

L'homme moderne : généralement monogame, modérément polygame

MARDI, 02 MARS 2010 10:41 COMMUNIQUÉ



Les femmes et les hommes ont-ils contribué également au bagage génétique des populations humaines contemporaines? Les ancêtres de l'Homo sapiens, l'homme moderne, étaient-ils plutôt polygames ou monogames? Pour répondre à ces questions, le Dr Damian Labuda, scientifique au Centre de recherche du CHU Sainte-Justine et professeur au Département de pédiatrie de l'Université de Montréal et ses collègues, ont analysé les données génomiques de trois échantillons de populations d'origine africaine, asiatique et européenne. Les résultats de cette étude sont publiés dans la récente édition de la revue *The American Journal of Human Genetics*.

Histoire génétique des populations

Dans une population strictement monogame, on s'attend à retrouver le même nombre de femmes que d'hommes participant à la reproduction et donc, un sexe-ratio de reproduction d'une femme pour un homme. Dans une population où les hommes ont plus d'une femme, plus de femmes que d'hommes contribuent à la reproduction et ainsi, le ratio de reproduction devient plus grand que 1. Les auteurs de cette étude ont estimé un ratio de reproduction variant entre 1,1 et 1,4, selon la population : 1.1 en Asie, 1.3 en Europe et 1.4 en Afrique.

L'homme moderne, l'Homo Sapiens, aurait donc été généralement monogame tout en montrant des tendances à la polygamie au cours de son histoire évolutive. Ces résultats sont en accord avec les études de psychologie évolutive et d'anthropologie décrivant les populations humaines contemporaines.



Dr
Damian
Labuda

Une méthode d'analyse innovatrice

Pour estimer le sexe-ratio de reproduction à partir de données génomiques, les auteurs ont élaboré une nouvelle méthode qui tire profit du fait que les femmes portent deux chromosomes X, alors que les hommes n'en portent qu'un seul. Par conséquent, durant le processus de la recombinaison, les chromosomes X ne peuvent échanger leur information génétique que chez la femme.

Un excès de femmes participant à la reproduction cause un excès de signaux génétiques de la recombinaison au niveau des chromosomes X qui peut-être quantifié. Cette nouvelle méthode est plus fiable que les approches précédentes qui quantifiaient le ratio de reproduction d'une autre façon. Elle pourra être appliquée à toute autre espèce pour laquelle les données sur la diversité génomique sont disponibles.

« Nos résultats permettent de mieux comprendre la structure génétique des populations, ce qui démontre encore une fois l'importance de la génomique des populations en épidémiologie génétique. Avec cette nouvelle approche, nous sommes à même d'analyser le rapport homme-femme dans l'histoire de l'humanité et ainsi de mieux nous comprendre par la connaissance de notre passé, », explique le Dr Damian Labuda.

Partenaires de recherche :

Cette étude a été financée par Génome Québec, Génome Canada et les Instituts de recherche en santé du Canada.

À propos de l'étude :

L'article, « Female-to-Male Breeding Ratio in Modern Humans – an Analysis Based on Historical Recombinations, » publié dans la revue *The American Journal of Human Genetics* est signé par Damian Labuda, Jean-François Lefebvre, Philippe Nadeau et Marie-Hélène Roy-Gagnon du CHU Sainte-Justine et de l'Université de Montréal.

Sur le Web :

Article paru dans [The American Journal of Human Genetics](#)
[CHU Sainte-Justine](#)
[Faculté de médecine de l'Université de Montréal](#)

Source :

Nicole Saint-Pierre
CHU Sainte-Justine
Téléphone : 514 345-4931 poste 2555
Courriel : nicole_saint-pierre@ssss.gouv.qc.ca

Personne-ressource auprès des médias :

Mélanie Dallaire
CHU Sainte-Justine
Téléphone : 514 345-7707
Courriel : melanie.dallaire.hsj@ssss.gouv.qc.ca