

Denisova

notre cousin d'Asie sort de l'ombre

Il y a dix ans, des paléogénéticiens ont découvert une nouvelle espèce humaine fossile, l'homme de Denisova, uniquement grâce à de l'ADN ancien conservé dans une phalange retrouvée dans l'Altai. Mais pourquoi ce cousin n'avait-il pas laissé de fossiles plus imposants ? En fait, ils étaient sous nos yeux...

L'ESSENTIEL

> En 2010, l'analyse génétique d'un morceau de phalange retrouvé dans une grotte de l'Altai a montré qu'il existait une troisième espèce humaine en Eurasie au Paléolithique : l'homme de Denisova.

> De nouveaux indices génétiques et des fossiles – la plupart négligés jusqu'à présent – commencent à donner figure à ces Denisoviens.

> Il semble qu'une même espèce ancestrale paneurasienne a conduit à deux espèces sœurs anatomiquement proches : les Néandertaliens à l'ouest et les Denisoviens à l'est.

L'AUTEUR



JEAN-JACQUES HUBLIN
dirige le département
Évolution humaine
de l'institut Max-Planck
d'anthropologie
évolutive, à Leipzig.
Depuis 2014, il est professeur
invité au Collège de France.

Cette Denisovienne a les traits
qu'une équipe de généticiens
de l'université hébraïque de
Jérusalem a tenté de déduire
du génome des Denisoviens.

A Leipzig, la cafétéria de l'institut Max-Planck d'anthropologie évolutionnaire bruisse souvent des rumeurs annonçant la publication d'une découverte majeure. Il

faut dire qu'elles se succèdent à un rythme étourdissant depuis la fondation de cet institut. Pour autant, l'année 2010 reste marquée dans les mémoires par une agitation exceptionnelle autour du buffet des crudités. Car 2010 fut d'abord l'année du décryptage du génome d'*Homo neanderthalensis*; puis celle de la découverte d'un type complètement nouveau d'homme fossile par des moyens jusqu'à inédits : le séquençage de traces d'ADN dans un minuscule fragment d'os !

Depuis quelques années déjà, la grande aventure de la paléogénétique – c'est-à-dire de l'étude de l'ADN d'organismes du passé ancien – avait pris son essor à l'institut, conduite par mon collègue Svante Pääbo. Elle s'est d'abord concentrée sur une très petite portion du génome de l'homme de Néandertal avec l'analyse de l'ADN mitochondrial – l'ADN contenu dans les mitochondries, des organites localisées en dehors du noyau cellulaire. Puis, pour la première fois, autour de Richard Green, David Reich et Svante Pääbo, une équipe de l'institut a décrypté les chromosomes d'*Homo neanderthalensis* puis publié en mai 2010 la découverte dans un article retentissant de la revue *Science*.

Retentissant, car décrypter l'ADN nucléaire ancien est longtemps resté une gageure. Après

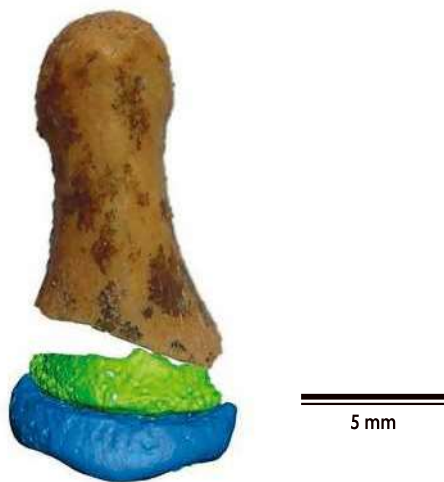
la mort d'un organisme, alors que la machinerie cellulaire s'est arrêtée, les rubans de l'ADN en effet se brisent en de multiples fragments, qui se mélangent très vite à des milliards d'autres provenant notamment des génomes d'une myriade d'organismes nécrophages (bactéries, champignons...) venus consommer le cadavre. Toutefois, après des années de recherches, les paléogénéticiens ont appris à trier puis à reconstituer la composition de cet ADN fossile (lire l'encadré Paléogénétique mode d'emploi page 32) à condition qu'il se soit conservé dans un milieu frais ou froid (en zone tropicale, il est vite dégradé et détruit au-delà de quelques millénaires).

Ainsi, en 2013, Ludovic Orlando, alors au Muséum d'histoire naturelle de Copenhague, a réussi avec l'équipe danoise à restituer le plus ancien ADN fossile connu, qui provient des restes gelés d'un cheval vieux de 700 000 ans découverts au nord-ouest du Canada. Par son climat, la Sibérie était également toute désignée pour la recherche de génomes anciens. En 2007, une équipe de l'institut, dont je faisais partie, a pu démontrer grâce à la paléogénétique la présence, il y a plus de 40 000 ans, de Néandertaliens dans une grotte de l'Altai sibérien (voir l'arbre phylogénétique page 32). Leur domaine géographique s'en était alors trouvé brutalement étendu de plus de 2 000 kilomètres vers l'est. C'est ainsi que nos collègues russes envoyèrent à Leipzig de nouveaux échantillons, et en particulier un morceau de phalange humaine, vieille de 52 000 à 76 000 ans et provenant d'un autre site de l'Altai en cours de fouille depuis de nombreuses années, celui de Denisova.

