en biologie moléculaire et génétique des populations :

- disposant des meilleures compétences dans ce domaine
- disposant des équipements de pointe et d'accès aux centres de séquençage,
- sensibilisées aux thématiques et aux contraintes de l'archéologie, et soucieuses de collaborations équilibrées dans lesquelles les archéologues ne sont pas de simples pourvoyeurs d'échantillons,
- diversifiées dans les méthodes et les thématiques de recherche,
- solidaires et cherchant à développer des complémentarités techniques et thématiques.

Ce dont l'unité a donc le plus besoin, et qu'elle trouve difficilement en France, c'est un climat de collaboration et d'ouverture qui permettraient à toutes les unités de travailler en réseau et de valoriser leurs complémentarités.

L'unité a bénéficié d'un post-doc de paléogénétique en 2006-7, occupé par une spécialiste de biologie moléculaire. L'expérience est positive en ce sens qu'elle a permis à l'unité de mener les recherches telles qu'elle concevait de le faire, non selon une stratégie de compromis entre archéologues et généticiens, mais en suivant les questionnements propres à l'archéologie, ceux là même qui paraissent souvent vains et désuets aux généticiens avides de grandes problématiques anthropologiques et de publications dans les revues qu'ils considèrent comme prestigieuses. Le bilan de cette expérience est en revanche moins positif en termes d'interactions entre le « moléculariste » et le reste de l'unité : l'absence d'équipement spécifique à la paléogénétique dans notre unité ou à proximité immédiate a obligé le post-doc à travailler en Allemagne la plupart du temps, et a réduit ces interactions au point qu'il n'a pas bénéficié de la « teinture » archéologique que nous souhaitions lui donner.

L'idéal pour une unité comme la nôtre serait donc de **recruter un chercheur spécialiste de paléogénétique**, qui pourrait disposer **d'un plateau technique proche de l'unité**, afin de mener les recherches qui nous intéressent directement. Cela pourrait être réalisé avec le développement d'une UMS de systématique moléculaire et morphométrique au Muséum (projet en cours d'instruction). Il est bien évident qu'un tel dispositif ne dit pas venir s'opposer aux collaborations avec les laboratoires français et étrangers que nous entretenons de longue date, mais que ces dernières doivent être maintenues, voire amplifiées.

Dans une telle opération l'UMR aurait besoin d'un complément de financement spécifique (appel d'offre, aide supplémentaire...).

Publications 2003-2007 en relation avec la paléogénétique :

Articles dans des revues internationales à Comité de lecture

- 1) **Bollongino R.**, Edwards C.J., Alt K.W., Burger J. & Bradley D.G. (2006). Early history of European domestic cattle as revealed by ancient DNA. *Biology Letters* **2**, 155-159.
- 2) **Bollongino R. & Vigne J.-D.**, accepté.- Temperature monitoring in archaeological animal bone samples in the Near East semi arid area, during and after the excavation. *J. Archaeol. Sci.*, sous presse

- 3) **Bollongino R., Tresset A. & Vigne J.-D.**, accepté - Environment and excavation: pre-lab impacts on ancient DNA, *Palévol* (2007, in press)
- 4) Cymbron T., Freeman A. R., Malheiro M. I., **Vigne J.-D.**, Bradley D. G., 2005.- Microsatellite diversity suggests different histories for Mediterranean and Northern European cattle populations. *Proc. Royal Soc., Biol. Sciences*, 272: 1837-1843.
- 5) Edwards C.J., MacHugh D.E., Dobney K.M., Martin L., Russel N., Horwitz L.K., McIntosh S.K., MacDonald K.C., Helmer D., **Tresset A., Vigne J.-D.** et Bradley D.G., 2004.- Ancient DNA analysis of 101 cattle remains: limits and prospects. *Journal of Archaeological Science*, 31: 695-710.
- 6) Edwards C. J., **Bollongino R.**, Scheu A., Chamberlain A., **Tresset A., Vigne J.-D.**, Baird J. F., Larson G., Heupin T. H., Ho S. Y. W., Shapiro B., Czerwinski P., Freeman A. R., Arbogast R.-M., Arndt B., Bartosiewicz L., Benecke N., Budja M., Chaix L., Choyke A. M., Coqueugniot E., Döhle H.-J., Göldner H., Hartz S., Helmer D., Herzig B., Hongo H., **Mashkour M.**, Özdoğan M., Pucher E., Roth G., Schade-Lindig S., Schmölcke U., Schulting R., Stephan E., Uerpman H.-P., Vörös I., Bradley D. G. & Burger J., 2007. A Mitochondrial History of the Aurochs (*Bos primigenius primigenius*) in Europe. *Proc. Roy. Soc. B.*, 274 : 1377–1385
- 7) Fernández H., Hughes S., **Vigne J.-D.**, Helmer D., Hodgins G., Miquel C., Hanni C., Luikart G. et Taberlet P., 2006. Divergent mtDNA lineages of goat in an Early Neolithic site, far from the initial domestication areas. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.*, 103, 42: 15375–15379.
- 8) Larson G., Albarella U., Dobney K., Rowley-Conwy P., Schibler J., **Tresset A., Vigne J.-D.**, Edwards C. J., Schlumbaum A., Dinu A., **Balasescu A.**, Dolman G., Tagliacozzo A., Manaseryan N., Miracle P., Van Wijngaarden-Bakker L., Masseti M., Bradley D. G., Cooper A., 2007.- Ancient DNA, pig domestication, and the spread of the Neolithic into Europe. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.*, 104, 39: 15276-15281.
- 9) Orlando L, **Mashkour M**, Burke A, et al., 2006.- Geographic distribution of an extinct equid (*Equus hydruntinus*, mammalian, Equidae) revealed by morphological and genetical analyses of fossils. *Mol. Ecol.*, 15, 8 : 2083-2093
- 10) Scheu, A., S. Hartz, **Tresset A.**, Burger J., **Bollongino R.** (2007). "Ancient DNA provides no evidence for independent domestication of cattle in Mesolithic Rosenhof, Northern Germany." *Journal of Archaeological science* in press, accepted

Chapitres de livres ou actes de colloques

- 11) Fernández H., Taberlet P., **Mashkour M., Vigne J.-D.**, Luikart G. (2005) Assessing the origin and diffusion of domestic goats using ancient DNA. In: Vigne J.-D., Peters J., Helmer D. (eds.) (2005) *The first steps of animal domestication: New archaeozoological approaches*. Oxbow Books. p. 50-54.
- 12) Luikart G, Fernández H, **Mashkour M**, England PR, Taberlet P (2006) Origins and diffusion of domestic goats inferred from DNA markers: example analyses of mtDNA, Y chromosomes, and microsatellites. In: *Documenting domestication. New genetic and archaeological paradigms* (eds. Zeder MA, Bradley DG, Emshwiller E, Smith BD), pp. 294-305. University of California Press, Ltd, Berkeley, CA.
- 13) **Tresset A. & Vigne J.-D.**, 2007.- Substitution of species, techniques and symbols at the Mesolithic-Neolithic transition in Western Europe. In : A. Whittle ed. *Neolithic in Europe* (Proc. Int. Conf. Cardiff, May 2005), ms fév 2006, accepté, sous presse.
- 14) **Vigne J.-D.**, Geigl E.-M., Pruvost M., **Bollongino R. & Tresset A.**, 2007.- Paléogénétique et domestication des bovinés. *Ethnozootechnie*, 79 : 7-13.

