

Chroniques génomiques

L'ADN révèle le « choix » des partenaires

Bertrand Jordan

> L'ADN ancien, ou même celui des populations actuelles, continue à nous apporter de précieuses informations sur l'histoire de notre espèce et même sur ses mœurs, notamment sur le choix des partenaires dans le cadre de la reproduction. Cette chronique décrit deux études, l'une datant de quelques années et l'autre toute récente, qui illustrent la démarche et les résultats de ces travaux. <



Biologiste, généticien, Président d'Aprogène (association pour la promotion de la génomique), Marseille, France.
brjordan@orange.fr

À La Réunion, les Malabars, les Zoreilles et les Zarabes

L'île de La Réunion, à l'est de Madagascar, est restée inhabitée jusqu'à sa découverte au milieu du XVI^e siècle par des navigateurs portugais. Son peuplement a débuté à partir de 1663 lorsqu'elle a été colonisée par les Français (elle était alors appelée « Ile Bourbon ») avec l'arrivée d'esclaves africains destinés aux plantations de canne à sucre et de café, puis à partir de la moitié de XIX^e par des travailleurs « libres » (les « engagés », en fait des quasi-esclaves) en provenance de l'Inde (Malabars), d'Asie du Sud-Est (Malais et Annamites) et de Chine [1,2]. Cette population multiethnique et multiculturelle a ensuite cohabité de façon plutôt paisible, avec un important métissage et un syncrétisme religieux affirmé. Aujourd'hui département français, La Réunion présente une population (un peu plus de 900 000 personnes) mélangée, au sein de laquelle on peut repérer plusieurs appartenances, localement appelées : Caffres (descendants des esclaves noirs), Malabars, Zarabes (descendants des Indiens musulmans), Chinois (Asie du Sud-Est, Chine), Zoreilles (descendants des colons européens) et enfin Créoles (tout le reste). La plupart des habitants se considèrent comme métis et relevant de deux ou plusieurs catégories. La coexistence sans problème majeur de ces groupes très différents est un exemple malheureusement rare de cohabitation pacifique...

Dans une étude [3] collaborative, entre des groupes espagnols et français (y compris appartenant à l'université de La Réunion), les chercheurs ont tenté de déterminer les groupes d'ascendance au sein de la lignée maternelle et de la lignée paternelle sur un ensemble de 41 personnes. Ces dernières ont été choisies au hasard, en s'assurant toutefois qu'elles ne soient pas apparentées et que leurs parents et grands-parents soient nés à La Réunion¹. Ils ont étudié l'ADN mitochondrial (lignée maternelle) et celui du chromosome Y (lignée paternelle), les polymorphismes de ces ADN permettant de les rattacher à un groupe d'ascendance large (Européen, Africain, Indien et Asiatique de l'Est). Le résultat est très net (*Figure 1*) : si les lignées maternelles se répartissent de manière assez équilibrée entre les quatre groupes, le résultat est tout autre pour la lignée paternelle, qui est presque exclusivement européenne. Certes, l'effectif est assez faible et ne permet pas la détection de groupes très minoritaires, mais ce résultat signifie bien que la procréation a eu lieu presque exclusivement entre hommes européens (les colons) et femmes de toute origine, principalement esclaves ou « engagées » : un « choix » (imposé) de partenaire, tandis que presque tous les hommes non-Européens n'avaient aucune opportunité de se reproduire. L'ADN actuel des Réunionnais porte ainsi les traces d'une organisation sociale bien antérieure à notre époque.

Vignette (© Bertrand Jordan).

¹ L'important métissage de la population ne permet pas de rattacher chaque personne à un groupe ethnique précis.



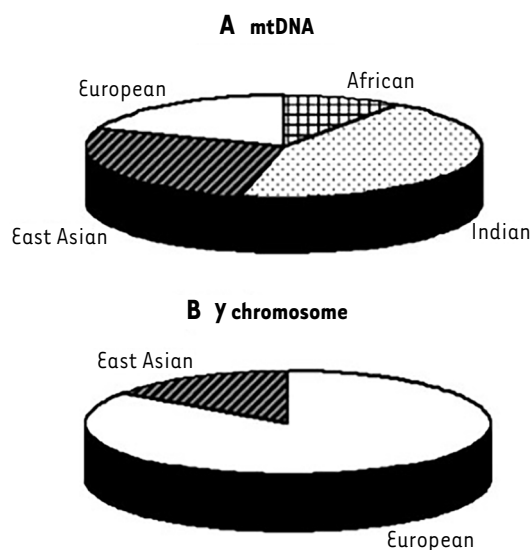


Figure 1. Répartition des ascendances maternelle (ADN mitochondrial) et paternelle (chromosome Y) au sein d'un ensemble d'individus à La Réunion (41 personnes dont 26 hommes). Extrait de la figure 2 de [3].

