

UNE ÉTUDE BOUSCULE LE SCÉNARIO DU DÉCLIN GÉNÉTIQUE DE NÉANDERTAL

Publié le 2 juillet 2026



par Laetitia Theunis

Série : Sur les traces de Néandertal (4/4)

Une nouvelle étude rebat les cartes de notre compréhension de la disparition de Néandertal, notre plus proche parent évolutif. En séquençant l'ADN de 27 individus provenant de sept sites belges du bassin de la Meuse et de trois sites français, une équipe internationale dirigée par des chercheurs du [Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology](#) de Leipzig (Allemagne) a mis en évidence une diversité génétique inattendue chez les derniers Néandertaliens, datés d'environ 47 000 ans. [Cette découverte](#) remet en question l'hypothèse selon laquelle leur appauvrissement génétique aurait été une cause majeure de leur extinction.

Une population pas moribonde

« Grâce aux progrès de la paléogénétique et à l'augmentation du nombre d'individus dont l'ADN peut être analysé, les chercheurs disposent désormais à la fois de données sur les individus eux-mêmes, permettant d'étudier les relations interpersonnelles, et d'informations sur la structure génétique des populations. Cette étude-ci aborde précisément ces deux dimensions. Et, comme souvent en science, la réalité se révèle plus complexe que ce que l'on imaginait », explique, en préambule, Patrick Semal, anthropologue spécialiste de la Préhistoire et de Néandertal à l'[Institut royal des Sciences naturelles de Belgique](#), qui a participé à l'étude.

Les 27 individus séquencés font partie des derniers Néandertaliens ayant vécu en Europe du Nord-

ouest. Longtemps, les chercheurs ont pensé que ces populations tardives avaient subi une importante perte de diversité génétique. Cette hypothèse reposait sur les observations faites à partir de la morphologie des fossiles, mais aussi sur les résultats d'études de séquençage de l'ADN mitochondrial. Ainsi, [les travaux de Cosimo Posth ont récemment mis en évidence une diminution marquée de la diversité génétique mitochondriale dès 60 000 ans avant notre ère](#). Transmis uniquement par la mère, l'ADN mitochondrial est bien plus petit que l'ADN nucléaire (environ 16 000 paires de bases contre 3,4 milliards) et est disponible en de très nombreuses copies par cellule.

Cependant, l'étude conjointe de l'ADN mitochondrial et de l'ADN nucléaire nuance considérablement cette vision. « Les résultats montrent, en effet, que la structure génétique de ces populations était plus diversifiée qu'on ne le supposait. Les derniers Néandertaliens ne correspondent donc pas à l'image d'une population en déclin avancé, caractérisée par un nombre limité de variants génétiques et un fort taux d'endogamie (ou de consanguinité, NDLR) », explique Patrick Semal.

L'étude révèle que les Néandertaliens tardifs du nord-ouest de l'Europe semblent avoir fait partie d'une population régionale interconnectée, au sein de laquelle des échanges génétiques continuaient à se produire.

Cannibalisme à Goyet

« Dans les sites ayant livré plusieurs individus, les chercheurs constatent une diversité génétique importante, y compris au sein d'un même site. C'est notamment le cas du site de Goyet où toutes les femmes et adolescentes dont les restes portent des traces de cannibalisme appartiennent aux Néandertaliens tardifs. [Une étude précédente basée sur les isotopes stables avait déjà montré qu'elles n'étaient pas originaires de la région de Goyet](#). La nouvelle analyse, génétique cette fois, va plus loin : aucune ne présente de lien de parenté proche entre elles. » Elles pourraient ainsi provenir de groupes ou de tribus différents.

« Il ne s'agit donc pas d'un cannibalisme lié à événement brutal, comme on peut le constater dans des sites archéologiques beaucoup plus récents, datant du Néolithique et associés à l'Homme anatomiquement moderne : là, on retrouve des villages massacrés où des pratiques de cannibalisme rituel sont attestées. Dans ces cas, les victimes appartiennent aux mêmes familles », explique l'anthropologue.

À Goyet, les femmes ont été importées avant d'être dévorées. « L'absence de liens de parenté entre elles pourrait s'expliquer en imaginant un clan néandertalien où toutes les femmes viennent de l'extérieur. Un tel système est observé dans certaines populations actuelles, où les alliances matrimoniales conduisent les femmes à intégrer le clan de leur conjoint. Une situation comparable a d'ailleurs été proposée pour le site néandertalien d'El Sidrón, dans les Asturies, en Espagne, où la plupart des femmes appartiennent à des lignées mitochondriales différentes. »

Pas de trace d'Homme moderne dans le génome néandertalien

Les Néandertaliens étudiés dans cette recherche vivaient à une période (il y a, en moyenne, environ 47 000 ans) où les premiers Hommes modernes étaient déjà présents dans certaines régions du nord-ouest de l'Europe. Les auteurs estiment que les Néandertaliens étudiés ont cohabité pendant près de 500 générations avec les premiers Hommes modernes.

De nombreuses études ont mis en évidence l'existence d'un flux génétique des populations néandertaliennes vers les Hommes anatomiquement modernes. Comme l'explique le Dr Patrick Semal, « ce métissage a été particulièrement marqué chez les premiers groupes d'Hommes modernes arrivés en Europe, qui ont ensuite disparu, tout comme les Néandertaliens. Ce flux génétique est également observable, mais avec une intensité moindre, chez les Hommes modernes qui leur ont succédé, auxquels appartiennent, par exemple, les fossiles modernes de Goyet. »

En revanche, aucun chercheur n'a jamais trouvé de preuve d'un transfert génétique dans le sens inverse, c'est-à-dire des Hommes modernes vers les Néandertaliens. L'analyse du génome de 27 Néandertaliens issus des 10 sites de fouille confirme cette asymétrie frappante. « L'absence d'apport génétique des premiers Hommes modernes chez les Néandertaliens affaiblit le scénario d'un remplacement des Néandertaliens par l'Homme moderne », conclut Patrick Semal.

A noter qu'en Belgique, aucun fossile d'Homme moderne strictement contemporain des Néandertaliens n'a été découvert à ce jour. Les données disponibles montrent toujours un décalage chronologique.