UMR 5199

DE LA PRÉHISTOIRE À L'ACTUEL : CULTURE, ENVIRONNEMENT ET ANTHROPOLOGIE (PACEA)

Directeur : JAUBERT Jacques

Etablissements de tutelle : CNRS (départements SHS)
 Université Bordeaux 1
 Ministère culture et communication
 INRAP Paris

Adresse : Université Sciences et Technologies Bordeaux 1
 Bâtiment B8, Avenue des Facultés
 33405 Talence Cedex

Composition de l'unité :
 19 chercheurs CNRS/autres EPST
 8 enseignants-chercheurs
 10 ITA, 24 IATOS
 3 post-docs, 25 doctorants

Thématiques officielles de l'UMR

- Anatomie comparée et fonctionnelle : Analyse par imagerie médicale de systèmes intégrés (resp. C. Couture, H. Coqueugniot)
- Archéo-anthropologie et pratiques mortuaires (resp. P. Courtaud)
- Processus de formation des gisements archéologiques (resp. JP. Texier, B. Maureille)
- Peuplements humains, animaux, végétaux : interactions homme et milieux (D. Castex, PY. Demars)
- Méthodes et interprétations bioarchéologiques : de l'individu à la population (ostéobiographie et identification, recrutement et démographie, mode de vie et état sanitaire) (rep. P. Sellier, Y. Bruzek)
- Morphologie, évolution et histoire des populations (AM. Tillier, D. Gambier)
- Anthropologie moléculaire et paléogénétique (P. Murail, MF. Deguilloux)
- Chronologie des événements environnementaux et culturels à partir des diverses branches de la stratigraphie (F. Delpech, P. Michel)
- Milieu endokarstique : art pariétal, occupations humaines et animales, évolution du contexte physique et conservation (N. Aujoulat, B. Kervazo, C. Ferrier)
- Comportements d'acquisition, de consommation et de rejet des ressources naturelles par les chasseurs-cueilleurs (V. Laroulandie, M. Lenoir)
- Eurasie-Eurafrique : genèse et diffusion des peuplements jusqu'au Pléistocène moyen (JP. Raynal, JL. Guadelli)
- Fin du Paléolithique moyen, début du Paléolithique supérieur et origine de la modernité culturelle (F. D'Errico, JM. Geneste)

Équipes composant l'unité (et nom du responsable de l'équipe) :

- LAPP Laboratoire d'Anthropologie des Populations du Passé (dir. B. Maureille)
- IPGQ Institut de Préhistoire et de Géologie du Quaternaire (dir. A. Delagnes)

Principales directions de recherche en relation avec la paléogénétique :

- Recherche méthodologique en anthropologie moléculaire et Paléogénétique (Anthropologie moléculaire, pertinence des marqueurs utilisés et restitution des événements du passé / Méthodologie en Paléogénétique et contaminations)
- Evolution humaine, variabilité et identification taxinomique
- Archéo-anthropologie et paléobiologie : analyses de parenté, détermination du sexe, identification de germes infectieux

- Les peuplements humains et identité des populations du passé
- Evolution animale et végétale, phylogéographie, domestication

Compétences susceptibles d'être mises à la disposition de la communauté

- Anthropobiologie, anatomie comparée, morphométrie
- archéo-anthropologie, étude des pratiques mortuaires
- génétique des populations, anthropologie moléculaire
- Paléogénétique : extraction-amplification ADN ancien et analyses bioinformatique
- archéozoologie, paléontologie
- sédimentologie

Principaux équipements/collections présents au laboratoire

- laboratoire de paléogénétique (salle blanche extraction + salle post-PCR)
- unité de radiologie
- ostéothèque humaine et animale
- collection moulage pièces fossiles humaines, collection d'anatomie comparée animale, lithothèque, de micromorphologie

Publications 2003-2007 en relation avec la paléogénétique :

- 1) **M.F. Deguilloux**, L. Bertel, A. Celant, **M.H. Pemonge**, L. Sadori, D. Magri and R.J. Petit (2006) Genetic analysis of archaeological wood remains: first results and prospects. *Journal of Archaeological Science*, 33(9), 1216-1227
- 2) S. Liepelt, C. Sperisen, **M.F. Deguilloux**, R.J. Petit, R. Kissling, M. Spencer, J.L. De Beaulieu, P. Taberlet, L. Gielly, B. Ziegenhagen (2006) Authenticated DNA from ancient wood remains. *Annals of Botany*, 98(5):1107-1111.

Besoins de l'unité dans le domaine de la paléogénétique :

Le besoin majeur actuel réside en un financement récurrent des analyses réalisées au sein de l'unité, l'UMR PACEA appartenant au département SHS et ne disposant donc pas de financements spécifiques pour le laboratoire de paléogénétique.

La paléogénétique est un champ disciplinaire à risque, dans la mesure où aucun retour sur investissement ne peut être acquis d'avance, ce qui implique des études préliminaires sur chaque échantillon, qui ont un coût non négligeable.

UMR 5553
LABORATOIRE D'ÉCOLOGIE ALPINE (LECA)

Directeur : Pierre TABERLET

Etablissements de tutelle : Université Joseph Fourier / CNRS

Adresse : Laboratoire d'Ecologie Alpine (LECA)
CNRS UMR 5553, Univ. Joseph Fourier
F-38041 Grenoble Cedex 9, France
FAX: +33 476 51 42 79
Tel.: +33 476 51 45 24

Composition de l'unité

Chercheurs et enseignants-chercheurs: 22

ITA: 7

IATOS: 7

Nb de chercheurs/enseignants-chercheurs impliqués en paléogénétique: 3

Thématiques officielles de l'UMR: Fonctionnement des populations, communautés, et écosystèmes alpins; applications à la gestion de la biodiversité et au développement durable.