Néandertal et Sapiens se rencontrent

Venons-en maintenant à des populations beaucoup plus anciennes : Néandertaliens et Homo sapiens, qui ont divergé il y a environ 600 000 ans ; les premiers ont essentiellement évolué en Europe et Eurasie, les seconds en Afrique. Ils sont aujourd'hui considérés comme deux espèces distinctes – mais néanmoins suffisamment proches pour donner lieu à des croisements féconds. De telles rencontres ont eu lieu, avec un épisode majeur il y a environ 45 000 ans (mais aussi des croisements beaucoup plus anciens), et ont laissé dans l'ADN des populations modernes non Africaines deux à trois pour cent de séquences néandertaliennes reconnaissables grâce à des polymorphismes spécifiques [4-6] (→).

Un examen détaillé de ces séquences dans l'ADN Sapiens « moderne », des centaines de générations après ces croisements, montre, de manière inattendue, qu'il y a très peu d'ADN néandertalien dans le chromosome X, cinq à dix fois moins que dans tous les autosomes [5]. Cela pourrait indiquer que des régions sur le chromosome X sont incompatibles entre les deux espèces, et donc rapidement éliminées par la sélection (d'autant plus qu'elles sont exposées à l'état haploïde chez les mâles), ou que les porteurs (-euses) d'un X « moderne » jouissent d'un avantage sélectif, ou encore que les choix de partenaires ont été biaisés en faveur de couples homme Néandertal/femme Sapiens. Dans cette dernière hypothèse, l'apport de deux X Sapiens pour un X néandertalien privilégierait les séquences d'ADN Sapiens sur le chromosome X. Un récent article paru en février 2026 dans la revue *Science* [7] tente de répondre à cette question en étudiant le phénomène inverse :

(→) Voir *m/s* n° 4, 2025, page 386

l'introgession d'ADN moderne dans le génome de Néandertal à la suite de croisements anciens.

Un travail d'orfèvre

Depuis le premier séquençage d'un génome de Néandertal [8], plus d'une vingtaine de génomes néandertaliens ont été séquencés, mais la plupart de ces séquences sont réalisées avec une faible couverture² (donc un taux d'erreur très élevé). Précieuses pour les études de populations, elles sont trop imprécises pour l'analyse fine nécessaire ici. Seules trois séquences sont de qualité suffisante : la meilleure provient d'un ossement de Néandertal trouvé à Denisova (Altaï, Sud de la Sibérie)³ et dont l'âge est estimé à 122 000 ans. C'est un échantillon exceptionnel par la quantité et l'état de l'ADN qu'il renferme, ce qui a permis l'établissement d'une séquence de très haute qualité (couverture 52x) [9], dit « génome de l'Altaï », génome néandertalien appartenant à une femme. Cet ADN est antérieur à l'épisode majeur de métissage d'il y a 45 000 ans [4], mais l'analyse des génomes de Néandertal a révélé des interactions plus anciennes et a permis de situer un autre épisode à environ 250 000 ans [5]. Les auteurs ont donc étudié en détail la répartition des segments d'ADN Sapiens dans le génome néandertalien de l'Altaï. Le résultat est net : les chromosomes X de cette Néandertalienne contiennent nettement plus d'ADN Sapiens que les autosomes (Figure 2). Cela élimine l'hypothèse d'un déficit en séquences Néandertal sur le chromosome X Sapiens, décrit auparavant, dû à une incompatibilité génétique, car, dans ce cas, on devrait avoir *moins* d'ADN Sapiens dans le X Néandertalien, or on trouve l'inverse. D'autres hypothèses restent, à la rigueur, possibles, mais la plus simple explication des résultats est celle d'appariements préférentiels entre hommes Néandertal et femmes Sapiens. Dans ce cas, l'apport de séquences du chromosome X Sapiens est double de celui de son homologue Néandertalien, ce qui entraîne le biais observé. L'analyse fine d'un ADN très ancien, joint aux informations tirées de nombreux génomes de Néandertal et de Sapiens, révèle donc un choix d'appariement inattendu dont les raisons restent mystérieuses, même si l'on peut imaginer qu'il n'a sans doute pas été aussi consensuel que le voudrait une vision idyllique de ces rencontres.

² Nombre de fois où une base a été lue. Une séquence de bonne qualité a une couverture de 30x.

³ Il ne s'agit pas de l'échantillon précédemment trouvé dans la même grotte et appelé « Denisovien ».

