



Swiss Institute of  
Bioinformatics



---

<sup>b</sup>  
UNIVERSITÄT  
BERN

Media Relations

Communiqué de presse, 14 avril 2021

## L'histoire mouvementée du peuplement des îles du Pacifique-Sud

**Une équipe de recherche internationale a reconstitué l'histoire du peuplement humain du Pacifique-Sud en séquençant un grand nombre de génomes de cette région. Laurent Excoffier, professeur à l'Institut d'Écologie et d'Évolution de l'Université de Berne et chef de groupe au SIB Institut Suisse de Bioinformatique, a également participé à l'étude. Les résultats remettent en question les connaissances actuelles sur la première colonisation de l'archipel du Vanuatu et de la Polynésie.**

Les connaissances sur la diversité génétique des populations humaines sont essentielles pour mieux comprendre l'histoire globale du peuplement et les processus de sélection naturelle. La grande majorité des études génétiques se concentre toutefois sur des populations d'origine européenne qui ne représentent que 16 % de la population mondiale. L'histoire génomique du Pacifique du Sud n'a en revanche presque pas été étudiée. C'est dans le cadre d'une nouvelle étude publiée dans la revue spécialisée *Nature* qu'un groupe de recherche international, piloté par l'Institut Pasteur, le Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS) et le Collège de France, a étudié l'histoire du peuplement des habitant-e-s des îles du Pacifique à l'aide du séquençage du génome. L'étude, à laquelle Laurent Excoffier, professeur à l'Institut d'Écologie et d'Évolution de l'Université de Berne et chef de groupe au SIB a également participé, confirme les découvertes archéologiques qui situent la colonisation de différentes îles de l'Océanie il y a environ 40'000 ans. En outre, les scientifiques ont pu prouver qu'une période d'isolement génétique entre les îles a suivi cette première colonisation.

### **Peuplement rapide des îles lointaines du Pacifique il y a 5'000 ans ?**

Les résultats de recherche actuels montrent que l'*Homo sapiens*, après qu'il ait quitté l'Afrique, a colonisé l'Océanie il y a environ 45'000 ans, incluant la Papouasie-Nouvelle-Guinée, l'archipel Bismarck et les Îles Salomon (aussi appelés l'*Océanie proche*). Les autres îles du Pacifique (*Océanie lointaine* : l'archipel du Vanuatu, Wallis-et-Futuna, la Polynésie, etc.) n'étaient pas encore peuplées. Ces îles ne furent colonisées qu'environ 40'000 ans plus tard. On suppose qu'un groupe de personnes aurait quitté Taïwan il y a 5'000 ans et se serait déplacé dans les Philippines, l'Indonésie et les autres îles déjà peuplées de l'*Océanie proche* pour finalement coloniser rapidement les îles de l'*Océanie lointaine* pour la première fois.

Pour l'étude actuelle, l'équipe de recherche a pu recourir au séquençage génomique de 320 personnes de Taïwan, des Philippines, de l'archipel Bismarck, des Îles Salomon, des Îles Santa Cruz et de l'archipel du Vanuatu afin de caractériser la diversité génétique des populations des innombrables îles du Pacifique-Sud qui ont été colonisées à des moments très différents, et pour vérifier les connaissances actuelles sur l'histoire de leur peuplement.

### **Le séquençage du génome apporte de la lumière dans l'obscurité**

Grâce au séquençage, les scientifiques ont pu dater le peuplement de différentes îles de l'*Océanie proche* à environ 40'000 ans et ainsi confirmer les découvertes archéologiques. En outre, il a pu être prouvé qu'une période d'isolement génétique entre les îles a suivi cette première colonisation. « Nos résultats confirment que les êtres humains ont été très tôt en mesure de traverser l'océan pour atteindre de nouvelles terres. Ils indiquent également que les voyages à cette époque étaient relativement rares », explique Etienne Patin, chercheur CNRS à l'Institut Pasteur. En outre, l'étude remet en question la théorie selon laquelle il y a environ 5'000 ans une population quitte Taïwan pour peupler rapidement l'*Océanie proche* et *lointaine*. Les analyses génomiques indiquent que l'Homme quitte Taïwan il y a plus de 5'000 ans et que le métissage qui accompagne l'arrivée des Austronésiens en *Océanie proche* ne débute que 2 000 ans plus tard. Contrairement à la théorie classique, l'expansion de Taïwan n'a pas donné immédiatement suite à un mélange unique avec la population de l'*Océanie proche*, mais il y aurait eu des épisodes récurrents d'échanges génétiques.

### **Les compétences bernoises pour l'analyse génétique en laboratoire**

« Cette étude fournit une nouvelle vision de l'histoire du peuplement de l'Océan Pacifique et montre qu'elle est le résultat d'un processus complexe. Celui-ci comprend plusieurs interactions entre différentes vagues migratoires vers l'Océanie et dans l'Océan Pacifique, et non pas une seule et unique migration suivie d'un seul mélange, comme on le supposait jusqu'à présent », indique le co-auteur de l'étude Laurent Excoffier de l'Université de Berne et du SIB. « Notre laboratoire a été impliqué dans les inférences démographiques et historiques des données génomiques qui ont été analysées principalement avec un logiciel informatique développé par notre laboratoire », précise M. Excoffier.

### **Informations relatives à la publication :**

Jérémy Chouin et. al.: Genomic insights into population history and biological adaptation in Oceania, *Nature*, 14 avril 2021, doi: <https://www.nature.com/articles/s41586-021-03236-5>

### **Interlocuteur :**

Prof. Dr. Laurent Excoffier

Université de Berne, Institut d'Écologie et d'Évolution, division de Génétique des Populations et SIB Institut Suisse de Bioinformatique

Tél. +41 76 389 52 70 / [laurent.excoffier@iee.unibe.ch](mailto:laurent.excoffier@iee.unibe.ch)

### **Institut d'Écologie et d'Évolution, division de Génétique des populations**

Le laboratoire de Génétique Moléculaire et Computationnelle des Populations (CMPG) de l'Institut d'Écologie et d'Évolution (IEE) est rattaché au SIB Institut Suisse de Bioinformatique. Les collaboratrices et collaborateurs du CMPG utilisent des techniques moléculaires, des développements théoriques et des simulations informatiques pour reconstituer l'histoire démographique des populations et des espèces à partir de données génétiques, et tester des scénarios évolutifs alternatifs. Le groupe de recherche développe et gère des programmes informatiques pour étudier et simuler la diversité génétique des populations, inférer les paramètres démographiques de scénarios historiques complexes et identifier des gènes soumis à sélection par des techniques de balayages génomiques.

Plus d'informations : [https://www.cmpg.iee.unibe.ch/index\\_eng.html](https://www.cmpg.iee.unibe.ch/index_eng.html)

### **A propos du SIB Institut Suisse de Bioinformatique**

Le SIB est une organisation à but non lucratif reconnue au niveau international et spécialisée en science des données biologiques et biomédicales. Ses scientifiques traduisent les données en savoirs et se passionnent pour les questions complexes dans de nombreux domaines des sciences du vivant, de l'écologie à la médecine. Ils fournissent des bases de données et des logiciels essentiels à la recherche ainsi qu'une large palette d'expertises en bioinformatique utiles aux institutions publiques et privées. Le SIB fédère la communauté bioinformatique suisse, qui compte quelque 800 scientifiques, en encourageant les collaborations et le partage de connaissances. L'institut contribue ainsi à maintenir la Suisse à la pointe de l'innovation en favorisant les avancées de la recherche biologique et du domaine de la santé.

Data scientists for life

[www.sib.swiss](http://www.sib.swiss)