

➤ l'ADN mitochondrial a également renseigné sur la population féminine efficace, c'est-à-dire les femmes en âge de se reproduire. L'analyse des fossiles de Vindija, de Feldhofer et d'El Sidrón a montré que 5000 à 9000 reproductrices seulement sont à l'origine du peuplement d'un territoire s'étendant de la Croatie à l'Espagne en passant par l'Allemagne. Effectuées à partir de l'ADN nucléaire néandertalien déjà séquencé, d'autres estimations convergent vers une population féminine efficace très faible. Les Néandertaliens n'étaient et n'ont jamais été qu'une poignée! Et c'est sans doute cette faible démographie qui a contribué à leur disparition. Qui plus est, nous avons montré en 2019 qu'une légère baisse de la fertilité des femmes les plus jeunes aurait suffi à entraîner une rapide extinction.

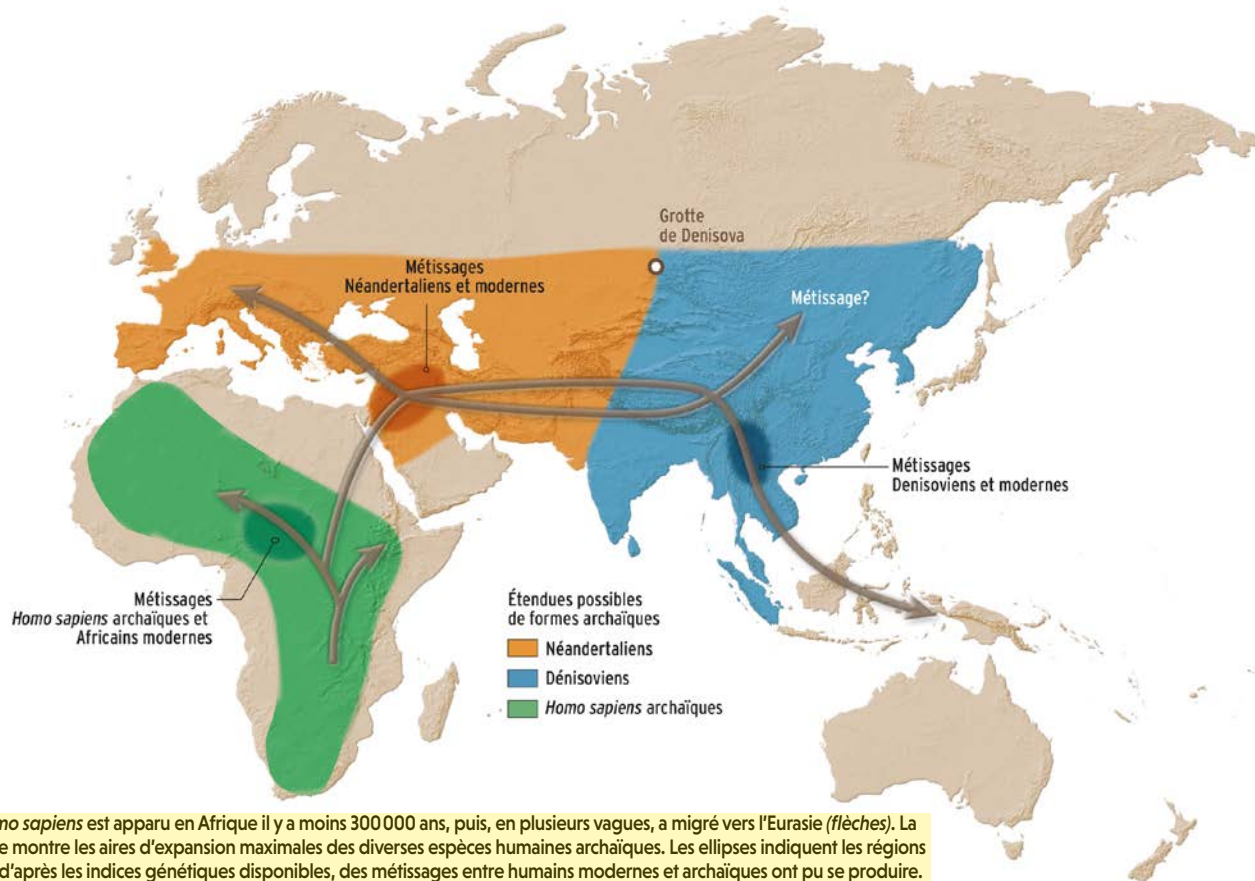
DE BIEN FAIBLES EFFECTIFS

La confirmation d'une faible démographie est venue d'une étude publiée en 2013 par l'une d'entre nous (A. Degioanni, en collaboration avec J.-P. Bocquet-Appel). Elle a exploré neuf modèles de la démographie néandertalienne, dans lesquels ils font diverses hypothèses plausibles sur la taille efficace de la population (le nombre d'hommes et de femmes se reproduisant), du sex-ratio, de la durée moyenne de vie d'un individu et celle d'une génération. Ils parviennent ainsi à la conclusion que la population

néandertalienne dans son ensemble se comptait en milliers d'individus, et se trouvait vraisemblablement comprise entre 5000 et 7000.

Cette faible démographie et des séquences de gènes aussi proches conduisent certains spécialistes à proposer une population néandertalienne constituée d'un seul bloc. Toutefois, l'immense aire occupée par les Néandertaliens n'a pu que favoriser leur fragmentation géographique et génétique. Pareille fragmentation génétique n'empêche en rien des échanges migratoires limités entre sous-groupes limitrophes. Selon le scénario qu'elle permet d'échafauder, la population néandertalienne aurait varié jusqu'à il y a 50000 ans, avant de décroître lentement pour disparaître. La fragmentation de l'espèce néandertalienne n'a pu que la fragiliser face à la concurrence, même modérée, des hommes anatomiquement modernes.

Cette hypothèse se trouve étayée par l'analyse des trois séquences de l'ADN nucléaire provenant respectivement de la grotte d'El Sidrón, Espagne (daté d'environ 49000 ans), de la grotte de Vindija, en Croatie (44000 ans) et des restes de la femme trouvée dans une grotte des montagnes de l'Altaï, en Sibérie méridionale (120000 ans), non loin de l'endroit où ont été mis au jour les vestiges des Denisoviens. L'analyse de l'ADN nucléaire montre la haute fréquence avec laquelle dans tous les restes néandertaliens analysés on a



