

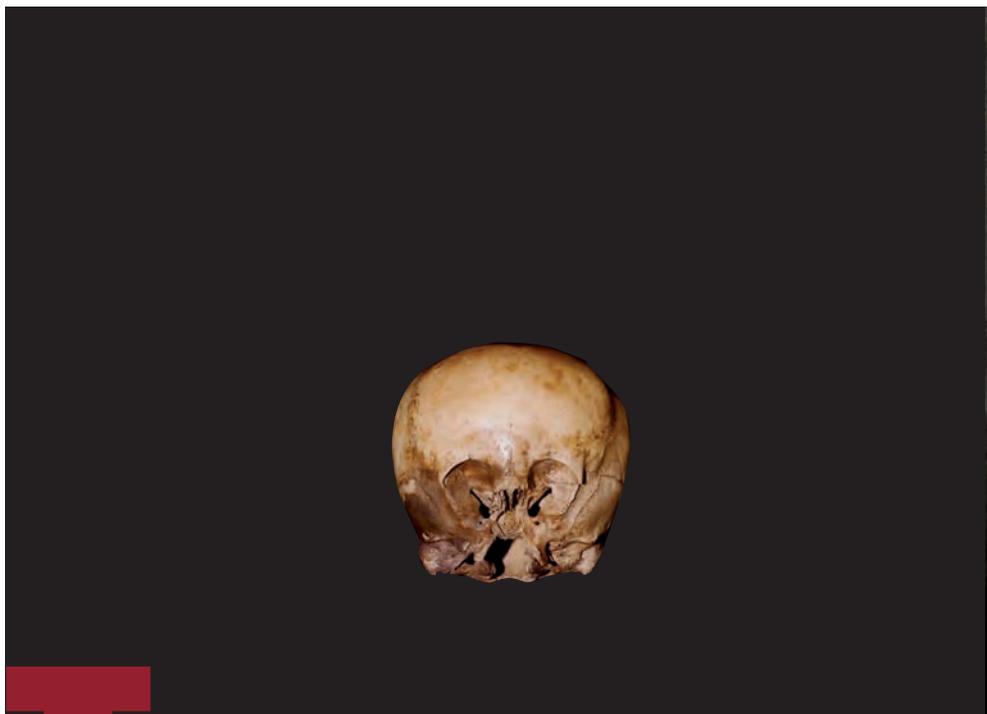
Starchild : un génome

Depuis 1999, un chercheur américain indépendant, Lloyd Pye, poursuit des recherches génétiques très poussées sur les fragments d'un crâne vieux de neuf cents ans découvert au Mexique. Sa conviction intime: ce crâne n'est pas celui d'un humain. Les derniers résultats obtenus en laboratoire, selon un protocole parfaitement scientifique, lui donnent raison.

À propos de l'auteur

Lloyd Pye est un chercheur et auteur américain connu notamment pour ses travaux sur le Starchild qui étayent la théorie de l'exogénèse selon laquelle l'*Homo sapiens* est, au moins en partie, le résultat d'interventions extraterrestres. Il a publié deux livres sur ce sujet: *Everything You Know is Wrong* (tout ce que vous savez est faux) et *Intervention Theory* (théorie de l'intervention). Il écrit régulièrement sur le blog Alternative Knowledge.

Le récit complet de la recherche sur le Starchild est exposé et illustré dans l'eBook téléchargeable (payant) sur le site <http://www.lloydpye.com/>

