

Samedi 18 octobre 14

ADN et archéologie

L'apport de la science génétique à l'archéologie

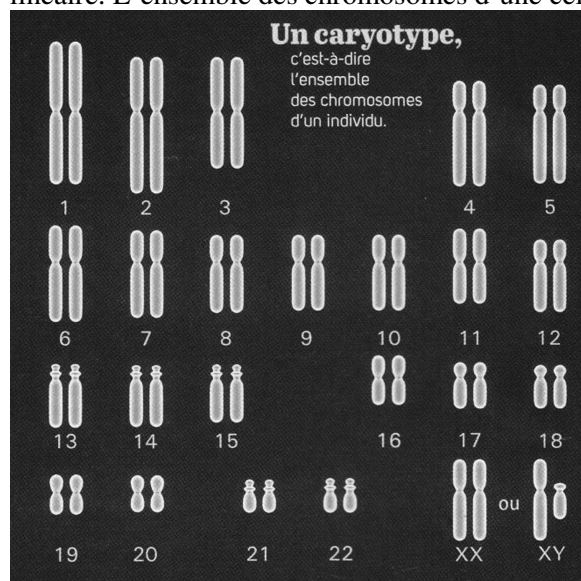
Par JY Moisan

L'archéologie est une science qui interroge beaucoup les autres sciences pour savoir ce qu'elles pourraient lui apporter. Ainsi les sciences physiques ont permis la datation des fossiles (^{14}C , thermoluminescence, ...). Il n'est donc pas surprenant que très tôt les archéologues se soient intéressés aux récentes découvertes biologiques sur le génome humain. Deux questions en particulier ont été formulées : les différences observées dans le génome suivant les diverses populations dans le monde sont-elles significatives de leurs origines ? Est-il possible d'analyser des fossiles et d'en tirer des informations sur l'évolution de l'espèce humaine ? C'est ce que l'on va tenter de discuter.

1 - Rappels sur ce qu'est le génome

Un organisme vivant est composé de cellules. Les premiers êtres monocellulaires sont apparus il y a 3,5 milliards d'années : aujourd'hui les plantes et animaux les plus évolués sont composés de milliards de cellules (environ 10^{14} , soit 100.000 milliards, chez l'homme), ayant des fonctions différenciées dans l'organisme. Très schématiquement une cellule animale est composée d'un noyau (où est rassemblée la majorité de l'information transmissible), entouré d'un cytoplasme (dans lequel on trouve différents organites, dont les mitochondries : nous en reparlerons), le tout enfermé dans une membrane.

Intéressons nous d'abord au noyau : il contient tous les chromosomes, porteurs de l'essentiel de l'information cellulaire. Chez l'homme, les chromosomes sont au nombre de 46 et mis bout à bout, ces filaments font 35 cm de longueur. Chaque chromosome est constitué d'une molécule d'ADN linéaire. L'ensemble des chromosomes d'une cellule s'appelle le génome, propre à chaque personne.



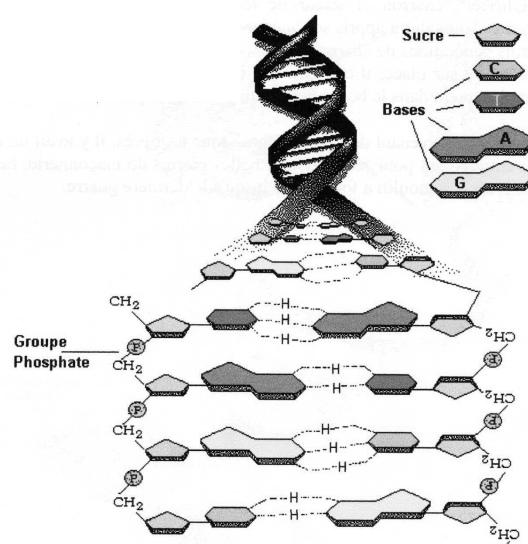
1 : Description du caryotype humain.

On notera immédiatement que la paire de chromosome 23 est spécifique du sexe de la personne : chez la femelle la paire est composée de 2 chromosomes X ; chez le mâle elle comprend un chromosome X et un chromosome Y. Lors de la reproduction, si le père donne un chromosome X, l'enfant sera une fille ; s'il donne un chromosome Y, l'enfant sera un garçon. On voit donc que le chromosome Y est donc spécifique de la lignée paternelle et sera le même d'une génération à l'autre dans la filiation paternelle.

Dans le cytoplasme de la cellule, les mitochondries seraient, à l'origine, des bactéries que les cellules primitives auraient phagocytées. Leur rôle est important dans le métabolisme de la cellule. Mais surtout elles possèdent leur propre ADN, l'ADN mitochondrial ou ADN-mt. Or, contrairement au chromosome Y, l'ADN-mt est reçu de la mère lors de la reproduction, venant uniquement de l'ovule et non du spermatozoïde. Il sera donc caractéristique de la lignée maternelle.

L'ADN-mt est constitué des 16.569 paires de base (comparé à plus de 3 milliards pour l'ADN nucléaire). Mais, la plupart des cellules contient plus de quelques centaines de mitochondries qui chacune contient 8 chromosomes semblables. Lorsque l'ADN est dégradé, ce sera un matériau de choix.

Allons un peu plus loin dans la description de l'ADN (voir la figure 2), jusqu'à l'échelle atomique ! Cette molécule est formée de deux chaînes enroulées l'une sur l'autre; elle ressemble à une échelle où les barreaux sont la combinaison de deux bases associées. L'ADN stocke l'information génétique à l'aide d'un alphabet de 4 lettres (A : Adénine ; T : Thymine ; C : Cytosine et G : Guanine) formant des mots de 2 lettres. La figure 2 montre une série de 4 associations de bases : la répétition d'une telle 'série' va constituer un segment. Un tel segment spécifique et localisé en un endroit bien défini de la molécule est appelé 'gène'.



2 :

La molécule d'ADN (vue partielle !)

Un gène est donc une unité définie, localisé en un point précis d'un chromosome, auquel est lié un caractère précis de l'individu et transmissible par voie héréditaire. Les gènes sont portés sur des parties dites 'codantes' de l'ADN. Des parties non-codantes occupent une partie des chromosomes, dont l'altération ne semble pas avoir de conséquences médicales. Toutefois, sur ces dernières parties on peut aussi identifier des séquences bien définies qui peuvent être caractéristiques d'un ensemble d'individus.

