

Anthropologie physique

M. Jacques RUFFIÉ, professeur

Poursuivant l'étude de l'évolution animale sous tous ses aspects nous avons abordé cette année l'étude des comportements qui constituent le troisième volet de l'adaptation, celui qui se situe immédiatement à l'interface individu/milieu. Poussé par les exigences de son environnement, le vivant « essaie » d'abord de répondre en modifiant son mode d'existence, ses habitudes, les gestes qui le relie à ses congénères (structures sociales) et d'une façon générale, tout ce qui l'entoure. Ces modifications éthologiques se situent dans une « fourchette » génétiquement déterminée, et qu'elles ne dépassent pas. Lorsque ces modifications sont insuffisantes, le groupe fait appel à des transformations des fonctions physiologiques afin d'exploiter suffisamment sa niche pour survivre et se reproduire. Ces transformations peuvent être soit acquises (sous l'effet de l'entraînement) et demeurer réversibles — c'est l'*acclimatation* — soit devenir irréversibles en suite de leur intégration dans le patrimoine génétique (par mutations ou recombinaisons de ce patrimoine triées par la sélection). Il s'agit de l'*adaptation* proprement dite (*stricto sensu*) transmissible de générations en générations. On peut admettre alors, et alors seulement, qu'est née une espèce nouvelle, interstérile vis-à-vis du groupe parental qui lui a donné naissance. Cet isolement sexuel doit être étudié dans les conditions de nature, ce qui ne rend pas toujours son observation aisée. Par contre, chez des animaux en captivité, l'intergradation génique interspécifique spontanée est parfois notée. Il est possible (mais non constant) que les produits ainsi obtenus (hybridation vraie) soient stériles. Toutefois, on peut maintenant obtenir, de façon expérimentale, par recombinaison génétique, des animaux transgéniques qui constituent de vraies espèces nouvelles — donnant lieu à descendance. L'analyse des aptitudes et des performances de ces animaux transgéniques sera très utile pour connaître les facteurs d'éthologie.

Le comportement d'un individu constitue un véritable phénotype, dans lequel il est parfois difficile de faire la part de l'acquis et celle de l'inné. L'analyse des marqueurs sanguins, la carte des caryotypes et, plus encore, l'étude de séquences chromosomiques privilégiées pour lesquelles on dispose

de sondes radioactives permet dans quelques cas favorables de tracer la ligne de démarcation entre les deux.

Le cours actuel et ceux des deux prochaines années vont se proposer d'examiner la perte respective de l'inné et de l'acquis — en suivant la voie de la phylogénie.

Dès maintenant, deux remarques s'imposent :

1) D'une façon constante, chaque comportement est un mélange — parfois inextricable, d'inné et d'acquis, (en effet, si un geste n'est pas génétiquement programmé, l'aptitude à son apprentissage paraît toujours ressortir à l'inné). Pour prendre une comparaison triviale nous dirons que la valeur d'une surface est le produit de sa largeur et de sa longueur soit $S = a \times b$. Les mêmes valeurs de S peuvent être données par des chiffres de a et b très différents : allant du carré parfait $a = b$ à un rectangle de longueur presque infinie $a > b$ (où $b = \infty$). Malheureusement, le degré d'incertitude des paramètres retenus est telle que ces derniers ne sont pas toujours faciles à quantifier d'une façon stricte — d'où la complexité de mettre en place un modèle mathématique généralisable.

2) Si l'on suit la voie phylogénique, le sens de l'évolution témoigne — d'une façon constante — du recul des comportements innés au profit de l'acquis. Seul, le règne bactérien semble montrer des comportements purement innés, dictés par des programmes génétiques soit à action constante, soit mis en route (déréprimés), par l'action de l'environnement — c'est-à-dire surtout par des substances à cataboliser. Chez *Escherichia coli*, les enzymes assurant la dégradation du glucose sont synthétisées en permanence. C'est ce que l'on appelait naguère des *enzymes de constitution*. Par contre, les enzymes capables d'utiliser le lactose n'apparaissent que lorsque le substrat est privé de glucose mais riche en lactose (appelés autrefois *enzymes d'adaptation*). Il ne s'agit pas d'un comportement acquis par la bactérie, d'un « choix » effectué en faveur de la seule substance catabolisable, mais — comme l'ont démontré Jacob et Monod — d'un phénomène purement biochimique, d'une chaîne de synthèse réprimée jusque-là, et qui tout à coup se met en action. Il n'existe aucun but — mais une conséquence qui revient à « répondre » à une nécessité. Ce sont des mécanismes mis en place par la sélection naturelle.

