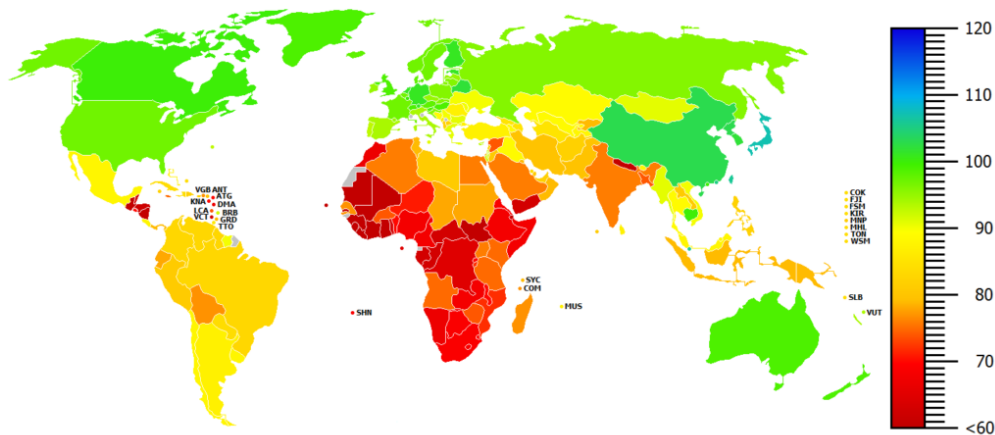


Par Jean Hansen, biologiste, webmaster de [www.intelligence-humaine.com](http://www.intelligence-humaine.com) (fr) et [www.human-intelligence.org](http://www.human-intelligence.org) (en)

**Franck Ramus est chercheur en intelligence, directeur de recherches au CNRS et professeur attaché à l'Ecole Normale Supérieure. Il travaille au Laboratoire de Sciences Cognitives et Psycholinguistique, Département d'Etudes Cognitives, Ecole Normale Supérieure à Paris.**

Il a récemment publié une réponse assez complète sur la carte mondiale des QI.



<http://www.scilogs.fr/ramus-meninges/la-carte-mondiale-des-qi-explications-completes/>

Mes réponses, si incisives qu'elles puissent être, ne visent à aucun moment Franck Ramus ou une personne en particulier. Les pressions médiatiques, légales, financières rendent la discussion difficile, puisque l'expression de ces réalités différentielles d'intelligence, largement génétiques et conséquemment raciales (=genetic cluster), flirte avec une certaine ligne rouge.

A aucun moment non plus je ne me fais le porte-parole de quiconque, il faut noter simplement que, si certaines personnes voulaient assumer une position ouvertement héréditaire des différences raciales, elles perdraient immédiatement leur place, seraient persécutées médiatiquement, financièrement et légalement. Comme l'ont été tous les plus grands noms du domaine (Eysenck, Jensen, Lynn, Cattell, le prix Nobel Watson, le prix Nobel Shokley, même James Flynn dont l'ouvrage a été censuré il y a 2 mois...).

Ne feignons pas une discussion libre, elle ne l'est pas. Les ayatollahs égalitaristes veillent et les preuves, quantitatives et qualitatives, s'accumulent dans un placard verrouillé. Le filtre médiatique est puissant et ne permet pas à la population de se faire une idée de la réalité.

Franck Ramus semble minorer la validité scientifique de la carte des QI.

J'ai tâché de répondre point par point. Les affirmations de Franck Ramus sont en bleu, mes réponses en noir.

« En résumé, un petit nombre de chercheurs prennent ces scores de QI nationaux moyens (Figure 1)

très au sérieux et considèrent que ces différences reflètent indubitablement des différences génétiques. La plupart des chercheurs spécialistes de l'intelligence ne sont pas convaincus, pour plusieurs raisons »

Franck Ramus affirme ici que la plupart des spécialistes de l'intelligence ne sont pas convaincus (par l'existence de différences génétiques entre les populations sous-tendant les différences de QI).

Ceci est simplement inexact si on se penche sur les enquêtes d'opinions des experts de de l'intelligence.

Plusieurs enquêtes sont disponibles.

La plus récente a été publiée ce mois-ci dans Intelligence.

Rindermann et al. (2020) "Survey of expert opinion on intelligence: Intelligence research, experts' background, controversial issues, and the media"  
Intelligence, Volume 78, January–February 101406.

[https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0160289619301886?fbclid=IwAR2Zh2ecW77lp\\_uSf2SHXvp0zUYsqkdTEVyX8WQMKfpr1uDLWPmiw4UiQCO](https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0160289619301886?fbclid=IwAR2Zh2ecW77lp_uSf2SHXvp0zUYsqkdTEVyX8WQMKfpr1uDLWPmiw4UiQCO)

Cette étude reprend l'opinion de 102 experts de l'intelligence (individus ayant publiés récemment sur le sujet dans des revues à comité de lecture).

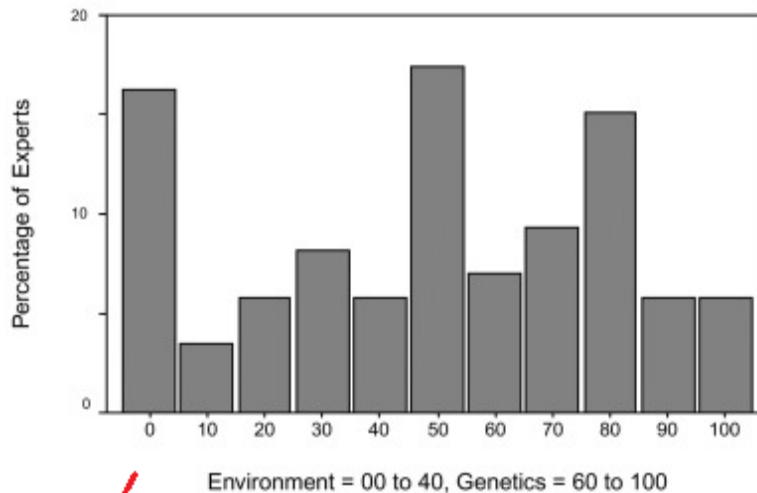
Cette étude se penche essentiellement sur la différence de QI entre afro-américains et Européens aux USA.

On retrouve de façon systématique, dans des dizaines de milliers d'études (depuis 1900), une différence de 15 points de QI entre euro et afro-américains (une déviation standard ou un peu plus de 2 ans d'âge mental). Cette différence d'intelligence est acceptée par les spécialistes de l'intelligence et ne fait pas l'objet de débat dans la littérature scientifique. La question porte sur la cause de cette différence d'intelligence observée.

L'étude d'opinion (Rindermann, 2020) répond clairement:

Seuls 16% des experts de l'intelligence considèrent que cette différence d'intelligence est d'origine entièrement environnementale. 84% des experts considèrent que cette différence est au moins partiellement génétique (de 10 à 100% génétique).

