

Les preuves s'accumulent pour notre origine africaine à tous

Plusieurs modèles pour l'origine d'*Homo sapiens* ont été proposés. Le modèle de l'origine « multirégionale » suggère qu'il n'y a pas une origine unique pour tous les hommes modernes. Après l'essaimage de *Homo erectus* à l'Europe et l'Asie à partir de l'Afrique il y a 800 000 ans à 1,8 million d'années, il y a eu une transition continue parmi les populations régionales de *H. erectus* à *H. sapiens*. Une telle « évolution parallèle » parmi des populations géographiquement dispersées n'a pu produire qu'en présence d'un taux considérable de flux génique entre les populations. A l'inverse, le modèle « hors d'Afrique » (*out-of-Africa*) suggère que toutes les popula-

tions humaines non africaines descendent d'un ancêtre d'*H. sapiens* anatomiquement moderne qui est apparu en Afrique il y a approximativement 100 000 à 200 000 ans et qui a diffusé en se diversifiant à travers le reste de la terre, supplantant les populations d'*Homo* restées présentes en dehors de l'Afrique. Cette migration hors de l'Afrique peut s'être faite en une ou plusieurs vagues. D'abord proposée à partir de l'étude de la diversité génétique de l'ADN mitochondrial (ADN mt), matériel génétique à origine exclusivement maternelle et non soumis aux recombinaisons méiotiques, l'hypothèse « hors d'Afrique » a été renforcée récemment par l'analyse du

gène *ZFY* sur la partie non recombinante du chromosome Y (*m/s* n° 8, vol. 11, p. 1187).

Tishkoff *et al.* présentent des données fondées sur l'analyse du génome nucléaire autosomique qui sont très en faveur de l'hypothèse « hors d'Afrique » [1]. Ils ont étudié les variations alléliques de deux marqueurs distants de 9,8 kb situés dans les régions non codantes du gène *CD4* sur le chromosome 12 (*figure 1*). Ces polymorphismes sont de deux types et évoluent à des taux différents. Le premier est un microsatellite de type TTTTC répété de 4 à 15 fois (soit 12 allèles) dont le taux de mutation est considéré de modéré à élevé. En revanche, le deuxième polymorphisme résulte d'une délétion de 256 pb d'un élément Alu de 285 pb. Ce type de mutation n'est vraisemblablement survenu qu'une seule fois. Ces deux marqueurs ont été étudiés chez plus de 1 600 individus non apparentés provenant de 42 populations dispersées dans le monde entier (13 Africaines, 2 du Moyen-Orient, 7 Européennes, 9 Asiatiques, 3 du Pacifique et 8 Américaines) ainsi que chez les singes et la fréquence des haplotypes (combinaisons d'allèles aux deux locus) a été déterminée chez les individus. Le résultat majeur est que les populations africaines du sud du Sahara ont plus d'haplotypes et possèdent une variété plus importante dans la fréquence des haplotypes que les populations du Nord-Est de l'Afrique et les populations non africaines. En outre, en dehors de l'Afrique, la forme tronquée de la séquence Alu (Alu(-)) est quasiment toujours associée à l'allèle 90 pb du microsatellite, exprimant un très fort déséquilibre de liaison. En Éthiopie et en Somalie, il