A mesure que l'on franchit les stades évolutifs, l'emprise des programmes innés recule au profit de l'acquis, d'abord sous forme d'apprentissage plus ou moins vite mémorisé selon le développement de l'appareil nerveux, puis, avec la croissance de la conscience individuelle, sous forme de choix librement consentis. Ainsi l'on peut dire que l'évolution comportementale représente une marche vers la conscience et la liberté. Chez la *sapiens*, le psychisme est tel que la liberté de choix s'accompagne de responsabilité. L'homme est un animal social. N'ayant guère de règles (ou bien peu) inscrites dans son

patrimoine génétique (contrairement aux sociétés d'invertébrés), il doit les définir lui-même et veiller à les suivre. Une société humaine sans lois ne serait pas viable et aurait tôt fait de disparaître : car son patrimoine héréditaire seul n'est pas capable — sur le plan comportemental — d'assurer sa survie.

A quand remonte l'origine de l'acquis ?

Très tôt — semble-t-il : dès le stade protiste : c'est-à-dire eucaryote. Les ciliés sont déjà capables d'apprentissage (choix de plus en plus sélectif entre levures — dont ils sont friands — et grains de carmin — dépourvus de valeur nutritive, qu'ils ingèrent au début systématiquement puis finissent par rejeter de manière non moins systématique).

Possibilités de créer des réflexes conditionnés (rayon lumineux et choc électrique pour les espèces à phototropisme positif) etc.

Les métazoaires diblastiques (Cnidaires, Cténaïres) animaux à symétrie rayonnée, ont eux aussi la possibilité d'apprendre (choix de nourriture acquis après des essais multiples de réussites et d'erreurs) ; ils présentent un début de mémoire associative.

En outre, le phénomène d'habituation (efficacité de plus en plus faible de stimuli trop souvent répétés — phénomène non assimilable à la fatigue) fait son apparition.

Chez les vers, les réflexes conditionnés existent. Les vers plats libres (formes non parasites, qui ont conservé toutes leurs facultés sensori-motrices et présentent un développement de leur système nerveux central bien plus considérable que celui des groupes précédents) révèlent des phénomènes notables de mémorisation — avec oubli progressif lorsque le stimulus qui les avait provoqués disparaît. Mais possibilité « d'enseigner » des formes naïves à partir d'adultes éduqués. *Convoluta roscoffensis* par exemple mémorisent les rythmes et le temps, tout comme le font de nombreux annélides marins qui présentent à la fois des comportements génétiquement programmés (au même titre qu'un cœur de vertébrés) non écodépendants, et des comportements environnementaux-dépendants, tel le vulgaire lombric susceptible de répondre au test d'un labyrinthe simple (en T).

Les Mollusques nous montrent que le développement des acquisitions et le recul de l'emprise génétique, s'il caractérise l'ensemble phylogénique — se retrouve en fait dans chaque lignée. Les bivalves (huîtres, palourdes, moules etc.) ont surtout des comportements innés, assez peu modifiables par l'éducation. Les gastéropodes sont davantage éducatibles, alors que les céphalopodes, pourvus d'un véritable cerveau enfermé dans une « boîte crânienne » cartilagineuse sont capables de reconnaissance multiples et de stratégies complexes,

qui permettent, sur le plan psychique, de les comparer aux vertébrés inférieurs.

En résumé, l'acquisition de comportements acquis commence très tôt dans le règne animal puisqu'il apparaît chez les premiers eucaryotes. Ils se révèlent en une portion qui va croissante à mesure que l'on s'élève dans l'échelle phylogénique (comme nous le verrons dans le cours de 1989-1990 consacré aux invertébrés sociaux et dans celui de 1990-1991 consacré aux Vertébrés et surtout à l'homme). Ils expliquent le mode de vie de chaque groupe animal et son adaptation à la niche écologique tout comme son adaptabilité rapide à tout changement de la pression sélective. A ce point de vue, si le programme génétique emprisonne l'individu, le système nerveux central le libère.

