

> Pourquoi faire cela alors que nous pourrions nous tourner vers les ossements et les génomes humains pour obtenir ces informations? D'abord, parce que la fiabilité d'une hypothèse est renforcée lorsque les données génomiques de deux organismes distincts racontent la même histoire, en particulier pour deux organismes aussi différents qu'un humain et une bactérie. De plus, il arrive que les génomes se complètent; l'un apportant des informations inaccessibles à partir de l'autre. Par exemple, en 2004, des données issues des génomes d'*Helicobacter pylori* ont distingué deux communautés ethniques dans la région du Ladakh, en Inde, alors que les marqueurs génétiques humains disponibles à l'époque ne le permettaient pas.

Aujourd'hui, plutôt que d'examiner une seule variété de microbes, il pourrait être utile de s'intéresser à leur ensemble, afin de mieux comprendre le passé de notre espèce et peut-être son avenir. L'idée d'holobionte (un hôte et tous ses microorganismes associés, étudiés comme un seul hologénome) prend peu à peu forme à mesure que nous approfondissons nos connaissances sur les milliers d'espèces microbiennes qui vivent dans et sur notre corps.

BIEN DIGÉRER LES ALGUES

Mais notre microbiote ne se contente pas de refléter l'évolution humaine – il l'affecte également. À travers les microorganismes auxquels nous sommes associés, nous acquérons parfois des capacités nouvelles et bénéfiques. Par exemple, une étude de 2010 a révélé que de nombreux individus vivant au Japon possédaient un gène, dans des microbes de leurs intestins, permettant de dégrader les glucides issus des algues plus efficacement. Ce même gène est absent des intestins des populations d'Amérique du Nord où, contrairement au Japon, les algues ne sont pas un aliment de base.

Ce gène pourrait avoir été acquis par une bactérie du microbiote intestinal humain, *Bacteroides plebeius*, probablement à partir de la bactérie marine *Zobellia galactanivorans*. Cette dernière aurait jadis été ingérée par des individus au Japon, entrant ainsi dans leurs intestins dans leur forme entière ou bien fragmentée, leur ADN faisant partie de ces éléments ingérés. Comme les bactéries sont capables d'acquérir de nouveaux gènes par transfert horizontal, *Bacteroides plebeius* a vraisemblablement assimilé ce gène dans l'environnement intestinal. Celui-ci aurait alors été bénéfique à la fois à la bactérie et à l'hôte en ouvrant la voie à une nouvelle source de nutriments, et aurait donc été maintenu au sein de la population par sélection naturelle.

En élucidant la nature des interactions de nos microbes avec nos ancêtres depuis des

LA TENDANCE D'« *HELICOBACTER PYLORI* » À PROMOUVOIR UN CANCER DE L'ESTOMAC DÉPENDRAIT DU DEGRÉ DE « COMPATIBILITÉ » DE LA SOUCHE BACTÉRIENNE AVEC SON HÔTE

temps immémoriaux, de nombreuses perspectives s'offrent à nous. Ces symbioses ancestrales aideront non seulement à interpréter notre histoire, mais aussi à optimiser nos recherches, et les résultats de ces dernières, à améliorer notre arsenal thérapeutique.

INCOMPATIBILITÉS MICROBIENNES

Ainsi, la tendance de la bactérie *Helicobacter pylori* à promouvoir le développement d'un cancer de l'estomac semble dépendre du degré de « compatibilité » de la souche bactérienne avec son hôte. Dans une étude examinant le cancer de l'estomac et ses liens avec *Helicobacter pylori* en Colombie, des chercheurs ont découvert que les souches africaines de la bactérie étaient plus propices à causer des cancers dans la population colombienne, ces mêmes souches n'étant pas aussi fréquemment carcinogènes chez les populations africaines. Cette observation laisse entrevoir la possibilité de prévenir les cancers gastriques, à l'échelle de l'individu, en minimisant les risques d'incompatibilité entre les hôtes et leurs bactéries.

Nous commençons désormais à comprendre comment ces symbioses de longue date ont contribué à faire de nous ce que nous sommes aujourd'hui. De récentes recherches ont ainsi confirmé que plus des organismes sont étroitement apparentés, plus la composition de leur microbiome dans son ensemble est similaire. Un jour, cette archive microscopique pourrait nous aider à comprendre les relations évolutives entre les espèces.

On met souvent en avant les bénéfices considérables de l'étude du microbiome dans la compréhension des maladies. Toutefois, l'idée que nos microbes puissent nous renseigner sur nos lointains ancêtres disparus est peut-être une idée plus intrigante encore. ■

BIBLIOGRAPHIE

J. HOOI ET AL., Global Prevalence of *Helicobacter pylori* Infection: Systematic Review and Meta-Analysis, *Gastroenterology*, vol. 153(2), pp. 420-429, 2017.

A. BROOKS ET AL., Phylosymbiosis: Relationships and Functional Effects of Microbial Communities across Host Evolutionary History, *PLoS Biol.*, vol. 14(11), art. e2000225, 2016.

N. KODAMAN ET AL., Human and *Helicobacter pylori* coevolution shapes the risk of gastric disease, *PNAS*, vol. 111(4), pp. 1455-1460, 2014.

B. LINZ ET AL., An African origin for the intimate association between humans and *Helicobacter pylori*, *Nature*, vol. 445, pp. 915-918, 2007.