Fig. 3. Distribution of ratings of the environmental vs. genetic determinants of the US Black-White difference in IQ.



Environnement only  
(16%)

**IQ difference is at least partially genetic,  
from 10 to 100%  
(84% of experts)**

L'étude de Rindermann a également interrogé les chercheurs sur leur orientation politique. Les 102 experts de l'intelligence sont « davantage de gauche et les 16% d'environmentalistes extrêmes se situent (eux-mêmes) le plus à gauche »

Concernant la différence de QI entre afro-américains et Européens, 84% des experts considèrent que la différence d'intelligence est au moins en partie génétique. Ceci contredit l'assertion de Franck Ramus

« un petit nombre de chercheurs (considérant les différences de QI comme reflétant indubitablement des différences génétiques).

Une seconde étude d'opinions, plus globale, sur la cause des différences internationales de QI, a été publiée en 2016.

Rindermann et al. (2016) "Survey of Expert Opinion on Intelligence: Causes of International Differences in Cognitive Ability Tests" Front Psychol. 2016; 7: 399  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4804158/>

Cette étude est large et vaut la peine d'être consultée en intégralité.

J'en extrais pour ma part l'information suivante:

"Only 5 of 71 experts (7%) thought that genes had no influence (in cause of international differences in cognitive ability tests)"

93% des experts de l'intelligence considèrent que les différences internationales de QI sont au moins partiellement d'origine génétiques. L'assertion de Franck Ramus est donc inexacte et peut même être inversée « Seule une petite minorité de chercheurs considèrent les différences internationales de QI comme entièrement environnementale ».

Certains chercheurs, qui se considèrent "réalistes sur les races" (race realists), affirment qu'il est établi au-delà de tout soupçon que les différences de QI moyen entre pays reflètent au moins en partie des différences génétiques. La plupart des chercheurs de la communauté scientifique ne sont pas convaincus.

Nous avons montré par les études d'opinions que c'était inexact. La très large majorité des experts de l'intelligence considèrent effectivement que les différences de QI moyen entre pays reflètent au moins en partie des différences génétiques.

A noter le tweet tout récent de l'intellectuel socialiste Jacques Attali qui affirme pareillement, sans sourciller, qu'il n'y a aucune différence génétique d'intelligence entre les pays, en contradiction frontale avec la littérature scientifique mais en accord avec ses aspirations idéologiques égalitaires.

Jacques Attali, 14nov2019.



Nous avons discuté des 2 dernières enquêtes d'opinion.

Comment expliquer ce consensus grandissant sur le rôle de la génétique dans les différences raciales et, conséquemment, le grognement des idéologues égalitaristes qui sentent que ces données menacent leur vision du monde ?

Intellectuellement, les arguments démontrant la causalité hautement génétique des différences d'intelligence entre les races/populations sont en réalité pléthoriques et taillés dans le roc.

Il y a 48 ans, Hans Eysenck (le psychologue le plus cité dans le monde) expliquait déjà, dans son ouvrage « The IQ Argument, Race, Intelligence and Education » qu'il n'y a avait pas de réelle controverse sur l'existence de différences raciales d'intelligence, d'origine largement génétique, expliquant en bonne part les différences socio-économiques entre afro et euro-américains (et est-asiatiques, qui réussissent mieux que les européens en vertu de leur plus haute intelligence) aux USA. Il poursuit « If the readers does not like some of the facts that emerge, I hope against hope that he will not blame me for their existence ».

Près de 50 ans plus tard, les preuves se sont accumulées.

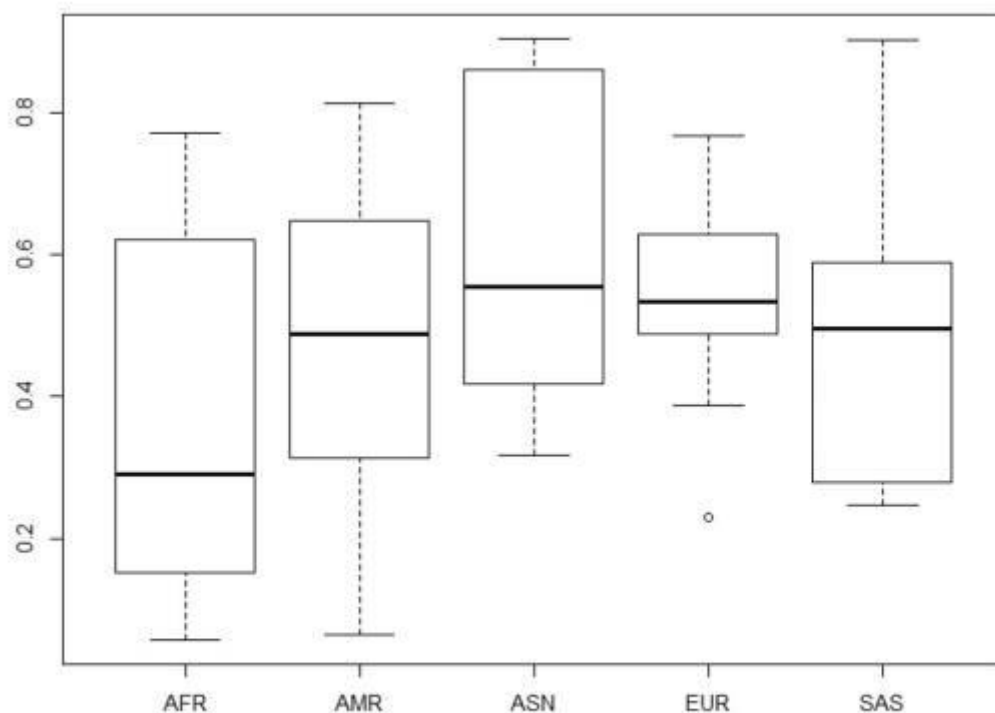
Un résumé exhaustif des différents éléments démontrant la causalité génétique des différences d'intelligence entre populations se trouve ici.

<https://www.intelligence-humaine.com/intelligence-est-genetique/>

Les études les plus récentes à faire parler d'elles sont celles de Piffer (2015, 2018 et 2019) et de Dunkel et al. (2019) montrant que les fréquences des allèles pour une haute intelligence sont parallèles aux QI moyen raciaux. En d'autres termes les populations à plus haut QI ont bien une plus haute fréquence en allèles augmentant l'intelligence dans leur patrimoine génétique.

L'étude de Piffer (2015) publiée dans la revue Intelligence s'est penchée sur l'**ensemble** des variations génétiques augmentant l'intelligence découvertes à ce jour, mises en évidence par GWAS (Genome Wide Association Study, permettant la mise en lumière de nombreux variants génétiques différents impliqués dans un trait phénotypique).

