

avec les Européens après 1492, année de l'arrivée de Christophe Colomb dans les Caraïbes. Quant aux parties génomiques héritées des peuples indigènes antérieurs au contact avec les Européens, elles révèlent une histoire de plusieurs dizaines de milliers d'années.

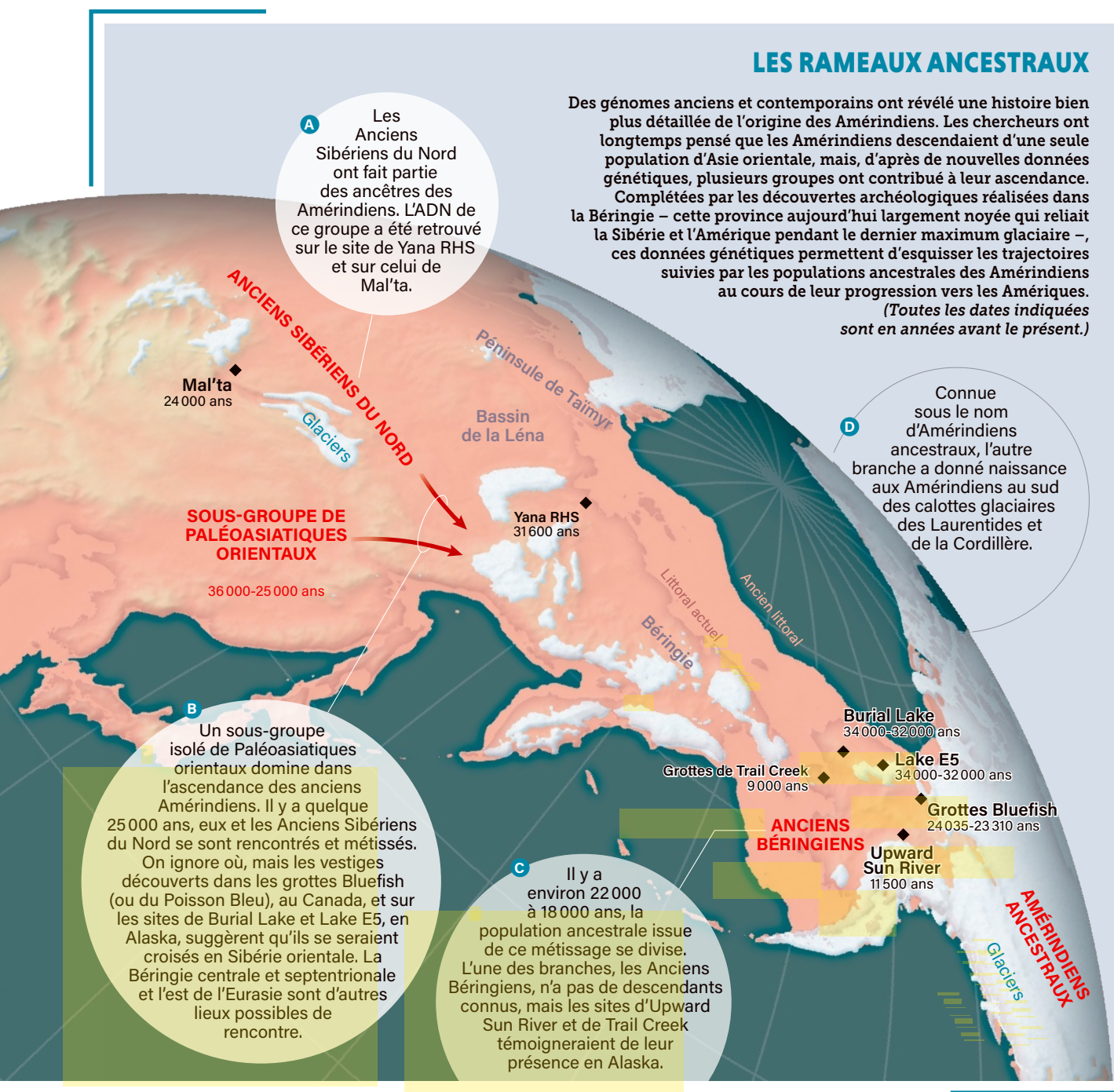
Il peut être extrêmement difficile d'extraire un génome de vieux restes osseux ou dentaires, car la plus grande partie de l'ADN qu'il contient provient des microorganismes du sol ou de plantes et d'animaux actuels, voire de tous les humains qui les ont touchés; les fragments