Finalement, nous aurons à notre disposition (pour ce qui nous intéresse) deux sources d'information : celle de l'ADN-Y, hérité de notre père et celle de l'ADN-mt, toujours hérité de notre mère. Après la formation de la cellule mère de chaque individu, la croissance de l'embryon, puis de l'individu sera assurée par division cellulaire et chaque cellule contient le même génome quelle que soit sa fonction finale dans l'organisme (à l'exclusion des cellules dites 'gamètes', propres à la reproduction). N'importe quelle cellule d'un organisme permettra donc de savoir beaucoup sur ses origines.

Tous les individus d'une même espèce animale possèdent le même nombre de gènes, soit environ 25.000 pour l'espèce humaine. Les gènes de l'homme sont identiques, à plus de 99 %, d'un individu à l'autre. Le 1 % restant est responsable des différences (couleur des yeux ; des cheveux, ...).

Avant d'en venir à quelques exemples d'apports de la science génétique à notre connaissance archéologique, il est utile de bien préciser trois points.

Mutations génétiques et évolution

Nous connaissons tous des exemples de maladies génétiques. Ainsi la trisomie 21 : trois chromosomes s'associent au lieu de former une paire lors de la fusion des gamètes (ce sont les cellules reproductrices, venant du père - le spermatozoïde - et venant de la mère - l'ovule -). D'autres 'accidents', qui ne modifient que légèrement un gène, sont lourds de conséquences sur le plan médical et très invalidants pour le porteur de ces anomalies génétiques. Toutes ces anomalies ont peu de chance d'être transmises aux générations suivantes, pour des raisons que l'on comprend aisément.

Dans de tels cas, la copie n'est pas conforme à l'un des deux originaux. Heureusement, les conséquences ne sont pas toujours aussi catastrophiques. Ces modifications, qu'on appelle des 'mutations', peuvent n'avoir aucun effet d'un point de vue médical ; elles peuvent aussi apporter un plus, en provoquant chez le porteur, par exemple, une meilleure adaptation à l'environnement.

Ces modifications n'ont pas toutes la même importance :

- ce peut être une simple modification d'une paire de base ;
- ce peut être une inversion de grandes séquences d'ADN ;
- ce peut même être une fusion ou une coupure d'un chromosome (nous en verrons un exemple).

Ces mutations n'affectent pas uniquement les chromosomes du noyau cellulaire. Elles affectent (et même plus souvent) l'ADN-mitochondrial. Et une mutation qui sera transmise aux

génération suivantes peut devenir fréquente au sein d'une population isolée et faible en nombre. Ce sera moins probable dans une population nombreuse.

Un ensemble de mutations observées sur un endroit précis du génome pourra servir de 'marqueur' et être spécifique d'une population. Un ensemble de marqueurs pourra définir un haplotype : les porteurs de cet haplotype formeront un haplogroupe. Nous reviendrons sur cette notion d'haplogroupe.

Si l'on s'intéresse à des zones 'neutres' de l'ADN (dont la modification apparaît sans effets biologiques positifs ou négatifs), on pourra alors disposer d'une 'horloge moléculaire', grâce à des mutations se produisant de façon aléatoire avec une périodicité définie sur une longue durée. Et même plus, l'ADN-mt peut fournir une horloge, plus rapide, et l'ADN-Y une autre, plus lente.

Et donc finalement, si une population se scinde en deux groupes isolés, par mutations successives, l'écart du patrimoine génétique va augmenter avec le temps, et il apparaîtra ainsi des marqueurs spécifiques de chacun de ces groupes, d'autant plus nombreux que le temps se sera écoulé. Nous aurons alors des haplogroupes différents.

Ainsi d'ailleurs procède l'évolution.

Variabilité

Le deuxième point est le concept de variabilité.

D'abord une évidence ; tous les hommes sont génétiquement apparentés : ils peuvent se marier entre eux et avoir des enfants. Mais il est aussi évident que vous verrez aisément des différences entre des personnes originaires de continents différents, mais plus difficilement s'ils viennent de pays voisins. D'ailleurs ces différences visibles furent à l'origine de la notion de races.

Prenons maintenant la taille de l'individu comme paramètre variable. Les Pygmées sont petits (entre 1m45 et 1m60). Mais un grand Pygmée peut être aussi grand qu'un petit dans une population Dinka voisine (entre 1m60 et 2m20). Un individu adulte de 1m60 sera d'une taille extrême dans l'une et l'autre des populations, car aux extrêmes de la variabilité.

Si l'on rassemble (lors d'une 'cousinade') les descendants de l'arrière grand-père, les descendants directs seront très proches sur le plan génétique : la variabilité au sein de ce groupe sera très faible. A l'inverse, si l'on rassemble les anciens d'une classe de collège, même s'ils sont originaires de la même région géographique, il est évident que les écarts de patrimoine génétique seront plus grands que dans le group précédent : la variabilité y sera plus grande.

On voit que la variabilité est une notion délicate à manier, surtout quand on sait que notre code génétique propre est commun à l'ensemble de l'humanité à 99,99 %. Les variations individuelles ne portent que sur 0,01 % du génome humain ! Différencier des populations entre elles sur la base de leur ADN exigera une analyse exhaustive.

Pourtant, en suivant quelques marqueurs, on pourra répartir ceux-ci sur une carte du monde : ce que nous verrons plus loin.

Enfin, à cause des mutations survenant périodiquement, avec le temps, une population présentera une évolution de son patrimoine génétique commun : la variabilité augmentera. Une population "jeune" (issue depuis peu d'un groupe originel restreint) aura une variabilité plus faible qu'une population "ancienne", c'est-à-dire qui vit et se reproduit sur un territoire clos depuis longtemps (en nombre de générations) tout en étant issue de la même manière d'un groupe originel restreint.

Evolution de la population mondiale

Pour troisième point, peut-être de façon étonnante, en tout cas a priori bien éloignée de la génétique, nous discuterons de l'évolution de la population mondiale. Nous sommes aujourd'hui 7 milliards d'humains sur la planète. D'après le tableau 3, nous n'étions qu'environ 1 milliard en 1800 et moins de 100 millions au temps du Christ.

