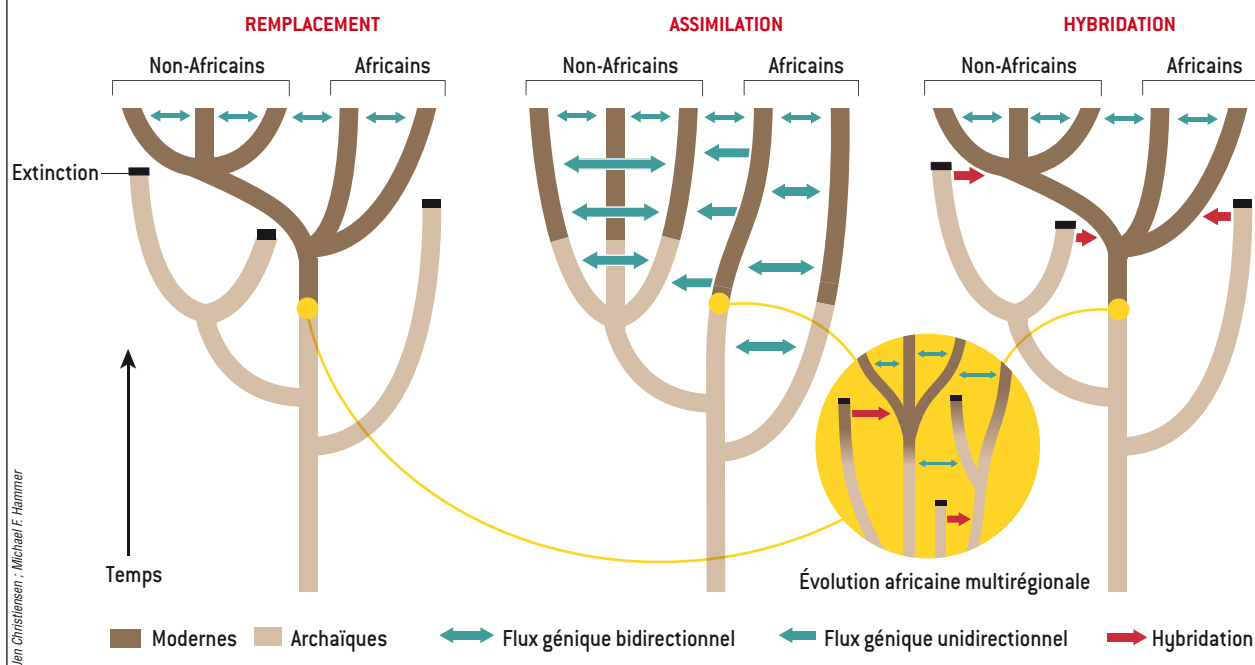


QUELLES SONT LES SOURCES DE *HOMO SAPIENS* ?

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.