

## Évolution génétique des populations humaines du Bassin parisien de l'Âge du Fer à nos jours

Les études paléogénomiques ont, depuis 10 ans, permis de transformer radicalement notre vision des mouvements de populations. Par exemple, en Europe, le début et la fin du Néolithique ont vu la diffusion de populations provenant respectivement d'Anatolie et des steppes pontiques, ce qui a créé une diversité génétique à laquelle correspond encore, dans les grandes lignes, celle des populations actuelles (Antonio et al. 2024; Brunel et al. 2020).

Les périodes plus récentes, historiques, posent également de nombreuses questions. Par exemple, la diffusion du phénomène celtique à partir du nord des Alpes s'est-elle accompagnée de migrations de populations ? Une étude récente (Fischer et al. 2022) suggère que la transition entre l'Âge du Bronze et l'Âge du Fer s'est effectuée sans changement majeur de population. Autres interrogations : quel a été l'impact sur la diversité génétique de la romanisation ou des grandes invasions suivant la fin de l'Empire romain ?

Mettant à profit le caractère interdisciplinaire de notre unité Éco-Anthropologie (UMR 7206, Musée de l'Homme, Paris), nous avons entrepris d'étudier ces questions au niveau de la région de Paris (la ville de Paris elle-même et sa proche banlieue). Cette région se situe à l'interface entre une Europe atlantique et l'Europe continentale. Elle constitue également un lieu de rencontre entre les régions situées au nord des Alpes, et les régions situées au sud et sur le pourtour méditerranéen. Paris joue aussi depuis deux mille ans le rôle d'une capitale : de quelle façon l'évolution de cette ville en capitale au niveau d'une région puis d'un État a-t-elle affecté la diversité génétique de ses habitants ? Antonio et al. ont par exemple montré que la diversité génétique de la population de Rome avait largement crû avec l'expansion de l'Empire (Antonio et al. 2019).

Notre étude est fondée sur l'analyse d'échantillons humains datant de cinq périodes archéologiques : l'Âge du Fer (800 AEC jusqu'au 1<sup>er</sup> siècle AEC), la période gallo-romaine (1<sup>er</sup> siècle AEC - 5<sup>e</sup> siècle EC), la période mérovingienne (5<sup>e</sup> - 8<sup>e</sup> siècles EC), la période carolingienne (8<sup>e</sup> - 11<sup>e</sup> siècles EC) et le 17<sup>e</sup> siècle EC. L'Âge du Fer est représenté par le cimetière gaulois de Bobigny qui correspond à une occupation entre le 2<sup>e</sup> et le 3<sup>e</sup> siècle AEC. Pour la période gallo-romaine, nous avons eu recours aux résultats de fouilles anciennes de la nécropole Saint-Jacques, l'une des principales nécropoles de Lutèce (1<sup>er</sup> - 3<sup>e</sup> siècle EC). L'époque mérovingienne inclut des échantillons des sites de Tremblay-en-France et de Villiers-le-Bâcle, et l'époque carolingienne, des échantillons du site des Mastraits à Noisy-le-Grand. Enfin l'époque moderne est représentée par des individus du cimetière de Charenton, datant du 17<sup>e</sup> siècle. Pour chacune des cinq périodes étudiées, nous disposons déjà d'une vingtaine de génomes séquencés à une profondeur comprise entre 0,2 et 3 X. Nous envisageons aussi une comparaison avec des données d'ADN contemporaines en collaboration avec le projet POPGEN (Diversité Génomique de la population française, Université de Brest).

