

***Journées du Patrimoine 2003
vendredi 19 septembre, 20h30***

*Bayonne
Auditorium C.C.I.*

*Conférence :
« Langue et peuplement : le cas de la langue basque »*

Que nous apprend aujourd'hui la génétique sur l'histoire des peuplements en général, et sur l'histoire du peuplement basque en particulier ?

Intervention de Lluís Quintana-Murci
CNRS URA 1961, Institut Pasteur, Paris

Cette question a longtemps été débattue, surtout après le recueil et l'étude des premières données génétiques basées sur les groupes sanguins, en particulier à rhésus négatif, ces derniers apparaissant en nombre important dans la population basque. Depuis, les données ont beaucoup avancé, les outils moléculaires pour explorer les génomes sont désormais beaucoup plus sophistiqués, et nous avons aujourd'hui une idée de ce que, d'un point de vue strictement génétique, la population basque peut représenter. Nous allons pour cela nous situer dans un contexte global européen .

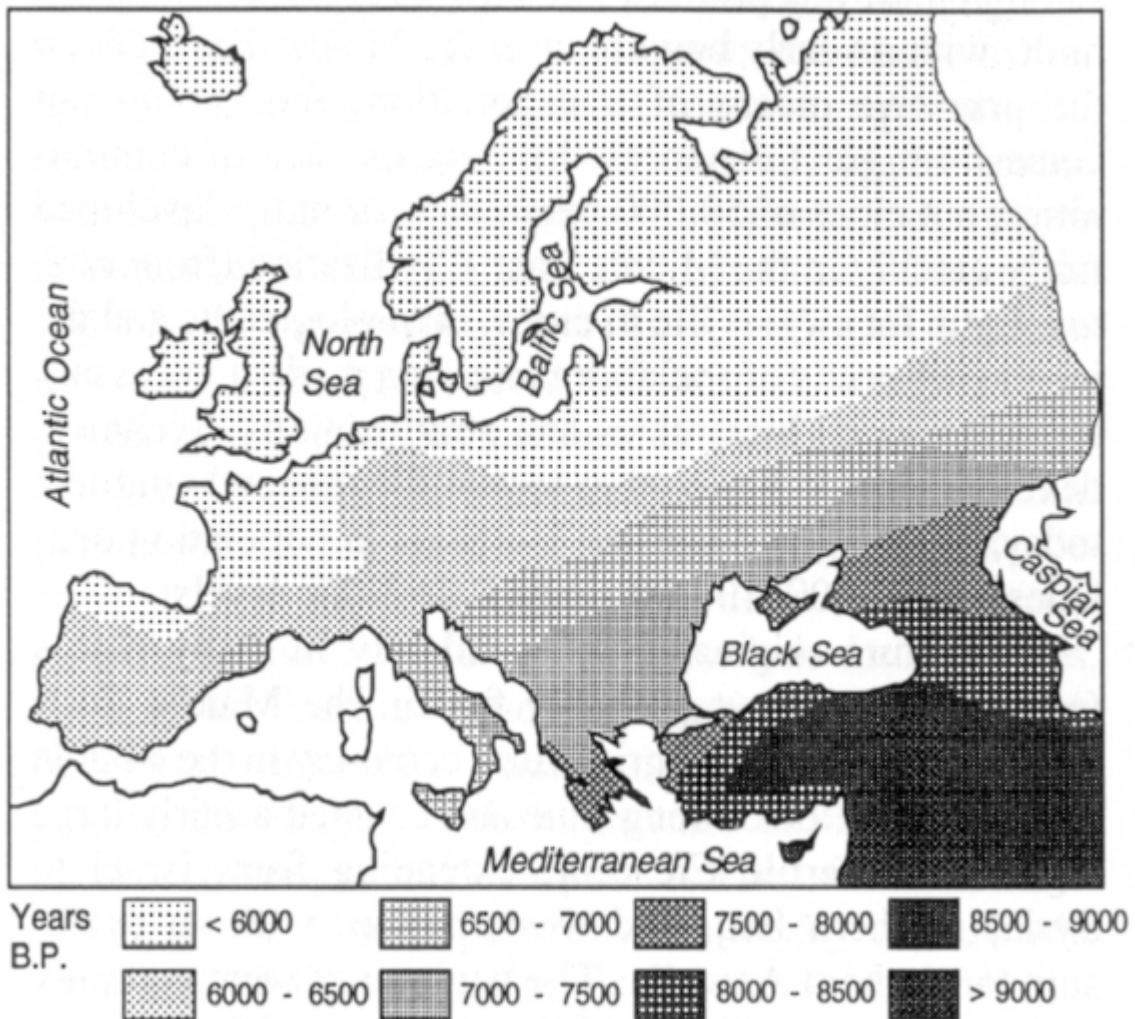
Nous savons que l'Europe a été colonisée il y a 40 à 50000 ans, à la période paléolithique. Les européens étaient alors des chasseurs-cueilleurs et les densités de populations ne pouvaient donc pas être très élevées.