Année	Population mondiale
-100 000	0,5 million
-10 000	1 à 10 millions
-6 500	5 à 10 millions
-5 000	5 à 20 millions
400	190 à 206 millions
1000	254 à 345 millions
1250	400 à 416 millions
1500	425 à 540 millions
1700	600 à 679 millions
1750	629 à 691 millions
1800	0,813 à 1,125 milliard
1850	1,128 à 1,402 milliard
1900	1,550 à 1,762 milliard

Sur la figure 4 (obtenue auprès de l'INED, Institut National des Etudes Démographiques), le schéma est plus lisible dans la mesure où l'ordonnée est en base logarithmique, c'est-à-dire que les unités d'échelle sont des multiples de 10 (à chaque unité, le nombre est multiplié par 10).

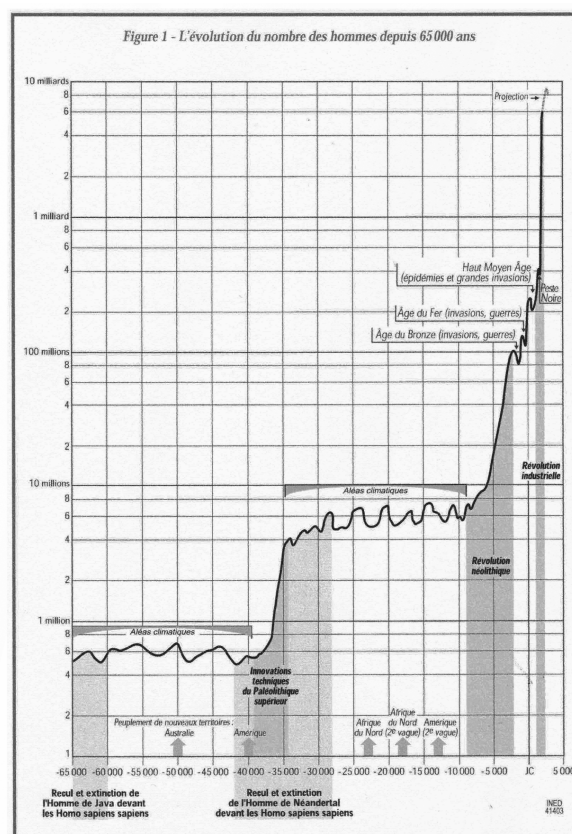
On lit alors très clairement qu'avec l'arrivée de la révolution néolithique (il y a environ 10.000 ans), la population va passer de 7 millions d'individus aux 7 milliards d'aujourd'hui (soit 1.000 fois plus en 10.000 ans).

3 – Tableau de l'évolution de la population mondiale au cours du temps.

Pendant les 25.000 ans précédents (soit environ 1.000 générations !), elle était pratiquement stable, si nous oublions les événements tels qu'épidémies, alea climatiques et autres catastrophes ...

Et pendant la période de -65.000 à -40.000 ans, c'est environ 600.000 humains qui peuplent la planète, soit un nombre 10.000 fois plus faible qu'aujourd'hui.

Quel intérêt de tels chiffres ? Prenons un exemple, traité de façon grossière mais qui permet de montrer certaines réalités. La France d'aujourd'hui n'était peuplée que d'environ 65.000 personnes au Paléolithique, et d'environ 6.500 individus entre -40.000 et -65.000 ans. En faisant l'hypothèse (pour simplifier) que les familles (ou clans ou tribus, ...) formaient des groupes de 65 individus, il n'y avait sur le territoire français, qu'environ 100 groupes.



4 : La population mondiale en coordonnées log (d'après l'INED)

Ce calcul semble bien grossier. Et pourtant, lorsque les colons danois découvrirent le Groenland au XVI^e siècle, ils trouvèrent sur la côte ouest 499 Inuits. Or cette côte est aussi longue que celle qui va de la Bretagne au Portugal. Rapportée à la surface de la France actuelle, la même densité de population y ferait vivre un peu moins de 7.000 personnes !

Or – nous le verrons – c'est en ces périodes que l'être humain va se répandre sur la terre. La notion de population dispersée, ((où l'évolution biologique pouvait affecter des groupes, en petit nombre et très dispersés, de façon différente pour les uns et pour les autres), prend tout son sens.

Et de plus, si un groupe (ou deux ou trois) 's'échappe' d'une zone géographique à travers une frontière physique (le Détroit de Béring, l'isthme de Suez, une chaîne de montagne, ...) vers une autre zone, s'y installe, la peuple en s'y répandant peu à peu, cette population arrive avec son génome propre et va peupler la nouvelle zone avec, dans le temps, une évolution particulière de son génome originel, différemment de la zone géographique d'origine. C'est un 'goulot d'étranglement' dont on pourra retrouver trace par l'analyse de l'ADN des populations en question.

Mais les évènements (nous y avons fait allusion) tels qu'épidémies (à l'époque moderne, des réductions énormes de population ont été observées), alea climatiques (glaciations, explosions volcaniques, ...) peuvent avoir le même effet que les barrières géographiques. Un groupe d'individu est considérablement réduit dans un temps très court, ce qui aura des effets drastiques sur la diversité biologiques.

Ces préambules permettent (enfin !) d'aborder maintenant quelques exemples de ce que la science de la génétique peut apporter à la connaissance en matière d'archéologie.

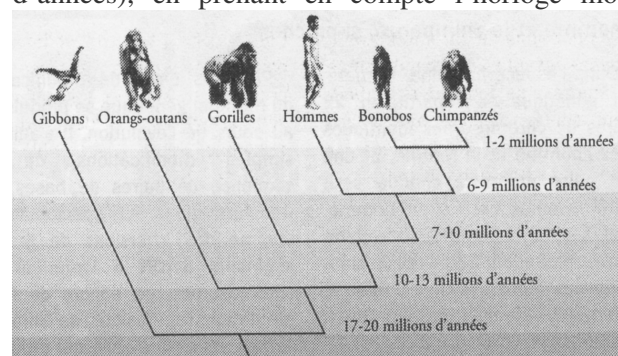
2 – L'origine de l'homme

Rappelons-nous le scandale provoqué par la publication du livre 'De l'origine de l'Homme' de Charles Darwin, qui avançait (ce qui fut compris) que l'Homme descendait du singe et venait d'Afrique ! En fait, l'homme ne 'descend' pas du singe, mais il partage avec les grands singes un ancêtre commun. C'est ce que l'archéologie a montré depuis plusieurs dizaines d'années ! Depuis l'ancêtre commun, l'homme a bien sûr évolué comme les grands singes de leur côté. L'oubli de cette évidence a généré cette quête du 'chânon manquant' entre homme et singe, au point d'ailleurs, que dans l'idée d'en montrer l'existence, l'Homme de Piltdown, trouvé en 1912 faisait parfaitement l'affaire : il avait de plus le mérite d'être anglais ... jusqu'à la découverte de la supercherie.

