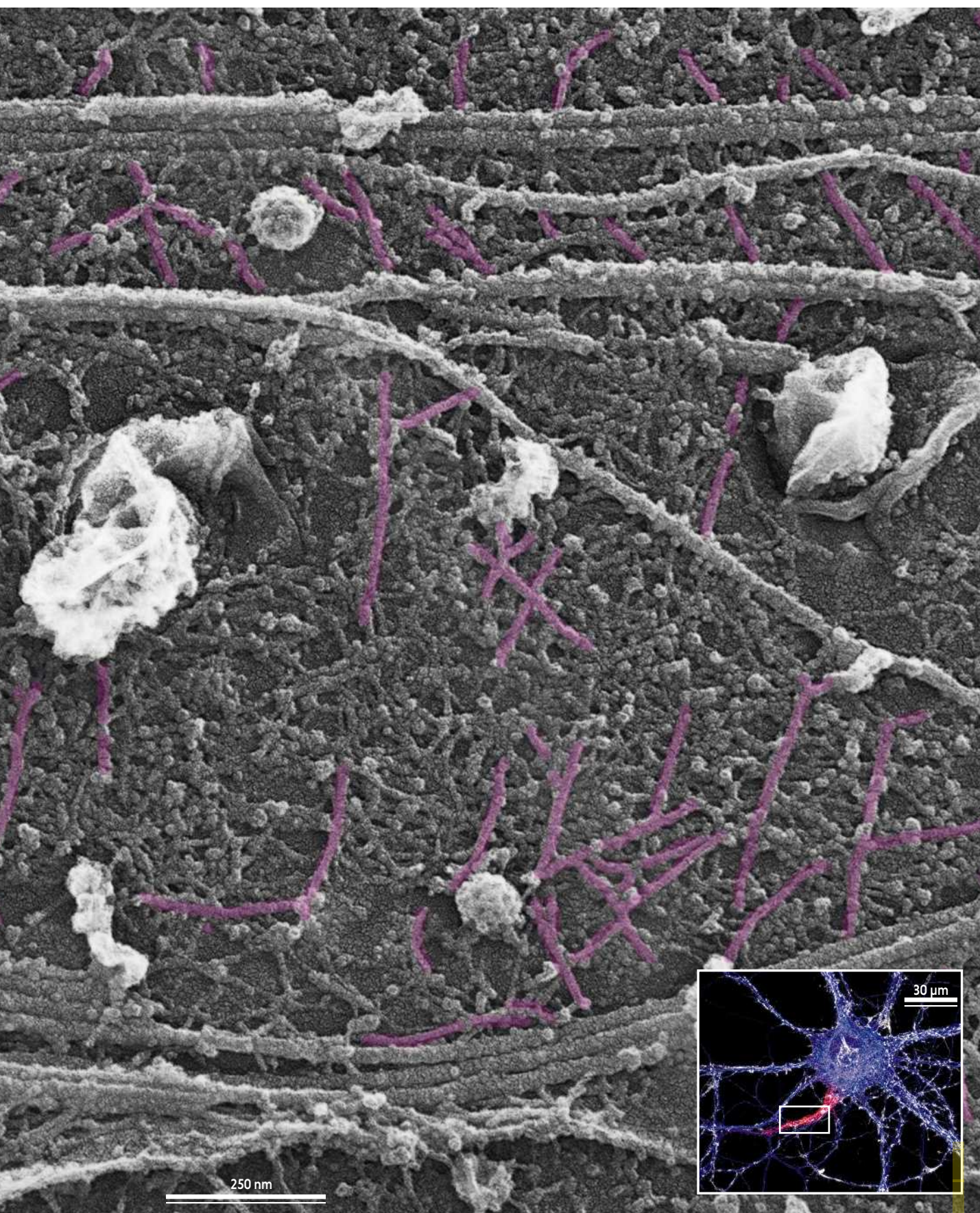




© S. Vassilopoulos et al., Nature Communications, vol. 10, article 5803, 2019 (CC-BY-4.0) ; © Christophe Lefterrier / CC (en médaillon)

## PALÉOGÉNÉTIQUE

# DES INDICES SUR LE PASSÉ DES POPULATIONS AFRICAINES

Le séquençage de quatre génomes africains datant de 8 000 et 3 000 ans raconte une histoire inattendue.

