

## HEMOTYPOLOGIE DES POPULATIONS ANDINES ET DU PIEMONT ANDIN

J.C. Quilici \*

*Institut Bolivien de Biologie d'Altitude  
Casilla 624. La Paz - Bolivie*

Les populations amérindiennes représentent, sans aucun doute, l'un des modèles d'étude les plus intéressants et originaux dans le monde, à la fois pour le généticien et pour l'anthropologue.

Cette originalité est due aux trois facteurs essentiels qui conditionnent l'évolution générale des groupes humains, à savoir :

- leur histoire temporo-spatiale
- l'environnement dans lequel ils se sont fixés
- les barrières culturelles qu'ils ont établies à la faveur des deux facteurs précédents.

Si les populations amérindiennes ont développé une diversité extraordinaire de schémas culturels adaptés aux différentes situations écologiques du continent américain, c'est, cependant par leur histoire qu'elles révèlent leurs principales différences avec les autres populations du monde.

Cette histoire peut être caractérisée par trois phases essentielles. Les deux premières sont, d'abord le peuplement, ensuite l'isolement. Ce sont elles qui demeurent encore les moins connues. La troisième phase commence au moment de la découverte de ce continent par les Européens.

Les données concernant les deux premières étapes sont fournies uniquement par les recherches archéologiques et préhistoriques. En dépit de grands progrès récents, leurs résultats sont encore très incomplets.

Nous supposons que ces populations sont venues de Sibérie, populations de chasseurs et collecteurs, qui ont, probablement, traversé le détroit de Behring à la poursuite de gros gibier. Même si les dates de ce passage sont encore discutées, il semble qu'il y ait eu deux périodes où l'homme ait pu utiliser un pont intercontinental :

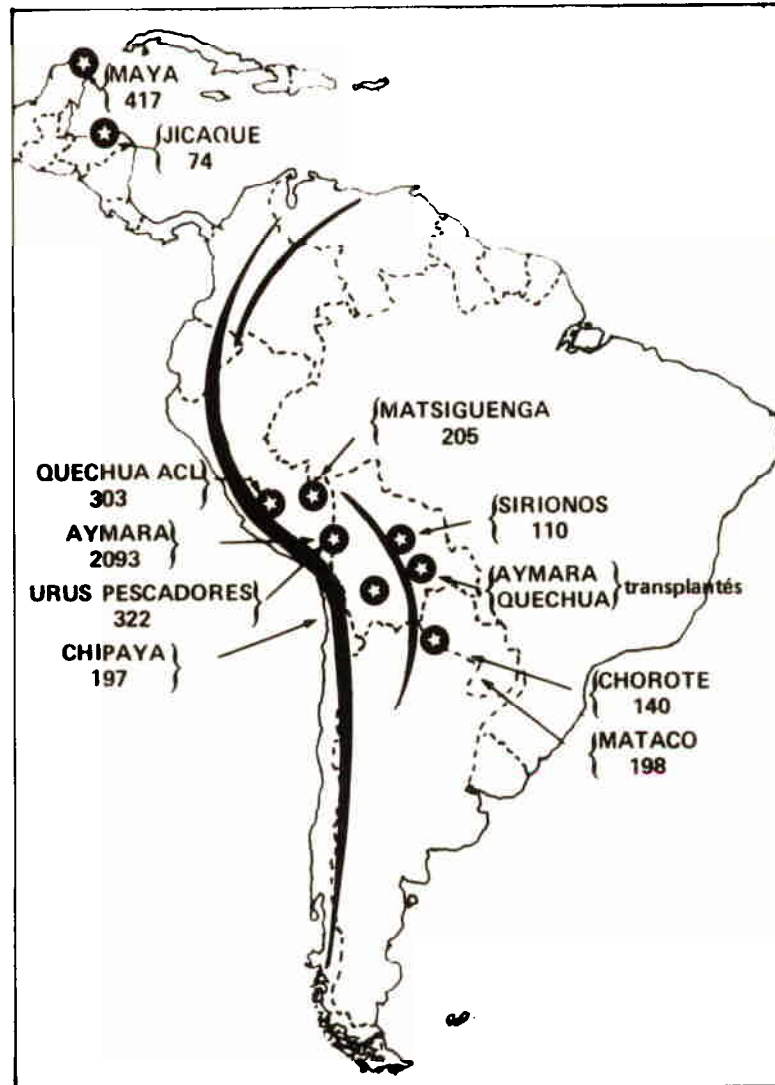
- la première, entre 50.000 et 30.000 ans B.C.
- la deuxième, entre 20.000 et 13.000 ans B.C.