observé un niveau très important de gènes homozygotes indiquant que les caractères hérités des parents sont identiques. Les Néandertaliens vivaient bien dans des groupes petits et probablement dispersés, avec peu de chance de se rencontrer.

UN NOUVEAU VENU

En 2008, dans une grotte en Sibérie du Sud, à Denisova, dans les montagnes de l'Altai, on a découvert un morceau de phalange daté autour de 50000 ans. Dans cette grotte qui a été utilisée plus de 100000 ans, on a trouvé différents objets, notamment des outils en pierre et des restes de bijoux qui montrent qu'elle a été occupée par des Néandertaliens et par l'homme moderne.

L'os est trop petit (ce serait celui d'un enfant de sept ans) pour autoriser une identification morphologique, mais il contenait suffisamment de matière pour une analyse de l'ADN mitochondrial. Les résultats, publiés en 2010, ont déconcerté : ce n'est l'ADN ni d'un homme moderne, ni d'un Néandertalien ! Ainsi un troisième type d'humain a vécu dans la grotte de Denisova (la suite montra que la phalange appartenait à une petite fille). La séquence de cet ADN mitochondrial n'a jamais été trouvée auparavant chez l'homme moderne et elle diffère de façon importante de celle identifiée chez tous les Néandertaliens. Elle correspond à un troisième humain, les Denisoviens, pour lequel nous n'avons aucune information paléoanthropologique.

Ainsi, une nouvelle espèce humaine a été identifiée et, pour la première fois, à partir de l'étude non pas de fossiles mais de la séquence de son ADN. Un autre groupe d'hominidés archaïques, distinct des Néandertaliens, vivait en Eurasie il y a environ 50000 à 150000 ans. Depuis 2019, on rattache aussi à cette population fossile une hémimandibule trouvée il y a plusieurs décennies au Tibet. Cela montre que l'aire de répartition de cette forme fossile était assez grande et que ces individus étaient bien adaptés aux hautes altitudes.

Très rapidement, en 2010, l'analyse du génome complet contenu dans la phalange, est réalisée. Les données permettent aussi d'esquisser un portrait de l'*Homo* de Denisova : selon toute vraisemblance, la jeune fille avait la peau foncée et les yeux et les cheveux bruns alors que les Néandertaliens auraient eu la peau claire avec des cheveux allant du brun au blond vénitien.