J.R.

SÉMINAIRES

(avec la collaboration de Ph. ROUGER)

- Les dimensions de l'Anthropologie moderne.
- Mutations naturelles et mutations dirigées.
- Le génome humain : ses implications anthropologiques.
- Les cellules transformées : unité de production.
- Les protéines de génie cellulaire.
- L'approche vaccinale des biotechnologies.
- La biologie moléculaire en Médecine.
- Les gènes en action.
- Apport des groupes sanguins à la biologie.

TRAVAUX DU LABORATOIRE

Les travaux du laboratoire ont continué à se poursuivre dans trois secteurs différents. Les principaux résultats ont été exposés dans des séminaires.

Thèmes suivis :

- A) Immunologie et immunogénétique (essentiellement au moyen d'anticorps monoclonaux).
- B) Polymorphisme de l'ADN dans les populations humaines et les primates non-hominiens.
- C) Transmission des caractères culturels et hérédité des traits biologiques.

A - IMMUNOLOGIE ET IMMUNOGÉNÉTIQUE

I - ANTICORPS MONOCLONAUX

Anticorps monoclonaux murins dirigés contre les fractions C3 et C4 du complément.

Nous avons poursuivi notre programme de recherche d'anticorps anti-C3d en réalisant d'autres fusions à partir de souris Balb/c femelles immunisées avec la fraction C3d purifiée.

Le test de dépistage est réalisé en hémagglutination vis-à-vis de :

- 1) hématies revêtues de C3d (fixation in vitro) GR (Hauptamn-Lachman) — GR (Anti-Lewis).
- 2) hématies de sujets atteints d'anémie hémolytique auto-immune de type complément.

Récapitulatif des 11 fusions effectuées depuis le début de cette étude.

Résultats

- Deux anticorps issus de la 1^{re} série de fusions présentent une spécificité anti C4b.
- Huit anticorps issus de la 2^e série présentent une spécificité anti C3d.
- La spécificité de 3 d'entre eux est en cours d'étude avec le D^r Merry (B.G.R.L., Oxford).

Etude de la réactivité d'un anticorps polyclonal anti-idiotypique dirigé contre un anticorps monoclonal murin anti-A

Nous avons étudié en I.F., la réactivité de cet anticorps de lapin anti-idiotypique (Ab2) vis-à-vis d'une batterie de 48 anticorps monoclonaux anti-H, anti-B, anti-A, B anti-H, eux-mêmes fixes sur les antigènes exprimés sur des tissus (tissu rénal d'un sujet A2 B, Se/-, Le/-).

Dans les techniques d'immunoprécipitation usuelles, cet Ab2 ne reconnaissait que l'Ig contre laquelle il était dirigé et 2 autres anticorps anti-A de réactivité très proche (groupe Ic du W.S.). Ces 3 anticorps possèdent une spécificité restreinte aux déterminants monofucosyles de type 2, 6, (et 1 faiblement).

Dans le système que nous avons utilisé, cet Ab2, se fixe sur 6 des 21 anticorps anti-A, 8 des 13 réactifs anti-B, 7 des 8 réactifs anti-A B et 3 des 6 réactifs anti-H testés.

L'analyse de la spécificité de ces anticorps vis-à-vis des antigènes salivaires tissulaires, et des antigènes synthétiques montre :

- 1) Que les anticorps anti-A, anti-B et anti-A, B reconnus ne sont pas ou faiblement inhibés par la salive des sujets sécréteurs.
- 2) Ces mêmes anticorps ne se fixent que sur les couches cellulaires basales ou suprabasales de la muqueuse urothéliale des sujets AIB, Se/-, Le/-.
- 3) Aucun de ces anticorps ne se fixe de façon significative sur les antigènes difucosyles de type 1 et 2.
- 4) Seuls sont reconnus les réactifs anti-H capables de se fixer sur le tetra saccharide A type 2.

