



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-03377084>

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

l'Ouest depuis au moins 200,000 à environ 30,000 ans ainsi que leurs relations avec nos ancêtres directs, les humains anatomiquement modernes *Homo sapiens*. Ceux-ci ont évolué en Afrique, l'ont quitté à plusieurs reprises (la sortie la plus réussie ayant lieu autour de 65.000 ans), et ont migré vers l'Asie et l'Europe. La séquence du génome néandertalien a permis d'identifier qu'il y a eu métissage entre ces populations dans un passé pas trop lointain, autour d'il y a environ 60,000 ans. Les conséquences de ce métissage sont encore visibles actuellement. En effet, chaque Européen, Asiatique et Amérindien porte dans son génome une partie du génome néandertalien. Certaines régions génomiques de ces populations actuelles montrent que dans le passé, elles se trouvaient sous sélection positive, c'est-à-dire, qu'elles ont dû procurer, pendant le Pléistocène, un avantage aux porteurs des variants génétiques ou allèles néandertaliens. Ceci concernait le métabolisme, le système immunitaire, l'adaptation à un climat froid, etc. En revanche, aujourd'hui, certains de ces allèles peuvent poser problèmes et causer des maladies qui sont, par exemple, dues aux changements du régime alimentaire par rapport à celui des êtres humains au Pléistocène.

Le séquençage du génome préservé dans un minuscule fragment d'une phalange trouvée dans la grotte de Denisova, dans l'Altaï en Sibérie du Sud, a bouleversé notre image de l'Asie du Pléistocène supérieur car il a révélé l'existence d'une population inconnue des paléanthropologues ayant vécu en Asie en même temps que les Néandertaliens et avec un ancêtre commun qui date d'environ 400.000 ans – et le métissage aussi bien avec ces derniers qu'avec les êtres humains anatomiquement modernes. Les Denisoviens, comme cette population énigmatique a été appelée, portaient un génome mitochondrial témoignant d'une population encore plus archaïque avec laquelle ils se seraient croisés. Les descendants du métissage entre Denisoviens et êtres humains anatomiquement modernes ayant migré vers l'Asie du Sud-est ont ensuite colonisé la Polynésie et l'Australie et on trouve encore aujourd'hui des traces de ce métissage dans les génomes des Mélanésiens, des Aborigènes d'Australie et, dans une moindre mesure, dans les populations d'Asie orientale sous forme de certains allèles d'origine dénisovienne, comme celui qui est responsable chez les Tibétains de leur adaptation à une vie en extrême altitude.

La paléogénomique est aussi en train de caractériser les événements évolutifs et migratoires des êtres humains au Pléistocène supérieur, des premiers colons de l'Europe qui, après métissage avec les Néandertaliens, ont inventé la culture aurignacienne. Celle-ci a remplacé après des milliers d'années de coexistence la culture moustérienne néandertalienne en même temps que les Néandertaliens ont disparus. Les génomes d'individus du Pléistocène supérieur sont encore peu nombreux, mais ils racontent déjà les relations entre des populations et leurs migrations sur les derniers 40.000 ans, à la période de la culture aurignacienne, gravettienne, magdalénienne, et celles qui ont suivi.

L'analyse de génomes partiels d'individus de la pré- et protohistoire de l'Holocène nous a renseigné sur les plus grandes migrations et mélanges qui ont eu lieu au cours des 10 derniers millénaires. Nous avons donc appris que les premiers agriculteurs néolithiques d'Anatolie, eux-mêmes mélangés avec les agriculteurs néolithiques du Levant et de l'Iran, ont migré vers l'Europe et introduit l'agriculture et les animaux et plantes domestiqués. Sur leur chemin de migration et sur les endroits où ils se sont installés, ils se sont mélangés au fil du temps avec les chasseurs-cueilleurs autochtones des différentes régions européennes. Quelques millénaires plus tard, à l'Âge du Bronze, des peuplades nomades des steppes européennes (Yamnaya) ont quitté leur territoire et ont colonisé l'Europe où ils se sont mélangés avec les agriculteurs néolithiques. Cette migration a eu des conséquences importantes en Allemagne, Angleterre, mais aussi en France et, par endroit, en Espagne, puisque leurs génomes ont remplacé jusqu'à trois quarts des génomes des agriculteurs néolithiques et leurs chromosomes Y ont largement remplacé ceux des agriculteurs néolithiques européens. Jusqu'aujourd'hui, c'est le chromosome Y des nomades des steppes qui dominent les lignées paternelles chez un grand nombre

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.