Des traces subtiles mais révélatrices

De même que les graffiti à peine visibles sur les murs de Pompéi nous en apprennent beaucoup sur la vie, les affaires commerciales et les amours des Pompéiens ordinaires⁴, l'étude génétique de populations actuelles, au passé complexe, ou même l'analyse fine de l'ADN extrait d'ossements vieux de dizaines ou centaines de milliers d'années, nous révèlent des éléments importants de l'organisation sociale de ces peuplades. Les incroyables progrès techniques qui permettent aujourd'hui de lire à bas coût des génomes entiers, même à partir d'échantillons minimes et en mauvais état, et la puissance des méthodes statistiques qui autorisent la formulation et le test d'hypothèses, ont révolutionné l'anthropologie des deux dernières décennies – et vont sans nul doute continuer à le faire.

Les deux exemples rapportés ici montrent les traces que peuvent laisser dans l'ADN les relations de pouvoir au sein d'un système colonial – un exemple de domination masculine dont les effets persistent dans de nombreuses populations anciennement colonisées, mais aussi révèlent une polarité inattendue lors des rencontres sexuelles entre nos ancêtres Néandertaliens et Sapiens. Nous ne saurons sans doute jamais si cela révèle le charme irrésistible des mâles Néandertaliens, ou s'il s'agit de rapports brutaux entre deux espèces en concurrence sur le même territoire – l'ADN ne peut tout dire, il nous en a déjà beaucoup appris ! ♦

SUMMARY

DNA informs on ancient partner choice

Analysis of current admixed populations, or of ancient Neanderthal and modern human sequences, reveal social features of past populations and indicates patterns in partner choice. ♦

LIENS D'INTÉRÊT

L'auteur déclare ne pas avoir de lien d'intérêt.

⁴ Voir <https://www.sorbonne-universite.fr/actualites/les-graффitis-de-pompei-la-memoire-gravee-des-vies-ordinaires>

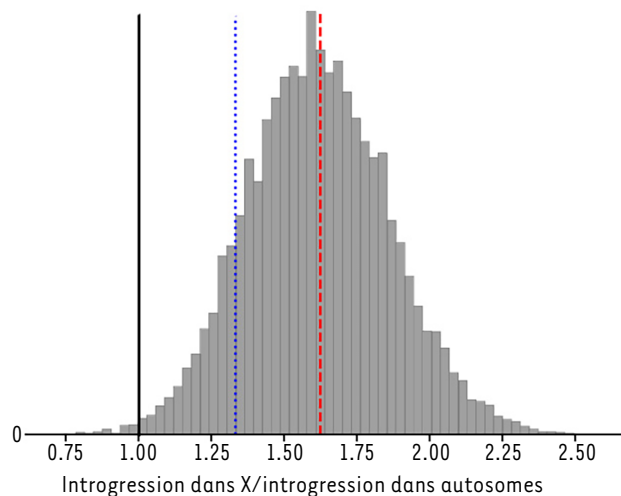


Figure 2. Rapport entre le niveau d'introgression d'ADN Sapiens dans le chromosome X de Néandertal (Altaï) et le niveau d'introgression dans les autosomes. Pointillé rouge : moyenne observée (sur 10 000 simulations à partir de la séquence déterminée) ; pointillé bleu : maximum possible par l'intervention de facteurs démographiques (par exemple, dans le cas du déplacement systématique des femmes vers la population de leur partenaire) ; ligne noire : maximum en cas d'incompatibilité entre séquences X des deux espèces. Extrait partiel et remanié de la figure 1 de [7].

RÉFÉRENCES

1. Ostheimer J M. *The politics of the western Indian Ocean islands*. New York : Praeger, 1975 : 260 p.
2. Lavaux C. *La Réunion : du battant des lames au sommet des montagnes*. Paris : Comorans, 1998 ; 455 p.
3. Berniell-Lee G, Plaza S, Bosch E, et al. Admixture and sexual bias in the population settlement of La Reunion Island (Indian Ocean). *Am J Phys Anthropol*. 2008 ; 136 : 100-7.
4. Iasi LNM, Chintalapati M, Skov L, et al. Neanderthal ancestry through time: Insights from genomes of ancient and present-day humans. *Science* 2024 ; 386 : eadq3010.
5. Li L, Comi TJ, Bierman RF, et al. Recurrent gene flow between Neanderthals and modern humans over the past 200,000 years *Science* 2024 ; 385 : eadi1768.
6. Bon C. Quand Néandertal rencontre Sapiens : ce que l'on sait, et ce que l'on ignore encore du métissage entre Néandertal et Homo sapiens. *Med Sci (Paris)* 2025 ; 41 : 386-91.
7. Platt A, Harris DN, Tishkoff SA. Interbreeding between Neanderthals and modern humans was strongly sex biased. *Science* 2026 ; 391 : 922-25.
8. Green RE, Krause J, Briggs AW, et al. A draft sequence of the neanderthal genome. *Science* 2010 ; 328 : 710-22.
9. Prüfer K, Racimo F, Patterson N, et al. The complete genome sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains. *Nature* 2014 ; 505 : 43-9.

TIRÉS À PART

B. Jordan