



**Localisation des sujets étudiés par l'ADN ancien comparativement aux ADN modernes et possibles scénarii de contact entre de populations anciennes et modernes**

- A) Représentations des plus fortes probabilités d'affinités génétiques entre momies de la période amarnienne et groupes ethniques modernes (adapté d'après DNA tribes, cf. références 30 et 31; image : [https://en.wikipedia.org/wiki/Combined\\_DNA\\_Index\\_System](https://en.wikipedia.org/wiki/Combined_DNA_Index_System))
- B) ADN des bacilles tuberculeux *Mycobacterium africanum* (adapté d'après Jong et al. *PLoS Negl Trop Dis.* 2010 Sep; 4(9): e744)
- C) ADN du poux des cheveux *Pediculus humanus* (Image: <http://www.cdc.gov/dpdx/pediculosis>)
- D) Indication de zone de prévalence de drépanocytose moderne (adapté d'après A. Gabriel, A. et J. Przybylski, J.) *Sickle-cell anemia: A Look at Global Haplotype*

# □ Le futur de l'Égyptologie réside-t-il dans l'étude de l'ADN ancien ?

## Revue de lecture d'articles en Égyptologie moléculaire.

Jean-Philippe GOURDINE

*Does the future of Egyptology depend on ancient DNA studies? Review of articles in Molecular Egyptology.*

L'**Acide désoxyribonucléique (ADN)** est la molécule de l'hérédité ; elle lie tous les organismes vivants : bactéries, levures, organismes photosynthétiques, animaux dont l'Homme, mais aussi certains virus positionnés à la limite de la définition de la vie. Les bases de l'ADN, *Adénine (A)*, *Thymine (T)*, *Cytosine (C)*, *Guanine (G)*, plus précisément, l'enchaînement de ces molécules « lettres » forment des séquences, qui, tout comme des « phrases », peuvent être comparées pour identifier le genre, l'espèce, la parenté entre individus, les relations entre populations, certaines maladies, etc.

De courtes séquences, spécifiques, répétées dans le génome et variant entre individus, appelées *marqueurs génétiques*, sont de véritables *traceurs généalogiques*. Deux types marqueurs sont généralement utilisés pour déterminer l'ancestralité pour l'espèce humaine, du côté paternel avec les **marqueurs du chromosome Y** et maternel avec les marqueurs de l'**ADN mitochondrial (ADNmt)**. Cependant, il existe une variété de marqueurs du polymorphisme nucléotidique ou *Small Nucleotide Polymorphism (SNP)*, par exemple, le *Complexe Combined DNA Index System (CODIS)* utilisé dans la médecine légale par le *Federal Bureau of Investigation (FBI)* aux États-Unis d'Amérique<sup>1,2</sup>. Ces derniers marqueurs sont plus complets car ils donnent une vision plus élargie de l'ancestralité. Certains marqueurs peuvent être aussi utilisés pour déterminer des caractéristiques physiques (couleur des yeux, pigmentation de la peau, etc.) mais aussi certaines maladies (*drépanocytose, mucoviscidose, Tay-Sachs*, etc.).

À l'instar des marqueurs génétiques humains, les ADN de plantes et animaux ainsi que ceux des organismes microscopiques que l'espèce humaine abrite (virus, bactéries, animaux microscopiques, levures, etc.), peuvent être étudiés par la génétique moléculaire. Certains de ces parasites ont co-évolué avec l'Homme dans diverses régions, faisant de leur

<sup>1</sup> J.-P. Gourdine, "Contribution de la biologie moléculaire du gène à l'étude du passé de l'humanité. Cas de l'Afrique ancienne et moderne", *Cahiers Caribéens d'Égyptologie*, numéro 9, 2006, pp. 5-19.

<sup>2</sup> J.-P. Gourdine, "Six momies royales en quête d'ancêtres. Évaluation des affinités génétiques de six momies royales Amarniennes par huit paires de *Single Tandem Repeats (STR)* avec le logiciel Pop Affiliator", *Cahiers Caribéens d'Égyptologie*, numéro 17, 2013, pp. 97-112.

identification génétique, un traceur supplémentaire. Ces ADN permettent aussi de d'identifier et de comprendre les migrations humaines ainsi que les échanges culturels entre différents peuples.