Après cette phalange, nommée Denisova 3, deux molaires ont été découvertes (Denisova 4 et 8) et leur ADN analysé. Toujours dans la grotte de Denisova, mais dans une couche inférieure, la présence de l'ADN mitochondrial d'enisovien a été prouvée en 2017 dans les sédiments, mais sans qu'aucun fossile ne soit repéré. Enfin, le matériel génétique d'une seconde molaire inférieure de lait (Denisova 2),

trouvée en 1984 dans une couche profonde de la grotte, a été aussi analysé en 2017 : l'individu, le quatrième découvert à ce jour, était une fille de 10 à 12 ans. Le fossile est daté de 100000 à 150000 ans, et est donc le plus ancien de ceux connus à ce jour.

Les populations eurasiatiques ont reçu une contribution variable entre 1 et 6% de leur génome des Denisoviens (en plus de celle de Néandertal). Les populations mélanésiennes (les Aborigènes australiens et les Polynésiens) sont celles qui ont reçu la plus grande contribution. Or ces mêmes populations vivent aujourd'hui dans une région géographique extrêmement éloignée du site de Denisova.

En 2018, une étude a mis en évidence deux vagues de mélange avec les Denisoviens, l'une provenant d'une population étroitement apparentée à l'individu d'enisovien de l'Altai (aujourd'hui ses traces sont principalement présentes en Asie orientale) et l'autre à partir d'une population plus éloignée, et présente aujourd'hui chez les Papous et les Sud-Asiatiques. Les populations est-asiatiques sont les seules à avoir des contributions relativement égales et non négligeables de ces deux composantes.

DENISOVA CHEZ LES PAPOUS

Ces travaux ont été complétés en 2019 par l'étude d'haplotypes (un groupe d'allèles situés sur un même chromosome) d'enisoviens dans 161 nouveaux groupes humains vivant aujourd'hui dans 14 îles de l'Asie du Sud-Est et de la Nouvelle-Guinée. Résultat ? Les Denisoviens étaient séparés en au moins trois branches génétiquement et géographiquement distinctes, l'une qui a contribué à l'introgession en Océanie et dans une moindre mesure en Asie (D_2), une autre apparemment limitée à la Nouvelle-Guinée et aux îles voisines (D_1) et une troisième en Asie de l'Est et en Sibérie (D_0).

Sur le plan reproductif, les lignées D_1 et D_2 se sont fortement séparées de la lignée de l'individu de la grotte de Denisova (D_0). Cette séparation s'est produite entre 283000 et 363000 ans : D_1 s'est séparée il y a environ 363000 ans et D_2 il y a environ 283000 ans.

Cela suggère que les Denisoviens étaient capables de franchir des barrières géographiques majeures. Ils couvraient donc une incroyable diversité d'environnements, des steppes continentales tempérées aux îles équatoriales tropicales. Toutes les lignées se sont reproduites avec des hommes modernes, en laissant des traces dans 4% des génomes des Papous, et plus de 400 gènes ont été sélectionnés et sont impliqués dans l'immunité et dans le régime alimentaire.

Des futurs travaux devront préciser et étayer ces données, mais d'ores et déjà nous savons que nous, *Homo sapiens*, sommes des individus composites ! ■

BIBLIOGRAPHIE

- A. DEGIOANNI ET AL., Living on the edge: Was demographic weakness the cause of Neanderthal demise?, *Plos One*, vol. 14(5), e0216742, 2019.
- M. KUHLWILM ET AL., Ancient gene flow from early modern humans into Eastern Neanderthals, *Nature*, vol. 530, pp. 429-433, 2016.
- S. SANKARARAMAN ET AL., The genomic landscape of Neanderthal ancestry in present-day humans, *Nature*, vol. 507, pp. 354-357, 2014.
- B. VERNOT & J. AKEY, Resurrecting surviving Neanderthal lineages from modern human genomes, *Science*, vol. 343, pp. 1017-1021, 2014.
- K. PRÜFER ET AL., The complete genome sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains, *Nature*, vol. 505, pp. 43-49, 2014.
- J. KRAUSE ET AL., The complete mitochondrial DNA genome of an unknown hominin from southern Siberia, *Nature*, vol. 464, pp. 894-897, 2010.
- R. GREEN ET AL., A draft sequence of the Neanderthal genome, *Science*, vol. 328, pp. 710-722, 2010.