L'étude a évalué ensuite les différences raciales dans la fréquence de ces allèles, et a montré qu'elles étaient parallèles aux différences de Q.I entre populations; En d'autres termes, les races à Q.I plus élevé ont effectivement une fréquence supérieure d'allèles augmentant l'intelligence dans leur patrimoine génétique (tableau ci-dessous).



**Fig. 2.** Average frequency of cognitive ability increasing alleles by continental group.

AFR pour africains, AMR pour amérindiens, ASN pour asiatiques de l'est, EUR pour européens et SAS pour asiatiques du sud et nord-africains.

Si on prend en considération l'ensemble des variants génétiques augmentant l'intelligence mis en évidence en 2015, ces allèles sont plus fréquents chez les asiatiques de l'est (Q.I moyen de 105), suivis par les européens (Q.I moyen de 100). Les amérindiens (AMR, Q.I moyen de 86) et les

asiatiques du sud et nord-africains (SAS, Q.I moyen de 84) ont une moindre fréquence et les africains sub-sahariens ont la plus basse fréquence de ces allèles.

La fréquence de ces variants génétiques augmentant l'intelligence est donc en concordance avec l'intelligence moyenne des populations.

Table 9.8 Race Differences in IQ, Brain Size (cc), Gene Frequencies Linked to Higher Intelligence and Socioeconomic Success

Race	IQ	Brain Size (cc)	GWAS Allelic Frequencies Linked to Higher Intelligence	Socioeconomic Success (multi-ethnic country)
Ashkenazi Jews	110	NA	1 (highest)	1 (highest)
East Asians	105	1416	2	2
Europeans	100	1369	3	3
Southeast Asians (Indonesia, Cambodia, Laos...)	90	1332	4	4
Pacific Islanders	85	1317	5	5
North Africans and Middle Easterners	84	1293	6	6
Africans	71	1282	7	7
Australian Aborigines	62	1225	8 (lowest)	8 (lowest)

L'étude estime également plus précisément les fréquences de ces allèles pour différent pays et montre le lien étroit entre le Q.I moyen national et la fréquence de ces allèles dans la population.

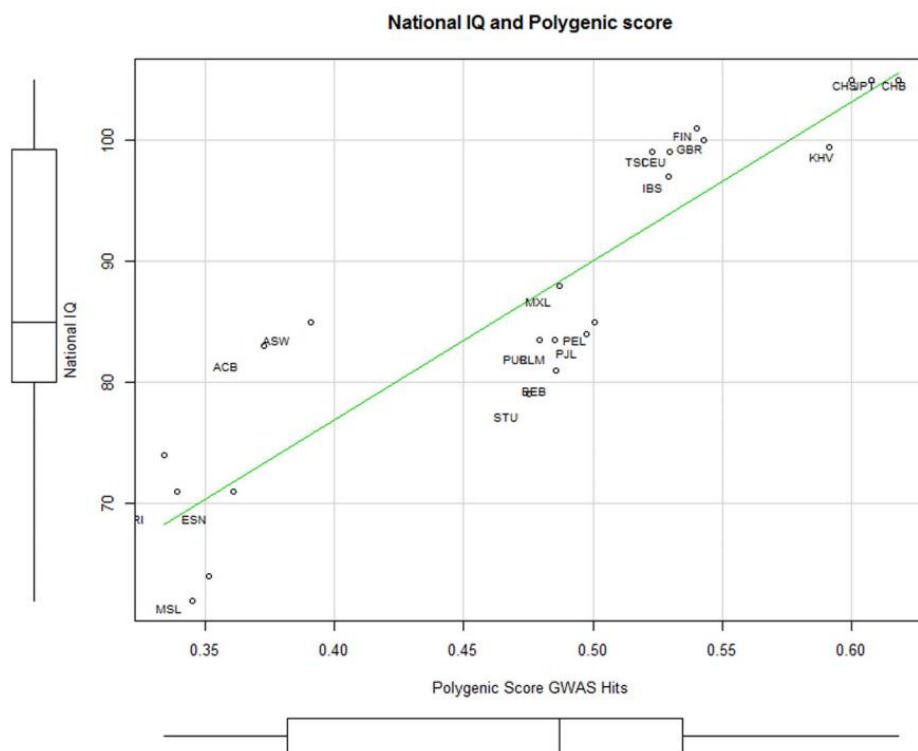
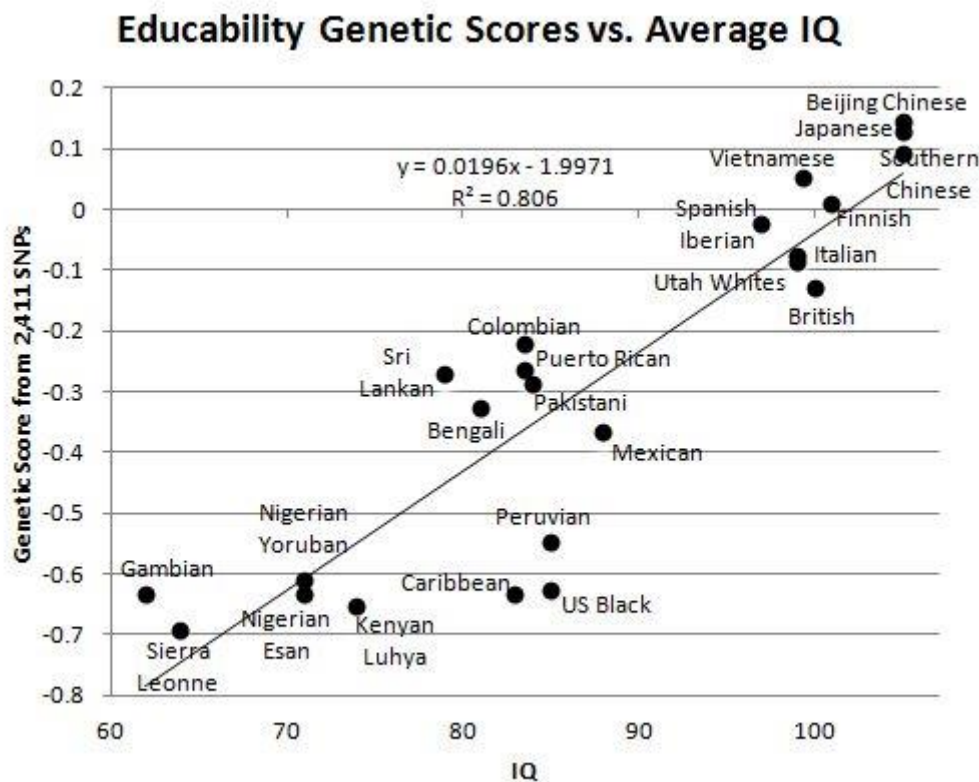


Fig. 1. Relationship between national IQ and polygenic score.

