



MUSÉUM NATIONAL
D'HISTOIRE NATURELLE
MUSÉE DE L'HOMME

Communiqué de presse – juin 2012

Une étude revisite la question du choix du conjoint grâce aux données génétiques

On sait depuis longtemps que, chez l'Homme, des facteurs biologiques interviennent dans le choix du conjoint, au même titre que des facteurs socio-culturels. Aujourd'hui, l'existence de jeux de données génétiques incluant des couples, tels que le projet HapMap², permet d'examiner la question du choix du conjoint au niveau d'un grand nombre de gènes.

Une étude menée par des chercheurs du Muséum national d'Histoire naturelle¹ et du CNRS (UMR CNRS/MNHN 7206) vient de démontrer qu'il est possible de revisiter la question du choix du conjoint grâce aux données génétiques. Ces résultats ont été publiés récemment dans la revue *Molecular Ecology*.

On sait depuis longtemps que, chez l'Homme, des facteurs biologiques interviennent dans le choix du conjoint, au même titre que des facteurs socio-culturels. Ainsi, on observe que pour un grand nombre de traits physiques, comme par exemple la taille, les individus ont tendance à choisir un conjoint qui leur ressemble.

A l'inverse, au niveau du complexe majeur d'histocompatibilité, un groupe de gènes cruciaux dans les mécanismes immunitaires, des résultats suggèrent que les individus choisissent un conjoint portant des gènes différents des leurs, ce qui permettrait d'améliorer la résistance aux infections de leurs enfants. Aujourd'hui, l'existence de jeux de données génétiques incluant des couples, tels que le projet HapMap, permet d'examiner la question du choix du conjoint au niveau d'un grand nombre de gènes.

Un premier pas a récemment été franchi dans cette direction par Romain Laurent et ses collaborateurs, Raphaëlle Chaix et Bruno Toupance, qui ont analysé plus d'un million de marqueurs génétiques répartis dans près de 20 000 gènes. Ces analyses ont été réalisées sur des couples maris-femmes issus des Yorubas du Nigeria, des Mormons de l'Utah et des Mexicains de Los Angeles (données HapMap). Ils ont en particulier testé, pour chaque gène, si les couples mariés étaient plus ou moins proches génétiquement qu'attendu par hasard, et si cet excès de similarité/dissimilarité était extrême par rapport au reste du génome.

Les premiers résultats semblent indiquer que parmi les facteurs biologiques impliqués dans le choix du conjoint, le système immunitaire, la morphogénèse et la pigmentation cutanée ont un rôle prépondérant.

Par ailleurs, les différences mises en évidence entre les populations suggèrent que les facteurs biologiques impliqués dans le choix du conjoint sont largement influencés par la culture.

Cette étude, bien que préliminaire, montre qu'il est possible de revisiter la question du choix du conjoint grâce aux données génomiques.

Par ailleurs, elle souligne la nécessité d'étudier un plus grand nombre de populations afin de mieux comprendre quelles sont les forces évolutives qui façonnent la diversité génomique humaine.

Référence : Laurent R., Toupance B., Chaix R. Non-random mate choice in humans : insights from a genome scan. *Molecular Ecology* 21(3):587-96

Notes :

1-Romain Laurent est doctorant à l'université Pierre et Marie Curie et fait partie du laboratoire d'Eco-Anthropologie et Ethnobiologie du Muséum national d'Histoire naturelle (UMR CNRS/MNHN 7206)

Raphaëlle Chaix est Chargée de recherche au CNRS (UMR CNRS/MNHN 7206)

Bruno Toupance est Maître de Conférences à l'Université Paris Diderot (UMR CNRS/MNHN 7206)

2- Projet HapMap : Le projet international HapMap a pour but de cartographier la diversité génétique humaine. Le projet international HapMap est un partenariat entre scientifiques et organismes de financement impliquant le Canada, la Chine, le Japon, le Nigéria, le Royaume-Uni et les États-Unis.

Contact presse

Isabelle Gourlet

01 44 05 72 31

igourlet@mnhn.fr