**D**ans les années 1990, l'équipe de Pierre de Maret, de l'université libre de Bruxelles, découvrait 18 fossiles humains dans la grotte de Shum Laka, au Cameroun. Bien plus tard, ces chercheurs se sont rendu compte que cette grotte, située au frais derrière une chute d'eau et à 1600 mètres d'altitude, pouvait avoir rendu possible quelque chose de presque impossible: la conservation, sous un climat tropical humide, d'ADN ancien. Ils ont alors invité des généticiens de l'université Harvard à en rechercher dans les squelettes de Shum Laka. Et c'est ainsi que, tout récemment, quatre génomes vieux de 8000 et de 3000 ans ont pu être séquencés.

Ce très rare ADN africain ancien est d'autant plus sensationnel que Shum Laka se trouve dans les Grassfields, région du nord-ouest du Cameroun où la linguistique historique situe l'origine des cultures paysannes bantoues qui, à partir d'il y a 3000 ans, ont colonisé les deux tiers de l'Afrique. Les causes et le déroulement de cet événement majeur de l'histoire humaine étant énigmatiques, les chercheurs ont espéré identifier enfin un échantillon génétique des premiers Bantous. En fait, ils avaient tout autre chose...

Les génomes vieux de 3000 ans sont ceux d'un garçonnet et d'une fillette apparentés, âgés de 8 et 4 ans. Ils se révèlent beaucoup plus proches de ceux des chasseurs-cueilleurs actuels d'Afrique centrale (les pygmées Baka, Bakola ou Bedzan du Cameroun, les Mbutis de République centrafricaine) et même de ceux des chasseurs-cueilleurs d'Afrique australe (les Sans), qu'ils ne le sont des génomes bantous actuels. Il en va de même des génomes datant de 8000 ans, appartenant à un garçonnet et à un adolescent apparentés âgés de 4 et 15 ans: curieusement, même si 5000 ans les séparent, ils sont de lointains cousins des deux premiers. Ainsi, les gènes de Shum Laka sont manifestement issus du vieux fond génétique d'Afrique de l'Ouest, qui préexistait à la séparation des chasseurs-cueilleurs africains et des Bantous.

En comparant statistiquement les génomes entiers, les chercheurs ont simulé, à partir des souches humaines connues, le mélange de



Ces Sans namibiens, comme les Bantous, descendent des chasseurs-cueilleurs, présents partout en Afrique avant l'expansion bantoue.

gènes à l'origine des génomes de Shum Laka. Ce travail suggère que la souche ancienne dont ils font partie avec les pygmées est la première de quatre lignées qui, il y a entre 200 000 et 25 000 ans, ont divergé au sein de la population archaïque d'*Homo sapiens*. Parmi les trois autres, l'une est inconnue, une autre a donné les Sans et la dernière des Africains de l'est, qui ont contribué aux populations bantoues et sont à l'origine des Eurasiens.

Les individus de Shum Laka ont un ADN qui provient à 64 % du vieux fond génétique ouest-africain. Les Bantous ont aussi hérité en partie de ce fond, ce qui expliquerait une étonnante découverte: le chromosome Y de l'adolescent porte le rarissime haplotype A00 (un groupe de gènes transmis ensemble), l'un des plus anciens connus de la lignée humaine moderne. Or cet haplotype ne se rencontre aujourd'hui presque que dans les Grassfields, devenus bantous...

Que conclure? Bien que réduit, l'échantillon d'ADN ancien issu des quatre individus de Shum Laka nous fait apercevoir la diversité génétique de l'Afrique ancienne et nous a permis de reconstruire les très anciennes divergences entre groupes humains qui ont donné naissance à la diversité actuelle. ■