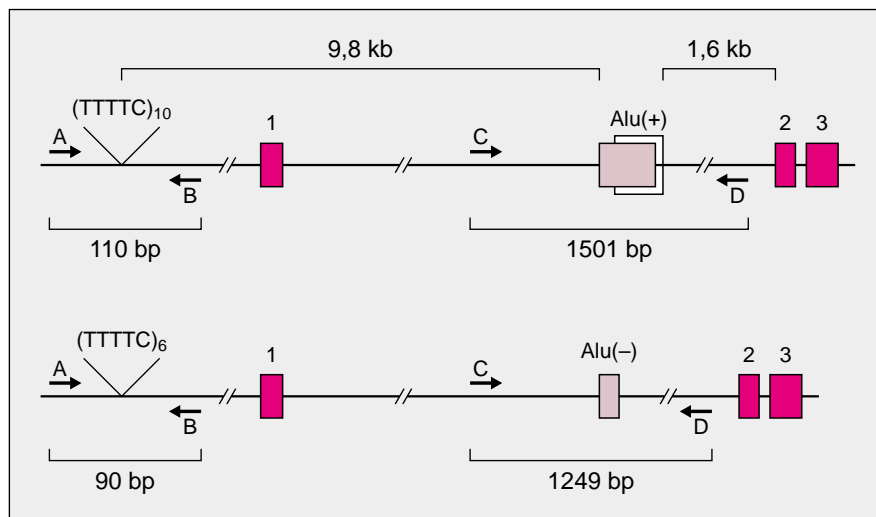


Figure 1. Localisation et distance des marqueurs polymorphes au locus *CD4* des haplotypes Alu(+)/microsatellite 110 pb et Alu(-)/microsatellite 90 pb. Les rectangles rouges représentent les exons 1 à 3 du gène *CD4*. La séquence Alu est représentée par la boîte rose et la boîte blanche montre la localisation de la délétion qui comprend 239 pb de la séquence Alu et 17 pb adjacentes. Les flèches montrent la localisation des amorces oligonucléotidiques utilisées pour l'étude des polymorphismes microsatellite (A et B) et Alu (C et D). (D'après [1]).

existe une variété un peu plus importante d'association allélique avec l'allèle Alu(-) et en Afrique sous saharienne, on retrouve presque tous les allèles du microsatellite associés à l'allèle Alu(-). Les auteurs ont donc proposé, à partir de ces résultats, un scénario en deux étapes. Une première diversité a été perdue dans le Nord-Est de l'Afrique. Puis, il y a eu encore une perte de diversité quand une petite population a quitté l'Afrique emportant avec elle l'allèle Alu(-) associé à l'allèle 90 pb. Quand cela s'est-il produit? La délétion de la séquence Alu est survenue dans les 5 derniers millions d'années après que nous ayons divergé des primates non humains; la délétion n'étant pas retrouvée chez les primates non humains. Et cette délétion est survenue sur un chromosome porteur de l'allèle 90 pb. Depuis cet événement, le microsatellite a eu le temps de muter et d'engendrer un grand nombre d'allèles en Afrique. En assu-

mant un taux à peu près constant de mutation, les auteurs proposent que la migration « hors d'Afrique » se serait produite il y a à peu près 100 000 ans laissant ainsi proportionnellement un temps plus court pour qu'apparaissent des mutations sur le microsatellite [2]. Mais d'autres scientifiques font remarquer que la diversité génétique d'une population n'est pas que le reflet de la date de son origine. Une petite population ayant séjourné hors d'Afrique depuis longtemps pourrait avoir un profil génétique identique dit le généticien d'Oxford, John Clegg. En effet, les populations de petite taille ont tendance à perdre leur diversité et une série de contractions et de réexpansions pourrait produire une telle homogénéité sur les continents non africains. En outre certains anthropologistes ont noté des similitudes sur des fossiles de crânes retrouvés en Asie sur plusieurs millions d'années,

ce qui plaide pour l'origine de continuité « multirégionale » [2].

Le débat ne sera tranché que lorsque de nombreux autres locus génétiques seront étudiés. Certains traits pourraient avoir une origine régionale très ancienne quand d'autres pourraient venir récemment d'Afrique [2]. Il reste donc encore de nombreux travaux à effectuer avant que l'on ne puisse reconstituer avec certitude le scénario de notre origine ■

E.D.

1. Tishkoff SA, Dietzsch E, Speed W, Pakstis AJ, Kidd JR, Cheung K, Bonnè-Tamie B, Santachiara-Benerecetti AS, Moral P, Krings M, Paabo S, Watson E, Risch N, Jenkins T, Kidd KK. Global patterns of linkage disequilibrium at the CD4 locus and modern human origins. *Science* 1996; 271: 1380-7.

2. Fischman J. Evidence mounts for our African origins, and alternatives. *Science* 1996; 271: 1364.