

A Leipzig, la cafétéria de l'institut Max-Planck d'anthropologie évolutionnaire bruisse souvent des rumeurs annonçant la publication d'une découverte majeure. Il

faut dire qu'elles se succèdent à un rythme étourdissant depuis la fondation de cet institut. Pour autant, l'année 2010 reste marquée dans les mémoires par une agitation exceptionnelle autour du buffet des crudités. Car 2010 fut d'abord l'année du décryptage du génome d'*Homo neanderthalensis*; puis celle de la découverte d'un type complètement nouveau d'homme fossile par des moyens jusqu'à inédits: le séquençage de traces d'ADN dans un minuscule fragment d'os!

Depuis quelques années déjà, la grande aventure de la paléogénétique – c'est-à-dire de l'étude de l'ADN d'organismes du passé ancien – avait pris son essor à l'institut, conduite par mon collègue Svante Pääbo. Elle s'est d'abord concentrée sur une très petite portion du génome de l'homme de Néandertal avec l'analyse de l'ADN mitochondrial – l'ADN contenu dans les mitochondries, des organites localisées en dehors du noyau cellulaire. Puis, pour la première fois, autour de Richard Green, David Reich et Svante Pääbo, une équipe de l'institut a décrypté les chromosomes d'*Homo neanderthalensis* puis publié en mai 2010 la découverte dans un article retentissant de la revue *Science*.

Retentissant, car décrypter l'ADN nucléaire ancien est longtemps resté une gageure. Après

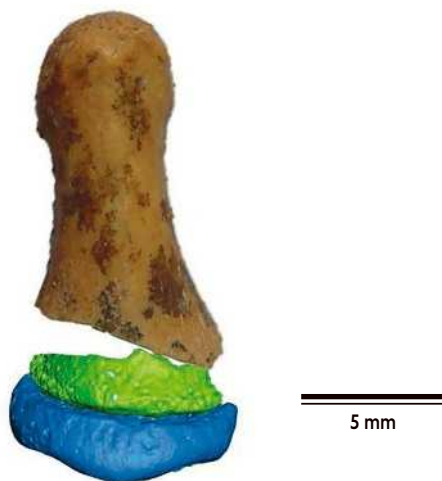
la mort d'un organisme, alors que la machinerie cellulaire s'est arrêtée, les rubans de l'ADN en effet se brisent en de multiples fragments, qui se mélangent très vite à des milliards d'autres provenant notamment des génomes d'une myriade d'organismes nécrophages (bactéries, champignons...) venus consommer le cadavre. Toutefois, après des années de recherches, les paléogénéticiens ont appris à trier puis à reconstituer la composition de cet ADN fossile (lire l'encadré Paléogénétique mode d'emploi page 32) à condition qu'il se soit conservé dans un milieu frais ou froid (en zone tropicale, il est vite dégradé et détruit au-delà de quelques millénaires).

Ainsi, en 2013, Ludovic Orlando, alors au Muséum d'histoire naturelle de Copenhague, a réussi avec l'équipe danoise à restituer le plus ancien ADN fossile connu, qui provient des restes gelés d'un cheval vieux de 700 000 ans découverts au nord-ouest du Canada. Par son climat, la Sibérie était également toute désignée pour la recherche de génomes anciens. En 2007, une équipe de l'institut, dont je faisais partie, a pu démontrer grâce à la paléogénétique la présence, il y a plus de 40 000 ans, de Néandertaliens dans une grotte de l'Altai sibérien (voir l'arbre phylogénétique page 32). Leur domaine géographique s'en était alors trouvé brutalement étendu de plus de 2 000 kilomètres vers l'est. C'est ainsi que nos collègues russes envoyèrent à Leipzig de nouveaux échantillons, et en particulier un morceau de phalange humaine, vieille de 52 000 à 76 000 ans et provenant d'un autre site de l'Altai en cours de fouille depuis de nombreuses années, celui de Denisova.