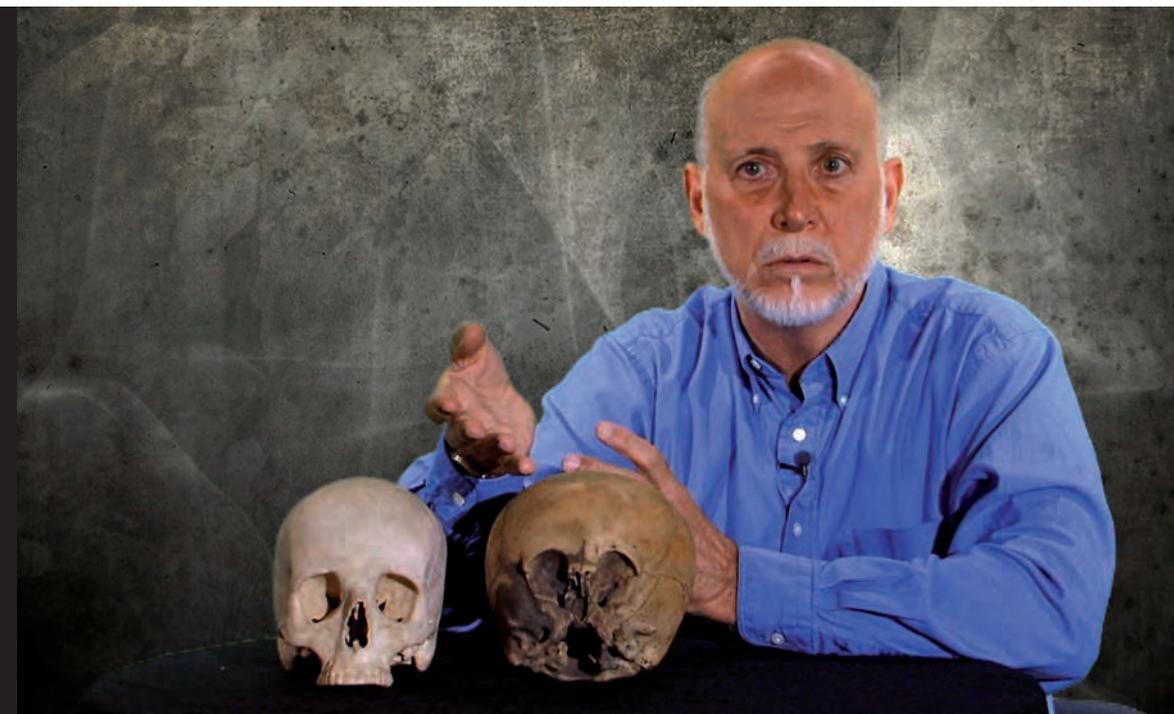


L'histoire commence en 1930, dans une région montagneuse désertique du nord du Mexique. Une jeune fille d'une quinzaine d'années, issue d'une famille d'El Paso au Texas, est en visite chez des parents dans un village isolé. Munie d'un grand panier et prétextant aller cueillir des fruits, elle part à la découverte. Elle aperçoit l'entrée d'une mine abandonnée et s'y engage. Elle y trouve un squelette humain couché sur le dos et, le long de celui-ci, une légère dépression dont émerge ce qu'elle nomme « une main squelettique mal formée » lovée autour de l'humérus du squelette humain. Le sol étant demeuré sec et meuble, elle creuse avec les mains et découvre un squelette « difforme » nettement plus court que l'autre, bien que les crânes soient de tailles voisines. Elle décrira plus tard le scénario que lui inspire la scène. Le petit personnage est mort, l'autre, peut-être sa mère, l'a porté dans la mine et l'a enterré en laissant dépasser une main, s'est couché à côté, a placé la petite main autour de son bras et s'est vraisemblablement donné la mort.

La gamine rassemble les os des deux squelettes qu'elle entasse dans son panier avec l'intention de les rapporter discrètement à El Paso. Pour se donner le temps d'organiser ce déplacement sans alerter les villageois, elle dissimule momentanément les ossements sous les racines aériennes d'un arbre qui pousse au bord d'un arroyo. Une pluie torrentielle s'abat sur la région, l'arroyo déborde et les os sont emportés. Partie les chercher deux jours plus tard et ne les trouvant pas dans la cachette, la gamine poursuit sa recherche vers l'aval et, à sa grande joie, découvre les deux crânes coincés sous un buisson, et, avec le crâne difforme, une

Par Lloyd Pye

pas très humain



À gauche, le crâne du Starchild. Ci-contre, Lloyd Pye comparant un crâne humain et le Starchild. Pour le chercheur, le crâne en question n'est pas celui d'un enfant, comme son nom pourrait le laisser croire, mais celui d'un adulte qui devait mesurer environ 1,50 m.

partie de son maxillaire supérieur gauche. Bien que regrettant la perte des squelettes, la jeune fille cache les crânes parmi ses affaires, les rapporte à El Paso et les conserve dans un carton comme un souvenir de son voyage. Elle n'y touche plus jusqu'à sa mort en 1990.

En 1998, les « souvenirs » parviennent entre les mains de Ray et Melanie Young, d'El Paso. Melanie, qui est sage-femme, se rend compte qu'un des crânes présente des anomalies qui ne correspondent à rien de connu et va jusqu'à se demander s'il est humain. Par chance, le couple est membre de MUFON [principal organisme de collecte de données ufologiques aux États-Unis, NDE]. Familiers de ces questions, ils cherchent un spécialiste et entrent en relation avec Lloyd Pye en février 1999.

Ce dernier, psychologue de formation, est passionné par le thème de l'anthropogénèse dite « interventionniste », impliquant la visite sur Terre d'êtres venus de l'espace. La découverte du petit crâne éveille aussitôt sa curiosité. Il commence par faire exécuter des radios, puis une datation au ^{14}C qui situe la mort des deux individus à environ 900 ans. Par simple observation, le chercheur met en évidence vingt-cinq caractéristiques majeures comme la structure osseuse unique du crâne, qui le distinguent déjà radicalement de l'humain. Mais pour constituer un article recevable par un comité de lecture, il s'avère nécessaire de procéder à des analyses poussées de l'ADN.

Commence alors une recherche qui sera longue et pénible, particulièrement en raison de l'aversion farouche des scientifiques pour la thématique extraterrestre. Lloyd Pye peine à trouver les crédits nécessaires à sa recherche. Il progresse lentement en y investissant ses propres deniers. Après treize années d'efforts, grâce à un don désintéressé et aux progrès des techniques d'extraction, il publie les dernières données qui démontrent la nature exogène du Starchild.

Rien d'un crâne humain

Depuis le début de nos investigations au sein du Starchild Project (groupe de chercheurs indépendants que j'ai formé en 1999 autour du Starchild), nous savons que ce crâne n'est pas entièrement – voire pas du tout – d'origine humaine. Aucune de ses caractéristiques ne correspond à celles d'un crâne humain. Malheureusement, les scientifiques conformistes ne se sont jamais émus des divergences stupéfiantes constatées, les expliquant par une dérobade du genre : « *la nature est capable de n'importe quoi* », alors qu'en fait ce n'est jamais le cas.

En vérité, la nature fonctionne selon des règles strictes qui cernent la vie dans des cadres définis par le code génétique commun à toutes les espèces. Il n'est pas de lois plus fermement établies que celles de la génétique. Cinquante prétendus témoignages oculaires d'un crime ne seront pas retenus devant la preuve contraire fournie par l'ADN. La preuve par l'ADN prévaut devant les tribunaux parce qu'elle est la mathématique de la biologie. Elle dit ce qu'elle dit, encore et toujours, avec cohérence et une fiabilité sans faille.

La génétique constituant la mathématique de la biologie, seule l'analyse de l'ADN du Starchild pouvait avoir raison de la thèse d'un accident de la nature ayant une chance sur un milliard de se produire.

