



UNIVERSITÉ
DE GENÈVE

COMMUNIQUÉ DE PRESSE

Genève | 11 juillet 2012

attention sous embargo jusqu'au 11 juillet, 19h, heure suisse

LES AMÉRIQUES PEUPLÉES EN TROIS VAGUES SUCCESSIVES

Une recherche internationale à laquelle a été associée une équipe genevoise dessine un nouveau scénario pour le peuplement du continent américain.



La représentation graphique des trois vagues de peuplement des Amériques. La première en ocre, la seconde en violet et la troisième en rouge. Image: Emiliano W. Bellini (artiste argentin)

La question du peuplement des Amériques reste un mystère à bien des égards, même si la lumière commence à se faire. Une étude internationale - qui implique notamment l'analyse génétique et les systèmes d'information géographique et à laquelle a participé un chercheur de l'Institut des Sciences de l'Environnement (ISE) de l'Université de Genève (UNIGE) - a conclu que cet immense continent a été peuplé en trois vagues. Une première vague, empruntant préférentiellement la côte pacifique, aurait contribué à l'établissement de la grande majorité des populations amérindiennes. Une seconde vague serait liée à des populations autochtones du Canada, alors qu'une troisième vague aurait concerné les Inuits du Groenland. Cet article est publié dans la revue *Nature*.

Il y a 15'000 ans, en pleine période glaciaire, il était possible de traverser à gué entre la Sibérie orientale et l'Alaska. Pas de détroit de Bering donc, mais un immense pont terrestre baptisé aujourd'hui Beringia. C'est le passage qu'ont foulé ceux qui ont peuplé les Amériques. C'est là une quasi certitude. Ce qui est moins certain en revanche, c'est le scénario précis de ce peuplement. Il existe actuellement plusieurs hypothèses.

«Selon les résultats de cette étude internationale, les Amériques se sont peuplées en trois vagues successives», explique Nicolas Ray, chercheur à l'ISE. Cette étude a notamment analysé le génome de 493 Amérindiens issus de 52 populations distinctes établies du Groenland au sud de l'Amérique latine. Ce matériel génétique a aussi été comparé à celui de 245 individus issus de 17 populations résidant dans le nord-est de la Sibérie, l'endroit probable d'où sont issues les vagues de peuplement vers le continent américain.

Les analyses génétiques de cette étude se sont basées sur des SNPs (prononcés «snips»), acronyme de Single Nucleotide Polymorphism. Chaque SNP représente une différence sur un nucléotide (les fameux A, C, G, T du code génétique), la plus petite unité du langage héréditaire. Le génome de l'être humain est constitué de plus de trois milliards de paires de nucléotide, et on estime qu'entre deux personnes prises au hasard, il existe en moyenne 3 millions de différences de nucléotide.

Pour réaliser ces études sur l'origine des Amérindiens, les spécialistes ont sélectionné des SNPs – près de 365'000 en tout – capables de les renseigner sur les différences génétiques entre les populations concernées, mais également entre les individus au sein d'une même population. Les chercheurs ont tout de même dû développer une méthodologie innovante pour prendre en compte dans les analyses le mélange génétique (admixture en anglais) résultant de l'arrivée tardive, durant les derniers siècles, de populations provenant d'Europe et d'Afrique.

«Jamais auparavant l'analyse génétique n'avait été aussi complète et poussée sur cette question, précise Nicolas Ray. C'est grâce à cela que nous avons pu conclure à l'existence de ces trois vagues. Avec une surprise de taille concernant les Inuits du Groenland. On pensait jusqu'ici qu'ils étaient issus d'une vague spécifique, la troisième. Cette étude montre que près de la moitié de leur bagage génétique est en lien avec leurs ancêtres issus de la première vague, celle qui a essaimé jusqu'au bas de l'Amérique latine et dont est issue la grande majorité des populations amérindiennes. La seconde vague de migration est, quant à elle, liée à une population du Canada parlant une langue du groupe linguistique Na-Dene.»

Chemin de moindre coût

Si Nicolas Ray possède une formation de biologiste qui lui permet d'accéder aux techniques employées pour cette recherche génétique, sa maîtrise des systèmes d'information géographique (SIG), un outil de cartographie informatique permettant la prise en compte et l'analyse des variables environnementales, s'est révélée prépondérante. Les SIG lui ont permis de modéliser le mouvement des populations le long des côtes et de démontrer l'importance des «corridors de migration» lors du peuplement des Amériques.

«Nous avons appliqué divers modèles de déplacement basés sur le concept de chemin du moindre coût, et avons utilisé les données génétiques pour valider ces modèles. Au final, les modèles facilitant le mouvement côtier ont été favorisés.» Traduction: la première vague, celle qui s'est déplacée de l'extrême nord à l'extrême sud du continent, a emprunté préférentiellement la côte occidentale. Pour le spécialiste de l'ISE, il est probable que le fait de rester près des eaux poissonneuses du Pacifique assurait à ces voyageurs des ressources en nourriture. Face à ces côtes plutôt accueillantes, il fallait un certain courage pour s'enfoncer à l'intérieur de terres vues, peut-être, comme plus hostiles.

Il est probable que ces côtes ont assisté à de fréquentes allées-venues du nord vers le sud et du sud vers le nord. Ce serait une façon d'expliquer une autre caractéristique mise en évidence par cette étude: certaines populations amérindiennes du centre du continent, la Méso-Amérique, sont celles qui présentent le plus haut taux de mélange génétique.

Toutes ces découvertes peuvent-elles avoir des implications sociales sur ces populations? «Je l'ignore, répond Nicolas Ray. Nous n'avons pas abordé ces aspects dans l'étude. Est-ce que le fait de découvrir l'importance de leurs liens génétiques donnera à toutes les populations amérindiennes un sentiment de solidarité face à certaines revendications culturelles? C'est possible.»

UNIVERSITÉ DE GENÈVE
Service de communication
24 rue du Général-Dufour
CH-1211 Genève 4
Tél. 022 379 77 17
media@unige.ch
www.unige.ch

contact

Nicolas Ray
078 909 65 32
nicolas.ray@unige.ch