



HAL
open science

La pré- et protohistoire de l'Europe révélée par la paléogénomique

Eva-Maria Geigl

► **To cite this version:**

Eva-Maria Geigl. La pré- et protohistoire de l'Europe révélée par la paléogénomique. HISTOIRE DE LA RECHERCHE CONTEMPORAINE - L'Archéologie entre l'humain et les espaces, Tome IX - n°2, pp.139-141, 2021, 10.4000/hrc.4808 . hal-03377084

HAL Id: hal-03377084

<https://hal.science/hal-03377084v1>

Submitted on 14 Oct 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.

La pré- et protohistoire de l'Europe révélée par la paléogénomique

The pre- and protohistory of Europe revealed by paleogenomics

Eva-Maria Geigl

p. 139-141

<https://doi.org/10.4000/hrc.4808>

Abstract

La paléogénomie permet de suivre les migrations humaines par l'analyse ADN des tissus humains ou des dents et ainsi la découverte des Denisoviens, contemporains des Néandertaliens, métissés avec l'homo sapiens.

Paleogenomics makes possible to follow human migrations by DNA analysis of human tissues or teeth and thus the discovery of Denisovans, contemporaries of Neanderthals, mixed with homo sapiens.

Mots-clés : paléogénomie ADN, Denisoviens

Keywords: paleogenomic, DNA, Denisovans

[Top of page](#)

Chaque individu porte en soi une partie de l'histoire de ses ancêtres. Celle-ci est inscrite dans son génome, l'ensemble de l'information génétique contenue dans les cellules. L'ADN mitochondrial, le génome de petits organites cellulaires produisant l'énergie pour la cellule, est transmis de la mère aux descendants et raconte donc l'histoire de la lignée maternelle alors que le chromosome Y, présent uniquement chez les hommes, raconte l'histoire de la lignée paternelle – et les deux histoires sont souvent différentes dues aux différences de comportement spécifique aux deux sexes, comme par exemple les traditions matrimoniales. Le génome nucléaire quant à lui contient l'information de tous les ancêtres ainsi que l'information sur la morphologie, le fonctionnement et le développement de chaque individu. Le déchiffrement de cette information, le séquençage, nous donne la clé à la compréhension du monde du vivant et de son évolution.

Depuis qu'il est possible d'extraire et d'analyser l'ADN préservé dans des tissus d'individus ayant vécu dans le passé, surtout leurs ossements et leurs dents, de grands volumes de données paléogénomiques ont été produites qui ont enrichi nos connaissances sur l'évolution récente de notre espèce ainsi que l'histoire du peuplement de la planète, les migrations et les métissages. Elles nous ont permis de mieux connaître la population des Néandertaliens qui ont peuplé l'Europe et l'Asie de

d'Européens. C'était donc un événement crucial de l'histoire du peuplement européen alors que les migrations qui ont suivi à l'Âge du Fer et pendant les « invasions barbares », les grands mouvements migratoires des populations germaniques, ne représentaient que des mouvements au sein d'une population européenne déjà constitué génétiquement sans important apport génétique externe nouveau. Les Européens actuels sont donc les descendants de multiples événements de métissage entre les *Homo sapiens* africains et les Néandertaliens, puis entre de multiples populations ayant migré en Europe et en Asie.

Bibliographie :

Génome néandertalien

PRÜFER K., DE FILIPPO C., GROTE S., MAFESSONI F., KORLEVIC P., HAJDINJAK M., VERNOT B., SKOV L., HSIEH P., PEYREGNE S., REHER D., HOPFE C., NAGEL S., MARICIC T., FU Q., THEUNERT C., ROGERS R., SKOGLUND P., CHINTALAPATI M., DANNEMANN M., NELSON B.J., KEY F.M., RUDAN P., KUCAN Z., GUSIC I., GOLOVANOVA L.V., DORONICHEV V.B., PATTERSON N., REICH D., EICHLER E. E., SLATKIN M., SCHIERUP M.H., ANDRES A.M., KELSO J., MEYER M., PÄÄBO S., 2017. A high-coverage Neandertal genome from Vindija Cave in Croatia. *Science* 358, p. 655-658.