La piste génétique

Dans le cadre de vie ou de mort de cette cohérence, le génome humain peut supporter de légères variations. Les petits Pygmées et les grands Tutsis sont des Africains noirs marqués d'ostensibles différences physiques; cependant, les deux ethnies sont incontestablement humaines. Les différences de composition génétique interdisent que deux Pygmées engendrent un Tutsi et inversement. Cependant, l'ADN est suffisamment flexible pour permettre à un couple inter-ethnique d'engendrer une progéniture viable, encore que cette flexibilité ait des limites. Un être est humain ou ne l'est pas, il n'y a pas de moyen terme.

La génétique constituant la mathématique de la biologie, seule l'analyse de l'ADN du Starchild pouvait avoir raison de la thèse d'un accident de la nature ayant une chance sur un milliard de se produire. Il nous a malheureusement fallu près de dix ans avant que puisse être mise en œuvre la technologie nécessaire à la récupération et l'analyse d'un ADN âgé de 900 ans.

Cette technologie nouvelle est opérationnelle depuis quelques années et son coût initial extrêmement élevé a pu bénéficier d'un financement raisonnable. Aussi avons-nous obtenu suffisamment d'analyses partielles de l'ADN du Starchild pour pouvoir entreprendre avec confiance l'inventaire complet de son génome et prouver qu'il est radicalement différent de l'humain.

► Un séquençage d'une grande fiabilité

« **E**n mars 2008, ont été découverts en Sibérie des fossiles d'hominidés de Denisova, proches parents des Néandertaliens. Une ébauche de génome publiée en 2010 par Svante Pääbo de l'Institut Max-Planck pour l'anthropologie évolutionnaire, à Leipzig, a révélé des croisements entre les Denisoviens et les humains modernes¹. Toutefois, chaque position dans le génome n'avait été lue que deux fois, ce qui rendait peu fiables les détails fins. Le nouveau génome recouvre chaque position trente fois, rendant fiables les détails. » Cet extrait d'un article paru dans le magazine *New Scientist* (février 2011) nous permet de mieux appréhender le cas spécifique du Starchild. En 2010, le laboratoire Max-Planck a obtenu deux lectures du génome denisovien grâce à ce qu'on appelle des machines de séquençage de nouvelle génération². Cela signifie qu'ils ont fait une première annonce d'ébauche d'assemblage du génome denisovien avec une profondeur moyenne de couverture de deux environ. Chaque assemblage comprend des milliers, voire des millions de lectures individuelles et la profondeur de couverture indique combien de fois chaque lecture est répétée. Les données de l'ébauche auraient donc compris des lacunes dans certaines zones de couverture du

génome entier. Bien que le résultat ait été très parlant (ce qui explique leur publication), ces lacunes le rendaient fondamentalement peu fiable. C'est toujours le cas avec les données obtenues *via* un séquençage de nouvelle génération. Cependant la plupart des vides sont comblés par l'exécution d'un grand nombre de lectures, ce qui finalement produit des résultats d'un haut niveau de fiabilité.

Les résultats partiels obtenus pour le Starchild par le généticien du laboratoire avec lequel nous travaillons sont absolument aussi fiables et implacables que ceux de l'équipe de Leipzig. Il a utilisé les mêmes techniques d'analyse et les résultats sont comparables aux leurs : partiels, mais convaincants. Et pour lever les éventuels derniers doutes quant aux résultats obtenus, précisons que, tout comme ceux de chez Max-Planck, ces lectures ont été renouvelées au moins trente fois pour obtenir le même remarquable niveau de certitude.

1. J. Krause, Q. Fu, J. M. Good, B. Viola, M. V. Shunkov, A. P. Derevianko, S. Pääbo (2010) « The complete mitochondrial DNA genome of an unknown hominin from southern Siberia », *Nature*, vol. 464, 24 mars 2010, p. 894-897.

2. Ensemble de méthodes apparues à partir de 2005 pour réaliser du séquençage à très haut débit.

L'ADN nucléaire ou ADNnu

Pour comprendre ce que notre généticien [l'auteur a souhaité préserver son anonymat, NDT] a réalisé jusqu'ici, commençons par l'ADN nucléaire ou ADNnu. Il se loge dans le noyau de presque chacune des milliards de cellules du corps humain (les globules rouges matures n'en ont pas et les cellules sexuelles en possèdent la moitié). Il contient le matériel génétique provenant des parents lorsque l'ovule de la mère est fertilisé par le spermatozoïde du père. Chez les humains, cela produit un génome constitué de plus de 3 milliards de paires de bases (pb) formant des nucléotides.

Les quatre nucléotides différents se caractérisent par leurs bases chimiques (A, G, T, C) qui s'associent par paires : cytosine + guanine, thymine + adénine. Ainsi associées, les paires de bases peuvent être comparées aux barreaux de l'échelle que forme l'ADN (fig. 1). Les plus de trois milliards de pb du génome de l'ADN nucléaire contiennent des centaines de milliers de mutations nommées polymorphismes d'un nucléotide simple (SNP). Parmi ces mutations, plus de 4000 sont associées à des maladies ou désordres génétiques.

Dans le noyau de n'importe quelle cellule, la majeure partie de l'ADN est considérée comme non codante, non fonctionnelle ou, selon l'expression consacrée, « pou-belle » ou « muet ». Jusqu'à 95 % du génome de l'ADNnu est classé comme « muet » parce que ne produisant aucune des protéines ou éléments nécessaires à la vie. Il apparaît que nos cellules effectuent tout le travail d'entretien et de fonctionnement du corps en utilisant seulement 5 % du génome de notre ADNnu. Cependant, 5 % de 3 milliards font 150 millions, qui apparemment suffisent pour

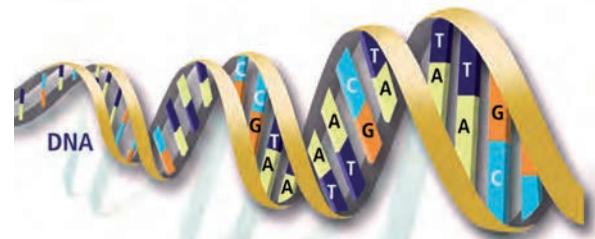


Fig. 1 : Une portion de la double hélice d'ADN avec la séquence des quatre nucléotides associés en paires de bases.

exécuter les myriades de tâches biochimiques nécessaires au fonctionnement normal de notre organisme. Personne n'a encore compris pourquoi le corps a besoin de tant d'ADN muet. Ce que nous savons, c'est que lors de chaque division cellulaire, notre organisme reproduit fidèlement tout l'ADNnu, y compris le muet, ce qui indique qu'il est suffisamment important pour être conservé.