UN GROUPE FRÈRE DES NÉANDERTALIENS DANS L'ALTAÏ

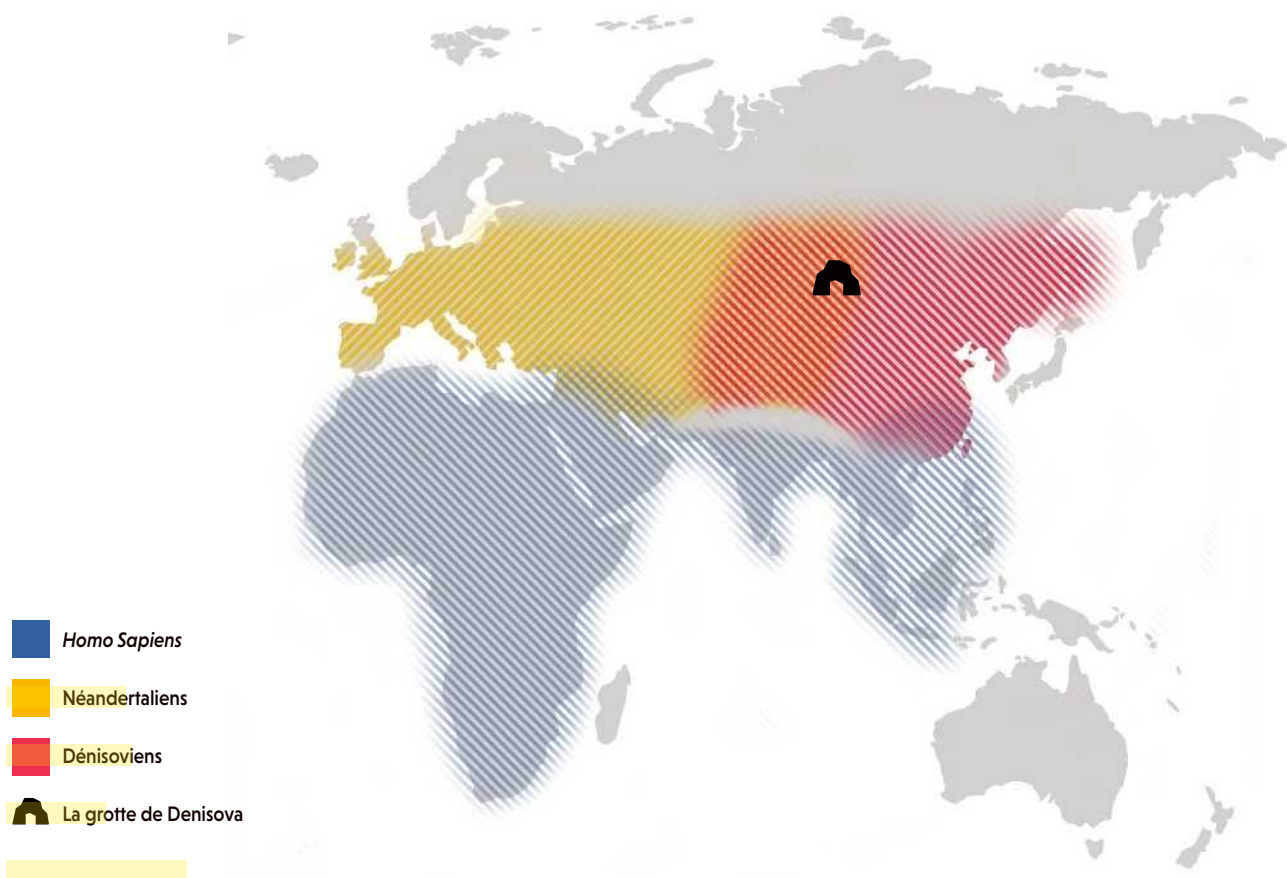
La grotte de Denisova est froide: 5 à 10 degrés l'été, -10 à -15 l'hiver, et l'ADN s'y conserve magnifiquement. Lorsque les paléogénéticiens de l'institut firent parler ce minuscule morceau d'os, il livra une histoire extraordinaire. Son ADN mitochondrial n'était ni celui d'un *Homo sapiens*, ni celui d'un Néandertal, c'était apparemment celui d'un être, dont la lignée avait, estimait-on, divergé de notre buisson évolutif il y a 1 million d'années environ.

