



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 divergences 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).

