

observé un dauphin à dents dures (*Steno bredanensis*) femelle repoussant et attirant le cadavre de son petit, comme le faisait la mère du golfe d'Arta. En revanche, elle n'était pas seule. Par moments, deux dauphins adultes l'escortaient et, à d'autres, un groupe d'au moins 15 dauphins ralentissait sa course pour inclure, dans son sillage, la mère et le petit. Et lorsqu'au cinquième jour, elle a commencé à faiblir, les autres dauphins l'ont relayée, portant le petit sur leur dos.

Les girafes paraissent aussi perturbées par la mort d'un proche. En 2010, dans le sanctuaire sauvage de Soy-sambu, au Kenya, une girafe de Rothschild femelle a donné naissance à un girafeau dont le pied était difforme. Le petit marchait peu, condamné à une plus grande immobilité que les autres. Durant les quatre semaines de vie du girafeau, Zoe Muller, biologiste travaillant au Kenya dans le cadre du projet de conservation de l'espèce, n'a jamais vu la mère s'éloigner à plus de 20 mètres de son petit. Elle ne participait plus aux activités coordonnées du troupeau, telle la recherche de nourriture.

Un jour, Z. Muller a constaté que le troupeau se comportait de façon inhabituelle. Sur la défensive, 17 femelles, dont la mère du petit, fixaient du regard un fourré. Le petit y était mort une heure plus tôt. Les femelles manifestaient un vif intérêt pour le cadavre, s'en approchant, puis reculant. L'après-midi, elles étaient 23, rejointes par 4 jeunes girafes, certaines touchant le cadavre de leur museau. Dans la soirée, 15 d'entre elles se sont approchées plus près encore et ont entouré étroitement le corps.

Les jours suivants, de nombreuses girafes sont venues près du jeune défunt. Certains mâles se sont approchés dans un périmètre de 100 mètres, sans pour autant s'intéresser au cadavre du petit. Ils récoltaient de la nourriture ou examinaient l'état reproducteur des femelles. Le troisième jour, Z. Muller a trouvé la mère, seule sous un arbre, à 50 mètres de l'endroit où était mort son petit. Le corps, lui, n'y était plus. La biologiste le découvrit plus tard, à moitié dévoré, sous ce même arbre. Le lendemain, la carcasse avait disparu, emportée par les hyènes.

Les observations précises de populations animales sauvages restent rares, pour diverses raisons. Les scientifiques ne sont pas toujours au bon endroit au bon moment.

Et quand ils sont sur les lieux, il se peut qu'aucune attitude apparentée au deuil ne soit à noter. Aussi, à ce stade des recherches, toute observation provenant de réserves, de zoos ou même de notre cohabitation avec les animaux de compagnie peut être utile.

Willa et sa sœur Carson, deux chattes siamoises, vivaient chez Karen et Ron Flowe en Virginie, aux États-Unis. Elles se faisaient leur toilette mutuelle, dormaient enroulées

leur gavage dans une ferme productrice de foie gras. Deux des trois rescapés, Kohl et Harper, étaient en mauvais état. Kohl avait les pattes difformes et était effrayé par les humains ; Harper ne voyait que d'un œil. Pendant quatre ans, les deux canards ne se sont pas quittés. Lorsque la douleur aux pattes de Kohl s'est intensifiée, l'empêchant de se déplacer, il fut euthanasié. On laissa Harper assister à la procédure, puis approcher la dépouille. Après avoir exercé, avec son bec, quelques pressions sur le corps, Harper se coucha à ses côtés et mit sa tête contre le cou de son compagnon. Il resta ainsi plusieurs heures. À partir de ce jour, il repoussa tout lien avec d'autres canards, restant seul au bord d'une petite mare où il venait souvent avec Kohl. Deux mois plus tard, Harper mourait à son tour.

Un continuum de réactions

Alors, peut-on parler de deuil chez l'animal ? En l'état actuel des connaissances, rien ne permet de l'assurer. Une difficulté est la grande variabilité des réactions observées face à la mort. Le contexte social et la personnalité des survivants influent sur leur comportement. De toutes les histoires de chats, chiens, lapins, chevaux et oiseaux que j'ai pu récolter se dessine, pour chaque espèce, tout un éventail de réactions, certains animaux restant indifférents à la mort de leur compagnon, d'autres paraissant désespérés.

Les différences cognitives jouent aussi sans doute un rôle. De même qu'il existe divers degrés d'empathie en fonction des espèces ou au sein d'une même espèce, la mort est peut-être perçue différemment d'un animal à l'autre. Certains animaux saisissent-ils le caractère final de la mort ? Parviennent-ils à le conceptualiser ? Les animaux anticipent-ils la mort ? Une chose est sûre : devant la multiplication des récits sur des animaux variés, la question du deuil chez l'animal est pertinente. À commencer par les espèces ayant une longévité importante et dont les membres forment des couples, des familles ou des communautés. Les liens ainsi tissés ont-ils tendance à entraîner une réaction exacerbée à la mort d'un proche ? Seule une comparaison systématique des réactions au sein de chaque système social animal apportera une réponse. ■



2. UNE FEMELLE GORILLE ÉTREINT son bébé mort dans un zoo de Münster, en Allemagne.

l'une contre l'autre. Lorsque Carson était conduite chez le vétérinaire, Willa restait à la maison, dans un état de légère agitation, jusqu'au retour de sa sœur. En 2011, l'état de santé de Carson empira et ses maîtres l'emmenèrent de nouveau chez le vétérinaire, où elle mourut dans son sommeil. Au début, Willa a agi comme elle le faisait pendant les courtes absences de sa sœur. Mais au bout de deux ou trois jours, elle s'est mise à pousser des miaulements lugubres et à rechercher leurs endroits préférés. Et lorsque cette agitation s'estompée, Willa tomba dans une sorte de léthargie qui dura plusieurs mois.