Ces résultats suggèrent que cet Ab2 est essentiellement dirigé contre les immunoglobulines les plus spécifiques des tetrasaccharides monofucosylés A et B de type 2. La réactivité de cet anticorps anti-idiotypique qui reconnaît des Ig de spécificité différente n'est surprenante que si l'on raisonne en termes de sérologie. En effet, il est possible d'imaginer dans la mesure où cet Ab2 est essentiellement dirigé contre des déterminants paratopiques, que les structures tri-dimensionnelles des paratopes retrouvés sur les anticorps anti-A, anti-B, anti-A, B et anti-H spécifiques des antigènes monofucosylés de type 2 soient beaucoup plus proches entre elles que celles des anticorps anti-A dirigés contre ces mêmes déterminants et ces réactifs anti-spécifiques des antigènes de type 3/4, ou capable de se fixer sur des déterminants difucosylés.

II - IMMUNOGÉNÉTIQUE

I - *Expression des antigènes HLA de classe I sur les allogreffes de cœur*

Une étude préliminaire avait déjà montré que, contrairement à ce qui avait été observé au niveau du tissu cardiaque normal, les antigènes HLA de classe I pouvaient être exprimés sur la membrane des myocytes des cœurs transplantés.

En effet sur 6 des 16 biopsies examinées, les myocytes avaient été retrouvés plus ou moins fortement marqués par des anticorps monoclonaux dirigés contre la B2-micro-globuline ou les chaînes lourdes des molécules HLA de classe I.

3 catégories de sujets ont donc été distinguées :

- Groupe 1 : 10 sujets non marqués.
- Groupe 2 : 3 sujets faiblement marqués.
- Groupe 3 : 3 sujets fortement marqués.

Après un recul de 2 ans, il nous a été possible d'étudier les éventuelles corrélations entre l'expression de ces marqueurs, les différents paramètres histologiques et l'évolution du greffon.

De plus une forte expression des marqueurs pourrait être corrélée avec une évolution défavorable : 2 des 3 sujets du groupe 3 sont décédés à la suite de complications dues aux phénomènes de rejet et le 3^e sujet a présenté par la suite le nombre le plus important de rejets. Globalement, sur une période de 12 mois la fréquence des épisodes de rejet est environ 3 fois plus importante chez les sujets de groupe 3.

II - *Anticorps monoclonaux murins dirigés contre l'antigène A₁ des globules rouges.*

1) Immunisation de 3 souris balb/c ♀ et de 2 souris Biozzi ♀ avec des hématies A₁ humaines.

2) Tests :

Immunofluorescence indirecte (IFI) sur tissus rénaux de sujets A₁B.

Hémagglutination sur plaque vis-à-vis du GR A₁ et A₂.

TABLEAU RÉCAPITULATIF DES FUSIONS

TABLEAU I

Fusions	Souris	Nombre de puits	Nombre Hybrides	Taux de fusion %	Nombre Hybrides retenus	Nombre Hy clonés
GS1	Biozzi	196	108	55	3	0
GS2	Balb/C	480	116	24	1	0
GS3	Biozzi	240	195	81	2	0
GS4	Balb/C	340	336	98	0	0
GS5	Biozzi	220	169	77	0	0

Aucune lignée n'a été clonée car nous n'avons pu déceler une activité anti A₁ dans les surnageants de culture des lignées retenues.

Les fusions 4 et 5 nous ont permis de sélectionner un sérum de veau fœtal.

III - *Anticorps monoclonaux dirigés contre les antigènes des globules rouges de chimpanzés typés pour les systèmes MN, ABO et Rc*

Nous avons immunisé dix souris Balb/c ♀

— 5 avec des hématies de chimpanzés de phénotypes : A₁ MN R_{cl}.

— 5 avec des hématies de chimpanzés de phénotypes : A₁ MM R_{cl}E_{cl}.

Afin d'essayer d'obtenir des anticorps de spécificités anti A₁, anti Rh (D), anti M et anti N.

TABLEAU II

Fusions	Nombre de puits	Taux de fusion %	Hybrides retenus	Hybrides clonés
RC1	332	97	3	2
RC2	328	83	0	0
RC3	286	96	3	1
RC4	503	96	1	0
RC5	334	96	0	0
RC6	360	98	2	2
RC7	336	98	1	1
RC8	510	97	1	1
RC9	374	100	0	0
RC10	500	98	6	1

Nous avons réalisé 10 fusions dont les résultats sont récapitulés dans le tableau II.