Dans certaines conditions de température, d'humidité et de  $pH$ <sup>3</sup>, même après la mort, l'ADN humain peut subsister dans les ossements, il en est de même pour l'ADN de parasites. Ces ADN fossiles ou **ADN anciens** sont très utiles pour étudier les migrations humaines en complément de l'ADN moderne. En effet, les populations actuelles d'une région géographique donnée ne représentent pas forcément les populations ancestrales de cette région ; il peut y avoir eu des extinctions, des migrations, des mélanges des populations au cours du temps... Ainsi, l'ADN ancien peut apporter des renseignements sur les populations originelles et leurs descendance.

Par exemple, l'examen partiel des ADN anciens de squelettes d'*Étrusques* des 7<sup>ème</sup> et 3<sup>ème</sup> siècles avant notre ère, par les marqueurs maternels (ADNmt), a montré une certaine discontinuité entre populations Toscane anciennes et actuelles<sup>4</sup>, ainsi qu'un apport génétique ancestral du Proche-Orient<sup>5</sup> et de l'Anatolie<sup>1</sup> datant des premiers millénaires avant notre ère. L'analyse du génome entier de 98 individus vivant en région Toscane moderne a mis en évidence cet apport génétique proche-oriental<sup>6</sup>, confortant la théorie d'Hérodote sur l'origine asiatique des *Étrusques*. Pour d'autres populations, l'ADN ancien a reflété une certaine continuité avec les populations anciennes, c'est le cas de sujets anciens de Pologne, datant de l'époque romaine et du Moyen-Âge, qui partagent des marqueurs génétiques maternels similaires aux populations actuelles de la Pologne, de la République Tchèque et de la Slovaquie<sup>7</sup>. L'ADN ancien a permis révéler des mélanges d'Hominiés avec l'espèce humaine en Europe et en Asie (*Néandertal*, *Denisovien*), jusque-là insoupçonnés<sup>8</sup>. L'ADN ancien a permis de comprendre les deux grands flux migratoires en Europe avant et après l'apport de l'agriculture, et même certaines caractéristiques physiques ; par exemple, l'ADN ancien de squelette retrouvé en Espagne datant de 7000 ans avant notre ère, a montré que certains européens avaient encore un teint foncé, montrant combien la dépigmentation de la peau est une évolution récente<sup>9</sup>. L'ADN ancien de la **momie Ötzi** datant de 3000 ans avant notre ère, retrouvée dans les Alpes, a permis non seulement de reconnaître le groupe sanguin, les signatures génétiques communes avec les populations Corse et de la Sardaigne actuelles<sup>10</sup> mais également la présence de pathogènes anciens tels que l'*Helicobacter pylori*<sup>11</sup>.

<sup>3</sup> "potentiel Hydrogène", indicateur utilisé en chimie pour mesurer la degré d'acidité ou de basicité d'un milieu.

<sup>4</sup> S. Ghirotto *et al.*, "Origins and evolution of the Etruscans' mtDNA", *PLoS One*, 2013 Feb. 6, 8(2):e55519.

<sup>5</sup> C. Vernesi *et al.*, "The Etruscans: a population-genetic study", *American Journal of Human Genetics*, 2004 Apr., 74(4):694-704.

<sup>6</sup> J. Pardo-Seco *et al.*, "A genome-wide study of modern-day Tuscans: revisiting Herodotus's theory on the origin of the Etruscans", *PLoS One*, 2014, Sep. 17, 9(9):e105920.

<sup>7</sup> A. Juras *et al.*, "Ancient DNA reveals matrilineal continuity in present-day Poland over the last two millennia", *PLoS One*, 2014, Oct. 22, 9(10):e110839.

<sup>8</sup> S. Pääbo, "The diverse origins of the human gene pool", *Nature Reviews. Genetics*, 2015 Jun., 16(6):313-413.

<sup>9</sup> I. Olalde *et al.*, "Derived Immune and Ancestral Pigmentation Alleles, in a 7,000-Year-old Mesolithic European", *Nature*, 2014, March 13, 507(7491): 225-228.

<sup>10</sup> A. Keller *et al.*, "New insights into the Tyrolean Iceman's origin and phenotype as inferred by whole-genome sequencing", *Nat. Commun.*, 2012, Feb., 28;3:698.

<sup>11</sup> F. Maixner F *et al.* "The 5300 year-old *Helicobacter pylori* genome of the Iceman", *Science*, 2016 Jan., 351(6269):162-5.