Un témoignage édifiant provient de la réserve naturelle Farm Sanctuary, à Watkins Glen, dans l'État de New York. En 2006, trois canards – des mulards – sont arrivés à la réserve. Ils souffraient de lipodose hépatique, une maladie du foie provoquée par

Le métissage des espèces humaines

Michael Hammer

L'étude des gènes montre que nos ancêtres se sont métissés avec les espèces humaines archaïques qu'ils ont rencontrées. Cette hybridation a sans doute contribué à l'expansion d'*Homo sapiens*.

Au sein de l'humanité actuelle ou récente, le brassage des populations et de leurs gènes est un phénomène répandu et banal. Aux époques reculées où plusieurs espèces humaines coexistaient, y a-t-il eu métissage entre notre espèce, *Homo sapiens*, et d'autres humains archaïques ? Longtemps ignoré, voire nié, un tel métissage est devenu ces dernières années de plus en plus évident dans nos gènes, comme nous allons le voir. Il pourrait même être à l'origine du succès de notre espèce.

Les préhistoriens discutent des origines de l'homme moderne (*Homo sapiens*) depuis que leur science existe. Leurs idées ont varié, mais depuis les débuts de l'étude du génome humain, au cours des années 1980, une théorie dominante s'est installée. Selon cette vision, les hommes anatomiquement modernes sont d'abord apparus en Afrique, il y a quelque 200 000 ans, puis ont progressivement remplacé les formes humaines archaïques partout sur la planète. Nous ignorons largement quelles espèces humaines archaïques ont existé et quand, mais elles comprennent au moins l'homme de Neandertal (*Homo neanderthalensis*) en Eurasie et le minuscule *Homo floresiensis* en Indonésie. Nous ignorons tout autant comment *H. sapiens* a remplacé les autres espèces humaines, mais il était censé,

L'ESSENTIEL

- On pensait qu'*Homo sapiens*, espèce d'origine africaine, avait remplacé tous les humains archaïques en Afrique et en Eurasie.
- La génétique a montré qu'en fait, *Homo sapiens* s'est métissé, d'abord en Afrique, puis en Eurasie, avec les formes humaines archaïques qu'il a rencontrées au cours de son expansion mondiale.
- *Homo sapiens* a ainsi profité des gènes des humains archaïques bien adaptés qu'il rencontrait, ce qui a certainement aidé à son succès planétaire.

jusqu'à présent, les avoir supplantées sans se croiser avec elles.

Cette vision est nommée le modèle de remplacement africain (en anglais *African Replacement Model*) ; elle domine en préhistoire depuis un quart de siècle. Cependant, les progrès rapides du séquençage de l'ADN, de la puissance de calcul et leurs retombées dans l'étude tant des fossiles humains que des humains actuels ont révélé que nos contemporains portent de l'ADN néandertalien et d'autres espèces humaines archaïques. S'il en est ainsi, c'est bien parce qu'il y a eu métissage entre nos ancêtres *H. sapiens* et des individus d'autres espèces. Les preuves génétiques récentes de ces mélanges sont donc des découvertes majeures.

De l'Afrique à l'Eurasie

Pour en apprécier pleinement la portée, reportons-nous au débat qui faisait rage au début des années 1980 sur la façon dont *H. sapiens* a conquis la planète. L'étude des fossiles humains avait alors conduit les paléanthropologues à penser qu'une première sortie d'Afrique avait eu lieu peu de temps après l'apparition de l'espèce *Homo erectus*, il y a quelque deux millions d'années. Des membres de

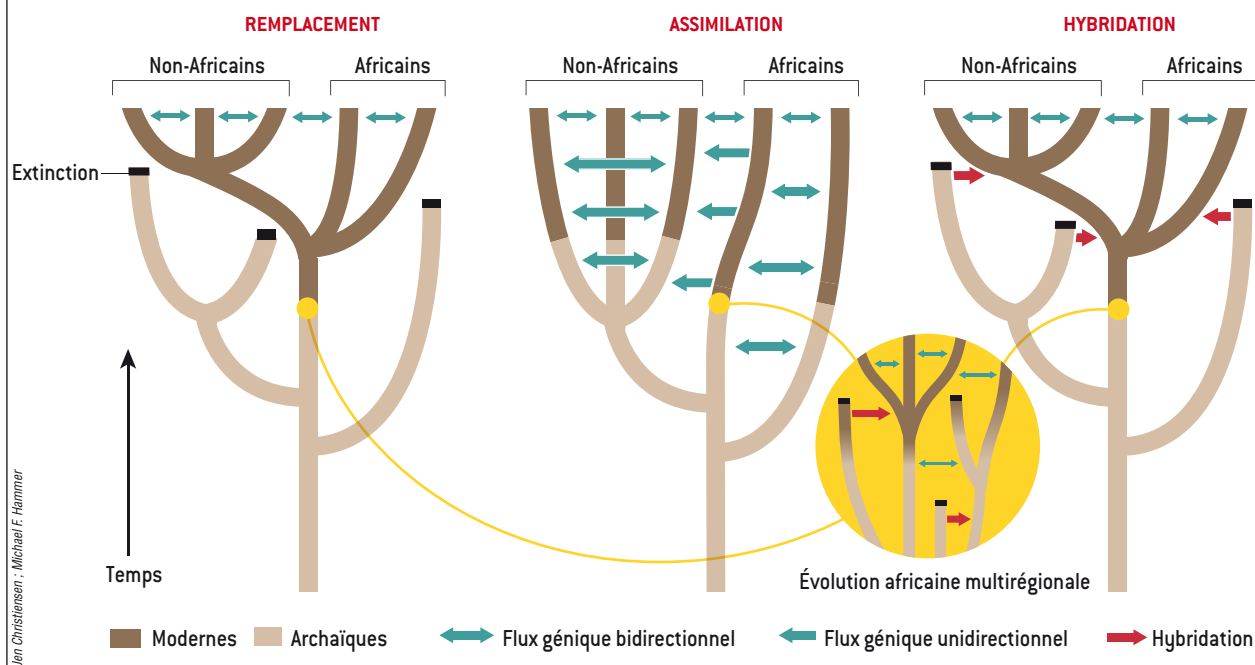


1. UNE NÉANDERTALIENNE RECONSTITUÉE.
Les études génétiques montrent que l'ADN des non-Africains actuels contient un à quatre pour cent d'ADN néandertalien.