Équipes composant l'unité (et nom du responsable de l'équipe) :

Equipe GPB (responsable Oscar Gaggiotti) : Recherche et caractérisation des gènes ou des régions chromosomiques impliqués dans les adaptations locales à l'aide d'une approche "génomique des populations". Biodiversité intraspécifique.

Equipe PEX (responsable Patrick Ravanel) : Approche expérimentale des mécanismes impliqués dans les perturbations chimiques naturelles ou provoquées. Conséquences sur la fonctionnalité et la diversité des écosystèmes.

Equipe TDE (responsable Sandra Lavorel) : Rôle des traits fonctionnels des végétaux dans la structure et de la dynamique des écosystèmes alpins, et dans leurs réponses aux forçages environnementaux.

Principales directions de recherche en relation avec la paléogénétique :

Etude de la domestication. Analyse d'échantillons anciens en relation avec les archéozoologues..

Etude de la biodiversité environnementale (qui s'apparente aux analyses de type "ADN ancien").

Compétences susceptibles d'être mises à la disposition de la communauté

Extraction d'ADN, Amplification, Séquençage (y compris pyroséquençage parallèle), Bioinformatique.

Principaux équipements/collections présents au laboratoire

Salles d'extractions d'ADN (dont une salle "ADN ancien" en surpression).

Laboratoire classique permettant l'amplification et le séquençage d'ADN.

Séquenceur automatique 16 capillaires (ABI 3130).

Publications 2003-2007 en relation avec la paléogénétique :

Revue internationale à comité de lecture

- 1) Willerslev E, Cappellini E, Boomsma W, Nielsen R, Hebsgaard MB, Brand TB, Hofreiter M, Bunce M, Poinar HN, Dahl-Jensen D, Johnsen S, Steffensen JP, Bennike O, Schwenninger J-L, Nathan R, Armitage S, de Hoog C-J, Alifimov V, Christl M, Beer J, Muscheler R, Barker J, Sharp M, Penkman KEH, Haile J, **Taberlet P**, Gilbert MTP, Casoli A, Campani E, Collins MJ (2007) Ancient biomolecules from deep ice cores reveal a forested Southern Greenland. *Science*, **317**, 111-114.
- 2) **Taberlet P**, Coissac E, Pompanon F, Gielly L, Miquel C, Valentini A, Vermet T, Corthier G, Brochmann C, Willerslev E (2007) Power and limitations of the chloroplast *trnL*(UAA) intron for plant DNA barcoding. *Nucleic Acids Research*, **35**, e14.
- 3) Bellemain E, Nawaz AM, Valentini A, Swenson JE, **Taberlet P** (2007) Genetic tracking of the brown bear in northern Pakistan and implications for conservation. *Biological Conservation*, **134**, 537-547.
- 4) **Miquel C**, Bellemain E, Poillot C, Bessière J, Durand A, **Taberlet P** (2006) Quality indexes to assess the reliability of genotypes in studies using non-invasive sampling and multiple-tube approach. *Molecular Ecology Notes*, **6**, 985-988.
- 5) Liepelt S, Sperisen C, Deguilloux MF, Petit RJ, Kissling R, Spencer M, De Beaulieu JL, **Taberlet P**, **Gielly L**, Ziegenhagen B (2006) Authenticated DNA from ancient wood remains. *Annals of Botany*, **98**, 1107-1111.
- 6) **Fernández H**, Hugues S, Vigne JD, Helmer D, Hodgins G, **Miquel C**, Hänni C, **Luikart G**, **Taberlet P** (2006) Divergent mtDNA lineages of goats in an Early Neolithic site, far from the initial domestication areas. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **103**, 15375-15379.
- 7) Beja-Pereira A, Caramelli D, Lalueza-Fox C, Vernesi C, Ferrand N, Casoli A, Goyache F, Royo LJ, Conti S, Lari M, 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.
- 8) **Pompanon F**, **Bonin A**, **Bellemain E**, **Taberlet P** (2005) Genotyping errors: causes, consequences and solutions. *Nature Reviews Genetics*, **6**, 847-859.
- 9) Piggott MP, Bellemain E, **Taberlet P**, Taylor AC (2004) A multiplex pre-amplification method that significantly improves microsatellite amplification and error rates for faecal DNA in limiting conditions. *Conservation Genetics*, **5**, 417-420.
- 10) **Bonin A**, **Bellemain E**, Bronken Eidesen P, **Pompanon F**, Brochmann C, **Taberlet P** (2004) How to track and assess genotyping errors in population genetics studies. *Molecular Ecology*, **13**, 3261-3273.
- 11) **Bellemain E**, **Taberlet P** (2004) Improved non invasive genotyping method: application to brown bear (*Ursus arctos*). *Molecular Ecology Notes*, **4**, 519-522.
- 12) Valière N, Fumagalli L, **Gielly L**, **Miquel C**, Lequette B, Poulle M-L, Weber J-M, Arlettaz R, **Taberlet P** (2003) Long distance wolf recolonization of France and Switzerland inferred from non-invasive genetic sampling over a period of 10 years. *Animal Conservation*, **6**, 83-92.

Chapitres de livres ou actes de colloques

- 1) **Fernández H**, **Taberlet P**, Mashkour M, Vigne JD, **Luikart G** (2005) Assessing the origin and diffusion of domestic goats using ancient DNA. In: *The first steps of animal*

domestication. New archaeological approaches (eds. Vigne JD, Peters J, Helmer D), pp. 50-54. Oxbow Books, Oxford, UK.

- 2) **Luikart G, Fernández H, Mashkour M, England PR, Taberlet P** (2006) Origins and diffusion of domestic goats inferred from DNA markers: example analyses of mtDNA, Y chromosomes, and microsatellites. In: *Documenting domestication. New genetic and archaeological paradigms* (eds. Zeder MA, Bradley DG, Emshwiller E, Smith BD), pp. 294-305. University of California Press, Ltd, Berkeley, CA.

Besoins de l'unité dans le domaine de la paléogénétique :

Accès à des séquenceurs de type 454, et le financement correspondant.

Réplication dans un laboratoire compétent des expérimentations conduite au LECA.

Collaboration avec les équipes de Jean-Denis Vigne et de Catherine Hänni.

