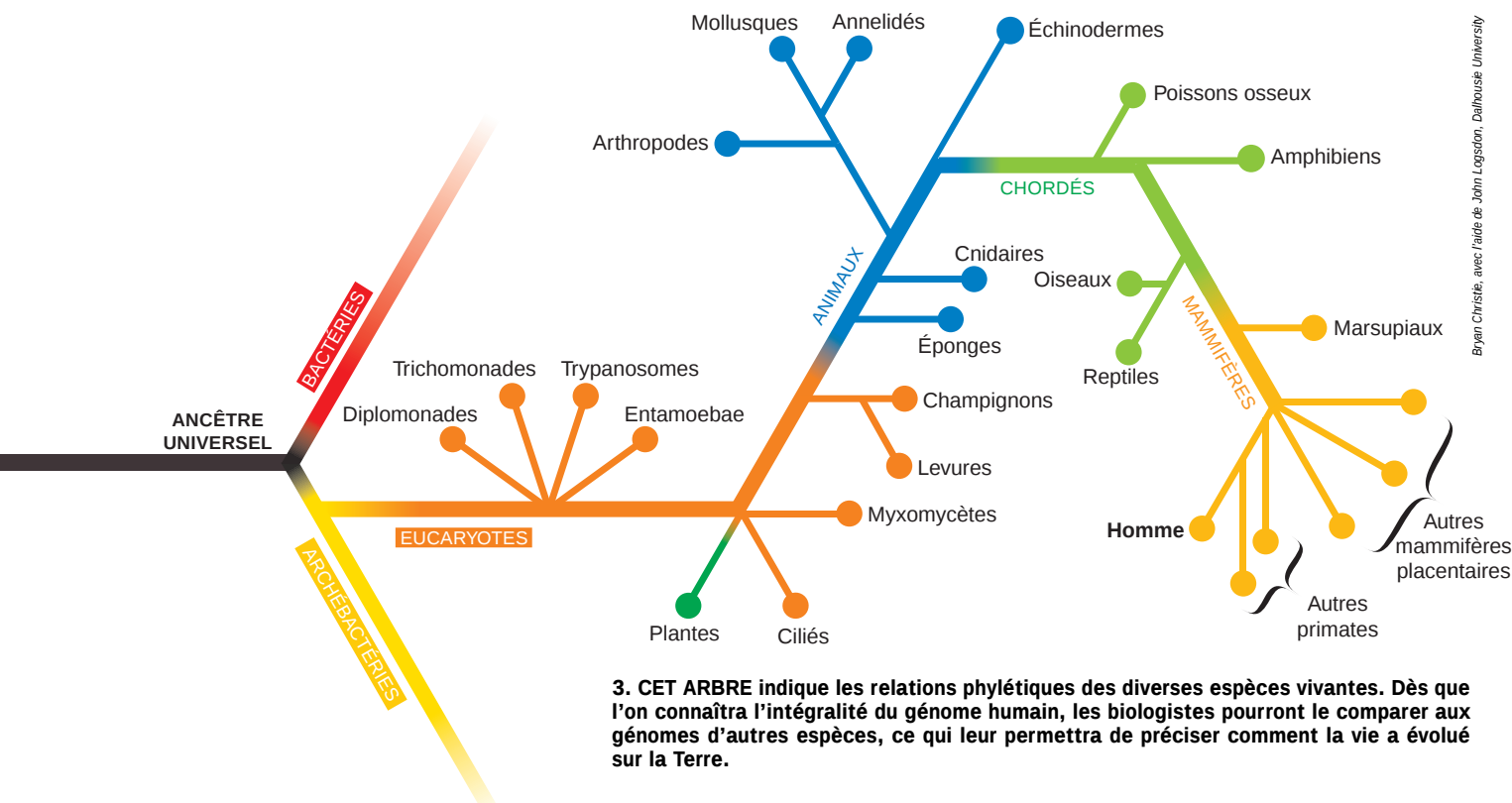




Bryan Christie, avec l'aide de John Logsdon, Dalhousie University

cholestérol excessive, ils préciseront les gènes responsables, les conséquences de cette hypercholestérolémie à redouter, les médicaments et le régime qui conviendront le mieux.