Il y a à peu près 10000 ans, l'agriculture s'est enracinée dans plusieurs endroits du monde, et en particulier au Moyen Orient : les gens ont su comment travailler les sols, cultiver les céréales, etc... et les densités de populations ont considérablement augmenté. Cette pression démographique a entraîné le déplacement des agriculteurs du Moyen Orient vers l'Europe, vers l'Afrique du nord, et aussi vers l'Inde, où ils ont amené leur technologie (l'agriculture) et aussi leurs gènes. Deux populations se rencontrent alors, la population originale européenne paléolithique de chasseurs cueilleurs d'une part, et la population qui vient du Moyen Orient d'autre part. L'une et l'autre, graduellement, commencent à se mélanger.

Dès lors, la question suivante est soumise à discussion : la transmission de l'agriculture aurait-elle pu se faire uniquement par transmission technologique, sans vrai mouvement de populations ? Les données de la génétique, maintenant assez fiables, font apparaître des mouvements de populations.

Un certain nombre de linguistes pensent que les langues indo-européennes ont été amenées en Europe de l'Ouest par les agriculteurs. Ils considèrent que les chasseurs-cueilleurs paléolithiques ne parlaient pas des langues indo-européennes, et que ce sont les agriculteurs moyen-orientaux qui ont amené ces langues.

La carte suivante (carte 1) montre l'expansion de l'agriculture à partir des restes fossiles du blé.

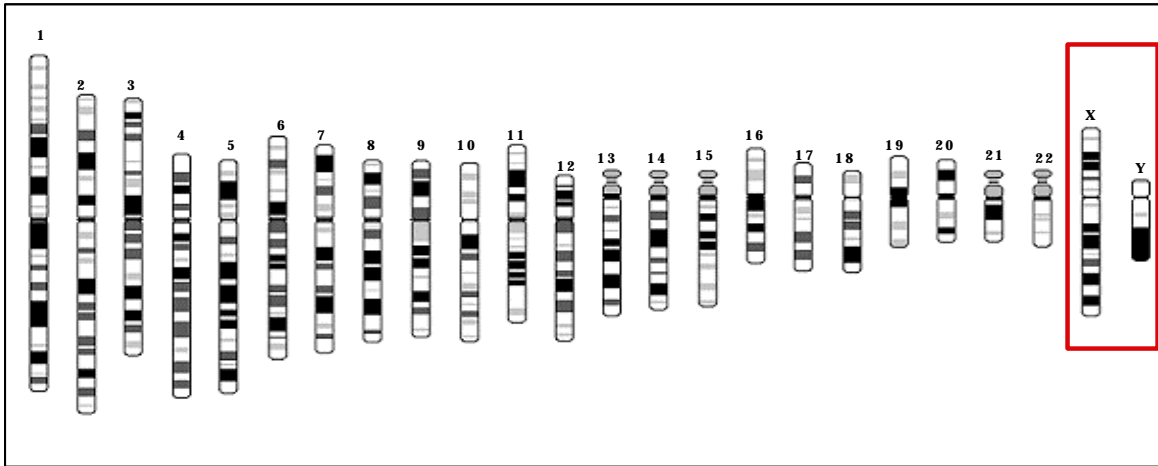


Carte 1 (Prise de Cavalli-Sforza et al. 1994)

Elle nous permet de voir comment l'agriculture s'est enracinée en Europe : les parties les plus foncées de la carte correspondant aux parties les plus anciennes (plus de 9000 ans), plus nous bougeons vers l'Europe de l'Ouest, plus les restes fossiles sont jeunes. Force est de constater qu'aux alentours de la région basque en particulier, l'agriculture est arrivée assez tardivement.

Que nous dit la génétique concernant les origines des populations européennes, et de la population basque? Voyons sur la figure 2 comment l'information génétique est organisée...