Génome dénisovien

MEYER M., KIRCHER M., GANSAUGE M.T., LI H., RACIMO F., MALLICK S., SCHRAIBER J.G., JAY F., PRUFER K., DE FILIPPO C., SUDMANT P.H., ALKAN C., FU Q., DO R., ROHLAND N., TANDON A., SIEBAUER M., GREEN R.E., BRYC K., BRIGGS A.W., STENZEL U., DABNEY J., SHENDURE J., KITZMAN J., HAMMER M.F., SHUNKOV M.V., DEREVIANKO A.P., PATTERSON N., ANDRES A.M., EICHLER E.E., SLATKIN M., REICH D., KELSO J., PÄÄBO S., 2012. A high-coverage genome sequence from an archaic Denisovan individual. *Science* 338, p. 222-226.

Génome et morphologie dénisovien

BENNETT E.A., CREVECOEUR I., VIOLA B., DEREVIANKO A.P., SHUNKOV M.V., GRANGE T., MAUREILLE B., GEIGL E.-M., 2019 Morphology of the Denisovan phalanx closer to modern humans than to Neanderthals. *Science Advances* 5: eaaw3950 4.

Impact du métissage dénisovien

HUERTA-SANCHEZ E., JIN X., ASAN, BIANBA Z., PETER B.M., VINCKENBOSCH N., LIANG Y., YI X., HE M., SOMEL M., NI P., WANG B., OU X., HUASANG, LUOSANG J., CUO Z.X., LI K., GAO G., YIN Y., WANG W., ZHANG X., XU X., YANG H., LI Y., WANG J., NIELSEN R., 2014. Altitude adaptation in Tibetans caused by introgression of Denisovan-like DNA. *Nature* 512, p. 194-197.

Génomés de l'ère glaciaire

FU Q., POSTH C., HAJDINJAK M., PETR M., MALLICK S., FERNANDES D., FURTWANGLER A., HAAK W., MEYER M., MITTNIK A., NICKEL B., PELTZER A., ROHLAND N., SLON V., TALAMO S., LAZARIDIS I., LIPSON M., MATHIESON I., SCHIFFELS S., SKOGLUND P., DEREVIANKO A.P., DROZDOV N., SLAVINSKY V., TSYBANKOV A., CREMONESI R.G., MALLEGNI F., GELY B., VACCA E., MORALES M.R., STRAUS L. G., NEUGEBAUER-MARESCH C., TESCHLER-NICOLA M., CONSTANTIN S., MOLDOVAN O.T., BENAZZI S., PERESANI M., COPPOLA D., LARI M., RICCI S., RONCHITELLI A., VALENTIN F., THEVENET C., WEHRBERGER K., GRIGORESCU D., ROUGIER H., CREVECOEUR I., FLAS D., SEMAL P., MANNINO M.A., CUPILLARD C., BOCHERENS H., CONARD N.J., HARVATI K., MOISEYEV V., DRUCKER D.G., SVOBODA J., RICHARDS M.P., CAMELLI D., PINHASI R., KELSO J., PATTERSON N., KRAUSE J., PÄÄBO S., REICH D., 2016. The genetic

history of Ice Age Europe. *Nature* 534, p. 200-205.

Génomes des premiers agriculteurs néolithiques proche-orientaux

LAZARIDIS I., NADEL D., ROLLEFSON G., MERRETT D.C., ROHLAND N., MALLICK S., FERNANDES D., NOVAK M., GAMARRA B., SIRAK K., CONNELL S., STEWARDSON K., HARNEY E., FU Q., GONZALEZ-FORTES G., JONES E.R., ROODENBERG S.A., LENGYEL G., BOCQUENTIN F., GASPARIAN B., MONGE J. M., GREGG M., ESHED V., MIZRAHI A.S., MEIKLEJOHN C., GERRITSEN F., BEJENARU L., BLUHER M., CAMPBELL A., CAVALLERI G., COMAS D., FROGUEL P., GILBERT E., KERR S.M., KOVACS P., KRAUSE J., MCGETTIGAN D., MERRIGAN M., MERRIWETHER D.A., O'REILLY S., RICHARDS M.B., SEMINO O., SHAMOON-POUR M., STEFANESCU G., STUMVOLL M., TONJES A., TORRONI A., WILSON J.F., YENGO L., HOVHANNISYAN N.A., PATTERSON N., PINHASI R., REICH D., 2016. Genomic insights into the origin of farming in the ancient Near East. *Nature* 536, p. 419-424.

