

JEAN-JACQUES HUBLIN
est directeur du département
Évolution humaine à l'institut
Max-Planck d'anthropologie
évolutionnaire, à Leipzig,
en Allemagne, département
qu'il a créé en 2004. Il est aussi
depuis 2014 professeur au Collège
de France, où il occupe
la chaire internationale
de paléanthropologie.
Ses nombreux travaux en font un
éminent spécialiste des espèces
du genre *Homo*.



Non, on ne vient pas de découvrir deux nouvelles espèces humaines!

Deux équipes internationales ont publié chacune la découverte d'une nouvelle espèce humaine datant d'environ 140 000 ans : l'homme de Nesher Ramla, en Israël, et l'« homme dragon », en Chine. Le genre *Homo* s'est-il ainsi agrandi de deux espèces, alors qu'on lui en connaît déjà une douzaine ? Comme plusieurs autres paléanthropologues, Jean-Jacques Hublin le conteste. Il nous explique pourquoi.

En juin 2021, Israel Hershkovitz, de l'université de Tel Aviv, et des collègues de plusieurs pays ont annoncé la découverte d'une nouvelle forme humaine : l'« *Homo* de Nesher Ramla », mis au jour dans un site du centre d'Israël et datant de 120 000 à 140 000 ans. Et une autre équipe, autour de Xijun Ni, de l'université géologique du Hebei, en Chine, a introduit, sur la base de fossiles mis au jour à Harbin, en Chine du nord, un *Homo longi*, ou « homme dragon », âgé de quelque 150 000 ans.

Le matériel étudié par l'équipe d'Israel Hershkovitz consiste en un pariétal et une mandibule. Pourquoi ces fossiles ne justifient-ils pas, selon vous, l'introduction d'une nouvelle espèce humaine, différente des Néandertaliens ?

Je connais ce matériel, puisque j'étais à l'origine associé à l'étude de ces fossiles. D'ailleurs, mon équipe a fourni certaines des données comparatives utilisées dans la publication d'Israel Hershkovitz et ses collègues. Il est vrai que le pariétal est un peu inhabituel dans sa forme, son épaisseur et d'autres traits, mais un pariétal est un os crânien moins diagnostique que certains autres. En outre, la reconstitution de ce fossile fragmentaire suppose une bonne dose d'interprétation, même si nos méthodes d'analyse ont fait de très grands progrès.

À quels progrès pensez-vous ?

Aujourd'hui, les paléanthropologues étudient les fossiles en répartissant à l'aide de logiciel des centaines de repères anatomiques sur eux. On ne procède plus en identifiant quelques traits comme jadis, mais à partir de l'ensemble de la configuration en trois dimensions, décrite par des valeurs numériques considérées comme des variables aléatoires liées entre elles. Cela permet de définir des « composantes principales », des combinaisons de ces variables permettant de réduire l'information redondante, apportée par les centaines de traits pris en compte, à seulement deux ou trois axes. Dans le plan défini par ces composantes principales, on place des points représentant des individus de telle ou telle espèce. Or, où se trouve le pariétal de Nesher Ramla sur ce plan ? Juste à côté des Néandertaliens d'Europe... que l'on connaît surtout à partir de fossiles datant de quelque 50 000 à 60 000 ans. Dès lors, est-il étonnant qu'un os de la même espèce, à la fois très fragmentaire, datant de 120 000 ans et trouvé au Proche-Orient, soit un peu différent du même os néandertalien européen ? Non.

Si le pariétal est peu diagnostique, la mandibule l'est peut-être davantage ?

Les mandibules humaines sont des os très variables, mais toutes les mandibules non

sapiens de la fin du Pléistocène moyen se ressemblent un peu : elles sont robustes, sans menton, etc. La lignée néandertalienne se distingue par quelques particularités. La mandibule de Nesher Ramla est assez abîmée, mais les analyses morphométriques de l'équipe d'Israel Hershkovitz montrent qu'elle est elle aussi très proche de celles des Néandertaliens. Plus significatif encore : les dents, certes cassées mais toujours présentes. Une seconde molaire permanente est en place. Si partout ailleurs on trouvait une telle dent, personne n'aurait d'état d'âme pour la déclarer néandertalienne ! Les caractères de ses racines et de sa couronne le sont, et sa jonction émail-dentine tombe exactement dans la distribution néandertalienne. Or, chez les primates, la topographie du joint émail-dentine est très diagnostique et constitue l'un des moyens les plus puissants pour identifier une espèce. Que dire de plus ?

Mais n'est-il pas étonnant que des Néandertaliens aient vécu au Proche-Orient il y a 120 000 ans ?

