

► 120 000 ans) montre qu'il diffère des deux Néandertaliens européens de la même période et il semble ne pas avoir eu des descendants (ou bien ils n'ont pas encore été identifiés génétiquement). On interprète ce résultat en supposant qu'à partir de 97 000 ans le groupe européen des Néandertaliens a peuplé le continent et s'est propagé par vagues migratoires vers l'est.

LA QUESTION DE L'HYBRIDATION

L'étude des gènes a également rejeté d'anciennes hypothèses. Ainsi, par exemple, des preuves solides d'absence d'introgession adaptative proviennent de l'analyse du gène *MCPH1* codant la microcéphaline, une protéine nécessaire au développement du cerveau. Précisons que l'introgession consiste en la dispersion des gènes d'une espèce au sein du génome d'une autre espèce proche. Expliquons.

La variante D du gène *MCPH1* est apparue récemment (il y a environ 37 000 ans), malgré une fréquence élevée dans le monde entier. Cette variante D est la plus commune en Eurasie, en Nouvelle-Guinée et chez les populations du Nouveau Monde, mais elle est rare en Afrique. On pensait que Néandertal, doté d'un grand cerveau, avait pu transmettre ce gène aux hommes modernes par hybridation et que, ensuite, la variante D, avantageuse, s'était répandue grâce à une forte pression de sélection positive: c'est l'introgession adaptative. Mais les paléogénéticiens qui ont étudié cette variante ne l'ont pas trouvée dans la séquence néandertalienne nucléaire, ce ne sont donc pas les Néandertaliens qui nous ont transmis ce caractère.

Un autre gène, nommé *MAPT*, code la variante H1 d'une protéine très ancienne trouvée principalement chez les Européens. La fonction de cette variante est incertaine, mais elle semble associée à la maladie de Parkinson et à d'autres neuropathologies. On pensait que

la sélection avait favorisé sa dissémination parmi l'homme moderne à partir du métissage avec Néandertal, mais là encore le génome nucléaire de Néandertal est dépourvu de cette variante du gène *MAPT*.

En comparant le génome composite néandertalien avec les génomes complets de cinq humains provenant de différentes parties du monde, les généticiens ont constaté que les Européens et les Asiatiques partagent entre 1 et 4% de leur ADN nucléaire avec les Néandertaliens, mais pas les Africains. Les premiers humains modernes se seraient donc mélangés avec les Néandertaliens après que ceux-ci ont quitté l'Afrique, mais avant leur expansion en Asie et en Europe.

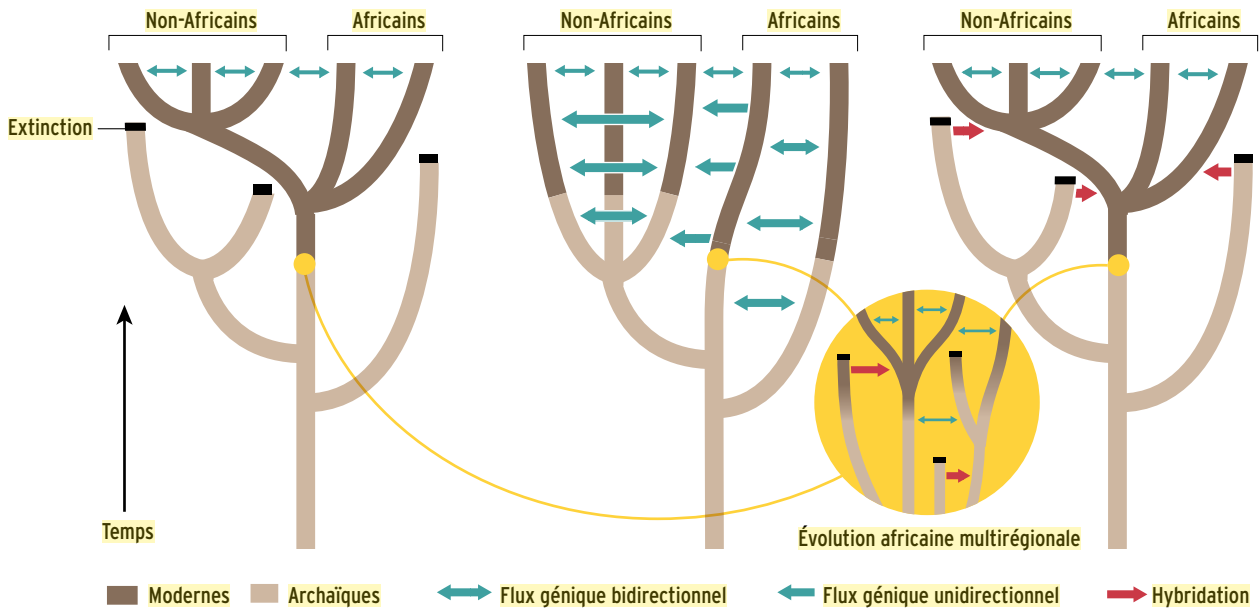
Pour trancher, des renseignements précis sur les pratiques sociales et matrimoniales des populations du passé seraient utiles, mais ils sont rares. Cependant, des restes des 12 individus néandertaliens morts à peu près au même

**Les Européens
et les Asiatiques
partagent 1 à 4 %
de leur ADN
nucléaire avec les
Néandertaliens**

GIBRALTAR, REFUGE DES NÉANDERTALIENS ? LE DÉMENTI

Dater et reconstituer l'histoire des populations même en l'absence de matériel archéologique semble être le dernier défi des études génétiques. Est-ce que les premiers restes de Néandertaliens jamais découverts, les deux crânes de Gibraltar, les deux fossiles humains les mieux étudiés du monde, sont réellement les représentants des derniers Néandertal qui ont survécu dans la péninsule ibérique ? Les analyses génétiques réalisées en 2019 semblent contredire cette proposition. Le premier crâne (Gibraltar 1) a été découvert dans la carrière de Forbes en 1848 et l'autre (Gibraltar 2) dans le site Devil's Tower en 1926. Les premières analyses génétiques ont confirmé que Gibraltar 1 était une femme et Gibraltar 2 un homme. La quantité d'ADN de Gibraltar 2 étant limitée, les analyses génétiques ont été très réduites. Par contre, l'ADN mieux conservé de Gibraltar 1 a permis d'obtenir des résultats surprenants.