Figure 2

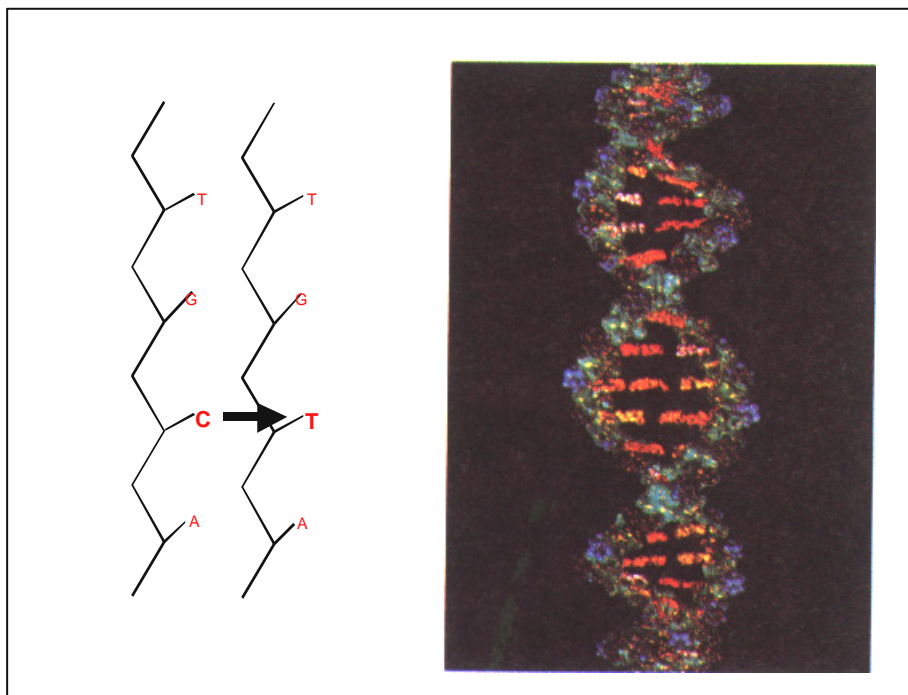


Nous avons 23 paires de chromosomes et les chromosomes sont constitués de l'ADN qui contient de l'information ... L'ADN total du génome humain fait à peu près 3 milliards de bases (les bases ce sont des codes A, T, C, ... les différentes combinaisons de codes donnant des informations différentes, par exemple sur la couleur des cheveux, la susceptibilité ou non à développer un cancer du sein, etc ...). Nous avons environ entre 30000 et 50000 gènes.

La seule différence génétique entre hommes et femmes est la suivante : les hommes ont 22 paires de chromosomes autosomes et un chromosome X et un chromosome Y (dits chromosomes sexuels), et les femmes ont 22 paires de chromosomes autosomes et deux chromosomes X. C'est donc la présence du chromosome Y qui fait qu'un embryon va devenir homme.

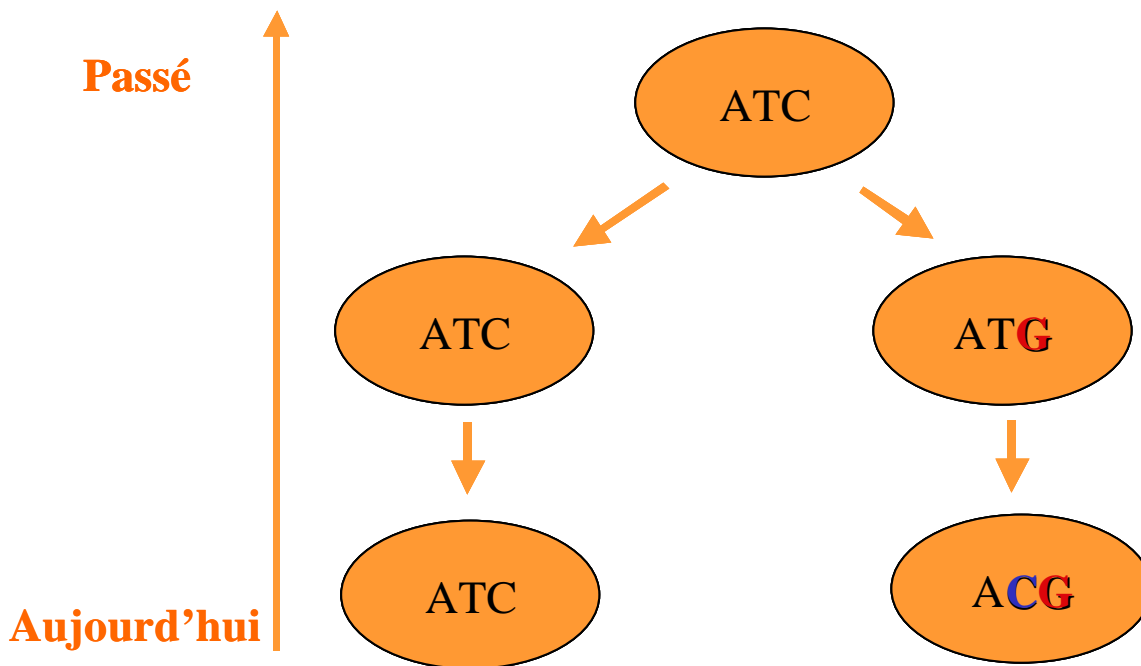
Ce qu'on étudie en génétique des populations (figure 3), ce sont des polymorphismes (mutations).

Figure 3



A droite de la figure 3, apparaît une photo d'ADN ; à gauche c'est le chemin simplifié pour comprendre ce que sont les bases et une mutation. Une mutation est un changement de base qui peut parfois être pathogénique, c'est à dire entraîner un dysfonctionnement d'une fonction physiologique, ou bien ne rien provoquer du tout, et cela reste un polymorphisme. En génétique des populations, on compare ces polymorphismes (figure 4).

Figure 4



Prenons la population A qui a un génome A, T, C et la population B qui a un génome A, C, G... On peut revenir en arrière et voir que la population A, C, G provient d'une population qui était A, T, G et ainsi reconstruire le passé. On peut donc étudier les populations européennes actuelles, et retrouver leurs ancêtres, en comparant les populations proches, celles plus lointaines, pour éventuellement arriver à une population virtuelle qui n'existe plus.

Les deux outils les plus utilisés à cet effet en génétique des populations sont l'ADN mitochondrial et le chromosome Y. Pourquoi ?