Si Darwin avait disposé d'analyses de l'ADN de l'homme et du chimpanzé actuels, alors une réalité bien pire aurait effrayé nos ancêtres. En effet, on peut aligner côte à côte 95 % des séquences des ADN respectifs de l'Homme et du chimpanzé et les différences ne portent que sur 1,2 % des gènes (Un peu moins sur les parties codantes de l'ADN, un peu plus sur les parties non-codantes). Notre humanité ne porte donc que sur 1,2 % de nos gènes !

Ceci montre, au passage, qu'une faible modification de notre génome peut avoir des conséquences cruciales d'une part. Mais l'homme est-il défini uniquement par son ADN ? Une belle discussion philosophique aurait toute sa place à cet endroit de la présentation.

Mais pire encore, génétiquement parlant, la différence entre l'Homme moderne d'un côté et le chimpanzé de l'autre avec leur ancêtre commun est naturellement plus faible que les 1,2 % de tout à l'heure ! Cet ancêtre commun est donc très récent : on l'estime autour de 6 à 9 MA (Millions d'années), en prenant en compte l'horloge moléculaire des mutations. L'écart 'génétique' est



5 : La superfamille des Hominoïdes

un peu plus grand avec le gorille : de la même manière, notre ancêtre commun (à l'homme, au chimpanzé et au gorille) devait vivre il y a environ 7 à 10 MA. Avec l'orang-outang, un peu plus différent (2 %), l'ancêtre commun vivait lui il y a environ 10 à 13 MA. L'arbre que l'on peut ainsi construire (Figure 5) est cohérent avec ce que déjà les découvertes archéologiques de fossiles ont permis de construire

A mi-chemin entre cet ancêtre commun aux chimpanzés et nous, on trouve une vedette, Lucy. Mais elle aussi aurait déçu les contemporains de Darwin : ses membres robustes, sa marche avec un dandinement peu élégant, tout cela n'en faisait pas une petite femme de rêve gambadant dans la savane. Et surtout il semble admis aujourd'hui qu'autour de 6 à 3 MA, le clan de Lucy n'était pas le seul et que vivaient au même moment différents pré-humains. Mais ne rêvons pas : trouver des restes

d'ADN sur de tels fossiles propres à une analyse est impossible (l'ADN est un matériau vivant qui se détruit dans le temps, et -pire- qui résiste mal aux conditions de conservation dans les musées).

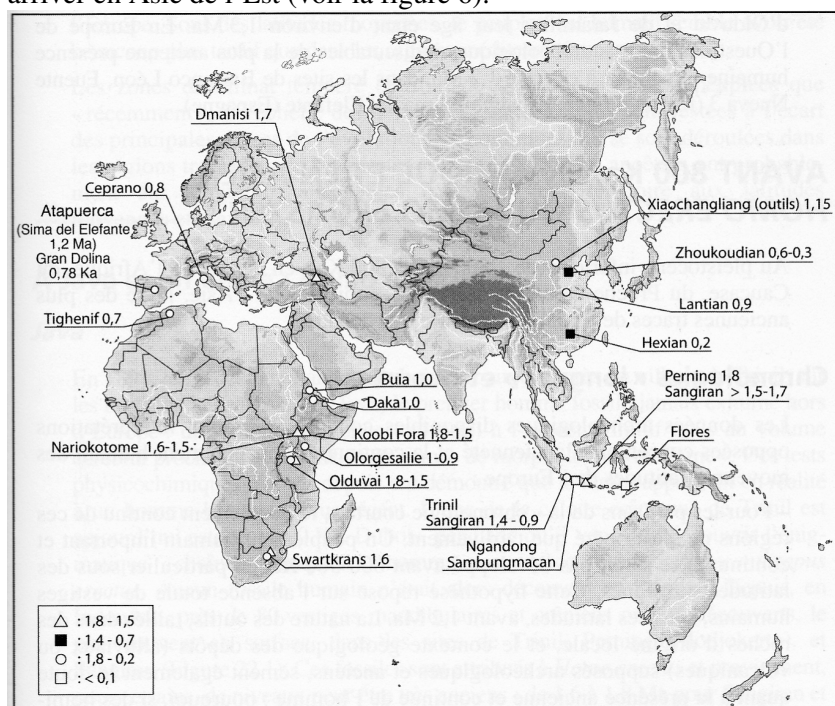
Encore deux précisions :

L'ADN des chimpanzés présente une plus grande variabilité que celui des hommes. Or les chimpanzés vivent plutôt en milieu forestier, plus propice à la formation des groupes isolés, alors que, d'après l'archéologie, mais aussi dans sa répartition actuelle, l'homme vit en milieu beaucoup plus ouvert, où l'isolement de groupes est possible mais plus rare.

Mais surtout, si l'on en croit les résultats des horloges moléculaires (sur l'ADN nucléaire et l'ADN-mt) il semble que les hommes actuels ont un ancêtre commun bien plus récent que notre ancêtre commun avec les chimpanzés. Notre ancêtre commun à tous daterait d'environ 200.000 ans. Donc très grossièrement, nous avons bien un ancêtre commun avec les chimpanzés, dont seraient issus les Australopithèques jusqu'à environ -2,5 millions d'années. Apparaît ensuite *Homo Erectus*, le premier à coloniser la terre. Puis, à la faveur d'un goulot d'étranglement, *Homo sapiens*, colonisera à son tour le monde : nous sommes les descendants d'une population restreinte (peut-être 10.000 personnes) vivant il y a 150.000 à 200.000 ans.