UMR 5242

INSTITUT DE GÉNOMIQUE FONCTIONNELLE DE LYON

(en l'absence de réponse, cette fiche a été complétée par les responsables du RTP)

Directeur : Jacques SAMARUT, DR CNRS**Etablissements de tutelle** : Ecole Normale supérieure de Lyon, CNRS, INRA, Univ. Lyon 1**Adresse** : ECOLE NORMALE SUPERIEURE LYON

46, allée d'Italie, 69364 LYON CEDEX 07

Tél : 04 72 72 89 78 Mél : Jacques.Samarut@ens-lyon.fr**Composition de l'unité** (préciser le nb de chercheurs, ens-ch., ITA, docs et Post-docs totaux, et le nb d'entre eux qui sont directement impliqués dans des programmes de paléogénétique)Chercheurs CNRS : 10, Enseignants-chercheurs: 32, ITA - IATOS : 10, Non permanents : 52
Dont 2 CNRS, 1 MC, 1 ITA et 4 doctorants dans l'équipe de C. Hänni (Plateforme Paléogénétique et évolution moléculaire)**Thématiques officielles de l'UMR**

Rôle du génome dans l'élaboration, le fonctionnement et l'évolution de systèmes biologiques organisés.

Bioinformatique, Biologie de la reproduction, Biologie du développement, Biologie intégrative, Biologie moléculaire, Évolution, Génome, Génomique, Génomique évolutive, Métabolisme

Équipes composant l'unité (et nom du responsable de l'équipe) :

9 équipes dont une seule investie dans l'ADN ancien

Principales directions de recherche en relation avec la paléogénétique :

Phylogénétique, phylogéographie, Domestication, archéotraçabilité,

Compétences susceptibles d'être mises à la disposition de la communauté

Extraction-amplification ADN ancien, séquençage, bioinformatique....)

Information non communiquée

Principaux équipements/collections présents au laboratoire

Information non communiquée

Publications 2003-2007 en relation avec la paléogénétique :

(parues et acceptées seulement)

- 1) **Calvignac S., Hughes S., Tougard, C.,** Michaux , J., Thevenot, M., Philippe, M., Hamdine, W. & **Hänni, C.** (accepté, in press) - Ancient DNA Evidence for the Loss of a Highly Divergent Brown Bear Clade during Historical Times. *Molecular Ecology*.
- 2) Fernández H., **Hughes S.,** Vigne J.-D., Helmer D., Hodgins G., Miquel C., **Hänni C.,** Luikart G. et Taberlet P., 2006. Divergent mtDNA lineages of goat in an Early Neolithic site, far from the initial domestication areas. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A*, 103, 42: 15375–15379.

- 3) **Hughes, S.**, Hayden, T., Douady, C.J., Tougaard, C., Germonpré, M., Stuart, A., Lbova, L., Carden, R.F., **Hänni, C.** & Say, L. (2006) - Molecular Phylogeny of the Extinct Giant Deer, *Megaloceros giganteus*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 40 : 285-291.
- 4) Krause, J, **Orlando, L**, Serre, D, Viola, B, Prüfer, K, Richards, M, Hublin, JJ, **Hänni, C**, Derevianko A and Pääbo S. 2007. Neanderthals in Central Asia and Siberia. *Nature* 449: 902-904.
- 5) Krause J, Lalueza-Fox C, **Orlando L**, Enard W, Green RE, Burbano HA, Hublin JJ, **Hänni C**, Fordea 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) Lavire C, Normand P, Alekhina I, Bulat S, Prieur D, Birrien JL, Fournier P, **Hänni C**, & JRRobert Petit. 2006. Presence of *Hydrogenophilus thermoluteolus* DNA in accretion ice in the subglacial Lake Vostok, Antarctica, assessed using rrs, cbb and hox. *Environmental Microbiology*. 8 : 2106-2114.
- 7) **Orlando L**, Mashkour M, Burke A, et al., 2006.- Geographic distribution of an extinct equid (*Equus hydruntinus*, mammalian, Equidae) revealed by morphological and genetical analyses of fossils. *Mol. Ecol.*, 15, 8 : 2083-2093.
- 8) **Orlando L**, Darlu P, Toussaint M, et al. 2006.- Revisiting Neandertal diversity with a 100,000 year old mtDNA sequence. *Current Biol.*? 16, 11: R400-R402.
- 9) **Orlando L, Pages M, Calvignac S**, et al. 2007. Does the 43 bp sequence from an 800000 year old Cretan dwarf elephantid really rewrite the textbook on mammoths? *Biol. Letter*, 3, 1, 57-59.
- 10) Teletchea F, **Maudet C, Hänni C** 2005. -Food and forensic molecular identification: update and challenges. *Trends in Biotechnology* 23, 7: 359-366 .

Besoins de l'unité dans le domaine de la paléogénétique :

(en équipements, en personnel, en financements, en structure d'appoint, en collaborations...)

Information non communiquée

UMR 5202
ORIGINE, STRUCTURE ET ÉVOLUTION DE LA BIODIVERSITÉ
ET
SERVICE DE SYSTÉMATIQUE MOLÉCULAIRE (MUSÉUM)

Directeur : Louis DEHARVENG, DR CNRS (E. PASQUET, Pr Muséum pour le SSM)

Etablissements de tutelle : CNRS, Muséum national d'Histoire naturelle

Adresse :

MUSEUM NATIONAL D'HISTOIRE NATURELLE.

Entomologie, rez de chaussée, 45 Rue Buffon

BP 50, 75005 PARIS

Tél : 01 40 79 38 32 , Fax : 01 40 79 56 79, Mél : deharven@mnhn.fr, Web :

<http://eddy.snv.jussieu.fr>

Composition de l'unité (préciser le nb de chercheurs, ens-ch., ITA, docs et Post-docs totaux, et le nb d'entre eux qui sont directement impliqués dans des programmes de paléogénétique)

Information non communiquée

Effectif du personnel présent dans l'unité : 59

Chercheurs CNRS : 6, Enseignants-chercheurs : 30, ITA/IATOS : 8 ; Non permanents : 15
 3 enseignants chercheurs impliqués dans des projets ADN ancien (principalement ADN de collections muséographiques) et 4 docs.

Thématiques officielles de l'UMR

Notre spécificité est d'analyser les modalités et l'histoire de l'évolution des organismes et de la biodiversité des faunes terrestres. Nos thèmes de recherches rejoignent en amont les préoccupations de la génétique des populations et en aval celles du fonctionnement et de la dynamique des écosystèmes.