L'ADN mitochondrial (figure 5) ne fait pas partie du génome nucléaire (constitué des 22 chromosomes autosomes et des 2 chromosomes sexuels). C'est un petit morceau d'ADN circulaire dont la fonction est de donner de l'énergie à nos cellules afin qu'elles puissent survivre. C'est un petit morceau d'ADN indépendant, un génome, transmis exclusivement par la mère. Si mon père est hongrois, et ma mère basque, mon ADN mitochondrial ressemblera théoriquement à l'ADN mitochondrial basque.

Le chromosome Y (figure 6) détermine, comme vous le savez, le sexe masculin, il est transmis par le père et seuls les hommes possèdent ce chromosome.

Figure 5

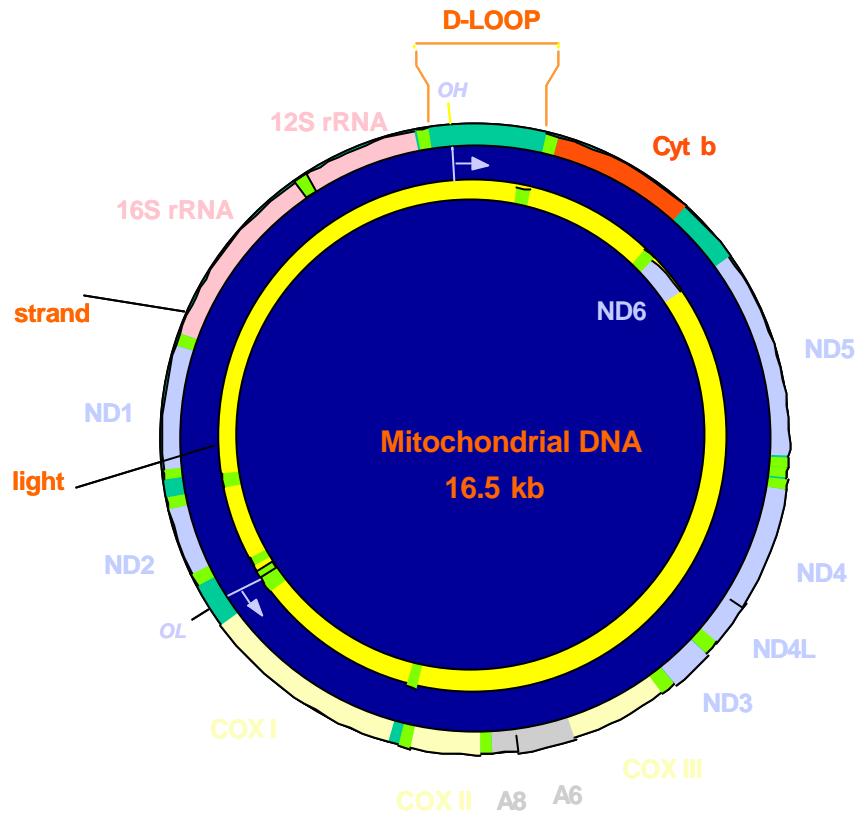
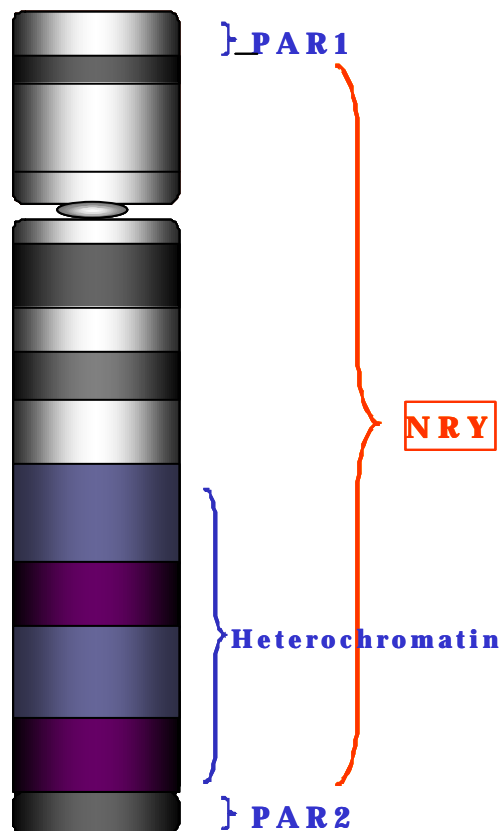
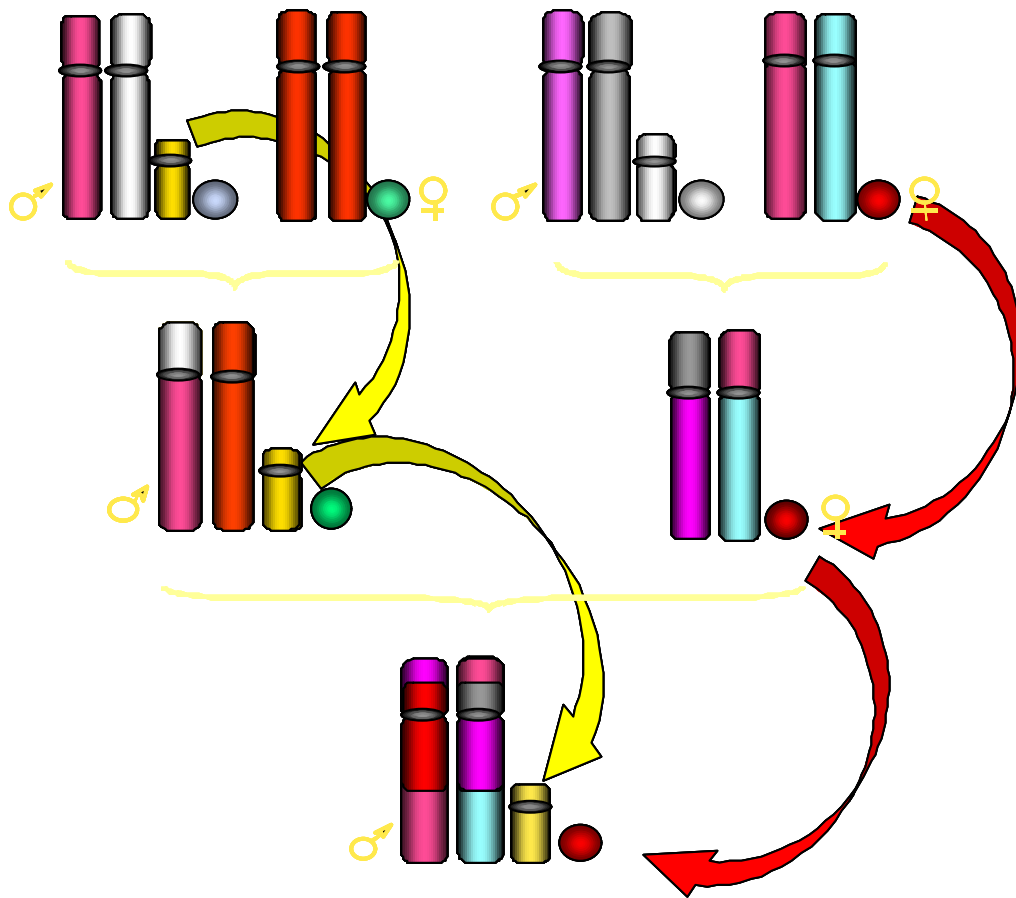