QUELLES SONT LES SOURCES DE *HOMO SAPIENS* ?

Le débat se poursuit sur la façon dont les hommes anatomiquement modernes (*en brun foncé*) ont évolué à partir des formes archaïques (*en brun clair*). Dans toutes les théories de cette évolution présentées ici, l'origine des hommes modernes est en Afrique. Selon la théorie du remplacement (*à gauche*), ils se sont substitués aux espèces humaines archaïques présentes en Afrique et en Eurasie sans se mélanger avec elles. Selon la théorie de l'assimilation, en revanche (*au milieu*), les traits modernes issus d'Afrique se sont répandus parmi les groupes archaïques, à la faveur des

migrations et de métissages à l'origine de flux géniques (*flèches vertes*). Selon la théorie de l'hybridation (*à droite*), les hommes modernes ne se sont que rarement croisés avec des espèces archaïques à mesure qu'ils les remplaçaient (*flèches rouges*). Pour sa part, la théorie de l'évolution africaine multirégionale (*bulle jaune*) ne concerne que la période de transition archaïque-moderne en Afrique; elle fait appel à des hybridations à l'origine de flux géniques entre différents groupes archaïques distincts. Ce scénario pourrait avoir précédé, en Afrique, chacun des trois autres scénarios.



cette espèce ancienne sont en effet passés alors en Eurasie. Les paléanthropologues divergeaient toutefois sur la façon dont s'est produite l'évolution depuis la forme *H. erectus* jusqu'à la forme moderne. Avec son crâne arrondi et son squelette gracile caractéristiques, *H. sapiens* n'est en effet attesté dans le registre fossile qu'à partir d'il y a 195 000 ans environ.

Deux thèses évolutives s'opposent. Milford Wolpoff, de l'Université du Michigan, et d'autres chercheurs ont proposé l'hypothèse de l'origine multirégionale de l'homme moderne. D'après cette théorie, les populations archaïques se sont progressivement «modernisées» à mesure que l'arrivée d'hommes modernes et le métissage avec eux y multipliaient les traits avantageux (modernes !). Selon ce scénario, à l'issue de la transition, tous les humains partagent les mêmes caractéristiques modernes, tandis que certains traits distinctifs hérités des ancêtres archaïques persistent localement, sans doute parce qu'ils sont avantageux pour la survie dans une région.

Fred Smith, de l'Université d'État de l'Illinois, a proposé pour sa part une variante de la théorie multirégionale, selon laquelle la contribution des populations venues d'Afrique aux caractéristiques anatomiques modernes est plus grande.

Origine africaine ou multirégionale ?

À ce courant d'idées s'opposent les partisans de l'hypothèse de l'origine africaine de l'homme moderne, que l'on nomme aussi l'hypothèse du remplacement (en anglais *Out of Africa*, entre autres). Pour les partisans de cette théorie, par exemple Christopher Stringer, du Muséum d'histoire naturelle de Londres, les hommes anatomiquement modernes sont apparus en Afrique subsaharienne, puis ont remplacé partout les hommes archaïques sans se métisser.

Günter Bräuer, de l'Université de Hambourg, a proposé une version plus souple de cette théorie, admettant la possibilité de

métissages occasionnels lors des rencontres entre groupes archaïques et modernes, quand les «Africains» abordaient de nouveaux territoires.

Qu'indique l'étude morphologique des rares fossiles humains ? Pas assez, même s'il arrive que l'on décèle un métissage (*voir l'encadré page 64 sur un cas italien*). Dès lors, si l'on prend comme base de discussion le seul registre fossile, le débat sur les origines de l'homme moderne aboutit à une impasse.

Heureusement, les apports de la génétique changent la donne. Avec l'avènement du séquençage et de l'analyse de l'ADN humain, les chercheurs ont pu mettre au point des méthodes pour reconstituer partiellement le passé en examinant les variations génétiques dans les populations humaines contemporaines. Grâce à ces méthodes, ils ont pu reconstruire les arbres phylogénétiques de certains gènes, dont ils ont déduit et daté le dernier ancêtre commun de toutes les variantes observées – ce qui donne des informations sur la population d'origine de la séquence ancestrale.

Ainsi, dans une étude de 1987 qui a fait date, Allan Wilson, de l'Université de Californie à Berkeley, et ses collègues ont établi l'arbre phylogénétique de l'ADN mitochondrial. Cet ADN, rappelons-le, se trouve au sein des mitochondries, petits organites à l'origine de l'énergie de la cellule, et n'est transmis que par la mère. Ils en ont déduit que notre ADN mitochondrial remonte à l'«Ève mitochondriale», une ancêtre qui aurait vécu dans une population africaine il y a environ 200 000 ans.

Ce résultat appuie donc la théorie du remplacement des hommes archaïques par *H. sapiens*. Il en va de même de résultats similaires obtenus dans le cas de certaines petites séquences de l'ADN nucléaire (l'ADN des noyaux cellulaires), tel, par exemple, le chromosome Y qui ne peut être hérité que du père, puisqu'il est à l'origine du sexe masculin.

