



Article scientifique

Article

1978

Published version

Open Access

This is the published version of the publication, made available in accordance with the publisher's policy.

Endogamie et consanguinité dans un village d'Indiens maya des hauts plateaux guatémaltèques

Sauvain-Dugerdil, Claudine

How to cite

SAUVAIN-DUGERDIL, Claudine. Endogamie et consanguinité dans un village d'Indiens maya des hauts plateaux guatémaltèques. In: Archives suisses d'anthropologie générale, 1978, vol. 42, n° 1, p. 45–48.

This publication URL: <https://archive-ouverte.unige.ch/unige:95448>

Endogamie et consanguinité dans un village d'Indiens maya des hauts plateaux guatémaltèques

par

CLAUDINE SAUVAIN-DUGERDIL

Endogamie, consanguinité: deux concepts souvent fondus en un, quoique pas toujours superposables.

L'endogamie est le fait de restreindre le choix du conjoint aux limites d'un groupe d'individus. De l'effectif de ce groupe dépend le taux de « consanguinité ambiante ». Le coefficient moyen de consanguinité, défini comme la probabilité que, chez un individu pris au hasard dans la population, deux gènes homologues soient identiques, est lié à l'effectif génétique de la population par la relation:

$$\alpha_g = \frac{1}{2N_e^{(g-2)}} + \left\{ 1 - \frac{1}{N_e^{(g-2)}} \right\} \alpha_{g-1} + \frac{1}{2N_e^{(g-2)}} \alpha_{g-2} \approx 1 - e^{-g/2N_e}$$

si l'effectif est constant

Lorsque g , le nombre de générations, augmente, α tend vers 1. Dans une population endogame, les mariages ne se font pas toujours au hasard: en plus de la « consanguinité ambiante », il peut y avoir choix du conjoint selon divers critères, notamment celui de l'apparentement. Cet écart à la panmixie est quantifié par un coefficient δ , compris entre les limites de $-\frac{1}{n-1}$ et $+1$, où « n » est le nombre d'allèles au locus étudié. La structure génotypique d'un individu pris au hasard dans la population sera:

$$S_{(g)} = \delta S_{(g-1)}^H + (1-\delta) S_{(g-1)}^P = \mathcal{S}_{(g)}$$

où $S_{(g-1)}^H$ est la structure génotypique d'une population où tous les individus seraient homozygotes (à la génération $g-1$)

$S_{(g-1)}^P$ est la structure génotypique d'une population panmictique

$\mathcal{S}_{(g)}$ est la structure génotypique en probabilités de la population.

Si le coefficient δ prend une valeur négative, il y aura excès d'hétérozygotes, ce que certains auteurs appellent « consanguinité négative ». Alors que $\delta > 0$ aura pour effet une fréquence d'homozygotes plus élevée que celle d'une population panmictique de même taille ¹.

Dans une petite population, on s'attend donc généralement à un grand nombre d'unions entre personnes apparentées, en raison du nombre limité de partenaires possibles. Cependant, l'orientation du choix du conjoint en fonction de l'apparentement est un mécanisme actif qui peut contrer cette tendance. C'est ce qui a été observé à San Antonio Palopó (Guatemala).

San Antonio Palopó est le chef-lieu de la commune du même nom, situé sur les rives abruptes du lac Atitlán, dans le département de Sololá, région montagneuse du nord-ouest du Guatemala. En dépit de sa basse latitude (14.5° N), grâce à son élévation (1500 m d'altitude), il jouit d'un climat fort agréable. En outre, avec le charme de sa population presque

¹ Pour plus de détails je renvoie aux ouvrages théoriques, notamment Jacquard 1974, 1975.

exclusivement indienne (de la famille linguistique maya), cette région devient un des hauts lieux du tourisme. San Antonio Palopó, du fait de son isolement géographique (absence de voies carrossables) et de son manque d'infrastructures hôtelières, est un des villages restés les plus traditionnels. On peut encore parler d'isolat.

Si dans cette population, les mariages se faisaient au hasard, la fréquence des unions entre cousins germains serait :

$$\mu_{CG} = 8 F_{(g-2)}$$

et celle des cousins issus de germains :

$$\mu_{CIG} = 32 F_{(g-3)}$$

où $F_{(g_i)}$ est l'indice de structure familiale à la génération i

$$F_{(g_i)} = \frac{1}{N_{(g_i)}} \left(1 - \frac{1}{\bar{x}_{(g_i)}} + \frac{V_{(g_i)}}{\bar{x}_{(g_i)}^2} \right)$$

Le calcul de ces fréquences théoriques nécessite certaines approximations et ne nous donnera qu'un ordre de grandeur.