Figure 6



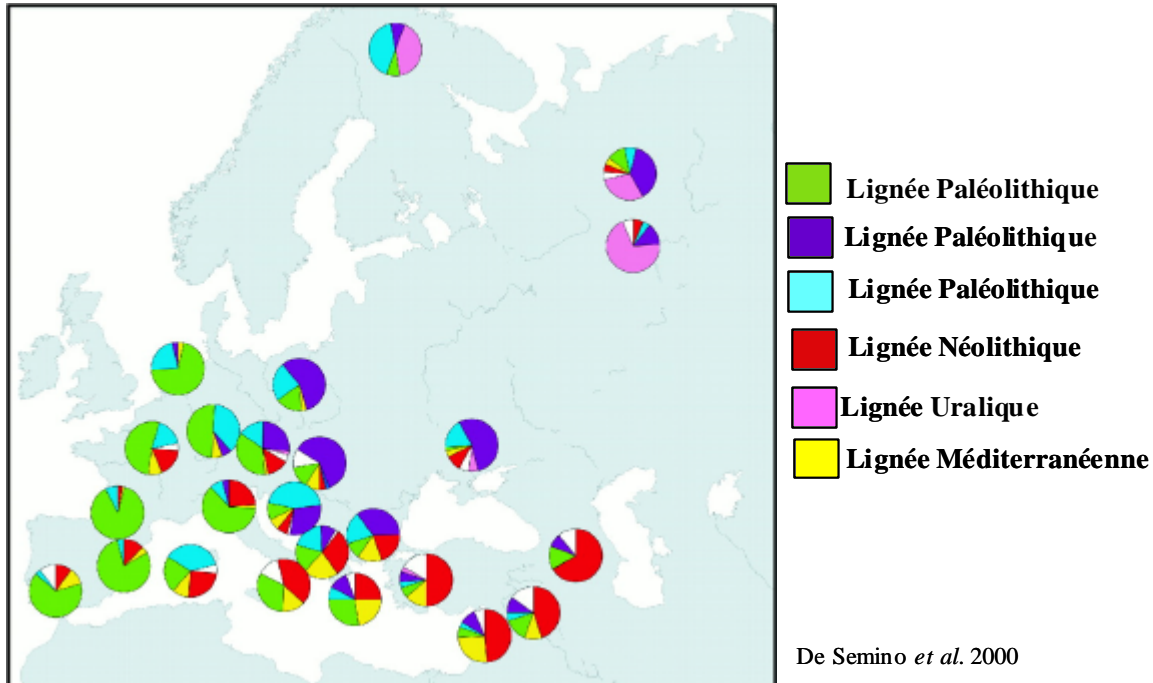
Pourquoi ces outils sont-ils intéressants en génétique des populations ? Ils permettent d'identifier directement les ancêtres maternels d'un côté, et paternels de l'autre (figure 7).

