

La diversité humaine à la banque

Autor(en): **[s.n.]**

Objekttyp: **Article**

Zeitschrift: **Horizons : le magazine suisse de la recherche scientifique**

Band (Jahr): **- (1992)**

Heft 15

PDF erstellt am: **16.04.2024**

Persistenter Link: <https://doi.org/10.5169/seals-971537>

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern.

Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden.

Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

Haftungsausschluss

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

La diversité humaine à la banque

Des chercheurs ont commencé à mettre en banque le patrimoine génétique de l'humanité. Des milliards de globules blancs, prélevés dans le sang de Français, de Chinois ou de Pygmées sont déjà en hibernation. A l'horizon, un outil sans égal pour écrire les pages manquantes de l'Histoire.

Races humaines. Le concept est pratiquement banni du vocabulaire des scientifiques depuis la fin de la Deuxième guerre mondiale, suite aux crimes qui ont été commis «au nom de la race». Mais une chose est sûre : la diversité humaine existe, et elle se mesure dans le patrimoine génétique des populations – le fameux ADN. Mais attention, il n'est pas question de gènes propres aux Blancs, aux Jaunes ou aux Noirs. Jusqu'ici, on n'en a pas trouvé un seul qui soit présent chez tous les individus d'une soit-disante «race» et absent chez toutes les autres.

Il n'y a d'ailleurs aucune raison, puisque nous sommes tous apparentés. On sait en effet que les hommes modernes n'ont pas surgi simultanément sur toute la planète : l'évolution les a fait apparaître quelque part en Afrique ou au Moyen-Orient, il y a seulement 100 000 ans. Ils ont ensuite envahi de proche en proche les continents et les archipels océaniques, jusqu'à peupler toute la planète.

Migrations, isolement, et sélection par l'environnement ont peu à peu donné aux différentes ethnies des caractères de groupe. Par exemple, les Fuégiens (habitants de la Terre-de-Feu aujourd'hui pratiquement décimés) pouvaient vivre quasi-nus dans un climat sub-polaire. En Afrique, des tribus ont développé des résistances contre la malaria. Et au Japon, la majorité de la population ne digère plus le lait à l'âge adulte, contrairement à la plupart des Occidentaux.

Les différences qui intéressent les généticiens des populations sont au niveau de caractères encore plus subtils : les groupes et sous-groupes sanguins, ainsi que le fameux système «HLA», qui joue notamment un rôle dans l'acceptation ou le rejet d'une greffe d'organe. En effet, les

globules rouges et les globules blancs présentent de nombreux caractères dont l'assemblage est unique à un individu. Certains de ces caractères se retrouvent plus fréquemment chez un peuple que chez un autre – ce sont d'excellents révélateurs de leur parenté.

Pour étudier cette diversité humaine – qui est le reflet de l'histoire du peuplement de la Terre – l'équipe du Prof. André Langaney, du Laboratoire de Génétique et de Biométrie à l'Université de Genève, s'est lancée dans un projet baptisé *Polymorphisme moléculaire et histoire du*

peuplement humain. Imaginé en 1983 avec le Prof. Luigi Luca Cavalli-Sforza de l'Université de Stanford (Californie), ce projet ambitieux de créer des «banques de génomes», qui rassembleront le patrimoine héréditaire (ou «génomique») d'une centaine de populations des quatre coins du monde. Chaque banque devrait comprendre idéalement 200 sujets, puisqu'un seul individu n'est jamais représentatif de sa communauté.

A l'heure actuelle, il existe déjà une douzaine de banques de génomes, mais la plupart sont loin d'avoir les 200 individus escomptés. A

Stanford sont ainsi stockés des millions de globules blancs, tirés du sang de Pygmées du Zaïre et de la République centrafricaine, ainsi que de Chinois et d'Européens. Pour sa part, avec l'aide du Fonds national suisse de la recherche scientifique, l'équipe du Prof. Langaney a porté son dévolu sur une population de Malinkés du Sénégal, une ethnie représentative de l'Ouest africain avec qui les chercheurs ont des contacts amicaux depuis une vingtaine d'années. Les villageois, qui ont souvent apprécié l'aide médicale des chercheurs, n'ont d'ailleurs pas hésité à leur offrir quelques



Cette Sénégalaise vient de céder quelques millilitres de son sang pour la recherche sur la diversité humaine

millilitres de leur sang, afin de créer la banque de génomes la plus riche du monde...