Il est admis qu'à partir de 13.000 ans B.C. le continent américain est demeuré séparé du continent asiatique et les

---

\* Maître de Recherche INSERM

AMÉRIQUE LATINE - ZONES D'ENQUÊTES



hommes qui ont réussi par la suite à gagner l'Amérique - les Eskimo, par exemple - possédaient des moyens de navigation.

L'exceptionnelle rareté de traces de quelconque navigation le long des côtes américaines laisse penser que les populations amérindiennes sont restées pratiquement isolées du reste du monde jusqu'au moment de la découverte accidentelle de l'Amérique par Christophe Colomb. Il est probable que ces populations indigènes avaient, par contre, entre elles, de nombreux contacts et des échanges fréquents qui ne sont pas encore bien connus.

Avec la phase historique, nos connaissances deviennent plus précises, en particulier en ce qui concerne le phénomène de métissage, aussi bien culturel (acculturation) que biologique (miscégenation). Son analyse permet une meilleure connaissance des populations précolombiennes, spécialement en Amérique Latine où le génocide n'a jamais atteint les proportions qu'il a atteint en Amérique du Nord.

Nous observons ici, l'extraordinaire diversité écologique propre à l'Amérique, gardant à l'esprit que les environnements les plus extrêmes connus dans le monde entier se retrouvent sur ce continent.

Nous pensons qu'il est utile de souligner la remarquable adaptation culturelle des populations amérindiennes à leurs différents environnements.

Notre première observation concerne la distribution des populations indiennes en Amérique Latine. Nous pouvons observer qu'à l'heure actuelle les populations sont essentiellement concentrées le long des côtes, alors que la majorité des populations amérindiennes furent découvertes à l'intérieur du continent. Nous pouvons aussi observer le contraste qui existe sur le plan structurel, politique et social, entre les grandes cultures des zones d'altitude et la multitude de petites cultures dans les basses terres, en particulier dans le bassin amazonien.

Bien que sortant du cadre de notre spécialité, il nous semble, cependant, que cette diversité culturelle pourrait être superficielle et apparente. Une étude comparative à la recherche des similitudes et non seulement des divergences, dans les domaines les plus intimes de la vie humaine, tels que les mythes et la religion, pourrait infirmer ou confirmer cette supposition.

Une deuxième observation peut être faite. Les populations précolombiennes amérindiennes vivaient principalement à l'intérieur des terres et seulement quelques groupes étaient établis le long des côtes, utilisant des moyens de navigation très primitifs. Ceci a également contribué à maintenir leur isolement sur ce continent.

C'est sur la base de ces données qu'il est possible de fournir une interprétation des résultats biologiques obtenus

parmi les populations que nous avons eu l'occasion d'étudier personnellement.

Ces populations sont essentiellement situées dans la région andine ou sur le piémont des Andes (voir carte).

Plus de 5.000 échantillons ont été prélevés dans différents groupes ethniques et ont été soumis à une analyse biologique au Centre d'Hématologie de Toulouse.

La plupart des systèmes polymorphiques du sang ont été examinés à l'exception du système H1-A et certains systèmes de découverte récente, sur les premiers échantillons prélevés.

1 - Dans le système ABO, nous pouvons observer la prévalence du gène 0 dans toutes les populations. Deux échantillons seulement ont une fréquence absolue : Chipaya et Siriono. Les autres populations ont une fréquence de A et de B d'autant plus élevée que le métissage a été important.

La présence de B est discutable, car la proportion fréquence de A sur la fréquence de B est quelquefois moins élevée dans les populations métissées que dans les populations du Sud de l'Europe où nous savons que B est bien plus rare que dans les populations asiatiques.

Donc, une fréquence relativement élevée de B existe chez certains groupes amérindiens, que l'on pourrait considérer comme ayant été apportés par une migration plus récente de populations.

Nous pensons qu'il y a, dans certaines populations amérindiennes, une absence complète de A et de B, en dehors du métissage et d'autres qui pourraient posséder des traces de B dans leur stock d'origine, comme les Asiatiques actuels.

2 - Dans le système Rhésus, nous pouvons souligner la rareté des gènes Rh négatif. Nous pensons que la présence de l'un deux signifie un métissage blanc, en particulier "r" qui est très fréquent dans les populations du Sud de l'Europe.