La thèse poursuit deux objectifs majeurs. Il s'agit d'une part d'évaluer l'évolution génétique des populations humaines qui ont occupé le Bassin parisien depuis l'Âge du Fer, grâce à l'analyse des échantillons anciens mentionnés plus haut. Ces génomes seront comparés à ceux d'individus provenant du Bassin parisien pour des époques antérieures (Néolithique ancien, moyen et récent, et neuf nouveaux génomes datant de l'Âge du Bronze), déjà obtenus au laboratoire, ainsi qu'aux génomes d'individus publiés par d'autres équipes : par exemple, pour l'Âge du Fer, des individus des sites d'Attichy-Bitry dans l'Oise, de Barbuise et de Buchères dans l'Aube (Fischer et al. 2022;

Brunel et al. 2020). La personne en thèse produira dans un premier temps une base de données réunissant tous ces génomes et permettant de les comparer. Des analyses descriptives seront d'abord réalisées en utilisant des approches classiques de paléogénétique (ACP, admixture, f3-outgroup). L'existence de flux de gènes entre populations sera testée grâce à des statistiques f4 et des modélisations de type qpAdm. Il est possible que les distances génétiques entre les populations comparées soient trop faibles pour produire des résultats statistiquement significatifs. Les génomes seront donc aussi imputés afin d'utiliser des approches de partage d'haplotypes (IBDSeq) donnant accès à des proximités plus fines entre individus, voire à des relations de parenté éloignées (6<sup>e</sup> à 8<sup>e</sup> degré pour ancIBD). Une modélisation de ces partages d'haplotypes entre groupes sera également effectuée avec Chromopainter ou un logiciel équivalent. Ces analyses seront menées conjointement sur le chromosome X et sur les chromosomes autosomes afin de pouvoir mettre en évidence des biais éventuels en fonction du sexe biologique. Ce travail nous permettra d'obtenir des informations sur la continuité génétique des individus occupant le Bassin parisien depuis deux mille ans. Le cas échéant, nous pourrions même proposer les scénarios de métissage les plus probables entre des populations sources également déterminées comme les plus plausibles.

Le deuxième objectif de la thèse sera d'inférer des caractéristiques culturelles pour chaque population étudiée, à partir de la confrontation des données génomiques et archéologiques. L'analyse des génomes fournit en effet des informations sur les origines génétiques et les relations de parenté biologique entre individus. Nous pourrions ainsi évaluer si ces nécropoles sont structurées par des liens familiaux ou claniques, l'homogénéité génétique des populations, leur taux d'endogamie, et la diversité des génomes mitochondriaux, indice de patrilocalité (les jeunes femmes quittent leur lieu d'habitation familial pour aller résider dans le lieu d'habitation de leur époux). Nous pourrions mettre en évidence des différences de traitement funéraire (potentiellement signes de statuts sociaux différenciés) selon le sexe ou la parenté biologique, ou encore selon le type d'ancestralité.

L'adéquation de ce projet de thèse avec la thématique de l'Institut des Sciences de l'Antiquité tient évidemment d'abord à la période étudiée, qui comprend une large partie de l'Antiquité (de l'Âge du Fer à la période mérovingienne, avec des comparaisons impliquant des individus de l'Âge du Bronze), mais aussi à son interdisciplinarité : les analyses génétiques (génétique des populations et étude des relations de parenté) viennent compléter les analyses archéologiques pour inférer les caractéristiques démographiques et sociales des populations étudiées. Nous travaillons de fait en étroite collaboration avec l'équipe d'anthropologie funéraire (ABBA) de notre unité (<https://ecoanthropologie.fr/fr/anthropologie-biologique-et-bio-archeologie-abba-6276>) ainsi qu'avec des responsables d'opérations archéologiques comme Cyrille Le Forestier (INRAP, <https://inrap.academia.edu/CyrilleLeForestier>).

Antonio et al. 2019. « Ancient Rome: A Genetic Crossroads of Europe and the Mediterranean ». *Science* 366 (6466): 708-14. <https://doi.org/10.1126/science.aay6826>.

Antonio et al. 2024. « Stable population structure in Europe since the Iron Age, despite high mobility ». *eLife* 13:e79714. <https://doi.org/10.7554/eLife.79714>.

Brunel et al. 2020. « Ancient Genomes from Present-Day France Unveil 7,000 Years of Its Demographic History ». *PNAS* 117 (23): 12791-98. <https://doi.org/10.1073/pnas.1918034117>.

Fischer et al. 2022. « Origin and Mobility of Iron Age Gaulish Groups in Present-Day France Revealed through Archaeogenomics ». *iScience* 25 (4): 104094. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2022.104094>.