3 - L'expansion de l'humanité

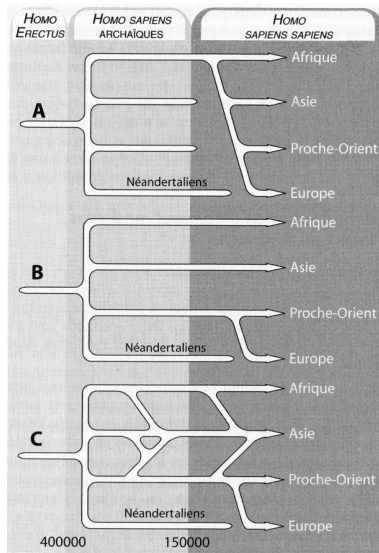
En résumant ce que nous apprend l'archéologie, à partir des fossiles trouvés en différents points du monde, c'est très probablement à partir de l'Afrique que *Homo Erectus* a peuplé la terre. Auparavant, les Australopithèques ont peuplé l'Afrique orientale, mais il n'a jamais été trouvé des fossiles en dehors de l'Afrique de ces hominidés. Autour de 1,8 MA, *Homo Erectus* quitte l'Est de l'Afrique et va mettre 0,8 à 1 MA d'années pour arriver en Europe, à peu près le même temps pour arriver en Asie de l'Est (voir la figure 6).



6 : Répartition et dates des fossiles d'*homo erectus* dans le monde.

A ce niveau-là, la biologie se contentera de l'analyse de squelettes (au mieux), mais ne pourra évidemment pas disposer d'ADN. On constate, par la répartition des fossiles, que la terre est colonisée vers 1 MA. Or l'homme moderne (ou *Homo Sapiens sapiens*) n'est connu qu'autour de 150.000 ans.

Que s'est-il passé entre temps ? Evidemment *Homo Erectus* a évolué et l'homme moderne va lui succéder. Mais comment ? La figure 7 schématise 3 hypothèses sur l'origine d'*Homo Sapiens*, à partir d'*Homo Erectus*. Dans l'hypothèse A, une seule origine, d'une population d'*Homo Sapiens* archaïque ; avec d'autres populations archaïques qui ont disparues (dont Neandertal). L'hypothèse B suppose une origine diverse de l'homme moderne suivant les localisations géographiques. Enfin dans l'hypothèse C, des métissages sont envisagés.



Cette dernière hypothèse (dite réticulée) suppose des échanges génétiques entre populations archaïques et modernes. Nous étudierons ce point avec Neandertal. Pour conclure, en simplifiant, une première vague de peuplement avec *Homo Erectus* déferle sur les 3 continents entre 1,8 et 0,8 MA. Elle sera suivie d'une seconde vague à partir d'environ 150.000 ans ; c'est l'arrivée de l'homme moderne (Rappelons la figure 4 où il apparaissait qu'au même moment la population mondiale est multipliée par 1.000). Peut-on en dire plus sur cette seconde vague ?

7 : Hypothèses sur l'origine de l'homme moderne

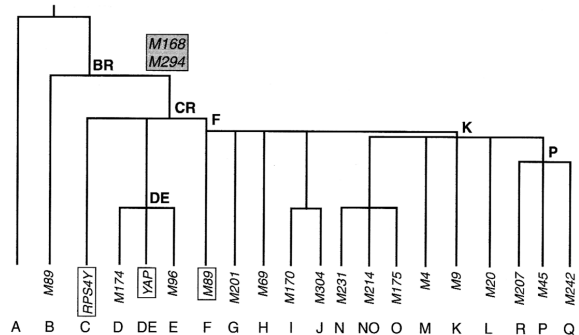
Mais d'abord d'où venaient ces premiers hommes. Il est admis qu'ils viennent de l'Est africain. Le fait que c'est là seulement qu'on y trouve les fossiles propres à établir cette hypothèse ne suffit pas : ce n'est pas parce qu'on ne trouve pas de fossiles ailleurs qu'il n'y a jamais eu d'hominidés ailleurs ! Diverses raisons (dont la géologie) peuvent expliquer ce fait. Pourtant l'étude par l'ADN apporte aussi des arguments à cette thèse 'Out of Africa':

- La faible variabilité prouverait une origine unique et commune à tous.
- La variabilité est plus grande dans l'Afrique sub-saharienne que dans le reste de la planète, parce que la migration des populations vers les autres continents s'est faite à travers des goulots d'étranglement (géographiques, démographiques, ...).
- L'analyse des marqueurs et la répartition géographiques des haplogroupes permettraient de connaître les chemins de ces migrations : nous y reviendrons tout de suite.
- Enfin, l'argument ci-dessus, supposant une origine due à un groupe récent et faible d'individus, suppose en même temps une origine géographique bien localisée et non dispersée.

Zone géographique	Haplogroupe	SNP
Afrique	A	Ø
	B	M60
	DE	YAP, M145, M203
	E	M40, M96
	J1	M267
	G	M201
Europe	E3b	M35
	I	M170
	J	M304
	R1	M173
	R1a1	M17
	R1b3	M269
Asie	C1	M8
	D	M174
	N	M231
	NO	M214
	O	M175
	R1b	M343
Asie du Sud	Q	M242
	C*	RPS4Y, M216
	C4	M347
	C5	M356
	F	M89, M213
	H	M69
	K	M9
	L1	M76
	L2	M317
	L3	M357
Amérique	R*	M207
	R2	M124
	C3	M217
	C3b	P39
Océanie	Q	M242
	Q4a	M3
	C2	M38
	K1	M177
	K4	M230
	M	

8 : distribution géographique des principaux haplogroupes de l'ADN-Y

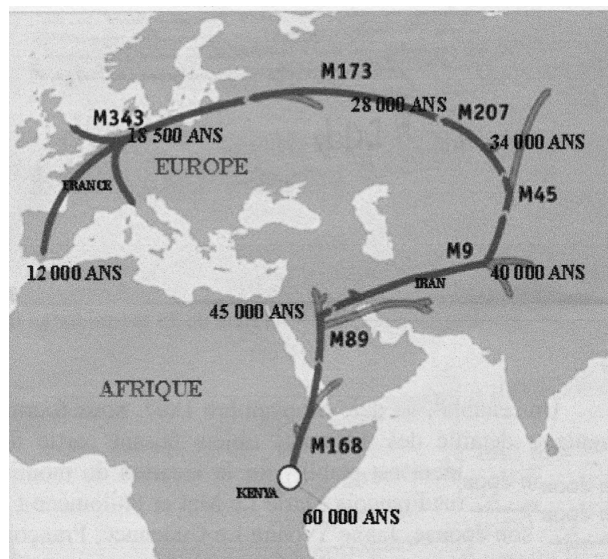
Ensuite, comment cette vague a-t-elle déferlé sur les continents ? Il faut pour cela revenir aux haplogroupes. Ils permettent de définir des groupes humains actuels peuplant différentes parties particulières de notre planète (Figure8). Il est possible de dire quel est le plus ancien des haplogroupes et comment ils se déduisent les uns des autres ; c'est l'arbre 'phylogénétique' (Figure 9). En fait, on dispose de deux arbres phylogénétiques, l'un pour l'ADN-mt et l'autre pour l'ADN-Y.



