

Le II^e Congrès International de Biométrie

tenu à Genève du 31 juillet au 3 septembre 1949

par M^{me} DEFRISE

La Société de Biométrie a organisé à Genève, en septembre 1949, son deuxième Congrès International, qui a réuni des biométriciens, statisticiens et biologistes de nombreux pays.

Je voudrais vous faire part de quelques impressions générales au sujet de ce Congrès ; j'évoquerai ensuite plus particulièrement quelques aspects de l'application de la biométrie à l'anthropologie, qui ont été traités à Genève.

Les communications et les conversations entre les congressistes bien mieux que les livres, m'ont fait connaître la biométrie vivante, telle qu'elle s'élabore journallement dans les laboratoires.

Dans certains pays, notamment en Angleterre, elle a pris plus d'extension encore que les nombreuses publications me l'auraient fait penser.

Les biologistes y suivent des cours de biométrie qui leur apprennent à analyser les données d'expérience par des méthodes fines, efficaces et assez variées pour convenir à de nombreux cas. Des tables leur facilitent d'ailleurs les calculs. Mais en même temps, on leur enseigne la logique de l'expérimentation : une analyse mathématique préalable de plusieurs schémas d'expérience permet un choix judicieux qui souvent réduit le temps et les dépenses.

Le bel ouvrage de R.A. Fisher, *The Design of Experiment*, donne un aperçu très complet de cette question, et j'ai pu constater que les idées si fécondes de ce livre sont largement utilisées dans la pratique.

Nous voyons donc qu'en Angleterre, l'aide des statisticiens aux biologistes est entrée dans les moeurs, grâce à une tradition créée par Galton et Pearson et continuée par Haldane et Fisher. De jeunes chercheurs, ayant à peine terminé leurs études, sont plus avancés en biométrie que leurs contemporains de pays moins favorisés.

L'Amérique est naturellement le pays qui a profité le plus des échanges avec l'Angleterre et ces deux pays semblent se trouver à peu près au même niveau au point de vue de l'utilisation de la biométrie.

En France, il y a des travaux de biologie mathématique originaux et pleins d'intérêt. D'autre part, les méthodes anglaises s'y infiltrent lentement. Il ne semble cependant pas, sauf erreur de notre part, qu'il y ait une collaboration régulière entre biologistes et mathématiciens.

Voyons quelle est, à notre connaissance, la situation en Belgique.

Les statistiques biométriques sont utilisées fréquemment dans l'industrie pour le contrôle de la production ; dans certains laboratoires de recherche, notamment à l'Institut Royal des Sciences naturelles, on recourt régulièrement à la biométrie, mais dans un trop grand nombre encore, on commence à peine à admettre son utilité.

En ce qui concerne l'enseignement universitaire, il y a en général un cours de biométrie ou de statistiques dans les Instituts de Pédagogie, de Psychologie et d'Éducation physique, ainsi que pour la licence en sciences économiques, politiques et commerciales et pour les médecins hygiénistes. Mais il n'y en a pas encore pour les étudiants en biologie qui suivent cependant des cours complémentaires de mathématiques. Signalons que l'on vient d'organiser un cours de biométrie aux Instituts d'Agronomie de Louvain et de Gembloux.

Il semble urgent d'élargir l'enseignement de la biométrie dans les Universités si l'on ne veut pas que les chercheurs belges soient dépassés par leurs collègues étrangers.

(Signalons une série de conférences sur la biométrie par Monsieur Finney, de l'Université d'Oxford. La première a eu lieu à l'École de Médecine, sous les auspices des Relations culturelles anglo-belges.)

Après ces quelques considérations générales, je signalerai rapidement quelques méthodes, traitées au Congrès, qui sont susceptibles d'être appliquées à l'Anthropologie.

En systématique humaine, on devrait abandonner le coefficient dit de ressemblance raciale (coefficient of racial likeness) et le coefficient de ressemblance (Aehnlichkeitskoeffizient), au profit de la *fonction discriminatoire*, proposée il y a quinze ans par R.A. Fisher. Cette fonction permet de mettre en relief la différence entre deux groupes humains et de juger si cette différence est significative. On y utilise des caractères à variation continue, tels la longueur de la taille, de la taille assis, le périmètre thoracique, etc. et on les combine en un test d'homogénéité unique.

Lorsque la différence entre deux groupes est significative, il arrive cependant souvent qu'ils se recouvrent en partie. Dans ce cas, la fonction discriminatoire permet de classer un nouveau spécimen dans l'un ou l'autre groupe, avec une probabilité bien déterminée de classement faux. On devine l'intérêt de ce procédé en paléontologie humaine, lorsqu'il s'agit par exemple de placer un fémur fossile récemment découvert dans l'un ou l'autre groupe de fémurs modernes de provenance connue.

Quant à la génétique, l'usage des mathématiques y est désormais consacré. Il existe des méthodes exactes destinées à évaluer la fréquence des gènes et de la liaison des gènes dans une population. La plupart de

ces méthodes concernent des caractères qualitatifs, mais quelques ouvrages sur les liaisons de caractères quantitatifs sont publiés et d'autres vont paraître.

On sait l'importance dans les questions de ce genre, des hypothèses faites sur la composition du groupe étudié. On suppose d'abord que ce groupe est un échantillon prélevé *au hasard* dans une population *très nombreuse*. On admet ensuite que dans cette population, tous les types de mariages sont également probables et également féconds, et de plus, qu'il n'y a ni migration, ni sélection. C'est ce qu'on appelle une population panmictique stationnaire. Il est essentiel d'avoir ces hypothèses présentes à l'esprit, entre autres pour l'application des lois de Hardy-Bernstein sur les groupes sanguins.

Or, il arrive fréquemment que les hypothèses ci-dessus ne soient pas satisfaites.

Tout d'abord, il arrive que l'échantillon ne soit pas tiré au hasard dans la population. Ainsi, si l'on veut estimer la fréquence d'un gène récessif responsable d'une affection très rare, on cherche les familles présentant au moins un malade.

L'ensemble de ces familles ne constitue pas un échantillon *quelconque* tiré de la population.

Dans d'autres cas la population totale n'est pas suffisamment nombreuse. Ainsi, dans un groupe de Pygmées, on peut s'attendre à un degré tel de consanguinité qu'on n'est guère autorisé à considérer ce groupe comme tiré au hasard d'une population plus vaste; en fait, le groupe constitue à lui seul toute la population.

Dans ces circonstances où les hypothèses rappelées plus haut ne sont pas satisfaites, on peut cependant, grâce à des recherches récentes, estimer la fréquence des gènes et leur liaison. Par un système ingénieux, on cote les sujets selon leur degré de parenté et on réussit ainsi à faire de bonnes estimations. Les calculs sont assez pénibles, mais n'est-il pas bon de donner tous ses soins à l'exploitation des données numériques souvent si difficiles à rassembler ?

Ce Congrès de Biométrie a fortifié ma conviction que l'Anthropologie Physique ne peut plus se limiter à l'emploi des procédés statistiques rudimentaires mais qu'elle doit utiliser les méthodes statistiques modernes, en prenant modèle sur les applications déjà nombreuses de la statistique aux Sciences Naturelles.

Dans cette voie du progrès, sans doute d'importantes questions seront-elles éclaircies.