L'ADN mitochondrial, rappelons-le, ne donne qu'une information très partielle, et parfois même trompeuse. Sauf cas tout à fait exceptionnel, ce bout de génome logé dans les mitochondries (les «centrales énergétiques» des cellules) n'est transmis que par la mère à sa descendance et surtout, il ne se recombine pas lors de chaque reproduction (ne se «mélange» pas avec le génome paternel). C'est ainsi que des lignées mitochondriales peuvent se perdre complètement, ou encore être



RECONSTITUTION D'UNE PHALANGE

En 2010, les paléogénéticiens de l'Institut d'anthropologie évolutive de Leipzig ont découvert le génome dénisovien dans un petit morceau de cette phalange (partie bleue et verte). Récemment, une équipe de l'institut Jacques-Monod de Paris et de l'université de Bordeaux a réuni ce spécimen fossile à un autre fragment osseux provenant de la grotte de Denisova et ainsi reconstitué la célèbre phalange.



AIRES DE RÉPARTITION DES FORMES HUMAINES DANS L'ANCIEN MONDE

Les aires de répartition vraisemblables des Dénisoviens, Néandertaliens et d'*Homo sapiens*, avant que cette dernière forme ne se répande dans tout l'Ancien Monde. Les Néandertaliens et Dénisoviens ont été en contact à plusieurs reprises dans la région de la grotte de Denisova, située à la marge de leurs territoires respectifs. Il y a 70 000 ans, *H. sapiens* sorti d'Afrique avait déjà atteint le Sud-Est asiatique.

transmises à une autre espèce lors d'un épisode d'hybridation. Mais l'année 2010 se clôture avec la nouvelle publication d'une équipe internationale conduite par Svante Pääbo, qui, elle, décrivait le génome presque entier de cet homme d'autant plus mystérieux que son anatomie restait inconnue. Ce pas fut décisif.

Car l'ADN nucléaire (celui des chromosomes logé dans le noyau cellulaire) de la phalange nommée Denisova 3 livra une information très riche. D'abord, ce « Dénisovien » était une Dénisovienne, une fillette encore loin de l'âge adulte d'après la taille de l'os. Surtout, la comparaison de son ADN nucléaire avec, d'une part, celui des hommes actuels et, d'autre part, celui des Néandertaliens, montrait qu'il s'agissait en fait d'un « groupe frère » de ces derniers. Les deux lignées s'étaient séparées l'une de l'autre il y a entre 473 000 et 380 000 ans, donc plus récemment que le point de divergence de ces formes eurasiennes avec la lignée africaine à l'origine des hommes actuels, daté aujourd'hui, d'après l'horloge moléculaire, autour de 650 000 ans.

Mais du côté des paléanthropologues, la frustration régnait : un bout de phalange est

un bien maigre fossile à étudier ! L'article de Richard Green et de ses collègues en 2010 présentait bien la description d'une molaire humaine découverte sur ce site en 2000 et jusque-là négligée. Mais, mis à part son volume extraordinairement grand, il y avait assez peu à en dire. Dès lors que son ADN mitochondrial la désigna comme dénisovienne, un jeune chercheur de mon département, Bence Viola, consacra toute son énergie à son étude anatomique. Sa morphologie était certes curieuse, mais il s'agissait d'une troisième molaire supérieure, une dent de sagesse >



Les Dénisoviens sont génétiquement un « groupe frère » des Néandertaliens

> dont la forme est assez souvent excentrique. Par la suite, les fouilleurs de la grotte de Denisova travaillant sous la direction d'Anatoli Derevianko et de Michael Shunkov identifièrent quelques autres vestiges très fragmentaires: une dent de lait fort usée, une autre molaire supérieure de grande taille ne montrant pas les traits habituels des dents de Néandertaliens ou d'*Homo sapiens*.

Depuis, Bence Viola, maintenant à l'université de Toronto, a présenté un morceau de paroi crânienne découvert dans la strate 11, qui recèle les restes des derniers Denisoviens, et Isabelle Grèveccœur, de l'université de Bordeaux, a analysé la morphologie des fragments réunis de la phalange fossile Denisova 3. Celle-ci ne montre pas l'élargissement caractéristique des phalanges néandertaliennes, mais une morphologie plus proche de celle des *Homo sapiens*. L'intérêt de ces découvertes réside surtout dans le fait qu'elles témoignent d'une longue occupation humaine de la grotte. L'agencement des niveaux archéologiques y a été souvent bouleversé par des conditions climatiques parfois extrêmes et les mélanges de couches sont fréquents. Cependant, la génétique comme les datations des sédiments indiquent que les Denisoviens y ont vécu par intermittence pendant au moins une centaine de milliers d'années entre il y a 250 000 et 45 000 ans.