9 : Arbre phylogénétique des haplogroupes de l'ADN-Y

Les haplogroupes de l'ADN-Y (sur la figure 9) se déduisent les uns des autres, par ordre d'apparition et sont spécifiques de continents, comme il apparaît le tableau de la figure 8. Par exemple, l'haplogroupe 'origine' (A) est présent en Afrique ; le 'dernier' (Q) est présent en Amérique.

Le résultat est d'une part une répartition dans le monde des différents haplogroupes, d'autre part une succession de leur apparition dans le temps. Il est alors possible de proposer un parcours de migration de l'*Homo Sapiens*, à partir de l'Afrique vers les autres continents. Pour la colonisation de l'Europe, le schéma de la figure 10 montre cet itinéraire avec des repères temporels.



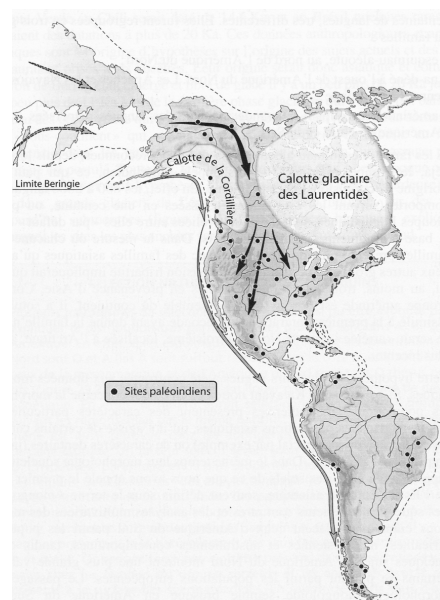
10 : Parcours d'homme sapiens sapiens vers l'Europe

Après l'exemple européen, prenons-en un autre qui pourrait apparaître simple, celui de la colonisation de l'Amérique (celle des Amérindiens et non des Espagnols ... !). 20.000 ans avant notre ère, l'homme est présent dans l'est de la Sibérie. Les glaciations font plutôt le passage facile vers l'Amérique et donc un schéma de diffusion comme sur la figure 11 semble évident. Or déjà les nombreuses langues parlées appartiennent à 3 groupes différents : esquimau-aléoute (nord), na-déné (Apaches et Navajos, à l'ouest) et amérindes (centre et sud). Ces groupes se distinguent aussi par des morphologies différentes. Ceci peut s'expliquer par trois vagues successives de populations.

Mais les données de l'ADN-mt et de l'ADN-Y sont peu variables. Pourquoi ce peu de différence ? L'hypothèse de 3 vagues de populations reste donc sujette à controverse.

On notera que le parcours évite les difficultés géographiques (montagnes, mers, ...). Pour affiner les choses, il faudrait aussi prendre en compte les variations climatiques – en particulier les différentes glaciations – qui détournent ou ralentissent le 'voyage'. Ce voyage va prendre entre 20.000 et 30.000 ans (nettement plus rapide que la vague précédente de l'*Homo Erectus*).

Pour d'autres régions du monde de tels itinéraires sont ou seront proposés.



11 :

Schéma de colonisation de l'Amérique.

4 – Neandertal, l'euro péen.

L'homme de Neandertal, pour des raisons évidentes, est quelqu'un de bien connu. Môme si les premières représentations en étaient fort peu sympathiques, il était capable d'innovations techniques qui lui ont permis de peupler l'Europe depuis environ 45.000 ans jusqu'à l'arrivée de l'Homme de Cro-Magnon. Mais on sait aussi que l'homme de Neandertal est allé jusqu'en Asie centrale.

Mais ce qui est extraordinaire, c'est que depuis 1997, des laboratoires de l'Institut Max Planck de Leipzig étudient l'ADN de l'homme de Neandertal. En 2011, l'ADN d'une quinzaine d'individus était séquencé. Pour la première fois, l'étude du génome porte sur des fossiles (on imagine les précautions nécessaires !). Ceci est aussi possible du fait du nombre important de fossiles dont on dispose. Quels résultats ?

- L'écart entre le génome de Neandertal et celui de l'homme moderne conduit à penser que la divergence dans l'évolution a eu lieu il y a environ 0,5 MA, ce que l'archéologie supposait déjà.

- Mais surtout on dispose maintenant de marqueurs spécifiques à Neandertal qui vont apporter un éclairage nouveau sur la rencontre entre l'homme de Neandertal et de Cro-Magnon. On s'est posé la question de l'interfécondité entre Neandertal et Cro-Magnon. Ont-ils engendré des métis ? D'après les fossiles, rien de sûr. Par contre on trouve chez l'homme moderne européen (hors Afrique) 1 à 4 % de marqueurs nous venant de Neandertal, ce qui prouve qu'il y a eu métissage. Probablement entre hommes envahisseurs et femmes locales. Mais ce point n'apporte rien sur les raisons de la disparition de Neandertal.