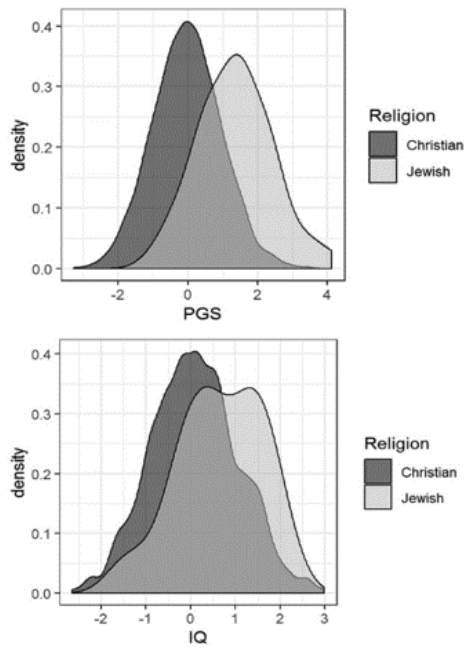
Fig. 2 et Fig. 1 ci-dessus extraites de « [A review of intelligence GWAS hits: Their relationship to country IQ and the issue of spatial autocorrelation](#) » Intelligence 53 (2015) 43–50.

Ci-dessous, tableau des scores génétiques d'éducabilité (educability genetic scores) basés sur plus de 2400 variations alléliques. Ces scores sont hautement corrélés à l'intelligence, ils seraient même actuellement de meilleurs estimateurs de l'intelligence que les scores purement intellectuels, car les études réalisées ont été faites sur de plus larges échantillons (Plomin, 2018).

Comme on peut le voir, ces scores génétiques d'éducabilité sont parallèles au Q.I. Les est-asiatiques ont les plus hautes fréquences d'allèles favorables, suivis par les européens. Les africains ont les plus basses fréquences de ces allèles.



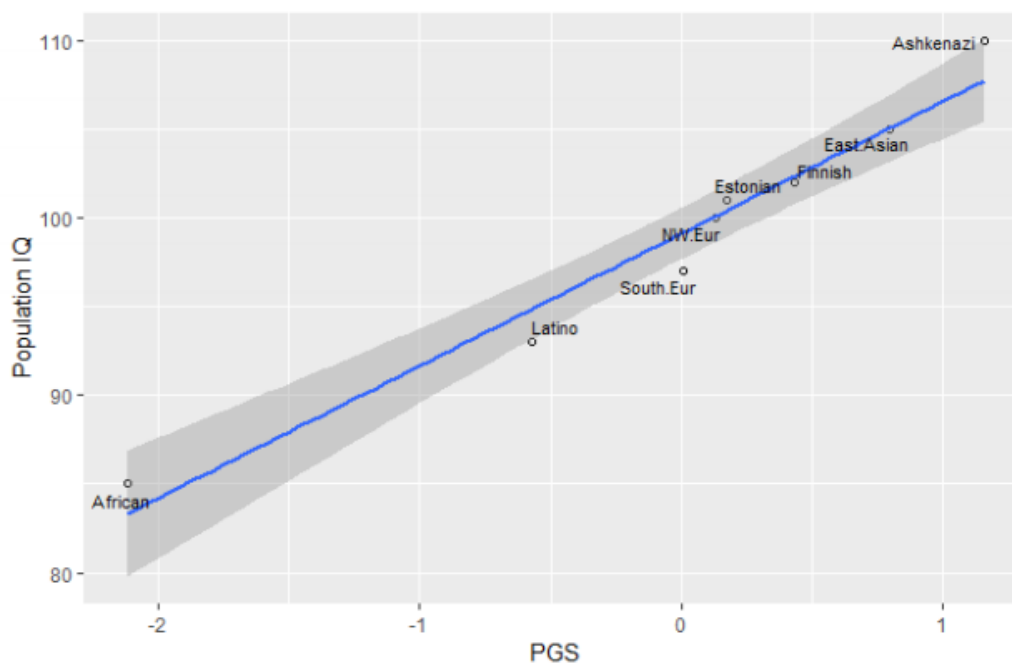
En 2019, Dunkel, Kirkegaard et al. montrent que les ashkénazes, population qui obtient les plus hauts scores intellectuels de la planète avec un QI moyen de 110, ont un plus haut score polygénique pour une haute intelligence.



Dunkel, Kirkegaard et al. (2019) « [Polygenic scores mediate the jewish phenotypic advantage in educational attainment and cognitive ability compared with Catholics and Lutherans](#) » *Evolutionary Behavioral Sciences*.

Cette étude vient corroborer les hauts scores polygéniques des ashkénazes déjà obtenus par Piffer D. (2019)

**Figure 8. Correlation between EDU PGS (gnomAD) and population IQ**



Piffer D. (2019) « [Evidence for recent polygenic selection on educational attainment and intelligence inferred from GWAS hits: a replication of previous findings using recent data](#) »



Notez à nouveau comme le Q.I moyen des populations se reflète dans le score polygénique. Les populations à plus haut Q.I ont simplement une plus haute fréquence d'allèles augmentant l'intelligence générale (g) dans leur patrimoine génétique.

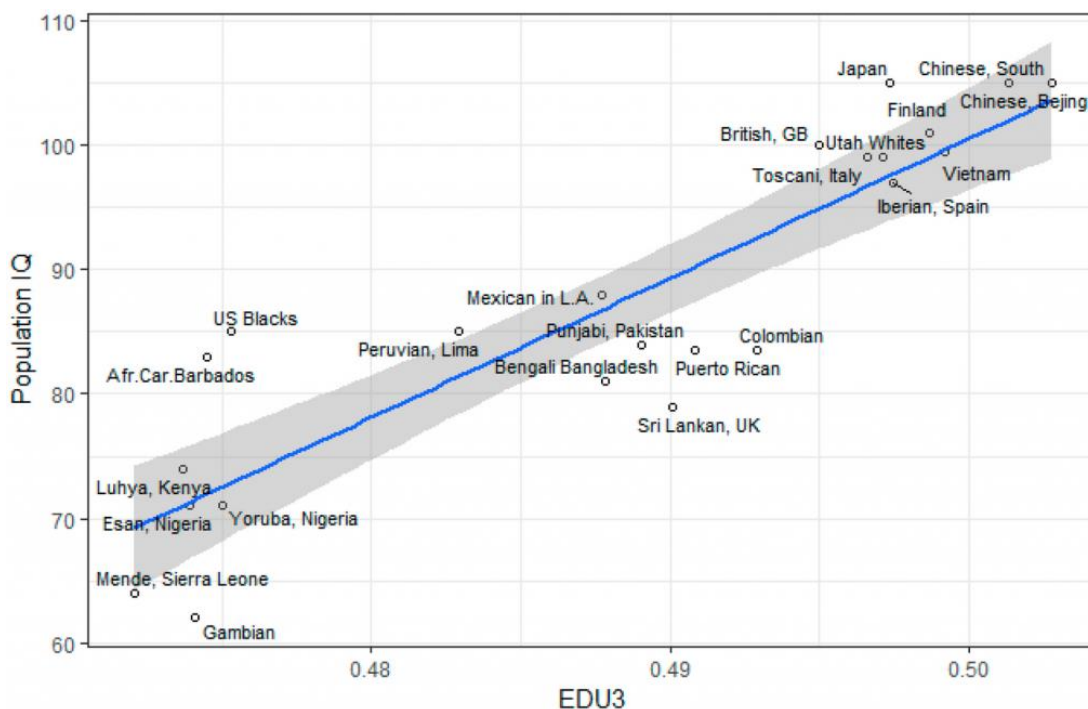


Figure 2: Correlation between EDU3 PGS and population IQ

Pour contrer ces études corrosives de l'égalitarisme dominant, certains auteurs se sont mis à remettre en question la pertinence des scores polygéniques.