Après ciblage vis-à-vis de GR humains AIMNRh+ et OMN Rh- de 3 963 surnageants de culture issus de ces dix fusions, nous avons retenu 19 cellules hybrides pour leur activité agglutinante.

Ces lignées ont ensuite été testées vis-à-vis d'un panel de GR humains et de chimpanzés. Aucune activité anti Rh (D), anti M ou anti N n'a été observée.

On peut distinguer 3 catégories de lignées sécrétant des anticorps de spécificités différentes, réparties de la manière suivante :

1) Des anticorps semblent présenter une réactivité anti-public dont 2 sont déjà identifiés comme des anti-Rh 29.

2) Des anticorps semblent présenter une activité anti globules rouges de chimpanzés. Des surnageants de culture J8 sont en cours d'étude par le D' Socha (L.E.M.S.I.P., New York University) (N.Y.U.).

3) 3 lignées qui présentent une activité anti-A en cours d'analyse biochimique.

B - POLYMORPHISME DE L'ADN

I - TRAVAUX D'APPLICATION PRATIQUE

Le polymorphisme de l'ADN a été étudié depuis le 1^{er} novembre 1988 au début pour identifier un individu donné dans un but médico-légal. Dans une première étape, nous avons maîtrisé la technique de Southern et l'hybridation. Nous utilisons comme enzyme de restriction PvuII et la sonde 3'HVR qui a

montré un très grand polymorphisme (sonde 3' hypervariable du gène α -globine).

L'hybridation se fait en milieu formamide-sulfate de dextran-5SSC à 42°. Des premiers résultats ont pu être rendus sur plusieurs familles validées, selon une étude en aveugle.

1) les premières familles étudiées ne montrent aucune discordance entre l'ADN d'une part et les autres systèmes d'autre part.

Dans une famille, posant un problème (exclusion du père légal uniquement par deux systèmes Hp et Pi), l'ADN semble exclure également mais les bandes du père présumé et de l'enfant ne diffèrent que d'une centaine de bases. Nous allons reprendre cette famille avec une autre enzyme, Taq 1 pour confirmer le résultat d'exclusion.

2) L'étude du polymorphisme de l'ADN a été entreprise aussi pour résoudre un cas pénal de viol (24 hommes ont été testés en deux séries).

- La première série, de 10 suspects a montré une exclusion claire de ces dix hommes.

- 14 autres hommes également suspects, ont été testés : 1 seul n'est pas clairement exclu (les bandes du fœtus et de cet homme migrant exactement au même niveau (2.8 Kb). Néanmoins, un autre homme n'est pas positivement exclu, ayant une bande à 2.75 Kb. Dans le cas où ce dernier suspect ne serait pas exclu par les autres systèmes, il serait nécessaire de reprendre l'étude en digérant les ADN par une autre enzyme (Taq 1 par exemple).

Il est trop tôt pour apporter des données chiffrées. Cependant, un ordre de grandeur peut être avancé pour la probabilité d'exclusion de ce système : soit aux environs de 90 %.

De plus, aucun de ces individus n'étant apparentés, ils pourront entrer dans une étude de fréquences géniques de la population.

II - TRAVAUX FONDAMENTAUX

Notre but est maintenant de dépasser ce stade pour appliquer l'étude du polymorphisme de l'ADN (à partir des sondes que nous possédons) à l'analyse des principaux groupes de populations humaines. Nous avons dans cette perspective organisé, en coopération avec l'INTS (Institut National de Transfusion Sanguine) un laboratoire entièrement informatisé capable de traiter un nombre relativement élevé de sujets (une cinquantaine par jour).

Une première approche, faite de quelques échantillonnages de caucasoïdes, négroïdes et mongoloïdes prélevés dans des populations déjà étudiées sur le plan immunologique, montre que le polymorphisme révélé à partir de l'ADN

est bien supérieur à celui des marqueurs sanguins (qui sont, en définitive — non de vrais génotypes mais des phénotypes, pouvant correspondre à plusieurs informations synonymes).

Nous souhaiterions ainsi, dans les trois années d'activité qui nous restent — ouvrir la voie à une nouvelle anthropologie de l'ADN appelée à remplacer l'hémotypologie née il y a 30 ans, comme celle-ci s'était substituée à l'étude purement morphologique (surtout osseuse) des individus.