Quand est-il de l'Égypte ancienne ? En premier lieu, il faut avoir à l'esprit que l'histoire pharaonique s'est déroulée sur trois millénaires (alors que nous n'avons entamé que le deuxième millénaire de l'ère chrétienne). L'Égypte fut un carrefour de populations africaines, européennes et asiatiques sur ces périodes. L'ADN ancien extrait de fossiles, en particulier de momies, peut permettre d'éclairer l'histoire de ces diverses périodes. De nombreux débats ont eu lieu quant à l'authenticité des ADN anciens de momies égyptiennes, à cause de manipulations *post-mortem*. Les analyses des ADN des chercheurs et du personnel technique travaillant sur les sites permettent d'éviter certains problèmes de contaminations ; aussi, la multiplicité des prélèvements et la comparaison des données permettent-elles de contrôler l'authenticité des ADN anciens. Ces débats ont aussi posé la question de la faisabilité de l'extraction de l'ADN ancien et de l'intégrité de cet ADN extrait, à cause de la présence des produits de momification<sup>12</sup>. Néanmoins, les nouvelles techniques de séquençage d'ADN et les précautions prises par les chercheurs montrent les champs immenses d'investigation ouverts par l'ADN ancien<sup>13</sup>. En effet, des ADN d'animaux momifiés<sup>14,15</sup> (crocodiles, chats) ont pu être extraits et comparés à de l'ADN moderne. Pour les momies égyptiennes, les données publiées sont assez rares, souvent restreintes à certaines parties de l'Égypte et aux personnages royaux, cependant elles apportent un éclairage nouveau, inédit, voire révolutionnaire sur le peuplement de la vallée du Nil au cours du temps :

- **Svante Pääbo** fut l'un des premiers scientifiques, à avoir cloné de l'ADN d'une momie égyptienne de la VI<sup>ème</sup> dynastie<sup>16</sup>, cependant les comparaisons avec des ADN modernes n'ont pas été indiquées.
- **Emma Rabino Massa** a indiqué la présence du **trait drépanocytaire** chez des momies du prédynastique conservées au *Museum de Turin*<sup>17</sup>, toutefois sans indiquer les *haplotypes* (Bénin, Sénégal, Bantou, Cameroun ou Arabo-Indien ?).
- **Albert Zink** a étudié les types tuberculeux retrouvés sur diverses momies royales sur différentes périodes en Égypte<sup>18,19</sup> (2050 – 1650 ans avant notre ère). *Mycobacterium tuberculosis* et *M. africanum I*, furent identifiés ; ***M. africanum I* est exclusivement retrouvé en Afrique de l'Ouest actuelle**, suggérant des migrations préhistoriques de l'Ouest du Sahara vers la vallée du Nil. Ces mouvements migratoires ont peut-être atteint le Proche-Orient, car en effet, les ADN de poux de squelettes retrouvés en Israël-Palestine et datant de 4000 ans avant notre ère, les rapprochent aussi des poux

<sup>12</sup> J. Marchant, "Ancient DNA: Curse of the Pharaoh's DNA", *Nature*, 2011 Apr 28;472(7344):404-6.

<sup>13</sup> E. Callaway, "Ancient DNA from hot climes yields its secrets", *Nature*, 2015 Oct. 15;526(7573):303.

<sup>14</sup> E. Hekkala *et al.*, "An ancient icon reveals new mysteries: mummy DNA resurrects a cryptic species within the Nile crocodile", *Molecular Ecology*, 2011, Oct., 20(20):4199-215.

<sup>15</sup> J.D. Kurushima *et al.*, "Cats of the Pharaohs: Genetic Comparison of Egyptian Cat Mummies to their Feline Contemporaries", *Journal of Archaeological Science*, 2012 Oct., 39(10):3217-3223.

<sup>16</sup> S. Pääbo, "Molecular cloning of Ancient Egyptian mummy DNA", *Nature*, 1985, Apr. 18-24;314(6012):644-5.

<sup>17</sup> Marin *et al.* "Use of the amplification refractory mutation system (ARMS) in the study of HbS in predynastic Egyptian remains", *Bollettino Societa Italiana Biologia Sperimentale*, 1999 May-Jun;75(5-6):27-30.

<sup>18</sup> A.R Zink *et al.*, "Molecular study on human tuberculosis in three geographically distinct and time delineated populations from ancient Egypt", *Epidemiology and Infection*, Apr. 130(2):239-49.

<sup>19</sup> A.R Zink *et al.*, "Characterization of Mycobacterium tuberculosis complex DNAs from Egyptian mummies by spoligotyping", *Journal of Clinical Microbiology*, 2003 Jan., 41(1):359-67.

africains de l'Ouest<sup>20</sup>. Poux tout comme bacilles tuberculeux, sont des preuves indirectes de migrations/contacts humains car étant des parasites strictement liés à l'activité humaine.

