



HAL
open science

Paléogénétique de l'histoire humaine

Ivaylo D. Petev

► **To cite this version:**

| Ivaylo D. Petev. Paléogénétique de l'histoire humaine. 2020. hal-03101429

HAL Id: hal-03101429

<https://hal.science/hal-03101429>

Submitted on 30 Aug 2021

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Paléogénétique de l'histoire humaine

Par Ivaylo D. Petev

Discipline en plein essor, la paléogénétique étudie la formation et le croisement des populations humaines jusqu'à cinq millions d'années dans le passé. Si elle permet de mieux connaître les origines de l'humanité, elle ne doit pas faire déprécier l'apport des archéologues, historiens, linguistes et anthropologues.

À propos de : David Reich, *Who We Are and How We Got Here: Ancient DNA and the New Science of the Human Past*, Pantheon Books, New York, 2018.

David Reich est un chercheur pressé. Ainsi conclut-il les deux pages de remerciements qui ouvrent son livre, *Who We Are and How We Got Here: Ancient DNA and the New Science of the Human Past*, en confessant en avoir longuement reporté l'écriture : c'est que dans le domaine de la génétique, seuls comptent les articles. Étrange ouverture d'un ouvrage qui, dans l'ensemble, réussit le pari de faire voyager le lecteur, grâce à une écriture limpide et pédagogique accompagnée d'excellentes illustrations, à travers les différentes époques de l'histoire humaine et aux quatre coins du monde. Le périple nous révèle ce que les avancées en paléogénétique apportent sur les migrations et les mélanges de populations anciennes et contemporaines.

Reich, qui dirige un des trois laboratoires qui dominent un champ en pleine expansion depuis dix ans, parle ici de révolution. Cette révolution repose sur la récente capacité d'analyse du génome complet des humains, qui offre quatre nouveaux éléments essentiels à la boîte à outils des paléontologues généticiens, ce qui permet

1/ de décrire la formation des populations jusqu'à cinq millions d'années dans le passé, en se servant des traces génétiques ancestrales contenues dans le génome des spécimens ;

2/ de dater le croisement de populations en identifiant leur ancêtre commun par la comparaison du degré de différences entre génomes. Celles-ci s'accumulent de génération en génération à un taux faible mais relativement constant de mutations génétiques aléatoires et insignifiantes, constituant ainsi la signature unique d'une population donnée : plus longtemps ses individus ont vécu sans croisement avec les individus d'une autre population, moindre sera la fréquence de mutations que les deux populations partagent.

3/ Par extension, d'évaluer l'étendue du croisement entre populations.

4/ de déduire les conditions sociales du mélange des populations en comparant la densité de différences transmises par les lignées paternelles (sur le chromosome Y) et maternelles (sur l'ADN mitochondrial). Dotés ainsi d'outils de mesure d'une précision inégalée, Reich et ses collègues avancent à marche forcée là où des générations d'archéologues, historiens, linguistes et anthropologues ont appris à se déplacer sur la pointe des pieds.

L'héritage néandertalien

Les résultats sont saisissants, à commencer par la rencontre entre l'Homme de Neandertal, une espèce éteinte du genre Homo qui a vécu jusqu'à environ 30 000 ans avant notre ère, et Homo sapiens, les humains modernes. Le fait que les deux espèces, dont les trajectoires d'évolution se séparent il y a environ 660 000 ans, étaient contemporains, potentiellement en interaction directe, a été établi par les fouilles archéologiques. Mais c'est aux paléogénéticiens qu'on doit la preuve de leur croisement. Il a eu lieu une première fois, au Proche Orient, il y a environ 130 à 100 000 ans, lors d'une vague de migration du continent africain de l'humain moderne, restée sans descendance directe aujourd'hui. Puis en Europe, lors de la deuxième et fatidique vague quelques cinquante millénaires plus tard qui est à l'origine du peuplement massif de la planète par Homo sapiens. La faible teneur de cet héritage génétique, dilué progressivement, allant jusqu'à 2,1 % du génome humain contemporain, porte les signes du destin des néandertaliens. Ils subirent en Europe, outre des conditions

climatiques défavorables, la pression démographique d'une population migratoire – celle des Homo sapiens – plus nombreuse et apparemment, la faible fertilité des hybrides issus de leurs croisements. Mais ces traces ainsi que celles, nouvellement découvertes, du croisement en Asie de l'humain moderne avec une autre espèce du genre Homo, l'Homme de Denisova, ont aussi une autre signification : tout autant que le continent africain, l'Eurasie a été un berceau de l'évolution humaine et l'espèce en porte aujourd'hui l'héritage.