Pour l'an prochain, nous avons programmé une mission dans le Sud-Est asiatique. Nous souhaitons garder pour la fin de l'enquête des groupes plus importants, d'abord facile et sur qui ne pèse aucune menace immédiate (fonte des effectifs, migrations, métissage).

Dans ce travail de préparation, nous procédons d'abord à la localisation des sondes. A ce sujet, la sonde p 49f offre un intérêt tout particulier. En effet, par la technique d'hybridation in situ, la sonde p 49f a pu être localisée sur le bras long du chromosome Y, en position Yq11.2. Sa localisation est importante, puisque située sur la région non-recombinante de l'Y. Les polymorphismes de p 49 peuvent donc être suivis dans les générations père-fils sans crainte d'événements recombinautoires.

L'utilisation des polymorphismes de l'Y a été appliquée aux déterminations de filiations dans les analyses de paternité. Un grand nombre de généalogies ont ainsi été testées, de même qu'une dizaine de cas de filiations contestés ou à vérifier.

Les haplotypes p 49 ont été comparés dans cinq populations africaines (4) Pygmées Aka et M'buitis, et Bantous de République Centre Africaine, du Cameroun et du Zaïre. Les populations Bantoues se ressemblent entre elles, et les Pygmées en sont différenciés : ces derniers se caractérisent par une prépondérance numérique (près d'un tiers de l'effectif) de l'haplotype XIII, haplotype d'abord prédit avant son identification et considéré comme étant primitif d'après une simulation de la filiation haplotypique et l'observation des allèles ancestraux chez le Chimpanzé ; certains haplotypes ne sont de plus représentés que chez les Pygmées, en particulier l'haplotype XVIII, très vraisemblablement au XIII (A3 → A4) encore plus ancien que lui.

En ce qui concerne le matériel de grands primates infra humains, il nous est fourni par le Laboratory of Experimental Medicine and Surgery de la New York University (New York Medical Center) avec lequel se déroule une partie de notre expérimentation immunologique sur les chimpanzés (Singes anthropoïdes les plus proches de l'homme).

C - TRANSMISSION DES CARACTÈRES CULTURELS :
COMPARAISON AVEC L'HÉRÉDITÉ DES FACTEURS BIOLOGIQUES

Cette étude, menée en collaboration avec le laboratoire de Génétique humaine de l'université de Stanford (Professeur Cavalli-Sforza) n'en est encore qu'à ses débuts.

La transmission culturelle est beaucoup plus complexe que l'hérédité biologique, toujours due à deux parents de sexes différents et donnant lieu, chez le *sapiens*, après une longue incubation de 9 mois, à un seul descendant par portée (ce qui limite singulièrement l'effectif de la génération suivante). La transmission culturelle au contraire est rapide (éducation) voire immédiate (information).

Elle peut être le fruit des parents (éducation familiale), de la société (pression de tous sur un seul : par exemple dans la mode) ou influence d'un seul sur tous (prédicateur, homme politique, vedette de la chanson ou du cinéma, etc.). Mais ici, les critères de transmissibilité sont parfois difficiles à définir (choix d'un prénom, adhésion à un parti, pratique d'une religion, d'un sport, morale, comportement alimentaire, sexuel, etc.).

Nous avons commencé par l'étude du caractère culturel qui se rapproche le plus, par sa transmission, des caractères biologiques.

Nous avons entrepris l'étude de la distribution des noms de familles en France pour tenter d'estimer l'hétérogénéité génétique régionale et pour quantifier l'ampleur des flux migratoires entre les régions à la fin du siècle dernier et au début de ce siècle.

La méthodologie est fondée sur le fait qu'un patronyme se transmet comme l'allèle d'un système génétique au multiallélisme très élevé : quelques 300.000 allèles pour un seul locus, sélectivement neutres mais soumis à une dérive aléatoire (modèle de Fisher et Karlin et Mc Gregor).

L'analyse de la distribution des noms de famille permet ainsi de déduire des taux de migration et de rechercher leurs variations en fonction de l'époque, de l'importance géographique des populations ou de leur composante socio-économique.