C'est ce que fait Ramus.

« Malgré des tentatives récentes de prédire les QI nationaux à partir de scores polygéniques (Dunkel et al., 2019 ; Lasker et al. 2019 ; Piffer, 2019). Ces études sont jugées non pertinentes par les spécialistes, car elles utilisent des scores polygéniques établis pour la population d'origine européenne, dont il a été montré qu'ils sont très sensibles aux caractéristiques de la population sur laquelle ils ont été constitués, et qu'ils sont peu ou pas associés au QI dans d'autres populations (Lee et al. 2018 ; Mostafavi et al. 2019). Par conséquent, la comparaison de GPS moyens entre pays n'a pas grand sens et ne peut pas être interprétée comme expliquant des différences de QI entre populations (Freese et al. 2019 ; Martin et al. 2017) »

### 1. « jugées non pertinentes par les spécialistes »

Lesquels... ? Vraisemblablement pas ceux du comité de lecture du journal Intelligence (référence mondiale sur le sujet) qui ont publié les études de Piffer en 2015, 2018 et 2019.

Pas plus que ceux du comité de lecture de « Evolutionary Behavioral Sciences » qui ont publié l'étude de Dunkel et al (2019).

Sont-ce les mêmes spécialistes que vous affirmiez « largement majoritaires » ? 😊

Par ailleurs, l'étude de Dunkel pointe les plus hauts scores polygéniques des Européens ashkénazes

vs Européens non-ashkénazes. L'argument d'une trop forte hétérogénéité génétique ne tient pas.

A noter que Piffer (2019) discute abondamment de la question de la validité des scores polygéniques dans son étude.

Il note qu'étrangement, les scores polygéniques prédisent parfaitement bien la taille moyenne des populations et personne ne les a jamais remis en question dans ce contexte...

**Mais l'étude de l'intelligence a ses raisons que la raison ne connaît pas...**

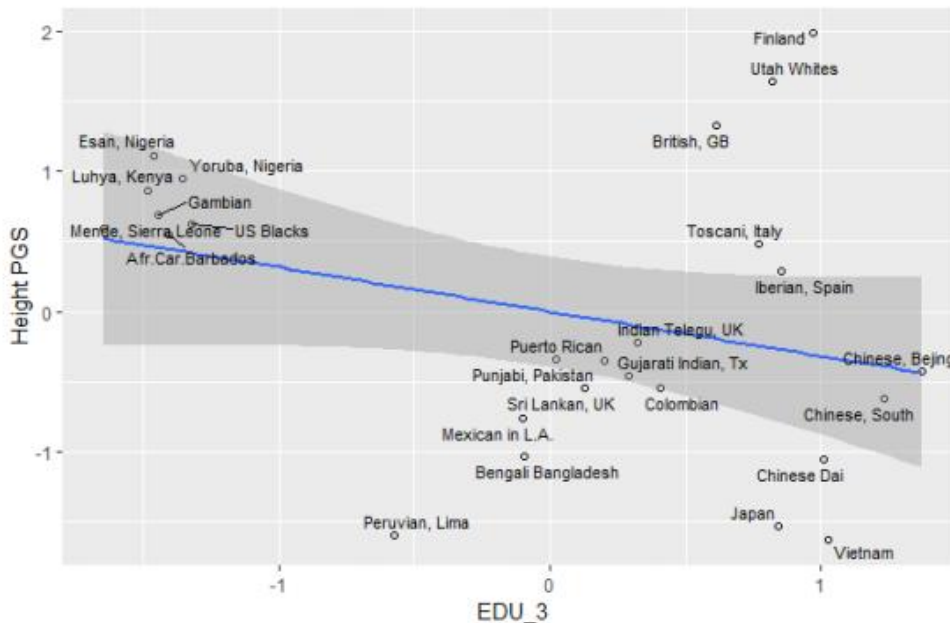


Figure 8. Correlation between EDU3 and Height PGS.

Tableau ci-dessus :

- (1) populations à grandes taille génotypique et QI génotypique élevé (Finlandais, Anglais, Euro-Américains...)
- (2) population de petite taille génotypique et QI génotypique élevé (Vietnamien, Japonais, Chinois...).
- (3) Population de grande taille génotypique et QI génotypique moins élevé : Nigériens, Kenyans, noirs américains...
- (4) Population de petite taille génotypique et de plus faible intelligence génotypique (Péruviens...).

La question de la validité des scores polygéniques est compliquée. Mais Piffer (2019) montre clairement que ces scores prédictifs sont valides même après avoir pris en compte l'hétérogénéité génétique des populations.

(notez tout de même l'ironie : les antiracistes qui expliquaient hier doctement que les différences entre populations étaient minuscules, de sorte que la notion de races était risible, affirment aujourd'hui que les scores polygéniques établis sur des populations Européennes ne sont pas valables dans d'autres populations car la différence génétique est trop importante 😊)

En réalité l'hétérogénéité des populations dilue très légèrement la pertinence prédictive des scores polygéniques, sans les remettre réellement en cause. C'est un enième argument ad hoc.