Du génome du Starchild, notre généticien a pu extraire et séquencer plusieurs douzaines de fragments totalisant plus de 30000 pb. Ce nombre apparemment énorme est en fait un pourcentage dérisoire (0,001 %) par rapport au total de plus de 3 milliards de pb. Pourtant, ces quelques fragments racontent, au sujet de l'ADN du Starchild, une histoire qu'on ne peut ignorer.

Des fragments d'ADN inconnus sur Terre

Notre généticien a envoyé ces séquences génétiques inconnues aux National Institutes of Health (NIH), dans le Maryland, afin qu'elles soient comparées à des millions de séquences conservées dans la base de données de l'Institut. Cette base de données est extrêmement complète car elle contient les génomes accumulés de milliers d'organismes différents, depuis les mammifères jusqu'aux bactéries en passant par les reptiles et les crustacés.

Pour ces comparaisons, les paramètres de recherche s'étendaient depuis l'exacte équivalence de toute la chaîne de pb jusqu'à des équivalences de n'importe quel segment avec n'importe quel fragment. Moyennant ces critères exceptionnellement larges, de nombreux fragments du Starchild ont pu être assortis à des séquences génétiques de la base de données des NIH. Certaines sont comparables aux séquences humaines, ce qui signifie qu'elles sont ressemblantes, mais pas nécessairement humaines.

Le génome humain a un grand nombre de corrélations. Les humains partagent 97 % de leurs gènes avec les chimpanzés, 95 % avec les gorilles, 70 % avec les rats, 65 % avec les souris et 26 % avec la levure. Ainsi, presque tout sur la Terre est génétiquement en corrélation avec les humains; il n'est donc pas étonnant qu'une partie de l'ADNnu du Starchild soit de type humain (fig. 2, en haut). Ce qui est inhabituel et saisissant, c'est que de nombreux autres segments de son ADN n'ont trouvé aucune parenté dans la

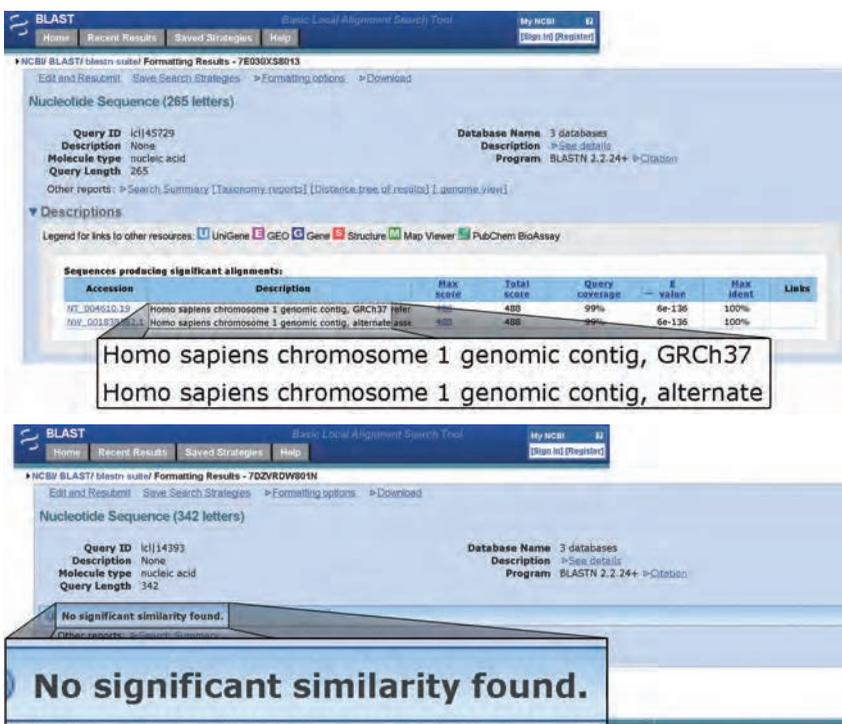


Fig. 2 : Comparaison d'une suite de paires de bases de 342 nucléotides avec la base de données des NIH. Une partie de l'ADNnu du Starchild, descendance masculine, ne correspond à rien dans la base de données des NIH, c'est-à-dire à aucun organisme vivant connu sur Terre.

base de données des NIH (fig. 2, en bas).

Cela n'est ni impossible ni entièrement nouveau, mais c'est un indice significatif que certains aspects de son ADN n'existent peut-être pas du tout sur la Terre! Bien sûr, cela ne constitue pas une preuve; il faudra, pour le confirmer, encore un grand nombre de lectures à l'aide de machines séquentielles modernes. Mais d'après ces résultats initiaux partiels, nous considérons comme hautement probable que le Starchild n'est pas entièrement humain.

L'ADN mitochondrial (ADNmt)

Ce postulat a été renforcé un peu plus tard lorsque quatre fragments de l'ADN mitochondrial (ADNmt) ont été récupérés. Celui-ci apparaît en petits paquets, flottant comme des raisins sur un pudding, dans le cytoplasme de la cellule. L'ADNmt est transmis de génération en génération par la voie femelle, dans son ovule beaucoup plus grand que le spermatozoïde. Les mâles ne contribuent pas à la transmission de l'ADNmt parce que le spermatozoïde ne contient que l'information génomique nucléaire.