Dix ans plus tard, la théorie du remplacement a de nouveau reçu le renfort de la génétique lorsque l'équipe de Svante Pääbo, de l'Institut Max Planck d'anthropologie évolutionniste de Leipzig, est parvenue à extraire un fragment d'ADN mitochondrial d'ossements néandertaliens. Il est alors apparu que ces séquences d'ADN mitochondrial étaient différentes de celles des hommes modernes et que ces derniers ne se sont pas mélangés avec les Néandertaliens. D'autres travaux ultérieurs, sur de l'ADN mitochondrial d'autres individus néandertaliens, donnèrent des résultats semblables.

Le coup de grâce semblait avoir été donné à la théorie multirégionale, mais il ne s'agissait que d'une première impression. Le raisonnement mené jusqu'à ce stade souffre d'un biais majeur : le génome mitochondrial n'est pas tout le génome ! De fait, le génome mitochondrial contient environ 16 000 bases, tandis que le génome humain dans son ensemble contient quelque 3,2 milliards de paires de nucléotides. En outre, une région du génome issue d'un métissage pourrait ne pas le montrer, dans la mesure où des gènes d'origine étrangère, mais ne conférant aucun avantage pour la survie, tendent à disparaître au fil du temps, par le fruit du hasard.

Savoir si les hommes modernes et les hommes archaïques se sont croisés implique donc de comparer de nombreuses régions de leurs génomes ou, mieux, de comparer leurs génomes entiers. Du reste, avant que des données génétiques sur les espèces humaines archaïques n'apparaissent, les

résultats de certaines études de l'ADN humain moderne contredisaient déjà la théorie du remplacement. Une étude publiée en 2005 et conduite par Daniel Garrigan, alors postdoctorant dans mon laboratoire, en constitue un exemple clair. D. Garrigan a examiné une région non fonctionnelle du chromosome X connue sous le nom de RRM2P4. Or, une fois reconstitué, l'arbre phylogénétique de cette région la faisait remonter à une souche d'Asie du Sud-Est vieille de 1,5 million d'années. En d'autres termes, l'ADN en question proviendrait d'une espèce asiatique archaïque qui se serait croisée avec l'*Homo sapiens* africain.

Des traces de mélanges dans le génome

De façon similaire, notre équipe découvrit cette même année une variation dans la région Xp21.1 du chromosome X, elle aussi non fonctionnelle, correspondant à un arbre phylogénétique comprenant deux branches parallèles ayant évolué séparément durant environ un million d'années. Nous supposons que l'une des branches a été introduite dans les lignées *Homo sapiens* par une espèce africaine archaïque. Les régions RRM2P4 et Xp21.1 du chromosome X suggèrent donc des croisements entre des espèces archaïques d'Asie et d'Afrique et les hommes modernes plutôt qu'un remplacement sans métissage des premiers par les seconds.

Puis, grâce aux progrès du séquençage, les scientifiques ont pu déterminer des génomes nucléaires entiers – y compris ceux d'espèces humaines disparues. En 2010, S. Pääbo annonçait que son équipe avait reconstitué la majeure partie d'un génome néandertalien, sur la base de l'ADN extrait de plusieurs fossiles trouvés en Croatie. Contrairement à ce qu'attendaient les chercheurs, les résultats indiquaient que les Néandertaliens ont apporté une contribution petite, mais significative (un à quatre pour cent de l'ADN des hommes modernes non africains), au génome contemporain. Autrement dit, un à quatre pour cent des nucléotides des hommes anatomiquement modernes semblent avoir été hérités des Néandertaliens. Qu'en conclure, sinon que des mélanges se sont produits entre les Néandertaliens et les ancêtres modernes de tous les non-Africains ? Les chercheurs ont avancé que ces mélanges auraient eu lieu il y a 80 000 à 50 000 ans au Proche-Orient,

■ L'AUTEUR



Michael HAMMER est généticien des populations. Il travaille à l'Université de l'Arizona, aux États-Unis.

■ BIBLIOGRAPHIE

F. L. Mendez *et al.*, An African American paternal lineage adds an extremely ancient root to the human Y chromosome phylogenetic tree, *American Journal of Human Genetics*, vol. 92[3], pp. 454-459, 2013.

S. Condeemi *et al.*, Possible interbreeding in late Italian Neandertals ? New data from the Mezzena (Monte Lessini, Verona, Italy), *PLoS One*, vol. 8[3], e59781, 2013.

M. Meyer *et al.*, A high-coverage sequence from an archaic Denisovan individual, *Science*, vol. 338, pp. 222-226, 2012.

E. Roudier, *Vo'Houna*, Errance, 2013.

là où les deux groupes humains étaient présents à la même époque.

Très peu de temps après l'annonce du séquençage du génome néandertalien, l'équipe de S. Pääbo fit part d'une nouvelle découverte, encore plus étonnante. Les chercheurs ont réussi à séquencer l'ADN mitochondrial contenu dans un fragment de phalange vieux d'environ 40 000 ans, trouvé dans la grotte de Denisova, dans les montagnes de l'Altai sibérien. Ce fragment de phalange étant le seul os que l'on ait de cet individu, on ignore son espèce. Or son ADN mitochondrial a révélé qu'il ne s'agissait ni d'un homme moderne ni d'un homme de Neandertal, même si la population dont il faisait partie était légèrement plus proche des Néandertaliens. De plus, il s'avère que des séquences du type de celle de Denisova se retrouvent dans un à six pour cent de l'ADN des Mélanésiens, des

aborigènes australiens, des Polynésiens et d'autres populations du Pacifique Ouest, mais pas du tout dans l'ADN des Africains ou des Eurasiens.