“The calculation of population-level polygenic scores (average allele frequencies with positive GWAS beta) is a promising and quick approach to test signals of polygenic adaptation. The results clearly showed population differences in PGS which correlated with estimates of average population IQ (Figure 2) and students performance on standardized tests of mathematics, reading and science ( $r = 0.9$  and  $0.8$ , respectively). The EDU3 polygenic score was the most robust to tests of spatial autocorrelation (Table 2), that is, it predicted population IQ also after removing SAC by partial Mantel test via Fst distances [9,28]. In fact, when IQ was regressed on the PGS and Fst distances, the latter lost all the predictive value (Beta = 0.045,  $p = 0.539$ ), whereas the former retained high predictive power (Beta = 0.68,  $p = < 5 \times 10^{-8}$ ), whilst picking higher significance SNPs reduced the predictive power (due to reduced number of SNPs). Although traditionally weighing by effect size is the most commonly employed weighting method, and since no increase in predictive accuracy was observed in this study for the effect size weighted PGS vs. the unweighted (raw frequency) PGS, p value weighting should be used as a valid alternative for PGS computation, particularly when including SNPs that are below the conventional GWAS significance threshold. The predictive accuracy of the PGS in this study is saturated by the high correlation with population IQ, but methods could be used in other studies to improve PGS construction. Reviewer 2 suggested the following procedure for optimal PGS construction that could be used in future studies: “Start with the quantile that has the most significant SNPs, and then add quantiles in declining order of genome-wide significance. Initially, adding quantiles will improve prediction, but after a certain point, adding more quantiles will make prediction worse. At that inflection point you have the optimal PGS”. A persistent issue is that the trans-ethnic validity of PGS is compromised by LD decay. This is the decay in linkage disequilibrium with time, meaning that the older the causal polymorphism, the lower the level of linkage disequilibrium due to recombination events that occur with constant probability in every generation. As a consequence, linkage patterns can be different in different populations, especially those that separated a long time ago and that underwent population bottlenecks after separation. The effect of LD decay on comparison of risk alleles between populations is still unclear. Since most GWAS hits are actually tag SNPs, decay in LD implies that the causal SNPs will be less efficiently flagged by the tag SNPs until the tag SNPs will resemble a sample of random SNPs. With less significant associations, it is not only more likely that the distance between the GWAS hit and the causal polymorphism is larger and linkage is weaker in the European-origin populations that are represented in the GWASs, but it is also more likely that the linkage phase is different in different races. LD is sensitive to coverage and in older studies using low coverage genomic data (e.g. 1000 Genomes phase 1), it was found to reduce the reproducibility of findings [40]. However, contemporary GWAS use higher coverage data (e.g. 1000 Genomes phase 3); hence, this issue is less important. Moreover, simulations found that the effect of LD decay on true causal variants was null to negligible [41]. The present study, by focusing only on the most significant hits ( $N = 2411$ ), increased the likelihood of hitting on or very close to causal variants, hence reducing the artifact of LD decay. Moreover, the analysis was replicated using a set of putatively causal SNPs ( $N = 125$ ) from the Lee et al.(2018) [7] paper. The correlation with population IQ was still high ( $r = 0.82$  and  $0.85$  with the weighted and unweighted PGS, respectively) although not as high as that achieved by the larger set: this could be caused by the loss of signal due to the much smaller number of SNPs. In contrast, Lee et al. (2018) [7] analyzed the association between EDU PGS and years of education in an older African American sample. Given their use of all SNPs regardless of significance, it is not surprising that the cross-ethnic validity of their scores was

drastically reduced [7]. Moreover, since the heritability of education among older African Americans is unknown and the predictive validity of PGS scores depend on the population specific trait heritability, we do not know if the reduction in trans-ethnic validity was due to a reduced heritability. In fact, it is well known that polygenic scores perform better in European populations, and prediction accuracy is reduced by approximately 2 to 5 fold in East Asian and African American populations, respectively [42]. A recent study has replicated the validity of Lee et al. (2018) [7]’s PGS on a sample of African Americans; the authors found that a higher EA PGS was associated with higher probability of college completion and math performance, although not with reading achievement. There was also a negative association with criminal record status. However, there was an attenuation compared to the PGS effect among White subjects. The authors attribute this to various potential factors besides LD decay: 1) The study used a sample low in socioeconomic status (SES), where shared environment plays a bigger role than in high SES environments [43]; and 2) Measures of math and reading performance were obtained in early childhood, a developmental period during which the importance of genetic influences on intelligence is lower (and that of shared environment is higher) compared to young adulthood [43]. Nonetheless, this study provides evidence for the (partial) transferability of EA polygenic scores to African Americans. Additionally, trans-ethnic GWAS meta-analyses on other traits have also found genetic variants with little heterogeneity between ancestry groups [44,45]. A recent GWAS of schizophrenia found that approximately 95% of SNPs from a Western GWAS had consistent direction of effect in the Chinese sample, and this was significant for about half of those (Li et al., 2017) [46]. We postulate that this common core of causal genetic variants with trans-ethnically homogeneous effects is what drives the association between average trait values and population IQ or height, and the group differences in mean PGS. This would be superimposed on a background of heterogeneity of allelic effects, thus adding noise to the data. In fact, LD decay is expected (from a theoretical perspective) to create noise and follow drift and not to produce a bias necessarily in a direction that favours the hypothesis of this study [40]. Since the frequency of the average SNP allele is 50%, the tag SNPs will tend to converge towards an average frequency of 50%, with increasing LD decay. The implication of this for our analysis is that when the polygenic scores are below 50%, our estimates will be inflated, and vice-versa for the polygenic scores which are above 50%, because LD decay pushes the polygenic scores up (or down) towards the background frequency of 0.5. In the present case, the average frequency of alleles with positive effect is around 50% (49.7%) for CEU and CHS (49.7% and 50.1%); hence, LD decay should produce only a tiny bias in the estimate (upward and downward bias, respectively). However, the allele frequencies of causal SNPs in other (non-European) populations that are farther away from 50% will produce a stronger bias. For example, the average YRI frequency is 47.5%, so LD decay produces an overestimate of the PGS. In other words, the frequency of causal SNPs is expected to be lower than 47.5%. A preliminary test of this hypothesis was carried out by employing 125 candidate causal SNPs from the Lee et al. (2018) [7] GWAS. The unweighted EDU3-Causal PGS difference was negatively correlated ( $r = -0.62$ ) to the unweighted EDU3 PGS. In other words, the lower the frequency of the EDU3 PGS, the higher the estimate in the larger set than in the set of putatively causal SNPs, suggesting that LD decay leads to an overestimation of the PGS in the populations with lower PGS, as predicted by theory. Adding socioeconomic variables to the model slightly (but significantly) increased the predictive power (from 78–80% to 85–89%), although the PGS explained twice as much of the variance (70% vs. 35%) as those of HDI, average protein consumption or child mortality (Table 3). The reverse was the case for height, where socioeconomic factors explained much more of the variance in average height than the PGS (Table 4). This is in line with heritability studies which show the importance of the shared environment for adult height even in rich Western countries (about