L'Eurasie sous la pression des pastoralistes des steppes

Dans une deuxième et foisonnante partie du livre, Reich suit les traces du peuplement massif de la planète par l'humain moderne, continent par continent, depuis environ cinquante millénaires. Le résultat reste le même : les mélanges et transformations successifs de populations. Ainsi, en Europe se succèdent, pendant trente à trente-cinq mille ans, plusieurs vagues de chasseurs-cueilleurs qui, l'une après l'autre, déplacent et poussent à l'extinction leurs prédécesseurs avant de subir le même sort à l'arrivée, il y a moins de dix millénaires, de populations agricoles d'Anatolie, le territoire asiatique de la Turquie actuelle. Avec ces dernières émergent sur le continent des groupements sédentaires, plus denses et socialement stratifiés. La tentation est grande d'y voir les ancêtres des anciennes civilisations européennes, tant il est difficile, vu leur relative domination démographique et leur niveau de développement durant quatre millénaires, d'imaginer leur disparition. C'est pourtant ce qui arrive, il y a cinq mille ans, à 30 % de la population ibérique, à 70 % de la population centro-européenne et à 90 % de la population britannique. Ce sont les suites d'une grande migration de pastoralistes, dits de la culture Yamna, qui auraient évolué sur les steppes entre les mers Noire et caspienne et sont eux-mêmes issus du mélange de chasseurs-cueilleurs de l'Est européen et de populations d'origines iranienne et arménienne. Forts de leurs connaissances de l'art équestre, de la métallurgie et de l'usage de la roue, ils changent profondément et durablement le paysage social européen. Ils y laissent des marques phénotypiques, posent les racines des langues indo-européennes, contribuent à la diffusion culturelle (des vases à entonnoir et, avant tout, de la céramique cordée) et, selon toute vraisemblance, influencent les rapports sociaux par des modèles davantage patriarcaux et martiaux.

Au sud-est, le déplacement des pastoralistes bouscule également la péninsule indienne. Les populations agricoles, issues du mélange, quatre millénaires plus tôt, de

chasseurs-cueilleurs locaux avec des migrants des terres iraniennes, et dont était probablement issue la civilisation de la vallée de l'Indus, subissent ainsi la pression des migrants des steppes du nord-ouest. En résulte, entre -2000 et -1500 – temps de déclin de la civilisation harappéenne et de la composition des premiers textes hindous, Rig-Veda – le mélange de ces deux grandes populations. Si toute la population indienne contemporaine, y compris les non-hindous, présentent des traces génétiques des ancêtres venant des steppes, leur proportion, variant de 20 à 80 %, est riche en enseignements. Ces traces, plus importantes, en moyenne, chez ceux qui parlent des langues d'origine indo-européenne et parmi les groupes de statut socio-économique supérieur (en premier lieu, les Brahmanes), semblent se transmettre davantage sur la lignée paternelle. Autant de signes d'un mélange de populations fort asymétrique dont on retrouve, trois mille ans plus tard – non sans l'aide d'une exceptionnellement forte et durable endogamie pratiquée au sein des milliers de sous-groupes de caste que sont les jati et qui divisent la société indienne à des petits groupes génétiquement identifiables – les vestiges sociaux et culturels dans la stratification de la population indienne contemporaine.

Ces bouleversements démographiques, qui eurent lieu il y a environ cinq mille ans, sur le continent européen et la péninsule indienne, s'accompagnent d'une remarquable asymétrie sexuelle des mélanges de population. L'avènement des sociétés sédentaires et stratifiées correspond, on le sait, à la concentration du pouvoir entre les mains, ici et là, de quelques hommes forts qui en bénéficient pour transmettre leur prestige social à leurs descendants (mâles). S'il est peu surprenant de trouver des traces génétiques de cette évolution, Reich réussit à en chiffrer l'impact et à en dater le début à l'aube de l'Âge du bronze. Le résultat est marquant. À la suite de l'avancée massive des pastoralistes de leurs terres d'origine au nord du Caucase vers l'Europe et la péninsule indienne, un nombre très restreint d'hommes portant des traces génétiques identifiables à la culture Yamna se montrent extraordinairement efficaces dans la transmission de leurs gènes que l'on mesure par la diffusion disproportionnée de leur signature sur les chromosomes Y dans les populations locales. C'est le début d'un modèle de domination sexuelle du conquérant sans cesse répété. Reich énumère les exemples : en Afrique lors de la migration des Bantous du centre-ouest vers le sud et l'est du continent ; sur les Îles du Pacifique à l'arrivée des Papous ; en Asie à la suite de l'invasion des Mongols ; aux Amériques, d'abord chez les Amérindiens lors des invasions des européens, chez les esclaves noirs par la suite...

Défis et limites du récit paléogénétique

On décèle dans l'organisation de l'ouvrage l'intention de Reich de mobiliser l'analyse de l'ADN ancien pour construire un récit macro-social de l'histoire humaine. Mais l'ambition du paléogénéticien américain se heurte à quelques freins importants qui transparaissent dans les chapitres sur l'Asie et l'Océanie, sur les Amériques et sur l'Afrique. Il y a d'abord les freins institutionnels de régulation de l'accès aux fouilles. L'interdiction par les autorités chinoises et japonaises d'exporter du matériel biologique du territoire national limite sensiblement le propos de Reich. L'analyse la plus marquante (dont on saisit davantage la portée scientifique et politique à partir d'un récent article d'investigation du *New York Times* (Lewis-Kraus 2019)) concerne la découverte du rôle précurseur des migrants du continent asiatique dans le peuplement et la diffusion de la civilisation Lapita sur les îles du Pacifique. En effet, on a longtemps cru, par erreur, que les premiers flux migratoires vers ces îles venaient de Papouasie-Nouvelle-Guinée, d'autant plus que les polynésiens portent aujourd'hui majoritairement cet héritage génétique et phénotypique.