Le génome mitochondrial est beaucoup plus petit et compact et contient un nombre spécifique de paires de bases: 16 569; contrastant avec les plus de trois milliards dans l'ADNnu (fig. 3).

Tout ADN est susceptible de mutations: malformations ou irrégularités dans l'arrangement de régions codées qui les empêchent de fonctionner normalement. Les mutations peuvent se produire n'importe quand et n'importe où dans l'ADNnu ou l'ADNmt. Le grand nombre – des centaines de milliers – de SNP se trouve dans l'ADNnu parce qu'une très petite partie (5 %) seulement de celui-ci participe au fonctionnement de notre corps. Les mutations peuvent s'accumuler dans les 95 % muets parce que leur impact sur les régions non codées produit rarement des désordres chez les personnes qui les hébergent. Elles peuvent ainsi se transmettre, et c'est habituellement le cas, aux générations suivantes.

Mutations fatales

Cependant, c'est exactement le contraire pour l'ADNmt. La quasi-totalité de celui-ci, au moins 98 %, fonctionne à rendement très élevé. Donc, s'il se produit une mutation dans la partie active, il y a de fortes chances que ses effets soient pathogènes au point d'être mortels. C'est pourquoi elle ne sera pas transmise aux générations suivantes. Autrement dit, les mutations dans l'ADNmt tendent à

S'il se produit une mutation dans la partie active de l'ADNmt, il y a de fortes chances que ses effets soient pathogènes au point d'être mortels.

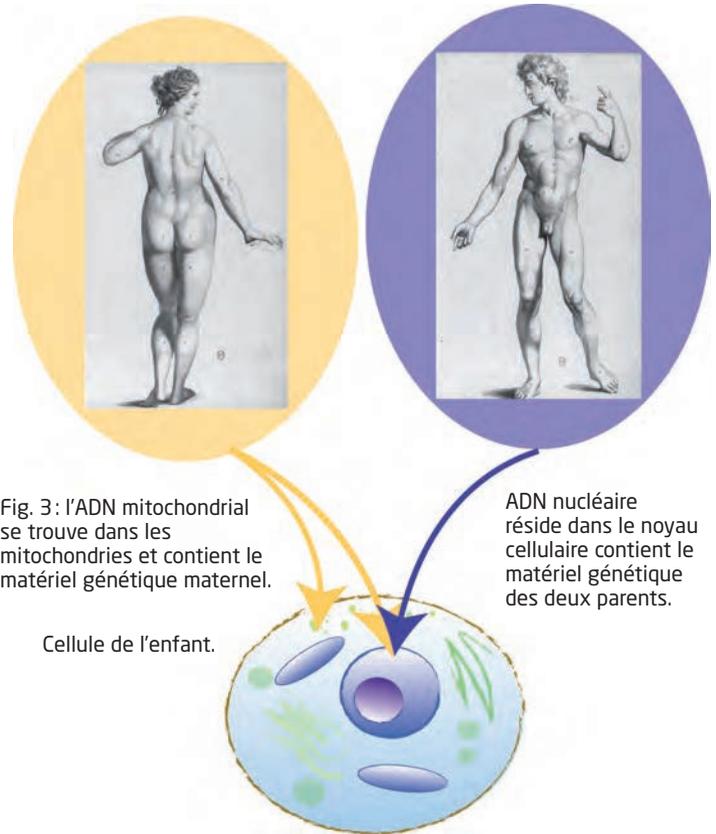


Fig. 3: l'ADN mitochondrial se trouve dans les mitochondries et contient le matériel génétique maternel.

ADN nucléaire réside dans le noyau cellulaire et contient le matériel génétique des deux parents.

Cellule de l'enfant.

être éliminées d'une population à cause de la mort de l'individu affecté. Il s'ensuit que l'ADN des mitochondries est très fortement conservé et qu'il change très peu au fil du temps.

Parmi les 16 569 pb de chaque génome d'ADNmt, 120 au maximum peuvent varier entre tous les humains. Le maximum de 120 a été trouvé chez les descendants des premiers humains originaires d'Afrique du Sud datés d'environ 200 000 ans. Le reste de l'humanité porte moins de mutations parce que nos ancêtres plus proches ne se sont développés que longtemps après l'apparition des premiers humains.

Un nombre de variations record

Quel que soit le nombre de mutations que vous ou moi portons, elles se trouvent toutes dans les 2 % d'ADNmt qui ne sont pas absolument essentiels au bon fonctionnement de notre métabolisme. C'est pourquoi l'ADNmt varie aussi peu. Bien que les mitochondries soient de petite taille, leur bon fonctionnement est indispensable à la vie, c'est pourquoi les mutations doivent se produire dans des zones non essentielles.

Étant donné l'importance de l'ADNmt, notre généticien en a récupéré chez le Starchild quatre fragments suffisamment grands totalisant 1583 pb, soit 9,55 % du total des 16 569 pb pour les humains. Comme pour l'ADNnu, ce n'est qu'un résultat partiel, mais il est aussi très significatif de ce que pourrait être

le résultat final de l'analyse complète du génome mitochondrial.

Parmi ces 1583 pb, le Starchild possède un total de 93 variations qui diffèrent du génome d'ADNmt humain très préservé. On constate que ces 93, sur seulement 9,5 % du génome, sont déjà proches du maximum de 120 variations possibles dans l'ADNmt humain. Moyennant un calcul mathématique simple mais incontournable, cette proportion de 9,5 % sur 100 % implique que les 93 variations seraient extrapolées à 977 sur le nombre total de paires de bases du génome de l'ADNmt !