Équipes composant l'unité (et nom du responsable de l'équipe) :

Emergence et structuration de la diversité spécifique (C. Denys)

Tests phylogénétiques des scénarios d'évolution (P. Grandcolas)

L'UMR est étroitement associée au Service de systématique moléculaire (SSM ; resp. E. Pasquet), qui accueille des projets de l'UMR, mais aussi ceux d'autres UMR, avec un fonctionnement de service régulé par un conseil de service.

Principales directions de recherche en relation avec la paléogénétique :

Phylogénie et phylogéographie

Compétences susceptibles d'être mises à la disposition de la communauté

(ex. Anthropologie physique, génétique des populations, archéozoologie, paléobotanique, morphométrie, extraction-amplification ADN ancien, séquençage, bioinformatique....)

Ce sont celles du SSM : Phylogénie Moléculaire, la génétique de populations naturelles et la cytogénétique moléculaire.

Principaux équipements/collections présents au laboratoire

Séquenceurs automatiques :

- ABI PRISM 310- mono-capillaire - Applied Biosystems.

- ABI PRISM 3130- 4capillaires - Applied Biosystems
 Extracteur ADN/ARN (en plaque 96 puits) ABI PRISM 6100 Nucleic Acid Prep Station - Applied Biosystems.

Broyeurs:

- Mill MM300 à billes
- Mill 6850 Freezer; cryobroyeur. Box ADN ancien.

Publications 2003-2007 en relation avec la paléogénétique :

(parues et acceptées seulement)

- 1) Zuccon, D., Cibois, A., Pasquet, E. & Ericson, P.G.P. 2006. Nuclear and mitochondrial sequence data reveal the major lineages of starlings, mynas and related taxa. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 41: 333-344.
- 2) Cibois, A., Thibault, J.-C. and Pasquet, E. 2007. Uniform phenotype conceals multiple colonization by land-birds on a remote Pacific archipelago. *Journal of Biogeography* 34: 1150-1166.
- 3) Gaubert P, Tranier M, Delmas AS, Colyn M, Veron G, 2004. First molecular evidence for reassessing phylogenetic affinities between genets (*Genetta*) and the enigmatic genet-like taxa *Osbornictis*, *Poiana* and *Prionodon* (Carnivora, Viverridae). *Zoologica Scripta* 33 (2):117-129.
- 4) Gaubert P, Fernandes CA, Bruford MW, Veron G, 2004. Genets in Africa: an evolutionary synthesis based on cytochrome b sequences and morphological characters. *Biological Journal of the Linnean Society* 81 (4): 589-610.
- 5) Fuchs, J., Fjeldså, J. & Pasquet, E. 2005. The use of mitochondrial and nuclear sequence data in assessing the taxonomic status of the endangered Uluguru Bush Shrike *Malaconotus alius*. *Ibis*, 147 : 717-724.
- 6) Fuchs, J., Ericson, P.G.P. and Pasquet, E. Mitochondrial phylogeographic structure of the White-browed Piculet (*Sasia ochracea*). Cryptic genetic divergence and endemism in Indochina. *Journal of Biogeography*. Sous presse
- 7) Hassanin A & Ropiquet A. 2004. Molecular phylogeny of the tribe Bovini (Bovidae, Bovinae) and the taxonomic status of the kouprey, *Bos sauveli* Urbain, 1937. *Mol Phylogenet Evol*, 33: 896-907.
- 8) Ropiquet A & Hassanin A. 2005. Molecular Evidence for the Polyphyly of the Genus *Hemitragus* (Mammalia, Bovidae). *Mol Phylogenet Evol*, 36: 154-168.
- 9) Hassanin A & Ropiquet A. 2007. What is the taxonomic status of the Cambodian banteng (*Bos javanicus*) and does it have close genetic links with the kouprey (*Bos sauveli*)?. *J Zool*, sous presse.
- 10) Hassanin A, Ropiquet A, Gourmand A-L, Chardonnet B & Rigoulet J. 2007. Mitochondrial DNA variability in *Giraffa camelopardalis*: consequences for taxonomy, phylogeography, and conservation of the giraffes in West and Central Africa. *CR Biol*, sous presse.

Besoins de l'unité dans le domaine de la paléogénétique :

Globalement il faudrait une réinstallation complète du SSM dans des locaux adéquats, et passer de 250m² à 400 m².

Pour dynamiser spécifiquement l'ADN ancien, il faudrait un recrutement de CR.

UMR 5561
BIOGÉOSCIENCES-DIJON

Directeur : Pr. Pascal NEIGE

Etablissements de tutelle : CNRS : départements EDD et MPU
Université de Bourgogne

Adresse : Université de Bourgogne, 6 boulevard Gabriel, 21000 Dijon

Composition de l'unité :

8 chercheurs CNRS/autres EPST
25 enseignants-chercheurs
5 ITA, 5 IATOS
1 post-doc, 17 doctorants

Équipes composant l'unité (et nom du responsable de l'équipe) :

- Equipe ECO/EVO (Ecologie évolutive), resp. Thierry Rigaud (DR CNRS) ;
- Equipe FED (Forme, Evolution, Diversité), resp. Sophie Montuire (MCF EPHE) ;
- Equipe SEDS (Systèmes, Environnements & Dynamique Sédimentaire), resp. Jean-François Deconinck (PR uB).

Thématiques officielles de l'UMR

Equipe ECO/EVO : l'objectif scientifique premier de l'équipe reste la compréhension des phénomènes d'adaptation des organismes vivants aux variations de l'environnement, mais en resserrant de plus en plus la notion d'environnement à l'environnement biotique. Le lien thématique fort entre les 3 axes de recherches développés est l'étude des coopérations et conflits dans les interactions entre partenaires ;

Equipe FED : l'équipe a pour but de fédérer des recherches autour des questions liées à la biodiversité, à sa mise en place, sa diversification et à son maintien, depuis l'individu jusqu'au clade, en intégrant les différentes échelles spatio-temporelles d'analyse et en se basant sur différents paramètres descriptifs (morphologique, taxonomique et génétique) ;

Equipe SEDS : cette équipe a pour objectif l'analyse des systèmes sédimentaires à travers différents axes transversaux : transfert de matières dans les systèmes actuels et passés ; paléoclimats du Jurassique/Crétacé ; genèse et diagenèse des réservoirs carbonatés ; interactions enregistrement stratigraphique / déformation de la lithosphère continentale.