Les données sont constituées par le nombre et la fréquence des noms de famille survenus dans chaque commune de France, au cours des périodes 1891-1915 d'une part, de 1916-1940 de l'autre.

Le traitement informatique de fichiers aussi importants ne va pas sans quelques problèmes spécifiques qui ont été résolus au cours des derniers mois. La collaboration avec le Laboratoire de Génétique et de Biochimie Evolutive

(Pierre Darlu) et l'Université de Pavie (Gianna) a permis de coordonner les approches méthodologiques. Dans ces conditions l'effort peut à présent porter efficacement sur la phase scientifique de l'analyse des données.

Les premiers résultats seront publiés dans le courant de 1990 (Contrat I.N.S.E.R.M. n° 888 028).

Génétique des populations

Nous effectuons toujours, en collaboration avec le Citi 2, la maintenance du logiciel (P. Juttier) de traces d'arbre généalogique et de calcul du coefficient de parenté et de probabilité d'origine des gènes. J. Edwards (Oxford) et plusieurs britanniques se sont portés demandeurs de la nouvelle version du logiciel (lequel est aussi actuellement vendu sur Macintosh aux U.S.A.). (D^r Denise Salmon).

La Brière

Après modification des programmes de Landre et de Juttier, un arbre comportant 1 400 sujets a pu être réalisé.

Nous attendons maintenant des informations complémentaires sur des ancêtres probablement communs, pour relier les 2 branches porteuses de l'allèle SGPT 3.

Il est envisagé d'utiliser cette généalogie pour une analyse du polymorphisme de l'ADN.

Nouvelle Guinée (en collaboration avec M. Godelier, J.L. Lory, P. Lemonnier — Maison des Sciences de l'Homme).

Trois articles sont acceptés par *Gene Geography*. Ils décrivent les polymorphismes des marqueurs du globule rouge, des protéines et des enzymes.

Une analyse factorielle des correspondances, mettant en évidence la très nette opposition des Aziana aux tribus Anga fera l'objet d'un 4^e article.

Sénégal (en collaboration avec D. Thiam, G. Blavy, L. Diakhate).

Sur les phénotypes Rh réalisés à Dakar nous avons réalisé une étude des distances entre ethnies.

La fréquence de Dce reste comprise entre 0,530 et 0,638. Une classification hiérarchique met en évidence un profil commun aux Diola, Toucouleur et Ouolof, les Peuls étant situés à mi-chemin entre ces trois ethnies et les Serere et Mande. La publication est acceptée par *Gene Geography*.

Vietnam (en collaboration avec B. Hoang et B. Jaulmes).

L'analyse du polymorphisme des marqueurs ABO, Rh, MNSs a été publiée sur un premier échantillon global (International Journal of Anthropology).

Bigouden (en collaboration avec P. Youinou).

L'analyse du polymorphisme de l'ADA a été décrite (Disease Markers).

D - MÉDECINE PRÉDICTIVE

1) Epidémiologie de la maladie d'Alzheimer (contrat I.N.S.E.R.M. — collaboration avec J.F. Foncin et Polanski).

Nous étudions actuellement le transfert sur Vax 8350 du Citi 2 des 4 000 sujets calabrais répertoriés par J.F. Foncin et A. Bruni.

2) Epidémiologie du SIDA (en collaboration avec J.J. Lefrere, Couroucé, Lambin et Fine).

La prédiction à long terme ou même à moyen terme du devenir des séropositifs se révèle difficile. Seule la prédiction à court terme paraît efficace, reposant sur la valeur du p 24, du taux des anticorps anti-p 24 du taux des IgA et de la VS, du taux de néoptérine et de béta-2-microglobuline.

VOYAGES D'ÉTUDES ET CONGRÈS

J. RUFFIÉ, Japon (Tokyo, Membre du Jury International de Biologie).

J. RUFFIÉ, Research Professor, Laboratory of Experimental Medicine and Surgery in Primate. New York University, juin 1989.

J. RUFFIÉ, Chine : Voyage et conférences à l'Université de Pékin et à celle de Kunming (Yunnan).

J. RUFFIÉ, Madrid : Conférence d'ouverture des Journées Médicales Ramon y Cajal (23 juin 1989).

P. DARLU, du 19 au 23 avril à Pavie collaboration avec le Laboratoire de Génétique et de Biochimie Evolutive.

G. LUCOTTE, P. GUÉRIN et S. HAZOUT ont présenté une communication intitulé « Y-chromosome DNA polymorphisms at the DYS 1 locus in five African populations » au Congrès de New Haven, (U.S.A.) Human Gene mapping, mai 1989.