Figure 7



La carte suivante (8) retrace les données du chromosome Y sur le peuplement de l'Europe.

Carte 8



Les cercles de couleurs différentes montrent la composition mâle spécifique des Européens actuels. Les couleurs représentent des lignes dont je vous expliquerai plus tard les origines chronologiques.

Il est important de savoir que les populations d'Europe de l'ouest ont majoritairement des chromosomes Y appartenant à une lignée d'origine paléolithique, c'est à dire pré-néolithique, pré-agricultrice et pré-indo-européenne. Première remarque intéressante : la population basque est celle qui présente la fréquence la plus élevée de cette « lignée paléolithique » (en couleur verte)

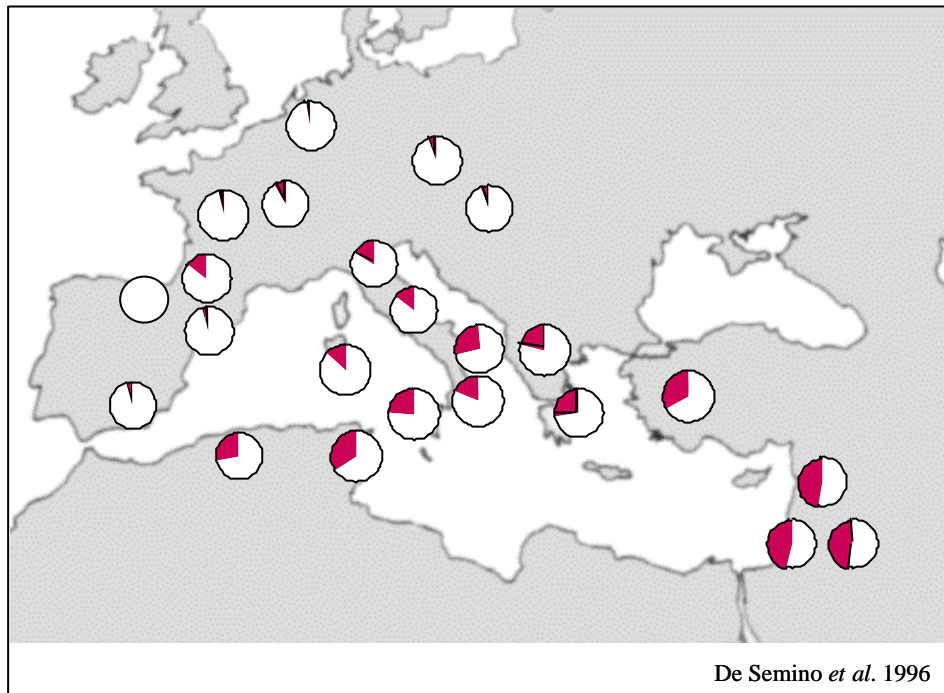
Seconde remarque intéressante : la couleur rouge (lignée néolithique) présente la fréquence la plus élevée au Moyen Orient. Et plus nous allons vers l'Europe de l'ouest, plus cette fréquence diminue proportionnellement. Cette lignée, sur la base de sa fréquence de distribution et de sa datation (on peut aujourd'hui dater ces lignées avec des méthodes assez fiables), semblerait avoir subi des expansions principalement au néolithique. Elle serait donc une des lignées transmises par les agriculteurs venant du Moyen Orient. Elle est très peu représentée dans la population basque.

Sur la carte suivante (9), on voit la distribution de la lignée appelée « haplogroupe 9 », d'origine moyen-orientale, qui se serait déplacée avec l'agriculture vers l'ouest de l'Europe.

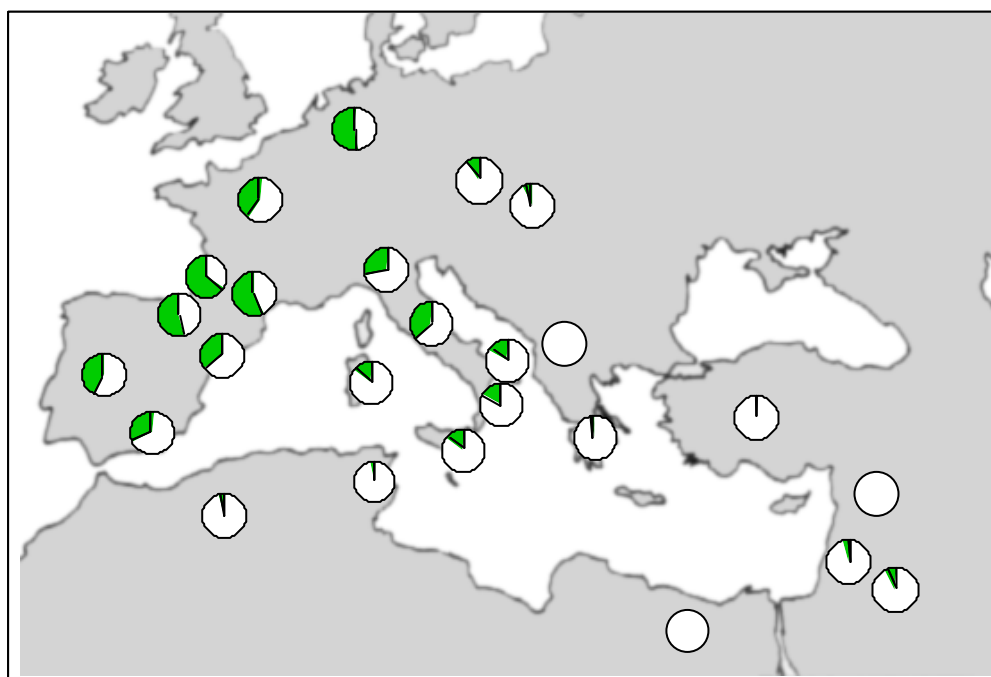
Il est intéressant de voir que cette lignée n'est pas présente en Pays Basque sud et qu'elle ne l'est qu'avec une faible fréquence en Pays Basque nord. Ceci ne voulant pas dire que la population du Pays Basque sud ne comporte pas cette lignée, mais tout simplement que nous n'en avons pas trouvé sur l'échantillon utilisé ici.