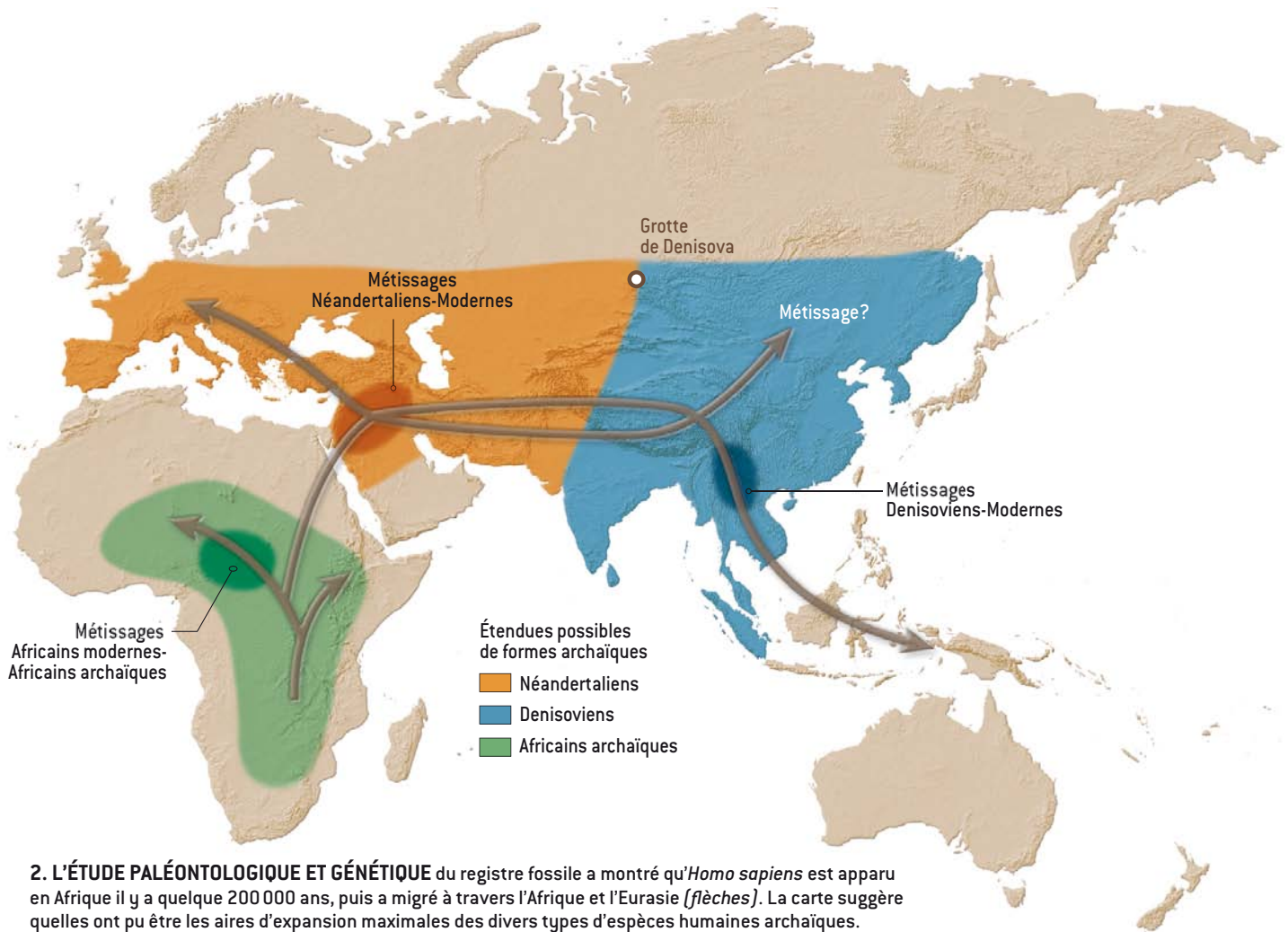
Croisements réussis

Pour expliquer ces observations, les chercheurs ont avancé l'idée de plusieurs mélanges réussis. Tout d'abord, des hommes anatomiquement modernes sortis d'Afrique se sont croisés avec des Néandertaliens, comme on l'a évoqué plus haut. Puis les descendants de ces premiers migrants modernes se seraient déplacés jusqu'en Asie du Sud-Est, où ils se seraient croisés avec des Denisoviens. Des ancêtres doublement croisés de groupes actuels, tels les Mélanésiens, auraient ensuite atteint l'Océanie il y a environ 45 000 ans, et une seconde vague d'hommes anatomique-

ment modernes aurait migré vers l'Asie orientale sans se croiser avec ces ancêtres de type denisovien.

Même si ce sont les croisements hors d'Afrique qui ont suscité le plus de travaux jusqu'à présent, il est clair que c'est *a priori* en Afrique que les hommes anatomiquement modernes ont eu le plus de chances de se croiser avec des formes archaïques, puisque c'est sur le grand continent que la coexistence entre espèces a duré le plus longtemps. Malheureusement, les conditions régnant dans les forêts équatoriales africaines ne favorisent pas la conservation d'ADN fossile. Sans la référence d'une séquence d'ADN africain ancien, les généticiens doivent pour l'instant se limiter à l'étude des génomes africains contemporains et à y rechercher des indices de mélanges anciens.

C'est dans ce but qu'avec l'équipe de Jeffrey Wall, de l'Université de Californie



2. L'ÉTUDE PALÉONTOLOGIQUE ET GÉNÉTIQUE du registre fossile a montré qu'*Homo sapiens* est apparu en Afrique il y a quelque 200 000 ans, puis a migré à travers l'Afrique et l'Eurasie (flèches). La carte suggère quelles ont pu être les aires d'expansion maximales des divers types d'espèces humaines archaïques. Ces dernières incluent, à l'Est, le type denisovien identifié par l'ADN extrait d'une phalange retrouvée dans la grotte de Denisova, en Sibérie. La carte indique les régions où des mélanges entre humains modernes et archaïques se sont probablement produits (ellipses), du moins d'après les indices génétiques disponibles.