Néolithique, Âge du Bronze et Âge du Fer en France

BRUNEL S., BENNETT E.A., CARDIN L., GARRAUD D., BARRAND EMAM H., BEYLIER A., BOULESTIN B., CHENAL F., CIESELSKI E., CONVERTINI F., DEDET B., DESENNE S., DUBOULOZ J., DUDAY H., FABRE V., GAILLEDRAT E., GANDELIN M., GLEIZE Y., GOEPFERT S., GUILAINE J., HACHEM L., ILETT M., LAMBACH F., MAZIERE F., PERRIN B., PLOUIN S., PINARD E., PRAUD I., RICHARD I., RIQUIER V., ROURE R., SENDRA B., THEVENET C., THIOL S., VAUQUELIN E., VERGNAUD L., GRANGE T., GEIGL E.-M., PRUVOST M. 2020. Ancient genomes from present-day France unveil 7,000 years of its demographic history. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, sous presse.

Migrations et métissages des pasteurs des steppes

HAAK W., LAZARIDIS I., PATTERSON N., ROHLAND N., MALLICK S., LLAMAS B., BRANDT G., NORDENFELT S., HARNEY E., STEWARDSON K., FU Q., MITTNIK A., BANFFY E., ECONOMOU C., FRANCKEN M., FRIEDERICH S., PENA R.G., HALLGREN F., KHARTANOVICH V., KHOKHLOV A., KUNST M., KUZNETSOV P., MELLER H., MOCHALOV O., MOISEYEV V., NICKLISCH N., PICHLER S.L., RISCH R., ROJO GUERRA M.A., ROTH C., SZECSENYI-NAGY A., WAHL J., MEYER M., KRAUSE J., BROWN D., ANTHONY D., COOPER A., ALT K.W., REICH D., 2015. Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature* 522, p. 207-211.