UN GROUPE FRÈRE DES NÉANDERTALIENS DANS L'ALTAÏ

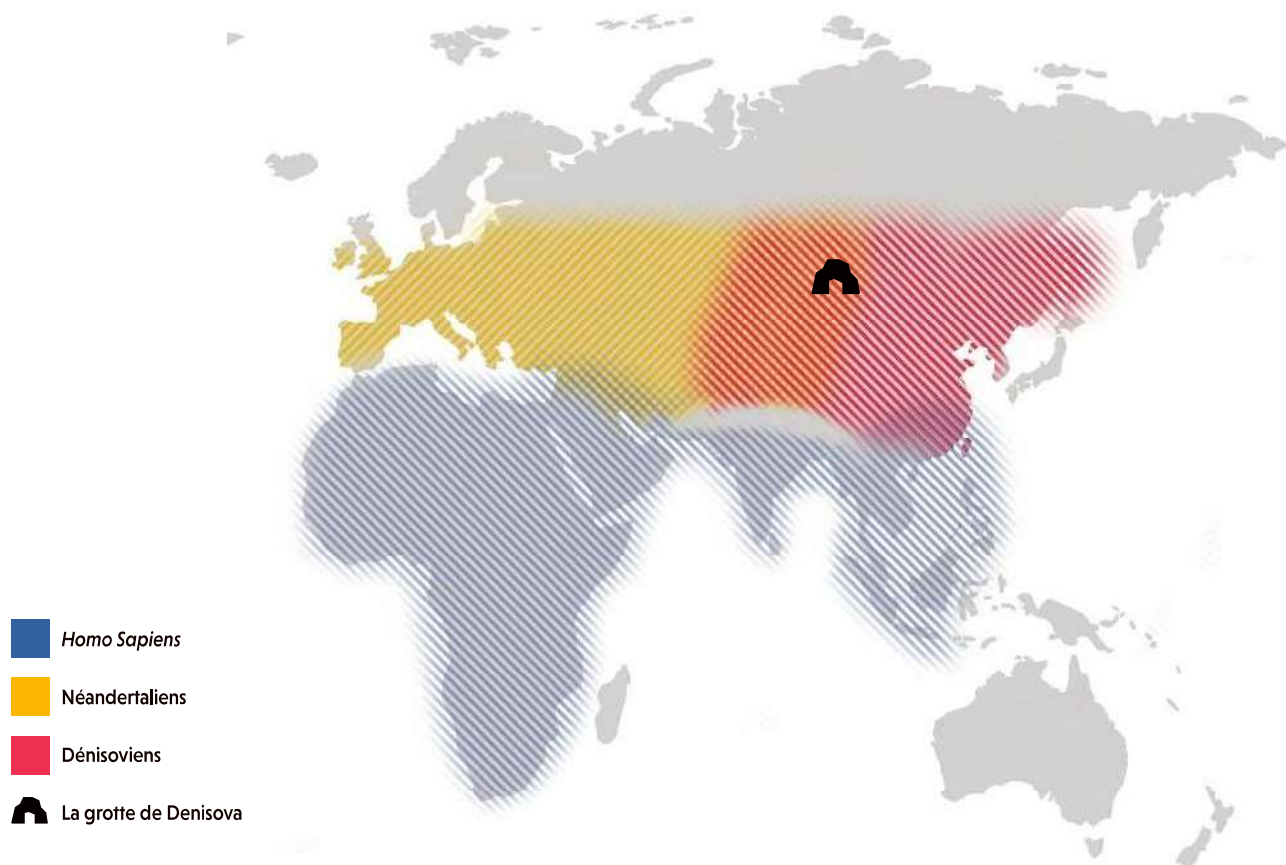
La grotte de Denisova est froide : 5 à 10 degrés l'été, -10 à -15 l'hiver, et l'ADN s'y conserve magnifiquement. Lorsque les paléogénéticiens de l'institut firent parler ce minuscule morceau d'os, il livra une histoire extraordinaire. Son ADN mitochondrial n'était ni celui d'un *Homo sapiens*, ni celui d'un Néandertal, c'était apparemment celui d'un être, dont la lignée avait, estimait-on, divergé de notre buisson évolutif il y a 1 million d'années environ.