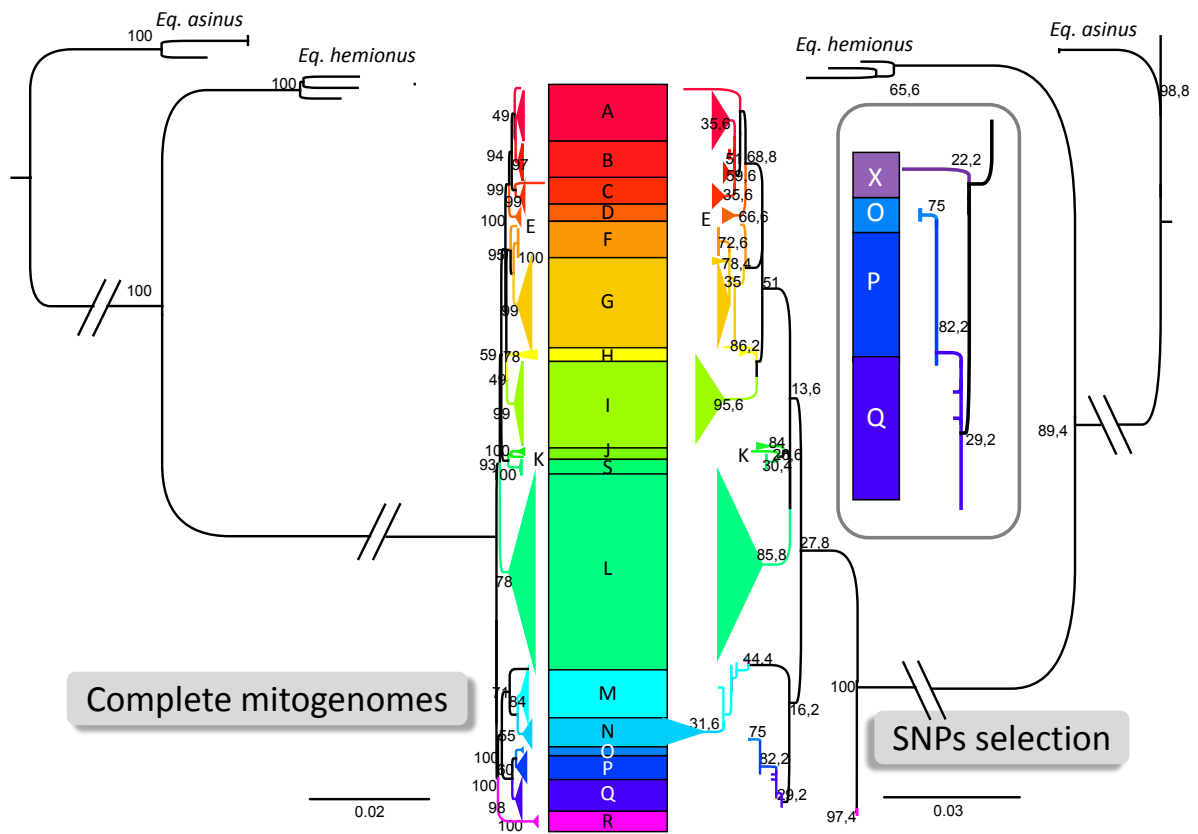


Fig. 1 : Schéma d'un modèle de phylogénie de populations néandertaliennes, dénisoviennes et d'Humains anatomiquement modernes sur les dernières 1.400.000 années déduit à partir des génomes nucléaires (enveloppe verte) et des mitogénomes (lignes rouges). L'axe vertical représente le temps en milliers 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.

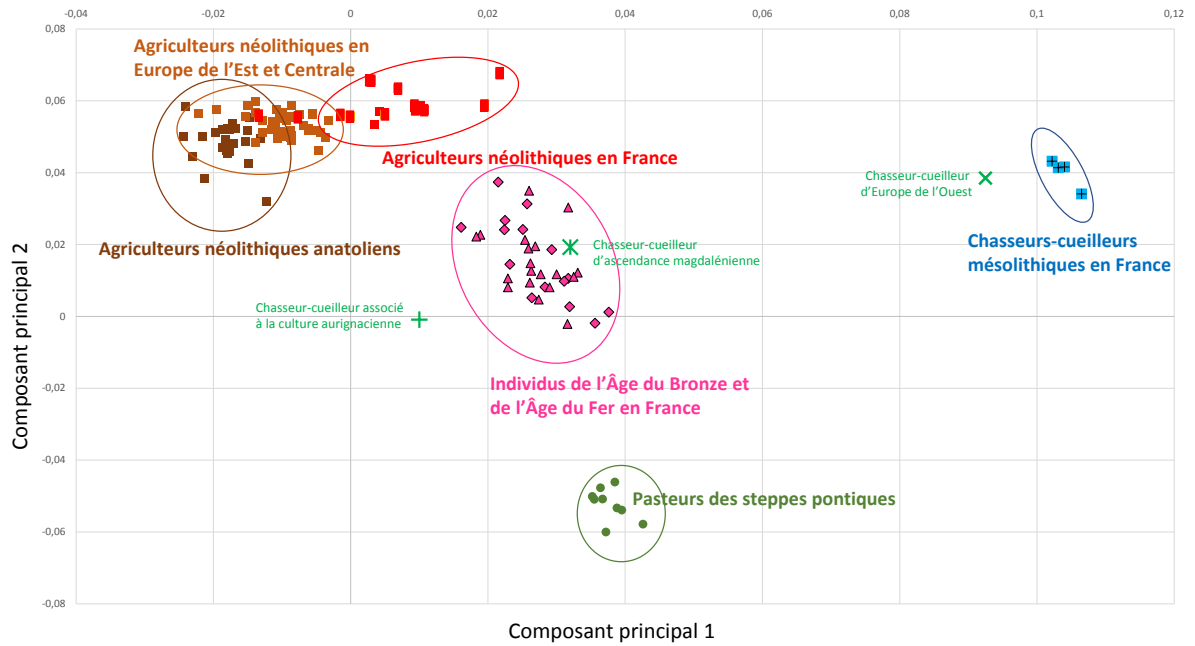


Fig. 2 : Analyse en composantes principales de l'information génomique sur des populations consistant d'individus enterrés dans des contextes mésolithiques en France (bleu), néolithiques en Anatolie (marron foncé), néolithiques en Europe de l'Est et Centrale (marron clair), néolithiques en France (rouge), 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.