Principales directions de recherche en relation avec la paléogénétique :

- Etude de la disparité morphologique et génétique de quelques espèces de rongeurs arvicolinés : cet intitulé regroupe principalement deux projets développés au sein de l'UMR 5561. Il implique principalement 3 personnes : Christelle Tougard (CR CNRS ; paléogénétique), Sophie Montuire (MCF EPHE ; morphométrie) et Elodie Renvoisé (doctorante uB ; paléogénétique et morphométrie).

Projet 1 : Variabilité morpho-génétique et réponse biotique aux changements climatiques du Quaternaire chez des populations géographiquement et écologiquement distinctes de campagnols : 1) une espèce plutôt inféodée aux basses et moyennes altitudes, *Microtus (Terricola) multiplex* ; 2) une espèce dont l'aire de répartition se situe préférentiellement aux hautes altitudes, *Chionomys nivalis* ; 3) une espèce plus ubiquiste *M. arvalis*. Une partie du matériel d'étude proviendra de pelotes de réjections. De plus, si nous en avons l'opportunité, des populations fossiles pourraient être incluses dans notre

échantillonnage.

Projet 2 : Diversité génétique et morphologique chez des populations temporellement distinctes de campagnols (Arvicolinae, Rodentia) dans le contexte climatique instable du Quaternaire. Le présent projet s'intéresse au degré de variations intra- et interspécifiques d'un point de vue morphologique, scalaire et génétique tout au long de séquences quaternaires bien documentées. La finalité de cette étude est de voir si les morphotypes et les haplotypes évoluent parallèlement, ou non, en fonction des variations climatiques enregistrées tout au long de ces séquences quaternaires. Ce projet se focalise, d'un point de vue moléculaire, sur l'acquisition de données à partir de mandibules fossiles de campagnols.

- Collaborations :

1) Catherine Hänni et Sandrine Hughes (UMR 5161, ENS Lyon) et Patrick Berrebi (ISEM, Montpellier). Notre rôle a été d'assurer la reproductibilité de séquences anciennes obtenues par l'équipe de Catherine Hänni (ours brun, mégalocéros et esturgeon) ;

2) Eva-Maria Geigl (UMR 7592, Institut Jacques Monod, Paris) : mise au point de protocoles expérimentaux par le biais de la PCR quantitative dans le cadre du projet 2.

Compétences susceptibles d'être mises à la disposition de la communauté

- extraction, amplification, clonage et séquençage ADN ancien et ADN moderne ;
- reconstruction phylogénétique / horloge moléculaire ;
- morpho-anatomie comparée et morphométrie ;
- reconstruction de paléoenvironnements à partir de données paléontologiques ;
- expériences de terrain (fouilles / prélèvements pour analyses paléogénétiques).

Principaux équipements/collections présents au laboratoire

- Paléogénétique : salle blanche dédiée à l'extraction et aux étapes pré-PCR (hotte chimique, balance de précision, four à hybridation, centrifugeuse réfrigérée, combiné congélateur/réfrigérateur, cabine PCR) ;
- Biologie moléculaire : l'équipement mis en place lors du précédent contrat permet la réalisation d'analyses de routine en biologie moléculaire (extraction et amplification d'ADN, électrophorèse, clonage) ;
- Morphométrie : PC, mesuroscope, digitaliseur et table à digitaliser, logiciels Optimas ;
- Collections : cf. site web de TRANS"TYFIPAL[®] (<http://transtyfipal.u-bourgogne.fr/>) ;
- Autres : salles de préparation de matériel biologique et de matériel fossile.

Publications 2003-2007 en relation avec la paléogénétique :

- 1) HUGHES, S., HAYDEN, T., DOUADY, C.J., **TOUGARD, C.**, GERMONPRÉ, M., STUART, A., LBOVA, L., CARDEN, R.F., HÄNNI, C. & SAY, L. (2006) - Molecular Phylogeny of the Extinct Giant Deer, *Megaloceros giganteus*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 40 : 285-291.
- 2) CALVIGNAC S., HUGHES, S., **TOUGARD, C.**, MICHAUX, J., THEVENOT, M., PHILIPPE, M., HAMDINE, W. & HÄNNI, C. (accepté, in press) - Ancient DNA Evidence for the Loss of a Highly Divergent Brown Bear Clade during Historical Times. *Molecular Ecology*.
- 3) **TOUGARD, C., RENVOISÉ E.** (accepté, in press) - Rodents and Palaeogenetics: new perspectives. *CRAS Palévol.*

Besoins de l'unité dans le domaine de la paléogénétique :

- Équipement : mise en surpression de la salle blanche (20 000 euros) ;
- Personnel : un technicien (biologie moléculaire / préparation du matériel actuel et fossile) ;
- Financement : 15000 euros / an (crédits récurrents et appels à projet) ;
- Collaborations : reproductibilité, supports techniques.

UMR 7592
INSTITUT JACQUES MONOD IJM

Directeur : Lepesant, Jean-Antoine

Etablissements de tutelle : CNRS (département SDV)
Université Paris 6 Pierre-et-Marie-Curie
Université Paris 7 Denis-Diderot

Adresse : Tour 43 - 2, Place Jussieu, 75251 Paris cedex 05

Composition de l'unité :
59 chercheurs CNRS/autres EPST
39 enseignants-chercheurs
83 ITA, 24 IATOS
32 Autres ingénieurs (IE et IR)
27 post-docs, 49 doctorants

Thématiques officielles de l'unité

- Biologie des génomes
- Biologie cellulaire
- Biologie du développement

Équipes composant l'unité (et nom du responsable de l'équipe) :

- 35 équipes
- Equipe de paléogénétique, animée par Eva-Maria Geigl, actuellement intégrée dans l'équipe « Expression du génome et chromatine », responsable Thierry Grange

Principales directions de recherche en relation avec la paléogénétique :

- conservation de l'ADN au cours de la fossilisation du tissu calcifié, dans les sédiments, dans d'autres matériaux
- phylogéographie et domestication des animaux
- biodiversité du passé
- évolution biologique de l'homme

Compétences susceptibles d'être mises à la disposition de la communauté

- analyse de l'ADN ancien (de A à Z : extraction et amplification ADN ancien, séquençage)
- quantification de l'ADN
- analyse de l'ADN par hybridation
- analyse de protéines

Principaux équipements/collections présents au laboratoire

- Laboratoires de biologie moléculaire
- laboratoire confiné pour l'analyse paléogénétique
- Plateforme génomique : 2 Light Cyclers, 1 Light Cycler 480 (384 puits), Robot EpMotion, Bioanalyseur 2001, Nanodrop
- Plateforme protéomique : MALDI-Tof/Tof
- Plateforme Microscopie électronique