- **Eric Crubézy** a étudié le site prédynastique d'*Adaima* au Sud de *Louxor* en Haute Égypte ; la présence de l'**haplogroupe mitochondrial L0f** retrouvées chez les **populations Khoi-San d'Afrique du Sud**<sup>21, 22</sup> a été confirmée.
- **Zahi Hawass** avec **Pusch** et **Zink** a travaillé sur les momies des périodes amarnienne et ramesside (*Thuya, Yuya, Akhenaton, Amenhotep III, Toutankhamon* et *Ramsès III*), en utilisant 8 marqueurs génétiques (STR) sur les 13 du complexe CODIS utilisés par le FBI en plus de marqueurs paternels<sup>23,24</sup> ; les **haplogroupes paternels R1b1a2 et E1b1a** respectifs de *Toutankhamon* et *Ramsès III*, sont fréquemment retrouvés d'une part en Europe et en Afrique Centrale<sup>25</sup>, particulièrement chez les locuteurs des langues tchadiques, et d'autre part, très répandu en Afrique sub-saharienne actuelle<sup>26,27,28</sup>.
- **Gourdine** a estimé l'ethnicité des momies de *Thuya, Yuya, Akhenaton, Amenhotep III, Toutankhamon* et *Ramsès III* par méta-analyses faites avec le logiciel *Pop Affiliator*<sup>29</sup> ; **de fortes affinités avec des populations sub-sahariennes actuelles**, allant de 77% à 94% ont été estimées.
- **DNA Tribes**, entreprise américaine spécialisée dans les tests génétiques, a comparé ces STR (*Single Tandem Repeats*) de momies amarniennes et ramessides, aux marqueurs génétiques de divers groupes ethniques dans leur base de données génétiques et y a remarqué des affinités avec des populations d'Afrique des Grands Lacs, Centrale et du Sud ainsi que du Proche-Orient<sup>30,31</sup>.

<sup>20</sup> R. Drali *et al.*, "Studies of Ancient Lice Reveal Unsuspected Past Migrations of Vectors", *Am. J. Trop. Med. Hyg.*, 2015 Sep. 93(3):623-5.

<sup>21</sup> E. Crubézy, "Le peuplement de l'Égypte dans son contexte africain : connu, inconnu, perspectives", 12 mai 2011, Séminaire Collège de France <http://www.college-de-france.fr/site/michel-brunet/seminar-2011-05-12-11h00.htm>

<sup>22</sup> E. Crubézy, 2010, "Le peuplement de la vallée du Nil, Archéo-Nil 1990-2010. 20 ans de recherches prédynastiques", *Archéo-Nil* n° 20, décembre 2010, pp. 25-42.

<sup>23</sup> Z. Hawass *et al.*, "Ancestry and pathology in King Tutankhamun's family", *JAMA*, 2010 Feb. 17;303(7):638-47.

<sup>24</sup> Z. Hawass *et al.*, "Revisiting the harem conspiracy and death of Ramesses III: anthropological, forensic, radiological, and genetic study", *BMJ*, 2012 Dec. 14, 345:e8268.

<sup>25</sup> M. González *et al.*, "The genetic landscape of Equatorial Guinea and the origin and migration routes of the Y chromosome haplogroup R-V88", *European Journal of Human Genetic*, 2013 Mar., 21(3):324-31.

<sup>26</sup> A. Rosa *et al.*, "Y-chromosomal diversity in the population of Guinea-Bissau: a multiethnic perspective", *BMC Evolutionary Biology*, 2007 Jul. 7;7:124.

<sup>27</sup> B. Trombetta *et al.*, "A new topology of the human Y chromosome haplogroup E1b1 (E-P2) revealed through the use of newly characterized binary polymorphisms", *PLoS One*, 2011 Jan., 6;6(1):e16073.

<sup>28</sup> N. Ansari Pour *et al.*, "Evidence from Y-chromosome analysis for a late exclusively eastern expansion of the Bantu-speaking people", *European Journal of Human Genetics*, 2013 Apr;21(4):423-9.

<sup>29</sup> L. Pereira *et al.*, "PopAffiliator: online calculator for individual affiliation to a major population group based on 17 autosomal short tandem repeat genotype profile", *International Journal of Legal Medicine*, 2011 Sep., 125(5):629-36.

<sup>30</sup> <http://www.dnatribes.com/dnatribes-digest-2012-01-01.pdf>

- **Pusch** a étudiée des momies de la période gréco-romaine par la nouvelle méthode de séquençage d'ADN (*Next Generation Sequencing*) et retrouvé un **haplogroupe mitochondrial I2, probablement originaire d'Asie**.