L'ADN mitochondrial, rappelons-le, ne donne qu'une information très partielle, et parfois même trompeuse. Sauf cas tout à fait exceptionnel, ce bout de génome logé dans les mitochondries (les « centrales énergétiques » des cellules) n'est transmis que par la mère à sa descendance et surtout, il ne se recombine pas lors de chaque reproduction (ne se « mélange » pas avec le génome paternel). C'est ainsi que des lignées mitochondriales peuvent se perdre complètement, ou encore être



RECONSTITUTION D'UNE PHALANGE

En 2010, les paléogénéticiens de l'Institut d'anthropologie évolutive de Leipzig ont découvert le génome d'énisovien dans un petit morceau de cette phalange (partie bleue et verte). Récemment, une équipe de l'institut Jacques-Monod de Paris et de l'université de Bordeaux a réuni ce spécimen fossile à un autre fragment osseux provenant de la grotte de Denisova et ainsi reconstitué la célèbre phalange.



AIRES DE RÉPARTITION DES FORMES HUMAINES DANS L'ANCIEN MONDE

Les aires de répartition vraisemblables des Dénisoviens, Néandertaliens et d'*Homo sapiens*, avant que cette dernière forme ne se répande dans tout l'Ancien Monde. Les Néandertaliens et Dénisoviens ont été en contact à plusieurs reprises dans la région de la grotte de Denisova, située à la marge de leurs territoires respectifs. Il y a 70 000 ans, *H. sapiens* sorti d'Afrique avait déjà atteint le Sud-Est asiatique.

transmises à une autre espèce lors d'un épisode d'hybridation. Mais l'année 2010 se clôture avec la nouvelle publication d'une équipe internationale conduite par Svante Pääbo, qui, elle, décrivait le génome presque entier de cet homme d'autant plus mystérieux que son anatomie restait inconnue. Ce pas fut décisif.

Car l'ADN nucléaire (celui des chromosomes logé dans le noyau cellulaire) de la phalange nommée Denisova 3 livra une information très riche. D'abord, ce « Dénisovien » était une Dénisovienne, une fillette encore loin de l'âge adulte d'après la taille de l'os. Surtout, la comparaison de son ADN nucléaire avec, d'une part, celui des hommes actuels et, d'autre part, celui des Néandertaliens, montrait qu'il s'agissait en fait d'un « groupe frère » de ces derniers. Les deux lignées s'étaient séparées l'une de l'autre il y a entre 473 000 et 380 000 ans, donc plus récemment que le point de divergence de ces formes eurasiennes avec la lignée africaine à l'origine des hommes actuels, daté aujourd'hui, d'après l'horloge moléculaire, autour de 650 000 ans.

Mais du côté des paléanthropologues, la frustration régnait : un bout de phalange est

un bien maigre fossile à étudier ! L'article de Richard Green et de ses collègues en 2010 présentait bien la description d'une molaire humaine découverte sur ce site en 2000 et jusque-là négligée. Mais, mis à part son volume extraordinairement grand, il y avait assez peu à en dire. Dès lors que son ADN mitochondrial la désigna comme dénisovienne, un jeune chercheur de mon département, Bence Viola, consacra toute son énergie à son étude anatomique. Sa morphologie était certes curieuse, mais il s'agissait d'une troisième molaire supérieure, une dent de sagesse ➤



Les Dénisoviens sont génétiquement un « groupe frère » des Néandertaliens



> dont la forme est assez souvent excentrique. Par la suite, les fouilleurs de la grotte de Denisova travaillant sous la direction d'Anatoli Derevianko et de Michael Shunkov identifièrent quelques autres vestiges très fragmentaires: une dent de lait fort usée, une autre molaire supérieure de grande taille ne montrant pas les traits habituels des dents de Néandertaliens ou d'*Homo sapiens*.

Depuis, Bence Viola, maintenant à l'université de Toronto, a présenté un morceau de paroi crânienne découvert dans la strate 11, qui recèle les restes des derniers Denisoviens, et Isabelle Crèvecoeur, de l'université de Bordeaux, a analysé la morphologie des fragments réunis de la phalange fossile Denisova 3. Celle-ci ne montre pas l'élargissement caractéristique des phalanges néandertaliennes, mais une morphologie plus proche de celle des *Homo sapiens*. L'intérêt de ces découvertes réside surtout dans le fait qu'elles témoignent d'une longue occupation humaine de la grotte. L'agencement des niveaux archéologiques y a été souvent bouleversé par des conditions climatiques parfois extrêmes et les mélanges de couches sont fréquents. Cependant, la génétique comme les datations des sédiments indiquent que les Denisoviens y ont vécu par intermittence pendant au moins une centaine de milliers d'années entre il y a 250 000 et 45 000 ans.