De plus, deux gènes dominant :  $R_1$  et  $R_2$ . La présence de  $R_0$  est difficile à expliquer : il est fréquent dans les populations noires. Nous reviendrons sur ce problème quand nous aborderons le système Gm.

Enfin, la population Chipaya montre une très haute fréquence de  $R_z$  (la plus élevée dans le monde). Nous pensons que  $R_z$  est un gène marqueur important des populations les plus anciennes.

3 - Le système MN est, en réalité, plus complexe mais il peut être considéré ici, comme un système à deux gènes et il n'a que peu d'intérêt dans l'étude de l'origine des Amérindiens.

4 - Dans les autres systèmes érythrocytaires, il faut tenir compte de l'intérêt extraordinaire du système Diego, découvert par le Dr. M. LAYRISSE. Considérant sa distribution dans le monde, nous pensons qu'il est un marqueur des populations asiatiques anciennes mais nous ne possédons pas de données pour confirmer cette hypothèse.

5 - Système Gm. Nous aimerions donner une importance spéciale au système Gm. C'est un système de découverte récente qui possède un polymorphisme complexe et joue un rôle très important en anthropologie.

Les immunoglobulines, c'est-à-dire les molécules portant les anticorps possèdent un grand nombre de types d'antigènes qui peuvent être reconnus par des méthodes immunologiques et sont transmis à travers le patrimoine héréditaire. Ils sont appelés allotypes et 22 sont connus à l'heure actuelle. L'originalité de ce système réside aussi dans le fait que les allotypes sont transmis en groupes, appelés haplotypes, ce qui signifie qu'un seul gène va déterminer en même temps, la présence de plusieurs allotypes ou antigènes.

Ainsi, il existe un grand nombre de combinaisons possibles, mais environ une vingtaine seulement a été découverte jusqu'à ce jour.

Certains de ces haplotypes sont caractéristiques d'une population, d'autres sont plus communs, d'autres, enfin, sont extrêmement rares et ne se retrouvent que chez un individu ou dans une famille.

A la lumière des résultats obtenus, nous pouvons faire plusieurs observations :

1. Prédominance des deux premiers gènes
2. Existence du gène blanc, Gm 3,5,10,11,14,25
3. Existence de deux gènes noirs
4. Gènes asiatiques. Nous pouvons exclure le métissage asiatique.

A partir de là, il est possible d'envisager deux types de populations, suivant la présence ou l'absence de ces gènes asiatiques.

Notre hypothèse sur le peuplement de l'Amérique est basée sur cette observation car elle est en accord avec les données les plus classiques d'autres systèmes tels que ABO, Rhésus, Diego, comme nous l'avons déjà dit et aussi avec les données anthropométriques, comme nous le verrons plus loin.

6 - Enfin, les autres systèmes n'apportent que peu d'éléments dans la recherche sur l'origine de l'homme amérindien.

Il nous faut surtout souligner l'absence de polymorphisme dans un grand nombre de système enzymatique, excepté dans la population Siriono, ce qui est difficilement explicable.

Nous pouvons résumer nos résultats de la manière suivante :

1. Il est possible à l'heure actuelle, de connaître le degré de "pureté" d'une population, c'est-à-dire connaître le taux de métissage, tout au moins avec les populations blanche et noire.

Les cas de métissage avec les populations asiatiques sont certainement plus difficiles à découvrir mais ils semblent être rares.

2. Le deuxième point concerne le polymorphisme de toute la population autochtone d'Amérique, dont le degré est remarquablement bas, comparé avec le reste de l'humanité.

3. Il n'existe pas de différences notables dans la structure génétique entre les populations d'altitude et celles des basses terres, en dépit des différences profondes de ces deux environnements.

4. Au contraire, il est possible de décrire deux grands groupes de populations amérindiennes :

- celles qui possèdent une structure génétique presque semblable à celle des Asiatiques actuels
- celles qui possèdent une structure génétique plus simple.

Ces deux grands types représentent seulement un schéma et, en réalité, la majorité des populations se situent dans une position intermédiaire entre ces deux types.

Que pouvons-nous conclure de ces observations concernant l'origine des populations amérindiennes ? A notre avis, les deux points essentiels résident dans l'aspect réduit de leur polymorphisme génétique et dans la différence entre les deux grands types.

