
Continuité génétique des populations anciennes et récentes d'Asie Centrale

Genetic continuity between ancient and recent populations in Central Asia

Perle Guarino-Vignon, Céline Bon, Nina Marchi et Evelyne Heyer



Édition électronique

URL : <https://journals.openedition.org/bmsap/7067>

ISSN : 1777-5469

Éditeur

Société d'Anthropologie de Paris

Référence électronique

Perle Guarino-Vignon, Céline Bon, Nina Marchi et Evelyne Heyer, « Continuité génétique des populations anciennes et récentes d'Asie Centrale », *Bulletins et mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris* [En ligne], 33 Supplément | 2021, Résumés des journées 2021, mis en ligne le 01 décembre 2020, consulté le 13 mai 2021. URL : <http://journals.openedition.org/bmsap/7067>

Ce document a été généré automatiquement le 13 mai 2021.

© Société d'anthropologie de Paris

Continuité génétique des populations anciennes et récentes d'Asie Centrale

Genetic continuity between ancient and recent populations in Central Asia

Perle Guarino-Vignon, Céline Bon, Nina Marchi et Evelyne Heyer

- 1 Depuis la préhistoire, l'Asie centrale méridionale est une région au carrefour des mouvements de populations, de cultures et de marchandises. Aujourd'hui l'Asie Centrale est peuplée par des populations réparties dans deux groupes culturels et linguistiques : le groupe Indo-iranien et le groupe Turco-mongol. L'établissement d'une base de données génétiques sur ces populations a permis d'étudier leur structure génétique en mettant en évidence la migration de populations d'Asie de l'est à l'origine de la diffusion des langues turco-mongoles et du remplacement partiel des populations indo-iraniennes. L'origine de ces dernières reste encore peu connue. Pour l'éclaircir, nous confrontons les données génétiques sur les populations actuelles obtenues dans notre laboratoire au nombre croissant de génomes anciens publiés. En utilisant des ACPs, des statistiques F3 et des D-statistiques, nous avons montré que les populations d'Asie centrale du groupe indo-iranien présentent une forte continuité génétique avec les échantillons de l'âge du Fer du Turkménistan et du Tadjikistan. Nous modélisons, avec qpAdm, ces populations comme issues d'un métissage de 93 % d'individus de l'âge du Fer du Turkménistan et de 7 % d'individus d'Asie de l'Est. Mais d'où viennent ces populations de l'âge du Fer ? L'étude des échantillons de l'âge du Fer provenant d'Asie centrale, révèle que contrairement à ce qui a été suggéré par les données archéologiques, les populations de steppes qui ont migré et se sont métissées à la civilisation de l'Oxus sont génétiquement plus proches des steppes occidentales (par exemple Srubnaya) que des steppes centrales (par exemple Andronovo). Malgré une forte influence culturelle de la Perse achéménide, aucun flux de gènes iraniens dans les individus de l'âge du Fer n'est observé. Nos résultats suggèrent donc que l'histoire de l'Asie centrale et de son peuplement est complexe mais présente une remarquable continuité depuis l'âge du Fer.
-

AUTEURS

PERLE GUARINO-VIGNON

Unité Eco-anthropologie et Ethnobiologie (EAE) UMR 7206, Muséum National d'Histoire Naturelle, CNRS, Université Paris Diderot, Paris, France
perle.guarino-vignon[at]mnhn.fr

CÉLINE BON

Unité Eco-anthropologie et Ethnobiologie (EAE) UMR 7206, Muséum National d'Histoire Naturelle, CNRS, Université Paris Diderot, Paris, France

NINA MARCHI

Unité Eco-anthropologie et Ethnobiologie (EAE) UMR 7206, Muséum National d'Histoire Naturelle, CNRS, Université Paris Diderot, Paris, France
CMPG, Institute of Ecology and Evolution, University of Bern, Bern, Switzerland

EVELYNE HEYER

Unité Eco-anthropologie et Ethnobiologie (EAE) UMR 7206, Muséum National d'Histoire Naturelle, CNRS, Université Paris Diderot, Paris, France