10%) and more so in nonWestern countries [47], and the dramatic secular trend in height. On the other hand, the shared environmental impact on IQ or g in adulthood is typically found to be near zero [48], although this might not be the case in developing countries or deprived rearing environments. Indeed, the IQ of African Americans appears to be higher than what is predicted by the PGS (Figure 2), which suggests this cannot be explained by European admixture alone, but it could be the result of enjoying better nutrition or education infrastructure compared to native Africans. Another explanation is heterosis ("hybrid vigor"), that is the increase in fitness observed in hybrid offspring thanks to the reduced expression of homozygous deleterious recessive alleles [49]. The Sri Lankan UK population also constitute an outlier, because their IQ is lower than that predicted by the PGS. This does not contradict the previous statement, because the IQ estimate obtained from Piffer (2015) [9] was based on native Sri Lankans, since estimates for Sri Lankans living in the UK were not available. Given the moderate impact of environment, it is likely that the IQ of Sri Lankans living in the UK is actually higher than that of native Sri Lankans. Testing more sophisticated models with larger sets of socioeconomic variables would go beyond the scope of this paper but it is an interesting direction for future research. Future GWAS studies should be carried out on non-European populations. Indeed, trans-ethnic GWASs are a promising resource for the identification of alleles with homogeneous and heterogeneous effects and the computation of population-specific polygenic scores. Specifically, they would enable us to include SNPs that are polymorphic only in some populations, and to find the causal SNPs that have the same causal effect in all populations"

*"aucune preuve n'a été apportée que les différences génétiques entre les peuples soient la cause des différences entre nations"*

Ce n'est absolument pas exact, bien évidemment. Au contraire, à partir de la composition raciale d'une population, on peut estimer un QI moyen. A partir d'un QI moyen, on peut estimer l'indice de développement (le développement d'une zone X va dépendre essentiellement de l'intelligence moyenne de la population qui y vit). C'est ce que font Lynn et Vanhanen pour les pays métissés d'Amérique Latine.

On sait, depuis Darwin et Galton, que les différences raciales sont hautement génétiques.

Outre les preuves directes apportées par Piffer ou Dunkel tout récemment (depuis 2015), il y avait une masse pléthorique de preuves indirectes.

Je n'en citerai que quelques-unes sans développer, le lecteur intéressé se penchera sur les différents points détaillés sur mon site :

<https://www.intelligence-humaine.com/intelligence-est-genetique/>

(1) les différences de volumes crâniens et de taille transversale du pelvis (permettant le passage d'un cerveau devenu plus volumineux chez les Européens et les Est-Asiatiques à la suite des périodes glaciaires). Les différences raciales sont présentes à la naissance et même in-utero.

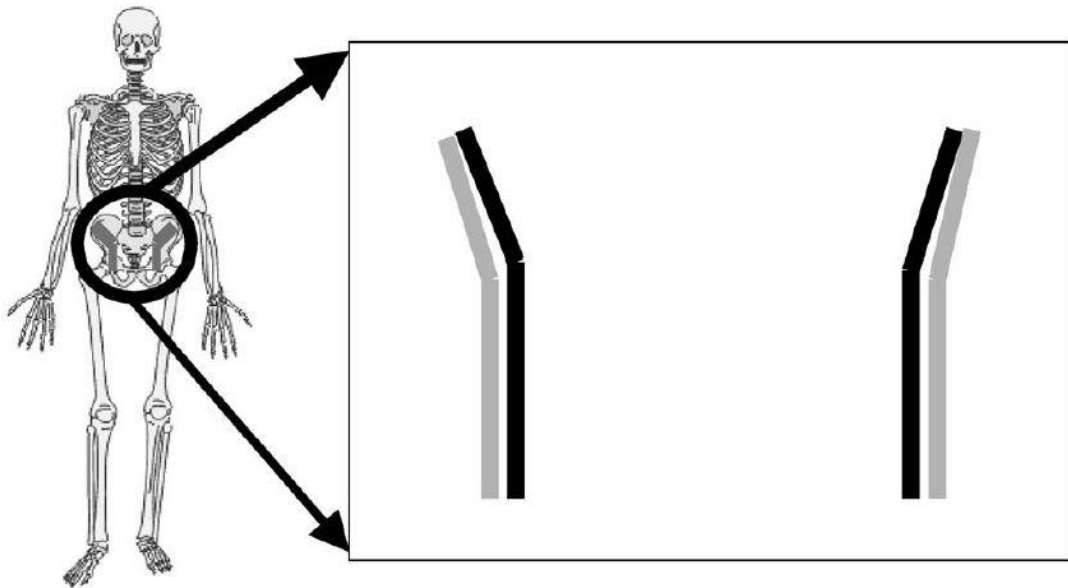
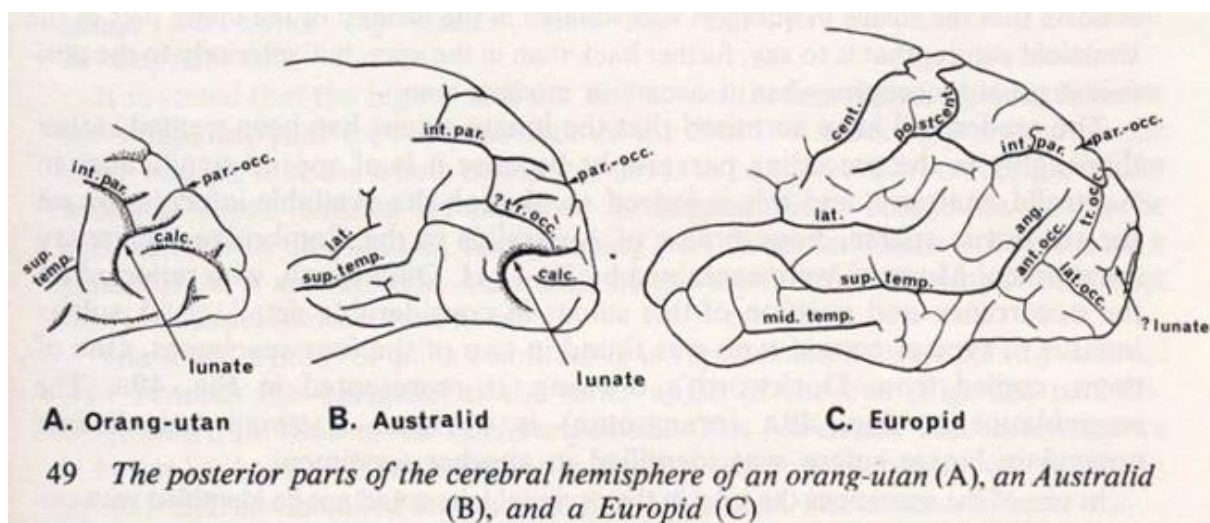


Fig. 6. With increasing brain size, the pelvis widens to allow the birth of larger-brained offspring. White women (gray line) average a birth canal of 27.4 cm wide and Black women (black line) average a birth canal of 24.6 cm wide.

A noter que si les Africains courent en moyenne plus vite, c'est en partie parce que leurs jambes sont plus droites. Leurs jambes sont plus droites parce que l'angle fémoral (entre le fémur et le pelvis) est moins important. Cet angle fémoral est moindre car le pelvis est plus étroit. Le pelvis est plus étroit car la pression de sélection pour une augmentation cranio-pelvienne a été moindre chez les Africains.

(2) Les études sur les métis entre 2 races (capacité crânienne et QI strictement intermédiaire aux races parentales).

(3) Les études cérébrales qualitatives. Les schémas des cerveaux des aborigènes d'Australie sont éloquentes...