PROFESSEURS ÉTRANGERS VENUS DONNER DES COURS OU DES CONFÉRENCES
DANS LA CHAIRE D'ANTHROPOLOGIE PHYSIQUE

Professeur Tuyen BACH QUOC, Directeur de l'Institut d'Hématologie et de Transfusion Sanguine de Hanoï (octobre 1988).

Sujets traités :

1. Aperçu hématologique et transfusionnel au Vietnam
2. Les hémopathies
3. Les anémies
4. Les hémoglobinoopathies
5. Aspects immunogénétiques des groupes sanguins.

Professeur G. THINES, Université de Louvain (février 1989)

Sujets traités :

1. L'anthropologie et l'étude objective des comportements humains.
2. L'éthologie humaine : ses pouvoirs et ses limitations
3. Problèmes épistémologiques du réductionnisme biologique
4. Les homologues comportementales chez les Mammifères. Applications aux primates et à l'homme.

Professeur P. CASTALDI, Université de Sydney (mai 1989)

Sujets traités :

1. L'hémorragie et l'hémostase : les variétés phénotypiques
2. Mécanismes de l'adhésion cellulaire
3. Thrombopénies et Immunologie
4. Anthropologie de l'athérosclérose et des thromboses.

M. T. HIMEDA, Directeur du Centre de recherches ethnologiques par l'image à Tokyo (mai 1989).

Sujets traités : l'Anthropologie religieuse en Catalogne.

PUBLICATIONS

B. QUACK, P. GUÉRIN, J. RUFFIÉ et G. LUCOTTE. *Mapping of probe p 49f to the proximal part of the human Y chromosome long arm. Cytogenetics and cell genetics*, 47, 232, 1988.

P. GUÉRIN, Ph. ROUGER and G. LUCOTTE. *A new Taq I Bo variant detected with the 49 probe on human Y chromosome. Nucleic Acids Research*, 16, 7759, 1988.

P.Y. LE PENNEC, M.T. KLEIN, M. LEBESNERAIS, G. TSIKAS, F. CHAMPOMMIER, D. GOOSENS and Ph. ROUGER. *Immunological characterization of 18 monoclonal antibodies directed against Rh, G and L.W. molecules. In : First International Workshop on monoclonal antibodies against human red blood cell and related antigens*, vol. 2, p. 115, Arnette, Paris, 1988.

W. SOCHA, MOOR-JANKOWSKI, Ph. ROUGER and J. RUFFIÉ. *Monoclonal antibodies directed against human Rh antigens in tests with the red cells of human primates. In : First International Workshop on Monoclonal antibodies against human red blood cell and related antigens*, vol. 2, p. 431, Arnette, Paris, 1988.

N.C. HUGHES-JONES, C. BLOY, B. GORICK, D. BLANCHARD, C. DOINEL, Ph. ROUGER and J.P. CARTRON. *Evidence that the c, D and E epitopes of the human Rh Blood group system are on separate polypeptide molecules. Molecular Immunology*, 25, 931, 1988.

Ph. ROUGER and D. GOOSENS. *Challenge of human monoclonal antibodies. Scand. J. Immunol.*, 28, 383, 1988.

J. SEGER, M. GODELIER, L. HALLÉ, P. LEMONNIER, J.L. LORY, Ph. ROUGER, J. RUFFIÉ et D. SALMON. *Serum protein polymorphism in Papua New Guinea Eastern Highlands. Gene Geography*, sous presse.

J. SEGER, M. GODELIER, L. HALLÉ, P. LEMONNIER, J.L. LORY, Ph. ROUGER, J. RUFFIÉ et D. SALMON. *Red cell enzyme polymorphism in Papua New Guinea Eastern Highlands. Gene Geography*, sous presse.

G. BLAVY, D. THIAM, L. DIAKHATE, D. SALMON, J. RUFFIÉ. *Rh polymorphism in senegalese population. Gene geography* (accepté pour publication).