- Neandertal parlait-il ? Question intéressante et pas seulement dans le cas de Neandertal, mais nous la traiterons ici. Pour parler un langage élaboré permettant un échange entre individus, il a 3 conditions :

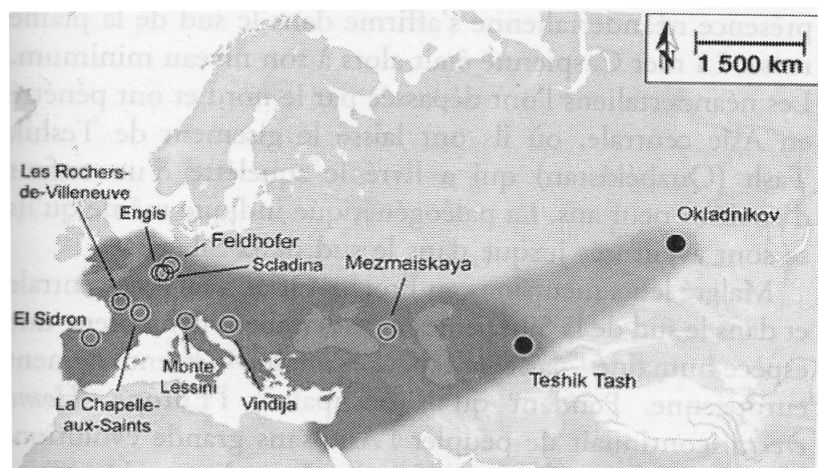
La première est anatomique. Constatons d'abord qu'un bébé peut téter et respirer en même temps. De même un chimpanzé peut boire ou manger et respirer en même temps. Pas l'homme adulte, parce que le larynx est bas dans la gorge, au dessous du pharynx. Dans le pharynx arrivent non séparés les conduits digestif et respiratoire ; le larynx permet d'éviter les 'fausses routes'. Le pharynx sert de caisse de résonance aux cordes vocales. Malheureusement, ces organes cartilagineux ne subsistent pas chez les fossiles, même si certains pensent qu'ils existaient chez certains *homo* il y a déjà 1 MA. Mais sur les squelettes de Neandertal, la structure de l'os hyoïde (où s'accrochent les muscles de la langue) est semblable au notre : d'un point de vue mécanique, Neandertal devait pouvoir parler.

La seconde tient au fait que le génome de Neandertal possède le gène FOXP2 nécessaire au langage, comme l'homme moderne. Il avait donc le matériel génétique lui permettant de parler. Un bébé moderne possède évidemment ce gène, mais pour des raisons mécaniques ne peut avoir qu'un langage réduit à quelques vocalises. Apport considérable par la connaissance du génome de Neandertal.

Enfin, dernier argument, il faut avoir quelque chose à dire ! Des animaux peuvent avoir une vie sociale (des primates, des oiseaux, des insectes,...) Pour autant, ils ne possèdent au mieux qu'un langage qui permet l'échange essentiel pour cette vie en société (alerte, attitude agressive, de soumission, ...). Mais delà à utiliser une grammaire ou exprimer des concepts ! La nécessité d'échanges dans la gestion de projets compliqués pousse à développer un échange langagier, exprimant une pensée organisée. Certains proposent l'apparition du langage il y a environ 50.000 ans, lorsque l'homme moderne est arrivé face à l'Australie et devait pour y arriver construire des bateaux susceptibles de traverser un bras de mer de plusieurs dizaines de kilomètres. Or nous savons que Neandertal enterrait ses morts et fleurissait les tombes ; ceci prouve chez lui des préoccupations autres que strictement alimentaires. On vient très récemment de découvrir des gravures rupestres (à Gibraltar) qui ne peuvent que lui être attribuées. Avec ces gravures, nous sommes dans l'ordre du symbolique, en cohérence avec un échange sous forme de langage.

On peut donc penser, puisqu'il semblait remplir les 3 conditions, que Neandertal parlait.

Neandertal peuplait l'Europe, et même au-delà (Figure 12). Il y a occupé – en temps - la période entre l'arrivée de l'*Homo Erectus* et celle de l'homme moderne. Qu'en était-il dans les autres zones du globe (essentiellement l'Afrique et l'Asie) pendant le même temps ? Faute de disposer de fossiles comme de Neandertal, ce sont des recherches sur le génome des populations de ces zones qui pourront apporter un éclairage, comme il a été procédé pour l'Europe



12 : Zone d'expansion de Neandertal, avec mention des sites où des fossiles ont permis l'étude de l'ADN.

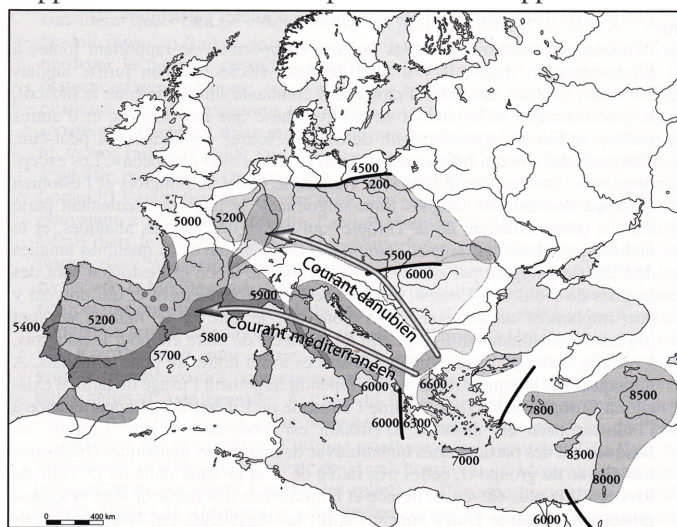
5 – Le bouleversement du Néolithique

L'apparition du Néolithique, il y a 10.000 ans en Turquie, a été un bouleversement radical pour l'humanité. Il suffit pour s'en convaincre de regarder la courbe de la population mondiale de la figure 4. Cette formidable augmentation de la population que permettait l'agriculture amène la question suivante, au sujet de la diffusion de la Néolithisation, donc de l'agriculture et de l'élevage :

- Est-ce une diffusion de la population qui possédait ces nouvelles techniques qui a eu lieu ; cette dernière remplaçant purement et simplement les populations autochtones ?
- Au contraire est-ce la technique elle-même qui s'est diffusée par acquisition des connaissances par les habitants du voisinage ? En ce cas, les populations autochtones ont augmenté en nombre par augmentation de leurs ressources alimentaires ?

