

ÉVELYNE HEYER

L'ODYSSÉE DES GÈNES



7 millions d'années d'histoire
de l'humanité révélées par l'ADN

Flammarion

UNE SAVANTURIÈRE AU PAYS DE L'ANTHROPOLOGIE GÉNÉTIQUE

Lorsque vous regardez un film comme *La Guerre du feu* ou des documentaires sur Cro-Magnon et consorts, vous voyez des hommes blancs. Longtemps on a effectivement pensé que la peau des *Homo sapiens* sortis d'Afrique pour s'installer en Europe s'était rapidement éclaircie pour mieux synthétiser la vitamine D sous le faible soleil du nord. Mais de récentes découvertes en paléogénétique suggèrent que les Européens de l'Ouest avaient certes les yeux bleus (une mutation acquise il y a 40 000 ans), mais ont conservé une peau sombre pratiquement jusqu'au début du Néolithique, il y a 6 000 ans en France. Des résultats qui bouleversent nos représentations classiques, comme bien d'autres, racontés avec verve et pédagogie par Évelyne Heyer, professeuse d'anthropologie génétique au Muséum national d'histoire naturelle, dans son dernier livre. Car, depuis vingt ans, les progrès de l'informatique couplés aux techniques d'amplification et de séquençage de l'ADN ont permis de « faire parler » l'ADN ancien comme celui de nos contemporains, pour mieux comprendre la longue et complexe saga humaine depuis que notre lignée s'est séparée de celle des chimpanzés il y a 7 millions d'années. Mais il ne faut pas croire que ces recherches se mènent uniquement derrière un séquenceur ou un ordinateur : pour récolter les échantillons d'ADN nécessaires, Évelyne Heyer a bourlingué sur une bonne partie de la planète, de l'Asie centrale jusqu'à la Mongolie en passant par l'Afrique et le Canada, et son récit est truffé d'anecdotes savoureuses sur ses voyages. Au fil des chapitres, on suit avec plaisir et curiosité cette Indiana Jones de la génétique explorer l'histoire des Pygmées, rappeler la véritable découverte de l'Amérique, suivre la grande chevauchée des Scythes ou le déferlement de l'armée de Gengis Khan sur l'Europe jusqu'à analyser les migrations contemporaines. Une épopée scientifique fascinante.

CÉCILE LESTIENNE

Évelyne Heyer, *L'Odyssée des gènes, sept millions d'années d'histoire de l'humanité révélées par l'ADN*, Flammarion, 2020 – 384 pages, 22,90 euros.

Imaginez une mutation d'une fréquence de 1/100: un individu non consanguin a une probabilité de 1/100 de porter la mutation reçue par son père et 1/100 par sa mère, ce qui lui confère une probabilité d'être homozygote pour cette mutation de 1 sur 10 000 (100×100). Si les deux parents sont cousins germains et que leur grand-père commun porte la mutation (soit une probabilité de 1/100), il suffit qu'il la transmette à son petit-fils et à sa petite-fille, qui sont les deux parents (ce qui a une probabilité de se produire de 1/16), pour que l'enfant soit homozygote. La probabilité pour leur enfant de recevoir la mutation par son père et par sa mère est donc de $1/16 \times 1/100$, soit une probabilité 6 fois plus élevée que si ses parents n'étaient pas cousins germains. D'ailleurs, sur le pourtour méditerranéen, où ce que l'on nomme le mariage « arabe », c'est-à-dire le mariage entre cousins, est préféré, les personnes atteintes de maladies récessives sont en majorité les enfants issus de telles unions. Dans l'Église catholique, l'effet des mariages entre apparentés était bien connu. Il fallait une dispense pour se marier entre cousins proches, voire entre cousins jusqu'au 3^e ou 4^e degré selon les époques. L'analyse de ces dispenses a d'ailleurs permis de dessiner une cartographie de l'apparentement en France au XIX^e siècle, et ce jusqu'au début du siècle suivant. La consanguinité est

très variable d'un département à l'autre. Son effet est bien connu dans les généalogies des rois de France et d'Europe. Les têtes royales souffrent de maladies récessives du fait des mariages récurrents entre cousins, qui ne sont pas rares.

LE MYSTÈRE DE LA NON-CONSANGUINITÉ

Grâce aux généalogies reconstituées dans les régions de Charlevoix-Saguenay-Lac-Saint-Jean, il a été possible de calculer la consanguinité des individus malades par rapport aux autres. Et le résultat a été assez inattendu: les malades ne sont pas plus consanguins! D'une manière générale, la population du Saguenay n'est pas plus consanguine que n'importe quelle population européenne. Mais alors, comment expliquer cette fréquence élevée de malades? L'explication est simple: pour chacune des maladies, la mutation est fréquente dans la population.

En effet, pour chacune des maladies spécifiques de cette région, les taux de porteurs sains, c'est-à-dire les individus qui ne portent qu'une copie de ces mutations et qui ne sont donc pas malades, sont d'environ 1 sur 20 ou 30. Certaines des maladies sont spécifiques à la région (comme l'ataxie spastique de Charlevoix-Saguenay, la tyrosinémie de type 1, le pseudodéficit en vitamine D). D'autres sont >