



Les fossiles racontent une histoire incomplète de l'humanité. L'intelligence artificielle et la génétique comblent les lacunes et mettent au jour des espèces inconnues par ailleurs.

© Bill O'Leary/The Washington Post via Getty Images

L'intelligence artificielle débusque de nouvelles branches dans l'arbre généalogique des humains : des espèces fantômes.

L

orsque les humains modernes (*Homo sapiens*) ont pour la première fois migré hors d'Afrique, il y a environ 70 000 ans, au moins deux espèces apparentées, et aujourd'hui éteintes, les attendaient déjà sur le continent eurasiatique : des Néandertaliens et des Dénisoviens. Ces humains archaïques se sont métissés avec les premiers hommes modernes fraîchement débarqués, laissant derrière eux des fragments de leur ADN dans le génome de populations non africaines (celles restées sur leur continent d'origine n'ont pas eu l'occasion de telles rencontres). L'histoire pourrait en rester, finalement, assez simple. Il n'en est rien.

De nombreux indices pointent vers une histoire encore plus colorée et complexe. Par exemple, en 2018, l'équipe de Svante Pääbo, de l'institut Max-Planck pour l'anthropologie évolutive, à Leipzig, en Allemagne, annonçait la découverte d'un fragment osseux mis au jour dans une grotte sibérienne, qui avait appartenu à la fille d'une mère néandertalienne et d'un père dénisovien. C'était la première preuve fossile d'un métissage humain de première génération n'impliquant pas *Homo sapiens*.

DES UNIONS INDÉTECTABLES

Malheureusement, de tels fossiles sont très rares (nous n'avons découvert les Dénisoviens qu'à partir de l'ADN d'un simple fragment de phalange). De nombreux autres couples ancestraux auraient facilement pu se former, impliquant y compris des groupes déjà

hybrides issus de croisements plus anciens. Mais ces unions seraient quasiment indétectables sur la base de preuves fossiles, le registre étant très lacunaire. Des indices les trahissant ne seraient laissés que dans l'ADN de certains individus, et, quand bien même, ils seraient plus ténus encore que les fragments d'ADN laissés par les Néandertaliens et les Denisoviens dans notre génome. Des modèles statistiques aident les chercheurs à repérer ces populations sans données fossiles. Ainsi, en 2013, la même équipe de Leipzig a identifié des motifs de variation génétique chez des humains modernes et anciens pointant vers une population humaine inconnue s'étant reproduite avec les Denisoviens (ou leurs ancêtres). Toutefois, selon plusieurs experts, ces méthodes négligent inévitablement beaucoup d'épisodes de cette nature.

Qui d'autre a contribué aux génomes humains d'aujourd'hui ? À quoi ressemblaient ces « populations fantômes » ? Où vivaient-elles et à quelle fréquence interagissaient-elles et se reproduisaient-elles avec d'autres espèces humaines ? En 2019, Oscar Lao, de l'institut des sciences et des techniques de Barcelone, en Espagne, et ses collègues ont montré le potentiel de certaines techniques d'apprentissage profond (*deep learning*) pour apporter des éléments de réponse. Et même, révéler des événements que personne n'aurait pu imaginer. De fait, ils ont mis en évidence une autre population fantôme : un ancêtre humain inconnu en Eurasie, probablement un hybride Néandertalien-Denisovien ou un proche de la lignée denisovienne.

Ces résultats confirment l'utilité de l'intelligence artificielle en paléontologie, non seulement pour identifier des populations fantômes jusqu'alors inconnues, mais aussi pour mettre au jour les étapes évolutives qui nous ont façonnés en tant qu'espèce.

LA CHASSE AUX SIGNES SUBTILS

Les méthodes statistiques actuelles consistent à comparer simultanément quatre génomes. C'est un test de similitude, mais pas nécessairement d'ascendance, car il existe de nombreuses façons d'interpréter les petits mélanges génétiques qu'il met en lumière. Par exemple, de telles analyses peuvent suggérer qu'un Européen moderne, à l'inverse d'un Africain actuel, partage certains caractères génétiques avec les Néandertaliens. Cela ne signifie pas pour autant que ces gènes sont issus d'un métissage entre les Néandertaliens et les ancêtres des Européens. Ces derniers pourraient s'être hybridés avec une autre population, de parenté proche de l'homme de Néandertal, mais pas avec les Néandertaliens eux-mêmes.

Nous n'avons pour l'heure aucune certitude, car en l'absence de preuves physiques

L'INTELLIGENCE ARTIFICIELLE A CONCLU QU'UN GROUPE HUMAIN JUSQU'ALORS INCONNU AVAIT CONTRIBUÉ À L'ÉVOLUTION DES PEUPLES ASIATIQUES

indiquant quand, où et comment ces anciennes sources hypothétiques de variation génétique pourraient avoir vécu, il est difficile de déterminer laquelle de ces nombreuses ascendances supposées est la plus probable. Cette technique « est puissante par sa simplicité, mais elle laisse beaucoup de flou dans notre compréhension de l'évolution », explique John Hawks, paléo-anthropologue de l'université du Wisconsin, à Madison, aux États-Unis.

La nouvelle méthode d'apprentissage profond vise à faire mieux, en cherchant à expliquer des flux génétiques trop faibles pour les approches statistiques classiques. Par entraînement, le réseau de neurones artificiels peut apprendre à classer différents modèles de données génomiques selon leurs histoires démographiques, sans qu'il soit nécessaire de lui inculquer comment établir ces liens.

Cet usage de l'apprentissage profond peut mettre au jour des fantômes dont nous ne suspicions pas même l'existence. Il n'y a aucune raison de penser que les Néandertaliens, Denisoviens et hommes modernes étaient les trois seules populations en jeu. Selon John Hawks, il pourrait bien y en avoir eu des dizaines.

Jason Lewis, anthropologue à l'université de Stony Brook, à New York, est du même avis. « Notre imagination a été limitée par l'attention que nous portons aux individus vivants et aux fossiles que nous avons trouvés en Europe, en Afrique et en Asie, estime-t-il. Avec les techniques d'apprentissage profond, nos recherches ne sont plus restreintes par notre imagination. »

L'apprentissage profond semble au premier abord inapproprié pour résoudre les problèmes des paléontologues, car il nécessite d'ordinaire d'énormes quantités de données d'entraînement. Prenons l'une des applications les plus connues, comme un classifieur d'images. Lorsque les experts élaborent un système dédié à l'identification d'images de chats, ils l'entraînent avec des



Quanta
magazine

Cet article a d'abord été publié en anglais par *Quanta Magazine*, une publication en ligne indépendante soutenue par la Simons Foundation afin de favoriser la diffusion des sciences : <http://bit.ly/QM-IA-Ghost>