Tout commence en janvier 1990, lorsque Laurent Excoffier et André Langaney débarquent un vendredi soir dans le village de Batranké pour organiser l'opération. Température : 40°C. Dans ces conditions, il faut faire vite : 48 heures après les prises de sang, les échantillons mis en glacière doivent impérativement arriver au laboratoire d'immunologie de l'Hôpital cantonal de Genève. Un pont aérien est donc établi depuis Dakar, via Paris. A Genève, en collaboration avec le service du Prof. Michel Jeannet, les globules blancs du sang sont isolés par centrifugation, stockés dans des éprouvettes, puis plongés dans un bain d'azote liquide à -70°C.

Durant quatre autres week-ends, les chercheurs recommenceront cette course contre la montre. Avec succès, puisque seuls 5 échantillons de sang sur 205 seront perdus.

Quelques mois plus tard, échantillon après échantillon, les globules ont été tirés de leur léthargie glacée, et placés dans un milieu de culture. Les biologistes les ont alors rendus immortels, en les infectant avec un virus qui provoque la multiplication infinie des cellules. Une partie des globules a finalement rejoint l'azote liquide, l'autre est entrée dans le long processus d'extraction d'ADN – de quoi mener aujourd'hui des dizaines d'études génétiques. Et pas seulement sur la diversité humaine.

On sait que certaines maladies apparaissent plus fréquemment dans certaines populations que dans d'autres. Les cancers du nez et du pharynx sont, par exemple, plus courants en Chine qu'ailleurs ; les Ecossais sont, eux, très sensibles au cancer de la peau ; et les femmes Parsi (Inde) s'avèrent particulièrement sujettes au cancer du sein. Ainsi, disposer de l'ADN d'un vaste groupe d'individus est le seul moyen de comprendre l'origine génétique d'une maladie – une des clés pour la combattre.

Désormais, chaque fois qu'un chercheur s'intéressera au génome des Malinkés, il n'aura plus besoin de se rendre au Sénégal... mais au frigo ! L'«opération-Malinké» a surtout prouvé que la réalisation des banques de génomes est possible à une vaste échelle, et que les techniques sont au point. L'idée vient d'ailleurs de séduire la Commission HUGO, un collège de scientifiques de toute la planète qui dirige la fameuse aventure du «Génome humain» : décrypter les trois milliards d'informations génétiques d'un même individu (tous ses chromosomes). Depuis le lancement du projet en 1987, la Commission a réduit ses ambitions et décidé d'accorder une partie de son énorme budget (un milliard de dollars) à l'étude du polymorphisme humain. On compte notamment sur ces banques de génomes, et sur les progrès de la biologie moléculaire, pour écrire les pages manquantes de l'histoire des grandes migrations humaines qui ont laissé des traces dans nos gènes.

Les gènes savent la géographie

Superposé sur une carte du monde, ce graphique regroupe des populations de toute la planète, placées suivant leurs affinités génétiques. Bien sûr, il n'a pas été possible de comparer l'ensemble du génome. Alicia Sanchez-Mazas, de l'Université de Genève, a considéré uniquement deux gènes du système immunologique «HLA», qui jouent notamment un rôle dans l'acceptation d'une greffe d'organe par un individu.

Les deux gènes HLA-A et HLA-B existent respectivement sous vingt et quarante *allèles* (configurations différentes). Mais chaque individu ne possède – au maximum – que quatre allèles différents.

Sur le graphique, deux populations sont d'autant plus proches (et donc apparentées) que les différents allèles apparaissent avec des fréquences identiques.

La concordance entre la carte de distance génétique et la carte géographique confirme que l'on peut étudier l'histoire du peuplement humain en analysant les gènes.