Ainsi, on découvre qu'il partage plus d'allèles avec le Néandertal de l'Altai (plus de 70 %) qu'avec le génome de Denisova ou de l'homme moderne. De plus Gibraltar 1 est génétiquement plus proche des Néandertaliens datés à 120 000 ans de Scladina (Belgique) et de Hohlenstein-Stadel (Allemagne) et de celui de 70 000 ans de Russie (Mezmaiskaya 1) que ceux de 49 000 ans d'El Sidrón (El Sidrón 1253) dans le nord de l'Espagne et d'autres Néandertaliens récents d'Europe et d'Asie occidentale. De ces données on déduit d'abord que la population des Néandertaliens ibériques était fortement structurée en groupes distincts : d'un côté le groupe de Gibraltar 1 et de l'autre celui d'El Sidrón. Ensuite, et surtout, Gibraltar 1 est plus ancien qu'El Sidrón 1253. Cette indication, tirée exclusivement des analyses génétiques permet d'exclure Gibraltar comme lieu de survie pour les derniers Néandertaliens en Europe.



La façon dont les *Homo sapiens* (en brun foncé) ont évolué à partir des formes archaïques (en brun clair) fait débat. Dans toutes les théories de cette évolution présentées ici, l'origine d'*Homo sapiens* 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 s'y mélanger. Selon la théorie de l'assimilation (au milieu), les traits modernes issus d'Afrique se sont répandus parmi les groupes archaïques à la faveur des migrations et de mélanges (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 entre différents groupes archaïques distincts. Ce scénario pourrait avoir précédé en Afrique ceux des trois autres théories.

moment (six adultes, trois adolescents, deux mineurs, et un bébé) ont été mis au jour sur le site de l'El Sidrón et ont apporté des informations. En 2011, l'équipe de Carles Lalueza-Fox, de l'université Pompeu-Fabra, à Barcelone, en Espagne, a analysé l'ADN mitochondrial de ces vestiges et a montré que les trois mâles adultes du groupe partageaient la même lignée maternelle, alors que les trois femmes adultes avaient différentes origines maternelles. Selon les auteurs de l'étude, il s'agirait d'un groupe, voire d'une famille, de Néandertaliens dont les hommes sont restés dans le groupe familial alors que les femmes sont venues de l'extérieur. Ces résultats illustrent un modèle de «patrilocalité» bien pratiqué encore aujourd'hui, où les femmes quittent leur groupe pour rejoindre celui du conjoint.

Une autre information établie par l'étude génétique du génome néandertalien est que les hommes de Néandertal ont constitué une population unique, mais de taille réduite. Cela n'a rien d'évident au vu de l'immensité de l'aire occupée par les Néandertaliens au cours de leur histoire. Des individus de la population néandertalienne européenne ont en effet migré vers le Proche-Orient et vers l'Asie. On pense en particulier qu'ils auraient peuplé le Levant pour échapper à la rudesse de la période glaciaire qui

s'est déroulée il y a quelque 70 000 ans ou parce que la fonte de la calotte glaciaire au stade interglaciaire précédent leur aurait permis de coloniser un plus vaste territoire.

Quoi qu'il en soit, la population du Proche-Orient semble conserver des traits archaïques, qui, en Europe, vont disparaître, pour se transformer en caractères néandertaliens plus marqués, dits «classiques». Cette distinction morphologique et géographique invite à penser qu'ont existé deux sous-populations de Néandertaliens, dont l'une, européenne, se serait différenciée dans un plus grand isolement.

UNE POPULATION DIVISÉE

Par ailleurs, la présence des Néandertaliens en Asie aurait été plus étendue que ne le suggèrent les fouilles. En effet, en 2007, la région hypervariable HVR1 de l'ADN mitochondrial des restes d'un enfant âgé de 8 à 10 ans découvert dans la grotte de Teshik-Tash, en Ouzbékistan, et d'ossements de plusieurs spécimens découverts dans la grotte d'Okladnikov, en Sibérie, a été séquençée. On a repéré chez ces individus un motif exclusivement néandertalien, de sorte que leur appartenance à cette lignée est certaine. Enfin, en 2010, dans la galerie est de la grotte de Denisova, on a découvert une phalange d'orteil dont le séquençage complet de l'ADN nucléaire démontrait qu'elle appartenait à une femme néandertalienne ayant vécu il y a 120 000 ans.

Grâce à la génétique, l'aire néandertalienne connue a donc été étendue de 2000 kilomètres vers l'est jusqu'au sud de la Sibérie! La comparaison des diverses séquences obtenues suggère que les Néandertaliens ont colonisé l'Asie centrale il y a quelque 130 000 ans, le niveau alors très bas de la mer Caspienne leur donnant accès aux espaces russes. Le séquençage de ➤