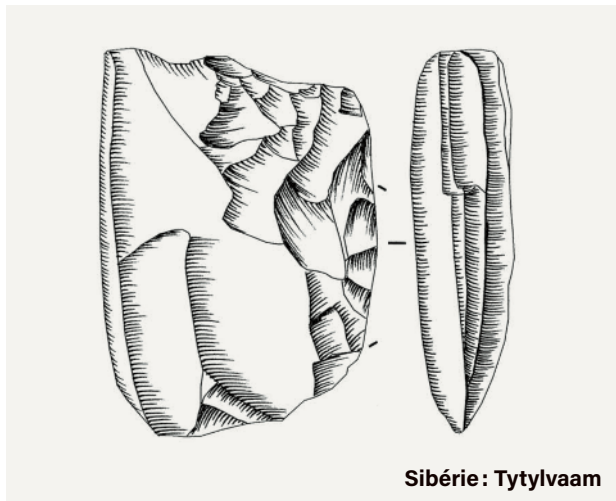
d'ADN d'origine sont rares et endommagés. Des progrès récents rendent toutefois possible de récupérer et d'analyser cet ADN, même s'il est très mal conservé. Ces avancées ont multiplié le nombre de génomes d'anciens humains séquencés et de nouvelles méthodes pour les analyser nous aident à saisir les histoires qu'ils racontent.

Combinés, les génomes anciens et modernes brossent un tableau bien plus détaillé des origines des premiers Amérindiens que celui déduit des seuls ADN mitochondriaux ou

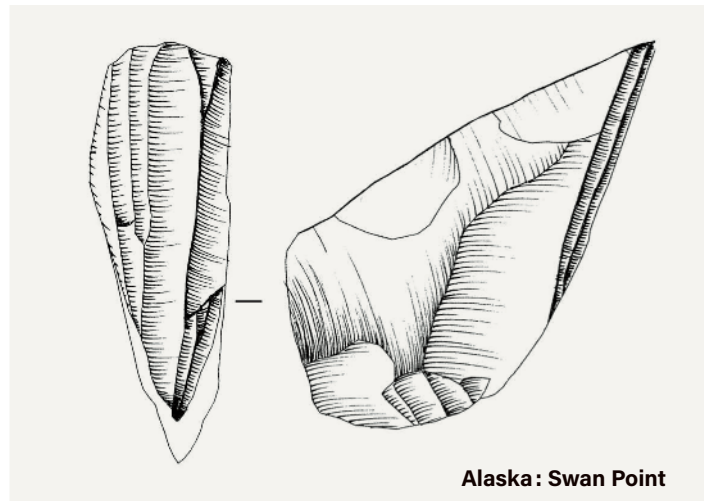
LES RAMEAUX ANCESTRAUX

Des génomes anciens et contemporains ont révélé une histoire bien plus détaillée de l'origine des Amérindiens. Les chercheurs ont longtemps pensé que les Amérindiens descendaient d'une seule population d'Asie orientale, mais, d'après de nouvelles données génétiques, plusieurs groupes ont contribué à leur ascendance. Complétées par les découvertes archéologiques réalisées dans la Béringie – cette province aujourd'hui largement noyée qui reliait la Sibérie et l'Amérique pendant le dernier maximum glaciaire –, ces données génétiques permettent d'esquisser les trajectoires suivies par les populations ancestrales des Amérindiens au cours de leur progression vers les Amériques. (Toutes les dates indiquées sont en années avant le présent.)