Besoins de l'unité dans le domaine de la paléogénétique :

- Chercheurs statutaires et Post-docs
- Financement des projets

Publications 2003-2007 en relation avec la paléogénétique (parues et acceptées seulement) :

Dans des revues internationales à Comité de lecture

- 1) Pruvost, M. and Geigl, E.-M. Real-time Quantitative PCR to Assess the Authenticity of Ancient DNA, *Journal of Archaeological Science*, 31(9):1191-1197, 2004.
- 2) Geigl, E.-M., Baumer, U., and Koller, J. *New Approaches to the study of the preservation of biopolymers in fossil bones.* *Environ. Chem. Letters* 2(1) :45-48, 2004.
- 3) Pruvost, M., Grange, T., and Geigl, E.-M. *Minimizing DNA-contamination by using UNG-coupled quantitative real-time PCR (UQPCR) on degraded DNA samples : application to ancient DNA studies.* *Biotechniques* 38 :569-575, 2005.
- 4) Pruvost, M., Schwarz, R., Bessa Correia, V., Champlot, S., Braguier, S., Morel, N., Fernandez-Jalvo, Y., Grange, T. and Geigl, E.-M. *Freshly excavated fossil bones are better for ancient DNA amplification.* *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2007
- 5) Pruvost, M., Schwarz, R., Bessa Correia, V., Champlot, S., Grange, T. and Geigl, E.-M. *DNA diagenesis and palaeogenetic analysis: critical assessment and methodological progress.* *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 2007, accepté
- 6) Geigl E.-M. *Palaeogenetics of cattle domestication: methodological challenge for the study of fossil bones preserved in the domestication centre in Southwest Asia.* *Palévol*, 2007, accepté

Autres publications

- 7) Geigl, E.-M. and Pruvost, M. *Plea for a multidisciplinary approach to the study of Neolithic migrations : the analysis of biological witnesses and the input of palaeogenetics.* In « Colonisation,, Migration, and Marginal Areas. A Zooarchaeological Approach. » M. Mondini, S. Munoz and S. Wickler (eds), *Oxbow Books*, p. 10-19, 2004.
- 8) Geigl, E.-M. *Why ancient DNA research needs taphonomy.* In « Biosphere to Lithosphere : new studies in vertebrate taphonomy » T.O'Connor (ed)., *Oxbow Books.*, p. 79-86, 2005.
- 9) Geigl, E.-M. *A personal analysis of the high failure rate of ancient DNA research.* *Geoarchaeological and Bioarchaeological Studies*, Volume 3, p. 463-466, 2005.
- 10) Pruvost, M. & Geigl, E.-M. *Apport de l'approche paléogénétique à l'étude de la domestication des bovins.* *Revue Archéologique de l'Est*, 25^{ème} supplément « Impacts interculturels au Néolithique moyen. Du terroir au territoire : sociétés et espaces. Actes du 25^{ème} colloque interrégional sur le Néolithique, Dijon, 20-21 octobre 2001, p. 385-394, 2006.
- 11) Vigne, J.-D., Geigl, E.-M., Pruvost, M., Bollongino, R., & Tresset, A. *Paléogénétique et Domestication des Bovinés.* In « Ethnozootechnie N° 79. Les bovins : de la domestication à l'élevage. » Actes des Journées d'étude de la Société d'Ethnozootechnie et de HASRI l'Homme et l'Animal, Société de Recherche Interdisciplinaire, Paris, 16-17 novembre, 2006, p. 7-13, 2007.
- 12) Pruvost, M., Depaulis, F. & Geigl, E.-M. *Etude paléogénétique des bovinés en France durant les cinq millénaires précédant notre ère.* In « Ethnozootechnie N° 79. Les bovins : de la domestication à l'élevage. » Actes des Journées d'étude de la Société d'Ethnozootechnie et de HASRI l'Homme et l'Animal, Société de Recherche Interdisciplinaire, Paris, 16-17 novembre, 2006, p. 137-140, 2007.

Annexe 6 : Charte de qualité retenue *in fine* par le RTP

Le « RTP Paléogénétique » a légèrement modifié ses onze recommandations fondatrices et propose de les ériger en critère de qualité.

- v) Admettre que l'état de fragmentation et de dégradation des molécules anciennes, la présence fréquente d'inhibiteurs et surtout les risques majeurs de contamination et l'absence de méthode ne permettent que rarement d'authentifier sans ambiguïtés les séquences anciennes, notamment (mais pas seulement) pour *Homo sapiens*, ce qui incite à une très grande prudence.
- vi) Développer des recherches méthodologiques permettant de mieux maîtriser (voire de corriger) les processus de dégradation et de contamination, ces recherches devant bien sûr être soumises aux mêmes exigences d'authenticité que les autres (ce qui n'est souvent pas le cas), et développer d'autres voies techniques que l'amplification par PCR des fragments d'ADN de la phase soluble de l'os ou de la dent.
- vii) En parallèle des recherches à haut risque qui portent sur les séquences fossiles d'*Homo sapiens*, développer des recherches sur les animaux, les végétaux et les parasites qui sont susceptibles de documenter l'histoire de l'homme, indirectement mais avec moins de difficultés techniques et donc plus de fiabilité.
- viii) Instaurer l'application, par la communauté scientifique des domaines concernés, d'un certain nombre de précautions d'échantillonnage.
- xii) Mettre en œuvre tous les dispositifs à même d'accroître la validité des séquences publiées et de les livrer accompagnées d'un indice de qualité ; plusieurs listes non limitatives et évolutives de critères d'authenticité existent. Ces critères doivent impérativement être pris en compte.
- xiii) Informers les utilisateurs, notamment les paléontologues, archéologues et paléoanthropologues, afin, entre autres, d'éviter que des séquences qui ne présentent pas les critères d'authenticité requis soient publiées dans des revues dont les comités de lectures et les lecteurs ne sont pas spécialistes de biologie moléculaire, telles que les revues d'archéologie ; il convient aussi d'informer largement les laboratoires de biologie moléculaire non spécialistes de l'ADN ancien qui, parfois, se lancent dans cette recherche sans précaution,
- xiv) Accepter le risque (et le coût) de traiter un grand nombre d'échantillons pour n'avoir qu'un faible taux de succès lorsque les problématiques sont scientifiquement pertinentes (ex. les débuts de la domestication au Proche-Orient, où l'ADN en général est mal conservé).
- xv) Les contraintes techniques liées à l'ADN ancien interdisent d'envisager que les laboratoires producteurs de séquences soient de simples prestataires de service vis-à-vis des laboratoires utilisateurs. De même, la recherche de fiabilité dans l'échantillonnage et de qualité dans l'interprétation des résultats exclut que ces derniers jouent un rôle de simple pourvoyeur d'échantillons ou de scénarios. Il est donc nécessaire de raisonner en termes de collaboration égalitaire, et ce tant au niveau des relations entre laboratoires qu'entre département du CNRS (SDV, SDU et SHS sont impliqués).
- xvi) À partir du moment où le spécialiste de biologie moléculaire travaille sur des molécules issues de restes archéologiques, il adopte une démarche d'archéologue au même titre que n'importe quel spécialiste intervenant en archéologie, qu'il soit sédimentologue, archéozoologue ou « dateur ». En effet, l'objet qu'il étudie est issu d'une fouille archéologique et sa conservation et sa signification sont régies par les mécanismes de la formation et de la conservation des sites et objets archéologiques ; son utilisation est soumise aux réglementations et lois relatives aux objets archéologiques, en vigueur dans