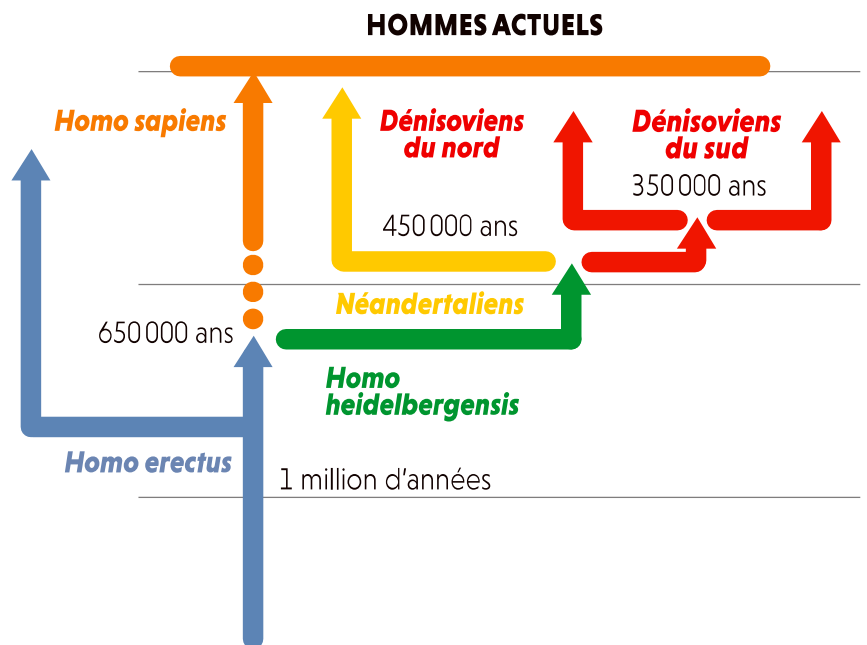
HYBRIDATION

Un autre résultat important livré par l'analyse de l'ADN nucléaire dénisovien est que ses traces sont toujours présentes dans certaines populations actuelles. On n'en a pas trouvé dans les populations d'Afrique et d'Europe, et très peu dans les populations d'Asie continentale (de l'ordre de 0,2%). Mais la contribution dénisovienne peut représenter 3 à 5 % du génome de certaines populations de Mélanésie et d'Australie. Les ancêtres des Papous et des Aborigènes australiens arrivés d'Afrique il y a plus de 50 000 ans, ont donc forcément dû rencontrer des Denisoviens sur leur chemin. Et le plus probable est que cette rencontre a eu lieu dans le sud ou le sud-est de l'Asie, il y a environ 50 000 à 100 000 ans (voir la carte page 31). Cela démontrait que les Denisoviens avaient eu une répartition très étendue, et que l'Altaï en représentait la marge plutôt que le centre. Cette position en zone frontière de la grotte de Denisova fut confirmée par la découverte par les fouilleurs russes de quelques restes néandertaliens dans le site. Au cours du dernier interglaciaire (entre 130 000 et 80 000 ans avant le présent), une réduction de la taille de la mer Caspienne, des températures hivernales plus clémentes et des conditions plus humides dans le centre de l'Asie ont permis aux Néandertaliens de s'étendre

considérablement vers l'est et d'atteindre l'Altaï. Là, ils ont momentanément remplacé les Denisoviens et se sont même hybridés avec eux. Pour preuve, apportée par l'équipe de Svante Pääbo en 2019: un fragment d'os long vieux d'environ 90 000 ans trouvé dans le site, dernier reste d'une femme dont la mère était néandertalienne et le père dénisovien (même s'il devait aussi compter quelques lointains ancêtres néandertaliens).



La découverte de la mandibule de Xiahe: une histoire digne de «Tintin au Tibet»



ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE DES HOMMES FOSSILES

Trois formes humaines – *H. sapiens*, Néandertal et Denisova – se sont rencontrées en Eurasie pendant le Pléistocène supérieur (126 000 à 12 000 ans avant le présent). Néandertal a évolué surtout à l'ouest de l'Eurasie; Denisova surtout à l'est et en Asie du sud-est, où il a fondé une population distincte de celle du nord. Ces deux formes humaines sont sorties de l'*Homo heidelbergensis*, lui-même sorti de l'*Homo erectus*; *H. sapiens* est une espèce d'origine africaine récente.

Le contraste entre l'abondance d'informations génétiques et l'absence presque totale de données anatomiques sur les Dénisoviens était une situation totalement nouvelle dans le monde de la paléanthropologie, une discipline historiquement construite sur une succession de trouvailles de fossiles spectaculaires depuis la première découverte d'un squelette d'homme de Néandertal en 1856. Mais, en réalité, une question s'est rapidement imposée aux paléanthropologues: n'avions-nous pas déjà des Dénisoviens dans nos collections?

Pour la période allant de leur divergence des Néandertaliens, il y a environ 400 000 ans, jusqu'à l'arrivée d'*Homo sapiens* dans le nord de l'Asie vers 45 000 ans, il existe de nombreux fossiles humains en Chine. Longtemps, les tenants – chinois, pour la plupart – d'une origine locale des peuples d'Extrême-Orient les ont considérés comme des intermédiaires crédibles entre les *Homo erectus* (un *Homo* sorti d'Afrique il y a quelque 2 millions d'années) et les *Homo sapiens* de la région. Avec l'effondrement progressif de cette hypothèse de continuité régionale au profit de la théorie d'une origine africaine de notre espèce, on ne savait plus trop quoi en faire. Dès les premiers travaux sur les Dénisoviens, Chris Stringer du Muséum d'histoire naturelle de Londres et moi-même avons proposé ces fossiles, parfois très complets comme de très probables Dénisoviens. Mais faute de preuve par l'ADN on en était resté là.