Alors que le maximum de variations dans l'ADNmt humain est de 120, que le Néandertalien en porte 200 et l'hominidé de Denisova 385, voici que, pour le Starchild, l'extrapolation nous mène à 977 ! Toutefois, soyons prudents dans nos conclusions : au fil des séquençages répétés de l'ADNmt, il y a de fortes chances pour que plusieurs variations découvertes puissent s'avérer non valides et classées comme erreurs. Pour cette raison, contentons-nous de dire que le nombre de variations de l'ADNmt du Starchild se situerait entre 800 et 1000. Mais en confrontant cela avec les 120 de l'humain, qu'est-ce que cela implique (fig. 4) ?

Un humanoïde ?

Ces résultats partiels sur cet ADNmt récupéré, opération qui devrait être répétée un grand nombre de fois avant d'être entièrement fiable, nous permettent cependant de déduire que le crâne du Starchild n'appartient pas à un être humain. Bien sûr, nous nous attendons à ce que l'establishment scientifique prétende qu'il s'agit d'une sorte d'être humanoïde inconnue ; mais alors, il faudrait que ce soit un humanoïde exceptionnellement divergent, très éloigné même du Néandertalien et du Denisovien, presque aussi éloigné de l'humain que les chimpanzés, qui possèdent 1500 variations de l'ADNmt, bien loin du maximum de 120 pour l'humain.

Notre généticien a d'ores et déjà récupéré des fragments tellement probants de l'ADN du Starchild que nous sommes confiants d'avoir atteint

Quand le maximum de variations dans l'ADNmt humain est de 120, que le Néandertalien en porte 200 et l'hominidé de Denisova 385, voici que pour le Starchild, l'extrapolation nous mène à 977 !

un tournant décisif vers le décodage du génome complet. Pour clore le débat sur le statut génétique du Starchild, il va falloir comparer ce génome avec ceux de l'humain, du Néandertalien, du Denisovien et, pour la bonne mesure, du chimpanzé, du gorille et d'autres primates supérieurs. Il faudra finalement parvenir à une conclusion, pour le meilleur ou le pire, même si celle-ci peut être dérangeante. Mais avant d'en arriver là, un nouvel élément va devoir entrer en jeu.

Le gène FOXP2

Notre généticien a récupéré un fragment d'un gène issu de 5 % de l'ADNnu humain. Ce gène code pour les protéines, c'est un « gène maître », hautement fonctionnel et d'importance vitale dans le corps de n'importe quelle espèce terrestre : pratiquement toute espèce complexe en possède une variante. C'est un des plus strictement conservés dans le corps humain. Il s'agit du FOXP2, dont le nom complet est Forkhead Box P2. La prédominance du FOXP2 chez n'importe quelle créature réside en ce qu'il contrôle une cascade de processus génétiques dans des centaines d'autres gènes, qui tous coordonnent la formation de diverses parties du corps pendant le développement embryonnaire. Chez les mammifères et autres espèces « supérieures », un seul défaut, une seule variation dans le FOXP2 peut avoir de graves conséquences sur les fonctions cérébrales, auditives ou vocales, les poumons, le cœur, les intestins et les nerfs. À cause de cette importance vitale, ce gène est encore plus fidèlement conservé que l'ADNmt.

Rappelons qu'au sein des 16569 pb du génome de l'ADNmt d'un humain normal, il peut y avoir un maximum de 120 variations (chez nos ancêtres sud-africains), soit un taux de 0,7 % seulement. Par contre, le FOXP2 chez l'humain normal compte 2594 pb mais aucune variation. Chaque être humain possède exactement le même lot de pb de FOXP2 que tout autre humain normal.

Cela ne signifie pas pour autant que des mutations ne puissent se produire dans le FOXP2, on en a trouvé quelques-unes. Mais toute mutation est débilitante et, vu l'importance vitale du FOXP2, si la mort ne s'ensuit pas, les conséquences sont extrêmement graves.

Une mutation a été bien étudiée dans une section du gène dont dépend le développement des mécanismes de la parole ;

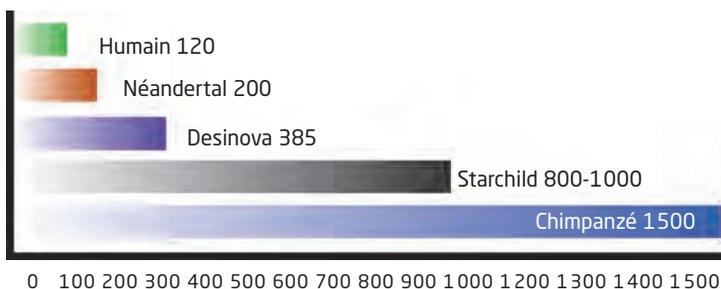


Fig. 4: Nombre de mutations dans l'ADN mitochondrial.

l'humain affecté en est alors totalement privé. C'est ce qui a fait dire que le FOXP2 est le gène du langage, mais ce n'est pas exact. La parole résulte d'un arrangement beaucoup trop complexe de fonctions pour ne dépendre que de cela, bien qu'un gène FOXP2 normal soit un terme essentiel de l'équation.

Ce qu'il faut retenir, c'est que bien qu'un nombre infime de mutations puisse persister dans le FOXP2, chaque cas a des conséquences débilitantes, mettant la vie en sursis. C'est pourquoi, jusqu'ici, aucune de ces mutations n'a été transmise à l'ensemble de la population humaine. Par conséquent, chez la très grande majorité des humains, le gène maître FOXP2 est absolument identique.

Le FOXP2 et le Starchild

Revenons au fragment du FOXP2 du crâne du Starchild séquencé par notre généticien. Sur les 2594 pb d'un gène FOXP2 normal, notre fragment est constitué de 211 pb issues d'un segment central du gène. Si la même section de 211 pb était isolée chez n'importe quel humain, chaque pb serait exactement la même que chez n'importe quel autre humain; il n'y aurait aucune différence entre les deux.