La carte 10 montre un négatif de la carte précédente, c'est à dire la distribution de la lignée dites « 1 » qui semblerait trouver une origine pendant le paléolithique. Comme on le voit, cette distribution est représentée avec les fréquences les plus élevées chez les Basques du sud et du nord, et dans la population du Béarn. Cette lignée constitue en quelque sorte la lignée relique de ce que devait être le pool génétique, le patrimoine génétique des populations européennes avant l'arrivée des agriculteurs du Moyen Orient.

Carte 9



Carte 10

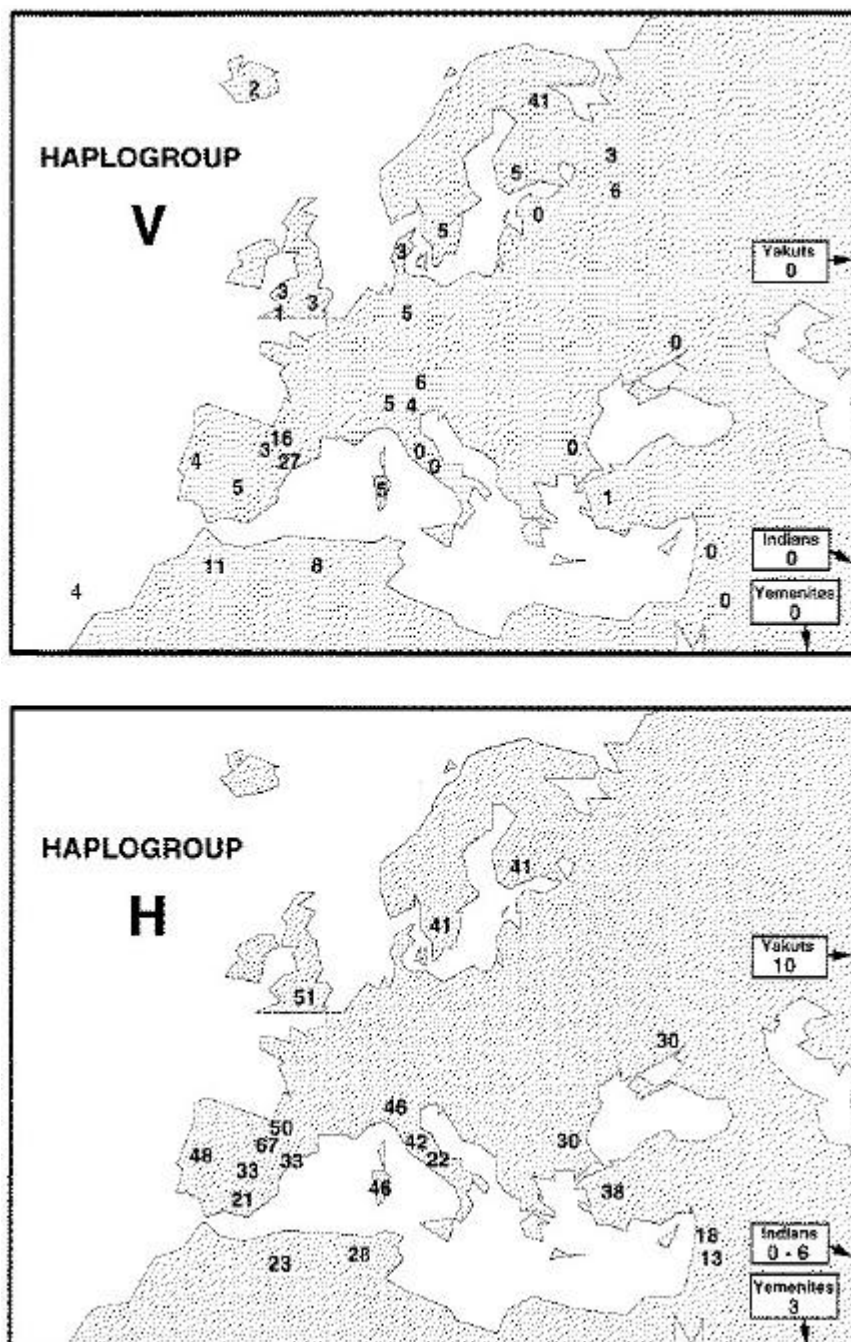


Et que nous raconte l'histoire des femmes ?