En 2050, on saura soigner les maladies avant même leur apparition (toutefois, tous n'auront pas accès à ces progrès, et les inégalités resteront sources de tensions). Lorsque quelqu'un tombera malade, la thérapie génique et les médicaments seront choisis en fonction de son patrimoine génétique, de sorte que les traitements seront adaptés au cas par cas. La durée moyenne de la vie dépassera 90 ans, et l'étude des gènes du vieillissement aboutira certainement à une nouvelle augmentation de l'espérance de vie.

Malgré l'apparente diversité de l'espèce humaine, celle-ci est plus homogène que beaucoup d'autres. Chez les êtres humains, on trouve presque les mêmes variations génétiques dans tous les groupes de population, et seule une petite fraction (entre 10 et 15 pour cent) de cette variation correspond à des différences entre groupes. Cette constatation a conduit certains biologistes des populations à affirmer qu'il n'y a pas si longtemps, l'espèce humaine était réduite à une dizaine de milliers d'individus, et que leur dispersion sur les différents continents est récente. La plupart des variations génétiques seraient antérieures à cette dispersion.

La reconstitution des grandes étapes de la vie

Au cours des 20 dernières années, grâce aux techniques d'analyse de l'ADN, les généticiens des populations ont répondu à plusieurs questions anthropologiques. Des événements démographiques, tels que les migrations, les disparitions de certains groupes ou l'expansion d'autres populations, modifient la fréquence des gènes, de sorte qu'ils sont précisément gravés dans le patrimoine génétique de l'humanité. Ainsi, la génétique a déterminé que l'homme moderne était apparu en Afrique il y a 100 000 à 200 000 ans, avant de se répartir sur tous les continents. Les anthropologues ont également utilisé l'ADN pour étudier, par exemple, l'origine de groupes tels que les Tziganes et les Juifs, les migrations de diverses populations vers les îles du Pacifique Sud et vers les Amériques, ou encore la dispersion des populations en Europe. Comme les informations génétiques sont de plus en plus faciles à obtenir, on clarifiera plus aisément les relations entre populations, les périodes de brassage, de séparation et de migration. Nous sommes persuadés que l'on confirmera que les caractères raciaux et ethniques sont socioculturels ; on montrera qu'il n'existe aucune frontière scientifiquement démontrée entre les groupes humains.

Vers 2050, nous connaissons bien mieux les populations humaines, mais une question reste ouverte : quelles sont les limites de ce savoir ? Les métissages ont été si fréquents que l'on ne pourra vraisemblablement pas établir un arbre généalogique unique qui représenterait l'histoire de l'humanité. On devra décrire cette histoire par un buisson dont les ramifications se croiseront et s'entremêleront après des périodes de séparation. Dans 50 ans, nous saurons au moins certains d'un point : nous aurons évalué les limites de l'histoire de l'humanité que nous aurons réécrite.

Depuis les années 1960, les séquences d'ADN sont des outils essentiels pour les classifications du vivant. Grâce à ces analyses, on a tracé les grandes lignes des événements qui ont marqué quelque 3,5 milliards d'années d'évolution, et l'on a classé les organismes vivants en trois grands groupes : les archéobactéries (des organismes unicellulaires très anciens) ; les bactéries ; les eucaryotes (les organismes dont les cellules ont un noyau). On a également établi des subdivisions et des embranchements, qui séparent les innombrables espèces vivantes. En revanche, on n'est pas parvenu à placer chaque type d'organismes vivants sur une branche particulière d'un même arbre de vie. Selon les gènes que l'on étudie, on trouve souvent des arbres généalogiques différents, car l'ADN n'est pas toujours