UN DÉNISOVIE EN ALTITUDE

Rebondissement en juillet 2016: pendant de courtes vacances, je trouvais dans mes courriers électroniques une série de photographies fort troublantes. Un court message d'une collègue chinoise, Dongju Zhang de l'université de Lanzhou, accompagnait les images d'une demi-mandibule fossile provenant du plateau tibétain. Ce courriel fut le point de départ d'une collaboration des plus passionnantes avec Dongju Zhang et son collègue Fahu Chen. La pièce était clairement non *sapiens*. Elle était très robuste, dépourvue de menton et portait des dents énormes.

L'histoire de sa découverte est digne des aventures de *Tintin au Tibet*. Recueillie dans les années 1980 par un moine bouddhiste dans une grotte sanctuaire non loin de la ville de Xiahe, elle a été remise au «sixième Gung-Thang Bouddha vivant» au lieu d'être réduite en poudre à des fins médicinales comme c'était habituellement le cas pour les ossements fossiles récoltés dans la grotte. Le dignitaire religieux conserva la pièce quelque temps avant qu'elle ne soit finalement remise à un géologue chinois de ses connaissances et conservée à l'université de Lanzhou. Son origine précise dans la grotte restait inconnue,



LA MANDIBULE DE XIAHE

La mandibule de Xiahe est le premier fossile dénisovien substantiel jamais identifié. Il s'agit en fait d'une demi-mandibule, que les chercheurs ont reconstituée dans son entièreté ci-dessus par symétrie.



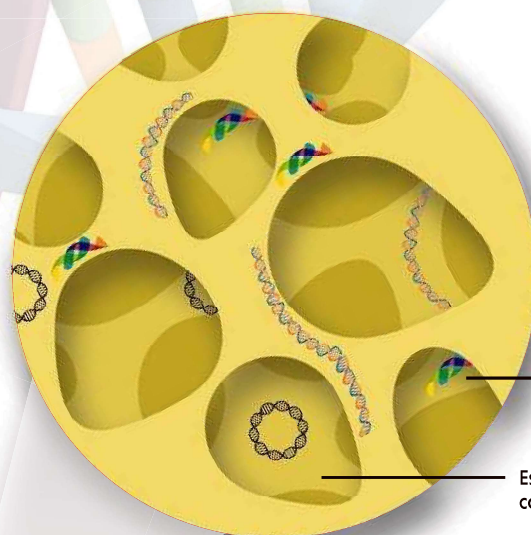
LA MANDIBULE DE PENGHU

La mandibule de Penghu, trouvée au fond de la mer de Chine, entre Taïwan et le continent, ressemble fortement à la mandibule dénisovienne de Xiahe. Elle est aussi très vraisemblablement dénisovienne.

mais heureusement l'os était encore inséré dans une gangue calcaire qu'il fut possible de dater grâce à la méthode de l'uranium-thorium. Les résultats donnèrent un âge de 160 000 ans. L'âge, la localisation géographique et les caractères morphologiques de ce fossile en faisaient un candidat idéal pour tester la présence des Dénisoviens en Chine.

Un des aspects extraordinaires de la découverte de Xiahe est que le karst de Baishiya où la pièce a été trouvée se situe à 3 300 mètres d'altitude. Jamais un homme fossile aussi ancien n'avait été mis au jour à une telle altitude. On pensait jusqu'alors que seuls des *Homo sapiens* avaient pu coloniser le plateau tibétain, et seulement il y a moins de 40 000 ans. Qiaomei Fu, une paléogénéticienne de l'institut de paléontologie des vertébrés et de paléanthropologie de Pékin, a d'abord tenté d'extraire de l'ADN ancien de la mandibule de Xiahe. Malheureusement sans succès, de sorte que nous nous sommes tournés vers une technique d'identification encore en développement, fondée sur les protéines. ➤

PALÉO- GÉNÉTIQUE MODE D'EMPLOI



ADN

Esquilles d'os
contenant de l'ADN

1 PRÉPARATION D'UN ÉCHANTILLON OSSEUX

Un échantillon est prélevé par réduction en poudre de l'intérieur d'un os, afin d'obtenir un mélange de minuscules esquilles d'os contenant des fragments d'ADN ancien ou moderne (contaminant). La très grande majorité de l'ADN provient de champignons, bactéries et autres microorganismes du sol venus vivre dans le cadavre après la mort ; malgré toutes les précautions prises, des contaminations avec de l'ADN humain moderne, du manipulateur ou de personnes ayant été en contact avec l'os, sont aussi possibles.