Les femmes bougent souvent avec les hommes, même s'il y a des exceptionnelles mouvements de populations différentiels entre femmes et hommes. Il est donc intéressant d'étudier le chromosome Y et l'ADN mitochondrial (car ils nous souvent racontent la même histoire, à quelques exceptions près).

Les données de l'ADN mitochondrial apparaissent sur la figure 11, avec la lignée appelée « haplogroup V », d'environ il y a 15000ans... Les données sur cette lignée suggèrent qu'il pourrait avoir son origine dans la région aquitano-pyrénéenne. On sait aussi qu'il y a un vieux marqueur européen appelé haplogroup H (figure 12), qui a à peu près 23 000 ans, et que l'on trouve également à des fréquences très élevées dans la région aquitano-pyrénéenne .

Figure 11 (Torroni et al. 1998)



Que peut-on en déduire ?

L'Europe a été colonisée entre 35000-50000 ans (la population d'origine paléolithique avait des densités de populations très basses). Il y eut, entre 13000 et 20000 ans, un froid très important en Europe (glaciation) qui a fait que les populations ont reculé et se sont réfugiées dans deux endroits de l'Europe : la région aquitano-pyrénéenne, et l'Ukraine et les pays des Balkans. Pendant longtemps, l'Europe a été complètement désertée au profit de ces deux refuges où il faisait assez bon vivre. Dans la région aquitano-pyrénéenne, est apparue cette mutation qu'on appelle la mutation V. A la fin de la période glaciaire, les gens ont recolonisé l'Europe en emmenant cette nouvelle mutation originaire de la région basque (cf. zone foncée de la figure 14).

Figure 13 (Torrioni et al. 1998)

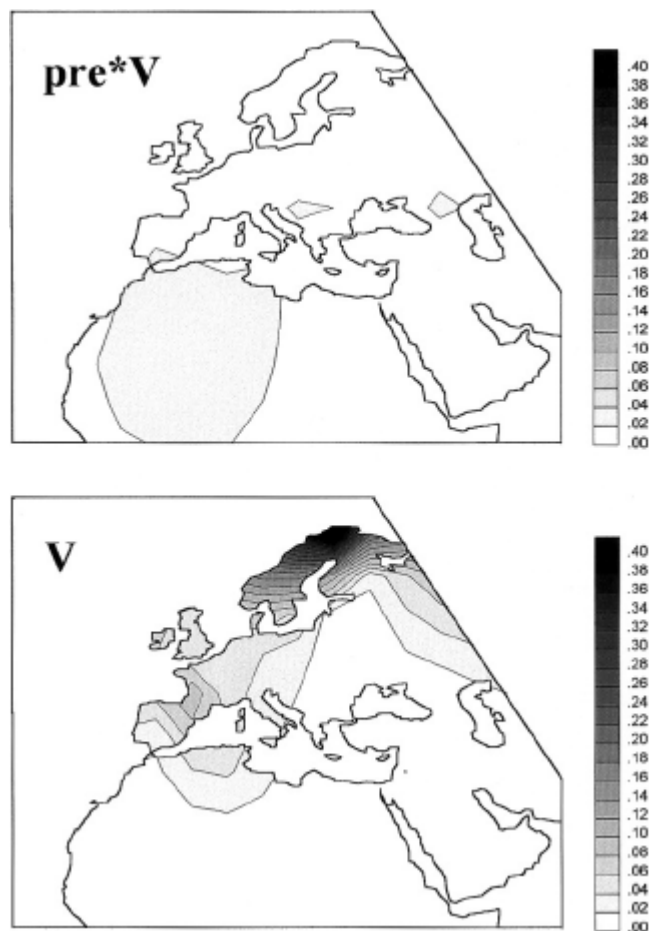


Figure 14

Telles sont donc brièvement présentées les conclusions que nous pouvons tirer des données génétiques fournies par les marqueurs classiques (groupes sanguins, ADN mitochondrial, chromosome Y). Nous les résumons :

- pendant la dernière glaciation, la région basque était utilisée comme refuge par les anciennes populations européennes ;
- une migration non négligeable des populations habitant la région s'est effectuée vers l'Europe du nord il y a environ 13000 ans
- en conclusion, on peut dire, sur la base des marqueurs génétiques utilisés, que la population basque est celle qui a gardé le plus fidèlement possible le patrimoine génétique typique des anciennes populations européennes avant l'arrivée des agriculteurs du Moyen Orient. Cela ne veut pas dire que les basques sont très différents des autres populations européennes mais que pour plusieurs raisons - culturelles, géographiques, linguistiques- elles ont le mieux conservé ce qui devait être le patrimoine génétique des anciennes populations européennes.

On peut par conséquent dire que les basques sont de très 'bons' européens !