Planet-Vie | Conférence

Les dernières étapes de l'évolution humaine et le peuplement de l'Eurasie vues par la paléogénomique

Publié le 07.03.18 | Par Eva-Maria Geigl

Dans cette vidéo, Eva-Maria Geigl, directrice de recherche à l'Institut Jacques Monod, présente les migrations des populations humaines entre 100 000 et 2 500 ans avant J.-C. Les différentes vagues de migration ont été l'occasion de métissages entre humains anatomiquement modernes, néandertaliens et dénisoviens. Les traces de ces métissages sont toujours visibles dans le génome des êtres humains actuels.



Transcription de la vidéo

Note : les éléments entre crochets [] sont des ajouts par rapport au texte original.

Bonjour. Je m'appelle Eva Maria Geigl. Je suis directrice de recherche au CNRS où j'anime une équipe de paléogénomique à l'Institut Jacques Monod.

Nous travaillons sur l'évolution des espèces et des génomes, en particulier l'évolution humaine.

Reconstruire le cours de l'évolution humaine à partir des fossiles, témoins directs de l'évolution, est assez difficile à cause de leur rareté. Depuis que l'on est capable de séquencer des génomes entiers préservés dans ces fossiles, la recherche sur l'évolution humaine est en plein essor. Cela nous a permis de reconstruire les migrations de différentes populations humaines [*Homo sapiens*] au cours du temps.

Nous avons vu que lors de ces migrations [d'*Homo sapiens*] des métissages se sont produits avec des populations plus archaïques, sur le continent eurasiatique. D'un côté avec Néandertaliens en Europe, de l'autre, par exemple, avec les Dénisoviens, une population distincte mais contemporaine des Néandertaliens et descendue des *Homo erectus* en Asie. Ce métissage se voit toujours dans le génome des humains actuels. Tous les Eurasiatiques ont environ 2 % de leur génome qui viennent des Néandertaliens et les Papous de la Nouvelle Guinée ont en plus environ 5% de leur génome originaire des Dénisoviens.

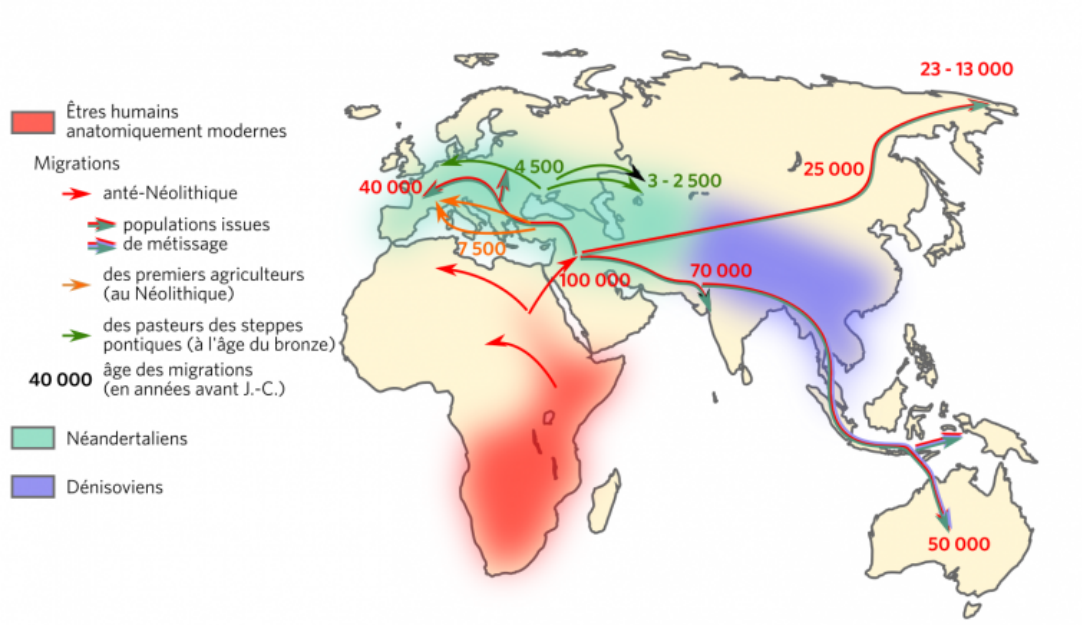


Figure 1 - Carte des migrations humaines

Les trois types de populations humaines figurés sur cette carte (êtres humains anatomiquement modernes, néandertaliens et dénisoviens) font parti d'une seule et même espèce. La preuve en est qu'il y a eu des événements de métissage entre ces populations, aujourd'hui visibles dans nos génomes. Ces populations étaient cependant séparées depuis suffisamment longtemps pour développer certaines incompatibilités ; elles étaient peut-être sur la voie de la spéciation.

