www.cnrs.fr

COMMUNIQUÉ DE PRESSE NATIONAL I PARIS I 10 juillet 2012

Le peuplement de l'Amérique vu par la génétique

L'étude la plus complète retraçant l'histoire du patrimoine génétique des populations amérindiennes vient d'être réalisée à partir des données génétiques de 500 personnes provenant de 52 populations amérindiennes et 17 sibériennes. L'analyse s'est portée sur 364 470 marqueurs génétiques et a permis de prendre en compte, pour la première fois, les métissages européens et africains au sein de chaque individu. Cette recherche a été menée par un consortium d'une soixantaine de chercheurs provenant d'Europe et des trois Amériques, et notamment du CNRS[1]. Ce travail, publié le 11 juillet 2012 sur le site de la revue *Nature,* démontre qu'il y a eu trois vagues de peuplement distinctes en provenance de Sibérie et que de vastes échanges génétiques se sont ensuite produits entre ces populations. Ces analyses génétiques pourront être prises en compte dans de futures études anthropologiques et médicales en Amérique.

Grâce aux puces ADN, la technique la plus puissante d'analyse des génomes, les chercheurs ont pu obtenir une vue d'ensemble du patrimoine génétique de plus de 500 personnes provenant de 52 populations amérindiennes et 17 sibériennes. L'analyse de 364 470 marqueurs leur a permis d'établir le degré de différence ou de ressemblance génétique de ces populations. Pour cela, un intense travail de traitement informatique des données a dû être effectué. Notamment, il a fallu correctement détecter et interpréter les traces génétiques du métissage africain et européen qu'ont connu, après l'arrivée de Christophe Colomb, les populations amérindiennes.

Les analyses confirment que la majorité des populations amérindiennes, des Algonquins du Québec aux Yaghans de Terre de Feu, en passant par les Mayas-Kaqchiquel du Guatemala, proviennent d'une vague de migration provenant de Sibérie il y a environ 15 000 ans. L'analyse des génomes montre que la plus grande diversité génétique parmi les individus se situe au Nord de l'Amérique, tandis que les populations les plus homogènes génétiquement sont celles de l'Amérique du Sud, confirmant l'axe Nord-Sud de peuplement du continent.

Par ailleurs, les chercheurs ont montré l'existence de deux autres vagues de peuplement asiatique survenues ultérieurement. Ceci confirme le modèle à trois vagues proposé en 1986 par Greenberg, Turner et Zegura, et qui, à l'époque, n'avait pas su convaincre la communauté de chercheurs. Les deux vagues suivant celle connue sous le nom de « First American » sont toutefois restées cantonnées à l'Alaska, le

[1] Laboratoire Anthropologie bio-culturelle, droit, éthique et santé (CNRS/Aix Marseille Université/EFS) et laboratoire Anthropologie moléculaire et imagerie de synthèse (CNRS/Université Paul Sabatier Toulouse 3/Université de Strasbourg), avec une contribution financière du programme interdisciplinaire de recherche Amazonie du CNRS.

Canada et le Nord des Etats-Unis. Contrairement à ce qu'affirmait le modèle de 1986, les données actuelles montrent que les populations arrivantes se sont mélangées à celles déjà présentes. Ainsi se sont formés les peuples Eskimo-Aléoutes et Chipewyans.

Ce travail de recherche a aussi permis de résoudre une énigme concernant le patrimoine génétique des indiens de langue Chibchan habitant au Panama. Ils seraient en fait issus du métissage entre populations descendant du Mexique et un reflux de populations remontant depuis le Venezuela et la Colombie.

Ces riches données génétiques réunies par le consortium devraient avoir par la suite un grand nombre d'applications, tournées notamment vers les relations Homme/environnement. Par exemple, les deux équipes des laboratoires Anthropologie bio-culturelle, droit, éthique et santé, et Anthropologie moléculaire et imagerie de synthèse s'intéresseront, à partir de ces analyses, à la distribution d'autres marqueurs génétiques des populations dont on pense qu'ils ont pu représenter un avantage sélectif face à certaines maladies infectieuses en Amérique.

© Georges Larrouy
Portrait d'Amérindien de Guyane française.

Bibliographie

Reconstructing Native American Population History
David Reich, Nick Patterson, Desmond Campbell, Arti Tandon, Stéphane Mazieres, Nicolas Ray, Maria V. Parra, Winston Rojas, Constanza Duque, Natalia Mesa, Luis F.García , Omar Triana, Silvia Blair, Amanda Maestre, Juan C. Dib, Claudio M. Bravi, Graciela Bailliet, Daniel Corach, Tábita Hünemeier, Maria-Cátira Bortolini, Francisco M. Salzano, María Luiza Petzl-Erler, Victor Acuña-Alonzo, Carlos Aguilar-Salinas,

www.cnrs.fr

Samuel Canizales-Quinteros, Teresa Tusié-Luna, Laura Riba, Maricela Rodríguez-Cruz, Mardia Lopez-Alarcón, Ramón Coral-Vazquez, Thelma Canto-Cetina, Irma Silva-Zolezzi, Juan Carlos Fernandez-Lopez, Alejandra V. Contreras, Gerardo Jimenez-Sanchez, María José Gómez-Vázquez, Julio Molina, Ángel Carracedo, Antonio Salas, Carla Gallo, Giovanni Poletti, David B. Witonsky, Gorka Alkorta-Aranburu, Rem I.Sukernik, Ludmila Osipova, Sardana Fedorova, René Vasquez, Mercedes Villena, Claudia Moreau, Ramiro Barrantes, David Pauls, Laurent Excoffier, Gabriel Bedoya, Francisco Rothhammer, Jean Michel Dugoujon, Georges Larrouy, William Klitz, Damian Labuda, Judith Kidd, Kenneth Kidd, Anna Di Rienzo, Nelson B. Freimer, Alkes L. Price, and Andrés Ruiz-Linares
Nature Advance Online Publication, 11 juillet 2012

Contacts

Chercheurs CNRS l Stéphane Mazières, laboratoire Anthropologie bio-culturelle, droit, éthique et santé l T 04 91 69 88 76 l stephane.mazieres@univ-amu.fr
Jean-Michel Dugoujon, laboratoire Anthropologie moléculaire et imagerie de synthèse l T 05 61 14 59 85 l jean-michel.dugoujon@univ-tlse3.fr
Presse CNRS l Muriel Ilous l T 01 44 96 43 09 l muriel.ilous@cnrs-dir.fr