à San Francisco, mon équipe a séquencé l'ADN de 61 régions du génome au sein de trois populations africaines subsahariennes. En 2011, la simulation informatique des divers scénarios évolutifs possibles nous a menés à la conclusion que ces populations ont reçu une contribution de deux pour cent de l'ADN d'une population humaine éteinte. Ce groupe se serait séparé des ancêtres des hommes anatomiquement modernes il y a quelque 700 000 ans, puis se serait reproduit avec des humains modernes il y a environ 35 000 ans, en Afrique centrale.

Des métissages en Afrique aussi

Un autre indice d'un possible métissage ancien en Afrique est venu de l'étude d'une séquence inhabituelle du chromosome Y (l'un des deux chromosomes du système XY de détermination du sexe), trouvée chez un Afro-Américain originaire de Caroline du Sud, dont l'ADN avait été analysé par une société spécialisée dans les tests ADN commerciaux. Cette séquence particulière n'avait encore jamais été observée. En la comparant à la séquence correspondante sur l'ADN d'autres humains et de chimpanzés, nous avons établi qu'elle représente une branche apparue sur l'arbre phylogénétique du chromosome Y il y a plus de 300 000 ans.

Suite à cette constatation, nous avons lancé des recherches dans une base de données contenant près de 6 000 chromosomes Y africains et identifié 11 correspondances, provenant toutes d'hommes vivant dans une très petite région de l'Ouest du Cameroun. Publiée cette année, cette découverte suggère que le dernier ancêtre commun de toutes les variantes modernes du chromosome Y serait 1,7 fois plus ancien qu'on ne le pensait. La présence même de cette lignée chez une population contemporaine est un signe possible de métissage entre *H. sapiens* et une espèce archaïque inconnue issue de l'Ouest de l'Afrique centrale.

Par ailleurs, bien que les analyses des ADN denisovien et néandertalien fournissent des indices toujours plus nombreux en faveur d'un apport des humains archaïques à notre héritage génétique, de nombreux aspects de ces métissages restent obscurs. L'estimation des pourcentages de contribution des Néandertaliens et des Denisoviens à notre génome est fondée sur une méthode qui fournit peu d'informations sur la manière et le moment où les métissages se sont pro-

Métissage récent?

En 2011, les paléontologues travaillant sur le site d'Iwo Eleru, au Nigeria, ont réexaminé des fossiles humains dont les crânes semblaient intermédiaires entre ceux d'hommes anatomiquement modernes et ceux d'une autre forme, sans doute archaïque. Or ces fossiles datent d'à peine 13 000 ans, soit de bien après l'apparition d'*Homo sapiens*.

Les observations effectuées, ainsi que celles réalisées sur le site d'Ishango, en République démocratique du Congo, suggèrent, soit que deux types de population ont coexisté jusqu'à un passé récent en Afrique, soit que des populations présentant des caractéristiques à la fois modernes et archaïques se sont croisées sur le grand continent pendant des milliers d'années.

duits. Pour en savoir plus, les chercheurs doivent en particulier comprendre exactement quelles parties du génome proviennent des espèces humaines archaïques et quelles espèces ont apporté quelles contributions. Au cours de son travail de thèse dans mon laboratoire, Fernando Mendez a entrepris des recherches en ce sens. Il a trouvé des preuves concluantes que certains contemporains non africains portent un segment de chromosome 12 contenant le gène *STAT2* originaire des Néandertaliens (gène impliqué dans la première ligne de défense du corps contre les virus pathogènes).

L'étude détaillée des régions de l'ADN héritées de nos ancêtres archaïques pourrait donc nous renseigner sur les éventuels avantages adaptatifs dus à l'acquisition par *H. sapiens* de ces variantes génétiques. En effet, le gène *STAT2* constitue un exemple fascinant d'une variante apparemment avantageuse qui s'est intégrée au patrimoine génétique de l'homme moderne. Environ dix pour cent des Eurasiens et des Océaniens portent la variante néandertalienne du gène *STAT2*. Il est intéressant de constater que cette variante est dix fois plus fréquente en Mélanésie qu'en Asie orientale. Les analyses suggèrent que ce segment d'ADN a vu sa fréquence d'apparition augmenter *via* une sélection naturelle positive (en d'autres termes, parce qu'il favorise le succès reproductif ou la survie) plutôt que par le fruit du hasard. Cela signifie qu'il a constitué un avantage pour les populations modernes de Mélanésie.

L'ADN archaïque, avantage pour la survie

De façon analogue, un morceau de type néandertalien de la région dite HLA (*Human Leukocyte Antigen*) du génome semble être présent à une fréquence relativement élevée dans les populations eurasiennes, à la suite d'une sélection naturelle positive liée à son rôle dans la lutte contre les pathogènes. Sans doute ne devrions-nous pas être surpris de trouver des contributions archaïques contenant des gènes qui renforcent l'immunité. Il est facile d'imaginer que l'acquisition d'une variante d'un gène procurant un avantage pour résister aux pathogènes locaux ait avantage les lignées d'hommes anatomiquement modernes qui l'acquerraient.

Au vu de l'accumulation des indices de métissages entre *Homo sapiens* et des espèces humaines archaïques, tant en

Un cas de métissage *Homo sapiens-Homo neanderthalensis* en Italie

En 1957, dans l'abri de Riparo Mezzena en Vénétie, un fragment de mandibule est découvert dans une couche pleine d'outils moustériens (donc néandertaliens). Son propriétaire – *a priori* un Néandertalien – avait un menton. Un détail ? Pas pour les paléanthropologues, qui savent bien que l'une des principales caractéristiques distinctives des Néandertaliens anciens dont on a retrouvé des fossiles est l'absence de menton.