La difficulté d'accès aux fouilles se pose également, en termes légaux mais aussi déontologiques, pour les populations amérindiennes, soucieuses de maîtriser leur récit ancestral. Limités dans leur exercice, les paléogénéticiens parviennent néanmoins à établir quelques conclusions fortes. L'une, bien connue des linguistes et des archéologues, porte sur le peuplement des Amériques, il y a treize mille ans. Celui-ci, contrairement à l'Eurasie, s'est fait rapidement, en l'espace d'un millénaire, établissant une population ancestrale dont les ramifications postérieures et locales ont produit la diversité culturelle et linguistique observable encore aujourd'hui. L'autre, plus controversée, concerne les traces génétiques localisées dans quelques tribus amazoniennes d'un peuplement plus ancien de migrants venus de l'Asie du sud-est établissant ainsi un lien de parenté avec les populations océaniques. Enfin, la découverte inattendue d'allers-retours sur le détroit de Béring qui place les Tchouktches de l'Extrême-Orient russe comme descendants, et non pas ancêtres, des premiers amérindiens.

Les mystères du peuplement du continent africain ne se dissipent que très partiellement sous le traitement de l'ADN ancien. Le climat continental détériore les traces génétiques et les forts mélanges de populations très anciennes auxquelles se superposent des mélanges postérieurs tout aussi importants rendent le décryptage difficile. Le récit de Reich se borne ainsi à corroborer les vagues de migrations

d'agriculteurs du nord vers le sud il y a environ quatre mille ans que l'on distingue clairement encore aujourd'hui dans l'héritage des grandes groupes linguistiques présents sur le continent : Afro-asiatique, Nilo-saharien, Nigéro-congolais et Khoïsan.

Sur les trois ou quatre derniers millénaires le récit de Reich s'amincit. Face aux connaissances sur cette longue période richement documentée, la force de frappe de la paléogénétique reste limitée. Elle l'est aussi du fait de l'explosion démographique et, par extension, du haut niveau de mélanges génétiques pour lesquels les échantillons et les techniques sont aujourd'hui défaillants, sûrement pas pour longtemps. Le lecteur avisé apprendra davantage sur l'apport de la génétique aux connaissances des sociétés contemporaines dans d'autres ouvrages comme celui du sociologue Dalton Conley et de l'économiste Jason Fletcher (2018).

La paléogénétique à l'assaut de la préhistoire

Reich est un ardent avocat de son art. Dès les premières pages du livre, il signale l'ambition de faire de son laboratoire à l'Université de Harvard une usine génomique dans l'objectif de développer à l'échelle industrielle les techniques qu'il a apprises dans le laboratoire à Leipzig de Svante Pääbo, le pionnier de la paléogénétique contemporaine. C'est chose faite puisque le laboratoire de Reich, avec ceux de Pääbo et de Johannes Krause (ancien doctorant de ce dernier), à Jena, constituent à présent le passage obligé pour le chercheur en possession de spécimens génétiques et désireux d'accéder au Graal scientifique, la publication dans les premières revues mondiales.

Le pré-cité article du *New York Times* décrit longuement comment ce modèle oligopolistique bouscule les conditions pratiques de la recherche en paléontologie. Ce qui ne diminue en rien le potentiel disruptif de l'analyse de l'ADN ancien, capable d'apporter des pièces empiriques incontournables et de trancher un certain nombre de débats qui animent archéologues, anthropologues, linguistes et historiens. Or le savoir produit par ces disciplines reste essentiel à l'interprétation des indicateurs génétiques qui, autrement, risquent de gommer les différences des populations aux contours linguistiques, culturels et sociaux flous. À quoi pourrait s'ajouter d'autres contraintes pour la réalisation du travail scientifique : par exemple, dans le contexte politique de l'Inde contemporaine, l'impératif de neutraliser la portée symbolique des migrations de pastoralistes du Caucase par le choix d'étiquettes neutres.

Si Reich semble conscient des limites explicatives d'une approche portée essentiellement par les avancées technologiques de l'analyse génétique, il n'est pas moins convaincu du poids de ce travail : *"We geneticists may be the barbarians coming late to the study of the human past, but it is always a bad idea to ignore barbarians"* (p. 128). Au lecteur d'apprécier.

Références

- Conley, Dalton et Jason Fletcher, *The Genome Factor: What the Social Genomics Revolution Reveals About Ourselves, Our History and Our Future*, Princeton University Press, Princeton: 2017.
- Lewis-Kraus, Gideon, "Is Ancient DNA Research Revealing New Truths — or Falling Into Old Traps?" *New York Times Magazine*, 17 Janvier 2019.

Publié dans lavedesidees.fr le 6 janvier 2020