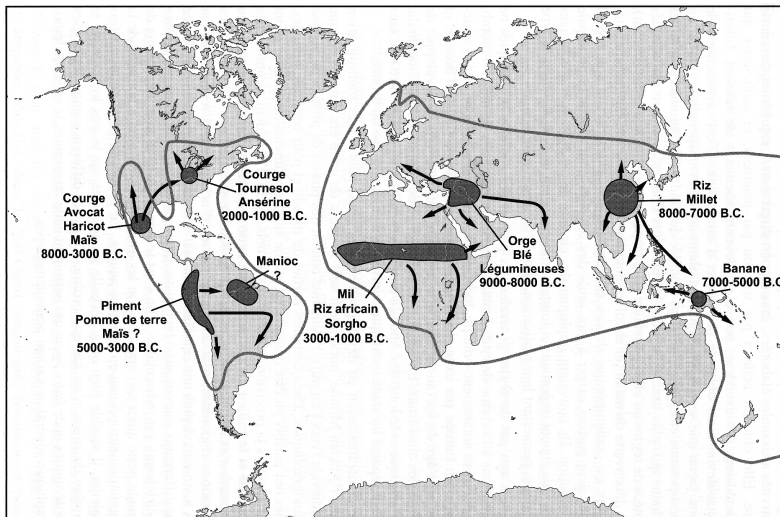
La question est d'importance. La première hypothèse semble être confirmée par la diffusion des langues indo-européennes. Mais en ce cas, ce qui a été présenté pour la diffusion de l'*Homo Sapiens sapiens* en Europe (paragraphe 3) ne peut tenir, puisque seule la population originaire de Turquie se retrouverait en Europe, génétiquement parlant. En ce cas, les résultats de la migration de l'*Homo Sapiens*, que nous avons présenté au paragraphe 3, ne pourraient être connus, puisque cette vague de la Néolithisation aurait effacé tout le passé préhistorique. Il reste donc des traces de la colonisation par l'*Homo Sapiens*, que la diffusion de l'agriculture n'a pas effacées.

Il faut donc plutôt s'orienter vers la seconde hypothèse. En se basant sur des études de l'ADNmt, il semblerait en fait qu'environ pour les $\frac{3}{4}$, la population européenne aurait une origine paléolithique, c'est-à-dire qu'entre les deux hypothèses, la seconde serait prépondérante mais pas unique. Donc, les populations autochtones ont peu à peu adopté les techniques agricoles nouvelles, tout en étant peu métissées avec les populations qui leur apportaient ces nouvelles techniques. L'apport de ces nouvelles a permis le développement démographique dont nous avons déjà parlé.



Mais ces études ont besoin d'être encore affinées, d'une part, et d'autre part d'être confrontée ce qui est connu par ailleurs, à savoir les courants de Néolithisation de l'Europe (voir figure 13). L'influence de la néolithisation sur les populations a-t-elle été la même suivant les deux courants ? Il semble que le métissage entre les populations autochtones et celles venant apporté l'agriculture ait été plus marqué selon le courant méditerranéen que suivant le courant danubien.

13 : Les courants de Néolithisation en Europe.



14 : Foyers de Néolithisation à travers le monde et diffusion.

On peut penser par ailleurs que la Néolithisation des autres continents s'est faite de la même manière qu'en Europe, à savoir par diffusion (pacifique ?) des techniques plutôt que par diffusion des populations maîtrisant ces techniques innovantes. Ce que nous indiquions à la conclusion du paragraphe sur Neandertal (paragraphe 4) resterait aussi valide et laisserait une approche possible de la migration de l'*Homo Sapiens*, bien avant l'apparition de l'agriculture et l'élevage.

6 - ... et pour l'époque moderne

Tous ces phénomènes de sélection ou de diffusion dans les populations, se traduisant dans une évolution spécifique du génome, ne se sont évidemment pas arrêtés avec l'époque 'moderne' (c'est-à-dire typiquement à l'ère chrétienne). Voici quelques exemples où l'analyse de l'ADN est cruciale :

Le nombre d'enfants par femme est évidemment limité. Par contre, des hommes peuvent être très prolifiques. De même les femmes (lors de mariages) changent plus facilement de groupe que les hommes. Ainsi, deux marqueurs très spécifiques du chromosome Y se trouvent répartis dans une grande partie de l'Asie. L'origine de ces marqueurs date d'environ 1000 ans. Dans ce cas, la fréquence de ces marqueurs ne peut s'expliquer que par le fait que les porteurs de ces marqueurs avaient une descendance plus nombreuse que le reste des hommes de ces mêmes populations. De plus les territoires, où ce phénomène est observé, correspondent à l'extension de l'Empire de Gengis Khan ! On voit la solution : les hommes au pouvoir dans cet Empire avaient une descendance plus nombreuse que les autres hommes de l'Empire ! Mais ces deux marqueurs se retrouvent aussi au Pakistan (hors de l'Empire) dans une population ... qui se dit descendante de Gengis Khan !

Autre exemple de sélection. Les Noirs américains sont plus sensibles à l'hypertension que leurs compatriotes, avec sensiblement le même régime alimentaire. Or, lors de la traite des Noirs, près des $\frac{3}{4}$ d'entre eux mouraient dans les premières années de leur transfert, en particulier lors de la traversée de l'Océan. Ceux qui résistaient le mieux étaient ceux qui avaient la capacité de mieux retenir le sel dans leur organisme, évitant ainsi la déshydratation. Ce qui fut un avantage est aujourd'hui un inconvénient, cette faculté les exposant maintenant aux maladies cardio-vasculaires. Cette sélection 'artificielle' fait qu'une population a vu son génome évoluer, positivement puis négativement.

Ce dernier exemple illustre ce que l'on pourrait observer en étudiant les effets des grandes épidémies qui ont réduit des populations de manière catastrophiques, les survivants pouvant avoir un génome particulier, significatif de leur résistance au fléau. On comprend alors l'intérêt que peut présenter la découverte de nécropoles du haut-Moyen-âge ou de l'époque romaine, avant certaines épidémies européennes. A condition que l'ADN ne soit pas dégradé ou pollué par l'archéologue lui-même !

Ces exemples précédents exposent des effets permettant d'apporter des éclairages nouveaux à l'histoire. Mais il est d'autres utilisations qui se sont fait jour pour répondre à la curiosité des particuliers quant à l'origine de leurs ancêtres.

Ainsi aux USA, des compagnies proposent aux Noirs américains de faire une analyse de leur ADN nucléaire pour leur préciser de quelle partie de l'Afrique était leur ancêtre (et on peut en plus leur proposer le billet d'avion !). La méthode est plus performante pour indiquer quels sont ceux qui ont un ancêtre commun. Par contre, en déduire une origine géographique est probabiliste, ce qu'acceptent mal certains clients. Mais le nombre d'analyses se multipliant dans le monde, on peut penser que cette technique dans la recherche des origines particulières sera de plus en plus performante.