Pour en avoir le cœur net, notre équipe franco-italienne a recherché dans le collagène extrait de la mandibule des restes d'ADN mitochondrial, cet ADN qui ne se transmet que dans les lignées féminines. Aucun doute n'est permis : la mère de l'individu de Mezzena était néandertalienne, ce que confirme la morphologie générale de la mandibule.

Mais le menton fait exception. Au lieu d'être de profil convexe comme chez les Néandertaliens anciens, la symphyse mentonnière (la pente du menton) de la mandibule de Mezzena est verticale, comme chez *Homo sapiens*. En outre, elle présente une

protubérance osseuse mentonnière, ce qui est anormal chez les Néandertaliens, mais tout à fait courant chez les hommes anatomiquement modernes (voir ci-dessous). Ce menton de Mezzena aurait pu passer pour une anomalie sans signification particu-

dija en Croatie (33 000 ans), et s'il n'était aussi fortement caractéristique des hommes modernes.

Nous avons donc cherché à prouver que la protubérance mentonnière de l'individu de Mezzena est due à une ascendance moderne. Pour cela,

ressort que, d'un point de vue statistique, la symphyse de Mezzena est moderne, c'est-à-dire de type *H. sapiens*, alors que son propriétaire porte un ADN mitochondrial néandertalien.

Qu'en conclure, étant donné que l'ADN mitochondrial n'est transmis que par la mère ? Deux interprétations sont possibles : soit l'individu de Mezzena est issu d'une lignée néandertalienne à menton, soit le père ou un ascendant masculin de l'individu de Mezzena était un *H. sapiens*. La première interprétation paraît quelque peu spéculative, dans la mesure où aucune lignée néandertalienne à menton n'a jamais été repérée en Europe de l'Ouest. La seconde interprétation paraît donc la plus plausible. Elle l'est d'autant plus que l'occupation néandertalienne de l'abri de Mezzena était contemporaine de l'occupation par des hommes modernes de la grotte de Fumane, située à seulement 20 kilomètres. Du reste, l'événement de métissage de Mezzena est déjà en bande dessinée (voir la bibliographie) !

Silvana Condemi

ADES/CNRS, Univ. d'Aix-Marseille



lière si des protubérances similaires n'avaient été observées sur des fossiles d'autres Néandertaliens tardifs d'Europe, tels ceux de Spy en Belgique (36 000 ans), de La Ferrassie en Dordogne (50 000 ans), de Las Palomas en Espagne (42 000 ans) et de Vin-

ous nous sommes livrés à une analyse discriminante, c'est-à-dire à la comparaison statistique de la conformation en 3D de la mandibule de Mezzena avec celle des mandibules de groupes représentatifs de Néandertaliens et d'hommes modernes. Il en

© Emmanuel Roudier / Éditions France

Afrique qu'ailleurs, la théorie du remplacement n'est plus tenable. Nous nous sommes toujours mélangés ! Ainsi, même si les formes humaines archaïques se sont éteintes, elles ont laissé leurs empreintes dans le génome humain actuel. Pour autant, les génomes des populations actuelles semblent dériver pour l'essentiel d'ancêtres africains, et les contributions des Eurasiens archaïques au génome eurasiatique moderne semblent plus modestes que ne l'impliquent la théorie d'une évolution multirégionale et celle d'une assimilation.

Hybridations par événements isolés

Nombre de chercheurs se prononcent donc désormais en faveur de la théorie de l'hybridation de G. Bräuer, suivant laquelle le métissage entre *Homo sapiens* et les espèces archaïques s'est limité à un certain nombre d'événements isolés. Que ces métissages aient été rares après la sortie d'Afrique des hommes modernes me paraît clair, mais je suis persuadé qu'il faut encore affiner notre vision du passé. Les témoignages

qu'en donnent les fossiles africains sont complexes : ils suggèrent qu'entre 200 000 et 35 000 ans environ, divers groupes humains transitoires présentant des caractéristiques à la fois archaïques et modernes ont vécu dans un espace s'étendant du Maroc à l'Afrique du Sud. Pour ma part, je suis en faveur d'une théorie prenant en compte un métissage des espèces pendant la transition des formes archaïques à la forme moderne. Ce scénario tient compte de la possibilité que certains traits qui nous rendent anatomiquement modernes soient hérités de formes transitoires (entre formes humaines archaïques et modernes) aujourd'hui disparues. Selon moi, c'est une combinaison d'une théorie multirégionale en Afrique et de la théorie de l'hybridation de Bräuer qui explique le mieux les données génétiques et fossiles actuellement disponibles.

Toutefois, avant de pouvoir tester cette théorie... hybride, nous devons mieux comprendre quels gènes codent les traits anatomiquement modernes et établir leur histoire évolutive. Pousser l'analyse des génomes tant archaïques que modernes devrait nous aider à déterminer à quelles

époques et à quels endroits les métissages se sont produits, et si les gènes archaïques ont procuré un avantage aux populations qui les ont acquis. Ces informations nous aideront à évaluer si les métissages d'*Homo sapiens* avec des humains archaïques bien adaptés localement ont fourni à *Homo sapiens* les traits qui lui ont permis, *in fine*, de dominer le monde entier.

Le partage de gènes *via* des métissages occasionnels entre espèces est l'un des mécanismes par lesquels des évolutions se sont produites au sein de nombreuses espèces végétales et animales. Pourquoi en serait-il autrement pour les espèces humaines ?