Le dernier recensement (1973) indique que le village compte 1811 habitants, dont 819 de plus de 18 ans (46%). Entre les deux derniers recensements, 1964-1973, le taux d'accroissement de la population était de 2.99 par année. Il était de 2.6 entre 1950 et 1964. C'est cette valeur que nous utiliserons comme taux moyen pour ces cinquante dernières années, c'est-à-dire les deux générations précédant l'actuelle (durée moyenne d'une génération = 25 ans).

Si nous appelons X , la population du village il y a cinquante ans, c'est-à-dire en 1927, et Y l'accroissement de la population pendant ce laps de temps :

$$X (2.6/100) 46 = Y \text{ donc } Y = 1.20 X$$

$$\text{en 1973 } X + Y = 1811$$

$$X + 1.2 X = 1811$$

$$\text{en 1927 } X = 1811/2.2 = 823$$

il y a cinquante ans, la population âgée de plus de 18 ans était égale à : $(823) (0.46) =$

$$N_{(g-2)} = 379$$

De même pour calculer $N_{(g-3)}$ (en supposant un taux annuel d'accroissement identique) :

$$Y = 0.65 X$$

$$X + Y = 823$$

$$X = 499$$

$$N_{(g-3)} = 230$$

$\bar{x}_{(g-2)}$, le nombre moyen d'enfants qui participeront à la génération suivante ($g-1$), a été estimé d'après les données à San Antonio Palopó sur la vie génésique de 126 femmes, plus exactement des plus âgées d'entre elles puisque la fécondité semble avoir augmenté ces dernières années. Les femmes actuellement âgées de plus de 60 ans ont, en moyenne, donné le jour à 7,5 bébés vivants, dont la probabilité de survivre au-delà de 20 ans est 0,57¹ : 4,29 enfants atteindraient donc l'âge adulte. Dans le même sous-groupe², en moyenne par femme, 3,46 enfants vivent toujours. Au vu de ces chiffres, $\bar{x}_{(g-2)}$ a été fixé à 4

$$\bar{x}_{(g-2)} = 4$$

¹ Probabilité de survivre calculée sur l'échantillon complet : 1065 enfants de mères âgées de plus de 30 ans.

² Mères âgées actuellement de plus de 60 ans.

La variance du nombre d'enfants participant à la génération suivante s'élève à 5 chez les femmes les plus âgées ¹:

$$V_{(g-2)} = \frac{(x_i - \bar{x})^2}{N} = 5$$

En régime panmictique, la fréquence des mariages entre cousins germains serait donc: $\mu_{CG} = 8/379 (1 - 1/4 + 5/16) = 0.022$.

En supposant $\bar{x}_{(g-3)}$ égal à $\bar{x}_{(g-2)}$ et $V_{(g-3)}$ égal à $V_{(g-2)}$, la fréquence des mariages entre cousins issus de germains serait: $\mu_{CiG} = 23/230 (1.06) = 0.148$.

En d'autres termes, à San Antonio Palopó, un individu a une probabilité de 0.02 d'épouser son cousin germain et de 0.15 de s'unir à son cousin issu de germain. Sur les 126 couples étudiés, 3 devraient être des cousins germains et 20 des cousins issus de germains. Par l'analyse des généalogies, nous avons relevé 5 couples d'apparentés; leurs coefficients de parenté (φ) sont respectivement, par ordre croissant: 2 (1/256), 2 (1/128) et 1/64. Seul ce dernier atteint la valeur du coefficient de deux cousins issus de germains.

La population de San Antonio Palopó, ou tout au moins l'échantillon étudié, n'est donc pas panmictique quant à l'apparement: en plus du tabou presque universel de l'inceste, on n'observe pas de mariages entre cousins germains. Les unions entre cousins issus de germains semblent également exceptionnelles.

Si nous le calculions, nous obtiendrions un coefficient d'écart à la panmixie, δ , inférieur à zéro, dont l'effet est une fréquence d'hétérozygotes plus élevée qu'en régime panmictique.

L'église catholique joue certainement un rôle dans cette orientation du choix du conjoint. Dans une population où catholicisme et rites païens se fondent continuellement, il serait intéressant d'avoir également quelque idée sur les règles régissant les unions des Indiens maya de l'époque précolombienne. Jusqu'à ce jour, je n'ai trouvé que deux références à ce sujet. Eric Thomson (1973), dans une reconstitution de la vie quotidienne de cette époque, donne aux parents et aux prêtres la responsabilité du choix. Quant à V. W. von Hagen (1972), il estime que « un des tabous était que les jeunes gens ne pouvaient pas épouser quelqu'un portant le même nom de famille ». L'isonymie refléterait-elle donc des liens de parenté ?