Or, surprise, le fragment de 211 pb du FOXP2 du Starchild affiche un total de 56 variations! Il est certes un peu plus compliqué d'extrapoler ce fragment de 211 pb que les quatre fragments combinés d'ADNmt étudiés plus haut, mais cela fait réfléchir. Divisons 2594 par 211, nous obtenons 12,3. Multiplions 12,3 par 56 et nous obtenons 688, disons une fourchette de variations de 600 à 700 dans les pb du FOXP2 du Starchild. Soyons tout de même ultra-prudent et limitons cette fourchette entre 200 et 300. Cela demeure absolument surprenant pour un gène hautement protégé qui, chez un humain normal, n'admet pas une seule variation!

Par comparaison, sur les 211 pb de la même section du FOXP2 chez le singe rhésus, deux seulement pourraient

varier. Ce serait 20 chez la souris, 27 chez le chien, 21 chez l'éléphant, 21 chez l'opossum, 26 chez le xénope (un amphibien). Les chiens et les grenouilles marquent les limites (fig. 5).

Imaginons que le Starchild vivant ait été une sorte d'humanoïde inconnu. Peu importe ses différences d'aspect par rapport aux humains, pour appartenir à la famille des humanoïdes les variations de pb de son gène FOXP2 auraient dû se limiter à 1 ou 2, voire 3 au grand maximum. En atteignant 5 ou 10 il aurait appartenu à une tout autre classe d'espèces, de 20 à 25 il voisinait avec les souris et les éléphants, mais son nombre 56 absolument unique le situe dans un autre monde, une autre dimension.

16 variations d'acides aminés

Pour illustrer cela, la figure 6 permet de comparer le fragment de FOXP2 du Starchild avec le même segment de gène chez certaines des espèces citées plus haut. Dans le graphique, la chaîne des 211 pb des nucléotides a dû être répartie sur deux lignes pour rester dans le format du papier. Remarquez le rang bleu régulier des nucléotides humains et le rouge de chaque variation chez les autres espèces. [Comptez les lettres rouges dans l'avant-dernière ligne: il y en a 56, NDT].

Remarquez la ligne inférieure du FOXP2 du Starchild (SCFOXP2) qui débute par Gln. C'est la liste des acides aminés déterminés par des codons de trois lettres. Les codons établissent les modalités selon lesquelles l'information contenue dans les gènes est traduite en protéines. Ces groupes, nommés triplets, sont constitués de 3 nucléotides parmi les 4 - C, A, G, T - et représentent le gabarit de construction des protéines encodées par chaque gène en utilisant le lot standard de 20 acides aminés utilisés par notre corps.

Le fragment de la figure 6 encode un peptide (une série d'acides aminés) inhabituel dans le gène humain FOXP2. Il comporte une longue série de triplets qui codent

chacun pour le même acide aminé parmi les 20: la glutamine (Gln), encodée soit par CAA, soit par CAG. À la suite d'une rangée de 40 Gln s'aligne une série plus courte de six triplets et encore un Gln, puis une autre série de 11 Gln. Le fragment de FOXP2 du Starchild affiche aussi un rang de 40 Gln plus les 11, mais il contient en outre plusieurs glutamines supplémentaires.

Dans le fragment de pb du gène FOXP2 humain normal, il n'y a pas de variations dans la séquence d'acides aminés de la protéine, et le schéma de codage de la Gln (par CAA ou CAG) est exactement le même non seulement chez les humains mais chez tous les primates. (Comparez deux variations d'acides aminés chez le singe rhésus, qui n'est même pas un grand singe).

Chez le Starchild, nous trouvons 16 variations d'acides aminés dans ce fragment qui,

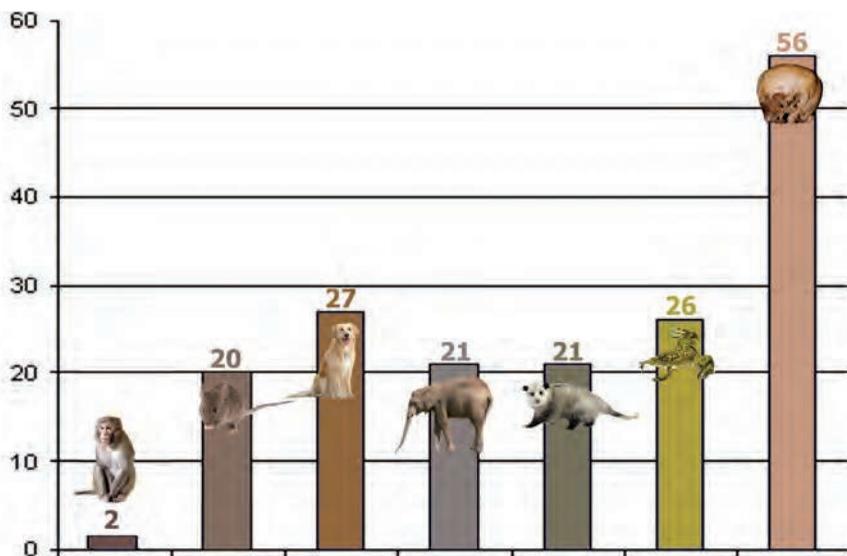


Fig. 5: Comparaison du nombre de paires de bases de la même section du FOXP2 pouvant varier chez différentes espèces. À droite, le Starchild.

malgré toutes les différences, ressemble manifestement au FOXP2 humain. Il montre cependant un schéma de codage radicalement différent de toutes les espèces répertoriées dans la figure 6 ; un contraste saisissant.