Sibérie : Tytylvaam



Alaska : Swan Point

Les nucléus de la culture post-Dyuktai (à gauche, site de Tytylvaam, 10 000 ans avant le présent) et ceux découverts sur le site de Swan Point, en Alaska (à droite, 14 100 ans avant le présent), relèvent clairement de la même méthode de débitage de lamelles par pression. Or certains spécialistes considèrent que les pierres taillées de Swan Point ont aussi des points communs avec celles de la culture Clovis, typique de l'Amérique du Nord et apparue il y a moins de 14 000 ans.

du chromosome Y. Ils révèlent en particulier d'où sont provenues leurs différentes branches ancestrales amérindiennes et quand elles se sont croisées.

UNE CONVERGENCE ANCIENNE

Désigner un moment précis comme l'« origine » d'un « peuple » est arbitraire et simpliste jusqu'à l'absurde. Les populations humaines se sont toujours constituées par assemblage d'individus divers, chacun ayant sa propre histoire généalogique. Il faut toutefois bien commencer quelque part, et nous allons donc faire débiter l'histoire génétique des Amérindiens au Paléolithique supérieur.

Il y a environ 36 000 ans, une population de l'Extrême-Orient s'est lentement isolée de sa population mère en 11 000 ans environ. Il y a quelque 25 000 ans, ce groupe était désormais distinct génétiquement des autres habitants de l'Asie orientale. C'est ce groupe isolé de Paléoasiatiques orientaux qui a fourni la majorité de l'ascendance des premiers Amérindiens.

Il y a 39 000 ans, une autre branche ancestrale des Amérindiens s'est formée : les « Anciens Sibériens du Nord ». Il y a 31 000 ans, des membres de ce groupe ont occupé le site de Yana Rhinoceros Horn (ou Yana RHS en abrégé) situé près de la rivière Yana au nord de la Sibérie orientale, donc dans la partie occidentale de la Béringie. Les deux dents de lait que l'on y a trouvées donnent un rare aperçu de cette population de chasseurs-cueilleurs vivant toute l'année dans cette région très septentrionale.

Ces dents appartenaient à deux garçons qui les ont perdues entre 10 et 12 ans. En 2019, Martin Sikora, de l'université de Copenhague, et ses collègues en ont extrait de l'ADN. Ces génomes ont révélé d'une part que les deux garçons n'étaient pas apparentés, d'autre part qu'ils étaient membres d'une population comportant environ 500 individus reproducteurs,

ce qui est assez considérable. Contrairement aux Néandertaliens, dont les génomes traduisent des populations de faible effectif disparaissant périodiquement de telle ou telle région, les Anciens Sibériens du Nord semblent avoir réussi à se maintenir et à prospérer au sein des très difficiles environnements sibériens.

Les Anciens Sibériens du Nord se sont répandus dans toute la Sibérie septentrionale et centrale. Les restes d'un enfant qui vécut sur un site du nom de Mal'ta attestent de leur présence dans le centre-sud de la Sibérie il y a quelque 24 000 ans, c'est-à-dire au Paléolithique supérieur (50 000 à 11 700 ans avant le présent). L'ADN extrait de ce fossile a révélé qu'un grand nombre de populations géographiquement très dispersées – notamment les Eurasiens occidentaux actuels (groupe comprenant les Européens) et les premiers Amérindiens – ont des ancêtres parmi les Anciens Sibériens du Nord.

Les deux principales branches ancestrales des premiers Amérindiens – le groupe isolé de Paléoasiatiques orientaux et les Anciens Sibériens du Nord – se sont rencontrées il y a 25 000 à 20 000 ans et se sont métissées. La population ancestrale qui en est issue s'est formée peu après le début du dernier maximum glaciaire, pendant lequel le climat sibérien était si froid que très peu de plantes et d'animaux survivaient dans cette partie de l'Eurasie. Il était impossible ou du moins extrêmement difficile pour des humains d'y vivre : de fait, en Sibérie septentrionale, pratiquement aucun site archéologique ne date de la période comprise entre 30 000 et 20 000 ans.

Les archéologues en déduisent que les populations s'étaient réfugiées ailleurs, où le climat était meilleur et les ressources plus abondantes. On ignore ce qui s'est passé exactement, mais il est vraisemblable que la rencontre du groupe isolé de Paléoasiatiques