le pays concerné. Il doit, de ce fait, se conformer aux pratiques de l'archéologie, tant du point de vue de sa démarche de recherche qu'en ce qui concerne son comportement dans la communauté scientifique. De même, lorsque le spécialiste de biologie moléculaire travaille sur des restes paléontologiques, ou sur des collections d'histoire naturelle, il doit impérativement se conformer aux pratiques et réglementations qui régissent ces objets.

- xvii) En conséquence, il est nécessaire que les analyses ne se fassent jamais en dehors d'un cadre collaboratif contractuel, dans lequel le laboratoire et l'archéologue (incluant le paléoanthropologue) définissent ensemble les problématiques visées, décident ensemble de la stratégie d'échantillonnage, et publient ensemble les résultats et leur interprétation. Cela nécessite impérativement la rédaction d'une charte de collaboration dans ce type de recherches éminemment pluridisciplinaires.
- xviii) Mise en garde contre une surexploitation des résultats de la génétique. Les difficultés d'interprétations des données en termes de scénario complexe d'évolution se trouvent exacerbées avec l'ADN ancien, en raison du petit nombre de séquences et de locus disponibles. Cependant, l'ADN ancien présente, en raison d'une répartition non homogène des jeux de données dans le temps, l'avantage potentiel d'autoriser des inférences sur des événements anciens, de permettre la calibration d'arbres avec une échelle de temps « absolue », et d'inférer séparément des taux de mutations et des tailles d'effectifs. Cela nécessite la modélisation de phénomènes évolutifs et la mise en place de tests statistiques d'hypothèses, mais tout en reconnaissant les effets pervers d'une application aveugle ou a-critique de certains modèles récents de la génétique des populations.
-

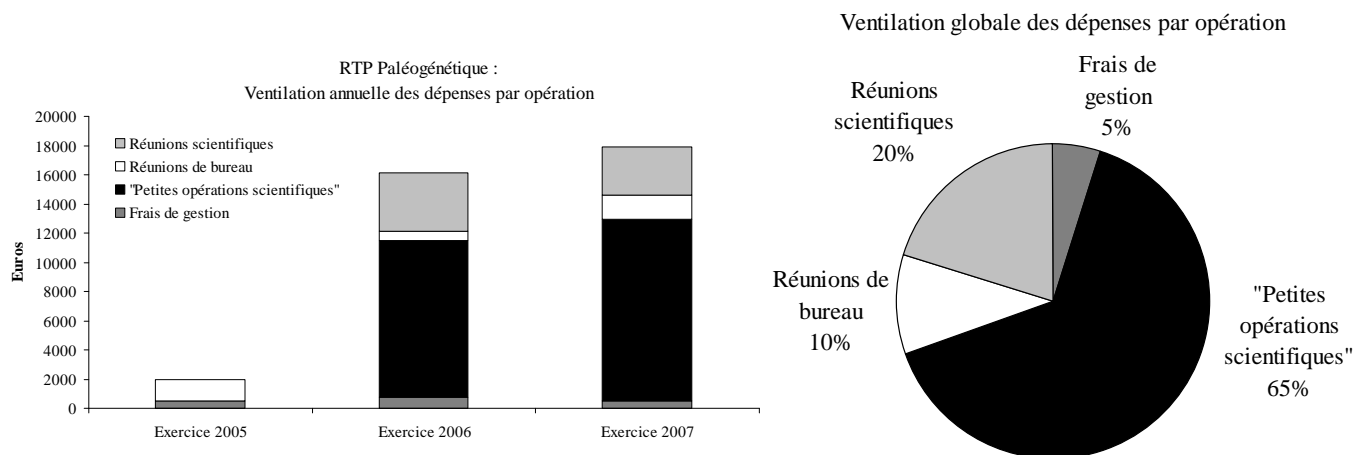
Annexe 7 : Bilan financier

(établi par Sylvie Hubert, CNRS, et J.-D. Vigne)

	Exercice 2005		Exercice 2006		Exercice 2007		Totaux		% dépenses
	Recettes	Dépenses	Recettes	Dépenses	Recettes	Dépenses	Recettes	Dépenses	
Subventions reçues	15000		10000		15000		40000		
Rémontée Min. Budget			0		-4022		-4022		
Reportis année précédente			13025		6913				
Frais de gestion		500		750		500		1750	4,9
"Petites opérations scientifiques"				10722		12477		23199	64,5
Réunions de bureau		1475		640		1624		3739	10,4
Réunions scientifiques				4000		3290		7290	20,3
Total	15000	1975	23025	16112	17891	17891	35978	35978	100
Solde		13025		6913		0		0	

La première dotation a été notifiée en août 2005. Une réunion de bureau étant nécessaire pour ventiler les sommes, ces dernières n'ont pas pu être utilisées sur l'exercice 2005. Elles ont été reportées en totalité sur l'exercice 2006.

Les sommes consolidées ne sont pas exactement les mêmes que celles qui sont mentionnées dans les pv des réunions de bureau, car certaines missions attribuées dans le cadre des « petites opérations scientifiques » ont coûté moins cher (rarement plus cher) que le budget initial.



Pour les deux années d'exercice effectif, plus des deux tiers des dépenses ont été consacrées au soutien des unités par les « petites opérations scientifiques ». Un cinquième du budget a été dévolu aux réunions scientifiques. Le fonctionnement du bureau et les frais de gestion ne dépassent pas 15% du budget total.

Paris, 23 décembre 2007