Remarquez aussi que la suite de 40 Gln du Starchild est suivie de 3 autres, formant une série de 43 jusqu'à un « codon d'arrêt », TAG, indiqué par STP en bleu vers le centre de la ligne inférieure. La présence de cet arrêt au sein de la protéine est très étrange car il a pour conséquence une protéine FOXP2 anormalement raccourcie, ainsi privée des régions en aval indispensables à ses fonctions importantes.

Des erreurs de séquençage sont toujours possibles, il faudra donc répéter l'opération pour confirmer l'analyse initiale. De toute manière, après ce mystérieux codon d'arrêt commence une nouvelle série de Gln qui ne s'arrête qu'à trois acides aminés de la fin du fragment. Cela aussi est complètement différent d'une séquence humaine mais, comme pour les autres anomalies, il va falloir poursuivre les recherches pour savoir quelles altérations fonctionnelles résulteront de ces différences.

Un pseudogène ?

Il y a une autre comparaison à faire: masquer toutes les séries de Gln de toutes les espèces et observer ce qui reste. Par exemple si, après avoir effectué cette soustraction chez l'homme et chez le chimpanzé, notre cousin génétique le plus proche, on analyse le gène FOXP2 entier des deux, on constate que seulement deux acides aminés (représentés par des codons de trois lettres) diffèrent. On trouve les deux mêmes chez le gorille et autres primates supérieurs. Chez la souris, la différence est de trois acides aminés. Après élision des séries de Gln du fragment de FOXP2 du Starchild, il ne reste que sept acides aminés à comparer à leurs correspondants chez l'homme. Ce sont les quatre premiers au début du fragment et les trois derniers à la fin, et ils sont différents tous les sept. Quoi que l'on puisse dire de cette comparaison, elle ne concerne

Puisqu'il n'y a pas de pseudogène FOXP2 humain connu, s'il s'en trouvait un dans le crâne du Starchild, cela confirmerait que ce dernier n'est pas humain.



À quoi pouvait bien ressembler le Starchild? Le créateur d'effets spéciaux Bill Munnis propose cette reconstitution. Source: www.starchildproject.com

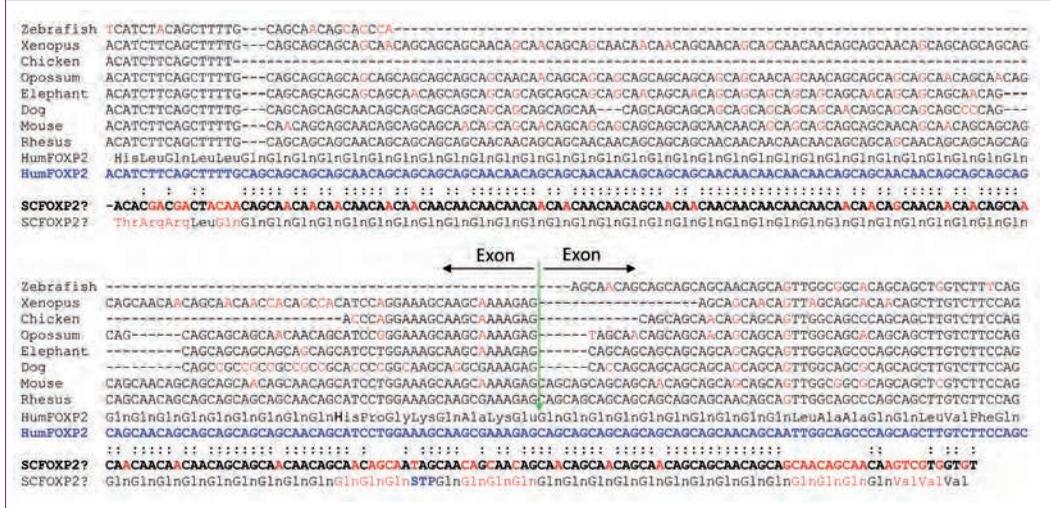


Fig. 6 : Rapport de séquençage de 211 paires de bases de l'ADN nucléaire pour diverses espèces, dont l'humain et le Starchild en dernière ligne (les deux tableaux doivent être lus bout à bout).

certainement pas deux humains ou quelque chose qui s'en rapproche.

Outre le codon d'arrêt dans le dernier quart, le fragment du Starchild est aussi dépourvu de l'intron (marqué d'une flèche verte) qui intervient normalement dans le gène humain ainsi que dans ceux d'autres espèces. Cela implique que le fragment du Starchild pourrait être un pseudogène, ancêtre dysfonctionnel d'un gène normal qui aurait perdu sa capacité d'encoder des protéines, ou ne serait plus capable de s'exprimer dans une cellule. Ce dysfonctionnement en ferait une forme d'ADN muet.

Indices encourageants

Cependant, cet argument est contré par le fait qu'il n'y a pas de pseudogène FOXP2 humain connu. S'agissant d'un gène maître, il doit toujours fonctionner normalement, sous peine de dommages majeurs ou de la mort du porteur. Donc, puisqu'il n'y a pas de pseudogène FOXP2 humain connu, s'il s'en trouvait un dans le crâne du Starchild, cela confirmerait que ce dernier n'est pas humain. Cela ne pourra être confirmé que lorsque le génome complet du Starchild aura été récupéré et comparé – nucléotide par nucléotide, paire de bases par paire de bases, codon par codon, acide aminé par acide aminé – avec ceux des humains, Néandertaliens, Denisoviens, chimpanzés et gorilles. Quoi qu'il en soit, tous les premiers indices montrent qu'il est absolument différent de l'humain.

Ne perdons pas de vue que nos résultats sur le FOXP2 sont préliminaires, ainsi que ceux obtenus à partir des fragments d'ADNnu et d'ADNmt. Seul l'établissement du génome complet du Starchild permettra de confirmer sa nature humaine ou extraterrestre. ●

Lloyd Pye
Introduction et traduction: Eupalinos