Non, car plusieurs sites, plus récents que Nesher Ramla, ont déjà montré leur présence dans la région. L'individu de Nesher Ramla a été trouvé avec une industrie lithique moustérienne comportant ce que l'on nomme du débitage Levallois centripète. Après l'avoir d'abord attribuée à *Homo sapiens*, les paléanthropologues se sont aperçus qu'au Proche-Orient il est difficile d'assigner un type de moustérien à un groupe ou à un autre. Pour moi, il est clair qu'à la fin du Pléistocène moyen une frontière entre les populations humaines africaines et eurasiatiques passait au Levant. Elle fluctuait au fil des changements climatiques et le Levant était certainement une zone d'hybridation, ce qui explique peut-être certaines particularités de l'individu de Nesher Ramla. Mais quand l'équipe d'Israel Hershkovitz en arrive à imaginer que ce spécimen représente la population ancestrale des Néandertaliens, qui, selon ces chercheurs, auraient donc évolué au Proche-Orient, c'est pour le moins... inattendu ! Les centaines de fossiles accumulés depuis cent cinquante ans prouvent en effet clairement qu'*H. neanderthalensis* a émergé bien plus tôt et en Europe.

Comment s'y est prise pour sa part l'équipe de Xijun Ni, qui a étudié le crâne de Harbin ?

Là, il s'agit d'un crâne extraordinaire tant par sa conservation que par son histoire. Mis au jour dans les années 1930 durant l'occupation japonaise du nord de la Chine, il a été caché dans un puits, puis donné par son découvreur sur son lit de mort à ses héritiers. Pour comprendre comment l'équipe chinoise s'y est prise, il faut savoir ce qu'est un arbre phylogénétique...

LE PLÉISTOCÈNE

Cette ère géologique, qui s'étend de 2,58 millions d'années à 11 700 ans avant notre ère, correspond à l'essentiel de la période d'évolution du genre *Homo*. Le Pléistocène moyen, entre 781 000 ans et 126 000 ans est la période d'évolution des formes humaines qui ont le plus contribué aux humains modernes.



C'est un arbre de parenté, une sorte d'arbre généalogique des espèces ?

Oui... et non. La construction d'un arbre phylogénétique est très différente suivant que l'on dispose de matériel génétique ou pas. S'agissant de ce crâne daté par l'équipe de Xijun Ni d'environ 150 000 ans, il n'y a pas de matériel génétique. Établir un arbre phylogénétique est alors assez compliqué, parce que l'on ne peut s'appuyer que sur l'anatomie des fossiles. Toutefois, la ressemblance anatomique ne peut pas être utilisée comme la ressemblance entre des génomes, qui, elle, permet de calculer des distances génétiques. La morphologie osseuse n'est pas une traduction simple du génome. Ce n'est pas parce qu'il y a beaucoup de différences entre deux génomes qu'il existe de grandes différences morphologiques. Et le contraire est vrai aussi : il est possible qu'une mutation affectant un seul nucléotide sur 3,2 milliards ait un effet radical sur le phénotype, en d'autres termes sur la forme de l'individu.

Les paléanthropologues ont pris conscience de ces problèmes il y a longtemps, et y ont notamment remédié en adoptant la cladistique. Selon cette méthode, tous les caractères morphologiques n'ont pas le même poids. Certains sont primitifs et hérités d'un ancêtre commun, de sorte que leur présence n'a guère d'intérêt en termes d'identification de relations de parenté – par exemple, tous les tétrapodes ont quatre membres ! Ce qui est important, ce sont les caractères dérivés, ceux qui, comme leur nom l'indique, ont changé – dérivé – depuis un ancêtre commun plus ou moins proche.

C'est la méthode suivie par l'équipe de Xijun Ni ?

Oui. La mise en œuvre de la cladistique est assez compliquée et nécessite l'emploi d'outils informatiques. Pour comparer des fossiles, on crée une matrice de caractères, c'est-à-dire des tableaux de nombres disposés en lignes et colonnes, où chaque nombre code, pour le fossile considéré, l'état plus ou moins dérivé du caractère. Un programme traite ensuite tout cela et livre des arbres de parenté probables. Ce point est très important : ces arbres ne sont que « probables » et ces analyses produisent toujours plusieurs solutions affectées de probabilités différentes. On peut ainsi arriver à des arbres différents mais aux probabilités proches... C'est ce qu'a fait l'équipe de Xijun Ni : elle a construit une matrice de caractères, qu'elle n'a pas fournie dans sa publication, puis, après avoir fait tourner un programme, proposé des âges de divergence entre espèces, bref l'arbre phylogénétique du genre *Homo* le plus probable selon elle.

Et comment est cet arbre ?

Pour le moins bizarre ! Ces chercheurs aboutissent à un arbre et à des dates de divergence entre ses branches en contradiction avec tout ce que l'on sait par ailleurs aujourd'hui. Je suis donc très réservé sur leurs conclusions, à savoir que la mandibule de Xiahe – dont j'ai contribué à montrer qu'elle est dénisovienne –, le crâne de Harbin et d'autres crânes similaires de Chine représentent un groupe frère d'*Homo sapiens*.

Pourquoi est-ce bizarre ?

Parce que la paléogénétique contredit totalement une telle conclusion ! Tout d'abord, les

Ci-dessus, les deux fossiles de Nesher Ramla : une mandibule fragmentaire (à gauche) comportant deux dents, dont une seconde molaire permanente assez bien conservée, et un fragment d'os pariétal (à droite).