6 IDENTIFIER L'ESPÈCE PAR L'ADN

D'autres algorithmes comparent le génome ainsi obtenu à divers génomes de référence afin de mesurer les distances génétiques entre populations. On s'intéresse en particulier au nombre de variations ponctuelles d'un génome à l'autre. En effet, plus ces variations, nommées SNP (pour *single nucleotid polymorphism*), sont nombreuses, plus les chances sont grandes que les individus comparés appartiennent à deux formes humaines distinctes. En général, le nombre de SNP différenciant deux individus d'une même espèce est faible (environ une variation sur 1000 chez *H. sapiens*), mais bien plus grand lorsqu'on compare l'ADN de deux espèces (environ une base sur 100 entre une espèce humaine et le chimpanzé) ou de deux formes humaines (environ une variation sur 250 entre *Homo sapiens* et les Néandertaliens ou Denisoviens). Le nombre de SNP distinguant Néandertaliens et Denisoviens est également assez grand pour que l'on distingue ces deux formes. Ces mêmes SNP ont aussi permis de distinguer l'ADN des Denisoviens du nord (celui du fossile Denisova 1) de celui de Denisoviens du sud, passé dans les génomes des Papous et des Aborigènes d'Australie.

Génome humain de référence

T C C A A A G C A T C A C C A C C A A T A A C T C A T C A T T C C A T A G T G A A T G G A C A G T C

Séquences obtenues du génome ancien

T C C A A A G C A T

T C C A A A G C A T C A C C A C C A A T A A

T C C A A A G C A T C A C C A C C A A T A A C T C A T C A T T C C A T A G T G A A T G G A C A G T C

ATTACCAATAACTCATCATTCATAGTGAATGGACAGTA

T signalant
la désamination
de la cytosine

Variation ponctuelle
entre génome ancien et
génome de référence

Erreur
de séquençage
manifeste

T G A A T G G A C A G T C

G A A T G G A C A G T C

T C C A A A G C A T C A C C A C C A A T A A C T C A T C A T T C C T A G T G A A T G G A C A G T C

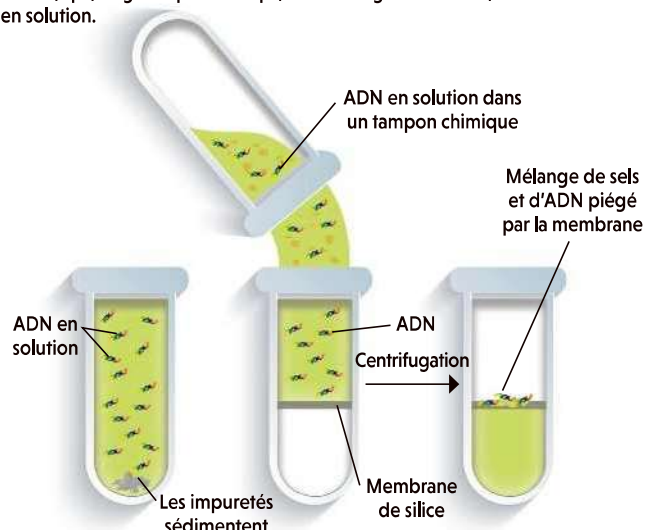
5 RECONSTITUTION DE L'ADN

Les algorithmes de puissants ordinateurs comparent les séquences obtenues à un ou plusieurs génomes de référence (par exemple le génome de sapiens) afin de reconstituer numériquement le génome ancien. Ils s'appuient sur le fait que ces génomes présentent de grandes similarités. Peu à peu, les fragments de séquences s'assemblent comme un long puzzle linéaire où le nombre de redondances est un gage de fiabilité. Afin de ne pas confondre les séquences correspondant à de l'ADN ancien avec d'éventuels contaminants modernes, les algorithmes traquent aussi les endroits des séquences analysées où ils lisent T au lieu de C par rapport au génome de référence. Ces T sont des indices qu'il s'agit bien de séquences anciennes. Pourquoi ? Parce que lorsque l'ADN vieillit, les cytosines de l'extrémité des fragments ont tendance à se muer en une autre base, l'uracile U, mais l'amplificateur transforme systématiquement ces U en T. Ce sont ces T de remplacement qui prouvent que l'ADN est ancien.