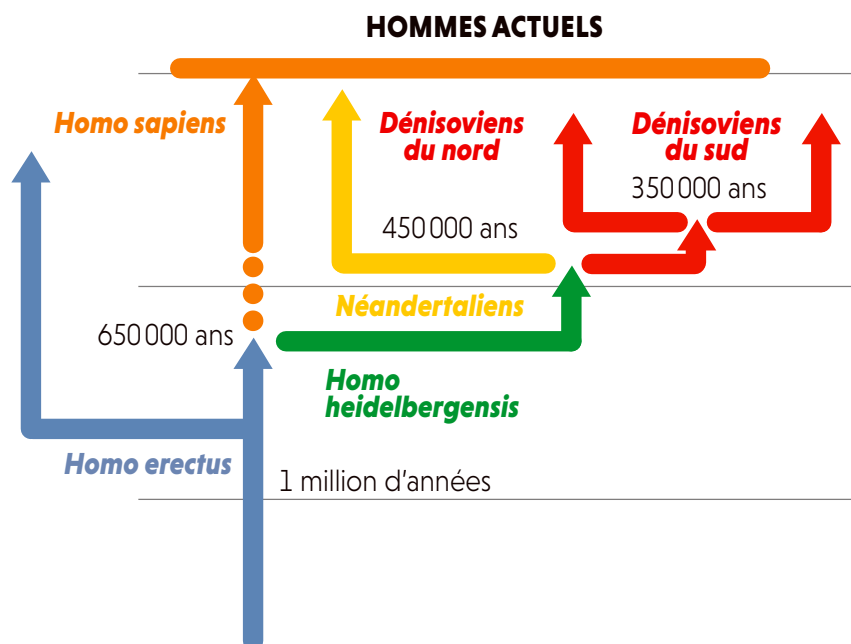
HYBRIDATION

Un autre résultat important livré par l'analyse de l'ADN nucléaire dénisovien est que ses traces sont toujours présentes dans certaines populations actuelles. On n'en a pas trouvé dans les populations d'Afrique et d'Europe, et très peu dans les populations d'Asie continentale (de l'ordre de 0,2%). Mais la contribution dénisovienne peut représenter 3 à 5% du génome de certaines populations de Mélanésie et d'Australie. Les ancêtres des Papous et des Aborigènes australiens arrivés d'Afrique il y a plus de 50 000 ans, ont donc forcément dû rencontrer des Denisoviens sur leur chemin. Et le plus probable est que cette rencontre a eu lieu dans le sud ou le sud-est de l'Asie, il y a environ 50 000 à 100 000 ans (voir la carte page 31). Cela démontrait que les Denisoviens avaient eu une répartition très étendue, et que l'Altaï en représentait la marge plutôt que le centre. Cette position en zone frontière de la grotte de Denisova fut confirmée par la découverte par les fouilleurs russes de quelques restes néandertaliens dans le site. Au cours du dernier interglaciaire (entre 130 000 et 80 000 ans avant le présent), une réduction de la taille de la mer Caspienne, des températures hivernales plus clémentes et des conditions plus humides dans le centre de l'Asie ont permis aux Néandertaliens de s'étendre

considérablement vers l'est et d'atteindre l'Altaï. Là, ils ont momentanément remplacé les Denisoviens et se sont même hybridés avec eux. Pour preuve, apportée par l'équipe de Svante Pääbo en 2019: un fragment d'os long vieux d'environ 90 000 ans trouvé dans le site, dernier reste d'une femme dont la mère était néandertalienne et le père dénisovien (même s'il devait aussi compter quelques lointains ancêtres néandertaliens).



La découverte de la mandibule de Xiahe: une histoire digne de «Tintin au Tibet»



ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE DES HOMMES FOSSILES

Trois formes humaines – *H. sapiens*, Néandertal et Denisova – se sont rencontrées en Eurasie pendant le Pléistocène supérieur (126 000 à 12 000 ans avant le présent). Néandertal a évolué surtout à l'ouest de l'Eurasie; Denisova surtout à l'est et en Asie du sud-est, où il a fondé une population distincte de celle du nord. Ces deux formes humaines sont sorties de l'*Homo heidelbergensis*, lui-même sorti de l'*Homo erectus*; *H. sapiens* est une espèce d'origine africaine récente.