En conclusion, les publications sur l'ADN ancien en Égypte ancienne sont peu nombreuses, cependant elles fournissent des résultats qui, sur la longue durée, sont cohérents avec les contextes africain et proche-oriental de l'Égypte. Les travaux en linguistique et en anthropologie, dont ceux de **Cheikh Anta Diop** relayés dans divers congrès (UNESCO au Caire<sup>32</sup> en 1974, Barcelone<sup>33</sup> en 2001, Manchester<sup>34</sup> en 2009) ont fait exploser « *l'apartheid théorique qui sépareit l'Égypte ancienne de l'Afrique et l'Afrique de l'Égypte* » comme le souligne **Alain Anselin**<sup>35</sup>. Aujourd'hui, l'Égyptologie doit devenir "moléculaire" car l'ADN ancien apporte un éclairage nouveau sur l'histoire du peuplement de la vallée du Nil: possible présence de *proto-Khoi-San* au prédynastique, affinités avec des populations d'Afrique Centrale, des Grands Lacs et du Sud aux XVIII<sup>ème</sup> et XX<sup>ème</sup> dynasties, présence de drépanocytose, de bacilles tuberculeux retrouvés en Afrique de l'Ouest, *haplotypes* asiatiques retrouvées au cours de la période gréco-romaine... Les nouvelles méthodes de séquençage d'ADN offriront une vision plus complète de ce peuplement car l'ensemble du génome de momies pourra être étudié, et non seulement les marqueurs paternels et maternels. Aussi, une formation en génétique, s'ajoutant à celle en histoire africaine, sera-t-elle peut-être requise pour les égyptologues du futur.

J'emprunterai à **Joseph Pickrell et David Reich**<sup>36</sup> ma conclusion, soulignant que les nouvelles techniques d'étude de l'ADN ancien seraient l'équivalent de l'instrument de **Van Leeuwenhoek** au 17<sup>ème</sup> siècle (le microscope) « [...] *the value of ancient DNA technology as a window into ancient migrations is analogous to the 17th century invention of the light microscope as a window into the world of microbes and cells* ».

## □ L'auteur

**Jean-Philippe Gourdine** est docteur en biologie moléculaire, qualifié 2 fois à la section 64 et 65 du CNU (*Conseil National des Universités*) en France. Il est actuellement chercheur associé en Ontologie à *Oregon Health Science University Hospital* (OHSU), Portland Oregon, USA, travaillant sur l'identification de nouvelles maladies génétiques liées à la glycobiologie par bioinformatique. J.-P. Gourdine est membre du comité de lecture des **Cahiers Caribéens d'Égyptologie** (*Ankhou*), dans lesquels il a publié des revues d'articles d'Égyptologie moléculaire.

**Publications** : <https://scholar.google.com/citations?user=Qi9uLzAAAAAJ&hl=en&oi=ao>

Email : [jpgourdineohsu@gmail.co](mailto:jpgourdineohsu@gmail.co)

<sup>31</sup> <http://www.dnatribes.com/dnatribes-digest-2013-02-01.pdf>

<sup>32</sup> <http://unesdoc.unesco.org/images/0019/001925/192572fo.pdf>

<sup>33</sup> J. Cervello Autuori, *Aula Aegyptiaca Studia* n°1, Barcelona, 2001, *Africa Antigua - el Antiguo Egipto, una Civilizacion Africana*, Actas de la IX Semana de Estudios Africanos del Centre d'Estudis Africans de Barcelona.

<sup>34</sup> *Egypt in its African Context*, Conference held at *The Manchester Museum*, University of Manchester, 2-4 October 2009, Proceedings edited by Karen Exell., 2011 ;

[http://www.museum.manchester.ac.uk/medialibrary/documents/abstracts\\_egypt\\_in\\_its\\_african\\_context.pdf](http://www.museum.manchester.ac.uk/medialibrary/documents/abstracts_egypt_in_its_african_context.pdf)

<sup>35</sup> A. Anselin, avant-propos in O. Pfouma, *L'harmonie du Monde : Anthropologie culturelle des couleurs et des sons en Afrique depuis l'Égypte ancienne*, Menaibuc, 2000, p. 11.

<sup>36</sup> J. Pickrell, D. Reich, "Toward a new history and geography of human genes informed by ancient DNA", *Trends in Genetics*, 2014 September, 30(9): 377-389.