Il reste beaucoup de questions à élucider sur l'origine de nos gènes, mais une chose est déjà claire : les hommes modernes ne descendent pas d'une seule population ancestrale africaine, mais de plusieurs populations de l'Ancien monde (l'Afrique et l'Eurasie). On considérerait jusqu'à récemment les hommes archaïques comme des concurrents surclassés par les hommes modernes. Et s'ils étaient en fait le secret de la réussite de ces derniers ? ■

Cet été, voyagez dans l'univers des sciences avec **SCIENCE**

ABONNEZ-VOUS ! ■ POUR LA **SCIENCE**

1 an ■ 12 numéros

56 € seulement
au lieu de 74,90 €



BULLETIN D'ABONNEMENT

■ POUR LA
SCIENCE

À découper ou à photocopier et à retourner accompagné de votre règlement dans une enveloppe non affranchie à : Groupe Pour la Science • Service Abonnements • Libre réponse 90 382 • 75 281 Paris cedex 06

Oui, je m'abonne au magazine *Pour la Science* :

☐ **1 an • 12 numéros • 56 €** au lieu de 74,90 €

Tarif valable uniquement en France métropolitaine et d'outre-mer. Pour l'étranger, participation aux frais de port à ajouter : Europe 12 € – autres pays 25 €.

☐ **2 ans • 24 numéros • 106 €** au lieu de 149,80 €

Tarif valable uniquement en France métropolitaine et d'outre-mer. Pour l'étranger, participation aux frais de port à ajouter : Europe 25 € – autres pays 51 €.

Pour 20 € de plus, découvrez *Dossier Pour la Science* tous les trimestres !

Je préfère m'abonner à *Pour la Science* (12 n°s/an) + *Dossier Pour la Science* (4 n°s/an)

☐ **1 an • 16 numéros • 76 €** au lieu de 102,70 €

Tarif valable uniquement en France métropolitaine et d'outre-mer. Pour l'étranger, participation aux frais de port à ajouter : Europe 16 € – autres pays 35 €.

☐ **2 ans • 32 numéros • 143 €** au lieu de 205,40 €

Tarif valable uniquement en France métropolitaine et d'outre-mer. Pour l'étranger, participation aux frais de port à ajouter : Europe 34 € – autres pays 72 €.



J'indique mes coordonnées :

Nom : _____

Prénom : _____

Adresse : _____

CP : _____ Ville : _____

Pays : _____ Tél. : _____

Pour le suivi client (facultatif)

Je choisis mon mode de règlement :

☐ Par chèque à l'ordre de *Pour la Science*

☐ Par carte bancaire

Numéro de carte _____

Date d'expiration _____

Signature obligatoire

Mon e-mail pour recevoir la newsletter *Pour la Science* (à remplir en majuscules).

En application de l'article 27 de la loi du 6 janvier 1978, les informations ci-dessus sont indispensables au traitement de votre commande. Elles peuvent donner lieu à l'exercice du droit d'accès et de rectification auprès du groupe Pour la Science. Par notre intermédiaire, vous pouvez être amené à recevoir des propositions d'organismes partenaires. En cas de refus de votre part, merci de cocher cette case ☐.



PIQUURES D'INSECTES : comment s'en protéger ?

Vincent ROBERT

Moustiquaires, lotions répulsives, appareils à ultrasons, etc. : le marché regorge de produits censés éviter à leur utilisateur des piqûres, toujours désagréables et parfois dangereuses. Une récente étude globale aide à faire le tri et à pointer certaines tromperies.

Ne sous-estimons pas le pouvoir des petites bêtes : un seul moustique piqueur est capable, en bourdonnant à proximité de nos oreilles et par ses remarquables réflexes de fuite et de dissimulation, de nous faire passer une nuit blanche... et, malgré notre vigilance, de nous créer plusieurs jours de démangeaisons. Il faut dire que les insectes hématophages, c'est-à-dire qui se nourrissent de sang, existaient déjà il y a 170 millions d'années, quand la lignée des mammifères était uniquement composée d'espèces de la taille des petits rongeurs actuels. Ces insectes sont donc nettement plus anciens que les mammifères et les oiseaux actuels et, bien entendu, que l'espèce humaine. Quand nous sommes réveillés par un moustique en quête d'un repas de sang, souvenons-nous qu'il a un avantage ancestral de plusieurs millions d'années d'expérience !

Pour autant, chacun d'entre nous fait de son mieux pour se soustraire aux piqûres de moustiques et, plus généralement, aux piqûres d'arthropodes hématophages – essentiellement des insectes et des tiques. L'enjeu est de taille. Il s'agit bien sûr d'échapper à de désagréables boutons et démangeaisons. Mais il s'agit surtout

L'ESSENTIEL

- De nombreuses espèces d'insectes et autres arthropodes piquent l'homme pour se nourrir de son sang.
- Ces piqûres transmettent parfois des maladies graves : le paludisme, la dengue, la maladie ou borréliose de Lyme, etc.
- À l'échelle de l'individu, divers moyens d'éviter les piqûres ou d'en diminuer le nombre sont disponibles sur le marché.
- Plusieurs de ces moyens de prévention n'ont aucune efficacité reconnue, tandis que d'autres ont fait leurs preuves.

de préserver sa santé. En effet, les arthropodes hématophages véhiculent souvent des agents de maladies, dont certaines sont graves ou ont de lourdes conséquences en termes de santé publique – par exemple le paludisme, les leishmanioses, la maladie de Lyme (borréliose de Lyme) ou la maladie de Chagas.

Se protéger des piqûres d'arthropodes est ainsi le souci d'un grand nombre de personnes, incluant les voyageurs et les résidents dans des régions à risque. Il est arrivé à chacun de nous d'investir du temps, de l'énergie et de l'argent pour éviter de telles piqûres. Les magasins, spécialisés ou non, proposent une multitude de produits censés apporter une protection individuelle contre des arthropodes piqueurs : moustiquaires, lotions répulsives, serpentins fumigènes, appareils à ultrasons, etc. Et les conseils plus ou moins avisés sur l'efficacité de tel ou tel procédé, sur l'attitude à adopter face aux insectes nuisants, ne manquent pas. Comment s'y retrouver dans cet ensemble pléthorique d'offres commerciales et de recommandations parfois contradictoires ?

La première réponse systématique à cette question a été apportée en 2012 par