F. S.

M. Lipson et al., *Nature*, vol. 577, pp. 665-670, 2020

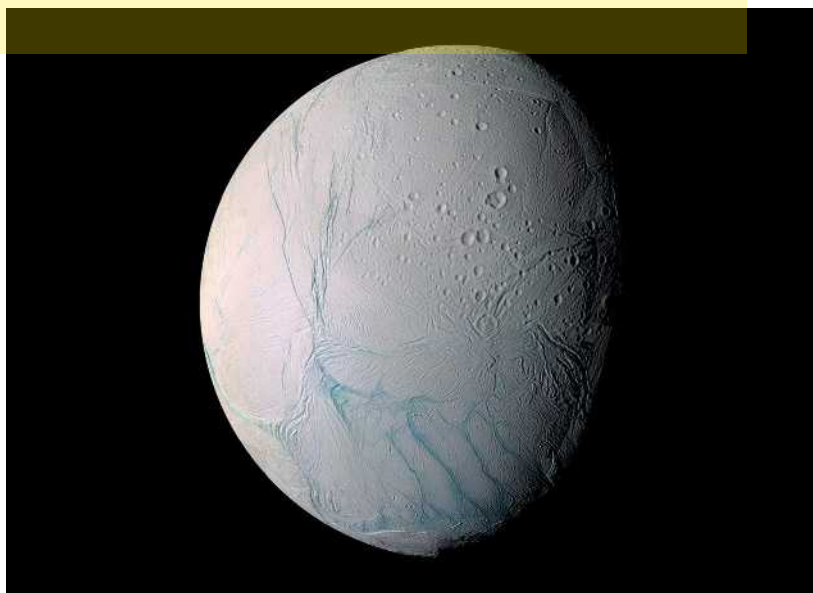
## LE GÉNOME DU CORONAVIRUS SÉQUENCÉ

**E**n décembre 2019, dans la ville de Wuhan, en Chine, une épidémie de pneumonie causée par un nouveau coronavirus, 2019-nCoV, a été détectée. Depuis, la maladie s'est propagée à travers le monde: on compte plus de 30 000 personnes infectées et 638 morts (au 7 février 2020). Afin de développer des tests de diagnostic efficaces, voire d'identifier des moyens de lutte contre l'épidémie, un effort important a été mené pour étudier le génome du coronavirus. L'institut Pasteur à Paris en a réalisé le séquençage complet en seulement cinq jours après réception des premiers échantillons. Premier résultat: les différents génomes analysés dans le monde présentent peu de diversité. Le virus n'a donc pas eu besoin de muter pour s'adapter et se propager. ■

SEAN BAILLY

Communiqué de l'institut Pasteur :  
[http://bit.ly/PLS509\\_nCoV](http://bit.ly/PLS509_nCoV)

## LES RAYURES DE TIGRE D'ENCELADE EXPLIQUÉES



Encelade présente, sur son pôle sud, quatre stries rectilignes parallèles, nommées « rayures de tigre » (en bas de l'image), par lesquelles s'échappe de l'eau sous forme de vapeur et de glace.

## PHYSIQUE

## DES AGRÉGATS DANS L'EAU

**D**ans les océans, à cause des variations de pression, de température et de salinité, la densité de l'eau est inhomogène. Cela influencerait sur le comportement des particules en suspension dans l'eau, comme la « neige marine », formée de débris microscopiques agglomérés provenant des couches de surface. Roberto Camassa, de l'université de Caroline du Nord à Chapel Hill, aux États-Unis, et ses collègues ont découvert un nouveau phénomène, une force horizontale qui agrège les particules dans certains milieux liquides stratifiés en densité. Ils ont observé que des billes de plastique de quelques dixièmes de millimètre de diamètre, placées dans un bac d'eau avec un gradient de salinité – et donc de densité –, se regroupent, en quelques heures, en un seul gros paquet en forme de disque horizontal ! Ils ont ensuite expliqué cette force en mettant les mouvements du fluide en équations. ■

L. G.

R. Camassa et al., *Nature Communications*, vol. 10, article 5804, 2019

**E**n 2005, la sonde *Cassini* a photographié d'étonnantes stries à la surface d'Encelade, une lune glacée de Saturne. Longues d'une centaine de kilomètres de long, parallèles et régulièrement espacées, ces quatre « rayures de tigre », au pôle sud du satellite, laissent s'échapper de l'eau sous forme de vapeur et de glace provenant de l'océan liquide caché sous la croûte de glace de la lune. Comment ces fractures se sont-elles formées? Douglas Hemingway, de l'université de Californie à Berkeley, et ses collègues ont montré que l'influence de Saturne aurait indirectement provoqué la formation de l'une des fissures, qui aurait ensuite donné naissance aux autres.

La croûte glacée d'Encelade est d'épaisseur très variable. La cause: les forces de marée exercées par Saturne sur la lune. Elles déforment cette dernière, conduisent à des échauffements et, surtout, sont plus fortes au niveau des pôles où la glace n'a une épaisseur que de cinq kilomètres, contre une vingtaine à l'équateur. De plus, au gré de variations irrégulières de température du satellite, une partie de l'eau de la croûte fond en profondeur ou se solidifie à nouveau. Comme l'eau se dilate en se solidifiant, le phénomène engendre des contraintes mécaniques supplémentaires sur la croûte. Celles-ci auraient, d'après l'équipe, fragilisé la croûte au point qu'une première rayure de tigre se serait ouverte au pôle sud en expulsant de l'eau liquide, libérant presque toute la surpression interne. Mais une partie de cette eau serait retombée à proximité de la rayure sous forme de glace ou de neige en s'accumulant sur les bords de la première fissure. La force exercée sur la croûte glacée par ce poids accumulé aurait donné naissance, en cascade, aux autres rayures de tigre. ■

L. G.

D. J. Hemingway et al., *Nature Astronomy*, en ligne le 9 décembre 2019