Le flou utilisé pour représenter les territoires géographiques occupés par ces différentes populations reflète les connaissances parcellaires que nous avons de leurs aires de répartition.

Auteur(s)/Autrice(s) : Pascal Combemorel et Eva-Maria Geigl – Licence : CC-BY-SA

Plus tard, d'autres migrations se sont produites au cours du Pléistocène [de – 2,6 Ma à – 11 700 ans] c'est-à-dire dans la période glaciaire. Des populations sont venues [en Europe] depuis le Proche-Orient, d'autres durant la dernière glaciation, de l'Est. Elles ont été suivies par des migrations de populations plus tard, il y a ~7 500 ans. Il s'agissait des premiers agriculteurs, qui avaient domestiqué leurs animaux, qui sont venus avec eux et les plantes domestiquées sur le continent européen. Ils ont rencontré les chasseurs cueilleurs autochtones et se sont métissés avec.

Plus tard à l'âge du Bronze [de ~3000 à ~1000 ans avant notre ère], des pasteurs et des nomades des steppes ont déferlé sur l'Europe centrale et ont remplacé une grande partie du génome des populations locales. Ces apports génomiques se voient toujours dans nos génomes. Aujourd'hui, il y a un gradient nord-sud en Europe. Au Nord, en Scandinavie par exemple, les apports néolithiques des agriculteurs du Proche-Orient sont presque invisibles. Par contre il y a un grand apport des pasteurs des steppes. Au sud, dans la région méditerranéenne, on n'a presque pas d'apport steppique mais par contre des apports importants des agriculteurs néolithiques du Proche-Orient.

Ces métissages ont certainement apporté un avantage aux nouveaux arrivants car les populations autochtones, ayant vécu sur place pendant des centaines de milliers d'années, étaient adaptées à cet environnement qui était très différent de l'environnement africain d'où venaient les premiers êtres humains anatomiquement modernes, nos ancêtres. Le métissage leur a permis de capturer, d'intégrer des variants géniques qui étaient présents dans ces populations archaïques, et qui ont procuré un avantage.

Ceci se voit par exemple chez les Tibétains, qui sont adaptés à une vie à haute altitude. Celle-ci serait impossible s'ils n'avaient pas ce variant génétique qui permet une meilleure adaptation au faible taux d'oxygène rencontré à haute altitude. Ce variant génique a été capturé par les Tibétains chez les Dénisoviens. C'était donc un avantage pour cette population.

Chez nous, certains variants géniques sont liés à l'intensité de l'ensoleillement, des rayons UV, qui était plus faible ici en Europe qu'en Afrique, d'où venaient les populations humaines. On a eu un avantage à capturer, s'approprier ces variants génétiques de

Néandertal.

Tous ces variants ne sont aujourd'hui plus forcément un avantage car notre corps qui, dans le passé, était adapté à extraire un maximum d'énergie de la nourriture. Aujourd'hui avec le grand changement de notre style de vie, ce n'est plus un avantage d'extraire les dernières kilocalories de notre nourriture. On voit par exemple une population d'origine amérindienne au Mexique possédant cet héritage néandertalien pour métaboliser au maximum les carbohydrates [glucides]. Aujourd'hui, c'est un inconvénient : ces gens ont un taux de diabète qui est beaucoup plus élevé.

CRÉDITS

AUTEUR(S)/AUTRICE(S)

Eva-Maria Geigl

Directrice de recherche au CNRS, paléogénéticienne et co-responsable d'une équipe à l'Institut Jaques Monod à Paris qui étudie l'évolution des génomes de populations et d'espèces du passé.

MISE EN LIGNE

Pascal Combemorel

Agrégé de SVT, il est le responsable éditorial du site Planet-Vie depuis septembre 2016.

LICENCE DU TEXTE DE L'ARTICLE

Creative Commons - Attribution - Partage dans les mêmes conditions