

« Autour des populations du passé : approches sanitaires »

Séminaire bi-mensuel 2011-2012 coordonné par
Isabelle Séguy (INED/Cé pam) et Luc Buchet (Cé pam/INED)

Séance 10 : Génétique, microbiologie et modélisations

Mardi 4 juin 2013 - de 14h00 à 17h30

INED – salle 111

Délégation du CNRS –Sophia Antipolis- salle de conférence
(Renseignements pratiques en dernière page)

Programme

14h00-14h45 :

Nicolas BACAËR (IRD, Bondy), *La peste en Inde au début du XXe siècle: saisonnalité et modélisation*

14h45- 15h30 :

Raffaella BIANUCCI (University of Oslo, Centre for Ecological and Evolutionary Synthesis / University of Turin, Laboratory of Physical Anthropology): *Insights into Medieval Plague Epidemics*

Discussion

15h45- 16h30 :

Nadine PELLEN (Université de Bretagne occidentale): *Quand le passé éclaire le présent... Analyse des réseaux généalogiques des patients atteints de mucoviscidose en Bretagne*

16h30- 17h15 :

Véronique GALLIEN (INRAP/CEPAM), Yves DARTON et Luc BUCHET (CEPAM, Nice) : *La dysplasie de la hanche, un marqueur génétique et culturel au sein d'une population mérovingienne (Chéméré, Loire-Atlantique)*

Discussion



Séance 10 : Résumé des communications

LA PESTE EN INDE AU DEBUT DU XXE SIECLE: SAISONNALITE ET MODELISATION

Nicolas Bacaër

IRD, Bondy

nicolas.bacaer@ird.fr

Le début du XXe siècle a vu plusieurs tentatives pour développer la modélisation mathématique des épidémies. A.G. McKendrick, un médecin militaire britannique, a été particulièrement actif sur ce sujet. On reviendra dans cet exposé sur le modèle générique qu'il a proposé en 1927 et sur l'application faite à la courbe épidémique de la peste à Bombay en 1906. On insistera notamment sur la saisonnalité. Cet aspect semble poser quelques problèmes pour l'explication d'autres épidémies historiques de peste.

Références:

N. Bacaër (2012) The model of Kermack and McKendrick for the plague epidemic in Bombay and the type reproduction number with seasonality. *J Math Biol* 64:403-422.

S.K. Cohn Jr (2010) *The Black Death Transformed*. Bloomsbury Academic, London.



INSIGHTS INTO MEDIEVAL PLAGUE EPIDEMICS

Raffaella Bianucci

University of Oslo, Centre for Ecological and Evolutionary Synthesis (CEES),
Department of Biosciences, Oslo, Norway

et

University of Turin, Laboratory of Physical Anthropology,
Department of Public Health and Paediatric Sciences, Turin, Italy

raffaella.bianucci@unito.it

Plague has been one of most devastating infectious diseases that affected the mankind and has caused approximately 200 million human deaths. Recent paleopathological investigations showed that *Yersinia pestis*, the causative agent of plague, was responsible for the outbreaks which repeatedly ravaged Europe between the 6th c. and the 18th c. AD; they further implied that Asia is the likely geographic origin for the strains responsible of the three Pandemics. These findings end a long debate on the aetiology of the outbreaks which hit Europe since the beginning of the Christian Era.

Given the history, plague is often classified as a problem of the past. However, it remains a current threat in many parts of the world and has been categorised as a re-emerging disease. Climate change might increase the risk of plague outbreaks where the infection is currently endemic (enzootic foci) and new plague areas might arise. Remarkably little is known about the dynamics of plague in its natural reservoirs and, hence, about changing risks for humans.



QUAND LE PASSE ECLAIRE LE PRESENT...

ANALYSE DES RESEAUX GENEALOGIQUES DES PATIENTS ATTEINTS DE MUCOVISCIDOSE EN BRETAGNE

Nadine Pellen

Université de Bretagne occidentale, Brest

nadinepellen@hotmail.fr

En partant du principe que les gènes parlent de nous, mais aussi de nos parents, de nos ancêtres et de leur histoire et en me basant sur des résultats actuels de biologie moléculaire, j'ai remonté le chemin de la transmission génétique par le biais des généalogies ascendantes. Pour ce faire, j'ai pris appui sur une base de données contenant plus de 260 000 individus uniques.

Une fois la mutation survenue dans un gène, son sort dans la population dépend essentiellement des comportements sociodémographiques des personnes qui le portent. La présence d'un gène délétère associé à une forte fécondité, une population peu mobile, au marché matrimonial restreint, ainsi qu'un avantage sélectif des porteurs sains, permettent d'expliquer la fréquence et la répartition de la mucoviscidose à la pointe de la Bretagne aujourd'hui.

Autrement dit, l'existence de mutations locales spécifiques n'est pas due au hasard mais à l'histoire du peuplement de la région et aux comportements sociodémographiques des populations qui font, qu'encore de nos jours, les coïncidences peuvent être nombreuses.



**LA DYSPLASIE DE LA HANCHE, UN MARQUEUR GÉNÉTIQUE ET CULTUREL AU SEIN D'UNE
POPULATION MÉROVINGIENNE (CHÉMÉRÉ, VII^E SIECLE, LOIRE-ATLANTIQUE)**

Véronique Gallien

INRAP/CEPAM, Nice, veronique.gallien@inrap.fr

Yves Darton

CEPAM, Nice, yves.darton@cepam.cnrs.fr

Luc Buchet

CEPAM Nice, luc.buchet@cepam.cnrs.fr

Les fouilles du cimetière médiéval de Chéméré, au sud de Nantes (Loire-Atlantique), ont permis de dégager 416 tombes (sur une superficie fouillée représentant environ 1/5^e de la surface totale). Par son organisation, sa topographie et la structure de la population exhumée, il s'agit du cimetière d'une communauté villageoise de la période mérovingienne.

Sur un échantillon de 181 individus (155 adultes et 26 enfants) exhumés en 2007, 26 individus adultes (18 hommes et 8 femmes), sur les 92 dont le bassin était conservé, présentent des signes de dysplasie de la hanche.

Ce signal génétique peut être lu, d'un point de vue paléopathologique, dans ses expressions mineures, tant du bassin que du fémur, ou dans ses expressions plus évoluées (luxation et subluxation de la hanche). Selon l'angle considéré, les conclusions seront très différentes sur la prévalence du trouble génétique au sein d'une population donnée.



« Autour des populations du passé : approches sanitaires »

Séance 10 : Renseignements pratiques

Date : mardi 4 juin 2013

Horaires : 14 h 00 - 17h30

Lieux :

La table ronde se déroulera en duplex (par visio-conférence)

entre l'INED- salle 111 (1^{er} étage)

http://www.ined.fr/fr/institut/infos_pratiques/venir/

(prévoyez de prendre votre carte d'identité, elle pourrait vous être réclamée à l'accueil)

et

la salle de conférence (rez-de-chaussée) de la délégation régionale du CNRS à Sophia Antipolis

<http://www.cote-azur.cnrs.fr/PlanAcces/view>

Contact : seguy@ined.fr

(+33 4-89-88-15-15 ou +33 6-87-44-86-17)

luc.buchet@cepam.cnrs.fr

(+33 4-89-88-15-16)