Encore aujourd'hui la question est controversée. Si effectivement l'isonymie pouvait être employée comme mesure de l'apparement ², l'analyse des généalogies ne serait plus nécessaire et ce serait un gain de temps énorme. En fait, une récente étude (Ellis et al., 1977) montre que les conditions préalables permettant l'emploi de l'isonymie comme mesure de l'apparement ne sont que rarement remplies. Les facteurs correctifs à introduire exigent autant, si ce n'est plus, de travail que la reconstitution de généalogies. Dans la population qui nous intéresse, il faudrait tenir compte des changements de noms lors d'adoptions ou de « cadeaux » d'enfants, des inversions fréquentes entre nom du père et celui de la mère (ce dernier n'étant pas toujours le second), des noms plus rares qui sont ceux de familles (relativement) nouvellement immigrées. L'équiprobabilité des différents types d'unions entre cousins devrait être vérifiée: les mariages entre apparentés devraient être en proportions identiques chez les ancêtres masculins et féminins. Et surtout, il resterait à prouver l'origine monophylétique de chaque nom de famille, ou à différencier les branches aux origines distinctes, ce qui est problématique puisque de nombreuses familles, ou peut-être parties de familles, ont changé leur patronyme maya pour un nom espagnol.

Si la méthode de l'estimation de l'apparement des époux par l'isonymie est à rejeter, un autre biais par lequel il serait possible d'estimer le niveau d'hétérozygose sera testé

¹ Mères âgées actuellement de plus de 60 ans.

² $\alpha = \frac{\text{fréquence des couples isonymes}}{N}$

dans la suite de l'étude en cours. Il s'agit de la distance entre les lieux de naissance des futurs conjoints.

En résumé, nous pouvons dire qu'il serait intéressant de trouver une méthode d'estimation de l'appareillage des époux, permettant de minimiser le travail de prise d'information. Dans l'état des recherches dans ce domaine, seule l'analyse des généalogies fournit une mesure reflétant effectivement le phénomène. Il ne faut pourtant lui attribuer aucune valeur absolue, puisque les coefficients calculés sont, comme toute probabilité, fonctions de la quantité d'information recueillie.

C'est donc sur les résultats obtenus par cette dernière méthode qu'est basée notre conclusion, à savoir que, dans une communauté endogame de taille restreinte, il peut y avoir une déviation à la panmixie dans le sens d'absence d'unions entre parents proches.

RÉSUMÉ

Le choix du conjoint est un des mécanismes de l'évolution du patrimoine génétique. L'exemple présenté montre que, même dans une population de taille restreinte, le nombre d'unions entre parents proches peut être significativement inférieur à celui que l'on devrait observer si les mariages se faisaient au hasard. L'appareillage des époux a été mesuré par le coefficient de Malécot, basé sur l'analyse des généalogies; la méthode de l'isonymie, qui permettrait de limiter la prise d'information, semble difficilement applicable dans la population étudiée.

SUMMARY

Choice of mate is one factor influencing the evolution of the genetic pool. The example in case shows that even amongst a relatively small population inbreeding can be significantly lower than would be in a random mating population. Kinship was measured by the Malécot coefficient, based on pedigree analysis; the isonymy method, which reduces the amount of data required, would seem difficult to apply to the population studied.

ZUSAMMENFASSUNG

Partnerwahl ist einer der Faktoren, die die Evolution des Gene-pools einer Population beeinflussen. Das hier vorgelegte Beispiel zeigt, dass die Häufigkeit von Verwandtenehen bei Populationen beschränkten Umfangs sogar signifikant tiefer sein kann, als dies unter Annahme eines Zufallsmodells zu erwarten wäre. Die Verwandtschaftsgrad der Ehepartner wurde, von einer Stammbaum-Analyse ausgehend, durch den Malécot'schen Koeffizienten ermittelt. Die Isonymie-Methode, welche den Vorteil eines reduzierten Datenaufwandes hätte, erwies sich in unserem Fall als unanwendbar.

BIBLIOGRAPHIE

- ELLIS, W. S. and W. T. STARMER. 1977. *Inbreeding as measured by isonymy, pedigrees, and population size in Törbel, Switzerland.* (à paraître).
- HAGEN, V. W. von. 1972. *El mundo de los Mayas* (Colección moderna, 13). Mexico, Editorial Diana.
- JACQUARD, A. 1974. *The genetic structure of populations.* Berlin-Heidelberg-New York, Springer Verlag.
- 1975. *Inbreeding: One word, several meanings.* Theoretical Pop. Biol., 7, 338-363.
- THOMSON, E. 1973. *Grandeur et décadence de la civilisation maya.* Le regard de l'histoire. Paris, Payot.

Département d'Anthropologie
de l'Université de Genève.