

Il était trois fois l'Amérique

Le continent américain n'a pas été peuplé par un seul groupe de population, mais par au moins trois vagues de migration successives qui ont contribué de manière diverse au bagage génétique des premiers Amérindiens. C'est le résultat d'une vaste étude publiée cet été dans «Nature»

Qui furent les premiers habitants des Amériques? Quand, par quel chemin et avec quels moyens sont-ils arrivés sur le continent? La question divise la communauté scientifique depuis des décennies, voire des siècles. Ont-ils traversé l'Atlantique sur des embarcations de fortune, comme le suggèrent les tenants de l'hypothèse «solutréenne» (la chose étant parfaitement possible comme l'a montré une reconstitution récente) ou sont-ils venus d'Asie, via le détroit de Béring comme le veut la

Nicolas Ray, chargé d'enseignement à l'Institut des sciences de l'environnement et membre de l'équipe de recherche. *Originaires de Sibérie, ils ont profité de la fin de l'ère glaciaire il y a environ 15 000 ans pour traverser le détroit de Béring alors émergé. Cette première vague s'est ensuite répandue sur l'ensemble du continent en suivant la côte pacifique. Elle est ainsi à l'origine de la grande majorité des populations amérindiennes. Mais, contrairement à la thèse qui était jusqu'ici majoritaire dans les milieux scientifiques, elle n'est pas la seule à s'être*

acronyme de *Single-Nucleotide Polymorphism*). Ils ont analysé ces données prélevées sur le génome de près de 500 individus issus de 52 populations autochtones réparties entre le Groenland et le sud de l'Amérique latine, ainsi que de 245 individus originaires d'une vingtaine de populations du nord-est de la Sibérie et de plus de 1600 individus provenant de 57 autres populations dans le monde.

Chacun de ces SNP a été choisi pour sa capacité à renseigner les chercheurs sur les différences génétiques entre les populations concernées mais également entre les individus au sein d'une même population.

«Lorsqu'on utilise la génétique pour éclairer des problèmes de démographie en Amérique, une des grandes difficultés est de séparer le bagage génétique provenant des premiers Amérindiens de celui hérité tardivement (en proportion variée) des populations européennes et africaines, complète Nicolas Ray. Ce mélange génétique peut en effet grandement fausser nos analyses, et donc nos conclusions.»

Ce matériel génétique a donc dû être «nettoyé» à l'aide d'une méthode spécialement développée pour l'occasion afin de supprimer le «bruit» engendré par l'arrivée de ces populations provenant d'Europe et d'Afrique, qui sont devenues depuis largement majoritaires puisque près de 80% de la population autochtone du continent ont été anéantis après 1492.

Avec près de 350 000 marqueurs, l'étude publiée dans «Nature» est la plus vaste et la plus détaillée jamais conduite sur le sujet

théorie dominante, dite de la «culture de Clovis»? Une vaste étude menée par une équipe internationale incluant un groupe de l'Institut des sciences de l'environnement et publiée dans l'édition du 16 août dernier de la revue *Nature* semble confirmer que la seconde thèse est la bonne, tout en y apportant une précision de taille. Selon les résultats de cette enquête génétique d'une ampleur inégalée jusqu'ici, le peuplement du continent américain serait en effet le fruit non pas d'une, mais d'au moins trois vagues de populations. Un scénario déjà suggéré en 1987 par le linguiste américain Joseph Greenberg, mais qui avait été rejeté à l'époque faute de preuves suffisantes.

«Nos conclusions indiquent que les premiers Américains sont effectivement venus d'Asie, explique

mise en chemin. Nous avons en effet pu identifier au moins deux autres vagues successives de migration: la première concerne une population du Canada issue du groupe linguistique des Na-Dene et la seconde les Inuits de l'est et de l'ouest du Groenland.»

BAGAGE À TRIER

Pour parvenir à un tel aboutissement, il a fallu déployer les grands moyens. L'étude publiée dans *Nature* est en effet la plus vaste et la plus détaillée jamais conduite sur le sujet. Alors que les recherches précédentes se limitaient le plus souvent à l'analyse du seul chromosome Y ou de l'ADN mitochondrial (qui ne compte que 37 gènes et n'est transmis que par la mère), Nicolas Ray et ses collègues ont pris en compte environ 350 000 paires de nucléotides (ou SNP,



La représentation graphique des trois vagues de peuplement des Amériques. La première en ocre, la seconde en violet et la troisième en rouge.

Spécialiste reconnu des systèmes d'information géographiques, Nicolas Ray était, dans le cadre de cette étude, spécifiquement chargé de modéliser le cheminement de ces trois vagues de migration. Les résultats obtenus par le chercheur de Genève démontrent que les individus composant la première vague ont profité de la dernière glaciation pour franchir le pont naturel qu'était l'actuel détroit de Béring (alors large de plus de 1000 km), probablement à la suite des troupeaux de grands mammifères. Ils ont ensuite longé la côte pacifique jusqu'au sud de l'Amérique latine avant de se disperser sur l'ensemble du continent.

ARRÊTS, RETOURS ET CROISEMENTS

«Nous avons comparé plusieurs modèles de déplacement le long de ce corridor de migration, complète le chercheur. Il y a en effet certainement eu un grand nombre d'arrêts, de retours en arrière et de croisements sur cette route. Ce qui explique, entre autres, la grande diversité génétique qui caractérise plusieurs ethnies d'Amérique centrale. Si la migration avait été linéaire, sans mouvement ultérieur de population, on se serait attendu à ce que la diversité génétique diminue avec l'éloignement du détroit de Béring.»

Autre résultat important: la mise en évidence de migrations retour vers l'Asie attestées par le fait que certaines populations actuelles de la Sibérie possèdent des caractéristiques génétiques qui sont propres aux habitants des Amériques. ■

Vincent Monnet

Reich et al. 2012. Reconstructing native American population history. *Nature* 488: 370-374
<http://dx.doi.org/10.1038/nature11258>

Outre la confirmation du scénario proposé par Joseph Greenberg à la fin des années 1980 – qu'à l'époque pas grand monde n'avait pris au sérieux –, ce travail de titan innove surtout en apportant des informations inédites sur les relations entre ces trois vagues de migration, relations que Joseph Greenberg n'avait pas les moyens de saisir précisément avec les outils de la linguistique.

Car si l'étude confirme bien que la première vague venue de Sibérie est effectivement la plus importante dans la mesure où c'est d'elle que descend la quasi-totalité des Amérindiens, elle montre également que cette population est loin d'être aussi homogène qu'on ne le pensait jusqu'ici.

LA SURPRISE INUIT

«La plus grande surprise concerne les Inuits, explique Nicolas Ray. La plupart des spécialistes considéraient en effet que ces habitants du Grand Nord étaient issus d'une vague spécifique, en l'occurrence la troisième, qui aurait été nettement séparée des autres. Or, nos résultats révèlent que plus de la moitié de leur bagage génétique est en lien avec leurs ancêtres issus de la première vague, tandis que pour les Chipewyan du Canada, dont la famille linguistique Na-Dene est la même que celle des Apaches et des Navajos, cette contribution est d'environ 90%. En d'autres termes, ce qu'on peut dire, c'est que l'on sait que les descendants de ces trois vagues se sont mélangés, mais que l'on ignore encore quand et comment cela s'est produit.»