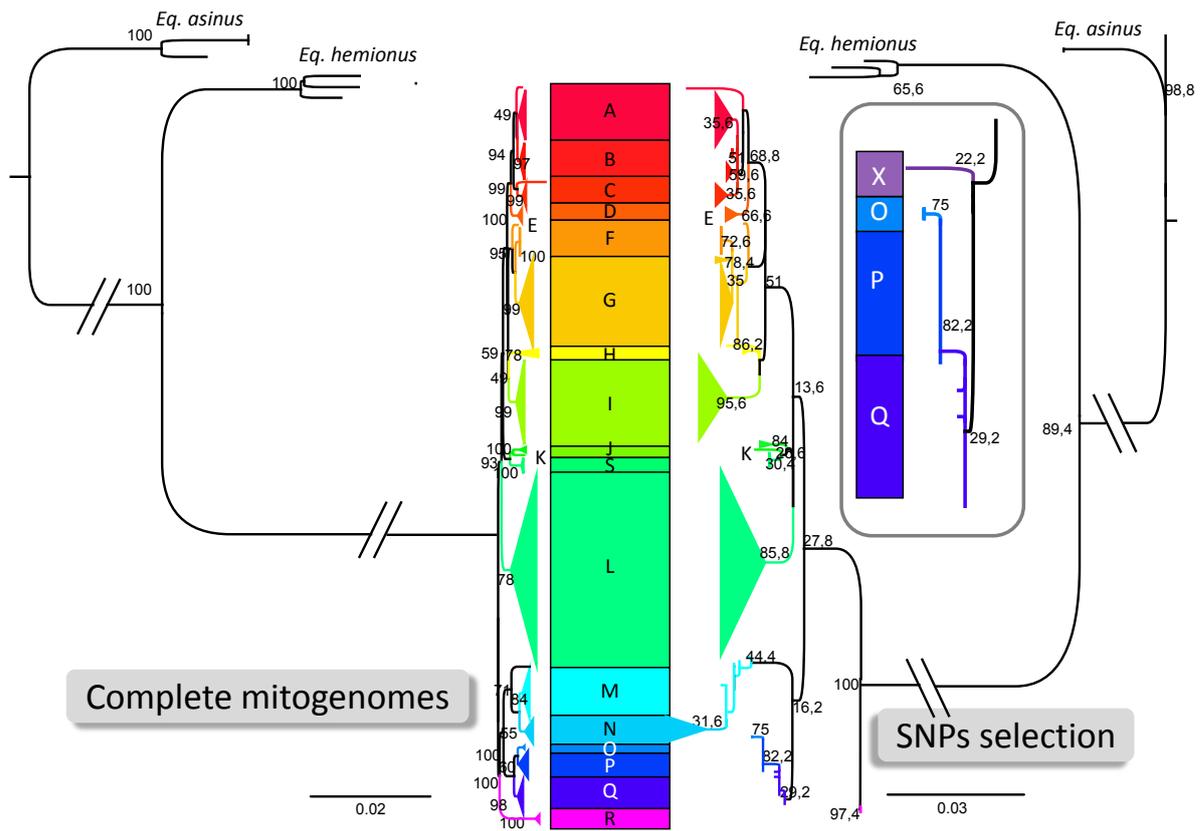


Fig. 1 : Schéma d'un modèle de phylogénie de populations néandertaliennes, dénisoviennes et d'Humains anatomiquement modernes sur les dernières 1.400.000 années déduit à partir des génomes nucléaires (enveloppe verte) et des mitogénomes (lignes rouges). L'axe vertical représente le temps en milliers d'années (ka). Les marqueurs à gauche indiquent les moyennes des estimations de dates de divergence entre les populations et les barres d'erreurs les intervalles de confiance (à 95%). Les événements de flux géniques déduits à partir des génomes sont indiqués avec des flèches pointillées vertes. Selon Fig. 1 dans Bennett et al., 2019.

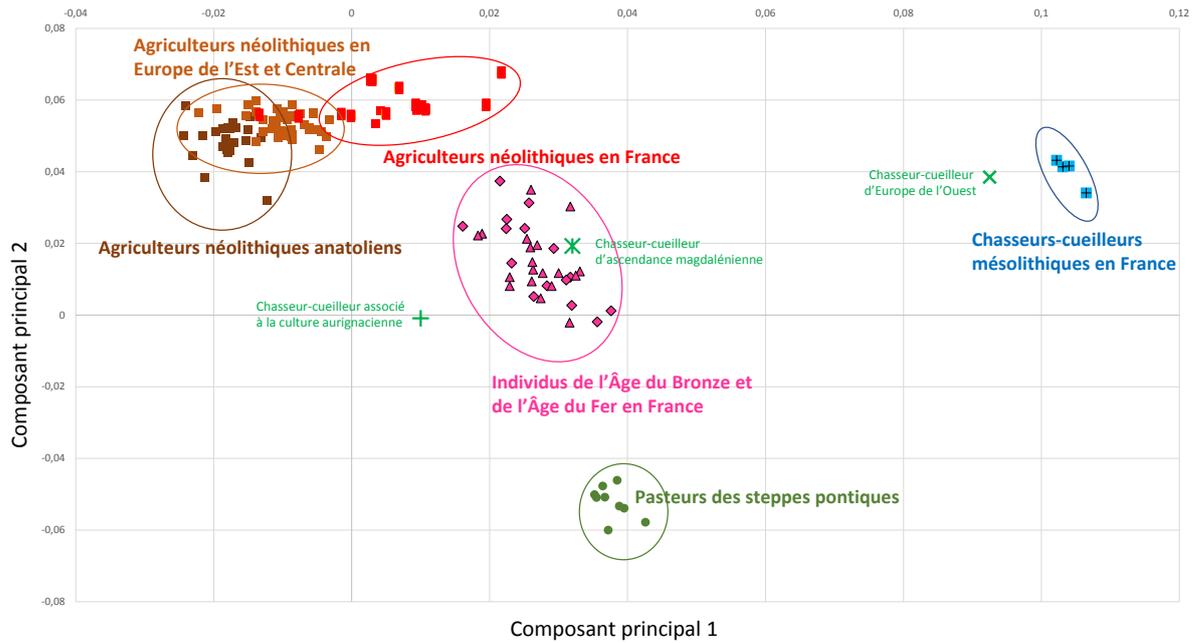


Fig. 2 : Analyse en composantes principales de l'information génomique sur des populations consistant d'individus enterrés dans des contextes mésolithiques en France (bleu), néolithiques en Anatolie (marron foncé), néolithiques en Europe de l'Est et Centrale (marron clair), néolithiques en France (rouge), de l'Âge du Bronze et l'Âge du Fer en France (rose), nomades Yamnaya des steppes pontiques (vert), ainsi que trois individus du Pléistocène (vert clair) d'un contexte aurignacien belge (GoyetQ116), magdalénien belge (GoyetQ2) et mésolithique italien (Villabruna) (crédit : Oguzhan Parasayan). Fu et al., 2016 ; Lazaridis et al., 2016 ; Fu et al., 2016 ; Haak et al., 2015 ; Brunel et al., 2020.