2

EXTRACTION CHIMIQUE DE L'ADN

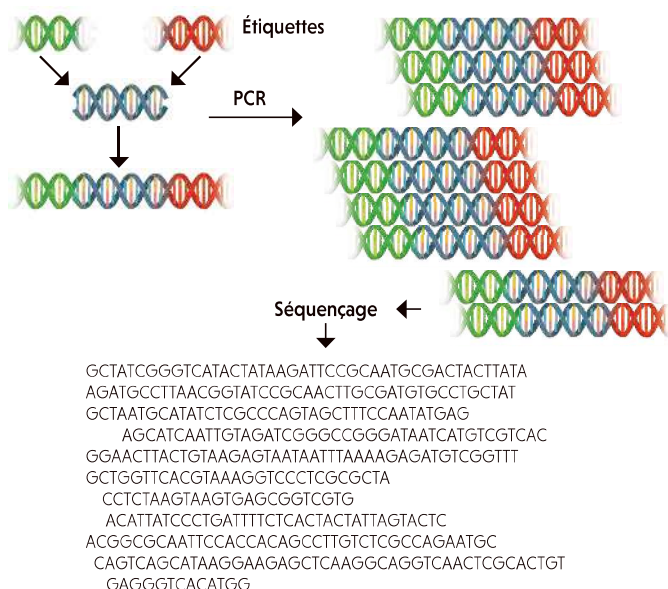
La poudre est placée dans une solution enzymatique afin de dissoudre la matrice osseuse enserrant l'ADN ancien. Après une centrifugation qui sépare l'ADN des restes osseux, on récupère l'ADN en filtrant la solution obtenue à travers une membrane de silice. Un sel chimique et un alcool ajoutés à la solution avant la filtration facilitent la récupération des fragments d'ADN, y compris les plus petits : une étape importante pour récupérer l'ADN ancien, qui, dégradé par le temps, est très fragmenté. Enfin, l'ADN est remis en solution.



3

PRÉPARATION DES FRAGMENTS

À l'aide de diverses manipulations génétiques, on flanque les fragments d'ADN avec des « étiquettes » (ci-dessus en rouge et vert), des séquences connues qui indiquent le début et la fin des fragments et que le séquenceur sera capable de décrypter. Les fragments ainsi modifiés sont ensuite « amplifiés » : on en produit de multiples copies au moyen d'une réaction enzymatique de polymérisation en chaîne, ce qui permettra au séquenceur de les détecter.



4

SÉQUENÇAGE

L'échantillon amplifié est alors séquencé : les fragments d'ADN sont traduits en successions de quatre lettres – A, T, G et C – correspondant à l'enchaînement de petites molécules constitutives de l'ADN (les bases azotées adénine, thymine, guanine et cytosine).



Un gène dénisovien permet aux Tibétains de vivre en altitude



> Certaines protéines, comme le collagène, ont en effet une longévité beaucoup plus grande que l'ADN. Et les molécules constituant le collagène sont constituées par une solide chaîne d'acides aminés dont la séquence est codée le long de l'ADN nucléaire. Or nous avons réussi à extraire des protéines dégradées de notre fossile. En comparant leur structure avec celle codée dans l'ADN des Denisoviens, un des membres de mon équipe, Frido Welker, a pu montrer en mai 2019 qu'elles leur étaient apparentées. Pour la première fois un Denisovien était identifié à plus de 2000 kilomètres de la grotte de Denisova.

Cette découverte permet de résoudre un mystère entourant l'origine d'un allèle du gène *EPAS1* répandu chez les habitants actuels du Tibet. La protéine qu'il code améliore le transport de l'oxygène dans l'organisme, et facilite ainsi la vie dans une atmosphère raréfiée en oxygène. Ce gène figurait dans la liste des quelques gènes hérités des Denisoviens par des populations asiatiques vivant en haute altitude. Pourtant la grotte de Denisova se trouve à une élévation de seulement 700 mètres et point n'était besoin de posséder ce gène pour y vivre. Xiahe apportait la solution : c'est en fait beaucoup plus au sud, aux confins de l'Himalaya que la sélection de ce trait s'était opérée chez les Denisoviens. Le nouveau fossile levait aussi une partie du voile sur la morphologie dénisovienne et surtout permettait un rapprochement avec d'autres fossiles chinois. Notre étude a notamment souligné la forte ressemblance entre le fossile de Xiahe et une demi-mandibule récoltée au fond de la mer de Chine, entre Taïwan et le continent, celle de Penghu, dont tout porte à croire désormais qu'elle appartenait à un autre Denisovien. Les dimensions des deux fossiles sont très proches. Ces individus n'ont jamais développé de troisième molaire, à la différence de la très grande majorité des spécimens humains anciens ; et, surtout, tous deux présentent un caractère très particulier : >

> une racine accessoire s'ajoutant à trois autres, dont deux fusionnées. Aujourd'hui, ce type d'enracinement d'une molaire est très rare en Europe, en Afrique, mais sa fréquence peut atteindre 40% chez les Chinois et les Amérindiens (issus d'Asie du Nord). Ce pourrait être un caractère lui aussi hérité des Denisoviens. Certains autres détails anatomiques de la denture de Xiahe se retrouvent sur les dents découvertes dans un autre site chinois, celui de Xujiayao situé dans le nord de la Chine, à l'ouest de Pékin. Son âge est assez discuté mais il semblerait daté d'entre 370 000 à 260 000 ans. D'autres fossiles plus complets me semblent également à rapprocher de ce groupe: ils présentent de fortes capacités crâniennes, et l'on a reconnu sur eux des traits évoquant les Néandertaliens, sans toutefois pouvoir les attribuer à ce groupe. Il s'agit notamment des fossiles de Lingjing, dans le comté de Xuchang (province du Henan), qui ont fait l'objet d'une publication en 2017. Il s'agit aussi, beaucoup plus au sud du fossile de Maba, un crâne découvert en 1958 près de la ville de Shaoguan (province du Guangdong). Il s'agit encore de celui de Harbin découvert vers 1933 dans les sédiments de la rivière Songhua près de la ville chinoise de Harbin. Des formes à grand cerveau partageant certains caractères avec les Néandertaliens: pour moi, il s'agit bien là de ce que l'on attend des Denisoviens.