D'après « Race », John R. Baker, professeur de biologie à Oxford.

On peut identifier avec précision l'ascendance raciale de quelqu'un par IRM (Imagerie par Résonance Magnétique) ceci parce que le cortex cérébral forme des repliements (gyrus et sillons) spécifiques à chaque ascendance raciale.

(4) Grande stabilité des Q.I raciaux quel que soit le milieu.

(5) Stabilité des QI raciaux dans le temps

(6) Les temps d'isolation

(7). Les études d'adoption, montrant que le QI reste entièrement prédictible par la race biologique des parents.

(8). Différences raciales dans les temps de réaction, parallèles au QI.

(9). « Inspection time » parallèles au QI.

(10). Admixture européenne chez les afro-américains

(11). 76 traits musculo-squelettique, proximité avec homo erectus

(12). L'intelligence s'inscrit dans un ensemble de traits évolutifs

(13). Position dans l'évolution

(14). Régression vers la moyenne

(15) Inbreeding depression

(16). Différences raciales à l'EEG

(17). Spearman's hypothesis

(18). L'héritabilité augmente avec l'âge

(19). Différences raciales dans les vitesses de maturation intellectuelle

(20). Existence des différences raciales dans l'intelligence depuis 10 mille ans

(21). Différences de fréquence des gènes de l'intelligence

Métissons une corde pour nous pendre...

Des villes toutes entières se métamorphosent progressivement, bio-socialement, par l'immigration massive d'afro-maghrébins ayant une plus faible intelligence génotypique.

Bruxelles est un exemple typique, je suis entrain de réaliser une étude sur le déclin bio-social de Bruxelles depuis 1970 (sera publiée dans les mois qui viennent).

Bruxelles n'est malheureusement pas un cas unique. Marseille, les banlieues françaises et d'autres zones dans toute l'Europe sont en pleine métamorphoses bio-sociales. La faible

intelligence génotypique des populations afro-maghrébines les verrouille au bas de l'échelle sociale et leur plus haute psychopathie (également génétique suivant toute vraisemblance, voir « Race Differences in Psychopathic Personalities » 2019, Richard Lynn) crée de graves problèmes d'insécurité, de délinquance, d'intégrisme religieux (corrélé très négativement à l'intelligence). Il y a également du ressentiment vis-à-vis des Européens majoritaires, plus intelligents, qui réussissent mieux. Des théories du complot « discrimination » ou « racisme » et autres florissent, assez proches des protocoles des sages de Sion, pour citer une théorie du complot connue qui visait pareillement à expliquer la domination ashkénaze de la société (alors que la raison était pareillement leur plus haute intelligence génotypique).

La vérité est qu'à QI identique, les salaires et les niveaux socio-économiques sont identiques quelle que soit la race. Bien sûr les ashkénazes, quel que soit le pays, se retrouvent au sommet suivis par les est-asiatiques, parce que physiologiquement leur cerveau est plus puissant.

Il est souvent très intéressant d'avoir l'opinion des scientifiques est-asiatiques, hautement intelligents et qui n'ont pas été fanatisés par l'antiracisme et l'égalitarisme post-moderne.

Stephen Hsu, professeur de physique, a dirigé le Cognitive Genomics Lab du BGI (institut génomique de Pékin, le plus grand du monde). Il explique l'absurdité des théories du « racisme » et de la « discrimination ».

<https://www.youtube.com/watch?v=2EUKgNa0kiQ>

Imaginez une société d'hommes violets intelligents. Cette société serait nettement plus développée qu'une société d'hommes mauves, moins intelligents...

Cette société violette serait nettement plus riche. Elle serait nettement plus prospère d'un point de vue économique mondial car il lui serait possible d'inventer beaucoup plus de choses et de mettre sur le marché des éléments à haute valeur ajoutées (car technologiquement supérieurs: avions, ordinateurs, porcelaines, grands vins...).

En vis-à-vis la société mauve serait, comparativement à la violette, plus pauvre et moins développée. Elle serait plus religieuse car l'intelligence corrèle à -0,88 avec l'inclination religieuse. Elle serait plus violente aussi car l'intelligence corrèle négativement avec le crime et les délits. Elle serait moins coopérative. Les seules choses que cette société soit capable d'apporter sur le marché mondial seraient des éléments à faible valeur ajoutée, de l'agriculture essentiellement ou d'autres éléments qui sont en surplus dans le monde.

La société violette aurait une histoire glorieuse, car si elle est plus intelligente que la mauve cela ne date pas d'hier: c'est marqué dans ses gènes depuis des milliers d'années, raison pour laquelle la société violette peut compter dans ses dictionnaires une part considérable de grands génies artistiques, des savants, des hommes politiques, des militaires, des écrivains...

La société mauve n'aurait pas de dictionnaire. De toute façon il n'y aurait pas beaucoup de grands hommes à y mettre car la fréquence des génies serait nettement inférieure.

Voici que les mauves découvrent, par une mondialisation récente, qu'il est évidemment plus agréable de vivre dans la société violette.

Un afflux ininterrompu se fait dès lors des régions géographiques mauves vers les violettes.



Ceci commence à poser des problèmes sociaux dans la société violette qui n'a jamais eu dans sa population une telle part de personnes avec une si basse intelligence, qui conséquemment ne s'intègrent pas. Les mauves s'accumulent dans des quartiers qui deviennent mal famés car plus criminels, plus religieux et moins prospères. Les mauves ont un niveau d'éducation bien moins élevé car ils sont moins intelligents. Leurs salaires moyens sont moins élevés. Il se crée un ressentiment des mauves vis-à-vis des violets.

Ces poches mauves dans la société violette grandissent de plus en plus de par le jeu de l'immigration qui continue et par le taux de natalité des mauves qui est nettement supérieur à celui des violets.

Le métissage se produit petit à petit dans la société violette qui devient une société violette avec une part mauve de plus en plus importante. L'intelligence dans la société violette diminue petit à petit.

La société violette, jadis prospère de par sa haute intelligence, voit son niveau de développement diminué progressivement et tendre vers le niveau de vie mauve.

La fréquence des génies dans la société violette décroît. Le salaire moyen diminue. La fréquence de la criminalité augmente. Le développement diminue.

Petit à petit les jaunes, une troisième population d'intelligence proche de celle des anciens violets, prend le pouvoir sur le monde. Les violets sont totalement hors-jeu de par la diminution de leur intelligence moyenne conséquente de l'immigration massive des mauves.

Sic transit gloria mundi.

**1. Il existe un facteur  $g$  (=Q.I).**

**2. Le niveau moyen de  $g$  dans une population est causalement lié au niveau de la civilisation et à la qualité de vie dans les sociétés modernes.**

**3.  $g$  est hautement héritable (influencé par des facteurs génétiques).**

Jean Hansen, 18 novembre 2019.