L. REBECCA ET AL., Mitochondrial DNA and human evolution, *Nature*, vol. 325, pp. 31-36, 1987.

1 AN

2 FORMULES
AU CHOIX

31 %
de réduction *

43 %
de réduction *

À renvoyer accompagné de votre règlement à :

PAG19STDDOS



OUI, je m'abonne
pour 1 an à POUR LA **SCIENCE**

**FORMULE PAPIER
+ HORS SÉRIE**

- 12 n° du magazine papier
- 4 Hors-série papier

79€
Au lieu de ~~114,40€~~

P1A79E



- 12 n° du magazine (papier et numérique)
- 4 Hors-série (papier et numérique)
- Accès illimité aux contenus en ligne

99€
Au lieu de ~~174,40€~~

1A99E

☐ M. ☐ Mme

Nom: Prénom:

Adresse:

Code postal | | | | | Ville:

Téléphone | | | | | | | | | |

Email : (indispensable pour la formule intégrale)

.....@.....

J'accepte de recevoir les offres de Pour la Science

☐ OUI ☐ NON☐ Par chèque à l'ordre de Pour la Science☐ Carte bancaire

Nº

--	--	--	--

--	--	--	--

--	--	--	--

--	--	--	--

Date d'expiration Clé (Les 3 chiffres au dos de votre CB)

Signature obligatoire:

* Réduction par rapport au prix de vente en kiosque et l'accès aux archives numériques. Durée d'abonnement : 1 an. Délai de livraison : dans le mois suivant l'enregistrement de votre règlement. Offre valable jusqu'au 31/03/2021 en France métropolitaine uniquement. Pour un abonnement à l'étranger, merci de consulter notre site <https://boutique.pourlascience.fr>. Photos non contractuelles.

Les informations que nous collectons dans ce bulletin d'abonnement nous aident à personnaliser et à améliorer les services que nous vous proposons. Nous les utiliserons pour gérer votre accès à l'intégralité de nos services, traiter vos commandes et paiements, et vous faire part notamment par newsletters de nos offres commerciales moyennant le respect de vos choix en la matière. Le responsable du traitement est la société *Pour la Science*. Vos données personnelles ne seront pas conservées au-delà de la durée nécessaire à la finalité de leur traitement. *Pour la Science* ne commercialise ni ne loue vos données à caractère personnel à des tiers. Les données collectées sont exclusivement destinées à *Pour la Science*. Nous vous invitons à prendre connaissance de notre charte de protection des données personnelles à l'adresse suivante : <https://rebrand.ly/charte-donnees-pls>. Conformément à la réglementation applicable (et notamment au Règlement 2016/679/UE dit « RGPD ») vous disposez des droits d'accès, de rectification, d'opposition, d'effacement, à la portabilité et à la limitation de vos données personnelles. Pour exercer ces droits (ou nous poser toute question concernant le traitement de vos données personnelles), vous pouvez nous contacter par courriel à l'adresse protection-donnees@pourlascience.fr.

L'ESSENTIEL

- Le séquençage de l'ADN de divers fossiles a précisé l'histoire des lignées humaines.
- L'homme moderne et Néandertal auraient eu un frère, l'homme de Denisova, qui vivait en Asie. Il est encore présent génétiquement chez les habitants du Sud-Est asiatique.
- Le génome de l'homme moderne contient de 1 à 6% de gènes d'origine néandertalienne et dénisovienne.
- Plusieurs gènes des humains archaïques ont été favorables au succès d'*Homo sapiens*.

LES AUTRICES



SILVANA CONDEMI
paléoanthropologue, dans l'unité
Anthropologie bioculturelle,
droit, éthique & santé (ADÈS,
AMU-CNRS-EFS), à l'université
d'Aix-Marseille.



ANNA DEGIOANNI
est généticienne des populations
au Laboratoire méditerranéen
de préhistoire, Europe-Afrique
(LAMPEA, CNRS), à l'université
d'Aix-Marseille.

Homo sapiens, une espèce mosaïque

L'étude du génome humain et de plusieurs fossiles montre que nos ancêtres se sont hybridés à diverses reprises avec les espèces humaines archaïques qu'ils ont rencontrées. Nous devons beaucoup à ces métissages.

H

omo sapiens, d'origine africaine, aurait quitté le continent et remplacé implacablement tous les humains archaïques qu'il a rencontré jusqu'à rester le seul représentant du genre. Ce scénario d'une conquête irréprouvable et «sans pitié» a longtemps prévalu: la génétique l'a rendu obsolète. En effet, depuis quelques années, on se rend compte

que notre génome comporte des fragments d'ADN appartenant à d'autres espèces du genre *Homo*, notamment les Néandertaliens et les Denisoviens, preuve de métissages anciens, d'hybridation entre espèces. Comment en est-on arrivé à ces conclusions? Que nous racontent-elles de notre passé?

Grâce aux progrès techniques, le séquençage de la totalité du génome humain, compilé à partir de plusieurs individus, a été achevé en 2004. Le premier séquençage d'un seul humain a été publié en septembre 2007. Les hommes fossiles ne sont pas en reste: à la même époque, l'ADN mitochondrial de l'homme de Néandertal a été séquençé par l'équipe de Svante Pääbo, à l'institut Max-Planck, à Leipzig, en Allemagne. Rappelons que