LES DENISOVIENS DU SUD

Aujourd'hui, de plus en plus de paléoanthropologues acceptent notre proposition d'attribuer aux Denisoviens une bonne partie des hommes fossiles chinois. Mais qu'en est-il des peuplements anciens de régions situées plus au sud, celles où les ancêtres des Mélanésiens et des Aborigènes ont dû rencontrer des Denisoviens? Malheureusement, hormis quelques dents, sur la nature humaine desquelles on s'interroge même, le sud-est asiatique n'a guère livré de fossiles qui documenteraient l'évolution des Denisoviens. Dès la mise en évidence d'ADN dénisovien dans des populations actuelles, on a toutefois remarqué qu'en Mélanésie et en Australie, de nombreuses variations distinguent l'ADN dénisovien des populations actuelles de celui extrait des fossiles de la grotte de Denisova. En fait, l'analyse des génomes actuels montre assez clairement que les Denisoviens comprennent au moins deux branches principales. Ces deux branches se sont séparées depuis près de 350 000 ans, c'est-à-dire peu après la séparation de leur ancêtre commun avec la lignée néandertalienne. L'une des branches est celle des hommes de la grotte de Denisova et probablement d'une bonne partie des Denisoviens chinois, la seconde, méridionale,

BIBLIOGRAPHIE

Th. Higham, **Faire parler les vieux débris**, *Pour la Science* n° 497, pp. 50-57, 2019.

S. E. Bailey et al., **Rare dental trait provides morphological evidence of archaic introgression in Asian fossil record**, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 116, n° 30, p. 14806, 2019.

F. Chen, et al., **A late Middle Pleistocene Denisovan mandible from the Tibetan Plateau**, *Nature*, vol. 569, n° 7756, pp. 409-412, 2019.

J.-J. Hublin, **The Middle Pleistocene record: On the Ancestry of Neandertals, modern humans and others. A companion to paleoanthropology**, in D. R. Begun (dir), *A Companion to Paleoanthropology*, Wiley-Blackwell, pp. 517-537, 2013.

G. S. Jacobs et al., **Multiple deeply divergent Denisovan ancestries in Papuans**, *Cell*, vol. 177, n° 4, pp. 1010-1021, 2019.

M. Meyer et al., **A high-coverage genome sequence from an archaic Denisovan individual**, *Science*, vol. 338, n° 6104, pp. 222-226, 2012.

V. Slon et al., **The genome of the offspring of a Neanderthal mother and a Denisovan father**, *Nature*, vol. 561, n° 7721, pp. 113-116, 2018.



LE CRÂNE DE HARBIN

Ce crâne trouvé dans les sédiments de la rivière Songhua, à Harbin, la capitale de la province du Sahaliyan Ula, dans le nord de la Chine, pourrait aussi être celui d'un Dénisovien. Ni Xijun, de l'Institut de paléontologie des vertébrés et de paléoanthropologie de l'Académie chinoise des sciences, y voit un *Homo heidelbergensis*.

Mais que sont les Denisoviens, sinon des *H. heidelbergensis* évolués en Asie?

est peu ou pas représentée pour l'instant dans le registre fossile. Chez des Japonais ou des Chinois actuels, on trouve des traces de ces deux sources d'ADN dénisovien, mais en très petite quantité: de l'ordre de 0,1% chacune. Chez les Aborigènes australiens ou les Mélanésiens, par contre, c'est seulement l'ADN de la branche des «Denisoviens du sud» qui est représentée, mais à un niveau nettement plus élevé: jusqu'à 4%. Une des implications de cette longue évolution indépendante de ces deux branches est que, du point de vue morphologique, les Denisoviens du nord et ceux du sud pourraient avoir été presque aussi différents les uns des autres qu'ils ne l'étaient des Néandertaliens. Les recherches actuelles s'orientent donc vers l'analyse des fossiles et des sites déjà connus en Chine, avec un accent tout particulier sur les techniques moléculaires: paléoprotéomique, recherche d'ADN ancien dans l'os, et dans les sédiments des sites. Mais elles redoublent aussi d'efforts sur le terrain, dans le sud et le sud-est de l'Asie, pour documenter ces Denisoviens du sud, dont l'aspect demeure encore un complet mystère. La paléoanthropologie de l'Asie a encore beaucoup à nous apprendre. ■