En ce qui concerne le premier point, nous pouvons dire que les premières populations d'Amérique étaient constituées à partir de petits groupes humains, porteurs, eux-mêmes d'un polymorphisme réduit. Si cette hypothèse est correcte, cela conduit à penser que l'apparition d'une diversification génétique à partir des seules pressions sélectives de l'environnement nécessite des périodes de temps excédant le temps de permanence de l'homme en Amérique.

Nous devons également souligner, à ce niveau, l'absence de primates anthropoïdes et une pathologie différente et moins protéiforme, sur le continent américain à l'époque précolombienne.

Le deuxième point concerne la distinction entre les deux grands types biologiques et il devient significatif si l'on accepte le premier point déjà mentionné. En effet, dans ce schéma de polymorphisme réduit, les différences, mêmes minimales, prennent une très grande importance.

Nous pensons que cette double tendance relève, en réalité, de deux stocks génétiques d'origine différente :

- le premier qui possède une structure très voisine de celle des Asiatiques actuels et dont les représentants seraient les descendants des migrations les plus récentes. Nous proposons de les appeler Amérindiens néo-mongoloïdes.
- le deuxième, dont les représentants sont les moins nombreux et qui représentent les descendants des premiers hommes établis en Amérique, populations asiatiques, probablement sibériennes et beaucoup plus primitives. Nous proposons de les appeler Amérindiens paléo-mongoloïdes. Ils sont, en réalité, à l'heure actuelle, les meilleurs représentants de populations asiatiques très anciennes qui ont pratiquement disparu de leur continent d'origine.

Nous devons souligner que cette distinction en deux types coïncide parfaitement avec les observations anthropométriques, en particulier celles du Dr. J.A. VELLARD qui distingue un type somatique brachycephale avec un tronc long et des jambes courtes, toujours accompagné d'epicanthus, d'un type dolichocéphale avec un tronc plus court et des jambes plus longues avec absence d'epicanthus.

Cette similitude biologique entre les observations hémotypologiques et anthropologiques nous paraît très importante, car elle éclaire aussi le problème de la brachycéphalisation, liée au genre de vie, en particulier au moment où apparaissent les activités agricoles. Si cette relation existe, il a fallu une très grande période de temps pour parvenir à un polymorphisme génétique, et à notre avis, la seconde vague de population avait déjà amené avec elle quelques notions, très rudimentaires, d'agriculture.

En conclusion, les résultats que nous avons pu obtenir montrent que le peuplement de l'Amérique s'est fait par migrations successives, ou par vagues de migrations de deux groupes de populations d'effectif réduit, qui sont restées à l'état d'isolement sur le continent américain, jusqu'à l'arrivée des Espagnols.

Plus qu'une hypothèse pouvant expliquer tout le système de l'origine des populations amérindiennes, ces résultats nous permettent de donner une orientation à une recherche future sur ce sujet.

Nous avons surtout essayé de montrer que la biologie ne peut être interprétée uniquement à la lumière des données d'autres disciplines comme l'archéologie, l'histoire, l'anthropologie culturelle, l'écologie.

Mais, aussi grâce à ces données biologiques, il paraît possible de compléter ces autres disciplines avec l'information nécessaire.

## BIBLIOGRAPHIE

Les références bibliographiques seront trouvées dans les trois publications suivantes :

- Biomedical challenges presented by the American Indian. (1968). James Nell, editor. Pan American Health Organization, n° 165.
- The Ongoing Evolution of Latin American Populations. Francisco Salzano, éditeur (1971). Ch. Thomas, publisher-Springfield.
- Structure Hémotypologique des Populations Indiennes en Amérique du Sud. J.C. Quilici (1965), Toulouse.

## SUMMARY

The author reports on his experience of more than ten years of investigations among the Indian populations in Latin America. The data, details of which can be found in other recent publication (J.C. QUILICI, 1975), are here analysed only in relation to historical, cultural and ecological facts.

At the present state of investigations, it seems that the hemotypological structure of the Amerindian populations is rather the result of their history than of ecological and cultural pressure, which seems to be of limited impact.

The grade of cross-breeding between Amerindian and White or Black people can be very precisely determined because of the numerous genetic systems of the blood. On the other hand, the original genetic stock of the Amerindians is remarkable because of its low degree of polymorphism, which makes it difficult to analyse the variability between native groups.

Nevertheless, several hemotypological data permit the author to discuss the hypothesis of two different genetic stocks among the Amerindian populations which should correspond to two major waves of settlement of America.